

Les données présentées ci-dessous sont celles de la Direction opérationnelle « Maladies transmissibles et infectieuses » de l'ISP, laboratoire "Tuberculose et Mycobactéries".

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 biologie moléculaire (PCR spécifiques de diverses espèces mycobactériennes, amplification d'un fragment du gène codant pour l'ARNr 16S suivie de séquençage, test Inno-Lipa-Mycobacteria ou GenoType *Mycobacterium*, PCR permettant la différenciation des membres du complexe *M. tuberculosis*)
 - ◆ tests de sensibilité sur *M. tuberculosis*
 - en Bactec MGIT 960 (milieu liquide) pour les antituberculeux de 1^{re} ligne, à savoir isoniazide (I), rifampicine (R), éthambutol (E) et pyrazinamide (PZA) (attention, pour ce dernier, le résultat du test *in vitro* ne correspond pas toujours à l'activité de la PZA *in vivo*).
 - en Bactec 460TB et 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 Inno-Lipa-Rif-TB ou GenoType MTBDR_{plus} ou par séquençage d'une région de 81 pb du gène *rpoB* pour vérifier la résistance à la rifampicine
 - par PCR multiplex pour rechercher la mutation S315T dans le gène *katG* et la mutation C-15T dans la région promotrice du gène *inhA* ou GenoType MTBDR_{plus} pour vérifier la résistance à l'isoniazide
 - ◆ tests de sensibilité sur mycobactéries atypiques, seulement si le cas clinique le justifie (méthode des proportions de Canetti en milieu solide et méthode sensitière en milieu liquide)
 - ◆ génotypage des mycobactéries du complexe *M. tuberculosis*, en cas de résistance à un antituberculeux de 1^{re} ligne, en cas de suspicion d'épidémie, de suspicion de contamination de laboratoire ou encore sur demande spéciale (techniques : spoligotyping et MIRU-VNTR sur 24 loci).
- ◆ Sur prélèvements sanguins
 - ◆ diagnostic d'infection tuberculeuse latente par test IGRA (Interferon Gamma Release Assays)
- ◆ Le laboratoire utilise des techniques accréditées (ISO17025)

Echantillons reçus pour analyse en 2012

Nombre : 2018 1.743 cultures pour identification

- 61 prélèvements cliniques (dont 31 pour contrôle externe de qualité et 10 pour détection de tuberculose latente par test IGRA)
- 2 souches de référence pour collection
- 40 souches pour contrôle externe de qualité (tests de sensibilité, d'identification, de génotypage)
- 146 extraits d'ADN (dont 6 pour contrôle externe de qualité)
- 26 lames fixées pour contrôle externe de qualité

Origine géographique : les échantillons cliniques provenaient de 92 laboratoires différents du pays répartis à Bruxelles, en Wallonie et en Flandre, dont 44 ont envoyé plus de 10 échantillons pour analyse.

Mycobactéries d'origine clinique identifiées

1743 cultures (86 % en milieu liquide et 14 % sur milieu solide) ont été envoyées pour identification. Une mycobactérie a pu être identifiée dans **1154** de ces cultures : 439 (38%) complexes *M. tuberculosis* et 715 (62% 58,5 %) 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 1998 sont données dans le tableau 3.
- ◆ On notera que 589 (33,8%) des 1743 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

1. *M. tuberculosis*

En 2012, *M. tuberculosis* (complexe *M. tuberculosis*) a été identifié sur 439 isolats cliniques provenant de 359 patients différents. Le test de sensibilité a été effectué pour 289 patients (sur 1 isolat clinique pour 278 et sur 2 isolats pour 10 d'entre eux et sur 3 isolats pour 1 patient). 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) : 244 (84,4%)

Patients résistants à I (et pas à R)	: 22 (7.6%)	} 19 patients MDR (6.57%), dont 17 nouveaux cas
Patients multirésistants (I+R)	: 7	
Patients multirésistants (I+R+E)	: 12	
Patients résistants à R uniquement	: 2	

Parmi les **souches multirésistantes**, 9 (47%) appartenait à la famille Beijing. Une mutation dans *rpoB* a été retrouvée dans 18 des 19 isolats résistants à la rifampicine (dont mutation S531L dans 66% des cas). Une mutation dans *katG* et/ou *inhA* a été retrouvée chez 17 des 19 souches, soit 89% des isolats MDR (*katG* seul chez 63% des isolats; *inhA* seul dans 2 isolats (10%); *katG* + *inhA* chez 15,8% des isolats).

