



Master 2 Santé publique – Parcours METEORES

Promotion : **2024-2025**

Date du Jury : **11 et 12 Septembre 2025**

**Etude descriptive de la transmission
autochtone de chikungunya en France
métropolitaine, été 2025 (mai - août) :
caractérisation des épisodes, enjeux
pour la réactivité du système de
surveillance et perspective pour un
problème de santé publique
environnementale**

Shiyng LI

Lieu de stage : Santé publique France

Maîtresse de stage : Catarina KRUG

Référente pédagogique : Aurore GELY-PERNOT

Remerciements

À

Catarina KRUG

Marie-Claire PATY

Henriette DE VALK

Edith LAURANT

Toute l'équipe de l'unité infections Entériques, Alimentaires, Zoonoses de la Direction Maladies Infectieuses de Santé publique France

Mathilde PASCAL

Toute l'équipe de l'unité qualité des milieux de vie et du travail et santé des populations de la Direction Santé Environnement Travail de Santé publique France

(Surtout les Grands qui m'aident à payer une amende de bêtise l'année dernière)

Aurore GELY-PERNOT

Philippe GLORENNEC

Pierre LE CANN

Les professeurs de l'Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique

Camille LAVAUX

Gaël DUPIRE

Emilie PLAZANET GIBSON

Noa SITARZ

Toute la promotion de 2025 METEORES de l'EHESP

Ma famille, mes amis, avec qui j'ai grandi

« Soyons reconnaissants aux personnes qui nous donnent du bonheur ; ils sont les charmants jardiniers par qui nos âmes sont fleuries. »

Les mots du cœur s'écrivent sans encre. Je vous remercie sincèrement et infiniment.

Sommaire

Introduction.....	1
1.1 Contexte général.....	1
1.2 Contexte épidémiologique du chikungunya en France hexagonale	2
1.3 Le système de surveillance du chikungunya	7
1.4 Objectifs	8
2 Méthodologie.....	9
2.1 Définition de cas	9
2.2 Bases de données et Sources d'information	9
2.2.1 Variables étudiées	9
2.2.2 Analyses réalisées.....	10
2.3 Outils statistiques et cartographiques	10
3 Résultat.....	11
3.1 Caractéristiques descriptives des épisodes.....	12
3.1.1 Répartition géographique	12
3.1.2 Période et durée des épisodes.....	17
3.1.3 Caractéristique épidémiologique	18
3.2 Délais de notification et réactivité du système.....	19
3.2.1 Délai de signalement par cas	19
3.2.2 Délai entre la date du début de signe du premier cas et le signalement.....	21
3.3 Modalités de détection et de signalement.....	22
3.4 Initiation au Data Analyse	24
3.4.1 Traitement des données manquantes	27
3.4.2 Hiérarchiser l'importance des variables à l'aide de forêts aléatoires pour surligner les enjeux dans la surveillance des cas autochtones de chikungunya en France hexagonale de l'année 2025.....	27
4 Discussion.....	31
4.1 Résumé des principaux résultats.....	31
4.2 Mise en perspective par rapport à la littérature.....	32
4.3 Forces et limites de l'étude	33

4.4 Implications pour la surveillance et la santé publique	34
Conclusion.....	37
Bibliographie.....	39

Liste des sigles utilisés

ARS : Agence Régionale de Santé

BEH : Bulletin Épidémiologique Hebdomadaire

CHIKV : Virus de Chikungunya

CNR : Centre National de Référence

DDS : Date du Début des Signes

DROM : Départements et Régions d'Outre-Mer

ECDC : European Centre for Disease Prevention and Control

IQR : Intervalle interquartile

LAV : Lutte antivectorielle

LOESS : Locally Estimated Scatterplot Smoothing (régression locale pondérée)

MDO : Maladies à déclaration obligatoire

OMS / WHO : Organisation mondiale de la santé / World Health Organization

PAP : Porte-à-Porte

RF : Random Forest (forêt aléatoire)

SPF : Santé publique France

Introduction

1.1 Contexte général

Le virus du chikungunya (CHIKV) est un arbovirus appartenant au genre *Alphavirus* et à la famille des *Togaviridae*. Il est transmis à l'humain principalement par les moustiques *Aedes aegypti* et *Aedes albopictus* (souvent appelé moustique tigre), deux vecteurs largement distribués dans les régions tropicales, subtropicales et désormais tempérées (Wimalasiri-Yapa et al., 2019).

Trois génotypes principaux du CHIKV ont été identifiés : le génotype d'Afrique de l'Ouest, le génotype Afrique de l'Est/Centre/Sud (ECSA), et le génotype asiatique. La lignée Indian Ocean Lineage (IOL), issue du génotype ECSA, est aujourd'hui prédominante dans plusieurs zones d'épidémie récentes. Cette lignée présente une mutation (E1-A226V) facilitant l'adaptation au vecteur *Aedes albopictus*, ce qui a favorisé sa diffusion vers des régions non endémiques, y compris l'Europe et l'Amérique latine (Bettis et al., 2022; Wimalasiri-Yapa et al., 2019).

Sur le plan clinique, l'infection se manifeste typiquement par une fièvre aiguë accompagnée de céphalées, myalgies, éruptions maculopapuleuses et arthralgies qui peuvent être intenses, souvent bilatérales et invalidantes. Dans certains de cas, les douleurs articulaires persistent pendant plusieurs semaines à plusieurs mois, entraînant un fort impact fonctionnel et une qualité de vie réduite (Couturier et al., 2012, 2012). Des formes atypiques ou sévères peuvent aussi survenir, incluant des complications neurologiques (encéphalites, Guillain-Barré), cardiovasculaires, dermatologiques ou ophtalmologiques, en particulier chez les personnes âgées ou présentant des comorbidités (diabète, pathologies cardiovasculaires) (Wimalasiri-Yapa et al., 2019). Des cas graves et parfois létaux ont aussi été rapportés chez les jeunes enfants et les nourrissons (Ferreira et al., 2021). Par ailleurs, l'infection chez la femme enceinte comporte un risque particulier : la transmission verticale du virus est documentée, avec un taux d'infection du nouveau-né lorsque la mère est infectée pouvant atteindre 50% en période périnatale et, dans près de 70% des cas, des complications neurologiques du fœtus telles que l'encéphalopathie ou l'encéphalite (Ferreira et al., 2021). Dans certains contextes (Afrique, Asie), des séquelles musculosquelettiques ont été décrites jusqu'à trois ans après l'épisode aigu (Russo et al., 2020), soulignant l'importance du suivi à long terme des patients et de la prévention du risque de transmission du virus.

