



Verein für **medizinische Qualitätskontrolle**
Association **pour le contrôle de Qualité medical**
Associazione **per il controllo di qualità medico**

Commentaire sur les essais interlaboratoires B39, B40 et B41 – détection de mycobactéries 2026-1 et 2026-2

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 le complexe *Mycobacterium tuberculosis* (MTBC) des mycobactéries non tuberculeuses (MNT). La détection microscopique de bâtonnets acido-résistants revêt désormais une importance cruciale pour le suivi thérapeutique (MTBC et MNT) et dans le cadre des investigations environnementales sur la tuberculose.

Avec l'essai interlaboratoire 2026-1, un échantillon négatif (A) et un échantillon positif (B), et avec l'essai interlaboratoire 2026-2 deux échantillons positifs (A et B) ont été évalués. 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 MTBC

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 2026-1 B40-A *M. bovis*, naturellement résistant au pyrazinamide (*pncA*, H57D)

Échantillon 2026-1 B40-B *M. tuberculosis*, pan-sensible

Échantillon 2026-1 B40-C *M. tuberculosis*, monorésistance à la rifampicine, mutation *rpoB* (S531L, numérotation *E. coli*, correspond à la mutation S450L lors de *M. tuberculosis*)

Échantillon 2026-1 B40-D Mycobactéries non détectables

Dix-huit laboratoires ont effectué un test de détection des mycobactéries par culture, et dix laboratoires ont de surcroît effectué un test de résistance génotypique et/ou phénotypique pour le MTBC. L'essai interlaboratoire n'a généralement pas posé de difficultés. Dans un laboratoire, la détection par culture des mycobactéries dans l'échantillon B s'est révélée négative.

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 2026-1 B41-A	<i>Mycobacterium basiliense</i>
Échantillon 2026-1 B41-B	<i>Mycobacterium abscessus</i> subsp. <i>massiliense</i>
Échantillon 2026-1 B41-C	<i>Mycobacterium peregrinum</i>
Échantillon 2026-1 B41-D	<i>Mycobacterium chimaera</i> (<i>M. intracellulare</i> subsp. <i>chimaera</i>)

L'identification des MNT a généralement posé peu de difficultés. Huit laboratoires ont participé à l'essai interlaboratoire. Un laboratoire n'a pu identifier l'isolat de MNT dans l'échantillon C qu'au niveau du genre.

Mycobacterium basiliense

M. basiliense fait partie des mycobactéries à croissance lente et est génétiquement proche de *Mycobacterium marinum*. Contrairement à *M. marinum*, *M. basiliense* se développe toutefois à 37 °C. *M. basiliense* a été isolée pour la première fois à partir d'échantillons respiratoires de patient·e·s de la région de Bâle en 2019. *M. basiliense* peut être différenciée des autres MNT grâce au séquençage de l'ARNr 16S.

Complexe *Mycobacterium chelonae/abscessus*

Le complexe *M. chelonae/abscessus* (MABC) fait partie des mycobactéries à croissance rapide et comprend notamment les espèces *M. abscessus* subsp. *abscessus*, *M. abscessus* subsp. *massiliense*, *M. abscessus* subsp. *boletii* et *M. chelonae* (Tortoli, 2016). Les infections à MABC peuvent provoquer des maladies pulmonaires chroniques chez les patient·e·s présentant des lésions pulmonaires (bronchiectasie, 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 différenciées 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 2026-1 B41-B contenait *M. abscessus* subsp. *massiliense*. La souche possède un gène *erm*(41) non fonctionnel et est donc sensible aux macrolides (clarithromycine, azithromycine). La monothérapie étant susceptible d'entraîner un échec thérapeutique, une thérapie combinée est indiquée. (Daley, 2020).

Mycobacterium peregrinum

M. peregrinum fait partie des mycobactéries à croissance rapide du complexe *Mycobacterium fortuitum*. Les mycobactéries du complexe *M. fortuitum* sont associées à des infections de la peau, des os et des tissus mous (chirurgie plastique, bains à remous, bains de pieds, pédicure, piercing). Les infections pulmonaires ou disséminées sont très rares. *M. fortuitum* sensu stricto est une mycobactérie intrinsèquement résistante aux macrolides en raison d'une méthylase erm inducible. Certains représentants du complexe *M. fortuitum*, ainsi que *M. peregrinum*, ne possèdent pas de gène erm et sont sensibles à la clarithromycine et à l'azithromycine.

Les espèces du complexe *M. fortuitum* sont étroitement apparentées et ne peuvent pas toujours être clairement différenciées les unes des autres à l'aide de méthodes standard telles que le séquençage de l'ARNr 16S, les tests de sonde linéaire (Line Probe Assays) et la spectrométrie de masse MALDI-TOF. *M. fortuitum* sensu stricto peut être différenciée des autres espèces du complexe au moyen du séquençage de l'ARNr 16S ; la différenciation des autres représentants nécessite cependant le séquençage de gènes supplémentaires tels que rpoB.

Mycobacterium chimaera

Le complexe *M. avium* (MAC) fait partie des 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. En raison de l'épidémie précédemment décrite d'infections à *M. chimaera* chez des patient·e·s après une chirurgie cardiaque, nous recommandons de différencier *M. intracellulare* sensu stricto et *M. chimaera*.

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

Gupta *et al.* 2018. Phylogenomics and Comparative Genomic Studies Robustly Support Division of the Genus *Mycobacterium* into an Emended Genus *Mycobacterium* and Four Novel Genera. Front. Microbiol. 9:67.

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

Tortoli E *et al.* 2019. Same meat, different gravy: ignore the new names of mycobacteria. Eur Respir J. 54: 1900795.