

# NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM

# TUBERCULOSE & MYCOBACTERIËN

Jaarverlag 2023

—



**Sciensano**

**Infectieziekten mens - Bacteriële ziekten**

**NRC Tuberculose & Mycobacteriën**

April 2024 • Brussel • België



MATHYS, VANESSA

Vanessa Mathys, Ph.D. • T+32 (0)2 373 32 12 • [vanessa.mathys@siensano.be](mailto:vanessa.mathys@siensano.be)

NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM TUBERCULOSE & MYCPBACTERIËN  
JAARVERSLAG 2023

## INLEIDING

De uitgevoerde testen zijn de volgende:

- Op DNA extracten
  - identificatie
  - opsporen van genetische mutaties gelinkt aan antimicrobiële resistentie
- Op positieve culturen
  - identificatie (via immunochromatografische test MPB64, species-specifieke PCR, 16S rRNA sequencing)
  - gevoeligheidstesten op *M. tuberculosis* complexe
    - in vloeibaar milieu (Bactec 960 MGIT) voor de eerstelijns antibiotica, zijnde isoniazide (I), rifampicine (R), ethambutol (E) en pyrazinamide (PZA)
    - In vloeibaar milieu (Bactec 960 MGIT) voor de tweedelijns antibiotica, in geval van resistentie tegen bovenstaande drugs
    - via de GenoType MTBDRplus test of via sequencing van een 81bp regio van *rpoB* ter bevestiging van de rifampicine resistentie
    - via de GenoType MTBDRplus voor bevestiging van resistentie tegen isoniazide
    - via de test GenoType MTBDRsl voor bevestiging van resistentie tegen tweedelijns antibiotica
    - Volledige genoomsequentiebepaling (**Whole Genome Sequencing, WGS**): sinds 2019 routinematig uitgevoerd **op alle** ontvangen culturen van ***Mycobacterium tuberculosis* complexe** bij het CNR, wat na bioinformatica-analyse met onze Mycobacterium-pijpelin het detecteren van mutaties voor resistentie tegen eerstelijns- en tweedelijns-antibiotica mogelijk maakt.
  - Gevoeligheidstesten op *atypische* mycobacteriën, indien klinisch relevant en volgens de microdilutie methode (vloeibaar, Sensititre®).
  - Het **WGS** van ontvangen ***Mycobacterium tuberculosis* complexe** stammen bij het CNR wordt ook gebruikt voor het onderscheid tussen de leden van het complex (*M. tuberculosis*, *M. bovis*, *M. africanum*, ...), het genotypen (via cgMLST-extractie) en het detecteren van clusters.
- Op bloedstalen
  - diagnostiek van latente TB via de IGRA (Interferon Gamma Release Assays) test
  - Op pulmonaire stalen
    - Snelle detectie van de aanwezigheid van het *M. tuberculosis* complex en resistentie tegen rifampicine (GeneXpert®)
    - Snelle detectie van de aanwezigheid van het *M. tuberculosis* complex en resistentie tegen isoniazide (INH), fluoroquinolones (FQs), ethionamide (ETH) en tweedelijns injecteerbare antibiotica (amikacin, kanamycin et capreomycin) (GeneXpert® MTB/XDR)

Het laboratorium opereert onder accreditatie (ISO15189)

## STALEN ONTVANGEN VOOR ANALYSE IN 2023

- Diagnose of bevestiging : 4574 waarvan
  - 3453 culturen voor identificatie
  - 380 DNA extracten
  - 741 klinische stalen (710 voor detectie van latente TB, 31 voor GeneXpert)
- Surveillance-genotypering : 123 culturen van Brussel (TB-BRU-NET), ontvangen voor genotypering
- Kwaliteitscontrole: 62 stalen (microscoopglasje, culturen, DNA of pulmonaire stalen) ontvangen voor kwaliteitscontrole

In **totaal** maakt dit **4759** geanalyseerde stalen. Deze waren afkomstig van 89 klinische laboratoria uit Vlaanderen, Brussel en Wallonië; 61 van deze labo's stuurden meer dan 10 stalen op voor analyse.

## IDENTIFICATIE VAN MYCOBACTERIËN VAN KLINISCHE OORSPRONG

3453 culturen (91.5% in vloeibare culturen en 8.5% op vast milieu) werden opgestuurd voor identificatie. In 2046 van deze stalen werd een mycobacterium geïdentificeerd: 780 (38%) van het *M. tuberculosis* complex en 1266 (62%) atypische mycobacteriën, of NTMs.

