

A. de Rougemont¹, J. Kaplon¹, C. Fontana¹, D. Gendrel², P. Lebon², M. Lorrot³, E. Bingen³, A. Gagneur⁴, A. Tran⁴, J.-L. Stephan⁵, S. Pillet⁵, M. Rodière⁶, V. Foulongne⁶, D. Floret⁷, D. Oriot⁸, A. Martinot⁹, S. Alain¹⁰, F. Huet¹, P. Pothier¹

1/ CNR des virus entériques, CHU de Dijon – 2/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, Hôpital Saint-Vincent-de-Paul, Paris – 3/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, Hôpital Robert Debré, Paris – 4/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Brest – 5/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Saint-Étienne – 6/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Montpellier – 7/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, Hospices civils de Lyon – 8/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Poitiers – 9/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Lille – 10/ Service de pédiatrie et laboratoire de virologie, CHU de Limoges

INTRODUCTION

Les rotavirus (RV) du groupe A, en particulier les cinq génotypes G1-4 et G9, sont l'étiologie principale des gastro-entérites aiguës (GEA) du jeune enfant. Depuis plusieurs années, le Centre national de référence des virus entériques surveille les infections et épidémies à RV, notamment dans la perspective de l'introduction de vaccins antirotaviraux. En effet, la connaissance de l'épidémiologie des RV et de leur diversité est nécessaire pour mesurer l'utilité et l'efficacité de ces vaccins. Ces données servent également à la détection des changements antigéniques et des réassortiments entre souches de RV. L'étude a été conçue pour évaluer et surveiller la circulation des RV, et détecter l'émergence de nouvelles souches potentiellement à risques épidémiques.

MÉTHODES

Cette étude prospective a été conduite durant les deux saisons consécutives 2006-2007 et 2007-2008 chez des enfants de moins de 5 ans, consultant pour une diarrhée aiguë dans les services d'urgence pédiatrique de 11 CHU à travers la France. La détection des RV a été effectuée dans des échantillons de selles par une technique immuno-enzymatique. Les ARN des RV détectés ont été extraits puis génotypés par RT-PCR sur la base de leurs protéines externes de capsid VP4 (génotype P) et VP7 (génotype G).

RÉSULTATS

Au cours des deux saisons, 989 RV ont été détectés et génotypés, dont 516 durant la saison 2006-2007 et 473 durant la saison 2007-2008. Les souches G1 étaient prédominantes avec une prévalence de 55,5 % (51,4 % et 60,0 %, respectivement), suivies des souches G9 avec 27,7 % (25,6 % et 30,0 %, respectivement), des souches G2 avec 7,2 %

(12,2 % et 1,7 %, respectivement) et des souches G3 avec 2,4 % (3,3 % et 1,5 %, respectivement). La majorité des souches (86,8 %) étaient associées aux génotypes P[8] (81,0 % et 92,6 %, respectivement), suivies de P[4] avec 6,9 % (12,0 % et 1,7 %, respectivement). Les infections mixtes ont représenté 3,9 % (4,1 % et 3,8 %, respectivement) des échantillons positifs et étaient dans 61,5 % des cas (66,7 % et 55,6 %, respectivement) une association de souches G1/G9. La distribution des génotypes était géographiquement hétérogène, les prévalences régionales des souches G1 et G9 s'étendant de 40,7 % à 73,2 % et de 6,5 % à 46,2 %, respectivement, les deux saisons confondues. Enfin, 14 souches de réassortant atypiques ont été détectées au cours des deux saisons : G2P[6] (n=1), G3P[3] (n=1), G3P[9] (n=1), G8P[6] (n=5) et G12P[8] (n=7).

CONCLUSION

Les souches G1 de RV sont les plus souvent responsables de GEA en France. Les souches G9 demeurent le deuxième génotype de RV le plus fréquent depuis leur émergence au cours de la saison 2004-2005. En revanche, la prévalence des souches G2, élevée durant la saison 2006-2007, est retombée au cours de la saison 2007-2008 au niveau habituellement observé pour cette souche. Le caractère variable des profils génotypiques de RV a son importance dans le programme de vaccination car tous les génotypes G qui affectent l'homme peuvent être impliqués. D'autre part, la pérennisation et la stabilité du génotype P[8] (86,8 %) depuis plusieurs saisons devrait permettre à terme d'obtenir une protection vaccinale suffisante. Cependant, l'émergence potentielle de souches inhabituelles telles que G8P[6] et surtout G12P[8], régulièrement observées, devront peut-être être prises en considération.