

L'analyse des génomes viraux a permis de suivre et de mieux comprendre l'épidémie massive de chikungunya de 2024-2025 sur l'île de La Réunion

Dans une nouvelle étude coordonnée par le Laboratoire d'Épidémiologie Spatiale de l'ULB (Simon Dellicour) et les centres nationaux de référence français pour les arbovirus de La Réunion (Étienne Frumence) et de Marseille (Raphaëlle Klitting), des chercheurs ont analysé les génomes viraux afin de reconstituer et de comprendre la dynamique de l'épidémie massive de chikungunya qui a frappé La Réunion en 2024-2025.

Recherche | Bruxelles, le 17 septembre 2026 | [Lire en ligne](#)

Dans le cadre de cette analyse, ils ont exploité un ensemble de données de plus de 3'000 génomes viraux séquencés pendant l'épidémie (plus de 5% des cas confirmés, un niveau rare de couverture génomique). Publiés dans la revue PNAS (Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA), leurs résultats montrent tout d'abord que le virus s'est probablement propagé à partir d'un seul événement d'introduction, ce qui a ensuite engendré une chaîne de transmission avec de fréquents échanges entre zones résidentielles parfois éloignées. Leurs analyses indiquent ensuite que l'intensité de l'épidémie au fil du temps est associée à l'évolution de la température et du niveau de précipitation sur l'île. Enfin, leurs résultats révèlent également que le niveau d'immunité collective atteint sur l'île – aux alentours de 66% – suffirait en théorie à lui seul à expliquer la chute du taux de transmission liée à la fin de l'épidémie. Ils en concluent que le risque d'une résurgence épidémique du virus sur l'île semble limité lors des prochaines saisons.

Entre août 2024 et juin 2025, l'île de La Réunion a connu une épidémie massive de chikungunya, avec plus de 54'000 cas confirmés et 43 décès, ce qui en fait la deuxième épidémie majeure du virus chikungunya sur l'île après l'épidémie de 2005-2006 qui avait touché environ un tiers de la population insulaire. Le virus chikungunya est transmis par les moustiques du genre *Aedes*. Bien que rarement mortelle, la maladie développée à la suite d'une infection par ce virus peut provoquer de fortes douleurs articulaires qui peuvent persister pendant des mois ou des années. En 2025, la lignée épidémique de La Réunion a gagné d'autres îles de l'océan Indien et a provoqué au cours de l'été un nombre de cas sans précédent dans les régions plus tempérées d'Europe mais aussi en Chine. Tout au long de l'épidémie, le Centre National de Référence des arbovirus de La Réunion a effectué une surveillance génomique intensive, séquençant plus de 3'000 génomes à partir d'échantillons collectés à travers toute l'île. Dans le passé, un tel taux de séquençage des cas confirmés lors d'une épidémie n'a été obtenu que pour une poignée d'agents pathogènes, tels que le virus Ébola et le SARS-CoV-2 (responsable de la COVID-19).

Pour exploiter ces données, l'équipe de chercheurs belges, français et américains a appliqué des approches phylodynamiques et phylogéographiques (des méthodes statistiques qui retracent les relations évolutives entre les génomes viraux pour reconstituer où et comment un pathogène s'est propagé). Leurs analyses indiquent que l'épidémie est probablement issue d'une seule introduction et que le virus a ensuite fréquemment transité entre zones résidentielles parfois éloignées, avec une dispersion virale fortement liée à la population humaine (densité, mobilité).

Les chercheurs ont également examiné les facteurs pouvant être associés à l'évolution de l'intensité de l'épidémie et à la fin de celle-ci. Leurs modèles montrent une association aux conditions climatiques (température et précipitations, qui façonnent la densité et l'activité des moustiques), mais concluent que le climat ne peut à lui seul expliquer la baisse de la transmission. En revanche, le renforcement progressif de l'immunité de la population pourrait en théorie avoir été suffisant pour réduire – à lui seul – le taux de reproduction effectif en dessous de la valeur seuil de 1, mettant ainsi fin à l'épidémie. Avec environ 66% de la population désormais immunisée contre le virus, les auteurs de l'étude concluent que le risque d'une résurgence épidémique du virus chikungunya sur l'île est faible. Cette prédiction s'est d'ailleurs confirmée à la saison suivante, au cours de laquelle seule une poignée de cas locaux ont été signalés, et ce malgré la circulation continue du virus du chikungunya ailleurs dans l'océan Indien. Cette étude montre l'intérêt d'intégrer les données génomiques, démographiques, environnementales et immunitaires dans l'évaluation épidémiologique, et illustre l'importance d'outils tels que la surveillance continue de la séroprévalence pour anticiper les changements dans le taux de transmission d'un virus au cours d'une épidémie.