Au cours de ces dernières décennies, les arboviroses ont été responsables d'épidémies et d'émergences importantes à l'échelle mondiale, devenant l'un des défis les plus pressants en matière de santé publique (Maxim et al., 2024). Depuis sa première identification en Tanzanie en 1952, le CHIKV a été responsable de multiples épidémies, avec une intensification notable de sa diffusion à l'échelle mondiale à partir des années

2000 (Bettis et al., 2022). En France il a été responsable d'une épidémie majeure sur l'île de la Réunion et à Mayotte en 2005-6 (Fontenille et al., 2009) puis dans les Antilles et en Guyane en 2014 (SPF, 2014). À l'échelle mondiale, on estime qu'environ 3 à 4 milliards de personnes vivent dans des zones où une transmission active du CHIKV est possible (Bettis et al., 2022). Cependant, l'absence d'un système de surveillance harmonisé, la forte proportion de cas asymptomatiques ou non signalés, et la variabilité méthodologique entre les études rendent difficile une estimation précise de la charge mondiale. En Asie, le virus circule de manière endémique depuis les années 1950, mais plusieurs épidémies majeures ont été recensées depuis 2005. L'Inde, l'Indonésie, la Thaïlande, le Cambodge et les Philippines figurent parmi les pays les plus touchés (Wimalasiri-Yapa et al., 2019). En Inde, les flambées de 2006 et 2008 ont touché des millions de personnes, avec des taux d'attaque pouvant dépasser 60‰ (Wimalasiri-Yapa et al., 2019).

En 2025, La Réunion a connu une nouvelle épidémie. Entre le 1^{er} janvier 2025 et le 25 juillet 2025, date de la fin de la phase épidémique, 54 410 cas de chikungunya biologiquement confirmés ont été enregistrés, et plus de 170 000 consultations pour des signes cliniques en médecine de ville depuis janvier 2025 (SPF, 2025c). Malgré une tendance générale à la baisse depuis la semaine 17 en 2025 jusqu'au 12 août, l'activité virale reste modérée mais active dans la majorité des communes. En parallèle, Mayotte connaît une circulation active du virus de chikungunya avec plus de 1 098 cas depuis les premières importations et une phase épidémique déclarée le 27 mai 2025 (SPF, CiRe de Mayotte, 2025). De plus, les épidémies de chikungunya ont également eu lieu dans d'autres territoires de l'Océan Indien (Madagascar, île de Maurice, etc.) (WHO, 2025).

1.2 Contexte épidémiologique du chikungunya en France hexagonale

En France hexagonale, depuis la première détection d'*Aedes albopictus* en 2004, cette espèce invasive de moustique s'est progressivement implantée sur le territoire, responsable d'un risque de transmission locale de maladies telles que la dengue, le chikungunya et le virus Zika (Maxim et al., 2024; SPF & Fournier, 2024).

Dans le recensement de la Direction générale de Santé au 1^{er} janvier 2025, *Aedes albopictus* s'est établi dans 81 départements de la France métropolitaine, couvrant plus de 85% du territoire nationale (Figure 1) (DGS_Céline.M, 2025). Le moustique tigre est inféodé aux activités humaines. Son caractère anthropophile (qui aime les lieux habités par l'homme) explique qu'une fois installé dans une commune ou un département, il n'est pratiquement pas facile de s'en débarrasser (DGS_Céline.M, 2025; M.-C. Paty et al., 2024). Les départements dans lesquels le moustique tigre est implanté et actif, sont répartis en 2 catégories, les départements faiblement colonisés si moins de 40 % des communes du département sont colonisées, les départements fortement colonisés si au moins 40 % des communes du département sont colonisées (Figure 2) (Figure 3) (DGS_Céline.M, 2025).

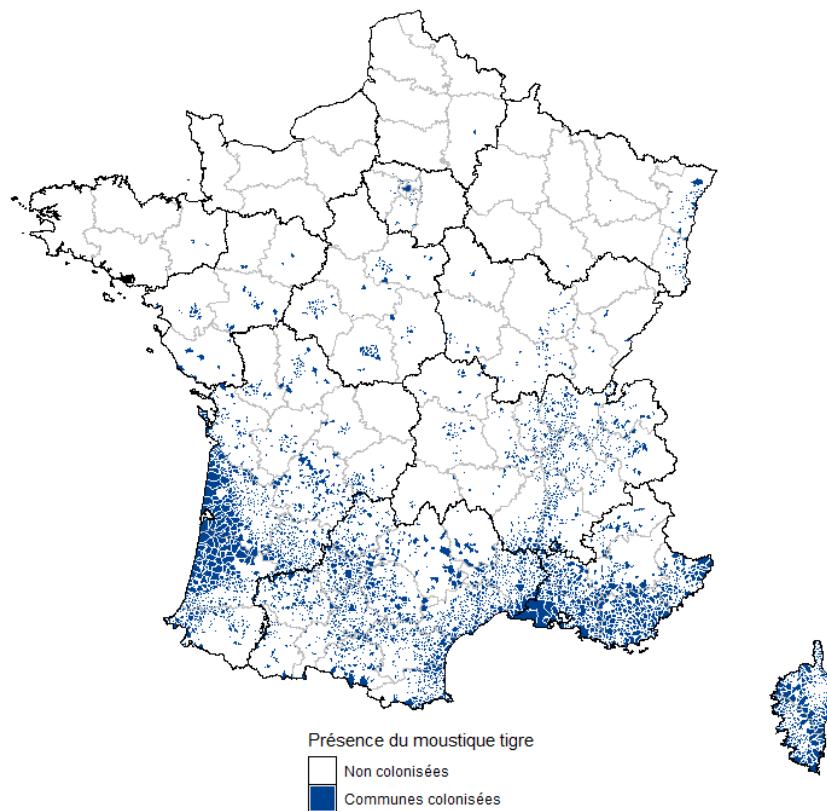


Figure 1 Communes colonisées par *Aedes albopictus* en France métropolitaine au 1er janvier 2025

