

## DISTRIBUTION DES GÉNOVARS DES SOUCHES UROGÉNITALES DE *CHLAMYDIA TRACHOMATIS* EN FRANCE MÉTROPOLITAINE ET OUTRE-MER EN 2017-2018

// *CHLAMYDIA TRACHOMATIS* GENOVARS CAUSING UROGENITAL INFECTIONS IN MAINLAND FRANCE AND OVERSEAS IN 2017-2018

Bertille de Barbeyrac<sup>1,2</sup> (bertille.de-barbeyrac@u-bordeaux.fr), Cécile Laurier-Nadalié<sup>1</sup>, Arabella Touati<sup>1</sup>, Sabine Trombert-Paolantoni<sup>3</sup>, Olivia Peuchant<sup>1,2</sup>, Ndeindo Ndeikoundam Ngangro<sup>4</sup>, Cécile Bébéar<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> CHU Bordeaux, Laboratoire de bactériologie, Centre national de référence des IST bactériennes, Bordeaux

<sup>2</sup> Univ. Bordeaux, USC EA 3671 Infections humaines à mycoplasmes et à chlamydiae, Bordeaux

<sup>3</sup> Laboratoire Cerba, Saint-Ouen-l'Aumône

<sup>4</sup> Santé publique France, Saint-Maurice

Soumis le 05.10.2020 // Date of submission: 10.05.2020

### Résumé // Abstract

**Introduction** – Le Centre national de référence des infections sexuellement transmissibles (IST) bactériennes a entrepris une étude comparative des génovars circulant dans l'infection urogénitale à *Chlamydia trachomatis* en France métropolitaine et dans les territoires et régions d'outre-mer (DROM).

**Méthodes** – Deux collectes prospectives d'échantillons urogénitaux positifs à *C. trachomatis* ont été organisées, l'une en 2017 (semaine 46) en France métropolitaine et l'autre en 2018 (semaines 38 à 42) dans les DROM, accompagnées du recueil de données démographiques, cliniques et comportementales. Les échantillons ont été typés par séquençage du gène *omp1*, déterminant les génovars.

**Résultats** – Sur les 1 861 échantillons collectés, 1 353 (72,7%) ont pu être typés, 772 de France métropolitaine et 581 des DROM. L'ensemble des génovars D à K sont présents en métropole et dans les DROM, avec une prédominance du génovar E (n=591, soit 43,7%). La distribution des génovars est sensiblement la même dans toutes les zones géographiques étudiées, avec cependant une présence des souches de génovar G (n=15 ; 29,4% ; p<0,05) en Polynésie et de génovar J/Ja (n=21 ; 27,3% ; p<0,05) en Nouvelle-Calédonie, statistiquement plus élevée que dans les autres zones. Un fait notable est la présence de souches de génovar A (n=21 ; 5,8%), spécifique du trachome, dans l'océan Indien.

**Conclusions** – La distribution des génovars en France métropolitaine et ses DROM est similaire à celle décrite dans les autres pays du monde avec une grande prédominance des génovars E, F, G et D. La présence du génovar A dans l'infection urogénitale dans l'océan Indien est le fait le plus marquant de cette étude.

**Introduction** – The French National Reference Center (NRC) for bacterial Sexually Transmitted Infections (STIs) has undertaken a comparative study of circulating genotypes in urogenital infection on samples positive for *C. trachomatis* in mainland France and the French overseas territories and regions (DROM).

**Methods** – The NRC for bacterial STIs organized two prospective collections of positive samples for *C. trachomatis* in 2017 (week 46) in mainland France and in 2018 (September 15<sup>th</sup>– October 15<sup>th</sup>) in DROM accompanied by the collection of demographic, clinical and behavioral data. The samples were typed by sequencing the *omp1* gene, for genovar determination.

**Results** – Of the 1,861 samples collected, 1,353 (72.7%) could be typed, 772 from mainland France and 581 from DROM. All of the genovars D to K are present in metropolitan France and in the DROM, with a predominance of genovar E (n=591, 43.7%). The distribution of genovars is roughly the same in all the geographic areas studied, with some peculiarities such as the presence of genovar G strains (n=15, 29.4%, p<0.05) in Polynesia, and genovar J/Ja (n=21, 27.3%, p<0.05) in New Caledonia in a statistically higher manner than in the other areas. A notable fact is the presence of strains of genovar A (n=21, 5.8%), specific to trachoma, in the Indian Ocean.

**Conclusion** – The distribution of genovars in mainland France and its DROM is similar to that described in other countries of the world with a large predominance of genovars E, F, G and D. The presence of genovar A in urogenital infection in the Indian Ocean is the most striking fact of this study.

**Mots-clés** : *Chlamydia trachomatis*, Génovars, Infection urogénitale

// **Keywords**: *Chlamydia trachomatis*, Genovars, Urogenital infection

### Introduction

L'espèce *Chlamydia trachomatis*, spécifiquement humaine, comprend deux biovars – trachoma et lymphogranuloma venereum (LGV) – et 19 sérovars.

