Spoligotyping of *Mycobacterium africanum*, Burkina Faso

Michel K. Gomgnimbou, Guislaine Refrégier, Serge P. Diagbouga, Sanou Adama, Antoinette Kaboré, Adama Ouiminga, and Christophe Sola

Using Ziehl-Neelsen–positive slides collected from tuberculosis diagnostic centers in Burkina Faso, we showed that 20% of 80 spoligotyping-positive DNA samples had a characteristic *Mycobacterium africanum*–specific genomic signature. This result suggests that *M. africanum* is still present in Burkina Faso at almost the same prevalence as 15–20 years ago.

Mycobacterium africanum remains a major pathogen in Africa (*1*). Recently, de Jong et al. estimated the prevalence of *M. africanum* to be 1.7% in Burkina Faso (*1*); their estimate was based on a 2007 study by Godreuil et al., who unexpectedly did not identify any *M. africanum* isolate within a collection of 120 *M. tuberculosis* complex clinical isolates in 2001 from 79 tuberculosis patients living in Ouagadougou and 41 living in Bobo Dioulasso, the 2 largest cities in the country (*2*). However, 2 patterns (isolates 94 and 90) can be recognized as *M. africanum* by their characteristic spoligotyping signature (deletion of spacers, 8, 9, and 39) and an association of mycobacterial interspersed repetitive unit (MIRU) 24 ≥2, MIRU31 ≥4, and MIRU40 <3 signature (*2*,*3*).

In the neighboring country of Ghana (which has 200 km of common borders with Burkina Faso), another study suggested that the population structure of *M. tuberculosis* complex comprises 1) 34% spoligo-international type (SIT) 61 (named the Cameroon clade, also present in Burkina Faso); 2) 30% *M. africanum* (including *M. africanum* West African 1 and West African 2); and 3) 36% principal genetic group 2 and 3 modern strains (e.g., T, U [unknown], Haarlem, X, LAM [Latino-American and Mediterranean]), with minor prevalence of other principal genetic groups, i.e., the East-African Indian, Beijing, and *M. bovis* clades (*4*,*5*). These observations—and their congruence to estimates by Ledru et al. in 1996 of an 18.4% prevalence of *M. africanum* strains isolated from the 300 patients in whom tuberculosis was newly diagnosed in Burkina Faso during 1992–1994 (*5*)—prompted us to reexamine the conclusions of Godreuil et al. on the *M. africanum* prevalence in Burkina Faso.

Author affiliations: CNRS–Université Paris–Sud, Orsay, France (M.K. Gomgnimbou, G. Refrégier, C. Sola); Ministère de la Santé, Ouagadougou, Burkina Faso (S.P. Diagbouga); and Centre Muraz, Bobo Dioulasso, Burkina Faso (S. Adama, A. Kaboré, A. Ouiminga)

DOI: http://dx.doi.org/10.3201/eid1801.110275

The Study

The study, which we conducted during March–September 2010, had 3 goals. First, we wanted to determine whether we could extract DNA and perform high-throughput spoligotyping on a Luminex 200 device (Luminex, Austin, TX, USA) on acid-fast bacillus–positive slides (*6*). Second, we wanted to reestimate the prevalence of *M. africanum* in Burkina Faso from a recent and random sample of slides. Third, we wanted to further analyze the relative proportion of *M. africanum* West African I and West African 2 strains in Burkina Faso because this country is part of central western Africa, where the 2 *M. africanum* West African 1 and 2 strains are present at various relative rates (*2*). We report on all the goals of this project, even though goal 3 remains to be confirmed because of the small sample size.

From within 14 geographically independent centers in Burkina Faso (Figure), we recruited a random sample of 186 Ziehl-Neelsen (ZN) slides that had been included in a national study on drug resistance, as approved by the ethical committee for health research in Burkina Faso (2007–031; June 28, 2009). Of 186 DNA samples extracted from as many ZN slides, 143 sputum samples had been scored 3+, 18 were scored 2+, 10 were scored 1+, 5 had 1–9 bacilli total (±), totaling 176 positive slides from as many sputum samples. In addition, test results were negative for 9 and unknown for 1.

