

Surveillance génomique des cas
autochtones d'arboviroses en France
métropolitaine au 2025-09-05

Chikungunya

Au 5 septembre, le CNR a généré **27 séquences du virus chikungunya** (CHIKV) liées à des cas autochtones, réparties **sur 14 des 34 épisodes** recensés au 2 septembre (Figure 1), ainsi que **5 séquences** issues de moustiques collectés autour des cas.

Département	Episode	Cas	Séq.
Drôme	Montoison	3	1
B. du Rhône	Salon de Provence	13	2
Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	6
Bas-Rhin	Lipsheim	1	1
B. du Rhône	Vitrolles	41	2
Hérault	Castries	14	4
Isère	Claix	5	2
Var	Fréjus	47	6
Alpes Maritimes	Antibes	38	2
Gard	Poulx-Caveirac	19	2
Landes	Dax	1	1
Dordogne	Bergerac	37	1
Haute-Corse	Ghisonaccia	3	1
Isère	Eybens	22	1

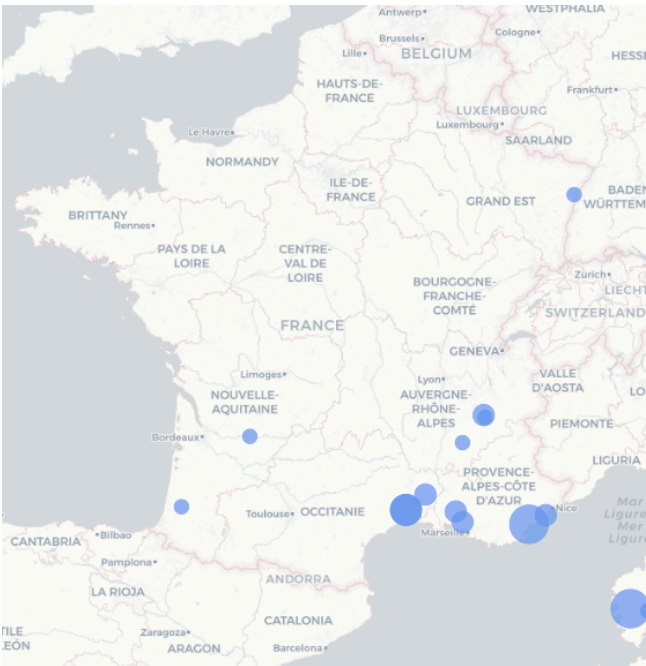


Figure 1. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du CHIKV au 2025-09-05. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

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 le foyer de Ghisonaccia la séquence est trop partielle pour permettre une analyse phylogénétique robuste du cas séquencé. 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). On constate un regroupement sur l'arbre des séquences issues de **Claix** et **Eybens** (Isère), indiquant **un lien entre ces deux épisodes de circulation**. Il n'y a actuellement pas de regroupement sur l'arbre entre séquences provenant des autres épisodes séquencés, ce qui confirme que **les chaînes de transmission locales sont indépendantes**. Pour les épisodes de Grosseto-Prugna, Vitrolles, Castries et Poulx Caveirac, les séquences disponibles groupent par épisode sur l'arbre, confirmant que les cas séquencés appartiennent à une même chaîne de transmission.

