

Surveillance génomique des cas
autochtones d'arboviroses en France
métropolitaine au 2025-08-14

Chikungunya

Au 14 août 2025, le CNR a généré **11 séquences du virus chikungunya** (CHIKV) liées à des cas autochtones en France métropolitaine cette année. Ces séquences sont réparties **sur 8 des 23 épisodes** recensés à l'heure actuelle (Figure 1). Sur ces séquences, 2 correspondent à l'épisode de Salon de Provence (Bouches du Rhône), 2 à celui de Grosseto-Prugna (Corse), 1 à celui de Montoisson (Drôme), 1 à celui de Lipsheim (Alsace), 1 à celui de Claix (Isère), 2 à celui de Castries, 1 à celui de Dax, et 1 à celui de Fréjus.

Département	Episode	Cas	Séq.
Hérault	Prades-le-Lez	1	0
Var	La Crau	2	0
Gard	Bernis	1	0
Drôme	Montoisson	3	1
B. du Rhône	Salon de Provence	13	2
Var	Toulon	1	0
Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	2
Bas-Rhin	Lipsheim	1	1
B. du Rhône	Vitrolles	23	0
Hérault	Castries	12	2
Charente	Val de Cognac	5	0
Isère	Claix	5	1
Var	Fréjus	4	1
Alpes Maritimes	Antibes	5	0
P. Atlantique	Hendaye	3	0
Gard	Poulx-Caveirac	12	0
Landes	Dax	1	1
Côte d'Or	Dijon	2	0
Alpes Maritimes	Auribeau sur Siagne	1	0
Alpes Maritimes	Nice	1	0
Haute-Corse	Ghisonaccia	2	0
Dordogne	Bergerac	2	0
Isère	Eybens	1	0

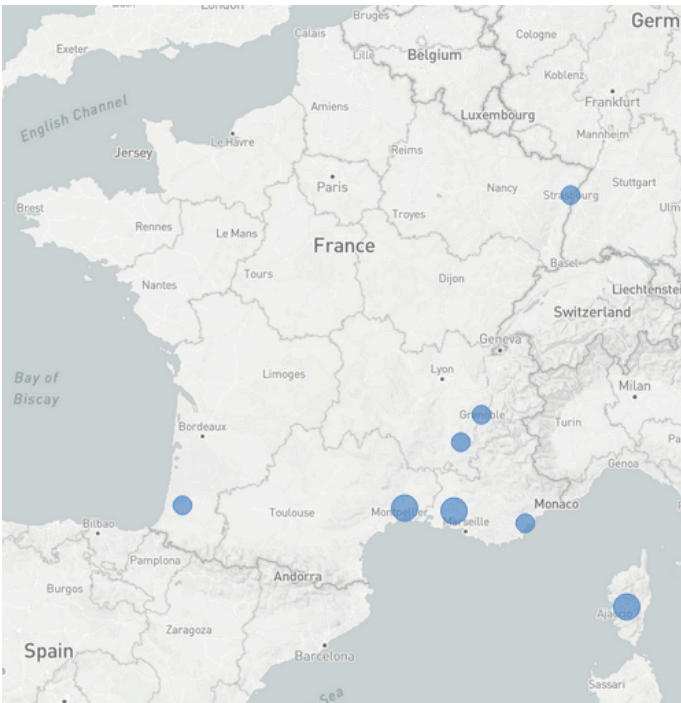


Figure 1. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du CHIKV au 2025-08-14. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

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

Pour les foyers de Salon de Provence 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). 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.