Illustrations et contacts en page 2.

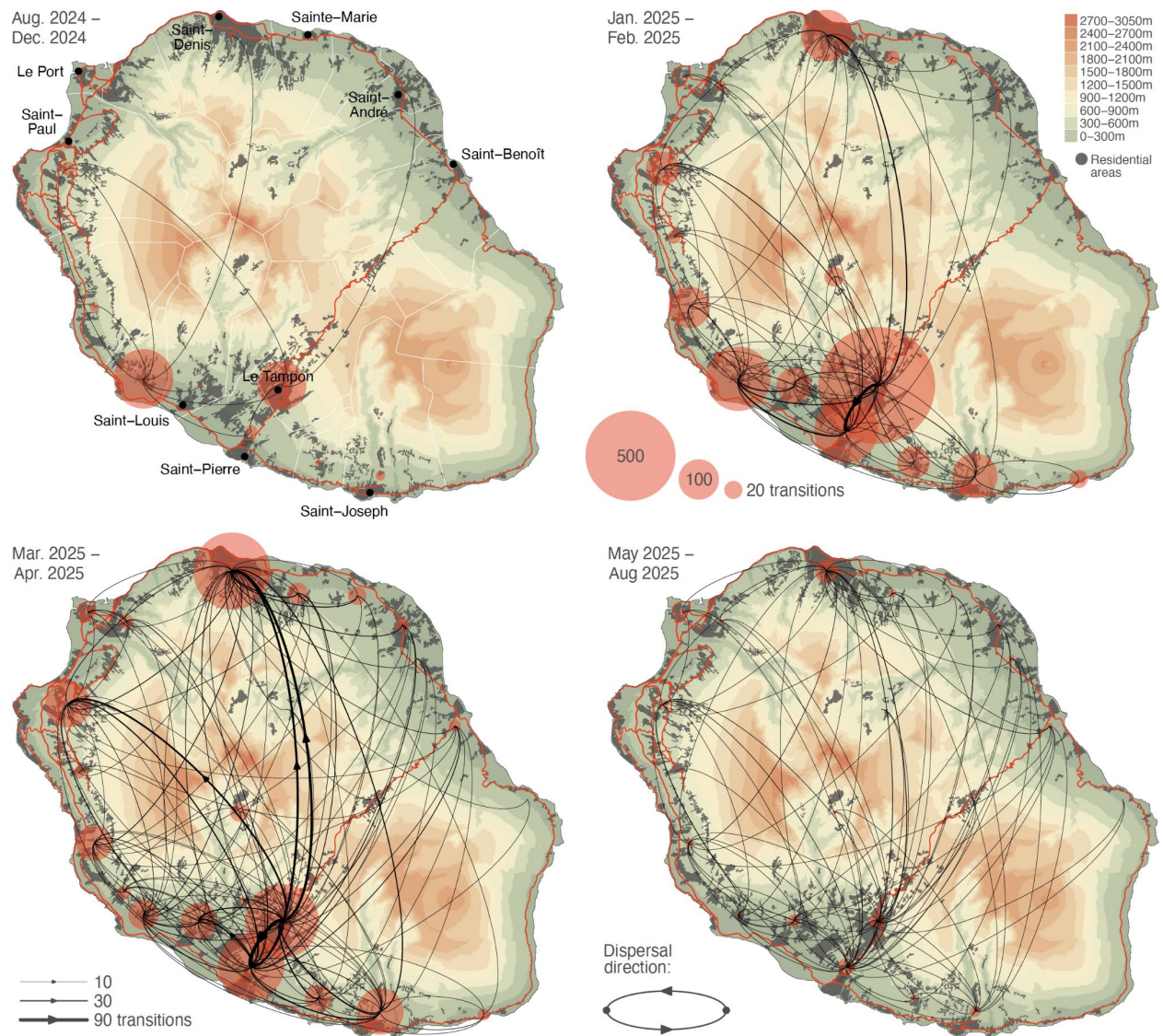


Illustration 1 : reconstitution de la dynamique de dispersion de l'épidémie massive du virus chikungunya de 2024-2025 sur l'île de La Réunion. Cette reconstruction s'appuie sur l'analyse de plus de 3'000 génomes viraux séquencés pendant l'épidémie (plus de 5% de tous les cas confirmés, un niveau rare de couverture en surveillance génomique).

