

5 octobre 2010 / n° 37

p.385 **Diversité génotypique des infections à rotavirus de l'enfant aux urgences pédiatriques en France entre 2006 et 2009**  
*Genotype diversity of rotavirus infections in children admitted to pediatric emergency units in France between 2006 and 2009*

p.390 **Investigation de deux foyers de toxi-infections alimentaires collectives liés à la consommation de coquillages en Loire-Atlantique, France, 2010**  
*Investigation of two foodborne disease outbreaks linked to shellfish consumption in the Loire-Atlantique district, France, 2010*

## Diversité génotypique des infections à rotavirus de l'enfant aux urgences pédiatriques en France entre 2006 et 2009

Alexis de Rougemont (alexis.de-rougemont@u-bourgogne.fr)<sup>1,2</sup>, Jérôme Kaplon<sup>1</sup>, Caroline Fontana<sup>1</sup>, Pierre Pothier<sup>1,2</sup> et le Réseau rotavirus\*

1/ Centre national de référence des virus entériques, Laboratoire de virologie, CHU de Dijon, France

2/ UFR de médecine, Université de Bourgogne, Dijon, France

\*Le Réseau rotavirus : O Mory, S Pillet, B Pozzetto, JL Stephan (CHU de Saint-Étienne) ; A Gagneur, MC Legrand-Guillien, A Minoui-Tran, C Payan (CHU de Brest) ; D Gendrel, P Lebon, JF Meritet (Hôpital Saint-Vincent-de-Paul, APHP) ; M Coste-Burel, C Mollat (CHU de Nantes) ; E Bingen, M Lorrot (Hôpital Robert-Debré, APHP) ; V Foulongne, M Rodiere (CHU de Montpellier) ; D Floret, Y Gillet, B Lina, F Morfin (Hôpital Femme-Mère-Enfant, Hospices Civils de Lyon) ; A Garbarg-Chenon, C Nguyen-Bourgain, N Parrez (Hôpital Armand-Trousseau, APHP) ; S Alain, F Denis, J Languepin (CHU de Limoges) ; G Agius, D Oriot (CHU de Poitiers) ; F Dubos, D Hober, M Lazrek, A Martino (CHU de Lille) ; R Colimon (CHU de Rennes) ; F Huet (CHU de Dijon)

### Résumé / Abstract

**Introduction** – Les rotavirus sont l'étiologie principale des gastro-entérites aiguës de l'enfant. Dans le cadre de la vaccination, une surveillance prospective attentive est requise pour contrôler et caractériser les infections à rotavirus et détecter l'émergence de souches potentiellement à risque épidémique.

**Matériels et méthodes** – De 2006 à 2009, des selles ont été collectées chez des enfants diarrhéiques admis aux services des urgences pédiatriques de 13 Centres hospitaliers universitaires. Les rotavirus ont été détectés puis génotypés par RT-PCR sur la base de leurs protéines capsidiales VP4 et VP7.

**Résultats** – Sur 1 947 rotavirus génotypés, les souches G1 (61,7%) et G9 (27,4%) étaient prédominantes et stables, suivies des G2 (6,5%), G3 (4,0%) et G4 (2,5%), majoritairement associées avec P[8] (92,9%). Au total, 31 souches atypiques et réassortants potentiellement zoonotiques ont été détectés, notamment des souches G12 et G8, certaines étant génétiquement proches de souches bovines.

**Conclusions** – La stabilité génotypique des rotavirus circulant actuellement en France devrait permettre d'envisager une efficacité vaccinale à court et à moyen terme. Néanmoins, les souches G12 et G8, susceptibles d'émerger dans l'avenir, devraient être prises en compte dans le développement de futurs vaccins. La surveillance des infections à rotavirus devrait être poursuivie afin de contrôler l'émergence de nouveaux réassortants pouvant ne pas répondre aux vaccins actuels.

### *Genotype diversity of rotavirus infections in children admitted to pediatric emergency units in France between 2006 and 2009*

**Background** – Rotaviruses are the major cause of acute gastroenteritis in young children, and require a careful surveillance, especially in the context of vaccination programs. Prospective surveillance is required to monitor and characterize rotavirus infections, and to detect the emergence of potentially epidemic strains.

**Material and methods** – From 2006 to 2009, stool samples were collected from diarrheal children admitted to the pediatric emergency units of 13 French University Hospitals. Rotaviruses were detected in stools, then genotyped by RT-PCR on the basis of their outer capsid proteins VP4 and VP7.

