

CENTRE
NATIONAL DE
RÉFÉRENCE

TUBERCULOSE &
MYCOBACTÉRIES

Rapport annuel 2023

—

Sciensano

Maladies Infectieuses Humaines - Maladies bactériennes

CNR Tuberculose & Mycobactéries

Avril 2024 • Bruxelles • Belgique



MATHYS, VANESSA

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

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE TUBERCULOSE & MYCOBACTERIES
RAPPORT ANNUEL 2023

INTRODUCTION

Les analyses suivantes ont été exécutées :

- Sur ADN extrait
 - identification
 - recherche de mutations géniques associées à la résistance aux antibiotiques
- Sur cultures positives
 - identification (par test immunochromatographique MPB64, PCR spécifiques de diverses espèces mycobactériennes, amplification d'un fragment du gène codant pour l'ARNr 16S suivie de séquençage)
 - tests de sensibilité sur *M. tuberculosis* complexe
 - en Bactec MGIT 960 (milieu liquide) pour les antituberculeux de 1^{re} ligne, à savoir isoniazide (I), rifampicine (R), éthambutol (E) et pyrazinamide (PZA)
 - en Bactec MGIT 960 (milieu liquide) pour les antituberculeux de seconde ligne, en cas de résistance à un antituberculeux de 1^{re} ligne
 - par le test GenoType MTBDR_{plus} ou par séquençage d'une région de 81 pb du gène *rpoB* pour vérifier la résistance à la rifampicine
 - par PCR GenoType MTBDR_{plus} pour vérifier la résistance à l'isoniazide
 - par le test GenoType MTBDR_{sl} pour vérifier la résistance aux antibiotiques de 2^{ème} ligne
 - Séquençage génomique complet (**Whole Genome Sequencing, WGS**) : réalisé depuis 2019 en routine **sur toutes les cultures de *Mycobacterium tuberculosis*** reçues au CNR et qui permet après analyse bioinformatique avec notre pipeling *Mycobacterium* de détecter les mutations de résistance aux antibiotiques de première et deuxième ligne.
 - tests de sensibilité sur mycobactéries atypiques, seulement si le cas clinique le justifie (méthode Sensititre® en milieu liquide)
 - Le **WGS** sur les ***Mycobacterium tuberculosis* complexe** reçus au CNR, est également utilisé pour la distinction entre les membres du complexe (*M. tuberculosis*, *M. bovis*, *M. africanum*,...), l'analyse des lignées/génotypes (via extraction du cgMLST) et la détection des clusters.

- Sur prélèvements sanguins
 - diagnostic d'infection tuberculeuse latente par test IGRA (Interferon Gamma Release Assays)
- Sur échantillons respiratoires
 - détection rapide de la présence de *M. tuberculosis* complexe et de sa résistance à la rifampicine (GeneXpert® MTB/RIF)
 - détection rapide de la présence de *M. tuberculosis* complexe et de sa résistance à l'isoniazide (INH), les fluoroquinolones (FQs), l'ethionamide (ETH) et les antibiotiques injectables de seconde ligne (amikacin, kanamycin et capreomycin) (GeneXpert® MTB/XDR)

Le laboratoire utilise des techniques accréditées (ISO15189)

ECHANTILLONS REÇUS POUR ANALYSES EN 2023

- Diagnostic ou confirmation : 4574 dont
 - 3453 cultures pour identification
 - 380 extraits d'ADN
 - 741 prélèvements cliniques (710 pour détection de tuberculose latente par test IGRA et 31 pour GeneXpert)
- Surveillance-génotypage : 123 cultures de patients bruxellois (étude TB-BRU-NET) reçues pour génotypage
- Contrôle de qualité : 62 échantillons (lames, expectorations, cultures ou ADN) reçus pour contrôle de qualité

Total (échantillons analysés): 4759

Origine géographique : les échantillons cliniques provenaient de 89 laboratoires différents du pays répartis à Bruxelles, en Wallonie et en Flandre, dont 61 ont envoyé plus de 10 échantillons pour analyse.