Parmi les isolats **mono-résistants à l'isoniazide** (ou résistants à l'isoniazide et l'éthambutol), la mutation S315T dans *katG* a été retrouvée chez 40,9% des isolats, la mutation -C15T dans *inhA* chez 27,3% des isolats. 1 isolat (4,5%) présentait les 2 mutations ensemble. Les 27,3% d'isolats restants n'avaient pas la mutation recherchée dans ces 2 gènes.

2. Mycobactéries atypiques ou NTM

Le test de sensibilité a été effectué pour 227 patients (238 isolats) infectés par les mycobactéries suivantes : 128 *M. avium-intracellulare*, 22 *M. xenopi*, 17 *M. kansasii*, 14 complexe *M. chelonae-abcessus*, 6 *M. malmoense*, 8 *M. fortuitum*, 11 *M. marinum*, 4 *M. simiae*, 4 *M. interjectum* et 13 autres mycobactéries atypiques.

Analyse des ADN extraits d'échantillons cliniques

140 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 les 146 ADN, 49 (dont 15 d'origine respiratoire) nous ont été envoyés par un hôpital pour recherche rapide de mutations dans *rpoB*, *katG* et *inhA* (patients suspects de tuberculose multirésistante) et 71 (37 provenant de biopsies d'origine pulmonaire ou d'organe, 2 biopsies cutanées, 23 ganglions et 9 d'autres origines) nous ont été envoyés par un laboratoire d'anatomo-pathologie pour recherche de la présence d'ADN mycobactérien.

Parmi les 15 ADN d'origine respiratoire du premier hôpital, 10 contenaient de l'ADN de *M. tuberculosis* (dont 1 aucun présentait des mutations associées à une multirésistance). Parmi les ADN du laboratoire d'anatomopathologie, dans 84,5% des cas, nous n'avons pas mis en évidence la présence d'ADN de mycobactérie, 3 seulement contenaient de l'ADN du complexe *M. tuberculosis*, et 8 de l'ADN de mycobactérie atypique.

Génotypage des bacilles de la tuberculose : pour 134 patients + 220 pour l'étude d'épidémiologie moléculaire à Bruxelles

Deux techniques de typage génétique, basées sur des marqueurs différents, sont utilisées dans notre laboratoire pour déterminer l'empreinte génétique des bacilles de la tuberculose : le Spoligotyping et MIRU-VNTR (Mycobacterial Interspersed Repetitive Unit - Variable Number Tandem Repeat) sur 24 loci. 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*.

Le génotypage a été effectué sur tous les isolats cliniques **résistants à l'isoniazide (24 patients)**, sur tous les **isolats multirésistants (19 autres patients)** et, **sur demande**, sur les isolats sensibles aux antituberculeux, en cas de suspicion d'épidémie ou de contamination (soit pour **91 patients**).

Deux clusters de 2 souches ont été observés parmi les isolats monorésistants à l'isoniazide.

Parmi les 20 isolats multirésistants, 7 appartenaient à 4 clusters détectés précédemment. Parmi ces 7 souches appartenant à des clusters, 4 présentaient un profil identique (même cluster) et appartenaient la famille Beijing. Font déjà partie de ce cluster Beijing les souches isolées les années précédentes chez plusieurs patients tuberculeux multirésistants originaires d'Europe de l'Est. Les 3 autres souches multirésistantes en cluster appartenaient à 3 clusters différents également décrits précédemment.

Parmi les souches multisensibles des 91 patients pour lesquels un génotypage avait été demandé, 52 faisaient partie d'un cluster. Nous avons en effet observé 13 clusters parmi ces patients, soit 6 clusters de 2 patients, 3 clusters de 3 patients, 1 de 5 patients, 1 de 6 patients, 1 de 7 patients et 1 de 13 patients. Ces clusters étaient le résultat soit de contaminations de contact (home, classe dans une école, etc...) soit de contaminations croisées de laboratoire. La mise en évidence de ces dernières a permis d'éviter la mise sous traitement inutile de patients faussement positifs.

Dans le cadre d'une étude d'épidémiologie moléculaire de la tuberculose à Bruxelles (projet européen **TB PAN NET 2009**), les isolats de *M. tuberculosis* de **220 patients habitant la Région bruxelloise** ont été génotypés dans notre laboratoire, par spoligotyping et MIRU-VNTR sur 24 loci. Les données administratives et cliniques des patients ont été collectées auprès du FARES-VRGT.

