

Surveillance génomique des cas
autochtones de chikungunya en France
métropolitaine en 2025



Chikungunya

AU 23 janvier 2026, le CNR arbovirus a généré **136 séquences du virus chikungunya** (CHIKV) liées à des cas autochtones, réparties **sur 47 des 81 épisodes** recensés au 30 septembre (Figure 1), ainsi que **11 séquences** issues de moustiques collectés autour des cas de Fréjus, Roquevaire, Rouffiac et Val de Cognac et **1 séquence** issue d'un cas enregistré à Monaco.

Département	Episode	Cas	Séq.
Alpes Maritimes	Antibes	141	13
Alpes-Maritimes	La Gaude	14	1
Alpes-Maritimes	Nice-2	22	2
Alpes-Maritimes	Vallauris	4	2
B. du Rhône	Les Pennes Mirabeau	14	4
B. du Rhône	Roquevaire	18	5*
B. du Rhône	Salon de Provence	13	3
B. du Rhône	Vitrolles	47	2
Charente	Val de Cognac	15	2*
Corrèze	Brive-la-Gaillarde	17	4
Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	7
Côte d’Or	Dijon	14	1
Charente-Maritime	Rouffiac	6	2*
Dordogne	Bergerac	103	46
Drôme	Montoison	3	4*
Gard	Poulx-Caveirac	21	5
Gard	Candillargues-St.A. de Majencoules	7	3
Haute-Corse	Ghisonaccia	3	1
Hérault	Castries	17	4
Hérault	Mauguio	12	1
Isère	Claix	5	3
Isère	Eybens	37	10
Isère	Varces	4	1
Pyrénées-Atl.	Hendaye	3	1
Var	Fréjus	83	8*
Var	Bauduen	3	1

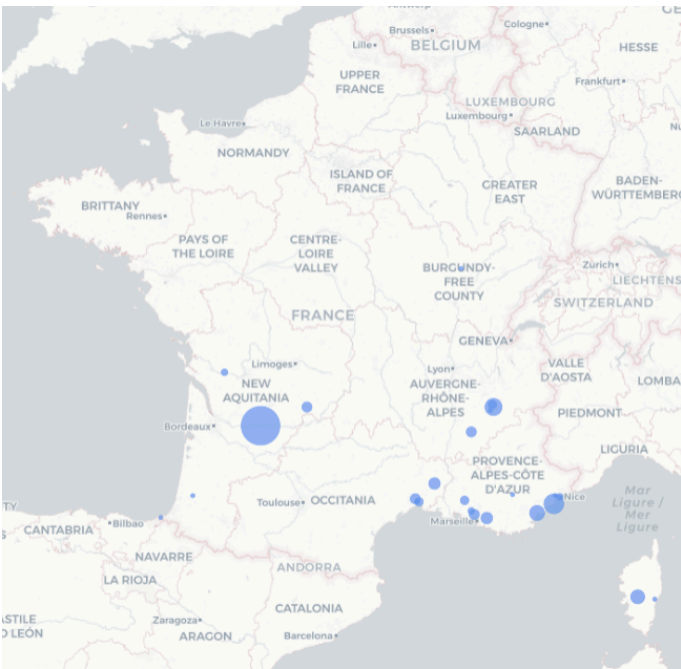


Figure 1. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du CHIKV (>1 cas) en 2025.
Les épisodes comprenant plus de 1 cas pour lesquels des séquences sont disponibles sont listés dans le tableau et identifiés en bleu sur la carte. La taille est proportionnelle au nombre de séquences. *foyers pour lesquels des séquences issues d'échantillons moustiques sont comptabilisées.