MYCOBACTÉRIES D'ORIGINE CLINIQUE IDENTIFIÉES

3453 cultures (91.5% en milieu liquide et 8.5% sur milieu solide) ont été envoyées pour identification. Une mycobactérie a pu être identifiée dans 2046 de ces cultures : 780 (38%) complexes *M. tuberculosis* et 1266 (62%) mycobactéries atypiques ou NTM.

- Les différentes mycobactéries identifiées sont données dans le tableau 1
- Le détail des identifications par type d'échantillon clinique est donné dans le tableau 2.
- Les différentes espèces mycobactériennes identifiées chaque année depuis 2008 sont données dans le tableau 3.

On notera que 1407 (40.7%) des 3453 cultures envoyées pour identification ne contenaient pas de mycobactéries (elles contenaient un microorganisme contaminant ou aucun développement bactérien et étaient alors sorties faussement positives de l'automate de culture du laboratoire d'origine).

TESTS DE SENSIBILITÉ

Mycobacterium tuberculosis

En 2023, *M. tuberculosis* (complexe *M. tuberculosis*) a été identifié sur 780 isolats cliniques provenant de 585 patients différents. Le test de sensibilité a été effectué pour 406 patients (sur 1 isolat clinique pour 381 et sur 2 isolats pour 23 d'entre eux et sur 3 isolats pour 2 patients). L'antibiogramme n'a pas été effectué sur les souches envoyées uniquement pour génotypage, sur les cultures contaminées ou quand la souche a été isolée dans un laboratoire effectuant lui-même les tests de sensibilité.

Patients sensibles à I (isoniazide), R (rifampicine) et E (éthambutol) : 345 (84,9%)

Patients résistants à I (et pas à R) : 31 (8,4%)
Patients multirésistants (I+R) : 7
Patients multirésistants (I+R+E) : 4
Patients résistants à R uniquement : 1
Patients avec antibiogramme Non interprétable : 18 (4,4%)

= 11 patients MDR basé sur l'antibiogramme

Parmi les **souches multirésistantes**, le séquençage génomique (WGS) a pu être réalisé et interprété pour 10 cas. Parmi ceux-ci, 8 (80%) appartenaient à la famille Beijing. Une mutation dans *rpoB* a été retrouvée dans 100% (10/10) des isolats résistants à la rifampicine (dont la mutation S450L dans 100% des cas). Une mutation dans *katG* (Ser315Thr) seule a été retrouvée chez 8 des 10

souches avec WGS disponible et 2 souches avaient à la fois la mutation *inhA* et *katG*.

Parmi les isolats **mono-résistants à l'isoniazide**, la mutation S315T dans *katG* a été retrouvée chez 48% des isolats, la mutation C-15T dans *inhA* chez 36% des isolats. Cinq isolats présentaient les 2 mutations ensemble.

Mycobactéries atypiques ou NTM

Le test de sensibilité a été effectué pour 595 patients (646 isolats) infectés par les mycobactéries suivantes: 219 *M. avium*, 64 *M. intracellulare cpx*, 106 *M. chimaera*, 43 *M. xenopi*, 67 complexe *M. chelonae-abcessus*, 25 *M. kansasii*, 17 complexe *M. fortuitum*, 10 *M. marinum*, 8 *M. malmoense* et 36 autres mycobactéries atypiques.

ANALYSE DES ADN EXTRAITS D'ÉCHANTILLONS CLINIQUES

380 ADN (extraits préparés dans le laboratoire qui a reçu le prélèvement) nous ont été adressés pour identification et/ou recherche de mutations géniques associées à la résistance à l'isoniazide et à la rifampicine.

Parmi ceux-ci, 180 provenaient de biopsies (d'organes ou de peau), 66 de ganglions, 54 d'origine pulmonaire, 39 d'autres origines et 41 d'origine inconnue. Dans 85,5 % des cas, nous n'avons pas mis en évidence la présence d'ADN de mycobactérie, 12 seulement contenaient de l'ADN du complexe *M. tuberculosis*, et 43 de l'ADN de mycobactérie atypique.

GENOTYPAGE DES BACILLES DE LA TUBERCULOSE

Le génotypage permet de tracer les voies de transmission de la tuberculose (confirmation de contaminations intra-familiales ou de voisinage, micro-épidémies, détection de contaminations croisées de laboratoire d'un échantillon par un autre, technique en même temps). Il permet également de distinguer les tuberculoses humaines dues à *M. bovis* des tuberculoses classiques dues à *M. tuberculosis*.