- Een overzicht van de verschillende mycobacteriën is weergegeven in tabel 1.
- In tabel 2 staat een overzicht per type staal
- De verschillende mycobacteriën (2008-2023) zijn opgelijst in tabel 3

Opvallend was dat in 1407 (40.7%) van de 3453 opgestuurde culturen geen mycobacteriën werden aangetroffen: hierin werd ofwel een contaminant geïdentificeerd, of dit waren vals positieve culturen zonder waarneembare groei van micro-organismen.

## GEVOELIGHEIDSBEPALING

### *Mycobacterium tuberculosis*

In 2023 werd in 780 isolaten (585 verschillende patiënten) *M. tuberculosis* (complex) geïdentificeerd. Een antibiogram werd uitgevoerd voor 406 patiënten (op 1 klinisch isolaat voor 381, op 2 isolaten voor 23 patiënten en op 3 isolaten voor 2 patiënten). Het antibiogram werd niet uitgevoerd op stalen die enkel voor genotypering werden opgestuurd, op gecontamineerde culturen, of wanneer de gevoeligheid van de stam al werd getest in het labo van oorsprong.

Stammen gevoelig aan I (isoniazide), R (rifampicine) en E (ethambutol) : 345 (84.9%)

Stammen resistent aan I (en niet aan R) : 31 (8.4%)  
Multiresistente stammen (I+R) : 7  
Multiresistente stammen (I+R+E) : 4  
Stammen mono-resistent aan R : 1

Stammen met niet-interpreteerbaar antibiogram : 18 (4.4%)

= 11 MDR patiënten op basis van het antibiogram

Onder de **multiresistente stammen (MDR)**, de genomische sequencing (WGS) kon worden uitgevoerd en geïnterpreteerd voor 10 gevallen. Van deze gevallen behoorden er 8 (80%) tot de Beijing-familie. Een *rpoB* mutatie werd teruggevonden in 100% (10/10) van de RIF-resistente stammen (waarvan de mutatie S450L in 100% van de gevallen). 8 van de 10 MDR stammen (met beschikbare WGS) droegen ook een *katG* (Ser315Thr) mutatie en 2 hadden zowel de *inhA* (C-15T) als de *katG* mutatie.

Onder de stammen **mono-resistent aan isoniazide**, werd *katG* S315T teruggevonden in 48% van de isolaten en de mutatie C-15T in *inhA* in 36% van de isolaten. Vijf isolaten droeg beide mutaties.

## Atypische mycobacteriën (NTMs)

Een gevoeligheidstest werd uitgevoerd voor 595 patiënten (646 isolaten), geïnfecteerd door de volgende NTMs : 219 *M. avium*, 64 *M. intracellulare cpx*, 106 *M. chimaera*, 43 *M. xenopi*, 67 complexe *M. chelonae-abcsepus*, 25 *M. kansasii*, 17 complexe *M. fortuitum*, 10 *M. marinum*, 8 *M. malmoense* en 36 andere NTMs.

## ANALYSE VAN DNA EXTRACTEN UIT KLINISCHE STALEN

Er werden 380 DNA stalen (waarvan de extracties werden uitgevoerd door het perifere labo) opgestuurd voor identificatie, of voor bepaling aan genetische mutaties gerelateerd aan rifampicin en isoniazid.

Deze stalen waren afkomstig vanuit pulmonaire (of organen) biopsies (180), 66 klieren, 54 van pulmonaire oorsprong, 39 andere en 41 onbekende oorsprong. In 85.5% van de gevallen stelden we geen aanwezigheid van mycobacterieel DNA vast. Van de positieve stalen bevatten 12 enkel DNA van *M. tuberculosis cpx*, en 43 DNA afkomstig van een NTM infectie.

## GENOTYPERING VAN MYCOBACTERIUM TUBERCULOSIS

De typeringen laten toe de transmissie van TB te bestuderen (oa. Bevestigen van intra-familiaire overdracht, micro-epidemieën, kruiscontaminaties in laboratoria). Met deze technieken kan ook onderscheid gemaakt worden tussen TB veroorzaakt door *M. bovis* ten opzichte van de klassieke infectie met *M. tuberculosis*.