Source de données : DGS

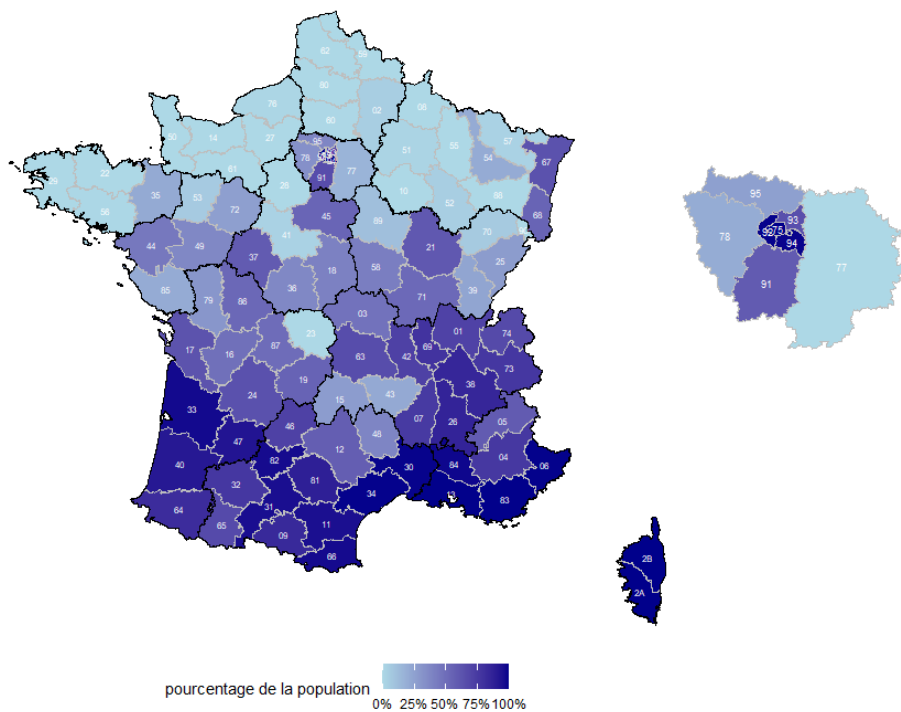


Figure 2 Pourcentage de la population habitant des communes colonisées par *Aedes albopictus* par départements en France métropolitaine au 1er janvier 2025

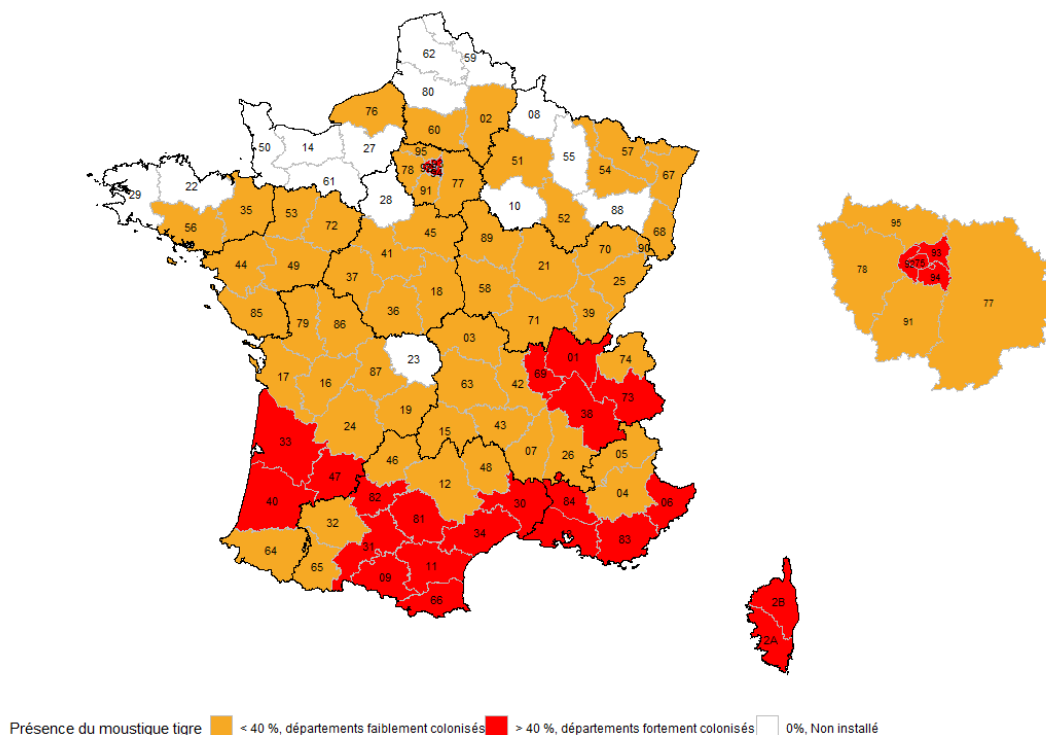


Figure 3 Pourcentage des communes colonisées par Aedes albopictus en France métropolitaine au 1er janvier 2025

Source de données : DGS

Chaque année des cas importés sont identifiés, dont le nombre est lié aux épidémies dans le monde et notamment dans les DROMs. Les premiers épisodes de transmission autochtone de dengue (Nice, 2 cas autochtones) et chikungunya (Fréjus, 2 cas autochtones) ont été identifiés en 2010. Depuis des foyers sont régulièrement identifiés avec une intensification depuis 2022 (Figure 4).

