

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

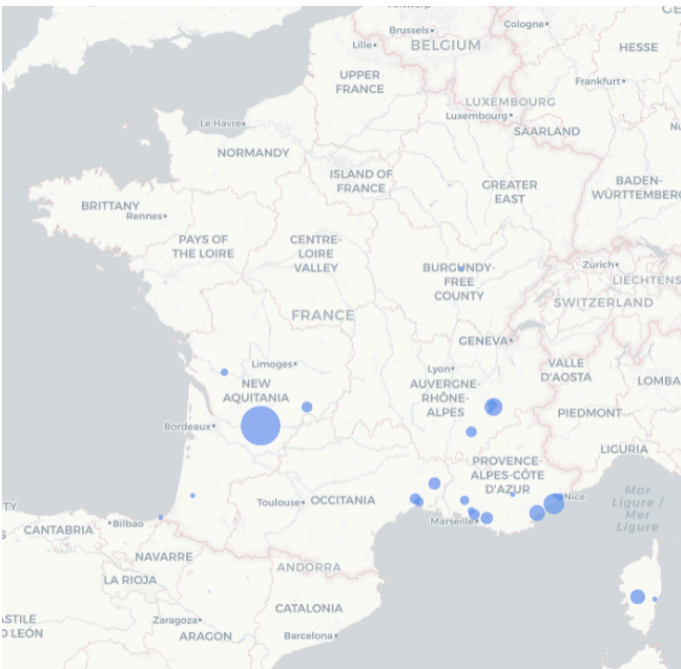


Figure 1. Séquences obtenues pour les épisodes de circulation autochtone du CHIKV (>1 cas) en 2025. Les épisodes comprenant plus de 1 cas pour lesquels des séquences sont disponibles sont listés dans le tableau et identifiés en bleu sur la carte. La taille est proportionnelle au nombre de séquences. *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 2024-2025**¹. 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 et Roquevaire, La Gaude et Antibes, et Bauduen et Fréjus.