Le biovar trachoma compte 15 sérovars : A, B, Ba et C (impliqués dans le trachome), D, Da, E, F, G, Ga, H, I, Ia, J et K (impliqués dans les infections oculaires et génitales). Le biovar LGV quant à lui comprend 4 sérovars, L1, L2, L2a et L3<sup>1</sup>. Ces sérovars ont été

définis d'après la réactivité d'anticorps monoclonaux dirigés contre les épitopes portés par la protéine majeure de membrane externe appelée MOMP (*Major Outer Membrane Protein*)<sup>1</sup>. À l'heure actuelle, le typage est basé sur l'étude de la séquence nucléotidique du gène *omp1*, qui code la MOMP<sup>1</sup>. La classification en génovar est équivalente à celle du sérovar. Les infections uro-génitales à *C. trachomatis* dues aux génovars D-K, à type d'urétrite chez l'homme et de cervicite chez la femme, ont une répartition mondiale<sup>1</sup>.

L'infection à *C. trachomatis* est la plus fréquente des infections sexuellement transmissibles (IST) bactériennes rapportées en Europe<sup>2</sup>. L'incidence de l'infection en France en 2016 s'élevait à 267 097 cas, soit 491 cas/100 000 habitants âgés de 15 ans et plus, ce qui correspond à une augmentation de 3,4 fois par rapport à 2012<sup>3</sup>.

L'étude de la distribution des génovars circulants présente non seulement un intérêt épidémiologique pouvant mettre en évidence des clusters, mais aussi clinique, dans la mesure où certains génovars nécessitent un traitement particulier comme ceux responsables du trachome ou de la LGV. Le Centre national de référence (CNR) des infections à *Chlamydia* a étudié les génovars circulant dans l'infection urogénitale à *C. trachomatis* en France métropolitaine dans le cadre du réseau Rénachla<sup>4</sup>, et en Guadeloupe<sup>5</sup> dans les années 2000 et chaque année au CHU de Bordeaux de 2000 à 2016 (résultats non publiés). Dans ces études, on notait la prédominance du génovar E aussi bien en France métropolitaine qu'en Guadeloupe. Devant la recrudescence de l'infection à *C. trachomatis* ces dernières années, il semblait intéressant de refaire une étude de grande envergure sur la distribution des génovars en métropole et dans les territoires ultra-marins. Ce travail a été réalisé grâce à une collecte d'échantillons uro-génitaux positifs à *C. trachomatis* organisée par le CNR des IST bactériennes en 2017 et 2018.

## Matériel-méthodes

Le CNR des IST bactériennes a réalisé deux collectes d'échantillons urogénitaux positifs à *C. trachomatis* auprès des laboratoires volontaires du réseau Rénachla et du réseau de surveillance des anorectites à *C. trachomatis*<sup>6</sup> : l'une sur la semaine du 13 au 19 novembre 2017 en métropole et l'autre sur la période du 15 septembre au 15 octobre 2018 dans les départements et régions d'outre-mer (DROM). Tous les échantillons uro-génitaux (urine, urètre, vagin/col) positifs à *C. trachomatis* ont été collectés consécutivement et envoyés au CNR, au moyen d'enveloppes T pré-adressées pour la métropole et par transporteur agréé pour les DROM. Les données sociodémographiques (sexe, année de naissance), clinico-biologiques (site et nature du prélèvement, motif de consultation, statut VIH) et comportementales (pratique sexuelle) ont été colligées de façon anonyme, en conformité avec les dispositions réglementaires en vigueur.

L'extraction d'ADN a été réalisée sur l'automate MagnaPure 96™ (Roche Diagnostics) à partir de 200 µl d'échantillon. Les acides nucléiques ont été élués dans 100 µl de tampon. Le typage moléculaire de *C. trachomatis* a été réalisé directement à partir de l'échantillon biologique en utilisant une PCR nichée amplifiant le gène *omp1*<sup>7</sup> suivie du séquençage des produits d'amplification (Eurofins Genomics). La détermination du génovar a été faite par BLAST par alignement des séquences nucléotidiques analysées avec des séquences nucléotidiques *omp1* de souches de référence disponibles dans GenBank.

Les caractéristiques des populations et des souches ont été décrites par des proportions, des moyennes et des médianes. Le test du Chi2 a été utilisé pour comparer les variables qualitatives. Il a été remplacé par le test de Fisher pour les faibles effectifs. Le test de Student a permis l'analyse comparative des variables quantitatives. Le seuil de significativité retenu est  $p < 0,05$ . Les analyses statistiques ont été réalisées en utilisant le site BiostaTGV (<http://biostatgv.sentiweb.fr/>).

## Résultats

### Caractéristiques de la population et des souches étudiées

Pour la France métropolitaine, le CNR a reçu 1 014 échantillons appartenant à 1 012 patients (662 femmes, 346 hommes, 1 transexuel et 3 inconnus) et provenant de 65 centres répartis sur l'Hexagone. L'âge médian était de 23,9 chez les femmes (écart 13-63) et de 26,3 ans chez les hommes (écart 16-60). La nature des échantillons était principalement de type cervico-vaginal (78,7%) et urinaire chez l'homme (89,2%) (tableau 1). Le principal motif de consultation était un dépistage systématique selon les recommandations de la Haute Autorité de santé (HAS)<sup>8</sup>. Parmi les personnes ayant accepté de renseigner leurs pratiques sexuelles (253 sur 1 012 soit 25%), 85,4% ont déclaré être hétérosexuelles. Le statut VIH n'était connu que dans 35,9% des cas et 1,7% d'entre eux étaient séropositifs (tableau 1).