**Results** – The genotyping of 1,947 rotaviruses showed that G1 (61.7%) and G9 (27.4%) strains were predominant and stable, followed by G2 (6.5%), G3 (4.0%) and G4 (2.5%) strains. Most strains were associated with P[8] (92.9%). Overall, 31 uncommon strains and potential zoonotic reassortants were detected, including G12 and G8 strains, some being close to bovine strains.

**Conclusions** – The genotypic stability of the rotaviruses currently circulating in France may ensure vaccine effectiveness in the short and medium terms. However, G12 and G8 strains, likely to emerge in the future, should be considered during ongoing and future vaccination programs. The surveillance of rotavirus infections should be pursued to monitor the emergence of new reassortants that may not respond to current rotavirus vaccines.

### Mots clés / Keywords

Rotavirus, gastro-entérite aiguë, diarrhée, génotype, enfant / Rotavirus, acute gastroenteritis, diarrhea, genotype, children



## Matériel et méthodes

Cette étude prospective a été conduite durant trois saisons épidémiques consécutives, de juillet 2006 à juin 2009, chez des enfants de moins de 5 ans présentant une GEA à rotavirus et admis aux urgences pédiatriques de 13 Centres hospitaliers universitaires français, trois à Paris et 10 en province (figure 1).

Les cas de GEAs étaient définis selon les critères communément admis en pédiatrie. Les enfants présentant une diarrhée chronique, un déficit immunitaire, une maladie inflammatoire du tube digestif ou une infection nosocomiale ont été exclus de l'étude. Tous les échantillons de selles ont été dépistés par une technique immunoenzymatique de type Elisa ou test rapide, puis confirmés par RT-PCR [11;12]. Les souches des rotavirus présentes dans les selles ont été génotypées à l'aide de techniques de RT-PCR multiplex semi-nichées proposées par le réseau européen EuroRotaNet. Les produits d'amplification de souches représentatives ou inhabituelles de rotavirus ont été séquencés, et des analyses complémentaires portant sur les gènes VP6 et NSP4 ont été effectuées sur les souches atypiques.

## Résultats

De juillet 2006 à juin 2009, 2 044 échantillons de selles ont été collectés à un taux moyen de 49,9 échantillons par centre et par saison. La moyenne et la médiane d'âge des jeunes patients (sex-ratio H/F de 1,34) étaient de 13,1 et 10,2 mois, respectivement. La plupart des infections symptomatiques à rotavirus se sont produites chez des enfants de moins de 2 ans (85,8%). Sur 2 044 échantillons positifs, 97 (4,7%) n'ont pas pu être amplifiés par RT-PCR, et 1 947 ont pu être génotypés. Parmi ceux-ci, 1 889 (97,0%) échantillons fécaux contenaient seulement une souche de rotavirus, et 58 (3,0%) correspondaient à des infections mixtes, c'est-à-dire au moins deux souches de rotavirus au cours de l'accès infectieux.

Les souches G1 étaient prédominantes au cours de l'étude avec une prévalence moyenne de 61,7%, suivies des souches G9 avec 27,4% (tableau 1). La prévalence des autres souches était faible et variable dans le temps, notamment avec de fortes amplitudes pour les souches G2 (2,0% à 13,6%). Les infections mixtes correspondaient à l'association de souches G1 ou G9 avec une des autres souches dans 96,7% des cas, le plus souvent G1 avec G9 (58,3%). La répartition des génotypes G de rotavirus par ville et par année montre qu'il existe des circulations hétérogènes des deux souches dominantes selon la saison et la ville. La prévalence des souches G9P[8] était épisodiquement plus importante que celle des souches G1P[8] pour sept villes selon la saison, décrivant ainsi un mouvement relatif vers le sud-est (figure 1). De plus, la répartition des génotypes P montre une nette prédominance des souches P[8] avec des taux de détection moyens de 92,9%. Les cinq principales combinaisons génotypiques (G1/G3/G4/G9P[8] et G2P[4]) représentaient 95,5% de l'ensemble des souches isolées, avec une augmentation progressive de saison en saison de 94,2% à 97,0% (figure 2).

Les infections à rotavirus ont été détectées tout au long de l'année avec un pic entre janvier et mars (figure 3). Ce pic hivernal d'infection à rotavirus s'est produit un à deux mois plus tard au cours de la saison 2006-2007 que lors des saisons suivantes. L'analyse des données des cinq villes les plus informatives a montré en effet des variations temporelles dans l'apparition de ce pic d'infections en fonction de la saison et du lieu. Dans les villes de province, les pics d'épidémies hivernales sont survenus deux mois plus tard, entre février et mars, qu'à Paris où le pic s'est produit entre janvier et février.