Au sein de l'arbre phylogénétique représentatif de la diversité génétique du CHIKV, l'ensemble des séquences groupe au sein du clade correspondant au lignage responsable de l'épidémie de 2024-2025 sur l'île de La Réunion (Figure 2). Ceci indique 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'une des localisations où circule le lignage épidémique de la Réunion 2024-2025¹**. Parmi les foyers secondaires identifiés sur des bases épidémiologiques par Santé Publique France², les données génomiques permettent de **confirmer un lien phylogénétique** entre les souches virales associées aux épisodes de Vitrolles, Les Pennes Mirabeau, Roquevaire, Saint André de Majencoules et Candillargues ; La Gaude et Antibes ; Bauduen et Fréjus ; Poulx et Caveirac ; Dijon, Richerenches et Valréas.

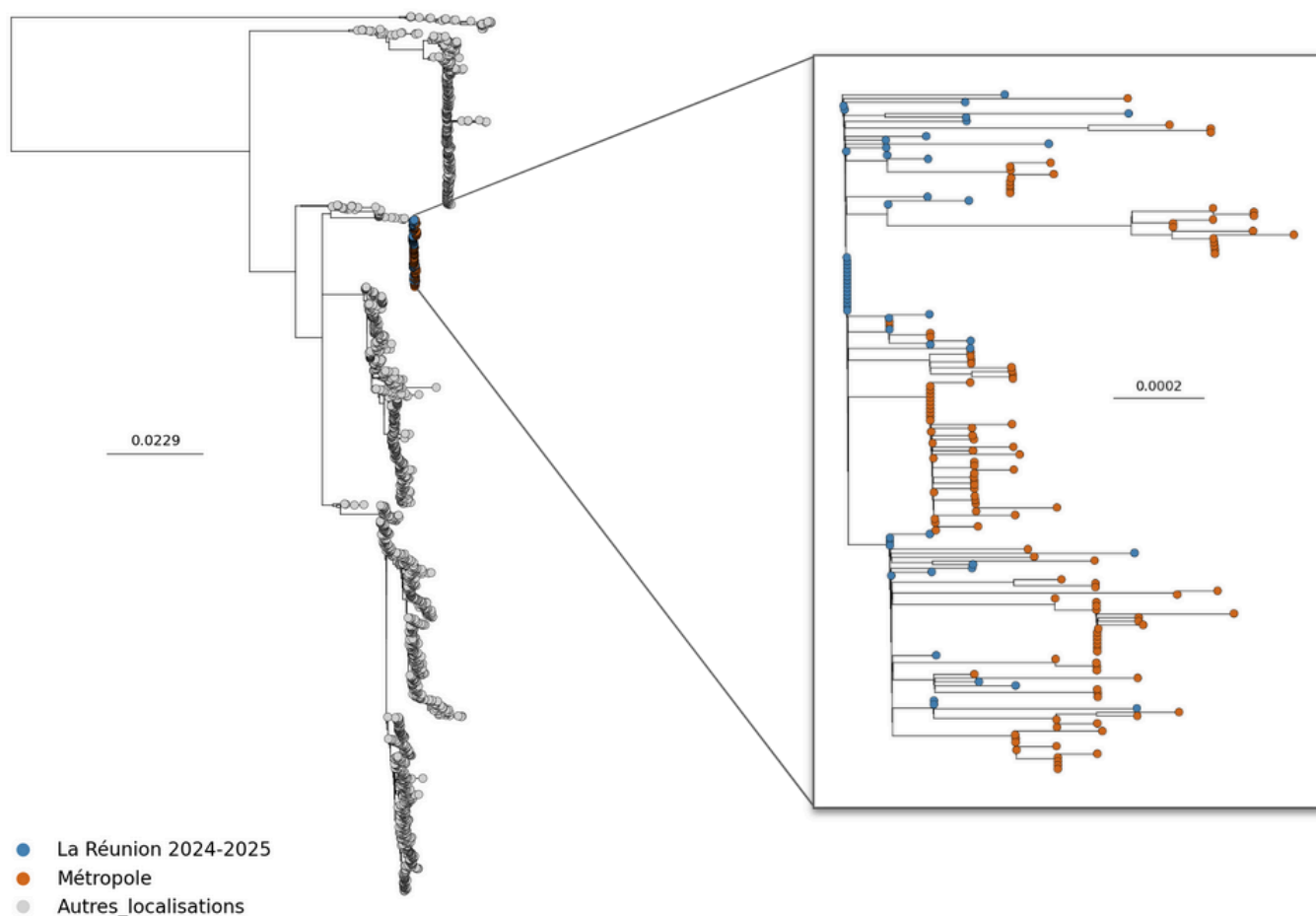


Figure 2. Lien phylogénétique entre les séquences de CHIKV issues des événements de circulation autochtones du virus et le lignage épidémique de La Réunion 2024-2025. Phylogénie en maximum-likelihood comprenant 2325 séquences codantes quasi complètes (CDS, >9500 nt) représentatives de la diversité génétique au sein de l'espèce CHIKV, 53 CDS représentatives du lignage associé à l'épidémie de 2024-2025 à La Réunion, ainsi que 123 CDS produites