En 2023, la France a enregistré 2 524 cas importés de dengue, 44 cas de chikungunya, 11 cas de Zika et une co-infection dengue-chikungunya. De plus, 9 épisodes de transmission autochtone de dengue ont été signalés dans les régions de Provence-Alpes-Côte d’Azur (n = 4), d’Occitanie (n = 3), d’Auvergne-Rhône-Alpes (n = 1) et d’Île-de-France (n = 1), marquant la première occurrence de transmission locale dans la région parisienne et indiquant une expansion du risque vers le nord du pays (SPF & Fournier, 2024). A cette époque-là, les histoires de chikungunya et de dengue n’ont pas encore développées en métropole.

En 2024, 4 683 cas importés de dengue, 34 cas importés de chikungunya, 8 cas importés de Zika et une co-infection dengue-chikungunya, ont été signalés par des professionnels de santé via des déclarations obligatoires ou ont été détectés par les données du réseau de laboratoires partenaires de la surveillance des arboviroses (SPF & Krug, 2025). De plus, 11 épisodes de transmission autochtone de dengue ont été identifiés, pour un total de 83 cas autochtones. Un cas autochtone de chikungunya a été rapporté

pour la première fois en Île-de-France, un an après l'identification du premier foyer de transmission autochtone de dengue (n=3) dans cette région.

De 2010, année des premiers cas autochtones de dengue et de chikungunya, à 2024, 53 épisodes de transmission des virus de la dengue, du chikungunya et du Zika, transmis par le moustique vecteur *Aedes albopictus* ont été identifiés : 48 de dengue, 4 de chikungunya et 1 de Zika. Ils ont affecté au total 277 cas : 242 cas de dengue, 32 cas de chikungunya et 3 cas de Zika.

En 2025, du 1^{er} janvier au 12 août, Santé publique France a identifié 1 833 cas importés de chikungunya, 1 845 cas importés de dengue et 9 cas importés de Zika (SPF, 2025b). Parmi les 1 833 cas importés de chikungunya, 86% étaient de retour de la Réunion et 4% de retour de l'île Maurice. La majorité des cas importés se concentre sur les îles de l'Océan Indien (Figure 5) où sévissent des épidémies. De plus, 23 épisodes autochtones de chikungunya totalisant 115 cas ont été identifiés (SPF, 2025b). La Figure 6 montre la courbe épidémiologique des cas importés en France métropolitaine depuis août 2024 jusqu'au 12 août, avec un pic à la fin d'avril, correspondant à l'épidémie qui sévissait sur l'île de la Réunion et aux retours de congés.

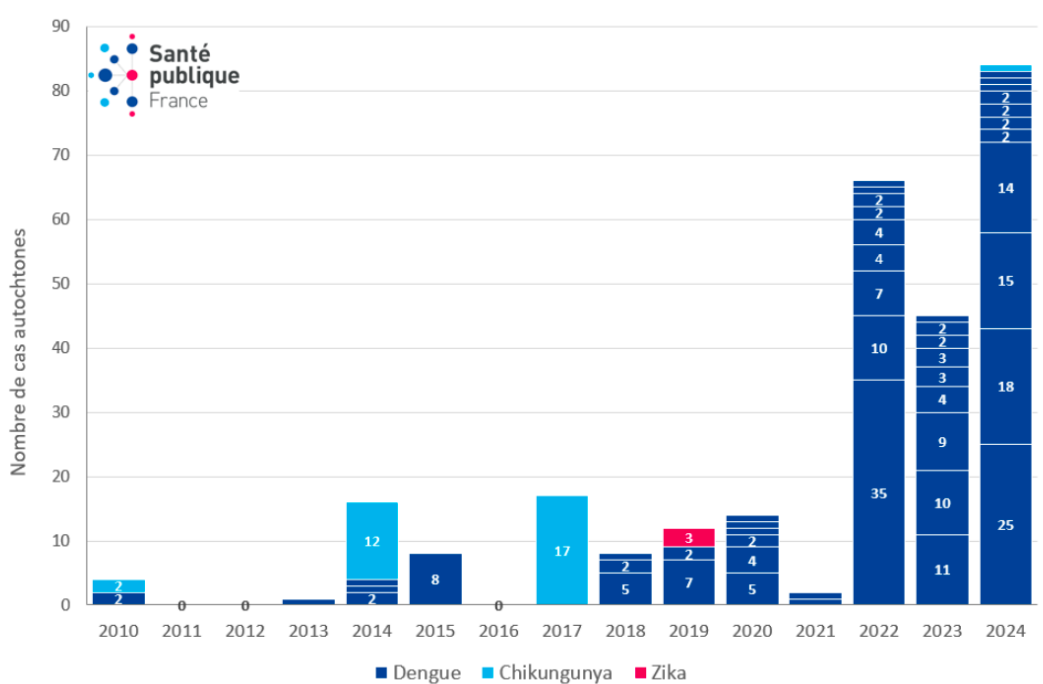


Figure 4 Nombre de cas autochtones de dengue, chikungunya et Zika, identifiés par épisode de transmission, France hexagonale, 2010-2024

