

Surveillance génomique des cas
autochtones d'arboviroses en France
métropolitaine au 2025-10-03



Chikungunya

Au 3 octobre, le CNR a généré **51 séquences du virus chikungunya** (CHIKV) liées à des cas autochtones, réparties **sur 24 des 69 épisodes** recensés au 30 septembre (Figure 1), ainsi que **8 séquences** issues de moustiques collectés autour des cas de Fréjus et Val de Cognac et **1 séquence** issue d'un cas enregistré à Monaco.

Département	Episode	Cas	Séq.
Alpes Maritimes	Antibes	115	5
Alpes-Maritimes	Nice	1	1
B. du Rhône	Salon de Provence	13	2
B. du Rhône	Vitrolles	46	2
B. du Rhône	Roquevaire	9	2
Bas-Rhin	Lipsheim	1	1
Charente	Val de Cognac	15	2
Corrèze	Brive-la-Gaillarde	11	1
Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	6
Corse du Sud	Bastelicaccia	1	1
Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	6
Côte d'Or	Dijon	12	1
Dordogne	Bergerac	89	9
Drôme	Montoisson	3	1
Gard	Poulx-Caveirac	21	2
Gard	Candillargues-St.A. de Majencoules	6	1
Gironde	Bordeaux	1	1
Haute-Corse	Ghisonaccia	3	1
Hérault	Castries	15	4
Isère	Claix	5	2
Isère	Eybens	36	5
Landes	Dax	1	1
Pyrénées-Atl.	Hendaye	3	1
Var	Fréjus	72	7
Var	Bauduen	3	1

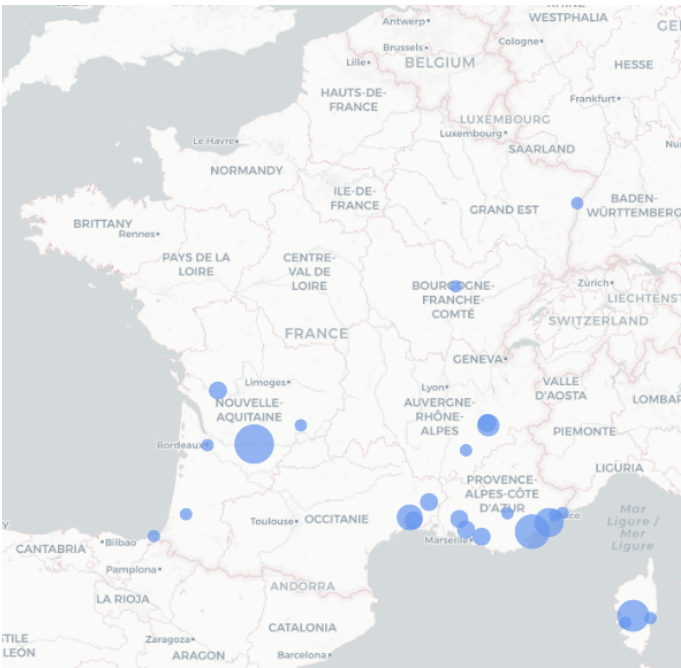


Figure 1. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du CHIKV au 2025-10-03. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

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 (Figure 2). 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 Bastelicaccia, Bauduen, Ghisonaccia et Nice, 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, confirmant le lien entre ces deux épisodes** de circulation, de même la séquence du cas de **Bordeaux groupe avec les séquences issues de Bergerac**, et les séquences issues de l'évènement de **Vitrolles groupent avec celles de Saint André de Majencoules et Roquevaire**. Il n'y a actuellement pas de regroupement sur l'arbre entre séquences provenant des autres épisodes séquencés, ce qui confirme que **ces chaînes de transmission locales sont indépendantes.**