**Tableau 1** Distribution et prévalence des génotypes G et P des rotavirus détectés entre 2006 et 2009 en France métropolitaine / **Table 1** Distribution and prevalence of G and P genotypes of rotaviruses detected between 2006 and 2009 in Metropolitan France

	Nombre de souches détectées (%)						Total (%)	
	2006-2007 n=567		2007-2008 n=736		2008-2009 n=644		2006-2009 n=1 947	
<b>Souches communes</b>	534	(94,2)	701	(95,2)	625	(97,0)	1 860	(95,5)
G1P[8]	300	(52,9)	491	(66,7)	362	(56,2)	1 153	(59,2)
G2P[4]	70	(12,3)	12	(1,6)	33	(5,1)	115	(5,9)
G3P[8]	16	(2,8)	18	(2,4)	28	(4,3)	62	(3,2)
G4P[8]	5	(0,9)	2	(0,3)	35	(5,4)	42	(2,2)
G9P[8]	143	(25,2)	178	(24,2)	167	(25,9)	488	(25,1)
<b>Souches atypiques</b>	13	(2,3)	12	(1,6)	6	(0,9)	31	(1,6)
<b>Réassortants parmi les souches communes de rotavirus</b>								
G2P[8]	2	(0,4)	0		0		2	(0,1)
G4P[4]	0		0		1	(0,2)	1	(0,05)
<b>Réassortants humain-animal probables ou souches zoonotiques</b>								
G1/G9P[6]	2	(0,4)	0		0		2	(0,1)
G1P[6]	0		0		1	(0,2)	1	(0,05)
G2P[6]	1	(0,2)	1	(0,1)	0		2	(0,1)
G3P[3]	1	(0,2)	0		0		1	(0,05)
G3P[6]	0		0		1	(0,2)	1	(0,05)
G3P[9]	1	(0,2)	0		0		1	(0,05)
G6P[9]	0		1	(0,1)	0		1	(0,05)
G6P[14]	0		1	(0,1)	0		1	(0,05)
G8P[6]	4	(0,7)	1	(0,1)	1	(0,2)	6	(0,3)
G8P[14]	0		0		1	(0,2)	1	(0,05)
G12P[6]	0		1	(0,1)	0		1	(0,05)
G12P[8]	2	(0,4)	7	(1,0)	1	(0,2)	10	(0,6)
<b>Infections mixtes</b>	22	(3,9)	23	(3,1)	13	(2,0)	58	(3,0)
G1+G2	2	(0,4)	2	(0,3)	1	(0,2)	5	(0,3)
G1+G3	1	(0,2)	3	(0,4)	0		4	(0,2)
G1+G4	0		0		2	(0,3)	2	(0,1)
<b>G1+G9</b>	14	(2,5)	14	(1,9)	7	(1,1)	35	(1,8)
G2+G3	1	(0,2)	0		0		1	(< 0,1)
G2+G9	1	(0,2)	0		0		1	(< 0,1)
G3+G4	0		0		1	(0,2)	1	(< 0,1)
G3+G9	2	(0,4)	4	(0,5)	0		6	(0,3)