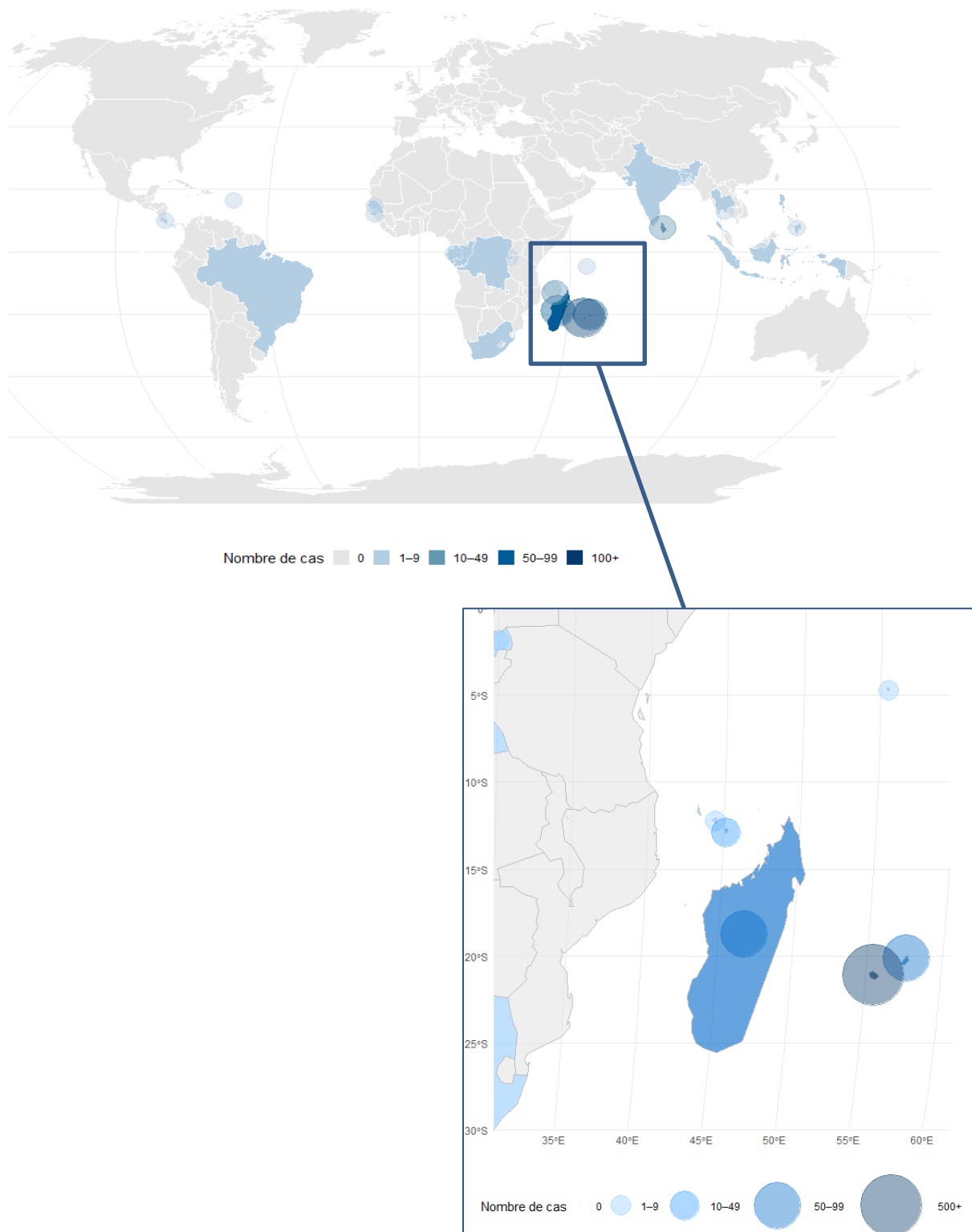


Figure 5 L'origine des cas importés de chikungunya en France métropolitaine en 2025

Source de donnée : Santé publique France

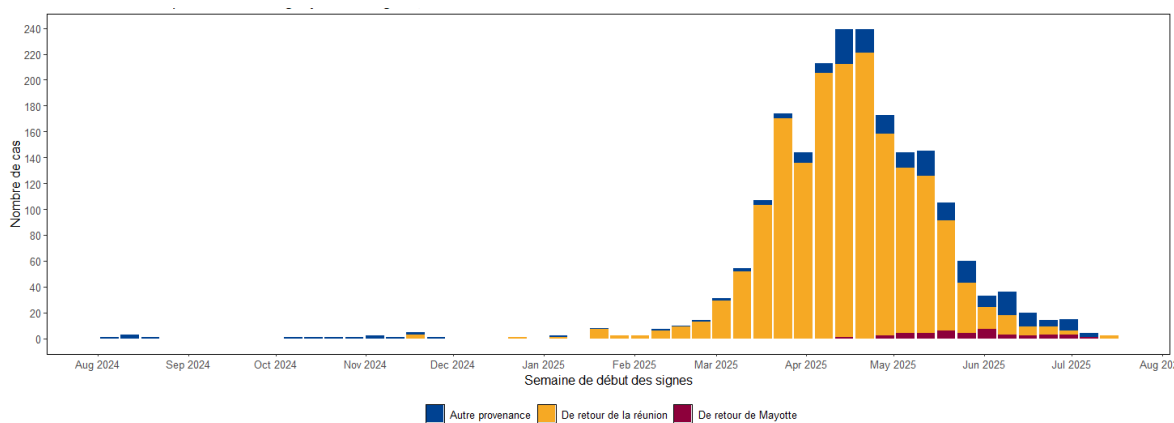


Figure 6 Nombre de cas de chikungunya importés en France hexagonale, par zone de séjour (août 2024 - août 2025)

Le Centre national de Référence des arbovirus avait généré au 26 juillet, 7 séquences du virus chikungunya (CHIKV) liées à des cas autochtones en France métropolitaine. La totalité de ces 7 séquences appartient au génotype ECSA-2 du virus chikungunya et correspond au lignage responsable de l'épidémie de 2024-2025 de chikungunya sur l'île de La Réunion (CNR Arbovirus, 2025).