En 2023, le génotypage a été effectué par Whole Genome Sequencing (WGS) sur tous les isolats cliniques de *Mycobacterium tuberculosis* complexe reçus pour analyse au CNR (515 patients du diagnostic + 123 pour l'étude d'épidémiologie moléculaire à Bruxelles)

De façon générale, l'analyse de clustering effectuée sur l'ensemble des souches génotypées à ce jour dans notre laboratoire a permis de détecter l'existence de 231 clusters (numérotation adaptée à la nouvelle technique du WGS) comprenant de 2 à 134 patients chacun.

Les patients des clusters de taille importante font l'objet d'investigations de terrain par le FARES-VRGT en vue de tenter de déterminer comment ils se sont contaminés et d'effectuer le contrôle tuberculinique de leur entourage. Les souches analysées appartenaient aux familles génétiques suivantes (répertoriées dans les bases internationales de spoligotypes): familles T, H, LAM, Beijing, U, CAS, EAI,.....

Dans le cadre d'une étude d'épidémiologie moléculaire de la tuberculose à Bruxelles (projet **TB-BRU-NET**), les isolats de *M. tuberculosis* de 123 patients habitant la Région bruxelloise ont été génotypés en 2023 dans notre laboratoire, par WGS. Les données administratives et cliniques des patients ont été collectées auprès du FARES-VRGT. Les souches isolées à Bruxelles dans le cadre de cette étude entre 2010 et 2013 ont fait l'objet d'une analyse approfondie qui a été publiée :

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.

COMMENTAIRES

- En ce qui concerne le nombre de cas de tuberculose déclarés en Belgique et le nombre de patients multirésistants, les données nationales sont collectées et diffusées par le FARES-VRGT (Fonds des Affections Respiratoires – Vlaamse vereniging voor Respiratoire Gezondheidszorg in tuberculosebestrijding vzw)
- La proportion de cas de tuberculose multirésistante (MDR-TB : soit résistance à au moins l'isoniazide et la rifampicine) enregistrée dans notre laboratoire est de 2.7% en 2023. Parmi les 11 nouveaux patients MDR détectés en 2022, aucun n'était infecté par une souche XDR (ultra-résistante : souche MDR avec résistance additionnelle à l'amikacin et à une quinolone), 4 étaient infectés par une souche multirésistante avec une résistance supplémentaire aux quinolones et une souche multirésistante présentait une résistance supplémentaire uniquement à l'amikacine.
- Parmi les 3453 cultures envoyées pour identification, 91.5% (3159) étaient des cultures en milieu liquide (2075 en provenance du BACTEC MGIT, 1043 du BacT/ALERT, 41 du BACTEC 9.000) et 8,5% (294) étaient sur milieu solide.
- De ces cultures, 1407 cultures (40.7%) ne contenaient pas de mycobactérie (cultures contaminées ou faussement positives). Le pourcentage de ces cultures sans mycobactérie varie en fonction du type de milieu utilisé. Pourcentages de faux positifs : 30.2% (627/2075) des cultures MGIT, 65.1% (680/1043) des cultures provenant du BacT/ALERT, 92,6% (38/41) des cultures en BACTEC 9.000 et 20,7% (61/294) des cultures en milieu solide. Ce taux particulièrement élevé

de cultures faussement positives envoyées pour identification au centre de référence est lié au fait que les tubes de culture ne peuvent pas être ouverts dans des laboratoires sans infrastructure L3. Ce taux élevé de faux positifs génère beaucoup de travail inutile et nécessite une révision des procédures de décontamination des prélèvements dans les laboratoires de biologie clinique effectuant la primoculture, ainsi que la vérification/calibration des automates de culture.

- Le problème des cultures faussement positive avait déjà été analysé pour la période 2007-2016 et publié dans l'article suivant :

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.

