

Chikungunya

Au 23 septembre 2026, l'Unité des Virus Émergents (UVE) a produit **7 séquences du virus chikungunya**, générées par le CNR et correspondant à 5 des 13 épisodes de transmission recensés au 16 septembre 2026 par Santé Publique France¹ (Table 1).

Région	Dép.	Commune	Cas	Séq. hum.
Nouvelle-Aquitaine	Gironde	Arcachon	12	1
Nouvelle-Aquitaine	Gironde	Bordeaux	1	1
Nouvelle-Aquitaine	Gironde	Prignac	30	2
Occitanie	Lot	Prayssac	2	1
Île-de-France	Val-de-Marne	Nogent	6	2

Table 1. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus chikungunya, France 2026-09-22.

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 1). Ceci indique que, pour l'ensemble des épisodes de circulation autochtone du virus 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 responsable pour l'épidémie ayant touché l'île de la Réunion en 2024-2025². Ces séquences sont distinctes des séquences obtenues à partir des événements de circulation autochtone de 2025 indiquant de nouvelle(s) introduction(s) à l'été 2026 en métropole (Figure 2).

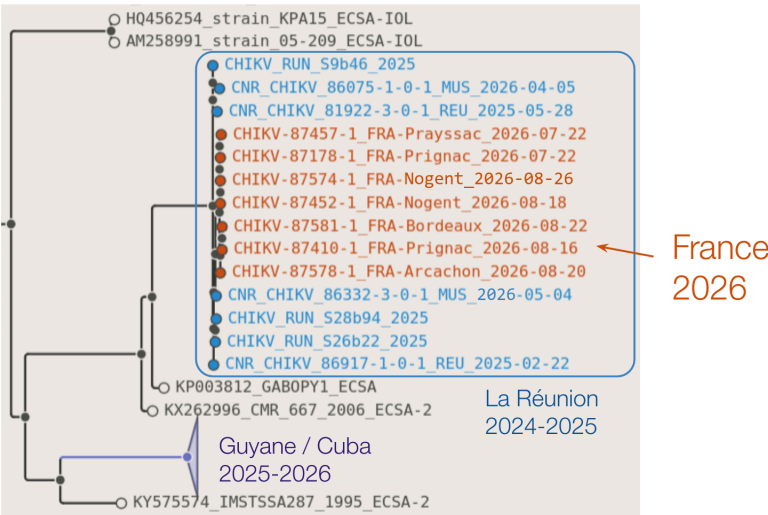


Figure 1. Lien phylogénétique entre les séquences de CHIKV issues des événements de circulation autochtones du virus et les lignages de CHIKV circulant en 2025-2026. Sous-arbre restreint au génotypes ECSA-2 et ECSA-IOL issu d'une phylogénie en maximum-likelihood comprenant 61 séquences codantes quasi complètes représentatives de la diversité génétique au sein de l'espèce CHIKV, dont 7 séquences produites par le CNR arbovirus à partir d'échantillons humains associés aux épisodes de transmission autochtone du CHIKV en métropole en 2026.

