

Surveillance génomique des cas
autochtones d'arboviroses en France
métropolitaine au 2026-09-15



West Nile

Au 15 septembre 2026, l'Unité des Virus Émergents (UVE) a produit **36 séquences du virus West Nile (WNV)** dont **13 séquences d'origine humaine** générées par le CNR et correspondant à 12 des 56 cas recensés au 6 septembre 2026 (Table 1), et **23 séquences provenant de moustiques et/ou excréta** collectés sur les 5 régions de détection du virus WNV par les activités de recherche opérationnelle entomologique MX¹. Ces séquences appartiennent toutes au lignage 2.

Région	Dép.	Séq. hum.	Séq. entomo.
Bretagne	Ille-et-Vilaine	0	5
Île-de-France	Val-de-Marne	2	3
Île-de-France	Essonne	0	1
Nouvelle-Aquitaine	Charente-Maritime	0	3
Nouvelle-Aquitaine	Gironde	1	3
Occitanie	Gard	0	4
Occitanie	Hérault	0	2
Occitanie	Pyrénées-Orientales	2	0
PACA	Bouches-du-Rhône	3	2
PACA	Var	2	0
PACA	Vaucluse	1	0

Table 1. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus West Nile, France 2026-09-15.

Sur l'arbre phylogénétique représentatif du lignage 2 du WNV (Figure 2 page suivante), la plupart des séquences issues d'Île-de-France (IdF, en rouge, sous-arbre 1) en 2026 groupent avec les séquences identifiées dans la même région l'année précédente (en violet), **suggérant un maintien local en IdF entre 2025 et 2026**. L'unique séquence obtenue à partir d'excreta de moustiques collectés en mai 2026 dans le Val-de-Marne est séparée de ce sous-clade (EMA-887, sous-arbre 2), mais reste nichée au sein du clade de Nouvelle-Aquitaine 2023-2025, suggérant **un import en IdF distinct de celui identifié en 2025**. Les séquences issues de Bretagne (bleu, sous-arbre 2) forment un sous-clade unique au sein du clade de Nouvelle-Aquitaine, suggérant **un import** provenant potentiellement de **Nouvelle-Aquitaine** vers la Bretagne. La majeure partie des séquences issues d'Occitanie (rose fuschia) groupent avec les séquences issues de la même région en 2024-2025 (jaune), suggérant également **un maintien local entre 2024 et 2026**. Néanmoins, des séquences obtenues à partir de moustiques échantillonnés aux alentours de Bellegarde en 2025 (jaune) et en 2026 (rose fuschia) sont nichées au sein du clade PACA 2024-2026 (sous-arbre 3), indiquant une circulation de ce clade qui s'étend donc jusqu'à la partie Est de l'Occitanie (Gard). Finalement, les séquences issues de PACA en 2026 groupent avec les lignages circulant dans la région en 2024-2025 suggérant un **maintien local entre 2024 et 2026**.