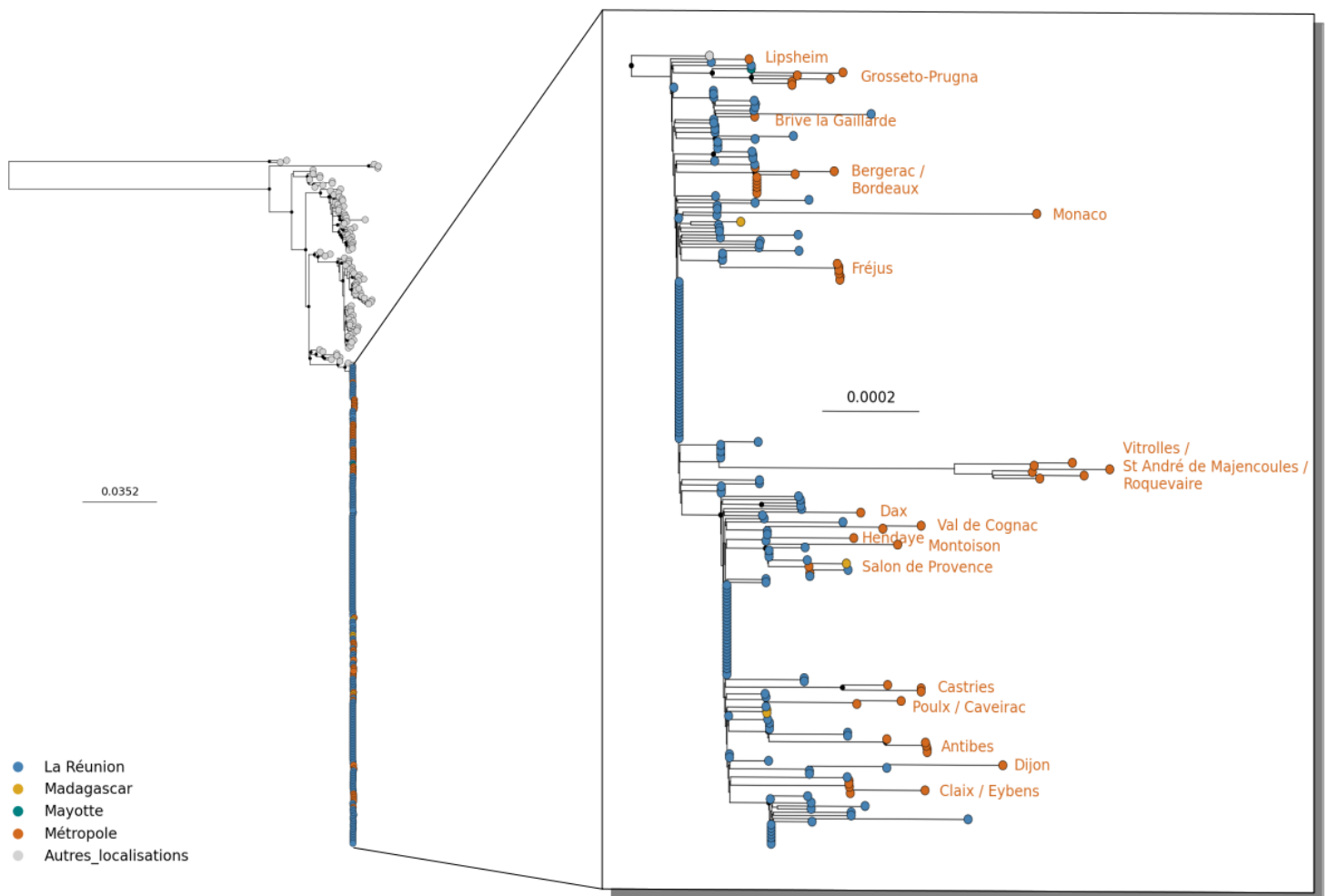


Figure 2. Phylogénie du génotype ECSA-2 du CHIKV avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-10-03.

Dengue

Au 3 octobre, 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).