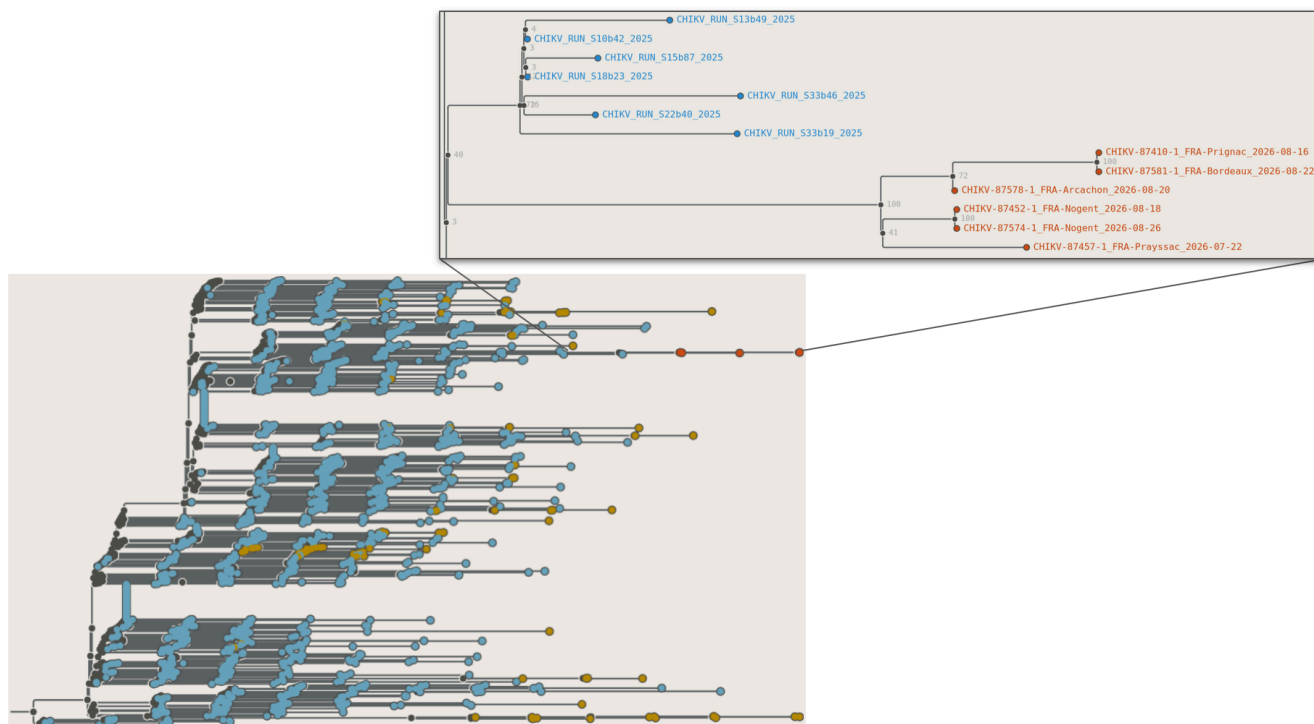


Figure 2. Lien phylogénétique entre les séquences de CHIKV issues des événements de circulation autochtones du virus en 2025, 2026 et le lignage épidémique de La Réunion 2024-2025. Phylogénie en maximum-likelihood comprenant 3275 séquences codantes quasi complètes (CDS, >9500 nt) échantillonnées durant l'épidémie de La Réunion 2024-2025, 160 CDS produites par le CNR arbovirus à partir d'échantillons humains et moustiques associés aux épisodes de transmission autochtone du CHIKV en métropole, 154 en 2025 et 6 en 2026. 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 réplicats d'ultra-fast bootstrap.

West Nile

Au 23 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 92 cas recensés au 16 septembre 2026 par SPF (Table 2), 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 MX³. 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 2. Séquences obtenues pour les différents épisodes de circulation du virus West Nile, France 2026-09-23.

Sur l'arbre phylogénétique représentatif du lignage 2 du WNV (Figure 3 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 de 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**.

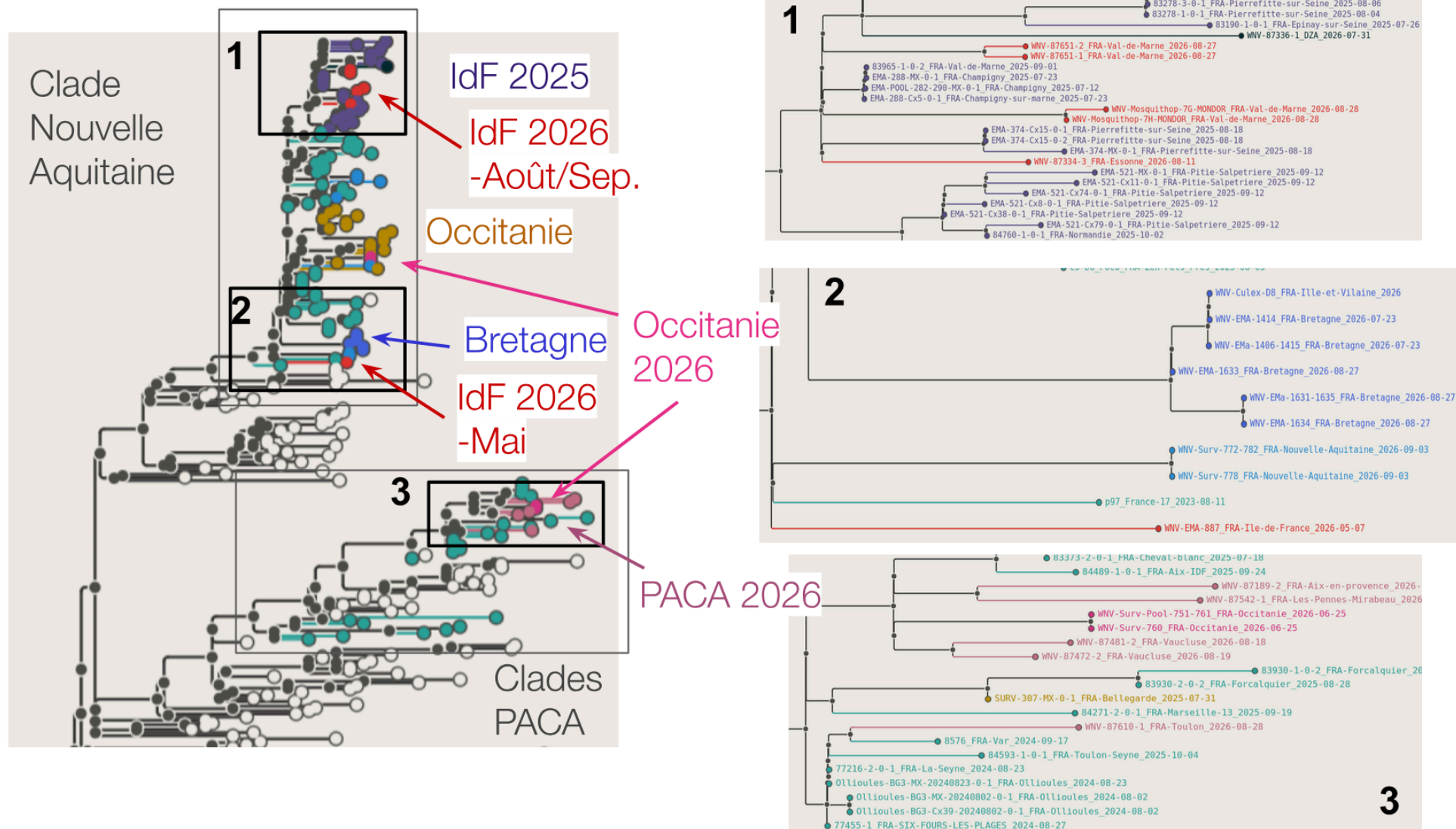


Figure 3. Phylogénie des séquences représentatives du lignage 2 du WNV avec le détail des sous-arbres pour plusieurs séquences d'intérêt provenant d'infections identifiées en France métropolitaine (compartiments humain et entomologique) au 2026-09-23. Les séquences françaises échantillonnées avant 2026 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.

Références

1. Santé publique France. Surveillance sanitaire. Bulletin arboviroses. Édition nationale. 16/09/2026. https://www.santepubliquefrance.fr/sites/default/files/2026-09/bullnat_arboviroses_20260916.pdf
2. 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.
3. 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