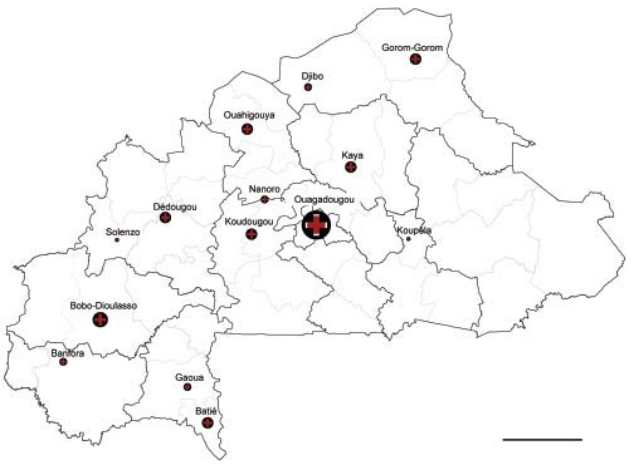

Figure. Origin of samples described in study of *Mycobacterium africanum* in Burkina Faso. Dark outlined borders indicate province; light outlined borders indicate regions. Scale bar = 100 km. Sources: Institut Géographique du Burkina Faso/Centre Muraz-PNT.

In a preliminary trial of 9 independent 3+ positive slides, DNA extraction was attempted by 2 methods: an enzymatic method (*7*) and a classical thermic lysis in a Chelex suspension (InstaGene; Bio-Rad, Hercules, CA, USA) (*8*). In our study, only the Chelex method produced good results, i.e., enabled us to obtain DNA that was successfully PCR amplified and produced a full spoligotyping pattern (results not shown). The quantity of DNA extracted was superior for all tests by the enzymatic lysis (n = 3) as by the Chelex (n = 6), as estimated by spectrophotometry (NanoDrop ND-1000; LabTech, Ringmer, UK). Thus, DNA can be successfully extracted by the enzymatic method for many human or bacterial cells but not for *M. tuberculosis* complex because no spoligotype could be obtained. We therefore analyzed the 176 experimental slides by using the Chelex extraction procedure.

The origins of all ZN slides assessed in this study are shown in the Figure, and genotyping results are shown in the Table (full results in the online Technical Appendix, wwwnc.cdc.gov/EID/pdfs/11-0275-Techapp.pdf). As observed in a much larger set of samples from Ghana, the Cameroon family (SIT61) also prevails in Burkina Faso (18 [25%] isolates) (*4*). Whether the Cameroon strains from Burkina Faso are similar or identical to those from Ghana remains to be studied.

Our result confirms the observation by Godreuil et al. in 2007 on the prevalence of the SIT61/Cameroon strains in Burkina Faso (*2*). However, we detected 16 *M. africanum* spoligotypes (West African 1 and West African 2), i.e., a minimal *M. africanum* prevalence of 20%, close to 18.4% found by Ledru et al. in 1996 (*5*). Third, the T and Haarlem strains represented 16 (22%) and 10 (14%), respectively, of the patterns; other genotypes were rare (5 CAS [Central Asian], 4 X, 1 *M. bovis*, 1 Beijing, 1 LAM). Finally, the relative prevalence of *M. africanum* West African 1 from *M. africanum* West African 2 could first be assessed by the spoligotyping signature (2 vs. 14; online Technical Appendix). Specific single nucleotide polymorphism detection could constitute another classification tool for *M. africanum* sublineages (*10*,*11*). Unfortunately, detection of katG203 single nucleotide polymorphism failed on the slide-extracted DNAs (results not shown), and our study is limited by a suboptimal yield in positive spoligotyping results (80 [43%] of 186), an issue that should be improved.