- Les espèces de NTM les plus isolées furent *M. intracellulare*-*M. chimaera* complexe (28.7% des NTM), *M. avium* (28.2%), *M. gordonae* (10.8% des NTM), *M. chelonae/abscessus* complexe (7.8% des NTM), et *M. xenopi* (7.7% des NTM). Ces espèces sont identiques à celles les plus fréquemment détectées les années précédentes.
- Depuis 2015, étant donné l'alerte ECDC lancée concernant le risque d'infection à *M. chimaera* lors de l'utilisation de heater-cooler unit lors de chirurgie cardiaque sous circulation extracorporelle, une attention particulière a été donnée aux souches de *M. intracellulare*. En effet, seul l'analyse par séquençage permet de faire la distinction entre *M. intracellulare* et *M. chimaera*.
- La proportion respective de *M.intracellulare* et *M.chimaera* a été déterminée et publiée sur les souches du complexe *M. intracellulare-chimaera* isolées en 2015. L'analyse révélait que 63% de ces souches appartenaient à l'espèce *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.)

La proportion de *M. chimaera* identifiés en 2023 est légèrement plus élevée : 65.9 % (240 *M. chimaera* sur 364 *M. intracellulare* cpx)

- L'identification d'espèces des cultures issues de prélèvements d'eau effectués par les laboratoires périphériques, peut être réalisée au sein de notre laboratoire dans le cadre de son rôle dans la surveillance des infections à mycobactéries.

CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE TUBERCULOSE & MYCOBACTERIES
RAPPORT ANNUEL 2023

- En ce qui concerne les NTM, pour 595 patients un antibiogramme a été réalisé à la demande du laboratoire périphérique (indicateur que la souche est cliniquement pertinente pour le demandeur).
- Depuis janvier 2019, la technique de **Whole Genome Sequencing** est implémentée dans la laboratoire et utilisée en routine sur **toutes** les souches de *M. tuberculosis* que nous recevons.
- En 2020, nous avons observé pour la première fois une diminution du nombre annuel de cultures/échantillons reçus pour analyse. Cette diminution semble être la conséquence de la pandémie COVID-19. En 2021 et 2022, le nombre de cultures/échantillons reçus était reparti à la hausse. En 2023, nous avons retrouvé et même dépassé le niveau d'activité de 2019 (avant le COVID-19).
- Une analyse complète de nos rapports annuels concernant la période 2007-2016 a été faite et publiée afin de rapporter l'augmentations du nombre de cultures mycobactériennes (et faussement positives) reçues pour analyses au sein de notre laboratoire:

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: Identification de cultures d'origine clinique en 2023

TUB CPX			
Pathogènes 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	
	Total TUB CPX	780	38 %
NTM			% NTM
Potentiellement pathogènes	<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	7.8 %
	<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	28.7 %
	<i>M. chimaera</i> (<i>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</i> (<i>terrae</i> cpx)	5	
	<i>M. wolinskyi</i>	1	
	<i>M. xenopi</i>	98	7.7 %
	Mycobactérie atypique (identification précise impossible)	6	
	Mélange <i>M. intracellulare</i> / <i>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</i> / <i>M. chimaera</i>	3		
Mélange <i>M. avium</i> + <i>M. thermoresistibile</i>	1		
Mélange <i>M. szulgai</i> + <i>M. simiae</i>	1		
Total NTM	1266	62 %	
Total Mycobacteria	2046		
Négatifs (cultures ne contenant pas de mycobactéries)	1407		
Total cultures cliniques analyses	3453		
Extraits d'ADN	380		
Prélèvements cliniques pour Genexpert	31		
Prélèvements cliniques pour Quantiferon	710		
Total (diagnostic)	4574		
Surveillance – Genotypage (extra étude)	123		
Contrôle qualité	62		
Total	4759		