Le typage a été fructueux pour 76,1% des échantillons (772/1 014). Les échantillons typés sont statistiquement comparables à ceux reçus, en termes de sexe (32,6% d'hommes vs 39,2% et 67% de femmes vs 60,4%,  $p > 0,05$ ) et d'âge (moyenne d'âge des hommes : 28,4 ans vs 29,5 ans,  $p > 0,05$  ; et moyenne d'âge des femmes : 25,8 ans vs 26,9 ans,  $p > 0,05$ ).

Pour les DROM, le CNR a reçu 847 échantillons appartenant à 602 femmes et 245 hommes (tableau 1). Ces échantillons provenaient de La Réunion (408 échantillons), Mayotte (128), Nouvelle-Calédonie (99), Polynésie française (72), Martinique (57), Guyane française (53) et Guadeloupe (30). L'âge médian était de 24 ans chez les femmes (écart 13-65) et de 25 ans chez les hommes (écart 13-66). La nature des échantillons était de type cervico-vaginal (78,1%) chez la femme et urinaire chez l'homme (95,5%). Le principal motif

Tableau 1

## Caractéristiques de la population étudiée selon les régions et le typage ou non des échantillons

Caractéristiques de la population	Échantillons typés		Échantillons non typés	
	Métropole	DROM	Métropole	DROM
	N=772 n (%)	N=581 n (%)	N=240 n (%)	N=266 n (%)
<b>Sexe</b>				
Homme	252 (32,6)	157 (27,0)	94 (39,2)	88 (33,1)
Femme	517 (67,0)	424 (73,0)	145 (60,4)	178 (66,9)
Transgenre	0	0	1 (0,4)	0
Non renseigné	3 (0,4)	0	0	0
<b>Âge moyen (années)</b>				
Homme	28,4	26,9	29,5	25,8
Femme	25,8	25,2	26,9	26,3
Transgenre			31,9	
Sexe non renseigné	27,9			
<b>Site de prélèvement</b>				
<b>Homme</b>				
Urines	210 (83,3)	151 (96,2)	83 (88,3)	83 (94,3)
Urètre	42 (16,7)	6 (3,8)	11 (11,7)	5 (5,7)
<b>Femme</b>				
Col/vagin	412 (79,7)	344 (81,1)	109 (75,2)	126 (70,8)
Urines	105 (20,3)	80 (18,9)	36 (24,8)	52 (29,2)
<b>Sexe non renseigné</b>				
Urines	3	0		
<b>Transgenre</b>				
Urines			1 (100)	0 (0)
<b>Pratique sexuelle chez les hommes</b>				
HSH	22 (8,7)	1 (0,7)	12 (12,8)	1 (1,1)
Hétérosexuel	36 (14,3)	20 (12,7)	23 (24,5)	13 (14,8)
Non renseignée	194 (77,0)	136 (86,6)	59 (62,7)	74 (84,1)
<b>Pratique sexuelle chez les femmes</b>				
FSF	3 (0,6)	0 (0)	0 (0)	1 (0,5)
Hétérosexuelle	124 (24,0)	84 (19,8)	33 (22,8)	39 (22,0)
Non renseignée	390 (75,4)	340 (80,2)	112 (77,2)	138 (77,5)
<b>Statut sérologique VIH</b>				
Négatif	262 (33,9)	154 (26,5)	95 (39,6)	56 (21,0)
Positif	4 (0,5)	0 (0)	2 (0,8)	0 (0)
Non renseigné	506 (65,6)	427 (73,5)	143 (59,6)	210 (79,0)
<b>Motifs de consultation</b>				
Dépistage systématique	141 (18,3)	85 (14,6)	62 (26,2)	35 (13,2)
Patient symptomatique	119 (15,4)	44 (7,7)	41 (17,1)	12 (4,5)
IST partenaire	24 (3,1)	3 (0,5)	8 (3,3)	0 (0)
Prise de risque	20 (2,6)	7 (1,2)	10 (4,2)	4 (1,5)
IVG	18 (2,3)	2 (0,3)	3 (1,3)	3 (1,1)
Contrôle traitement	3 (0,4)	0 (0)	9 (3,7)	0 (0)
Autre	21 (2,7)	14 (2,4)	3 (1,2)	1 (0,4)
Non renseigné	426 (55,2)	426 (73,3)	104 (43,3)	211 (79,3)

HSH : hommes ayant des relations sexuelles avec des hommes ; FSF : femmes ayant des relations sexuelles avec des femmes ; IST : infection sexuellement transmissible ; IVG : interruption volontaire de grossesse.

de consultation était un dépistage systématique selon les recommandations de la HAS, mais cette information n'était renseignée que pour un quart des patients. Parmi les personnes (159/847, 18,7%) ayant accepté de renseigner leur pratiques sexuelles, 98,1% ont déclaré être hétérosexuelles. Le statut VIH n'était connu que dans 24,8% des cas et la totalité d'entre eux étaient séronégatifs.

Le typage a été fructueux pour 68,6% des échantillons (581/847). Ceux-ci sont statistiquement comparables à l'ensemble des échantillons reçus, en termes de sexe (27% d'hommes vs 33,1% et 73% de femmes vs 66,9%,  $p > 0,05$ ) et d'âge (moyenne d'âge des hommes : 26,9 ans vs 25,8 ans,  $p > 0,05$  ; et celle des femmes : 25,2 ans vs 26,3 ans,  $p > 0,05$ ).