Table. Distribution of classified genotypes of *Mycobacterium tuberculosis* complex, Burkina Faso*

Clade†	No. (%) isolates, n = 72‡
CAM	18 (25)
Including CAM_family prototype = SIT61	14 (19)
Other CAM	4 (6)
T	16 (22.2)
Including T1	10 (13.9)
Undefined T1-T2	2 (2.8)
T2	1 (1.4)
T3	1 (1.4)
T5_MAD2	2 (2.8)
Haarlem	10 (13.9)
Including H1	7 (9.7)
H3	3 (4.2)
X	4 (5.6)
Including X3	1 (1.4)
M. africanum I (WA I and WA 2)	16 (22.2)
M. bovis	1 (1.4)
CAS1_Delhi	5 (6.9)
LAM9	1 (1.4)
Beijing	1 (1.4)

*CAM, Cameroon; SIT, spoligo-international type; WA, West African; CAS, Central Asian; LAM, Latino American–Mediterranean.
†Described in (*9*).
‡Excludes 4 new and 4 unclassified genotypes.

Conclusions

The results of our study diverge on the *M. africanum* prevalence in Burkina Faso from results from Godreuil et al. (*2*) (1.9% vs. 20%). These authors were intrigued to not identify more *M. africanum* isolates and suggested that their finding might reflect "a decrease in *M. africanum* prevalence in these countries," referring to a similar decrease in Cameroon during 1971–2003 (*12*,*13*). We believe that in the study by Godreuil et al., an unintentional bias was introduced against *M. africanum*, given the difficulty of isolating this genotypic variant in routine practice in mycobacteriologic laboratories. Differences in *M. africanum* prevalence in culture-based and sputum-based studies might reflect the difficulties of growing and isolating *M. africanum* in some national TB reference laboratories in western Africa. *M. africanum*, which is closely related to *M. bovis*, has peculiar growing requirements that are not always satisfied. Supplementation of Löwenstein-Jensen medium with pyruvate is mandatory and not standardized (from 0.1% to 0.4%).

The pyruvate requirements of some members of the *M. tuberculosis* complex were recently shown to be caused by a mutation creating an inactive pyruvate kinase (*14*). This specific mutation of *M. africanum* has major implications for its metabolism and growth.

Implementation of adequate culture and molecular identification facilities in Burkina Faso are needed. A potential solution to avoiding the bias from culture and from DNA extraction from slides could be to extract DNA directly from sputum, e.g., by storing surplus sputum prospectively in 70% ethanol. Additional work also is needed to improve analytical methods for ZN slides to refine description of *M. tuberculosis* genetic diversity and eventually to provide predictive genetic drug susceptibility testing. Introduction of newer and faster TB diagnostic methods are urgently needed in this area of western Africa.

Acknowledgments

We are grateful to M. Daouda for producing the Burkina Faso map and to M. François Topin for technical support.

The Global Fund and West Africa Network of Excellence for Tuberculosis, HIV/AIDS, and Malaria (European and Developing Countries Clinical Trials Partnership) helped fund this study. This work was made possible through the financial support of the French Embassy in Burkina Faso (Services d'Action Culturelle et de Coopération) through a Masters-level study grant to M.K.G.

Dr Gomgnimbou is a public health scientist of the Centre Muraz in Bobo Dioulasso, Burkina Faso, and is following a doctoral program of the École Doctorale Gènes Génomes Cellules of the University Paris-Sud 11 working in the Infection Genetics Emerging Pathogens Evolution Team at the Institute of Genetics and Microbiology in Orsay, France. His research interests focus on new diagnostics and genotyping methods applicable to tuberculosis control.