Les 793 souches isolées à Bruxelles en 2010 (304), 2011 (269) et 2012 (220) présentaient une grande diversité génétique. Nous avons en effet observé 579 profils différents, soit 479 (82,7%) souches avec un profil unique (qui leur est propre) et 320 souches faisant partie d'un cluster. Nous avons relevé 106 clusters de 2 à 9 patients infectés par une souche identique.

28 patients étaient infectés par une souche multirésistante.

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 793 souches analysées en 2010, 2011 et 2012 appartenaient aux familles génétiques suivantes (répertoriées dans les bases internationales de spoligotypes): familles T (25%), H (16%), LAM (17%), Beijing (5,4%), U (6%), CAS (5%), EAI (2,7%),.....

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 en tuberculosebestrijding vzw)
- ◆ Les proportions des cas de tuberculose résistante à l'isoniazide et de tuberculose multirésistante (MDR-TB : soit résistance à au moins l'isoniazide et la rifampicine) enregistrées dans notre laboratoire sont comparables aux pourcentages observés les années précédentes (6,57% de MDR en 2012 versus 5,89 % en 2011, 6,4 % en 2010, 6,1 % en 2009 et 6,6 % en 2008). Parmi les 19 nouveaux patients MDR, 2 patients étaient infectés par une souche XDR (ultra-résistante : souche MDR avec résistance additionnelle à l'amikacin et à une quinolone), 1 autre patient était infecté par une souche multirésistante présentant une résistance supplémentaire à l'amikacin (mais sensible aux quinolones) et 3 patients par une souche MDR sensible à l'amikacin, mais résistante aux quinolones. Ces cas de tuberculose ultrarésistante sont très difficiles à traiter et nécessitent la mise en isolement des patients, en chambre à pression négative à l'hôpital Saint-Pierre, pendant de longs mois. Ces patients entrent dans l'étude BELTA TB NET ; leur traitement est financé par l'INAMI.
- ◆ Parmi les 1743 cultures envoyées pour identification, 86% (1499) étaient des cultures en milieu liquide (812 en provenance du BACTEC MGIT, 644 du BacT/ALERT, 43 du BACTEC 9.000) et 14% (244) étaient sur milieu solide.
- ◆ Il faut noter que nous n'avons plus reçu de culture BACTEC radiométrique cette année étant donné l'arrêt de la commercialisation de ce type de bouteilles de culture
- ◆ D'autre part, 589 cultures (**33,8%**) 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 : 34.5% (280/812) des cultures MGIT, 43% (277/644) des cultures provenant du BacT/ALERT, 41.9% (18/43) des cultures en BACTEC 9.000, 5,7% (14/244) 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 anormalement 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.
Les cultures contaminées ou négatives génèrent beaucoup plus de travail (pour s'assurer qu'elles ne contiennent vraiment pas de mycobactéries) que l'identification d'une culture mycobactérienne pure.
- ◆ Les espèces de NTM les plus isolées furent, *M. avium* (22.6% des NTM), *M.,intracellulare* (19.8% des NTM) suivis de *M. gordonae* (18,2 % des NTM) et *M. xenopi* (17,3 % des NTM).

- ◆ La proportion de *M.avium* et *M.intracellulare* est en augmentation par rapport à celle des années précédentes (42.4% des mycobactéries atypiques identifiées en 2012, versus 39.6% en 2011 32,1 % en 2010, 32,8 % en 2009, 37,6 % en 2008, 32 % en 2007 et 22 % en 2006) (tableau 3). Ceci pourrait être dû au fait que plusieurs laboratoires identifient à présent eux-mêmes les espèces mycobactériennes en culture par des tests moléculaires commerciaux et ne nous envoient les souches que pour antibiogramme. On pourrait dès lors considérer que le nombre de pathologies associées à *M.avium-intracellulare* est plus grand que celles associées aux autres espèces.
- ◆ En ce qui concerne les NTM, nous ne savons pas combien d'entre elles ont été réellement la cause d'une maladie car nous n'avons pas de données cliniques sur les patients.