In 2023 werd genotypering uitgevoerd door Whole Genome Sequencing (WGS) op alle *Mycobacterium tuberculosis* complex culturen in het NRC ontvangen (515 patiënten voor diagnose + 123 voor de epidemiologische studie in Brusselse TB patienten)

In het algemeen, laat deze analyse clustering toe van TB isolaten. Op dit moment zijn er 231 clusters vastgesteld (nummering aangepast aan de nieuwe WGS-techniek), met tussen 2 en 134 patiënten per cluster. Stammen uit deze clusters komen uit verschillende genetische lijnen, waar T, H, LAM, Beijing, U, CAS en EAI de voornaamste zijn. Patiënten in grote clusters worden opgevolgd op het terrein door FARES-VRGT, om na te gaan hoe ze de infectie hebben opgelopen en om hun directe omgeving te controleren op TB.

In kader van een epidemiologisch onderzoek naar TB in Brussel (project **TB-BRU-NET**), werden de isolaten van *M. tuberculosis* van 123 **patiënten woonachtig in de Brusselse regio** gegenotypeerd in 2023 in ons laboratorium door WGS: administratieve en klinische patiëntgegevens werden verzameld door FARES-VRGT. De stammen die tussen 2010 en 2013 werden geïsoleerd, werden opgenomen in de volgende publicatie:

Molecular epidemiology of Mycobacterium tuberculosis complex in Brussels, 2010-2013. Vluggen C, Soetaert K, Groenen G, Wanlin M, Spitaels M, Arrazola de Oñate W, Fauville-Dufaux M, Saegerman C, Mathys V. PLoS One. 2017 Feb 21;12(2):e0172554.

## OPMERKINGEN

- Cijfers over aangegeven gevallen van TB in België, en het aantal MDR-Tb infecties worden verzameld en verspreid door FARES-VRGT (Fonds des Affections Respiratoires – Vlaamse vereniging voor Respiratoire Gezondheidszorg en tuberculosebestrijding vzw)
- De proportie MDR-TB (resistent aan minstens isoniazide en rifampicine) in 2023 was 2.7%. Van de 11 MDR-TB stammen, observeerde het NRC geen met ultrasensitieve (XDR, additionele resistentie tegen amikacin en een fluoroquinolone), 4 waren besmet met een MDR stam met extra resistentie tegen fluoroquinolones en een had extra resistentie tegen amikacine.
- Tussen de 3453 ontvangen culturen voor identificatie, waren er 91.5% (3159) vloeibare culturen (2075 BACTEC MGIT, 1043 BacT/ALERT en 41 BACTEC 9.000) en 8.5% (294) op vaste agar.
- Van deze culturen bevatten **40.7% (1407)** geen mycobacteriën (contaminatie of vals positieve culturen). Het percentage van deze culturen varieert naargelang type milieu: 30.2% (627/2075) zijn MGITs, 65.1% (680/1043) zijn afkomstig van BacT/ALERT, 92.6% (38/41) afkomstig van BACTEC 9.000 en 20.7% (61/294) zijn vaste culturen. De reden voor deze stijging, is dat positieve culturen niet meer mogen geopend worden in een laboratorium zonder L3 infrastructuur. In elk geval, veroorzaakt dit veel onnodig werk aan het NRC, en wordt een revisie van de contaminatieprocedures bij de perifere laboratoria geadviseerd.
- Het probleem van de vals-positieve culturen werd al geanalyseerd voor de periode 2007-2016 en gepubliceerd in het volgende artikel:

Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceysens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance, 2019 Mar;24(11):1800205;
- De meest voorkomende NTM species zijn *M. intracellulare*-*M. chimaera* complexe (28.7% van de NTMs), *M. avium* (28.2%), *M. goodii* (10.8%), *M. chelonae/abscessus* complexe (7.8% van de NTMs), en *M. xenopi* (7.7%). Dit komt overeen met wat er vorig jaar werd gerapporteerd.
- Sinds 2015 is er een alert gaande vanuit ECDC betreffende risico op infectie met *M. chimaera* bij gebruik van heater-cooler units tijdens cardiale chirurgie onder kunstmatige beademing. Enkel met behulp van sequencing kan onderscheid gemaakt worden tussen *M. intracellulare* en *M. chimaera*.
- We hebben de verhouding van *M. intracellulare* en *M. chimaera* onderzocht in stalen ontvangen in 2015, waaruit bleek dat 63% behoorden tot *M. chimaera*