### Les génovars circulants

Tous les génovars appartenant au biovar trachoma ont été retrouvés, y compris ceux responsables de trachome, à l'exception du génovar C (tableau 2) et aucun n'appartenait au biovar LGV.

En métropole, les génovars se répartissent de façon équivalente chez les hommes et chez les femmes, avec une prédominance de génovar E (environ 50%) suivi des génovars F (près de 20%), G et D/Da (environ 10% chacun), puis des autres génovars (tableau 2).

Dans les DROM, globalement, les génovars se distribuent de la manière suivante : E>D/Da>F>G>J/Ja suivis des autres, sans différence significative entre les hommes et les femmes. Au total, le génovar E est majoritaire (35,8%) (tableau 2). La distribution des génovars la plus proche de la métropole est celle de l'île de La Réunion. Les génovars D/Da sont plus fréquents en outre-mer qu'en métropole (20,1% (117/581) vs 9,2% (71/772),  $p < 0,05$ ), excepté en Guadeloupe.

La comparaison de la distribution des génovars entre la métropole et les DROM regroupés par zones, océan Atlantique, océan Indien et océan Pacifique, montre quelques différences. Dans l'océan Indien, les souches de génovar A, décrites dans le trachome, représentent respectivement 18% (16/89) et 1,8% (5/275) des génovars présents à Mayotte et à La Réunion. Ce génovar n'a pas été retrouvé dans les autres territoires ultra-marins. Les données dont nous disposons pour les souches de génovar A de Mayotte montrent qu'il s'agit de 12 femmes dont l'âge médian était de 21,6 ans et de 4 hommes dont l'âge médian était de 35,5 ans. Le motif de consultation n'est documenté pour aucun de ces patients et aucune atteinte oculaire n'était notée. La présence de ce génovar A est à noter dans 3 échantillons en métropole.

Tableau 2

### Répartition des génovars par zone géographique et par sexe

Territoire (n)	Sexe (n)	Génovar (%)									
		A	B	D/Da	E	F	G	H	I/la	J/Ja	K
Métropole (772)*	F (517)	0,4	0,0	8,3	52,4	17,8	8,5	1,4	3,8	4,4	3,0
	H (252)	0,4	0,0	9,9	46,6	15,4	13,2	1,2	5,8	5,8	1,7
Réunion (275)	F (203)	2,0	0,5	16,2	38,4	19,8	12,3	1,0	3,0	4,4	2,5
	H (72)	1,4	0,0	18,0	37,5	16,7	11,1	1,4	5,6	4,2	4,2
Mayotte (89)	F (52)	23,1	0,0	23,1	28,8	15,4	1,9	0,0	7,7	0,0	0,0
	H (37)	10,8	0,0	35,3	21,6	18,9	5,4	2,7	2,6	2,7	0,0
Nouvelle-Calédonie (77)	F (63)	0,0	0,0	27,0	27,0	4,8	9,5	0,0	3,2	27,0	1,6
	H (14)	0,0	0,0	7,1	50,0	0,0	14,3	0,0	0,0	28,5	0,0
Polynésie (51)	F (46)	0,0	0,0	23,9	39,1	0,0	32,7	0,0	0,0	4,3	0,0
	H (5)	0,0	0,0	20,0	80,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Guyane (37)	F (30)	0,0	3,3	16,7	43,3	3,3	10,0	0,0	6,7	10,0	6,7
	H (7)	0,0	0,0	28,6	14,3	14,3	28,5	0,0	0,0	14,3	0,0
Martinique (35)	F (18)	0,0	0,0	22,2	38,9	22,2	0,0	0,0	5,6	5,6	5,6
	H (17)	0,0	0,0	23,5	35,2	5,9	5,9	0,0	11,8	11,8	5,9
Guadeloupe (17)	F (12)	0,0	0,0	8,3	33,3	8,3	0,0	0,0	25,0	16,7	8,3
	H (5)	0,0	0,0	0,0	60,0	20,0	20,0	0,0	0,0	0,0	0,0
Total Outre-mer (581)	F (424)	3,8	0,5	19,6	35,8	13,4	11,8	0,5	4,2	8,0	2,4
	H (157)	3,2	0,0	21,7	35,7	14,1	10,2	1,3	4,4	7,0	2,5
TOTAL (1 353)*	F (941)	1,9	0,2	13,4	44,5	16,0	10,0	1,0	4,1	6,2	2,7
	H (409)	1,5	0,0	14,9	41,8	14,9	12,0	1,2	5,1	6,4	2,2



F : femme ; H : homme ; n : nombre d'échantillons typés.

\* Trois patients exclus : « sexe non renseigné ».