Tableau 1 : Identification de cultures d'origine clinique en 2012
(1154 mycobactéries sur 1743 cultures analysées)

TUB CPX				
Pathogènes	Complexe <i>M. tuberculosis</i>	422		
	Mélange cpx <i>M.tub</i> et atypique	7		
	<i>M. bovis</i>	3		
	<i>M. bovis</i> ssp B.C.G.	5		
	<i>M. africanum</i>	2		
	Total TUB CPX	439	38% 43,5%	
NTM			% NTM	
Potentiellement pathogènes	<i>M. abscessus</i>	12		
	<i>M. avium</i>	162	22.6%	
	<i>M. bohemicum</i>	2		
	<i>M. celatum</i>	3		
	<i>M. chelonae</i> subsp. <i>chelonae</i>	11		
	Complexe <i>M. chelonae-abscessus</i>	6		
	Complexe <i>M. fortuitum-peregrinum</i>	16		
	Complexe <i>M.fortuitum-porcinum-boenickei</i>	3		
	Complexe <i>M. fortuitum-senegalense-farcinogenes</i>	3		
	<i>M. interjectum</i>	8		
	<i>M. intermedium</i>	1		
	<i>M. Intracellulare</i>	142	19.8%	
	<i>M. kansasii</i>	19		
	<i>M. lentiflavum</i>	5		
	<i>M. malmoense</i>	7		
	<i>M. marinum</i>	11		
	<i>M. mucogenicum</i>	2		
	<i>M. nebraskense</i>	1		
	<i>M. scrofulaceum (paraffinicum)</i>	4		
	<i>M. simiae</i>	7		
	<i>M. szulgai</i>	1		
	<i>M. xenopi</i>	124	17.3%	
	Mélange <i>M. avium</i> et <i>M. xenopi</i>	1		
	Mélange <i>M. avium</i> et <i>M. gordonae</i>	1		
	Mélange <i>M. intracellulare</i> et <i>M. gordonae</i>	2		
	Mélange <i>M. gordonae</i> et <i>M. kansasii</i>	1		
	Rarement ou non * pathogènes	<i>M. arupense</i>	3	
		<i>M. gordonae</i>	130	18.18%
<i>M. goodii</i>		1		
<i>M. heckeshornense</i>		3		
<i>M. non-chromogenicum</i>		4		
<i>M. parascrofulaceum</i>		1		
<i>M. pulveris</i>		1		
<i>M. smegmatis</i>		1		
<i>M. shagni</i>		1		
<i>M. terrae</i>		5		
<i>M. thermoresistibile</i>		1		
<i>M. species</i>		9		
Total NTM		715	62% 58,5%	
Total Mycobacteria		1154		
<i>Corynebacterium</i> ou autres		18		
Négatifs (cultures ne contenant pas de mycobactéries)	571			
Total cultures cliniques analysées	1743			
Souches de référence pour collection	2	} 275		
Contrôles de qualité	40			
Extraits d'ADN	146			
Prélèvements cliniques	61			
Lames fixées pour contrôles de qualité	26			
Total	2018			

Centre de Référence (WIV-ISP) - Tuberculose & Mycobactéries - Rapport annuel 2012