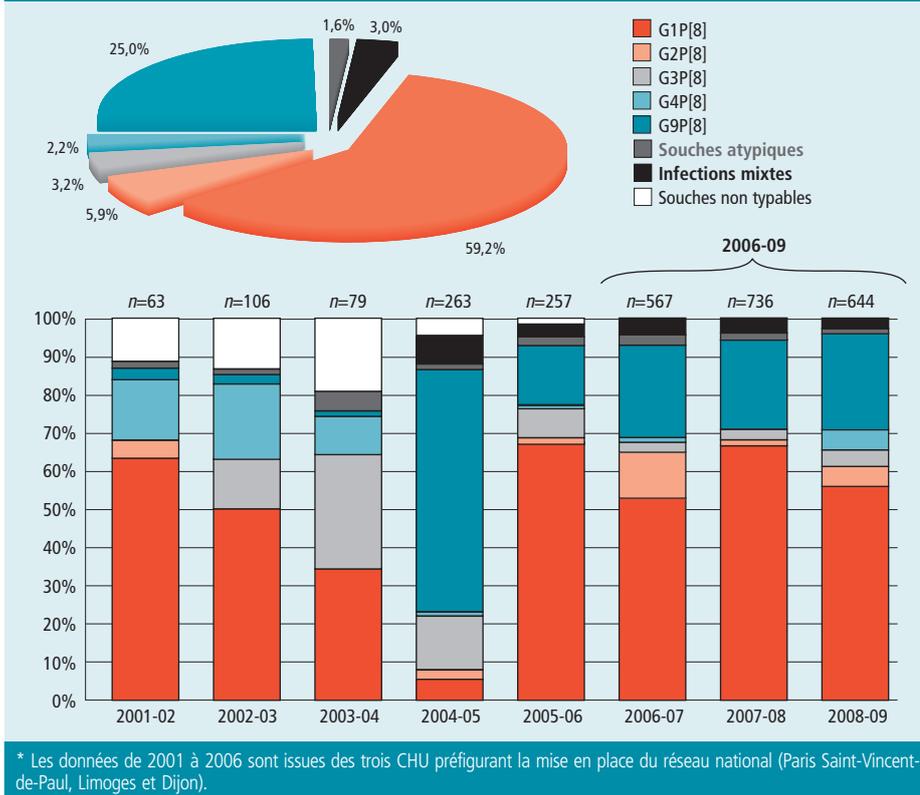
Au cours de l'étude, 31 (1,6%) souches recombinantes ou atypiques ont été détectées et classées en fonction de leurs quatre principaux gènes (tableau 2). Les rotavirus G12, généralement associés avec le génotype P[8] d'origine humaine, représentaient les souches atypiques les plus fréquentes (11 [35,5%]) et ont été détectées dans six villes différentes au cours des trois saisons. Tous les G12 possédaient des gènes NSP4 et VP6 d'origine humaine. Sept souches G8 (22,6%) ont été également détectées. Les souches G8P[6], régulièrement détectées à Paris au cours des trois saisons, et la souche G8P[14] possédaient des gènes NSP4 et VP6 d'origine bovine. L'analyse phylogénétique du gène VP7 a montré que les souches G8P[6] appartenaient à la lignée *d*, alors que la souche G8P[14] appartenait à la lignée *a* et possédait 99,4% d'homologie nucléotidique avec la souche bovine française A202/06/FR. Quelques souches G6 ont été détectées. Les autres souches détectées étaient des combinaisons inhabituelles de génotypes communs d'origine humaine ou de génotypes G communs avec un génotype P d'origine potentiellement animale tels que P[6] (6 [19,4%]) ou encore P[3], P[9] et P[14].

## Discussion

Face à l'importante morbidité de la maladie à rotavirus, de grandes études investiguant les caractéristiques virologiques des infections à rotavirus sont requises pour optimiser les futures stratégies vaccinales. Depuis l'introduction des vaccins contre les rotavirus en France, le Réseau national français de surveillance des infections à rotavirus piloté par le CNR des virus entériques surveille plus particulièrement les souches de rotavirus circulant chez les enfants en bas âge dans l'ensemble de la France. L'objectif principal de cette étude est de fournir une image complète des infections à rotavirus chez les enfants de moins de 5 ans admis aux services des urgences pédiatriques des CHU français.

