



## Commentaire sur les essais interlaboratoires B39, B40 et B41 – détection de mycobactéries 2025-3 et 2025-4

### Essai interlaboratoire B39 – microscopie

Quatre fois par an, deux lames fixées à chaud sont envoyées pour la détection des bâtonnets acido-résistants. Les lames peuvent être colorées avec la coloration de Ziehl-Neelsen, une coloration fluorescente (par ex. l'auramine) ou une autre coloration pour bâtonnets acido-résistants. Les préparations peuvent d'abord être sélectionnées à l'aide d'une coloration fluorescente, puis recolorées selon la méthode Ziehl-Neelsen.

La microscopie permet une détection rapide mais peu sensible des mycobactéries dans le matériel du/de la patient·e. Elle ne permet pas de différencier *Mycobacterium tuberculosis* (MTB) des mycobactéries non tuberculeuses (MNT). La détection microscopique de bâtonnets acido-résistants revêt désormais une importance cruciale pour le suivi thérapeutique (MTB et MNT) et dans le cadre des investigations environnementales sur la tuberculose.

Avec l'essai interlaboratoire 2025-3, deux échantillons positifs (A) et (B), et avec l'essai interlaboratoire 2025-4 un échantillon négatif (A) et un échantillon positif (B) ont été envoyés. Les échantillons positifs contenaient des mycobactéries non tuberculeuses. L'évaluation des préparations n'a généralement pas posé de difficultés. Les échantillons ont été évalués correctement par les 24 participant·e·s.

### Essai interlaboratoire B40 – culture, identification et test de résistance MTB

L'essai interlaboratoire B40 comprend du matériel respiratoire artificiel pour la culture de mycobactéries avec identification ultérieure. Si le complexe *M. tuberculosis* est détecté par culture, un test de résistance phénotypique et/ou génotypique aux antibiotiques de première intention, l'isoniazide, la rifampicine, l'éthambutol et le pyrazinamide, peut être réalisé. Quatre échantillons sont envoyés deux fois par an.

Échantillon 2025-3 B40-A      Mycobactéries non détectables

Échantillon 2025-3 B40-B      *M. bovis*, naturellement résistant au pyrazinamide (*pncA*, H57D)

Échantillon 2025-3 B40-C      *M. tuberculosis*, pan-sensible

Échantillon 2025-3 B40-D      *M. tuberculosis*, monorésistance à l'isoniazide, mutation *katG* (S315T), résistance de haut niveau à l'isoniazide

Douze laboratoires ont effectué un test de détection des mycobactéries par culture, et sept laboratoires ont de surcroît effectué un test de résistance génotypique et/ou phénotypique pour *M. tuberculosis*. L'essai interlaboratoire n'a généralement pas posé de difficultés. Un laboratoire a identifié par erreur l'échantillon B comme étant *M. bovis* BCG.

## Test du pyrazinamide

La résistance au pyrazinamide est très rare, à l'exception de *M. bovis*, *M. bovis* BCG et *M. tuberculosis* multirésistant (MDR). La différenciation de *M. bovis* et *M. bovis* BCG est donc essentielle. BD a annoncé en juin 2025 une interruption d'approvisionnement du kit BD BACTEC MGIT 960 PZA et des tubes BD BACTEC MGIT 960 PZA. Il semblerait toutefois que le kit PZA soit à nouveau disponible à partir de 2026. La principale alternative au test phénotypique est le test de résistance moléculaire. Nous recommandons d'effectuer au moins une analyse de séquence du gène *pncA*.

## Essai interlaboratoire B41 – identification MNT

L'essai interlaboratoire B41 permet de vérifier l'identification des mycobactéries non tuberculeuses (MNT). Quatre cultures MNT sont envoyées deux fois par an. Les MNT diffèrent par leur pathogénicité et leur résistance. L'identification des MNT au niveau de l'espèce est par conséquent essentielle.

**Taxonomie mycobactérienne :** Le genre *Mycobacterium*, qui comprend plus de 200 espèces, a été récemment divisé en cinq genres (Gupta, 2018, *Front Microbiol*). D'un point de vue taxonomique, cette nouvelle classification peut être justifiée, elle peut cependant entraîner des confusions en microbiologie clinique et par là même constituer un danger pour les patient·e·s. Conformément aux règles taxonomiques, la nouvelle et l'ancienne nomenclature peuvent être utilisées côte à côte. Actuellement, il est donc recommandé d'utiliser la taxonomie conventionnelle pour la microbiologie clinique (Tortoli, 2019, *Eur Resp J*).

Échantillon 2025-3 B41-A *Mycobacterium chelonae*

Échantillon 2025-3 B41-B *Mycobacterium avium*

Échantillon 2025-3 B41-C *Mycobacterium persicum* (*anciennement M. kansasii*)

Échantillon 2025-3 B41-D *Mycobacterium abscessus* subsp. *abscessus*

L'identification des MNT n'a généralement pas posé de difficultés. Huit laboratoires ont participé à l'essai interlaboratoire.

### Complexe *Mycobacterium chelonae/abscessus*

Le complexe *M. chelone/abscessus* (MABC) appartient aux mycobactéries à croissance rapide et comprend notamment les espèces *M. abscessus* subsp. *abscessus*, *M. abscessus* subsp. *massiliense*, *M. abscessus* subsp. *boletii* et *M. chelonae*. Les infections à MABC peuvent provoquer des maladies pulmonaires chroniques chez les patient·e·s présentant des lésions pulmonaires (bronchectasie, mucoviscidose) et sont également connues pour causer des infections cutanées et des tissus mous après un traumatisme ou une intervention chirurgicale. Les espèces de MABC ne peuvent pas être distinguées au seul moyen du séquençage de l'ARNr 16S. L'identification est réalisée via le séquençage du gène *rpoB* et par celui du gène *erm(41)* ou par des tests de sonde linéaire (Line Probe Assays, LPA).