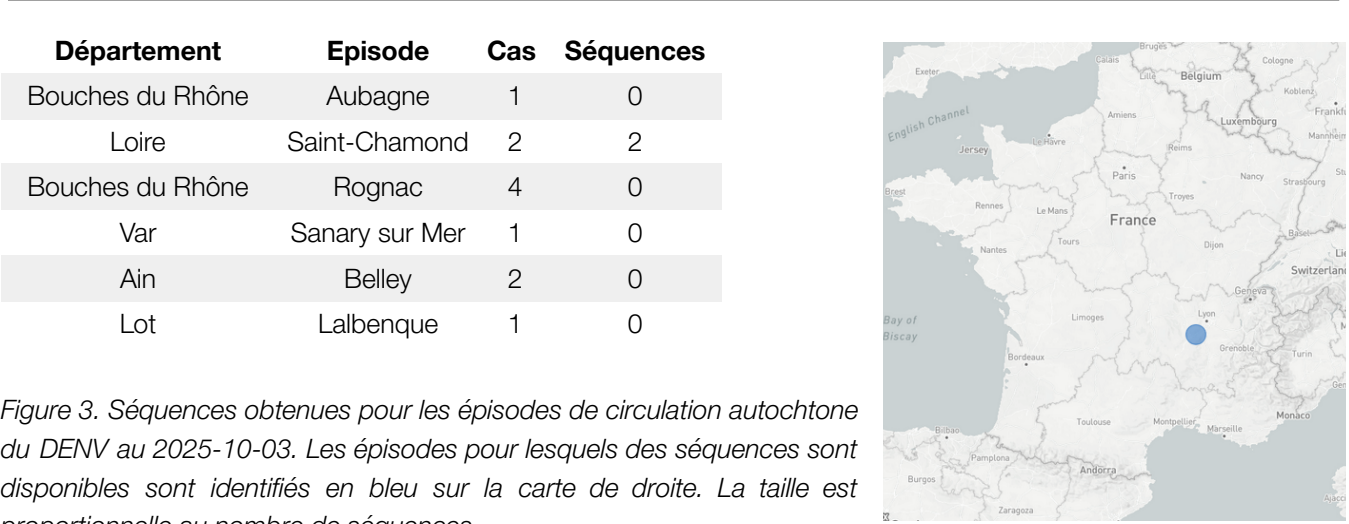


Figure 3. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du DENV au 2025-10-03. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

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.