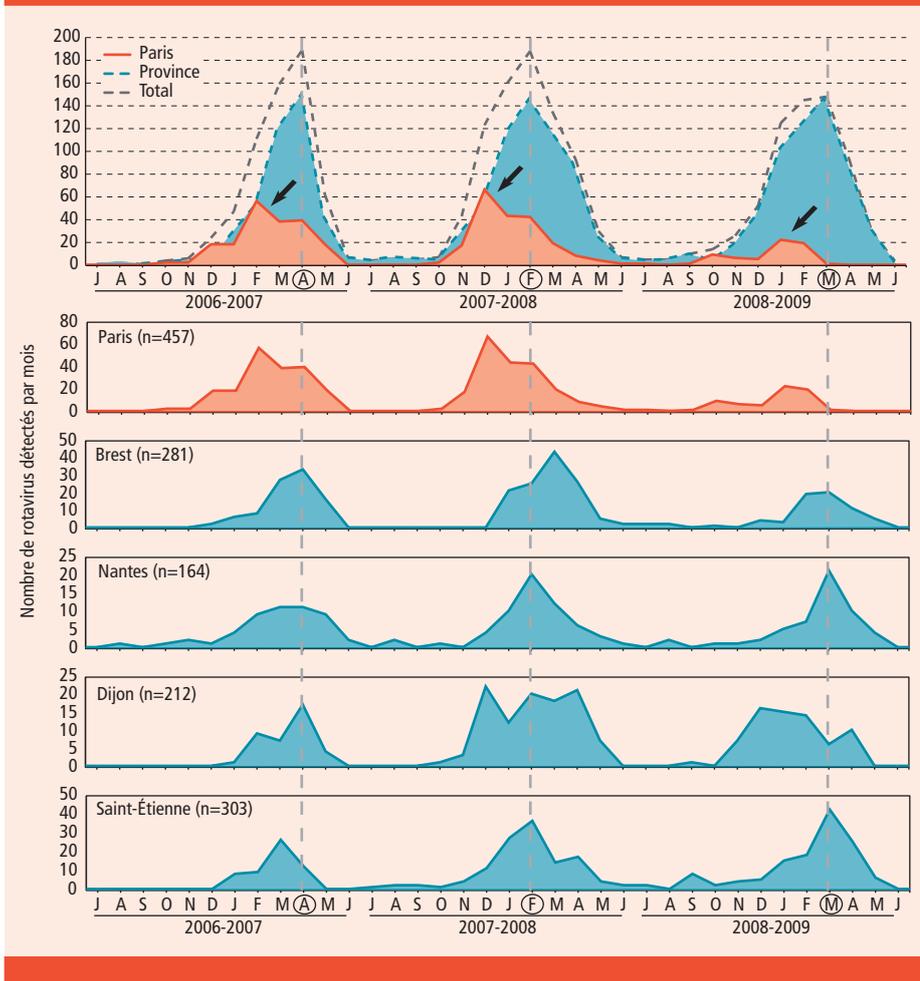
Les souches G1P[8] sont de loin la combinaison génotypique la plus répandue dans le monde. La surveillance ininterrompue des rotavirus durant deux décennies a également confirmé que ces souches constituaient la combinaison génotypique circulante la plus commune en Europe, et que les variations des autres génotypes s'effectuaient sous forme de pics d'épidémies de courte durée de deux ou trois saisons consécutives. Cette

**Figure 2** Évolution des combinaisons génotypiques de rotavirus en France entre 2001 et 2009\* et distribution cumulée des combinaisons génotypiques au cours des trois saisons de l'étude / *Figure 2* Trend in genotypic combinations of rotavirus in France between 2001 and 2009\* and cumulative distribution of genotypic combinations during the three seasons of study



\* Les données de 2001 à 2006 sont issues des trois CHU préfigurant la mise en place du réseau national (Paris Saint-Vincent-de-Paul, Limoges et Dijon).

**Figure 3** Répartition temporelle et géographique des génotypes de rotavirus entre 2006 et 2009 en France métropolitaine / *Figure 3* Temporal and geographical distribution of rotavirus genotypes between 2006 and 2009 in metropolitan France



prédominance des G1P[8] semblerait due à l'émergence de nouvelles souches plutôt qu'à la réémergence de souches anciennes. La persistance de la circulation des souches G1 est soutenue par le fait que ses variants antigéniques pourraient apparaître ou disparaître alternativement sous l'influence des mécanismes de pression immunitaire.

Les souches G9P[8] sont demeurées, depuis leur émergence, le deuxième type commun le plus fréquent en France mais pas en Europe. En effet, à la différence des autres pays européens où la prédominance des G9P[8] a progressivement diminué [13], en France, les souches G9P[8] se maintiennent à un niveau d'incidence relativement stable d'environ 25% chaque année. Il a été suggéré que l'émergence et la persistance de ces souches G9 seraient dues à la capacité de la lignée phylogénétique III de se recombiner beaucoup plus fréquemment que d'autres souches, mais également du fait d'un manque d'exposition antérieure ou d'anticorps maternels chez les patients. Cependant, il est encore difficile de savoir si les souches G9 ont réellement un avantage sélectif par rapport à d'autres rotavirus. Les variations des souches G2P[4], bien qu'habituellement moins marquées, reflètent la diversité intersaisonnière normale des rotavirus, entraînée par la réémergence des antigènes VP7 mutés. Ceci devrait être surveillé soigneusement au cours du programme de vaccination français lors des prochaines saisons.