Les souches de la zone océan Pacifique se différencient par la présence de 29,4% (15/51) de souches de génovar G en Polynésie vs 9,6% (51/530) dans les autres zones et 9,9% en métropole (77/772) ( $p < 0,05$ ). De même, en Nouvelle-Calédonie, les génovars J/Ja représentent 27,3% (21/77) des échantillons vs moins de 5% dans les autres territoires d'outre-mer et en métropole ( $p < 0,05$ ). En Nouvelle-Calédonie, ces génovars ont été détectés dans 17 échantillons de femmes (dont l'âge médian était de 25,5 ans et dont 14 consultaient pour des symptômes) et dans 4 échantillons d'hommes dont l'âge médian était de 22 ans dont deux souffraient de douleurs testiculaires. Dans la majorité (16/21) des cas, ces génovars J/Ja étaient donc retrouvés au cours d'une infection symptomatique.

## Discussion

Il s'agit de la première étude prospective de génotypage de souches de *C. trachomatis* responsables d'infections urogénitales en France métropolitaine et dans les DROM. L'ensemble des génovars D à K sont présents en métropole et dans les DROM, avec une prédominance du génovar E. Il faut noter deux points importants : la présence de souches de génovar A, responsable du trachome, et l'absence de souches de génovar L, ce qui confirme les données du CNR quant à l'absence de transmission de la LGV à la population hétérosexuelle<sup>9</sup>, population majoritaire de cette étude. L'absence d'échantillons anorectaux peut expliquer l'absence de souches L chez les hommes ayant des relations sexuelles avec des hommes (HSH) de cette étude. De plus la population est majoritairement séronégative pour le VIH, et asymptomatique puisque le principal motif de consultation était le dépistage systématique selon les recommandations de la HAS.

Sur les 1 861 échantillons collectés sur la semaine 46 en 2017 métropole et sur les semaines 38 à 42 en 2018 dans les DROM, 1 353 ont pu être typés, soit 72,7%. L'échec du typage pour près de 30% d'échantillons peut s'expliquer de plusieurs façons : (i) la moindre sensibilité de la technique de génotypage utilisée, qui amplifie le gène *omp1* en entier (soit environ 1 200 paires de bases) par rapport à la méthode de détection amplifiant de petits fragments du gène *omp1* ou du plasmide selon la technique utilisée par chacun des laboratoires participants ; (ii) la conservation et l'acheminement des échantillons sur de longues distances qui peut avoir altéré la qualité des acides nucléiques. Néanmoins, les échantillons typés sont comparables aux échantillons non typés.

La distribution des génovars observée dans cette étude est concordante avec celle décrite dans les enquêtes des années antérieures en France<sup>4</sup>, en Guadeloupe<sup>5</sup> et au CHU de Bordeaux. Cette distribution est très semblable à celle de l'Italie<sup>10</sup>, de la Suède<sup>11</sup> et, au-delà de l'Europe, de la Russie<sup>12</sup>, de la Tunisie<sup>13</sup> et de l'Australie<sup>14</sup>.

Dans notre étude, la distribution des génovars est sensiblement la même dans toutes les zones géographiques étudiées, même si l'on observe quelques

particularités comme la présence de souches de génovar G en Polynésie, et de génovar J/Ja en Nouvelle-Calédonie de manière statistiquement plus élevée que dans les autres zones. Un fait notable est la présence de souches de génovars retrouvés dans le trachome, et particulièrement le génovar A, dans les infections urogénitales diagnostiquées dans les départements outre-mer de l'océan Indien et même en métropole. À notre connaissance, à la différence du génovar B, le génovar A est rarissime dans l'infection génitale : il n'a été décrit que dans un seul article<sup>13</sup> et en association avec des génovars urogénitaux.

Dans cette étude, les données recueillies ne permettent pas de faire de lien entre la présence d'un génovar et des signes cliniques spécifiques. Aucune étude n'a pour le moment rapporté de lien caractéristique entre un génovar du biovar trachoma et des manifestations cliniques, excepté le génovar A spécifique du trachome. Or, de manière très remarquable, on observe la présence de souches de génovar A à Mayotte dans l'infection urogénitale. D'après les données de l'OMS<sup>15</sup>, le trachome fait partie des maladies tropicales négligées sur l'île de Madagascar, ce qui pourrait expliquer la présence de souche de génovar A à Mayotte. Il serait important d'investiguer ces cas, et particulièrement de rechercher une atteinte oculaire, de chercher un lien éventuel entre ces hommes et ces femmes, de savoir si des cas de trachome ont été en contact de ces patients.

La distribution des génovars dans les DROM peut être analysée par rapport aux données de la littérature dans les régions concernées. Dans la zone Pacifique, une étude récente menée dans la région Shenzhen, au sud-est de la Chine, portant sur plus de 2 000 patients, montre une distribution des génovars assez différente de celle de notre zone océan Pacifique, avec l'ordre suivant  $F \geq E > D / Da > G / Ga$  sans génovar majoritaire<sup>16</sup>. Cette distribution est proche de celle d'autres régions de Chine, de Taïwan et du Japon. Dans cette étude, les auteurs notent une association entre le génovar G/Ga et la présence de pertes vaginales, alors que dans une autre étude chinoise<sup>17</sup> il est question d'endémicité du génovar G/Ga chez les HSH, accréditant à ce génovar un tropisme rectal.

Dans la zone Atlantique, la distribution des génovars peut être comparée à celle des pays d'Amérique latine. Deux études récentes menées au Brésil<sup>18</sup> et au Chili<sup>19</sup> montrent une distribution similaire à celle décrite en Martinique, Guadeloupe et Guyane, à savoir une prédominance du génovar E, suivie des génovars F et D/Da, sans association statistiquement significative avec l'âge, le sexe, le nombre de partenaires sexuels et les manifestations cliniques.