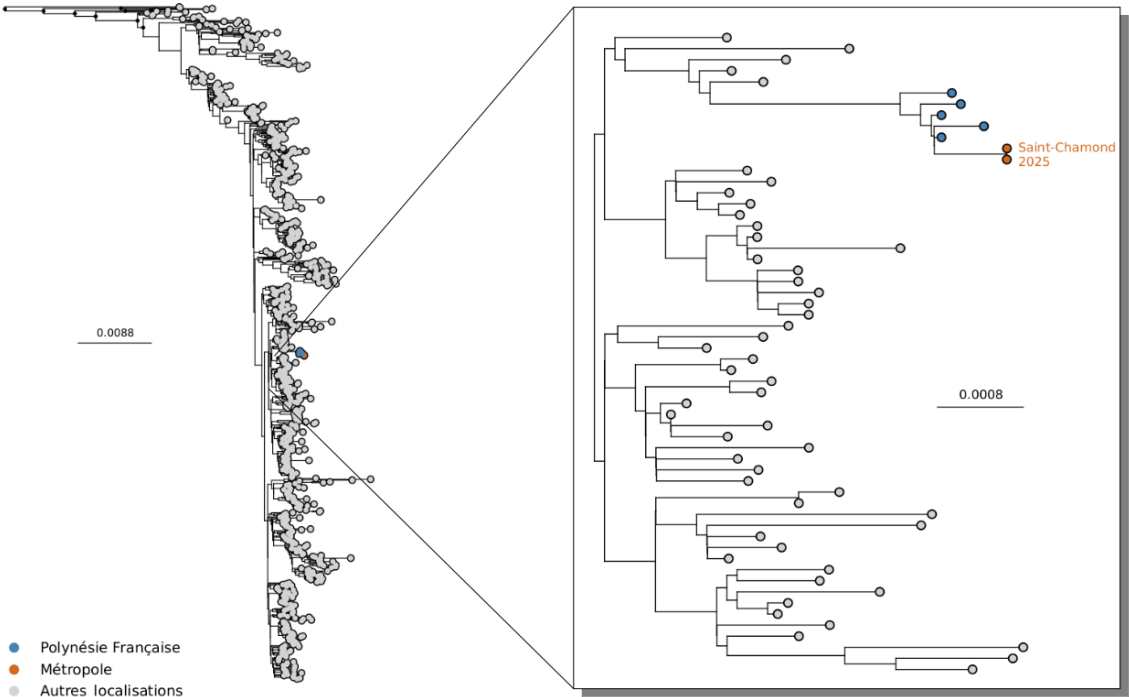


Figure 4. Phylogénie du génotype V du DENV1 avec un zoom sur les séquences provenant de cas autochtones identifiés en France métropolitaine au 2025-10-03

West Nile

Au 3 octobre, le CNR a généré **7 séquences du virus West Nile (WNV)** correspondant à **6 des 13 épisodes recensés** (Figure 5), ainsi que **3 séquences provenant de moustiques et excréta** dont 2 collectés à Pierrefitte et 1 collecté à Champigny. Ces séquences appartiennent toutes au lignage 2.

Département	Episode	Cas	Séq.
Hérault	Florensac	4	1
Puy de Dôme	Clermont Ferrand	1	1
Seine Saint Denis	Epinay / Pierrefitte	3	4
Val de Marne	Champigny	2	1
Var	Hyères	5	1
Vaucluse	Cheval blanc	1	2

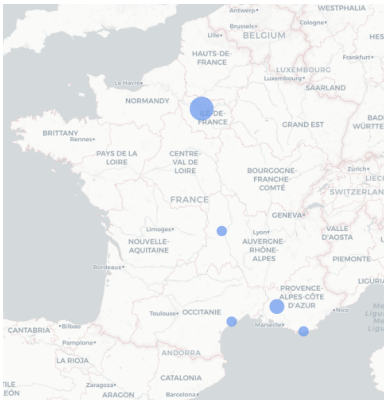


Figure 5. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus West Nile, France 2025-10-03. Les épisodes pour lesquels des séquences sont disponibles sont identifiés en bleu sur la carte de droite. La taille est proportionnelle au nombre de séquences.

Sur l'arbre phylogénétique représentatif du lignage 2 du WNV (figure 6 page suivante), les séquences issues du Vaucluse groupent avec les séquences issues d'infections recensées dans le Var en 2024 indiquant un **maintien local en PACA entre 2024 et 2025**. La séquence issue de Florensac groupe avec les séquences issues de la même région en 2024, **indiquant un maintien local en Occitanie entre 2024 et 2025**. Les séquences issues de région parisienne groupent ensemble avec un bon support statistique et sont nichées au sein d'un clade comprenant l'ensemble des séquences échantillonnées entre 2023 et 2024 en Nouvelle-Aquitaine, indiquant **un import récent en région parisienne provenant potentiellement de Nouvelle-Aquitaine**. La séquence issue du cas de Clermont Ferrand groupe avec les séquences de région parisienne avec un bon support statistique. En l'absence de séquences provenant de la région ARA, il n'est pas possible de trancher sur l'origine du cas de façon robuste mais une acquisition de l'infection en région parisienne est possible.