La surveillance des diverses souches de rotavirus au cours de la dernière décennie a montré la grande diversité des génotypes de rotavirus, et en particulier l'émergence de nouveaux génotypes de rotavirus tels que les G9. De la même manière, les nouvelles souches G12 déjà détectées sur tous les continents sont susceptibles d'émerger dans l'avenir. En effet, elles sont régulièrement détectées depuis leur première détection chez un enfant philippin en 1987. Ces G12 sont, parmi les souches rares, les souches les plus fréquemment détectées en France, en Europe et en Australie. Les rotavirus G12, détectés en France dès 2004 [10], étaient associés dans cette étude avec 2 génotypes P différents, P[6] et P[8], confirmant un haut niveau d'adaptation aux humains et de recombinaison. En effet, le type G12 peut également se combiner avec les génotypes P[4], P[9] et P[14]. Les souches G12P[4] et G12P[8] semblent plutôt être le résultat d'anciens réassortiments entre souches humaines et animales, alors que les autres combinaisons proviendraient d'infections zoonotiques. Cette abondance de mélanges de souches suggère cependant l'existence d'une transmission d'origine environnementale ou médiée par les eaux, qui pourrait être l'objet d'enquêtes complémentaires utiles à l'évaluation de leur potentiel d'émergence en tant que futures souches prédominantes, leur aptitude actuelle semblant insuffisante pour permettre une transmission interhumaine facile. La survenue d'infections par des virus d'origine potentiellement animale a été régulièrement observée au cours des trois saisons, notamment par des souches de génotype G6 et G8, qui possédaient des gènes NSP4 et VP6 d'origine animale, notamment bovine. Ces souches pourraient être le résultat de réassortiments naturels au cours de transmissions entre animaux et humains ou d'infections mixtes humaines à partir du réservoir environnemental. En effet, la similitude étroite entre les souches G8P[6] détectées et leur circulation constante dans la population parisienne indiquent qu'il s'agit probablement de souches adaptées à l'Homme. À l'inverse, le gène VP7 de la souche R3265 était similaire à une souche provenant d'un veau diarrhéique prélevé dans la région de Dijon en 2006, démontrant ainsi la circulation concomitante de souches adaptées à l'animal.

**Tableau 2** Caractérisation moléculaire et classification des gènes VP7, VP4, VP6 et NSP4 des souches réassortantes ou potentiellement zoonotiques des rotavirus détectées entre 2006 et 2009 en France métropolitaine / **Table 2** Molecular characterization and classification of VP7, VP4, VP6 and NSP4 genes of reassortant or potentially zoonotic strains detected between 2006 and 2009 in metropolitan France

Souche	VP7 (G)		VP4 (P)		VP6		NSP4		Localisation	Saison
R2854	G1	Hu	P[6]	Hu/Po	II	Hu	E1	Hu	Montpellier	2008-09
R1404	G2	Hu	P[6]	Hu/Po	I	An	E2	An	Paris SVP	2006-07
R2776	G2	Hu	P[6]	Hu/Po	I	An	E2	An	Nantes	2007-08
R1688	G2	Hu	P[8]	Hu	I	An	E2	An	Rennes	2006-07
R1486	G3	Hu/An	P[3]	Ca/Fe/Si	I	An	E3	An	Brest	2006-07
R3123	G3	Hu/An	P[6]	Hu/Po	I	An	E2	An	Paris AT	2008-09
R1320	G3	Hu/An	P[9]	Hu/Fe	I	An	E2	An	Montpellier	2006-07
R3198	G3	Hu/An	P[9]	Hu/Fe	I	An	E3	An	Brest	2008-09
R3136	G4	Hu	P[4]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Brest	2008-09
R1737	G6	Bo	P[9]	Hu/Fe	I	An	E2	An	St-Étienne	2007-08
R2775	G6	Bo	P[14]	Hu/La/Cap	I	Bo	E2	An	Nantes	2007-08
R1197	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris RD	2006-07
R1259	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris RD	2006-07
R1265	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris RD	2006-07
R1357	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris SVP	2006-07
R1853	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris RD	2007-08
R2631	G8	Bo	P[6]	Hu/Po	I	Bo	E2	An	Paris SVP	2008-09
<b>R3265</b>	<b>G8</b>	<b>Bo</b>	<b>P[14]</b>	<b>Hu/La/Cap</b>	<b>I</b>	<b>Bo</b>	<b>E3</b>	<b>An</b>	<b>Nantes</b>	<b>2008-09</b>
R1725	G12	Hu	P[6]	Hu/Po	II	Hu	E1	Hu	St-Étienne	2007-08
R2728	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Nantes	2006-07
R1196	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Paris RD	2006-07
R1945	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Limoges	2007-08
R1778	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Paris SVP	2007-08
R1956	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Limoges	2007-08
R2237	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Paris AT	2007-08
R1949	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Limoges	2007-08
R1955	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Limoges	2007-08
R1939	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Limoges	2007-08
R2836	G12	Hu	P[8]	Hu	II	Hu	E1	Hu	Nantes	2008-09
R1334	G1+G9	Hu	P[6]	Hu/Po	nt	–	nt	–	Montpellier	2006-07
R1273	G1+G9	Hu	P[6]	Hu/Po	II	Hu	E1	Hu	Paris RD	2006-07