1.3 Le système de surveillance du chikungunya

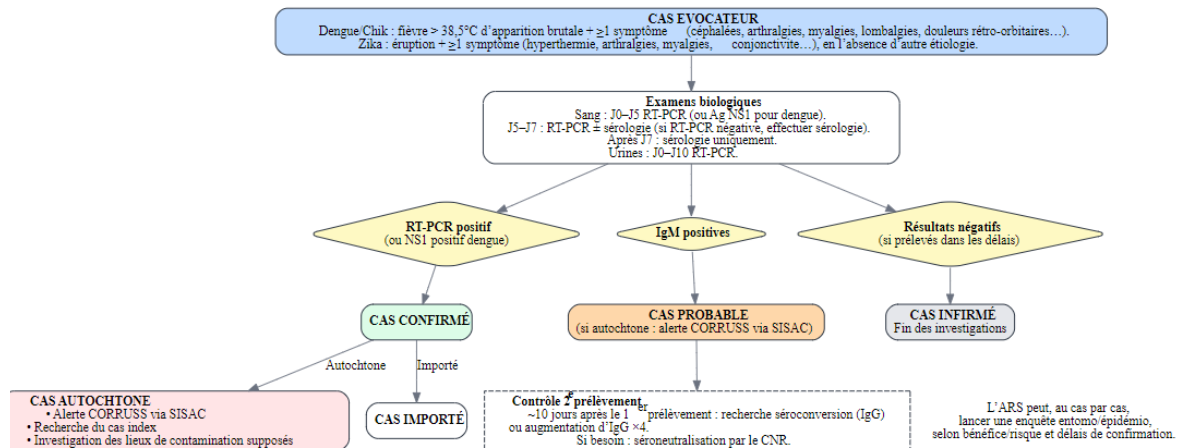
En raison de la présence du moustique vecteur dans la majorité de la France hexagonale, pour prévenir le risque de transmission autochtone, la France a mis en place un système de surveillance national des arboviroses depuis 2006, décrit dans la Figure 7. Au cours de l'année, les cas de chikungunya doivent être notifiés dans le cadre du dispositif de signalement obligatoire (DO), incluant les cas importés et autochtones. La déclaration comprend les données cliniques, les résultats biologiques et les antécédents de voyage (SPF & Fournier, 2024).

Chaque année, entre mai et novembre, une surveillance renforcée est mise en place pendant la période d'activité du vecteur (*Aedes albopictus*). Elle comprend la sensibilisation des professionnels de santé, la transmission automatique des résultats de certains laboratoires (notamment par Eurofins, Cerba), et la comparaison avec la base de données nationale Voozarbo¹ (Voozarbo | *Datalogue*, 2023) afin d'identifier les cas non déclarés (SPF & Fournier, 2024).

Lorsqu'un cas est confirmé entre mai et novembre, les Agences régionales de santé (ARS) et Santé publique France mènent une enquête épidémiologique pour identifier la source d'infection et déclenchent une intervention de lutte antivectorielle (LAV). Si le cas est autochtone, une enquête porte-à-porte dans un rayon de 150 mètres autour du domicile

¹ VOOZARBO : système d'information de Santé publique France dédié au suivi épidémiologique des cas (M.-C. Paty et al., 2024).

du cas peut être faite, dans le but de préciser la taille de la zone de transmission grâce à la détection précoce et la plus exhaustive possible des cas suspects. Sont de plus réalisés la destruction des gîtes larvaires, la sensibilisation de la population, l'évaluation de la propagation, ainsi que des mesures de sécurisation des produits d'origine humaine (Maxim et al., 2024; SPF & Fournier, 2024).



(M.-C. Paty et al., 2024)

Figure 7 Algorithme de décision relatif à un cas de chikungunya, de dengue ou de Zika

1.4 Objectifs

L'objectif principal de ce mémoire est de (1) décrire les épisodes autochtones de chikungunya survenus durant la saison de transmission 2025 (1er mai – 12 août), en caractérisant leur distribution spatio-temporelle, leurs déterminants épidémiologiques et les mesures de réponse mises en œuvre ; (2) décrire et analyser le fonctionnement du système de surveillance des cas de chikungunya en France métropolitaine, en considérant les délais, les modalités de détection et les limites potentielles du dispositif. Ces objectifs visent à mieux comprendre la dynamique de survenue et de détection des cas autochtones, afin de contribuer à l'identification des points forts et des limites du dispositif actuel de surveillance. L'enjeu est d'apporter des éléments d'interprétation utiles pour renforcer la réactivité et l'efficacité des mesures de prévention et de lutte antivectorielle dans un contexte de risque croissant de survenue d'épidémie du chikungunya en France métropolitaine.

2 Méthodologie

2.1 Définition de cas

L'analyse a porté sur les cas répondant aux définitions suivantes (SPF & Fournier, 2024).

- Un cas suspect : présence d'une fièvre égale ou supérieure à 38,5°C accompagnée de douleurs (céphalées, arthralgies, myalgies, douleurs rétro-orbitaires) sans étiologie alternative claire.
- Les cas probables correspondaient à une sérologie IgM positive isolée,
- Les cas confirmés étaient définis par une RT-PCR positive, une sérologie complète (IgM + IgG), ou, pour la dengue, un antigène NS1 détecté.

Les cas ont également été classés selon leur origine :

- Cas autochtone s'ils n'avaient pas voyagé dans une zone de circulation virale active dans les 15 jours précédant les symptômes,
- Cas importés ou importés en cas de séjour en zone endémique dans les 15 jours précédant les symptômes.

2.2 Bases de données et Sources d'information

Les données analysées proviennent du système de signalement obligatoire (MDO) et de la plateforme nationale de signalement **Voozarboo** (*Voozarbo | Datalogue, 2023*), coordonnés par Santé publique France. Ces informations ont été complétées par les rapports hebdomadaires de surveillance renforcée, les bulletins épidémiologiques hebdomadaires (BEH) ainsi que les rapports régionaux transmis par les ARS.