**L'échantillon 2025-3 B41-A** contenait ***M. Chelonae***. Cette bactérie se caractérise par une température de croissance optimale comprise entre 28 et 30 °C. *M. chelonae* est généralement sensible aux macrolides. La tobramycine est considérée comme l'aminoside de choix pour le traitement de *M. chelonae*, contrairement à la bactérie *M. abscessus*, contre laquelle l'amikacine est utilisée. L'amikacine est considérée comme inefficace contre *M. chelonae*. Nous recommandons par conséquent de faire la distinction entre *M. chelonae* et *M. abscessus*.

L'échantillon 2025-3 B41-D contenait *M. abscessus subsp. abscessus*. La souche présente une résistance inductible aux macrolides [gène *erm*(41) : génotype T28]. Les macrolides (clarithromycine, azithromycine) sont considérés comme inefficaces sauf s'ils sont utilisés pour leurs propriétés immunomodulatrices (Daley C.L. et al. 2020). La monothérapie étant susceptible d'échouer, un traitement combiné est induit.

#### ***Mycobacterium avium***

Le complexe *M. avium* (MAC) appartient aux mycobactéries à croissance lente et comprend notamment les espèces *M. avium*, *M. intracellulare* et *M. chimaera* (également *M. intracellulare* subsp. *chimaera*). Les MAC font partie des agents pathogènes les plus courants des infections mycobactériennes non tuberculeuses. Les poumons sont le site d'infection le plus fréquent. Les infections à MAC disséminées surviennent chez les patient·e·s immunodéprimé·e·s (par ex. les patient·e·s atteint·e·s du VIH). Le séquençage de l'ARNr 16S permet de distinguer *M. avium*, *M. intracellulare* et *M. chimaera* les uns et des autres. Une identification peut également être réalisée à l'aide d'un test de sonde linéaire (Line Probe Assay) et de la spectrométrie de masse MALDI-TOF.

#### ***Mycobacterium persicum***

*Mycobacterium kansasii* peut provoquer des infections pulmonaires semblables à la tuberculose chez les personnes immunocompétentes et immunodéprimées. Le complexe *M. kansasii* est actuellement divisé en cinq (ou six) espèces, à savoir *M. kansasii* sensu stricto, *M. persicum*, *M. pseudokansasii*, *M. innocens*, *M. attenuatum* et enfin « *M. Ostraviense* » (Tagini, 2019). Certaines espèces ne sont passées que récemment du statut de sous-espèce à celui d'espèce, sur la base d'analyses phylogénétiques. Les espèces du complexe *M. kansasii* ont une pertinence clinique et épidémiologique différente, mais il est difficile de les différencier dans le cadre des diagnostics de routine. Il est cependant possible de distinguer *M. persicum* des autres espèces du complexe à l'aide du séquençage 16S.

*Merci d'avoir participé aux essais interlaboratoires*  
*Meilleures salutations*



*Dr sc. nat. Bettina Schulthess, FAMH Microbiologie*  
*Codirectrice du Centre national des mycobactéries (NZM, Nationales Zentrum für Mykobakterien)*  
*Institut de microbiologie médicale*  
*Université de Zurich*  
*Gloriastrasse 28/30*  
*8006 Zurich*

## Autres références bibliographiques sur les mycobactéries non tuberculeuses

- Simmner PJ et al. 2015. *Mycobacterium*: Clinical and Laboratory Characteristics of Slowly Growing Mycobacteria. Manual of Clinical Microbiology. Washington DC: ASM Press, pp 570-594
- Brown-Elliott BA, Wallace RJ. 2015. *Mycobacterium*: Clinical and Laboratory Characteristics of Rapidly Growing Mycobacteria. Manual of Clinical Microbiology. Washington DC: ASM Press, pp 595-612
- Daley CL et al. 2020, Treatment of Nontuberculous Mycobacterial Pulmonary Disease: An Official ATS/ERS/ESCMID/IDSA Clinical Practice Guideline. *Clin Infect Dis.* 71(4):904-913
- Shahraki AH et al. 2017. *Mycobacterium persicum* sp. nov., a novel species closely related to *Mycobacterium kansasii* and *Mycobacterium gastri*. *Int J Syst Evol Microbiol.* 67(6):1766-1770
- Tagini F et al. 2019. Phylogenomics reveal that *Mycobacterium kansasii* subtypes are species-level lineages. Description of *Mycobacterium pseudokansasii* sp. nov., *Mycobacterium innocens* sp. nov. and *Mycobacterium attenuatum* sp. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 69(6):1696-1704
- Jagielski T et al. 2020. Genomic Insights Into the *Mycobacterium kansasii* Complex: An Update." *Frontiers in microbiology* vol. 10 2918. 15 Jan. 2020, doi:10.3389/fmicb.2019.02918
- Tortoli E et al. 2016. Emended description of *Mycobacterium abscessus* and *Mycobacterium abscessus* subsp. *abscessus* and *Mycobacterium abscessus* subsp. *bolletii* and designation of *Mycobacterium abscessus* subsp. *massiliense* comb. nov. *Int J Syst Evol Microbiol.* 66: 4471-4479