par le CNR arbovirus à partir d'échantillons humains et moustiques associés aux épisodes de transmission autochtone du CHIKV en métropole en 2025. La reconstruction phylogénétique en maximum de vraisemblance a été réalisée avec IQ-TREE, en utilisant le modèle de substitution nucléotidique le mieux adapté déterminé par ModelFinder et 1000 répliquats d'ultra-fast bootstrap.

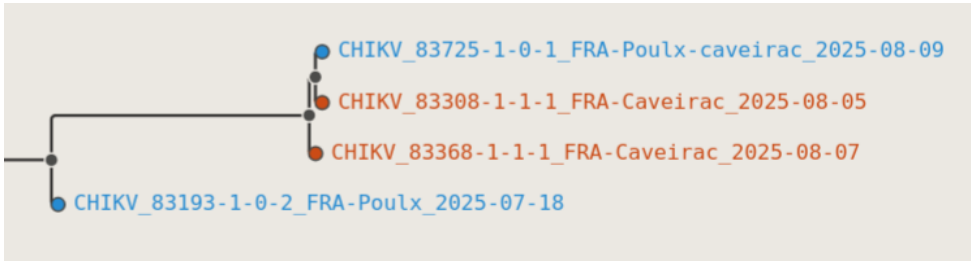
CLE	Département	Commune	Lien avec autre épisode auto.	Nom de l'épisode à l'origine	Lien épi.	Prox. spatio-temp.	Lien phylo.
GAUDE	Alpes-Maritimes	La Gaude	Oui	ANTIBES	Oui		Oui (B)
ST-JEANNET	Alpes-Maritimes	Saint-Jeannet	Oui	La_GAUDE		Oui	
AIX	Bouches-du-Rhône	Aix-en-Provence	Oui	SAINT_ANDRE	Oui		
PENNES-MIRABEAU	Bouches-du-Rhône	Les Pennes Mirabeau	Oui	VITROLLES		Oui	Oui (C)
ROQUEVAIRE	Bouches-du-Rhône	Roquevaire	Oui	VITROLLES	Oui		Oui (C)
SAUSSET	Bouches-du-Rhône	Sausset-les-pins	Oui	CASTRIES			Oui (G)
MONTILS	Charente Maritime	Montils	Oui	17-ROUFFIAC	Oui		
MARSALES	Dordogne	Marsalès	Oui	06-CAGNES	Oui		
CANDILLARGUES	Gard	Candillargues	Oui	ST_ANDRE DE_MAJENCOULES	Oui		Oui (C)
CAVEIRAC	Gard	Caveirac	Oui	POULX	Oui		Oui (A)
ST_ANDRE DE_MAJENCOULES	Gard	Saint-André-de-Majencoules	Oui	VITROLLES	Oui		Oui (C)
BORDEAUX	Gironde	Bordeaux	Oui	24-BERGERAC			Oui (D)