Frequency of Mycobacterium chimaera among Belgian patients, 2015. Soetaert K, Vluggen C, André E, Vanhoof R, Vanfleteren B, Mathys V. J Med Microbiol. 2016 Nov;65(11):1307-1310.
- In 2023 was deze verhouding iets hoger: 65.9% (240 *M. chimaera* voor 364 *M. intracellulare* cpx).
- De identificatie van soorten in culturen afkomstig van watermonsters die zijn genomen door perifere laboratoria, kan worden uitgevoerd in ons laboratorium als onderdeel van zijn rol in de surveillance van mycobacteriële infecties.
- Wat betreft NTM infecties, voor 595 patiënten was AB gevoeligheid uitgevoerd op vraag van aanvrager (indicator dat stam klinisch relevant voor de aanvrager).
- Sinds januari 2019 is **Whole Genome Sequencing** geïmplementeerd in het NRC, en gebruikt in routine op alle *Mycobacterium tuberculosis* complexe culturen gekregen in het NRC.
- In 2020, hebben we voor het eerst een daling vastgesteld van het jaarlijkse aantal stammen/monsters dat voor analyse wordt ontvangen. Deze daling lijkt het gevolg te zijn van de COVID-19-pandemie. In 2021 en 2022 steeg het aantal ontvangen culturen/stalen. In 2023 hebben we het activiteitsniveau van 2019 (vóór COVID-19) bereikt en zelfs overschreden.
- Een volledige analyse van onze jaarverslagen voor de periode 2007-2016 werd gemaakt en gepubliceerd om de toename van het aantal mycobacteriële (en vals-positieve) culturen te rapporteren die voor analyse in ons laboratorium werden ontvangen:

NATIONAAL REFERENTIE CENTRUM TUBERCULOSE & MYCPBACTERIËN  
JAARVERSLAG 2023

Strong increase of true and false positive Mycobacterial cultures sent to National Reference Centre in Belgium, 2007-2016. Karine Soetaert, Lorenzo Subissi, Pieter-Jan Ceysens, Brigitte Vanfleteren, Marianne Chantrenne, Tommi Asikainen, Els Duysburgh and Vanessa Mathys. Eurosurveillance, 2019 Mar;24(11):1800205.



**TABLEAU 1: Identificatie van klinische culturen in 2023**

<b>TUB CPX</b>			
Pathogenen TUBCPX	<i>M. tuberculosis</i>	748	
	<i>M. bovis bovis</i>	6	
	<i>M. bovis</i> ssp B.C.G.	15	
	<i>M. africanum</i>	11	
	<b>Total TUB CPX</b>	<b>780</b>	38 %
<b>NTM</b>		% NTM	
Potentiele pathogenen	<i>M. agri</i>	1	
	<i>M. arupense</i>	4	
	<i>M. aubagnense</i>	2	
	<i>M. avium</i>	357	28.2 %
	<i>M. bohemicum</i>	2	
	<i>M. celatum</i>	3	
	<i>M. chelonae-abscessus</i> complexe	27	
	<i>M. abscessus</i>	24	
	<i>M. massiliense</i>	12	
	<i>M. bolletii</i>	2	
	<i>M. chelonae</i>	34	
	<i>M. europaeum</i>	1	
	<i>M. fortuitum</i>	18	
	<i>M. fortuitum-senegalense-farcinigenes</i> complexe	5	
	<i>M. fortuitum-porcinum-neworleanense</i> complexe	10	
	<i>M. peregrinum-septicum</i> complexe	4	
	<i>M. fortuitum</i> complexe	13	
	<i>M. goodii</i>	3	
	<i>M. gordonae</i>	134	10.8 %
	<i>M. heckeshornense</i>	1	
	<i>M. holsaticum</i>	1	
	<i>M. interjectum</i>	8	
	<i>M. intracellulare</i> complexe	40	
	<i>M. intracellulare</i>	84	
	<i>M. chimaera (M. intracellulare</i> complexe)	240	
	<i>M. kansasii</i>	49	
	<i>M. kubicae</i>	1	
	<i>M. lentiflavum</i>	5	
	<i>M. llatzerense</i>	3	
	<i>M. malmoense</i>	10	
	<i>M. marinum</i>	15	
	<i>M. monacense</i>	1	
	<i>M. mucogenicum-ratisbonense</i> complexe	5	
	<i>M. nebraskense</i>	1	
	<i>M. neoaurum</i>	2	
	<i>M. obuense</i>	1	
	<i>M. phlei</i>	2	
	<i>M. shimoidei</i>	4	
	<i>M. simiae</i>	6	
	<i>M. species</i>	7	
	<i>M. szulgai</i>	2	
	<i>M. terrae</i> complexe + <i>M. kumamotoense (terrae cpx)</i>	5	
	<i>M. wolinskyi</i>	1	
	<i>M. xenopi</i>	98	7.7 %
	<i>Mycobactérie atypique (identification précise impossible)</i>	6	
	Mélange <i>M. intracellulare/M.chimaera</i> + <i>M. gordonae</i>	3	
	Mélange <i>M. chelonae</i> + <i>M. gordonae</i>	1	
Mélange <i>M. chelonae</i> + <i>M. fortuitum</i>	1		
Mélange <i>M. xenopi</i> + <i>M. gordonae</i>	1		
Mélange <i>M. gilvum</i> + <i>M. iranicum</i>	1		
Mélange <i>M. avium</i> + <i>M. intracellulare/M.chimaera</i>	3		
Mélange <i>M. avium</i> + <i>M. thermoresistibile</i>	1		
Mélange <i>M. szulgai</i> + <i>M. simiae</i>	1		
<b>Total NTM</b>	<b>1266</b>	62 %	
<b>Total Mycobacteria</b>	<b>2046</b>		
Negatief	1407		
<b>Totaal culturen voor analyses</b>	<b>3453</b>		
DNA extracten	380		
Stalen voor Genexpert	31		
Stalen voor Quantiferon	710		
<b>Totaal (diagnostic)</b>	<b>4574</b>		
Surveillance – Genotypering (extra)	123		
Kwaliteitscontrole	62		
<b>Totaal</b>	<b>4759</b>		