Hu : humain ; An : animal ; Bo : bovin ; Ca : canin ; Cap : caprin ; Fe : félin ; La : lapin ; Po : porc ; Si : simien.  
AT : Hôpital Armand-Trousseau ; RD : Hôpital Robert-Debré ; SVP : Hôpital Saint-Vincent-de-Paul.

Par ailleurs, six souches atypiques rares présentaient des types P d'origine féline, canine ou lapine (P[3], P[9] et P[14]) suggérant qu'elles pourraient être introduites chez l'Homme par des animaux de compagnie infectés, dont le rôle dans la transmission devra être déterminé, ou lors de contact avec un mélange de souches humaines et animales provenant de l'environnement ou d'eau souillée. Ces observations illustrent la transmission inter-espèces des rotavirus du groupe A, notamment chez les animaux vivant étroitement avec l'Homme, avec pour conséquence l'introduction de nouveaux génotypes de rotavirus chez l'Homme. Des analyses moléculaires complémentaires devraient permettre de clarifier les origines animales de ces souches, indiquer leur capacité d'adaptation à l'Homme et aider à déterminer la probabilité de leur émergence dans la population.

En Europe, les infections à rotavirus se produisent plus particulièrement au cours d'épidémies hivernales selon un gradient géographique d'incidence croissante allant du sud-ouest vers le nord, et dont l'intensité varie selon les saisons et le pays. En France, le pic hivernal d'infection à rotavirus s'est produit un à deux mois plus tôt à Paris que dans les villes de province. Une observation similaire a été rapportée pour la grippe en France (données du CNR pour la grippe Nord, Institut Pasteur, Paris). La forte densité de population, qui facilite la promiscuité entre les individus dans les grandes villes, pourrait jouer un rôle substantiel dans ce décalage de pic épidémique. De plus, des disparités saisonnières demeurent dans la répartition géographique des génotypes de rotavirus entre les villes, ce qui

pourrait être dû à une circulation locale préférentielle des certaines souches spécifiques de rotavirus, nombre d'infections à rotavirus étant acquises en garderie ou crèche pour les enfants.

La vaccination systématique des nourrissons de moins de 6 mois contre les rotavirus n'est actuellement pas recommandée dans le calendrier vaccinal 2010 [14], mais le Haut Conseil de la santé publique (HCSP) rappelle, en revanche, l'importance de la mise en œuvre des actions nécessaires pour améliorer la prise en charge des GEA et les pratiques de réhydratation orale chez le nourrisson [15]. Dans l'éventualité où ces vaccins viendraient à être plus largement administrés en France, le Réseau rotavirus serait capable de fournir les outils utiles à la surveillance et l'évaluation de l'efficacité des programmes de vaccination, de l'effet possible sur la diversité des rotavirus circulants et de la détection des souches atypiques émergentes qui pourraient échapper à l'immunité protectrice conférée par ces vaccins.

En résumé, l'établissement des génotypes des souches de rotavirus circulant dans la population reste une question clé dans la compréhension des mécanismes par lesquels des souches émergent ou se maintiennent dans une population. La stabilité génotypique des rotavirus circulant actuellement en France permet d'envisager une efficacité vaccinale à court et à moyen terme. Il reste néanmoins difficile de prévoir comment l'introduction des vaccins affectera la diversité de ces souches. Par conséquent, les souches G8 et G12, susceptibles d'émerger dans l'avenir, devraient être prises en compte dans le développement des futurs vaccins. La surveillance des infections à rotavirus devrait être

poursuivie afin de surveiller l'émergence des nouveaux réassortants qui pourraient ne pas répondre aux vaccins actuellement disponibles. Par conséquent, des études à grande échelle sur les infections à rotavirus permettraient d'optimiser la stratégie vaccinale afin d'assurer la meilleure protection possible chez les jeunes enfants susceptibles d'être vaccinés.