Vanessa Mathys

Tableau 2 : Cultures analysées en 2012

	Complexe <i>Mycobacterium tuberculosis</i>	Mélange <i>M. tuberculosis</i> + atypique	<i>Mycobacterium bovis</i> ssp B.C.G.	<i>Mycobacterium bovis</i>	<i>Mycobacterium africanum</i>	<i>Mycobacterium abscessus</i>	<i>Mycobacterium arupense</i>	<i>Mycobacterium avium</i>	<i>Mycobacterium bohemicum</i>	<i>Mycobacterium celatum</i>	<i>Mycobacterium chelonae</i> subsp. <i>chelonae</i>	Complexe <i>Mycobacterium chelonae</i> - <i>abscessus</i>	Complexe <i>Mycobacterium fortuitum</i> - <i>peregrinum</i>	Complexe <i>Mycobacterium fortuitum</i> – <i>porcinum-boenickelii</i>	Complexe <i>M. fortuitum</i> – <i>senegalense</i> - <i>farcinogenes</i>	<i>Mycobacterium goodii</i>	<i>Mycobacterium gordonae</i>	<i>Mycobacterium heckesbonense</i>	<i>Mycobacterium intermedium</i>	<i>Mycobacterium interjectum</i>	<i>Mycobacterium intracellulare</i>	<i>Mycobacterium kansasii</i>	<i>Mycobacterium lentiflavum</i>	<i>Mycobacterium malmoeense</i>	<i>Mycobacterium marinum</i>	<i>Mycobacterium mucogenicum</i>	<i>Mycobacterium nebraskense</i>	<i>Mycobacterium non-chromogenicum</i>	<i>Mycobacterium pulveris</i>	<i>Mycobacterium paraffinicum</i> (<i>scrofulaceum</i>)	<i>Mycobacterium parascrofulaceum</i>	<i>Mycobacterium simiae</i>	<i>Mycobacterium smegmatis</i>	<i>Mycobacterium sphagni</i>	<i>Mycobacterium szulgai</i>	<i>Mycobacterium terrae</i>	<i>Mycobacterium thermoresistibile</i>	<i>Mycobacterium xenopi</i>	<i>Mycobacterium species</i>	Mélange <i>M. avium</i> & <i>M. gordonae</i>	Mélange <i>M. avium</i> & <i>M. xenopi</i>	Mélange <i>M. gordonae</i> & <i>M. kansasii</i>	Mélange <i>M. intracellulare</i> & <i>M. gordonae</i>	<i>Corynebacterium</i>	Autre microorganisme	Éliminés			
Expectoration	154	6		1	7		61	1	1	5	5	4		1		63	2	1	1	61	9	1	1					2	1	3							67	2			2	8	3	253					
Aspiration bronchique	76	1		1	2	2	41				1	4	2	2		40	1		4	41	5	2	1				1	1			1	3				1	2		43	1			1	2	103				
Liqu. broncho-alvéolaire	38					2	13	1	1	1						13				16	3		2														9	3		1	1			49					
Liqu. gastrique	8																			2	1																							12					
Liqu. d'ascite																					2	1																							5				
Liqu. pleural	12															1										1																			1	32			
Liqu. péricardique	1																																												2				
Liqu. péritonéal	1						1						1																																	2			
Liqu. cérébro-spinal	3																																													2			
Liqu. articulaire																																														2			
Hémoculture	1		1				3																																								8		
Biopsie organe	13		1				1														1																										14		
Biopsie cutanée tendon	1					1					1	1	1														5																				2		
Biopsie osseuse				1										1																																	1		
Ganglion	34			1			9												2	1			1	1																							23		
Pus	13			1		1	1				1	1								1		1	2	4																								13	
Abcès	16						2				3	1								1		1																									5		
Urine	6		3										1				6																														32		
Selles																1																																	
Autre	2																																														6		
Origine inconnue	43						30		1			3				6				18	1	1			2														5	1	1						7		
TOTAL	422	7	5	3	2	12	3	162	2	3	11	6	16	3	3	1	130	3	1	8	142	19	5	7	11	2	1	4	1	4	1	7	1	1	1	1	5	1	1	1	2	12	6	571	1743				

Centre de Référence (WIV-ISP) - Tuberculose & Mycobactéries - Rapport annuel 2012
Vanessa Mathys

Tableau 3 : Espèces mycobactériennes d'origine clinique identifiées depuis 1998 (par séquençage d'ADNr 16S depuis 1999)