References

1. de Jong BC, Antonio M, Gagneux S. *Mycobacterium africanum*–review of an important cause of human tuberculosis in west Africa. PLoS Negl Trop Dis. 2010;4:e744. doi:10.1371/journal.pntd.0000744
2. Godreuil S, Torrea G, Terru D, Chevenet F, Diagbouga S, Supply P, et al. First molecular epidemiology study of *Mycobacterium tuberculosis* in Burkina Faso. J Clin Microbiol. 2007;45:921–7. doi:10.1128/JCM.01918-06
3. Viana-Niero C, Gutierrez C, Sola C, Filliol I, Boulahbal F, Vincent V, et al. Genetic diversity of *Mycobacterium africanum* clinical isolates based on IS*6110*-restriction fragment length polymorphism analysis, spoligotyping, and variable number of tandem DNA repeats. J Clin Microbiol. 2001;39:57–65. doi:10.1128/JCM.39.1.57-65.2001
4. Intemann CD, Thye T, Niemann S, Browne EN, Amanua Chinbuah M, Enimil A, et al. Autophagy gene variant IRGM –261T contributes to protection from tuberculosis caused by *Mycobacterium tuberculosis* but not by *M. africanum* strains. PLoS Pathog. 2009;5:e1000577. Epub 2009 Sep 11. doi:10.1371/journal.ppat.1000577
5. Ledru S, Cauchoix B, Yameogo M, Zoubga A, Lamande-Chiron J, Portaels F, et al. Impact of short-course therapy on tuberculosis drug resistance in south-west Burkina Faso. Tuber Lung Dis. 1996;77:429–36. doi:10.1016/S0962-8479(96)90116-1
6. Zhang J, Abadia E, Refregier G, Tafaj S, Boschiroli ML, Guillard B, et al. *Mycobacterium tuberculosis* complex CRISPR genotyping: improving efficiency, throughput and discriminative power of "spoligotyping" with new spacers and a microbead-based hybridization assay. J Med Microbiol. 2010;59:285–94. doi:10.1099/jmm.0.016949-0
7. Kamble RR, Shinde VS, Madhale SP, Kamble AA, Ravikumar BP, Jadhav RS. Extraction and detection of *Mycobacterium leprae* DNA from ZNCF-stained skin smear slides for better identification of negative skin smears. Indian J Med Microbiol. 2010;28:57–9. doi:10.4103/0255-0857.58732
8. van der Zanden AG, Hoentjen AH, Heilmann FG, Weltevreden EF, Schouls LM, van Embden JD. Simultaneous detection and strain differentiation of *Mycobacterium tuberculosis* complex in paraffin wax embedded tissues and in stained microscopic preparations. Mol Pathol. 1998;51:209–14. doi:10.1136/mp.51.4.209
9. Brudey K, Driscoll J, Rigouts L, Prodinger WM, Gori A, Al-Hajoj SAM, et al. *Mycobacterium tuberculosis* complex genetic diversity: mining the fourth international spoligotyping database (SpolDB4) for classification, Population Genetics, and Epidemiology. BMC Microbiol. 2006;6:23. PubMed doi:10.1186/1471-2180-6-23
10. Frothingham R, Strickland PL, Bretzel G, Ramaswamy S, Musser JM, Williams DL. Phenotypic and genotypic characterization of *Mycobacterium africanum* isolates from west Africa. J Clin Microbiol. 1999;37:1921–6.
11. Vasconcellos SE, Huard RC, Niemann S, Kremer K, Santos AR, Suffys PN, et al. Distinct genotypic profiles of the two major clades of *Mycobacterium africanum.* BMC Infect Dis. 2010;10:80. doi:10.1186/1471-2334-10-80
12. Huet M, Rist N, Boube G, Potier D. Etude bactériologique de la tuberculose au Cameroon. Rev Tuberc Pneumol (Paris). 1971;35:413–26.
13. Niobe-Eyangoh SN, Kuaban C, Sorlin P, Cunin P, Thonnon J, Sola C, et al. Genetic biodiversity of *Mycobacterium tuberculosis* complex strains from patients with pulmonary tuberculosis in Cameroon. J Clin Microbiol. 2003;41:2547–53. doi:10.1128/JCM.41.6.2547-2553.2003
14. Keating LA, Wheeler PR, Mansoor H, Inwald JK, Dale J, Hewinson RG, et al. The pyruvate requirement of some members of the *Mycobacterium tuberculosis* complex is due to an inactive pyruvate kinase: implications for in vivo growth. Mol Microbiol. 2005;56:163–74. doi:10.1111/j.1365-2958.2005.04524.x