En conclusion, la distribution des génovars en France métropolitaine et les DROM est similaire à celle décrite dans les autres pays du monde avec une grande prédominance des génovars E, F, G et D. Cette étude a également mis en exergue quelques

informations nouvelles, comme la présence de souche de génovar A dans l'infection urogénitale à Mayotte et à La Réunion. D'un point de vue épidémiologique, la classification en génovars n'est pas suffisamment discriminante car certains génovars sont surreprésentés. Le sous-typage des génovars comme le génovar E par une technique de MLVA a permis d'identifier des souches spécifiques de certaines populations<sup>20,21</sup>. L'analyse phylogénétique du génome entier des souches urogénitales devrait améliorer notre compréhension de la transmission des souches au sein des populations. ■

## Remerciements

Nous remercions Nadège Hémin et Élodie Ladevèze pour leur assistance technique.

Nous remercions également tous les biologistes qui ont participé à cette étude : C. Alauzet (CHU Nancy), G. Auger (CHU Rennes), P. Augu (Dyomedeia Lyon), G. Barnaud (APHP), K. Barrial (CH Valence), A. Beby-Defaux (CHU Poitiers), E. Beillard (Institut Pasteur Cayenne), B. Berçot (APHP), A. Bertrand (CeGIDD La Rochelle), A. Bianchi (Laboratoire départemental Bondy), A. Biron (CHT Nouvelle-Calédonie), L. Bonzon (CHU Montpellier), D. Boraud (Exalab Le Haillan), N. Bourgeois (APHP), V. Brodard (CHU Reims), E. Cambau (APHP), M. Challier (CHI André Grégoire), S. Charachon (CHU Nîmes), L. Collet (CH Mayotte), M. Coude (CH Le Mans), D. Decré (APHP), V. Decroix (CHU Amiens), JM. Delarbre (GHR Mulhouse), J. Delmas (CHU Clermont-Ferrand), H. Doermann (Novabio Périgueux), C. Domergue (Clinique Pasteur Toulouse), G. Durand (CHU Marseille), A. Ebel (Eurofins Ivry/Seine), S. Elaerts (Cerballiance St-Denis), E. Farfour (CH Foch Suresnes), C. Felloni (Cerballiance Lille), P. Floch (CHU Toulouse), N. Fortineau (APHP), SA. Gibaud (CHU Nantes), S. Gonzalo (CHU St-Etienne), J. Goret (CH Angoulême), A. Goubard (Institut Alfred Fournier Paris), A. Grob (LDA Marseille), A. Guigon (CHR Orléans), S. Hantz (CHU Limoges), H. Hochard (CHR Metz), C. Huy (Biogroup LCD St-Denis), J. Jaouen (CH Côte basque Bayonne), K. Jeannot (CHU Besançon), J. Jehan (CH Cherbourg), M. Kempf (CHU Angers), P. Lanotte (CHU Tours), S. Lastere (CH Papeete), H. Lebars (CHU Brest), N. Lemaitre (CHU Lille), O. Lemenand (CH St-Nazaire), J. Loubinoux (APHP), P. Lureau (CH Niort), M. Mari (Barla Nice), S. Marque Juillet (CH Versailles), B. Nebbad (APHP), P. Patoz (CH Tourcoing), I. Pelloux (CHU Grenoble), I. Podglajen (APHP), C. Poggi (CH Toulon), B. Porte (Laboratoire Noët Paris), B. Roquebert (CHU Réunion), A-L. Roux (APHP), H. Salord (CHU Lyon), C. Schanen (CHU Caen), P. Tamby (Biopôle Antilles), N. Tetart (RéuniLAB St-Denis-de-La-Réunion), A. Trens (Bio67 Strasbourg), S. Trombert (Cerba St-Ouen-l'Aumône), J. Violette (CH Saintes), N. Zemali (CHU Sud Réunion).

## Liens d'intérêt

Les auteurs déclarent ne pas avoir de liens d'intérêt au regard du contenu de l'article.

## Références

[1] Peuchant O, Bébéar C, de Barbeyrac B. *Chlamydia*. EMC – Biologie médicale. 2015;1-7.

[2] Rowley J, Vander Hoorn S, Korenromp E, Low N, Unemo M, Abu-Raddad LJ, et al. Chlamydia, gonorrhoea, trichomoniasis and syphilis: Global prevalence and incidence estimates, 2016. Bull World Health Organ. 2019;97(8):548-62P. <https://www.who.int/bulletin/volumes/97/8/18-228486.pdf>

[3] Ndeikoundam Ngangro N, Bouvet de La Maisonneuve P, Le Strat Y, Fouquet A, Viriot D, Fournet N, et al. Estimations nationales et régionales du nombre de diagnostics d'infections à *Chlamydia* et à gonocoque en France en 2016. Saint-Maurice: Santé publique France; 2018. 6 p. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/infections-sexuellement-transmissibles/chlamydiae/documents/rapport-synthese/estimations-nationales-et-regionales-du-nombre-de-diagnostics-d-infections-a-chlamydia-et-a-gonocoque-en-france-en-2016>