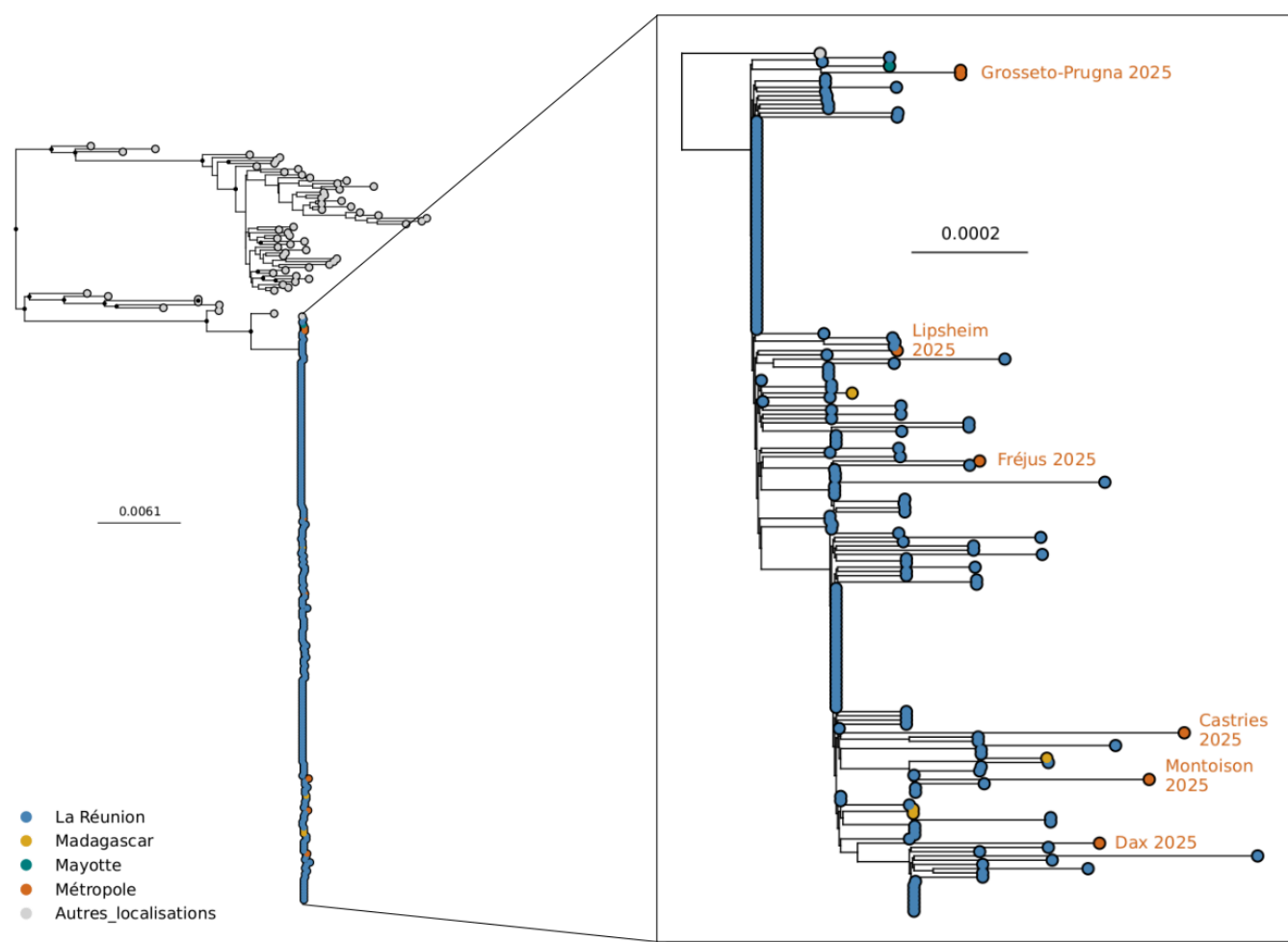


Figure 2. Phylogénie du génotype ECSA-2 du CHIKV avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-08-14.

Dengue

Au 14 août 2025, le CNR a généré **2 séquences** du virus de la dengue (DENV) liées à des cas autochtones en France métropolitaine cette année. Ces séquences correspondent à **1 des 6 épisodes** recensés à l'heure actuelle (Figure 3), se trouvant à Saint Chamond (Loire).