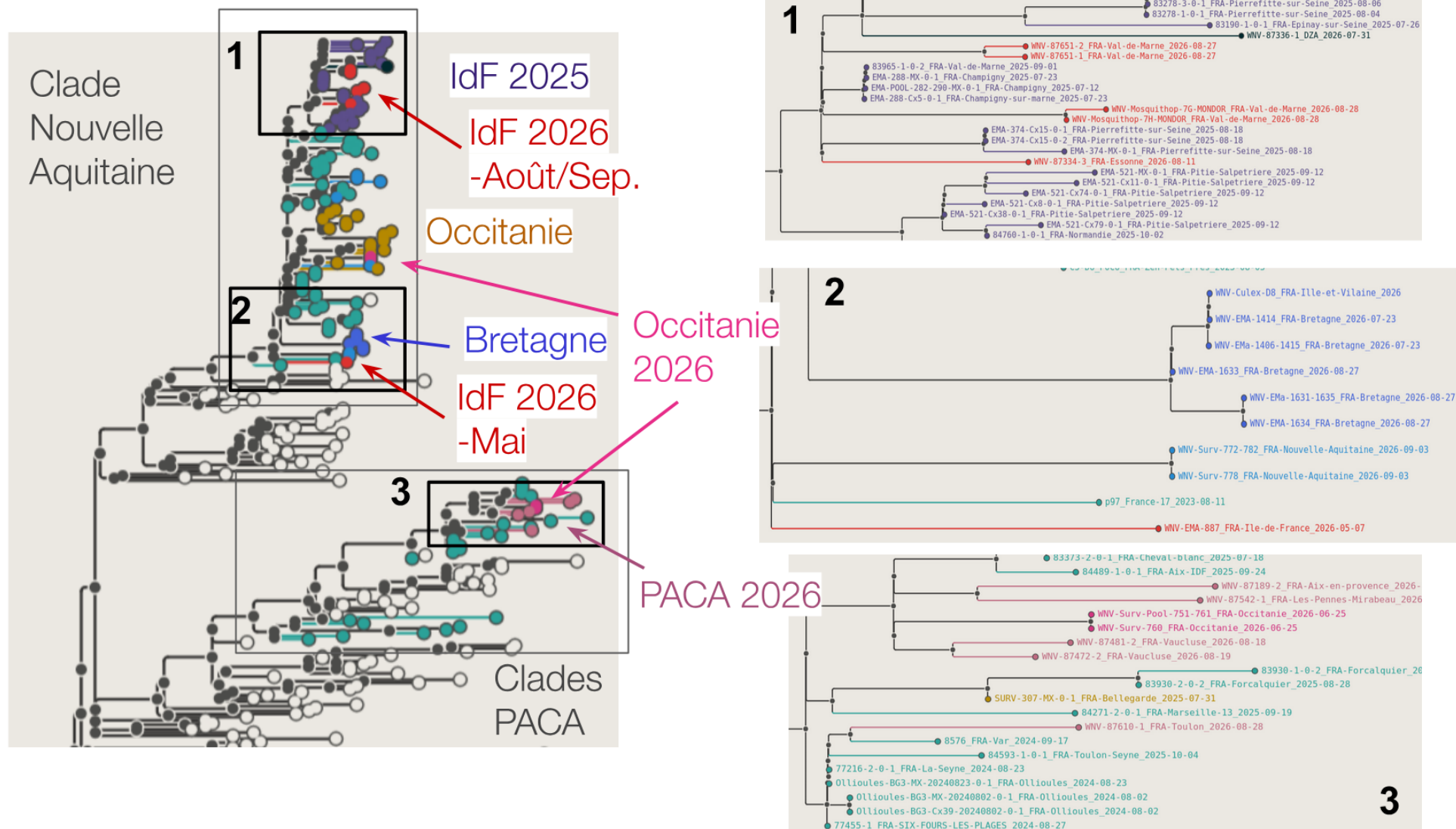


Figure 2. Phylogénie des séquences représentatives du lignage 2 du WNV avec le détail des sous-arbres pour plusieurs séquences d'intérêt provenant d'infections identifiées en France métropolitaine (compartiments humain et entomologique) au 2026-09-15. Les séquences françaises échantillonnées avant 2026 sont en bleu-vert, mis à part les séquences d'Occitanie 2024-2025 (jaune) et d'Ile-de-France 2025 (violet). Les séquences de 2026 d'Ile-de-France sont en rouge, celles de Bretagne 2026 sont en bleu roi, celles d'Occitanie 2026 en rose fuschia, celles de Nouvelle-Aquitaine 2026 en bleu clair et celles de PACA 2026 en rose pâle.

1. Réseau de surveillance opérationnelle entomologique MX (Molecular Xenomonitoring). Ce réseau regroupe l'ensemble des initiatives de recherche opérationnelle en entomologie basée sur l'utilisation de l'approche MX (<https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0012754>). Liste des projets:
 - a. EMa-Tigre
 - b. Mosquit-Hôp
 - c. INSTEAD