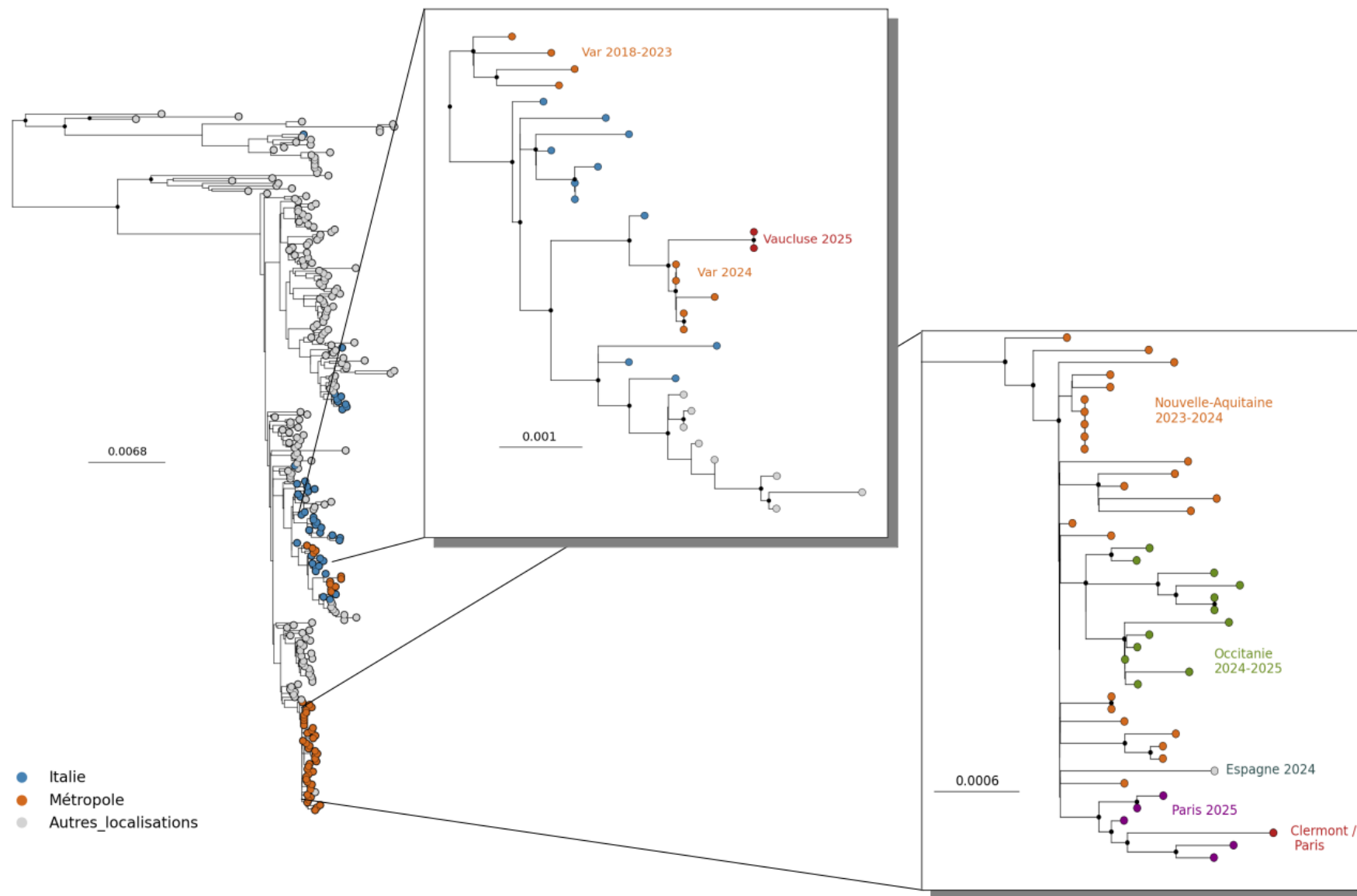


Figure 6. Phylogénie des séquences représentatives du lignage 2 du WNV avec un zoom sur les séquences provenant d'infections identifiées en France métropolitaine au 2025-10-03