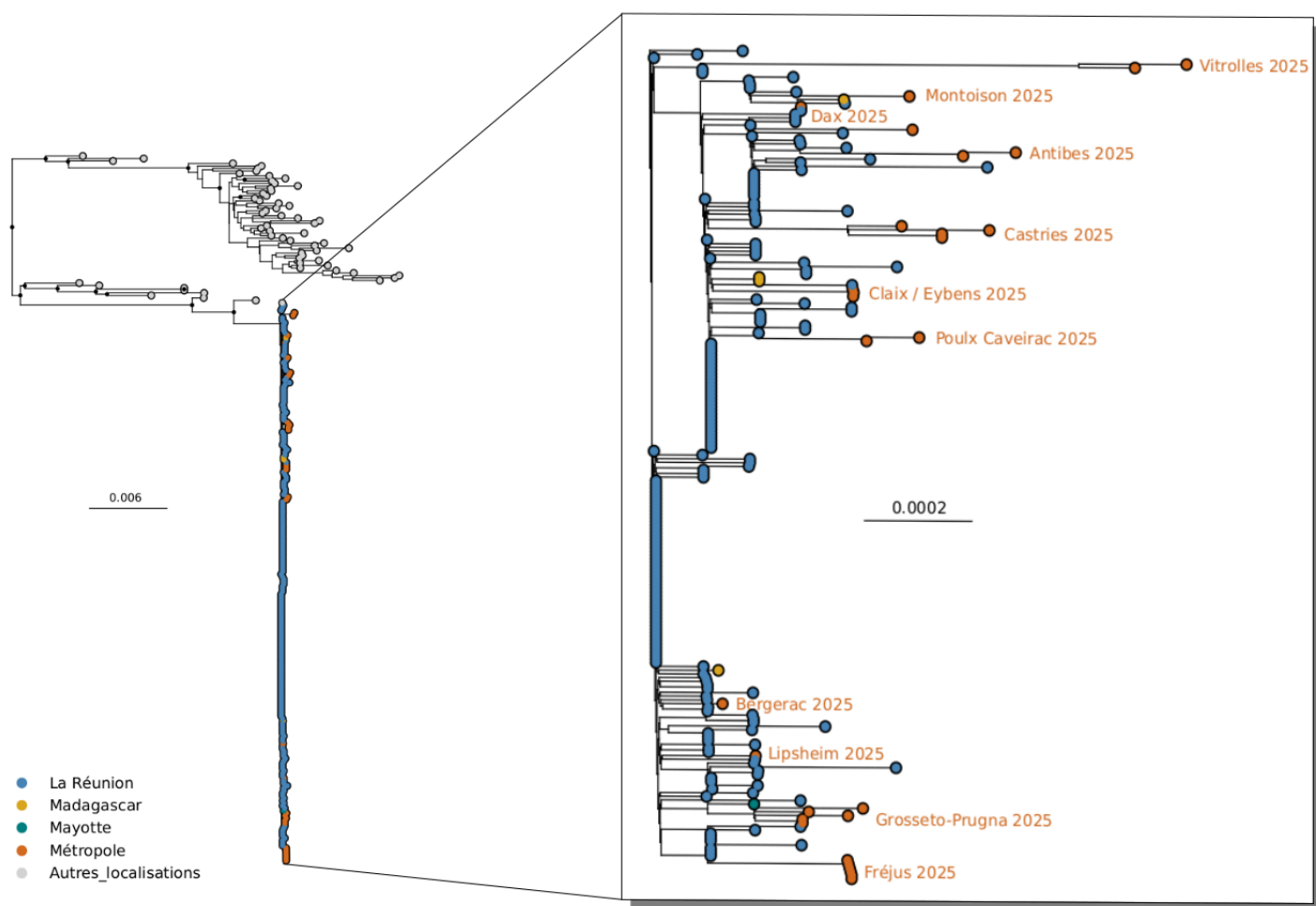


Figure 2. Phylogénie du génotype ECSA-2 du CHIKV avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-09-05.

Dengue

Au 5 septembre 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	0
Ain	Belley	2	0
Lot	Lalbenque	1	0

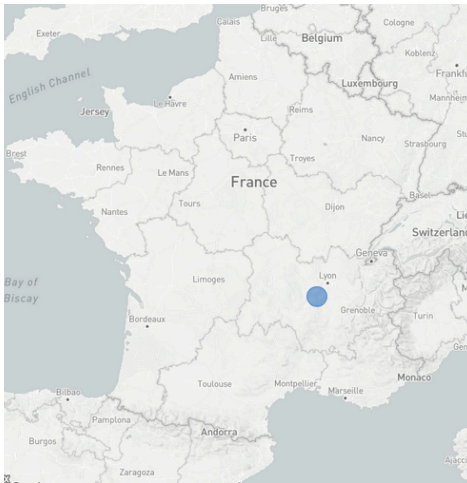


Figure 3. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du DENV au 2025-09-05. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

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.