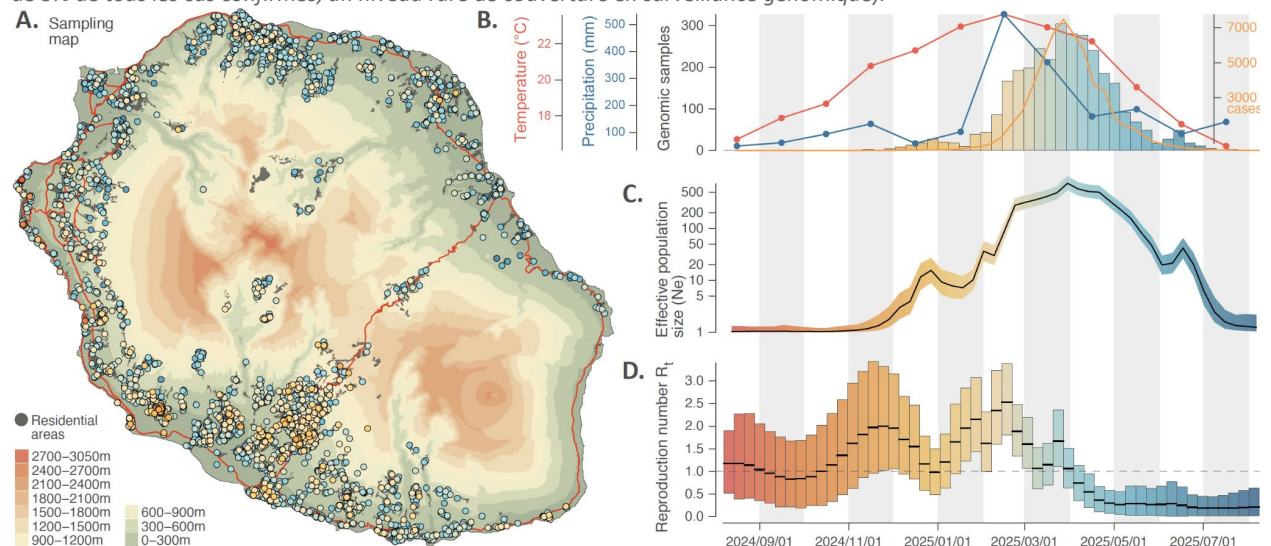


Illustration 2 : analyse des facteurs ayant impacté le déroulement de l'épidémie massive du virus chikungunya en 2024-2025 à La Réunion. L'illustration affiche quatre graphiques : (A) la carte d'échantillonnage des >3'000 génomes viraux séquencés pour

analyser l'épidémie; ainsi que l'évolution au cours de l'épidémie (B) du nombre de cas confirmés par rapport à l'évolution des variables climatiques, (C) de la taille de la population virale, et (D) du taux de reproduction effectif (le nombre moyen de nouvelles infections causées par une personne infectée). Les analyses montrent que la dynamique de l'épidémie était associée aux conditions climatiques (température et précipitations) et que l'augmentation progressive de l'immunité au sein de la population aurait été suffisante pour pousser le taux de reproduction effectif en dessous de 1, mettant ainsi fin à l'épidémie.



Illustration 3 : préparation des échantillons pour le séquençage génomique du virus chikungunya lors de l'épidémie massive de chikungunya de 2024-25 à La Réunion (photo : Etienne Frumence).

Contacts scientifiques : Simon Dellicour (simon.dellicour@ulb.be)

Référence de l'article : Frumence E, Klitting R, Serres K, Shao Y, Monti F, Vincent M, Gill MS, Suchard MA, Lemey P, de Lamballerie X, Jaffar-Bandjee MC, Dellicour S (2026). Unraveling the epidemiological and dispersal dynamics of the 2024-2025 chikungunya virus epidemic on Réunion Island. PNAS 123: e2621019123. Lien : <https://www.pnas.org/doi/10.1073/pnas.2621019123>

Service communication de l'Université libre de Bruxelles
Contact : presse@ulb.be | [page Presse](#) | 0477/66.82.37