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

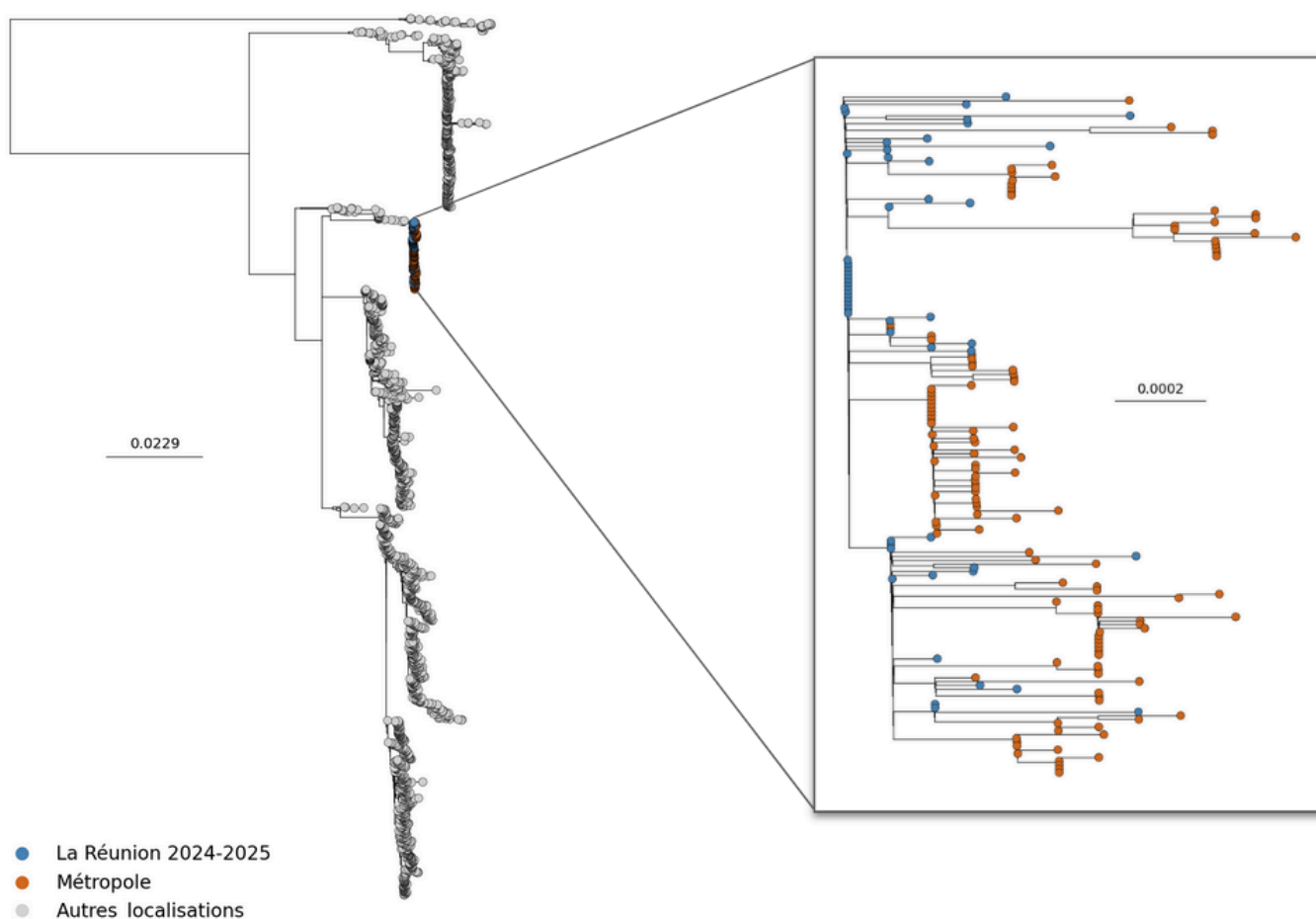
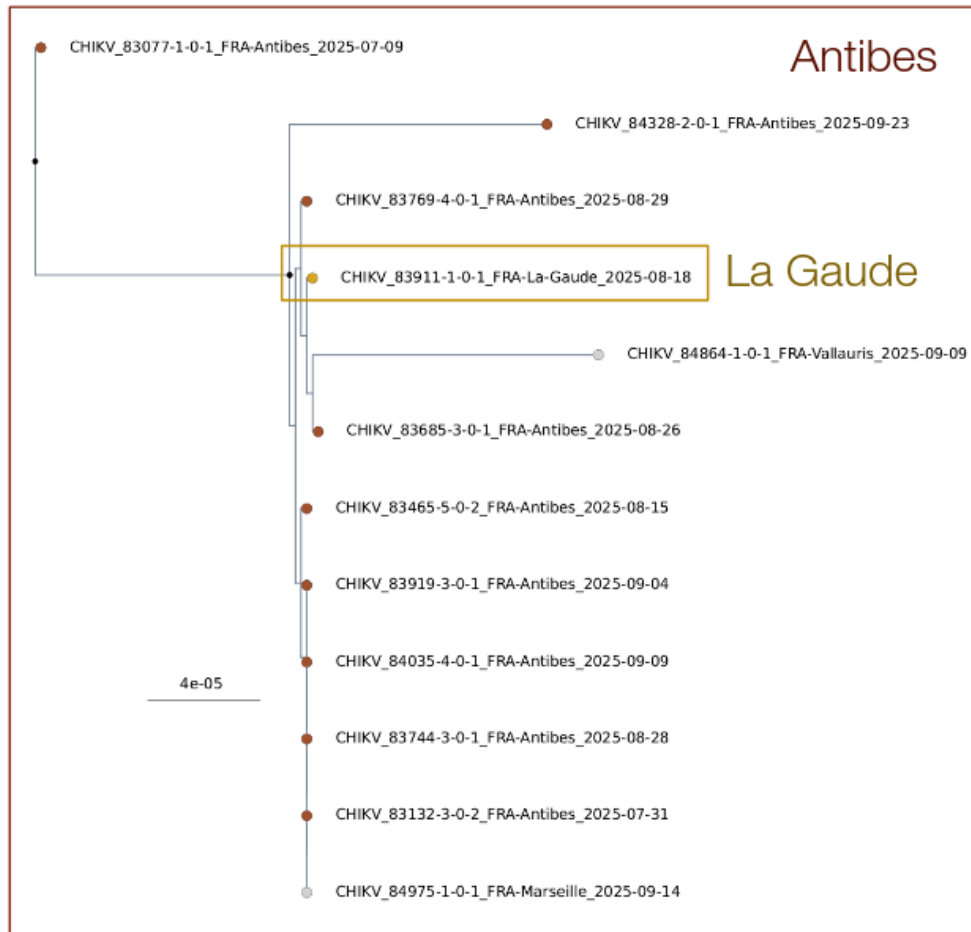