TALENCE	Gironde	Talence	Oui	24-BERGERAC			Oui (D)
EYBENS	Isère	Eybens	Oui	CLAIX			Oui (E)
VARCES	Isère	Varces-Allieres-et-Risset	Oui	CLAIX et EYBENS			Oui (E)
CASTELNAU-CHALOSSE	Landes	Castelneau-Chalosse	Oui	38-EYBENS	Oui		
BAUDUEN	Var	Bauduen	Oui	FREJUS	Oui		Oui (F)
OLLIOULES	Var	Ollioules	Oui	GROSSETO	Oui		
ST-RAPHAEL	Var	Saint-Raphael	Oui	ANTIBES		Oui	
TAVERNES	Var	Tavernes	Oui	FREJUS	Oui		
TRANS-EN-PCE	Var	Trans-en-Provence	Oui	CAGNES	Oui		
RICHERENCHES	Vaucluse	Richerenches	Oui	DIJON	Oui		Oui (H)
VALREAS	Vaucluse	Valréas	Oui	RICHERENCHES			Oui(H)

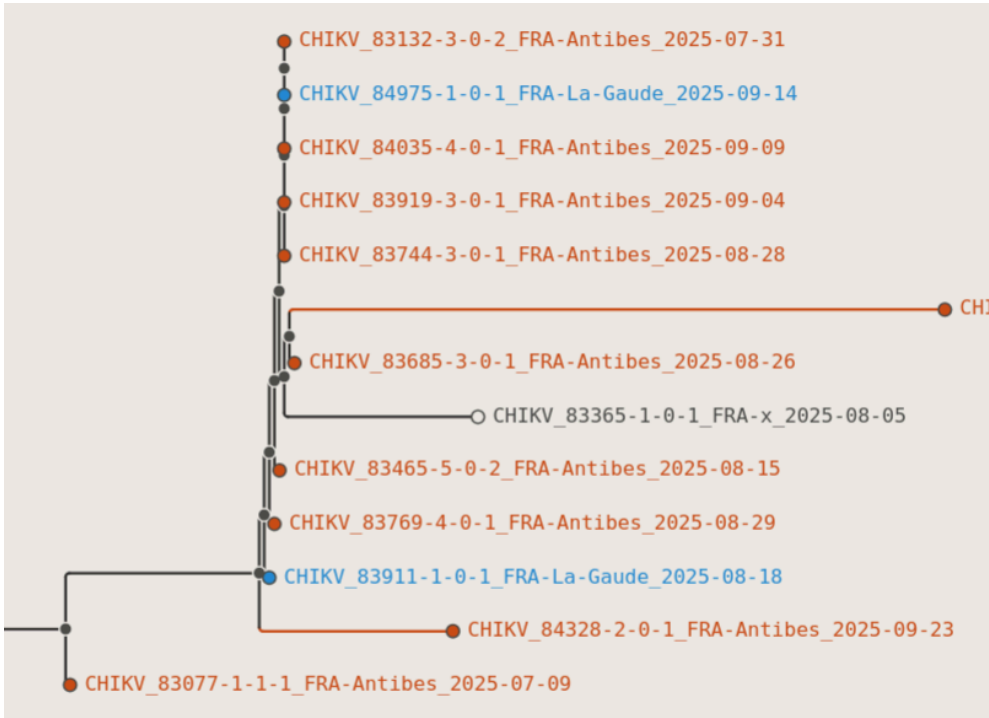
Tableau 1. Épisodes secondaires présumés. Pour chaque épisode sont précisés le nom, département, commune, nom de l'épisode d'origine, et le ou les bases du lien (épi : épidémiologique, spatio-temp : spatio-temporelle, phylo : phylogénétique).