TABLEAU 3: Mycobacteriële species in België, 2008-2023

		2023	2022	2021	2020	2019	2018	2017	2016	2015	2014	2013	2012	2011	2010	2009	2008	
M. tuberculosis complexe	Complexe M. tuberculosis				141	189	423	486	541	509	429	505	422	467	489	397	468	
	M. tuberculosis	748	530	496	355	390	37	43		22								
	Mélange M. tuberculosis cpx+ atypique							3		1	10	3	7	2	3	2	2	
	M. africanum	11	11	10	6	9	3	1	3	4	3	7	2	2	2			
	M. bovis	6	12	9	8	12	10	5	15	9	13	14	3	12	15	5	8	
	M. bovis BCG	15	20	18	14	14+2	10	18	11	7	5	10	5	10	8	5	1	
	M. bovis ou BCG			5														
Mycobacteriën atypische gewoon	M. avium	357	300	251	266	304	233	174	180	186	165	142	162	142	128	128	122	
	M. intracellulare complexe (+ chimaera - M.colombiense – M. timonense)	364	279	245	263	328	230	279	179	185	173	166	142	134	88	101	90	
	Complexe M. chelonae-abscessus	99	95	124	103	105	76	60	45	41	51	33	29	30	20	32	25	
	Complexe M. fortuitum	50	30	33	35	42	44	30	27	21	18	28	22	24	20	16	17	
	M. kansasii	49	30	32	35	45	41	25	20	45	19	19	19	20	30	24	41	
	M. lentiflavum	5	8	6	3	5	15	9	7	14	11	12	5	3	13	5	7	
	M. malmoense	10	19	10	6	9	8	6	8	10	8	7	7	8	9	3	7	
	M. marinum	15	9	8	11	8	12	6	7	9	13	8	11	2	6	6	6	
	M. terrae complexe	5	10	7	7	6	5	3	2				1	4	3	2		
	M. gordonae	134	121	111	165	181	180	186	198	188	229	253	130	198	176	198	76	
	M. xenopi	98	88	92	101	102	97	102	127	133	102	156	124	88	132	138	127	
	Myobacteriën atypische minder vaak	M. agri	1				1											
		M. assiacum										1						
		M. assiaticum								1								
M. alsense						1												
M. alvei											1						1	
M. anthracenicum																	3	
M. arosiense					1													
M. arupense		4	4	3	2	1	1	6	3	3	6		3		3	1		
M. aubagnense		2	6	6	3	2	28	2		2				1			1	
M. bohemicum		2	4	1	2	2	3	2		1	3	4	2		2		1	
M. branderi				2	3	2	1					1			2		1	
M. brumae					1													
M. celatum		3	2		3	3	3	3				2	2	3		3	4	
M. cookie																		1
M. conspicuum								1		2								
M. cosmeticum						1												
M. chitae											1							
M. elephantis				2		1												
M. engbaekii				1			1											
M. europaeum		1	1															
M. frederiksbergense				1													1	
M. fluoranthenvivorans			1							1								
M. genavense						1									2	1		
M. gilvum						1					1							
M. goodii		3	3		2		1	1	2			1						
M. haemophilum								2	1						2			2
M. hassiacum				1		1		2										
M. heckeshornense		1	2					1	1				1	3				
M. heidelbergense			1							2						2		
M. heraklionense			2	2				3	1		4	1						
M. hiberniae			1					1			1	1			1			
M. holsaticum		1	2			1							1			1		1
M. komosense											1							
M. kumamotoense																1		1
M. immunogenum				1							2							
M. interjectum		8	5	5	5	3	1	3	1	4	5		8	3	4	2	3	
M. intermedium			1											1		3	5	2
M. iranicum			2															
M. kubicae	1																	
M. llatzerense	3	5	1	3	2				1	1								
M. mageritense		2																
M. mantenii		7	2	2	5					1								
M. massiliense								3	3									