2.2.1 Variables étudiées

Les cas inclus concernaient exclusivement les infections autochtones à chikungunya confirmées ou probables, déclarées en France métropolitaine en 2025. Les variables recueillies et exploitées étaient :

- Données sociodémographiques : âge, sexe, commune de résidence ;
- Caractéristiques virologiques et épidémiologiques : nature du cas (importé ou autochtone), date du début des signes (DDS), date de signalement, mode de détection ;
- Données spatio-temporelles : localisation géographique des épisodes (région, département, commune), distance maximale entre cas au sein d'un même foyer ;
- Réponse sanitaire : type et date des interventions mises en œuvre (enquête, traitements LAV, actions de communication).

2.2.2 Analyses réalisées

Une analyse descriptive rétrospective a été conduite, avec plusieurs volets complémentaires :

- a) Caractéristiques démographiques des cas :
 - Variables quantitatives (âge) décrites par la moyenne, médiane, écart-type, quartiles et extrêmes ;
 - Variables qualitatives (sexe, classes d'âge, mode de signalement) présentées en effectifs absolus et proportions (%).
- b) Analyse spatio-temporelle :
 - Description des foyers (nombre de cas, durée, période de survenue, distance maximale entre cas) ;
 - Cartographie des épisodes autochtones au niveau communal et régional.
- c) Analyse temporelle :
 - Construction de courbes épidémiques selon la date de début des signes (incidence quotidienne) et tendance lissée par régression locale pondérée (**LOESS**) afin de réduire la variabilité aléatoire ;
 - Comparaison entre la courbe des débuts de signes et celle des signalements pour évaluer les délais de détection.
- d) Analyse des délais :
 - Calcul du délai (en jours) entre date du début des signes et signalement, avec présentation sous forme d'histogramme, boxplot et indicateurs de tendance centrale (médiane, IQR, moyenne, min-max) ;
 - Comparaison des délais selon le mode de détection (signalement direct par un professionnel de santé, enquête de terrain, interrogation d'un autre cas) à l'aide de tests du Chi².

2.3 Outils statistiques et cartographiques

Toutes les analyses ont été effectuées avec le logiciel R (*R: The R Project for Statistical Computing, 2025*). Les traitements statistiques et graphiques ont mobilisé principalement les packages *tidyverse*, *ggplot2*, et *stats* pour les analyses descriptives et de tendance. La cartographie a été réalisée avec le package *ggplot2* ou le site *Magrit (Magrit - Cartographie thématique, s. d.)*.

Ce mémoire repose sur une approche descriptive rétrospective, visant à analyser les données de surveillance épidémiologique des arboviroses – notamment le chikungunya – collectées pendant cette année en France hexagonale.

3 Résultat

Au cours de la dernière décennie, la France hexagonale a connu plusieurs épisodes de transmission autochtone des arboviroses transmises par *Aedes albopictus*, majoritairement le virus de la dengue, confirmant la capacité d'*Aedes albopictus* à maintenir une chaîne de transmission locale lorsqu'un cas importé introduit le virus (Gossner et al., 2018). La souche de chikungunya responsable de l'épidémie de 2025 sur l'île de La Réunion était particulièrement adaptée à *Aedes albopictus* (SPF, 2025b, 2025c) vecteur de l'épidémie sur l'île, (*Aedes aegypti* est présent dans l'île mais en très faible quantité, dans de rares ravines). Ceci a fait que le risque de foyer autochtone en France hexagonale était plus élevé. Des précédents épisodes de transmission autochtone de chikungunya dans l'Hérault et le Var en 2014 et 2017, avaient montré le risque de transmission locale dans le sud de la France (M.-C. Paty et al., 2024).

Ces événements ont confirmé l'importance d'un système de surveillance des arboviroses renforcé et d'une réponse rapide. Le dispositif national repose sur la notification obligatoire des cas suspects et confirmés par les professionnels de santé, un réseau de laboratoires transmettant quotidiennement leurs résultats, et des enquêtes entomologiques permettant des interventions ciblées de lutte antivectorielle (Gossner et al., 2018; M.-C. Paty et al., 2024). L'expérience acquise lors de ces épisodes a permis d'améliorer la coordination entre les agences régionales de santé, Santé publique France et les opérateurs de démoustication locaux (Delisle et al., 2015).

La présente section décrit de manière synthétique l'ensemble des épisodes autochtones de chikungunya identifiés en France hexagonale entre mai et début août 2025. Elle présente successivement la répartition géographique des cas et la durée des épisodes, les principales caractéristiques épidémiologiques des cas (l'âge, la chronologie et la géographie des cas index (« Patient zéro », 2025)²), ainsi que la dynamique temporelle des flambées. Un bilan quantitatif du nombre total de cas est illustré par des figures et des courbes épidémiologiques. Par ailleurs, une attention particulière est apportée aux modalités de signalement initial (professionnels de santé, laboratoires, enquêtes en porte-à-porte, interrogatoire d'autres cas), aux délais entre le début des signes et la notification dans le système, ainsi qu'à l'intervalle entre le premier cas de chaque épisode et son signalement. Ces analyses permettent de mieux comprendre la réactivité du système de surveillance, la diversité des canaux de détection et la dynamique de transmission locale, tout en mettant en lumière les enjeux de la réponse en santé publique.

² Pour désigner la première personne d'une épidémie (ou d'un foyer épidémiologique) à avoir été contaminée par un agent pathogène (virus ou bactérie en général).

Il est à noter qu'à la date du 12 août la période d'activité des vecteurs est loin d'être terminée. Historiquement la plupart des cas sont identifiés en août et septembre. Le nombre de cas et de foyers rapportés dans cette étude est donc appelé à augmenter.