Département	Episode	Cas	Séquences
Bouches du Rhône	Aubagne	1	0
Loire	Saint-Chamond	2	2
Bouches du Rhône	Rognac	4	0
Var	Sanary sur Mer	1	1
Ain	Belley	2	0
Lot	Lalbenque	1	0

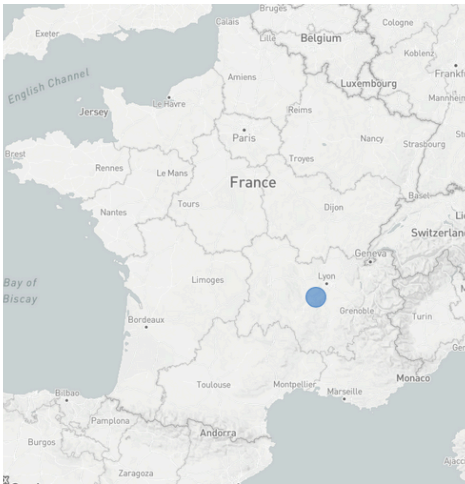


Figure 3. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du DENV au 2025-08-14. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

Ces séquences appartiennent au génotype V du DENV1 et correspondent au lignage circulant actuellement en Polynésie française, confirmant que, pour cet épisode autochtone, **la transmission locale a été probablement initiée par un import depuis la Polynésie française**. Les séquences groupent ensemble sur l'arbre, suggérant que les deux cas de Saint-Chamond séquencés appartiennent à une même chaîne de transmission.

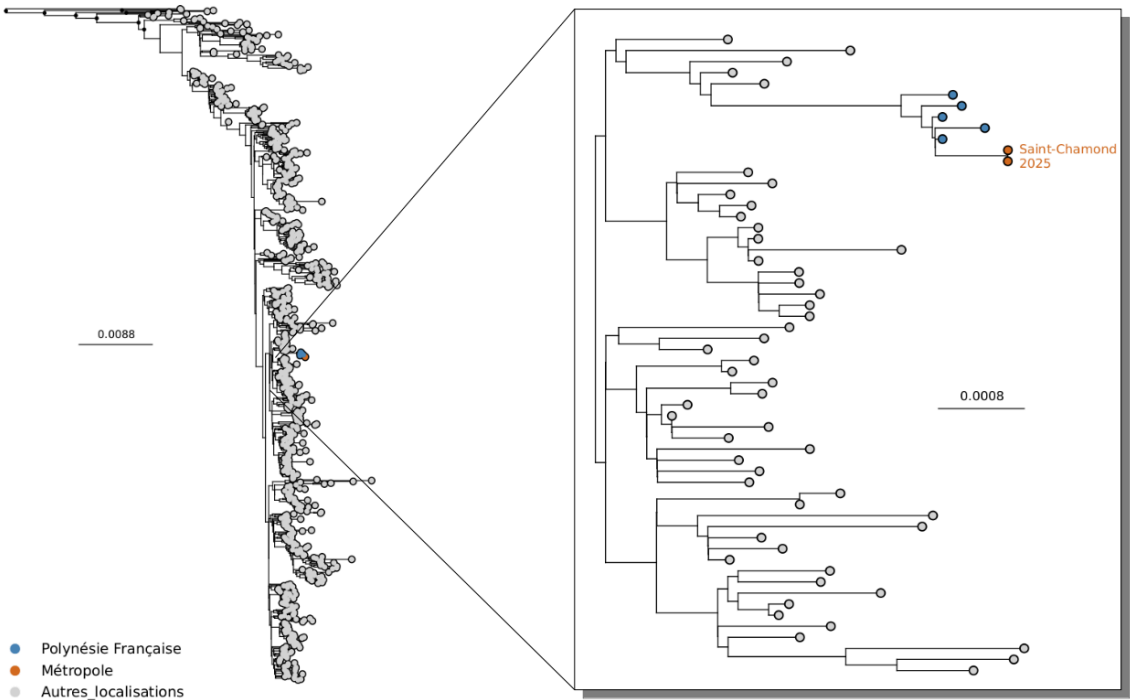


Figure 4. Phylogénie du génotype V du DENV1 avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-08-14

West Nile

Au 14 août 2025, le CNR a généré **1 séquence du virus West Nile (WNV)** correspondant à **1 des 3 épisodes recensés cette année** (Figure 5), situé à Hyères.