[www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/infections-sexuellement-transmissibles/chlamydiae/documents/rapport-synthese/estimations-nationales-et-regionales-du-nombre-de-diagnostics-d-infections-a-chlamydia-et-a-gonocoque-en-france-en-2016](https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/infections-sexuellement-transmissibles/chlamydiae/documents/rapport-synthese/estimations-nationales-et-regionales-du-nombre-de-diagnostics-d-infections-a-chlamydia-et-a-gonocoque-en-france-en-2016)

[4] de Barbeyrac B, Clerc M, Idrissi Y, Bébéar C, Scribans C, Goulet V. Typage et étude de la sensibilité des souches de *Chlamydia trachomatis* isolées en France, 1999-2001. Bull Epidemiol Hebd. 2004;(40-41):196-7. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/infections-associées-aux-soins-et-resistance-aux-antibiotiques/resistance-aux-antibiotiques/documents/article/typage-et-etude-de-la-sensibilite-des-souches-de-chlamydia-trachomatis-isolees-en-france-1999-2001>

[5] Weill FX, Le Hello S, Clerc M, Scribans C, de Barbeyrac B. Serological reactivity and bacterial genotypes in *Chlamydia trachomatis* urogenital infections in Guadeloupe, French West Indies. Sex Transm Infect. 2010;86(2):101-5.

[6] de Barbeyrac B, Laurier-Nadalié C, Touati A, Le Roy C, Imounga L, Henin N, et al. Observational study of anorectal *Chlamydia trachomatis* infections in France through the lymphogranuloma venereum surveillance network, 2010-2015. Int J STD AIDS. 2018;29(12):1215-24.

[7] Lan J, Ossewaarde JM, Walboomers JM, Meijer CJ, van den Brule AJ. Improved PCR sensitivity for direct genotyping of *Chlamydia trachomatis* serovars by using a nested PCR. Clin Microbiol. 1994;32(2):528-30.

[8] Haute Autorité de santé. Réévaluation de la stratégie de dépistage des infections à *Chlamydia trachomatis*. Saint-Denis La Plaine: HAS; 2018. 189 p. [https://www.has-sante.fr/jcms/c\\_2879401/fr/reevaluation-de-la-strategie-de-depistage-des-infections-a-chlamydia-trachomatis](https://www.has-sante.fr/jcms/c_2879401/fr/reevaluation-de-la-strategie-de-depistage-des-infections-a-chlamydia-trachomatis)

[9] Touati A, Vernay-Vaisse C, Janier M, Le Hen I, Charlois C, Dhote P, et al. Did L strains responsible for lymphogranuloma venereum proctitis spread among people with genital *Chlamydia trachomatis* infection in France in 2013? Sex Transm Dis. 2016;43(6):374-6.

[10] Bianchi S, Frati ER, Canuti M, Colzani D, Fasoli E, Amendola A, et al. Molecular epidemiology and genotyping of *Chlamydia trachomatis* infection in a cohort of young asymptomatic sexually active women (18-25 years) in Milan, Italy. J Prev Med Hyg. 2016;57(3):E128-E34.

[11] Jurstrand M, Falk L, Fredlund H, Lindberg M, Olcen P, Andersson S, et al. Characterization of *Chlamydia trachomatis omp1* genotypes among sexually transmitted disease patients in Sweden. J Clin Microbiol. 2001;39(11):3915-9.

[12] Feodorova VA, Konnova SS, Saltykov YV, Zaitsev SS, Subbotina IA, Polyanina TI, et al. Urogenital *Chlamydia trachomatis* multilocus sequence types and genovar distribution in chlamydia infected patients in a multi-ethnic region of Saratov, Russia. PloS One. 2018;13(4):e0195386.

[13] Gharsallah H, Frikha-Gargouri O, Sellami H, Besbes F, Znazen A, Hammami A. *Chlamydia trachomatis* genovar distribution in clinical urogenital specimens from Tunisian patients: High prevalence of *C. trachomatis* genovar E and mixed infections. BMC Infect Dis. 2012;12:333.

[14] Xiong L, Kong F, Zhou H, Gilbert GL. Use of PCR and reverse line blot hybridization assay for rapid simultaneous detection and serovar identification of *Chlamydia trachomatis*. J Clin Microbiol. 2006;44(4):1413-8.

[15] Uniting to Combat NTDs. Madagascar et les maladies tropicales négligées. Taux de couverture des traitements de masse pour les MTN – 2016. [https://unitingtocombatntds.org/wp-content/uploads/2018/01/Madagascar\\_fre.pdf](https://unitingtocombatntds.org/wp-content/uploads/2018/01/Madagascar_fre.pdf)

[16] Zhang JJ, Zhao GL, Wang F, Hong FC, Luo ZZ, Lan LN, et al. Molecular epidemiology of genital *Chlamydia trachomatis* infection in Shenzhen, China. Sex Transm Infect. 2012;88(4):272-7.

[17] Han Y, Yin YP, Shi MQ, Zhong MY, Chen SC, Xang Z, *et al.* Difference in distribution of *Chlamydia trachomatis* genotypes among different provinces: A pilot study from four provinces in China. *Jpn J Infect Dis.* 2013;66(1):69-71.

[18] Machado ACS, Bandea CI, Alves MFC, Joseph K, Igiésemé J, Miranda AE, *et al.* Distribution of *Chlamydia trachomatis* genovars among youths and adults in Brazil. *J Med Microbiol.* 2011;60(Pt 4):472-6.