Figure 3. Suivi des liens phylogénétiques entre foyers. Sous-arbres issus de la phylogénie représentative de la diversité génétique au sein du CHIKV comprenant les séquences issues des foyers de (A) Poulx, Caveirac ; (B) Antibes, La Gaude et Vallauris ; (C) Vitrolles, Roquevaire, Saint André de Majencoules, les Pennes Mirabeau, Aix en Provence, et Ceyreste ; (D) Bergerac, Talence, Bordeaux ; (E) Eybens, Claix, Varcès ; (F) Frejus, Bauduen ; (G) Castries, Sausset ; (H) Dijon, Valréas.

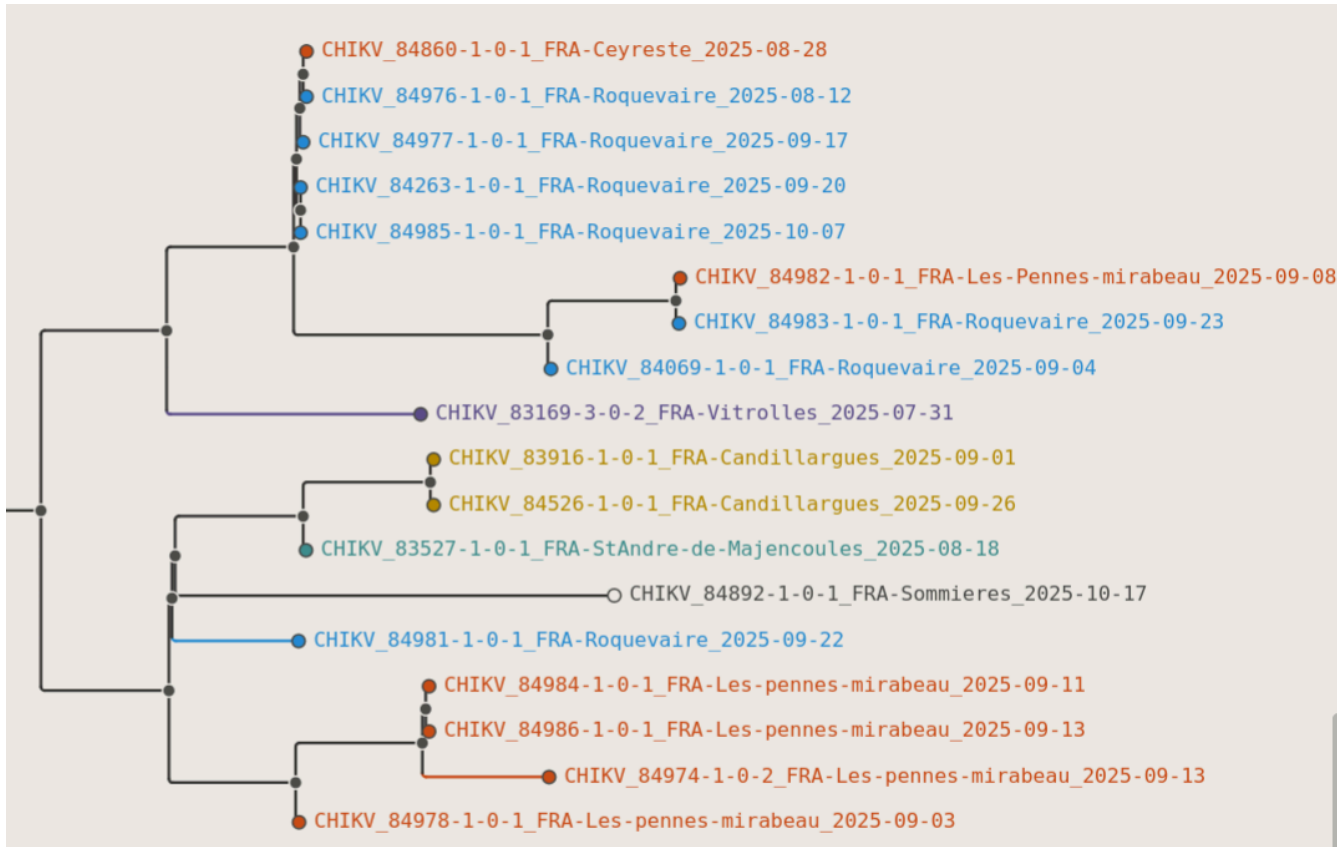
(A)