#### Remerciements

Cette étude a été soutenue par Sanofi-Pasteur-MSD (Lyon, France), le réseau rotavirus européen (EuroRotaNet), le Centre hospitalier universitaire de Dijon, le Centre national de référence des virus entériques et l'Institut de veille sanitaire.

#### Références

- [1] Parashar UD, Gibson CJ, Bresse JS, Glass RI. Rotavirus and severe childhood diarrhea. *Emerg Infect Dis.* 2006;12(2):304-6.
- [2] Fau C, Billaud G, Pinchinat S, Lina B, Kaplon J, Pothier P, et al. Epidemiology and burden of rotavirus diarrhea in day care centers in Lyon, France. *Arch Pediatr.* 2008;15(7):1183-92.
- [3] Roberts JA, Cumberland P, Sockett PN, Wheeler J, Rodrigues LC, Sethi D, et al. The study of infectious intestinal disease in England: socio-economic impact. *Epidemiol Infect.* 2003;130(1):1-11.
- [4] Melliez H, Boelle PY, Baron S, Mouton Y, Yazdanpanah Y. Morbidity and cost of rotavirus infections in France. *Med Mal Infect.* 2005;35(10):492-9.
- [5] Gentsch JR, Laird AR, Bielefeld B, Griffin DD, Banyai K, Ramachandran M, et al. Serotype diversity and reassortment between human and animal rotavirus strains: implications for rotavirus vaccine programs. *J Infect Dis.* 2005;192 Suppl 1:S146-59.
- [6] Santos N, Hoshino Y. Global distribution of rotavirus serotypes/genotypes and its implication for the development and implementation of an effective rotavirus vaccine. *Rev Med Virol.* 2005;15(1):29-56.
- [7] Matthijnsens J, Bilcke J, Ciarlet M, Martella V, Banyai K, Rahman M, et al. Rotavirus disease and vaccination: impact on genotype diversity. *Future Microbiol.* 2009;4:1303-16.
- [8] Vesikari T, Van Damme P, Giaquinto C, Gray J, Mrukowicz J, Dagan R, et al. European Society for Paediatric Infectious Diseases/European Society for Paediatric Gastroenterology, Hepatology, and Nutrition evidence-based recommendations for rotavirus vaccination in Europe: executive summary. *J Pediatr Gastroenterol Nutr.* 2008;46(5):615-8.
- [9] Chikhi-Brachet R, Bon F, Toubiana L, Pothier P, Nicolas JC, Flahault A, et al. Virus diversity in a winter epidemic of acute diarrhea in France. *J Clin Microbiol.* 2002;40(11):4266-72.
- [10] De Rougemont A, Kaplon J, Lebon P, Huet F, Denis F, Alain S, et al. Unexpected substitution of dominant rotavirus G genotypes in French hospitalized children over five consecutive seasons. *Eur J Clin Microbiol Infect Dis.* 2009;28(4):403-7.
- [11] De Rougemont A, Kaplon J, Billaud G, Lina B, Pinchinat S, Derrough T, et al. Sensitivity and specificity of the VIKIA Rota-Adeno immuno-chromatographic test (bioMérieux) and the ELISA IDEIA Rotavirus kit (Dako) compared to genotyping. *Pathol Biol.* 2009;57(1):86-9.
- [12] Bon F, Kaplon J, Metzger MH, Pothier P. Evaluation of seven immunochromatographic assays for the rapid detection of human rotaviruses in fecal specimens. *Pathol Biol.* 2007;55(3-4):149-53.
- [13] Iturriza-Gomara M, Dallman T, Banyai K, Böttiger B, Buesa J, Diedrich S, et al. Rotavirus surveillance in Europe, 2005-2008: web-enabled reporting and real-time analysis of genotyping and epidemiological data. *J Infect Dis.* 2009;200 Suppl 1:S215-21.
- [14] Haut Conseil de la santé publique. Commission spécialisée Maladies transmissibles. Comité technique des vaccinations. Avis du 28 mai 2010 relatif à la vaccination contre les rotavirus des nourrissons de moins de 6 mois. Disponible à : <http://www.hcsp.fr>
- [15] Conseil supérieur d'hygiène publique de France. Section Maladies transmissibles. Avis des séances des 22 septembre et 5 décembre 2006 relatif à la vaccination anti-rotavirus chez les nourrissons de moins de 6 mois. Disponible à : <http://www.hcsp.fr>