Address for correspondence: Christophe Sola, Institut de Génétique et Microbiologie– Infection Genetics Emerging Pathogens Evolution Team, Campus d'Orsay, Bldg 400, Rm 205, Orsay Ile de France F-91405; email: christophe.sola@u-psud.fr

Article DOI: http://dx.doi.org/10.3201/eid1801.110275

Spoligotyping of *Mycobacterium africanum*, Burkina Faso

Technical Appendix

SIT*	No.	Spoligo binary	Clade	Geographic origin	Center
ND	137C (3+)	■■■■■□■□□□□□■■■■■■□□□□■■■■■■■■■■□□□■■■■	West African 1	unknown	
ND	108B (3+)	■■■■■□□□□□□□□□■■■■□□□□■■■■■■■■■■□□□■■■■	West African 1	Ouagadougou	CNLAT
ND	028B (3+)	■■■■■□□□■■■■■□■■■■■■□□□■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Gorom Gorom	Gorom Gorom
181	049A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Gorom Gorom	Gorom Gorom
181	059A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Dédougou	Dédougou
187	080A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Bobo Dioulasso	CRLAT
ND	095B (3+)	■■■■■□□□■■■■□■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Kaya	Kaya
326	133A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Ouagadougou	CNLAT
326	177A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Gaoua	Gaoua
ND	234B (3+)	□■■■■■□□□■■■■■□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Bobo Dioulasso	CRLAT
326	280A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Banfora	Banfora
326	318A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Dédougou	Dédougou
181	403A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Nanoro	Nanoro
ND	531A (3+)	□□□□□□□□□□□□□□□□□■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Ouagadougou	Paul VI
187	548A (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Bobo Dioulasso	CRLAT
326	594C (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■■■□■■■■	West African 2	Dédougou	Dédougou
1	027A (3+)	□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□□■■■■■■■■	Beijing	Batié	Batié
991	271A (3+)	■■□□□■■■□■■■■■■□■■■■■■□■■■■■■■■■■■■■□□□□□	*M. bovis* 1	Ouagadougou	CMA Pissy
ND	010B (3+)	■■■■■■■■■■■■□■■■□□■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Bobo -Dioulasso	CMA Dafra
61	020A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Banfora	Banfora
61	026B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Batié	Batié
61	084A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouagadougou	CMA Pissy
ND	087A (3+)	□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouahigouya	Ouahigouya
61	094A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Nanoro	Nanoro
61	112A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Batié	Batié
61	180B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouagadougou	CNLAT
61	204B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Kaya	Kaya
61	278A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Koudougou	Koudougou
61	426A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Banfora	Banfora
61	474A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Gaoua	Gaoua
61	420A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouagadougou	CNLAT
61	580A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouagadougou	CMA Pissy
57	592C (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□■■□□□■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouagadougou	CNLAT
2550	602A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Bobo Dioulasso	CRLAT
61	605A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Bobo Dioulasso	CRLAT
61	611A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	CAM	Ouahigouya	Ouahigouya
1327	079B (3+)	■■■□□□□■■■□□■■■■■■■■□□□□□□□□□□□□□■■■■■■	CAS1_Delhi	Bobo Dioulasso	CRLAT
ND	085A (3+)	■■■□□□□■■■□□■□■■■■■■□□□□□□□□□□□□□■■■■■■	CAS1_Delhi	Djibo	Djibo
ND	129A (3+)	■■■□□□□■■■■■■□■□□□□□□□□□□□□□□□□□□□■■■■■■	CAS1_Delhi	Djibo	Djibo
1327	188A (3+)	■■■□□□□■■■■□□■■■■■■■■□□□□□□□□□□□□□■■■■■■	CAS1_Delhi	Ouagadougou	CMA 30
1327	481A (3+)	■■■□□□□■■■■□□■■■■■■■■□□□□□□□□□□□□□■■■■■■	CAS1_Delhi	Ouagadougou	CNLAT
47	038B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Djibo	Djibo