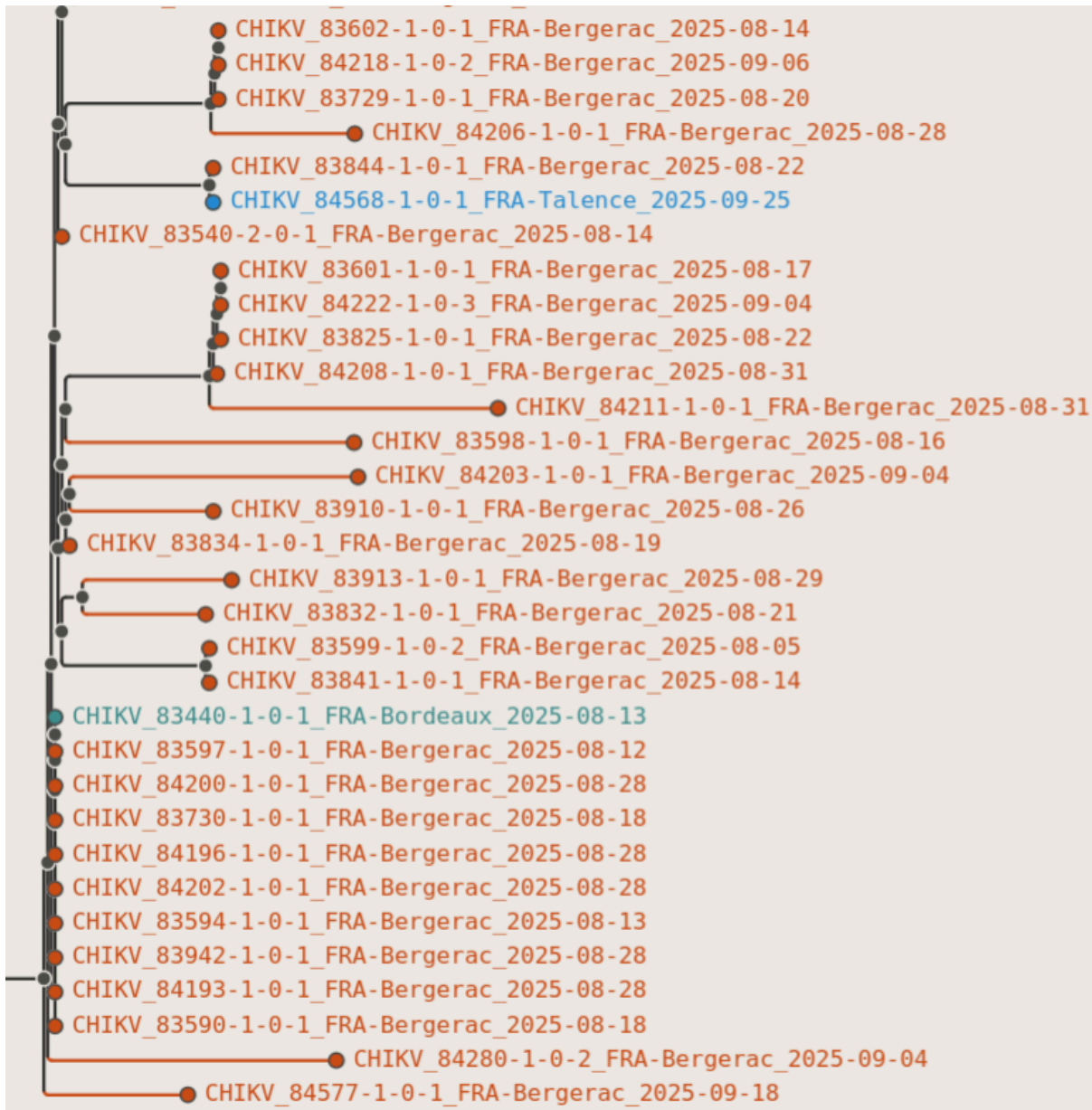
(B)