Département	Episode	Cas	Séq.
Var	Hyères	3	1
Seine Saint Denis ou Val d'Oise	Epinay sur Seine ou Enghien les bains	2	0
B. du Rhône	Gardanne, Arles, ou Tarascon	2	0



Figure 5. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus West Nile, France 2025-08-14. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en jaune sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

Cette séquence appartient au lignage 2 du WNV groupe avec les séquences issues d’infections recensées dans la même zone en 2024 suggérant que ce lignage se serait **maintenu localement** entre 2024 et 2025.

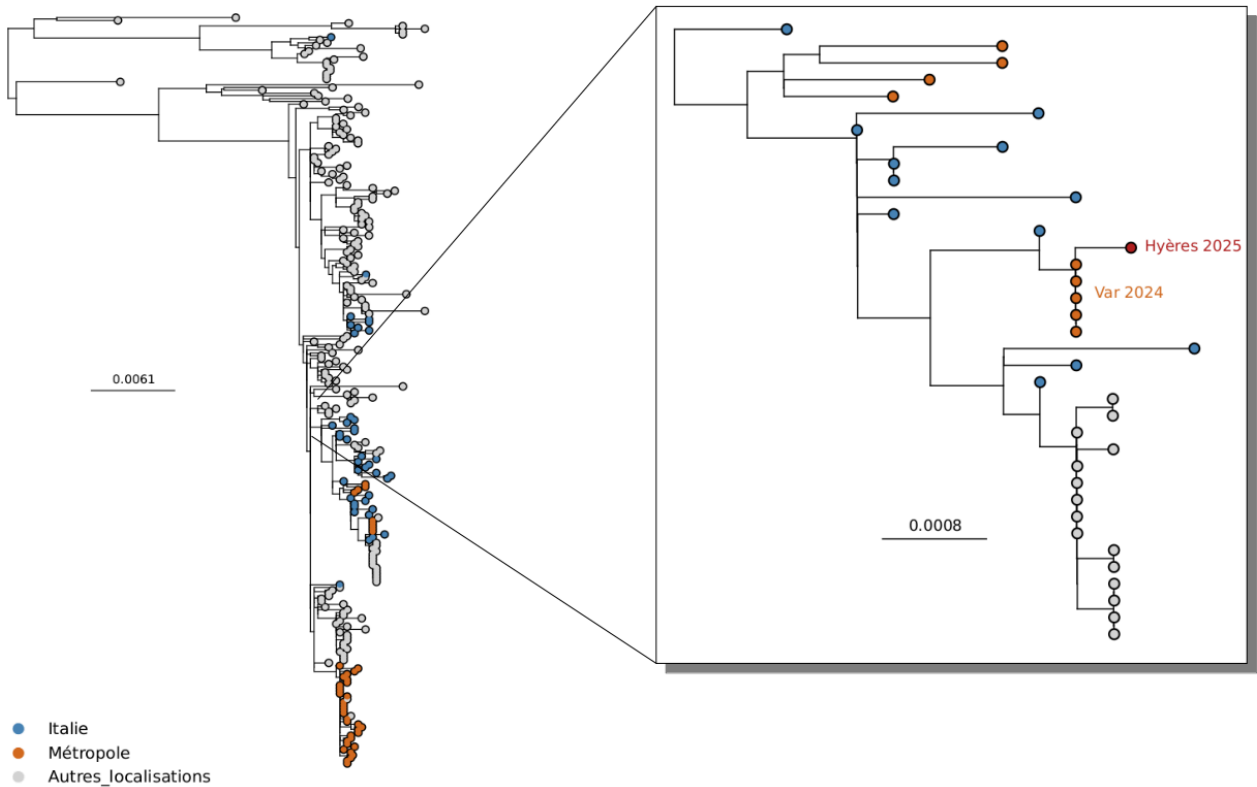


Figure 6. Phylogénie de séquences représentatives du lignage 2 du WNV avec un zoom sur la séquence provenant d’infections identifiées en France métropolitaine au 2025-08-14