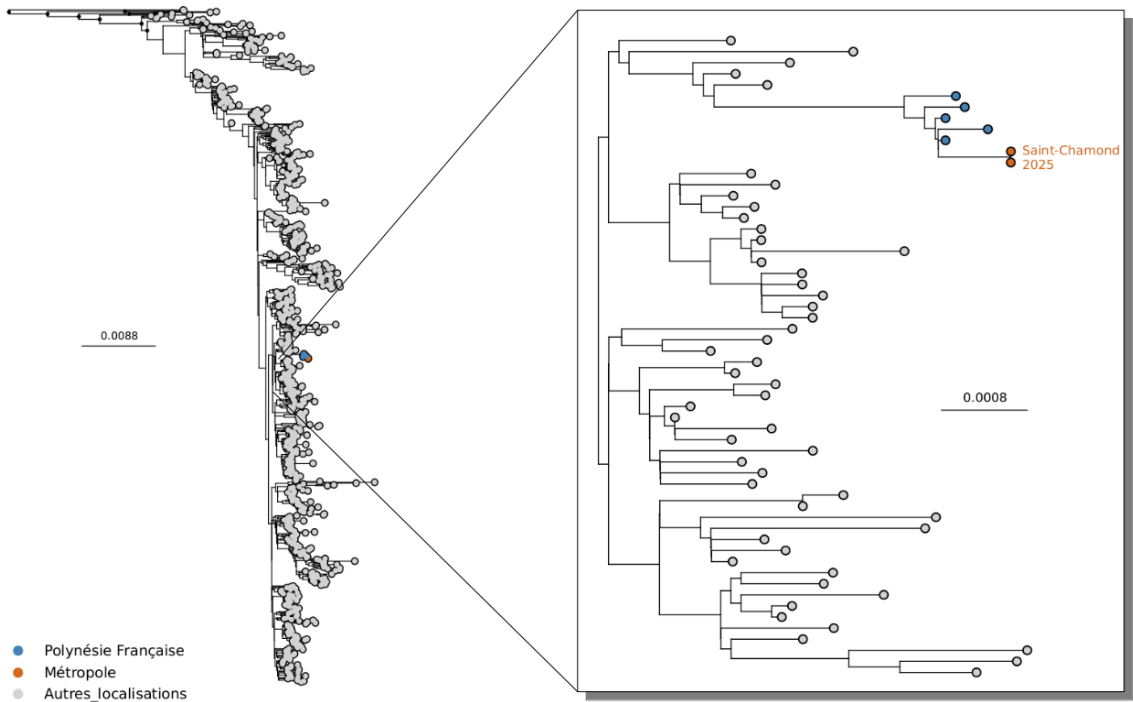


Figure 4. Phylogénie du génotype V du DENV1 avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-09-05

West Nile

Au 5 septembre 2025, le CNR a généré **5 séquence du virus West Nile (WNV)** correspondant à **3 des 6 épisodes recensés** (Figure 5).

Département	Episode	Cas	Séq.
Var	Hyères	5	1
Seine Saint Denis ou Val d'Oise	Epinay / Pierrefitte	3	2
Vaucluse	Cheval blanc	1	2

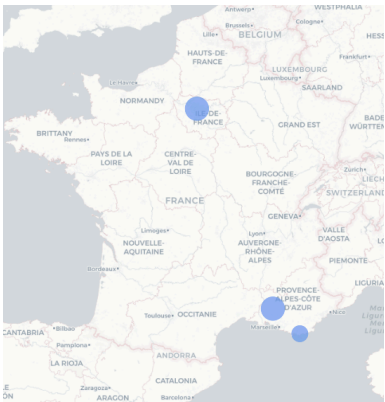


Figure 5. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus West Nile, France 2025-09-05. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

Ces séquences appartiennent toutes au lignage 2 du WNV. Les séquences issues du Var et du Vaucluse groupent avec les séquences issues d’infections recensées en région PACA en 2024 indiquant que ce lignage se serait **maintenu localement** entre 2024 et 2025. Les séquences issues de région parisienne, montrent un lien avec des séquences échantillonnées entre 2023 et 2024 en Nouvelle-Aquitaine, indiquant un **potentiel import récent depuis cette région**.