SIT*	No.	Spoligo binary	Clade	Geographic origin	Center
47	054A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Nanoro	Nanoro
47	099B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Ouagadougou	CMA30
47	132B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Ouagadougou	CNLAT
47	386A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Ouagadougou	CNLAT
47	397A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Koupéla	Koupéla
47	583B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■□□□□■■■■■■	H1	Koudougou	Koudougou
50	535A (2+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■□□□□■■■■■■	H3	Solenzo	Solenzo
49	606C (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■□□□□■■■□■■■	H3	Dédougou	Dédougou
50	609A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■□□□□■■■■■■■	H3	Ouahigouya	Ouahigouya
42	522A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■■□□□□■■■■■■	LAM9	Gaoua	Gaoua
ND	206A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■■■■■■■□□□□□□□□□■■■■■■	New	Batié	Batié
ND	232B (3+)	■■■■■□□□■■■■■■■■■□□□■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■■	New	Solenzo	Solenzo
ND	455A (3+)	■■■■■■■■■■□■□■■■■□■■□■■■■■■■■■□□□□■■■■■■■	New	Koudougou	Koudougou
ND	589B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□□□■■■■■□□□□■■■■■■■	New	Gorom Gorom	Gorom Gorom
53	051A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Ouagadougou	CMA 30
462	187A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□■■■□□□□■■■■■■	T1	Ouagadougou	CMA 30
53	438A (IC)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Kaya	Kaya
53	480C (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Ouagadougou	CNLAT
53	495A (2+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Ouagadougou	PPH Yalgado
804	533B (3+)	■□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Koudougou	Koudougou
53	534B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Ouagadougou	PPH Yalgado
53	547A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Bobo Dioulasso	CRLAT
53	549A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Bobo Dioulasso	CRLAT
53	607A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T1	Kaya	Kaya
78	062A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■□□■■	T1-T2	Bobo Dioulasso	CMA Dafra
78	601A (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■□□■■	T1-T2	Bobo Dioulasso	CRLAT
52	585B (3+)	■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■□■■■	T2	Ouagadougou	CMA 30
504	582B (3+)	■■■■■■■■■■■■□■■■■■■■■■■□■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T3	Koudougou	Koudougou
1227	078A (3+)	■■■■■■■■■■■□■■■■■■■□■■□■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T5_MAD2	Bobo Dioulasso	CMA Dafra
1227	490A (3+)	■■■■■■■■■■■□■■■■■■■□■■□■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	T5_MAD2	Ouagadougou	CMA Pissy
ND	145A (3+)	■■■□□□□■■■■■■□■■■■■■■□□■■■■■■■■■■□■■■■■■	U	Gorom Gorom	Gorom Gorom
1200	190B (3+)	■■■□□□□■■■■■■■■■■■■■■□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■	U	Gorom Gorom	Gorom Gorom
2398	213A (3+)	■■■□□□□■■■■■■■■■■■■■■□□■□□□□□□■■■■■■■■■■■■	U	Bobo Dioulasso	CRLAT
1200	508A (3+)	■■■□□□□■■■■■■■■■■■■■■□□■■■■■■■■■■■■■■■■■■■	U	Ouagadougou	CNLAT
2397	159B (3+)	■■■□□□□□□□□□■■■■■□□■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	X3	Gorom Gorom	Gorom Gorom
2397	430A (3+)	■■■□□□□□□□□□■■■■■□□■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	X3	Ouagadougou	CNLAT
2397	510B (3+)	■■■□□□□□□□□□■■■■■□□■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■■■■	X3	Ouagadougou	CNLAT
200	608A (3+)	■■■□□□□□□□□□■■■■■□■■■■■■■■■■■■■■□□□□■■■□□□□	X3	Ouahigouya	Ouahigouya

*SIT, spoligotyping international type (*14*); CRLAT, Centre Régional de Lutte Antituberculeuse; CNLAT, Centre National de Lutte Antituberculeuse; PPH, Service de Pneumo-Phtisiologie; CMA, Centre Médical Antenne Chirurgicale.

■□

Absence