



Protocole de détection par PCR et électrophorèse des souches de la famille Beijing : Application aux cas de tuberculose MDR/XDR à Brazzaville

FICHE TECHNIQUE

GHOMA LINGUISSI Laure Stella^{1,2,3*}, MANTO Gracia Nélia Christmas¹

¹Département de Santé Publique, Institut National de Recherche en Sciences de la Santé (IRSSA), Brazzaville, Republic of Congo

²Communauté Epanouis, Brazzaville, Republic of Congo

³Centre de Recherche Biomoléculaire Pietro Annigoni (CERBA), Ouagadougou, Burkina Faso

Auteur correspondant email: linguissi@gmail.com

Submitted 10/02/2026, Published online on 31/05/2026 in the <https://www.m.elewa.org/journals/journal-of-applied-biosciences-about-jab/> <https://doi.org/10.35759/JABs.220.2>

INTRODUCTION

L'émergence de souches de *Mycobacterium tuberculosis* résistantes complique la prise en charge des patients, entraînant des échecs thérapeutiques et une morbi-mortalité élevée (Zingol et al., 2016). Un autre enjeu majeur réside dans la typologie des souches circulantes. Certaines lignées, telles que la famille Beijing, sont reconnues pour leur virulence accrue, leur capacité de dissémination rapide et leur

association fréquente à la résistance aux antituberculeux (Benfenatki N., 2009). Nous documentons la prévalence et la distribution des souches de *Mycobacterium tuberculosis*, en particulier celles de la famille Beijing, chez les patients atteints de tuberculose multirésistante à Brazzaville.