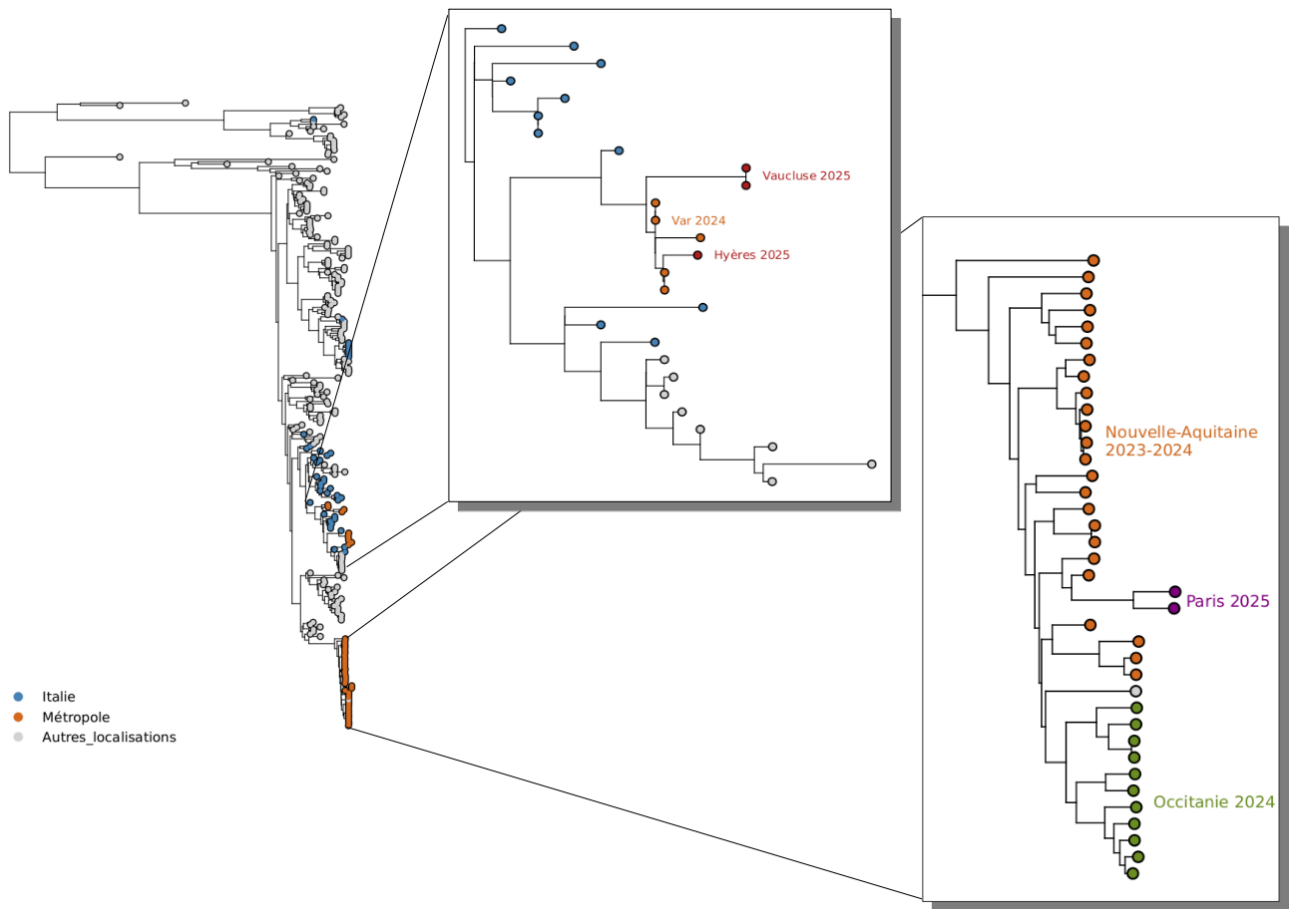


Figure 6. Phylogénie de séquences représentatives du lignage 2 du WNV avec un zoom sur les séquences provenant d’infections identifiées en France métropolitaine au 2025-09-05