TABLEAU 2: Cultures analysées en 2023

	Mycobacterium tuberculosis	Mycobacterium bovis bovis	Mycobacterium bovis ssp B,C,G.	Mycobacterium africanum	Mycobacterium agri	Mycobacterium arupense	Mycobacterium aubagnense	Mycobacterium avium	Mycobacterium bohemicum	Mycobacterium celatum	Mycobacterium chelonae – abscessus complexe	Mycobacterium abscessus	Mycobacterium massiliense	Mycobacterium bolletii	Mycobacterium chelonae	Mycobacterium europaeum	Mycobacterium fortuitum	Mycobacterium fortuitum-senegalense-farcinogenes gpx	Mycobacterium fortuitum – porcinum-neworleanense complexe	Mycobacterium fortuitum – perregrinum-septicum complexe	Mycobacterium fortuitum complexe	Mycobacterium goodii	Mycobacterium gordonae	Mycobacterium heckeshornense	Mycobacterium holsaticum	Mycobacterium interjectum	Mycobacterium intracellulare complexe	Mycobacterium intracellulare	Mycobacterium chimera	Mycobacterium kansasii	Mycobacterium kubicae	Mycobacterium lentiflavum	Mycobacterium lilazerense	Mycobacterium malmoense	Mycobacterium marinum	Mycobacterium monacense	M. mucogenicum-ratisbonense complexe	Mycobacterium nebraskense	Mycobacterium neoaurum	Mycobacterium obuense	Mycobacterium phlei	Mycobacterium shimoidaei	Mycobacterium simiae	Mycobacterium species	Mycobacterium szulgai	Mycobacterium terrae/kumamotoense complexe	Mycobacterium wolinskyi	Mycobacterium xenopi	Mycobacteries atypiques non-définies	Mélange de 2 Mycobacteries atypiques	Négatifs	Total			
Expectoration	277			4	1	2	1	142	1	2	15	10	7	1	20	1	9	2	8	3	7	1	64	1	1	3	19	36	129	27		2	3	5				4	1	1		1	3	1	4	3	1	4	3	1	50	2	9	604	1487
Aspiration bronchique et endo-trachéale	75					1		67			6	6	1	1	1		3			1	3		46				4	12	20	59	6	1																	17	2	2	273	618		
Liqu. broncho-alvéolaire	99							69		1	3	2	3		1		3	1					12				4	19	31	8					3													21	1	1	176	459			
Liqu. gastrique	8																						1						1	1																				2	13				
Liqu. d'ascite	6																						1																											1	8				
Liqu. pleural	15							1																																									31	50					
Liqu. péricardique	1																																																1	2					
Liqu. péritonéal																																																	1	1					
Liqu. cérébro-spinal	5																																															3	8						
Liqu. articulaire	1																												2																				4	7					
Hémoculture	2							5			1		1									1							1																					49	60				
Biopsie organe	32	1	1	2			1	8							2		1	2			2		1				1		1	1																			57	118					
Biopsie cutanée tendon								1							3															2																			7	24					
Biopsie osseuse	5							1																			1																						3	10					
Ganglion	37	2		1				20							1													2		3		1																		55	122				
Pus	16	1	1					10				2			2		2						2																											29	69				
Abcès	10		1					8							1																																			10	31				
Urine	3	1	10					2															2						3			1																		44	66				
Selles			1																				1																												6				
Autre	5																												5						1															7	18				
Origine inconnue	151	1	1	4		1		23	1		2	3			3				2		1		4			1	2	5	9	1																				5		50	275		
Total	748	6	15	11	1	4	2	357	2	3	27	24	12	2	34	1	18	5	10	4	13	3	134	1	1	8	40	84	240	49	1	5	3	10	15	1	5	1	2	1	2	4	6	7	2	5	1	98	6	12	1407	3453			

<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										
Mélange de 2 atypiques	12	2	6	2	6	4	3	5		5	8	5	5	3	2	2	
Mycobactéries atypiques non déterminée	6	4	2														
Autres bactéries								4	7	7	2	6	15	4	2		
Corynebacterium (autre famille)								9	23	26	12	13	12	13			7
TOTAL	2046	1641	1526	1570	1809	1505	1497	1450	1478	1350	1432	1172	1217	1199	1116	1047	

CONTACT

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

POUR PLUS
D'INFORMATIONS :

WWW.SCIENSANO.BE

Sciensano • Rue Juliette Wytsman 14 • 1050 Bruxelles • Belgique • T + 32 2 642 51 11 • T presse + 32 2 642 54 20 •
info@sciensano.be • www.sciensano.be

Editeur responsable: Myriam Sneyers, directeur général • Rue Juliette Wytsman • 1050 Bruxelles • Belgique •