[19] Martínez MA, Ovalle A, Camponovo R, Vidal R. *Chlamydia trachomatis* genovars causing urogenital infections in Santiago, Chile. *Infect Dis (Lond).* 2015;47(3):156-60.

[20] Christerson L, Bom RJ, Bruisten SM, Yass R, Hardick J, Bratt G, *et al.* *Chlamydia trachomatis* strains show specific clustering for men who have sex with men compared to hete-

rosexual populations in Sweden, the Netherlands, and the United States. *J Clin Microbiol.* 2012;50(11):3548-55.

[21] Peuchant O, Le Roy C, Herrmann B, Clerc M, Bebear C, de Barbeyrac B. MLVA subtyping of genovar E *Chlamydia trachomatis* individualizes the Swedish variant and anorectal isolates from men who have sex with men. *PLoS One.* 2012;7(2):e31538.

#### Citer cet article

de Barbeyrac B, Laurier-Nadalié C, Touati A, Trombert-Paolantoni S, Peuchant O, Ndeikoundam Ngangro N, *et al.* Distribution des génovars des souches urogénitales de *Chlamydia trachomatis* en France métropolitaine et outre-mer en 2017-2018. *Bull Epidémiol Hebd.* 2021;4(4):58-64. [http://beh.santepubliquefrance.fr/beh/2021/4/2021\\_4\\_1.html](http://beh.santepubliquefrance.fr/beh/2021/4/2021_4_1.html)

## ARTICLE // Article

### ACCIDENTS DE LA VIE COURANTE À L'ÎLE DE LA RÉUNION, 2010-2018 : RÉSULTATS À PARTIR DE L'ENQUÊTE EPAC

// HOME AND LEISURE INJURIES IN REUNION ISLAND 2010-2018: RESULTS FROM THE PERMANENT STUDY EPAC

Jean-Louis Solet<sup>1</sup>, Boubacar Diallo<sup>2</sup> (boubagnalen20@gmail.com), Katia Mougin-Damour<sup>3</sup>, Annabel Rigou<sup>4</sup>, Luce Ménuvier<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Santé publique France – La Réunion, Saint-Denis de La Réunion

<sup>2</sup> Laboratoire du sommeil, Hôpital A. Béclère, Paris

<sup>3</sup> Centre hospitalier Ouest Réunion, Saint-Paul

<sup>4</sup> Santé publique France, Saint-Maurice

Soumis le 14.09.2020 // Date of submission: 09.14.2020

#### Résumé // Abstract

**Introduction** – Le Centre hospitalier Ouest Réunion (CHOR) participe depuis 2005 au recueil de données de l'enquête permanente sur les accidents de la vie courante (Epac), coordonnée par Santé publique France. C'est la seule enquête qui permet un enregistrement continu dans le temps des accidents de la vie courante en France. Le CHOR est l'un des quatre sites hospitaliers publics de La Réunion, qui accueille près de 30% des passages aux urgences sur l'île. Le CHOR est le seul hôpital d'outre-mer qui participe à cette enquête.

**Méthodes** – Une analyse des passages aux urgences pour accidents de la vie courante (AcVC) pris en charge par le service des urgences du CHOR entre 2010 et 2018 a été réalisée, afin de les décrire et de détecter une éventuelle évolution de leur répartition dans le temps. Après correction pour l'exhaustivité et extrapolation des données du CHOR à l'ensemble de l'île, les caractéristiques des AcVC à La Réunion ont été comparées aux données nationales de l'enquête Epac et les spécificités locales identifiées sur la période d'étude ont été comparées à celles retrouvées lors de l'analyse réalisée en 2010 sur les données de l'enquête Epac recueillies à La Réunion entre 2005 et 2009.

**Résultats** – Le taux d'incidence sur la période d'étude est estimé à 5,1 AcVC sur l'île pour 100 habitants, ce qui correspond à environ 120 passages aux urgences par jour pour AcVC sur l'ensemble de l'île. Ce taux est identique à celui calculé sur la période 2005-2009. La surreprésentation masculine est plus marquée qu'en France entière (sex-ratio de 1,6 *versus* 1,3). Les jeunes de moins de 20 ans sont les plus affectés (48%). Les AcVC surviennent le plus souvent à domicile (59% *versus* 51% au niveau national) et la chute constitue le mécanisme le plus fréquent (sans différence significative entre La Réunion et la France entière, 61% *versus* 57%). Certains accidents spécifiques à La Réunion tels les piquûres des poissons-pierre concernent plus particulièrement les touristes avec 23% des AcVC dans cette catégorie de population.

**Conclusion** – Ces résultats consolident les tendances retrouvées en 2010 et fournissent une mise à jour des connaissances utilisables pour la mise en œuvre d'actions de prévention spécifiques à La Réunion.

**Introduction** – Since 2005, the Western Reunion Hospital Center (CHOR), located on Reunion Island, has collected data for the Permanent study on home and leisure injuries, under the supervision of the French Public Health Agency. It is the only study which allows a continuous recording over time the home and leisure injuries in France. The CHOR is one of the four public hospitals which receives nearly 30% of emergency on the island. It is the only overseas hospital in this study.