

Surveillance génomique des cas autochtones d'arboviroses en France métropolitaine 2025-07-26

Chikungunya

Au 26 juillet 2025, le CNR a généré **7 séquences du virus chikungunya (CHIKV)** liées à des cas autochtones en France métropolitaine cette année. Ces séquences sont réparties **sur 4 des 12 foyers recensés cette année** (Table 1), 2 correspondent au foyer de Salon de Provence (Bouches du Rhône), 2 au foyer de Grosseto-Prugna (Corse), 1 au foyer de Montoisson (Drôme), 1 au foyer de Lipsheim (Alsace), et 1 au foyer de Claix (Isère).

Foyer #	Foyer (Nom)	Nb cas	Durée	Nb seq
1	Prades-le-Lez	1	-	0
2	La Crau	2	4	0
3	Montoisson	3	10	1
4	Salon de Pce	13	14	2
5	Grosseto-Prugna	6	29	2
6	Bernis	1	-	0
7	Lipsheim	1	-	1
8	Claix	2	3	1
9	Fréjus	2	3	0
10	Castries	4	12	0
11	Toulon	1	-	0
12	Canet en Roussillon	1	-	0

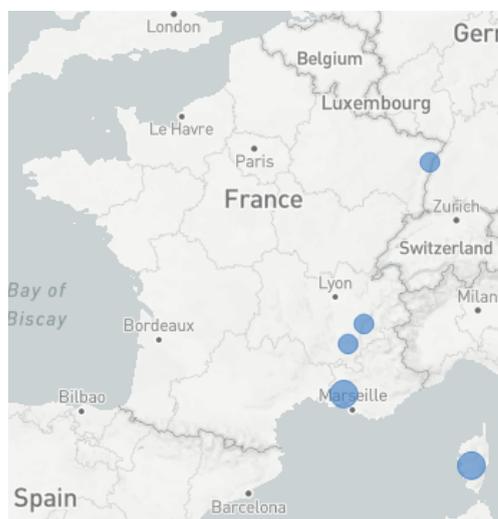


Figure 1. Séquences obtenues pour les différents foyers de circulation autochtone du virus chikungunya, France 2025-07-26. Les foyers pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

La totalité de ces séquences appartient au **génotype ECSA-2** du virus chikungunya et correspond au lignage responsable de l'épidémie de 2024-2025 de chikungunya sur l'île de La Réunion. Ceci confirme que, pour l'ensemble des événements de circulation autochtone de chikungunya pour lesquels des séquences sont disponibles à l'heure actuelle, **la transmission locale a été initiée par un import depuis l'île de la Réunion.**

Pour les foyers de Salon de Provence, Lipsheim, et Claix, les séquences sont trop partielles pour permettre une analyse phylogénétique robuste des cas séquencés. Pour les autres foyers, au sein de l'arbre phylogénétique représentatif de la diversité génétique au sein du génotype ECSA, l'ensemble des séquences groupe avec les souches issues de la Réunion

(2024-2025) confirmant le point ci-dessus (origine réunionnaise des souches circulant actuellement en métropole). Il n'y a actuellement pas de regroupement sur l'arbre entre séquences appartenant à des foyers distincts, ce qui confirme que **les chaînes de transmission locales sont indépendantes**. Les 2 séquences issues du foyer de Grosseto-Prugna groupent ensemble sur l'arbre, confirmant que les deux cas séquencés dans cette localité appartiennent à une même chaîne de transmission.

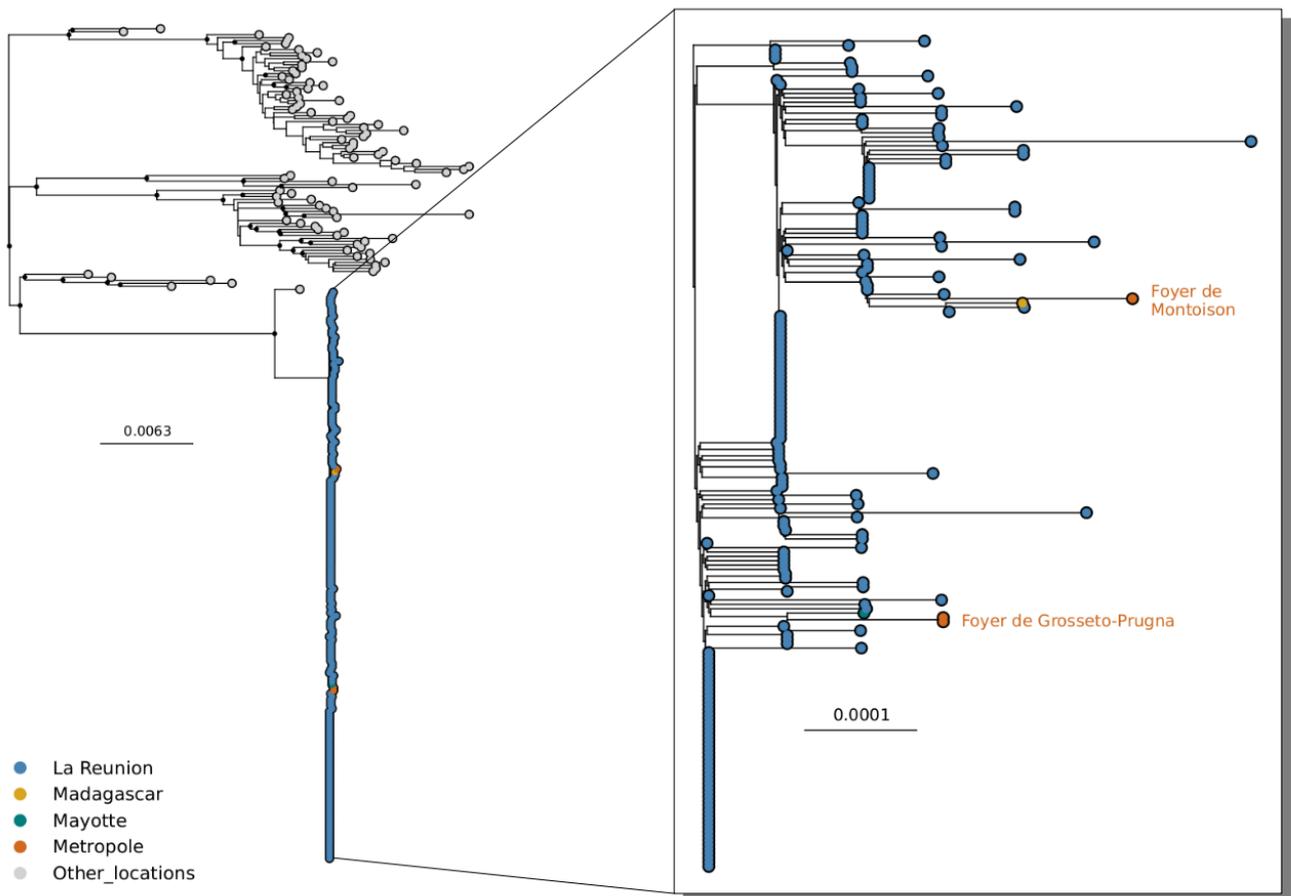


Figure 2. Phylogénie du génotype ECSA du CHIKV avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine 2025-07-23