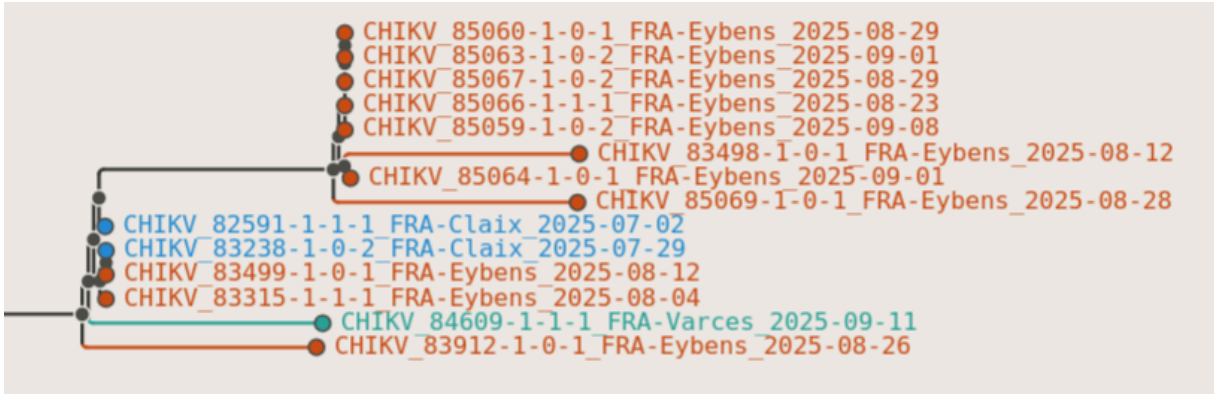
(C)



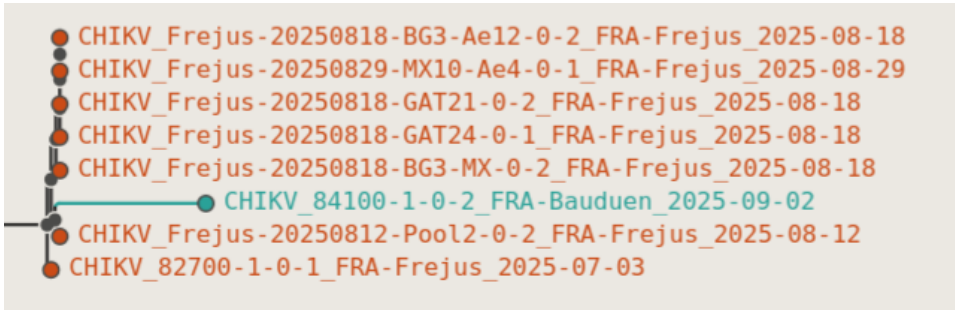
(D)



(E)



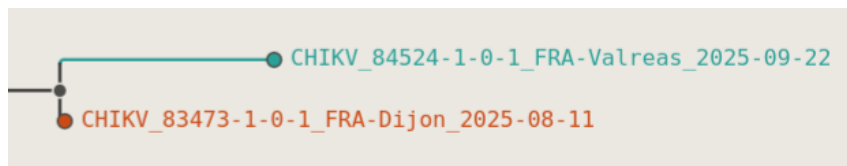
(F)



(G)



(H)



Références

1. Frumence E, et al. Genomic insights into the re-emergence of chikungunya virus on Réunion Island, France, 2024 to 2025. Euro Surveill. 2025 Jun;30(22):2500344.
2. Santé publique France. Surveillance sanitaire. Bulletin arboviroses. Édition nationale. 26/11/2025. Saint-Maurice : Santé