<i>M. moriokanense</i>		2							1	1							
<i>M. monacense</i>	1																
<i>M. montefiorensis</i>				1													
<i>M. mucogenicum – ratisbonense</i>	5	3	4	6	4	3	1	8	2	2	5	2	3	2	3		
<i>M. nebraskense</i>	1						1	2	1	1		1					
<i>M. neoaurum</i>	2		1	1		1			1								
<i>M. nonchromogenicum</i>								1		1				1			1
<i>M. noviomagensis</i>						3	1	1	1		1					1	1
<i>M. novocastrensis</i>		1			1			1									
<i>M. obuense</i>	1				2												
<i>M. palustre</i>							1				1						1
<i>M. paraense</i>			2														
<i>M. paraffinicum</i>				2			1					3					2
<i>M. parmense</i>		1			1	1		1									
<i>M. parascrofulaceum</i>					2	1	3	2	2	3	1	1	1	1			
<i>M. phlei</i>	2	3	1	1		1		1	1		1		1		1	1	1
<i>M. phocaicum</i>									1								
<i>M. salmoniphilum</i>			1		2												
<i>M. saskatchewanensis</i>		1					1	2	2								
<i>M. scrofulaceum</i>		1						1		2	6	1	3			1	6
<i>M. senegalensis</i>		1															
<i>M. senuense</i>							1		1								
<i>M. seoulensis</i>			1														
<i>M. setense</i>										1							
<i>M. sherrisii</i>		1														1	3
<i>M. shimoidei</i>	4						1									1	1
<i>M. simiae</i>	6	3	11	4	4	9	9	10	12	14	3	7		11	9	9	
<i>M. smegmatis</i>			1								1	1	1				
<i>M. species</i>	7	1	2	1	2	5	1	2	4	3	2	16	11				5
<i>M. sphagni</i>												1					
<i>M. szulgai</i>	2	4	6	4	4	4	5	7	6	6	8	1	5	4	3	3	
<i>M. timonensis</i>							2	6									
<i>M. triplex</i>		1		1		1	2		5	1	1			5	1		
<i>M. triviale</i>		1	1						2		1						
<i>M. vaccae</i>				1	1												
<i>M. vanbaalenii</i>						1	1										
<i>M. wolinskyi-jacuzzi</i>	1			1			3										
Mengsel van 2 atypiques myco	12	2	6	2	6	4	3	5		5	8	5	5	3	2	2	
Mycobacterien - atypische niet bepaald	6	4	2														
Andere bacterien								4	7	7	2	6	15	4	2		
Corynebacterium								9	23	26	12	13	12	13			7
<b>TOTAL</b>	<b>2046</b>	<b>1641</b>	<b>1526</b>	<b>1570</b>	<b>1809</b>	<b>1505</b>	<b>1497</b>	<b>1450</b>	<b>1478</b>	<b>1350</b>	<b>1432</b>	<b>1172</b>	<b>1217</b>	<b>1199</b>	<b>1116</b>	<b>1047</b>	



## CONTACT

Vanessa Mathys • [vanessa.mathys@sciensano.be](mailto:vanessa.mathys@sciensano.be) • T +32 (0)2 373 32 12

VRAGEN, OPMERKINGEN OF  
MEER INFORMATIE :

[WWW.SCIENSANO.BE](http://WWW.SCIENSANO.BE)

**Sciensano** • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België • T + 32 2 642 51 11 • T pers + 32 2 642 54 20 •  
[info@sciensano.be](mailto:info@sciensano.be) • [www.sciensano.be](http://www.sciensano.be)

Verantwoordelijke uitgever(s): Myriam Sheyers, Algemeen directeur • Juliette Wytsmanstraat 14 • 1050 Brussel • België •