		2012	2011	2010	2009	2008	2007	2006	2005	2004	2003	2002	2001	2000	1999	1998
Complexe	Complexe <i>M. tuberculosis</i>	422	467	489	397	468	415	451	462	437	421	422	438	521	492	413
<i>M. tuberculosis</i>	<i>M. tuberculosis</i>						5	12	1							
	Mélange <i>M. tuberculosis</i> + atypique	7	2	3	2	2		2	1	1	1	7	5	3	6	1
	<i>M. africanum</i>	2	2	2			1		1		2					
	<i>M. bovis</i>	3	12	15	5	8	3	1	3	1	2	3		3	5	
	<i>M. bovis</i> BCG	5	10	8	5	1	3	6	2	4	1		2	1	3	1
	Mélange <i>M. bovis</i> BCG + <i>M. gordonae</i>								1							
Mycobactéries atypiques opportunistes	<i>M. avium</i>	162	142	128	128	122	117	79	93	77	56	70	62	57	71	41
	<i>M. intracellulare</i>	142	134	88	101	90	74	55	49	47	32	30	29	65	25	11
	Mélange <i>M. avium</i> + atypique	2	3	1		2										
	Mélange <i>M. intracellulare</i> + atypique	2	1	1												
	<i>M. celatum</i>	3		3	4		3				1	1		1	2	
	Complexe <i>M. chelonae-abscessus</i>	29	30	20	32	25	21	23	32	37	42	38	36	56	15	3
	Complexe <i>M. fortuitum-peregrinum</i>	22	24	20	16	17	17	17	21							
	<i>M. genavense</i>		2	1			2						1			
	<i>M. haemophilum</i>		2			2	2	1	2	1		1				
	<i>M. immunogen</i>								1			1	1	2		
	<i>M. interjectum</i>	8	3	4	2	3	5	7	5	1	1	2	2	5	2	
	<i>M. intermedium</i>	1		3	5	2	2		1		1	1				
	<i>M. kansasii</i>	19	20	30	24	41	32	31	25	20	18	35	36	32	29	17
	Mélange <i>M. kansasii</i> <i>M. avium</i>												1			
	Mélange <i>M. kansasii</i> <i>M. gordonae</i>	1												1		
	<i>M. lentiflavum</i>	5	3	13	5	7	11	5	7	4	14	4	5	7		
	<i>M. malmoense</i>	7	8	9	3	7	9	11	4	4	3	6	4	8	20	2
	<i>M. marinum</i>	11	2	6	6	6	8	11	8	4	3	7	16	15	2	
	<i>M. paraffinicum</i>	3			2		4	5			5		8			
	<i>M. peregrinum</i>										3	7	4		4	
	<i>M. scrofulaceum</i>	1	3		1	6	4	2	3	2	1	1	2	7	3	
	Mélange <i>M. scrofulaceum</i> + <i>M. gordonae</i>												1			
	<i>M. simiae</i>	7		11	9	9	4	1	6	14	1	4	6	4	4	
	<i>M. szulgai</i>	1	5	4	3	3	6	3	4	6	1	2	3		3	
	<i>M. xenopi</i>	124	88	132	138	127	126	115	149	123	111	108	94	100	83	49
	Mélange <i>M. xenopi</i> + <i>M. gordonae</i>		1	1	1									2		
	<i>M. species</i>	16	11			5		4	6	3	6	13	10	10	6	
Rarement ou non* pathogènes	<i>M. agri</i>						1			1	1					
	<i>M. alvei</i> *				1					1	4	2				
	<i>M. anthracenicum</i> *				3			4	23	3						
	<i>M. arupense</i>	3		3	1											
	<i>M. aubagnense</i>		1			1										
	<i>M. bohemicum</i>	2		2		1	2	2	2	2	1		2	1	1	
	<i>M. branderi</i>		2		1				2							
	<i>M. cookii</i>				1											
	<i>M. duvalli</i>													1	1	
	<i>M. elephantis</i>									1						
	<i>M. frederiksbergense</i> *				1											
	<i>M. gadium</i>										1				1	
	<i>M. gilvum</i>											1				
	<i>M. gordonae</i>	130	198	176	198	76	121	145	143	161	142	201	166	198	133	82
	Mélange <i>M. gordonae</i> + <i>M. simiae</i>				1											
	<i>M. heckeshornense</i>	3					2			2						
	<i>M. heidelbergense</i>			2												
	<i>M. hiberniae</i>		1								1		1	4	1	
	<i>M. holsaticum</i>			1		1	1			1						
	<i>M. kumamotoense</i>			1		1										
	<i>M. mucogenicum</i>	2	3	2	3			3	2	2						
	<i>M. nebraskense</i>	1							1							
	<i>M. neoaurum</i>							1		1						
	<i>M. nonchromogenicum</i>			1		1	6	3	3	3	1	1	4	4	2	
	<i>M. noviomagense</i>				1	1										
	<i>M. novocastrense</i>												2	2		
	<i>M. palustre</i>				1											
	<i>M. parascrofulaceum</i>	1	1	1												
	<i>M. phlei</i>		1		1	1		1	1	1			2			
	<i>M. ratisbonense</i>										1	3	3	1		
	<i>M. senegalense</i>													1	1	
	<i>M. sherrisii</i>				1	3										
	<i>M. shimoidei</i>				1	1								1		
	<i>M. smegmatis</i>	1	1						2		1		2			
	<i>M. sphagni</i>	1						5				1		1		
	<i>M. terrae</i>	1	4	3	2				2	2	4	1	5	2	4	
	Complexe <i>terrae</i>	4				3	7	3								
	<i>M. triplex</i>			5	1			1			1					
	<i>M. triviale</i>													1		
Autres bactéries		6	15	4	2		11	15			2			5	3	7
Corynebacterium (autre famille)		12	13		7	4										
TOTAL		1172	1217	1199	1116	1047	1025	1025	1068	967	886	973	953	1122	922	627