Figure 2. Lien phylogénétique entre les séquences de CHIKV issues des évènements de circulation autochtones du virus et le lignage épidémique de La Réunion 2024-2025. Phylogénie en maximum-likelihood comprenant 2325 séquences codantes quasi complètes (CDS, >9500 nt) représentatives de la diversité génétique 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.

(A)



(B)

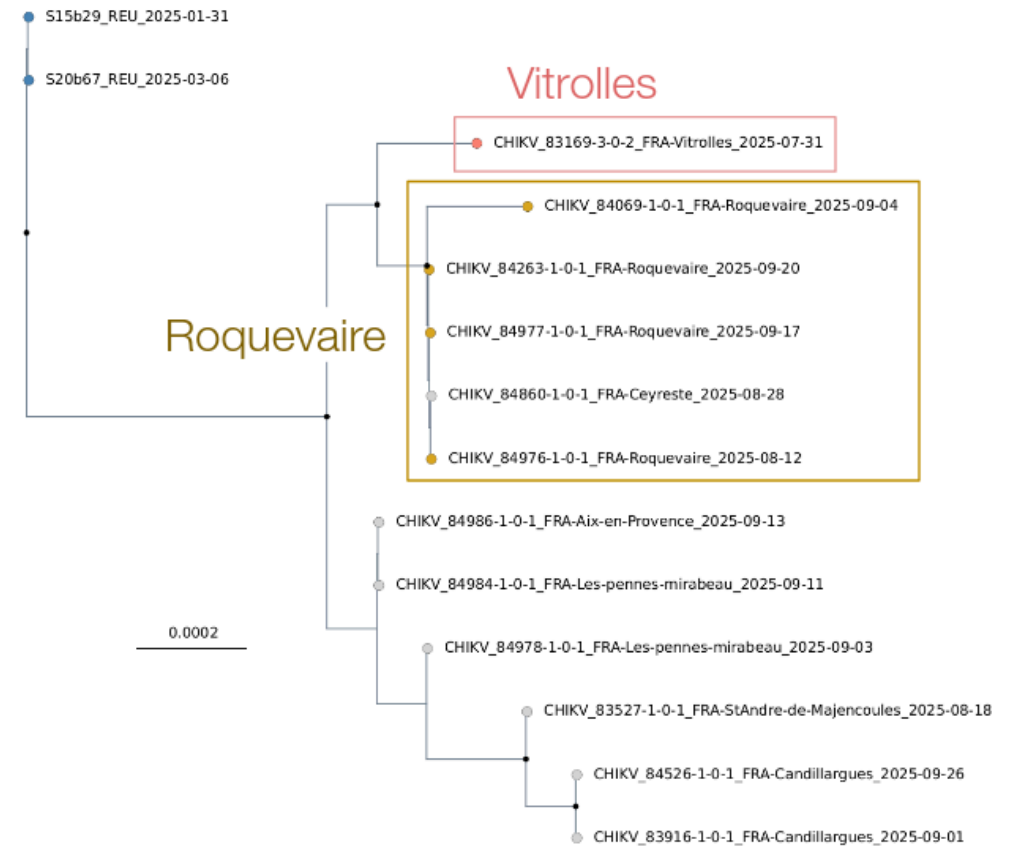


Figure 3. Suivi des liens phylogénétiques entre foyers. Sous-arbres issus de la phylogénie représentative de la diversité génétique au sein du CHIKV comprenant les séquences issues des foyers de (A) Antibes, La Gaude et Vallauris ; (B) Vitrolles, Roquevaire, Saint André de Majencoules, les Pennes Mirabeau, Aix en Provence, et Ceyreste.