3.1 Caractéristiques descriptives des épisodes

3.1.1 Répartition géographique

Lors de la saison estivale de 2025, la France métropolitaine a enregistré un nombre inédit d'épisodes autochtones de chikungunya qui sont aussi les plus précoces jamais identifiés (SPF, 2025a). Depuis le 1^{er} mai, le début de la surveillance renforcée, jusqu'au 12 août 2025, 23 épisodes de transmission autochtone du virus chikungunya ont été identifiés dans différentes régions de France hexagonale et en Corse (SPF, 2025b). La Figure 8 présente la distribution géographique des épisodes autochtones. Le premier épisode a été détecté le 27 mai 2025 à Prades-le-Lez (Hérault, Occitanie) avec un cas unique, rapidement suivi de foyers de taille variable dans plusieurs départements du sud et, plus ponctuellement, dans l'est et l'ouest du territoire. La Figure 8 présente la distribution géographique de ces 23 épisodes. Le nombre de foyers autochtones de transmission de chikungunya et le nombre de cas autochtones confirme l'augmentation du risque de transmission locale des arboviroses transmises par *Aedes albopictus* constatée depuis 2022, avec plus de cas recensés et une expansion géographique vers l'ouest et le nord (SPF & Krug, 2025).

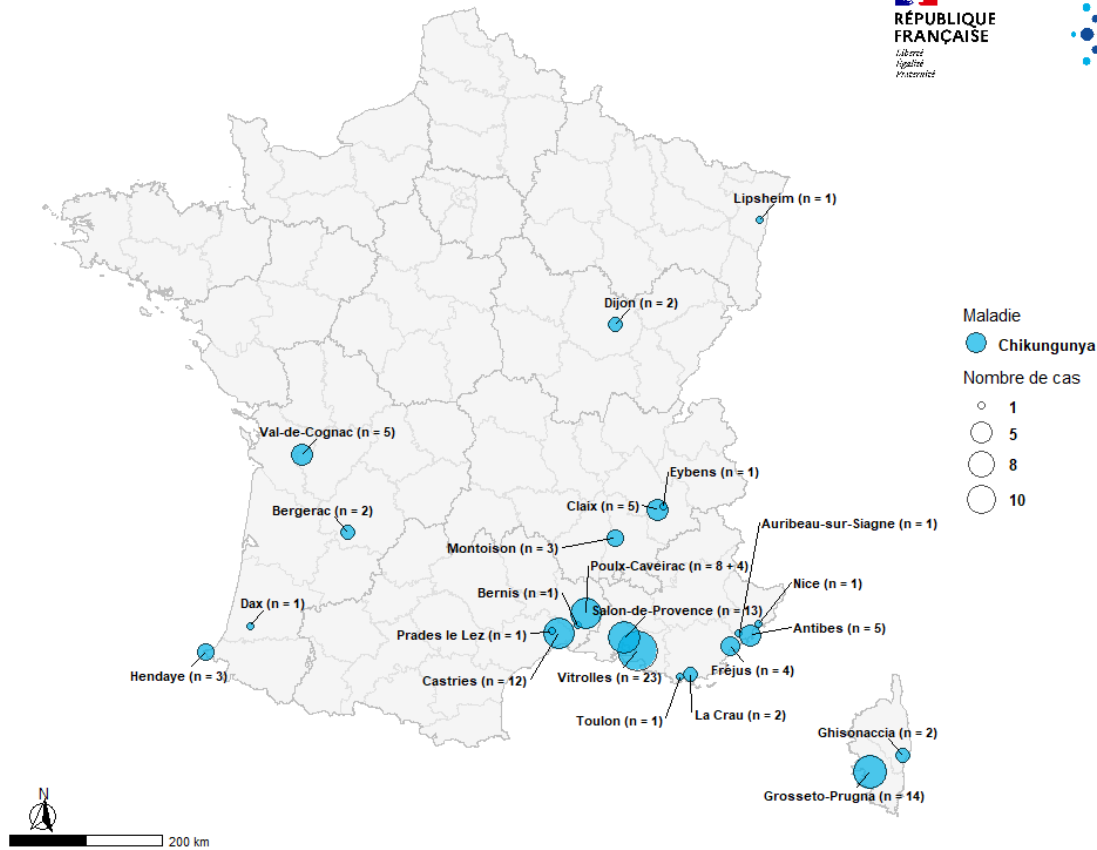


Figure 8 Carte de localisation des épisodes de transmission autochtone de chikungunya en 2025 (01/05 - 12/08)

Source de données : Santé publique France

Au 12 août 2025, selon les données de Santé publique France, 115 cas autochtones ont été identifiés (SPF, 2025b). Le Tableau 1 résume la distribution des cas autochtones selon les régions en France métropolitaine.

Tableau 1 Distribution des cas et des épisodes autochtones selon région en France métropolitaine en 2025, à la date du 12 août

Région	Nombre des épisodes	Nombre de cas autochtones
Grand Est	1	1
Bourgogne-Franche-Comté	1	2
Auvergne-Rhône-Alpes	3	9
Nouvelle-Aquitaine	4	11
Corse	2	16
Occitanie	4	26
Provence-Alpes-Côte d'Azur	8	50
Total	23	115

Le Tableau 2 résumé la situation des 23 épisodes. En Provence-Alpes-Côte d'Azur (PACA), région la plus touchée, plusieurs foyers ont été enregistrés sur les communes de La Crau (Var, 2 cas), Salon-de-Provence (Bouches-du-Rhône, 13 cas), Fréjus (Var, 4 cas),

Toulon (Var, 1 cas), Vitrolles (Bouches-du-Rhône, 23 cas), Antibes (Alpes-Maritimes, 5 cas), Auribeau-sur-Siagne (Alpes-Maritimes, 1 cas) et plus récemment à Nice (Alpes-Maritimes, 1 cas). L'Occitanie a également rapporté plusieurs foyers à Prades-le-Lez (Hérault, 1 cas), Bernis (Gard, 1 cas), Castries (Hérault, 12 cas) et un foyer plus important à Poulx-Caveirac (Gard, 12 cas). En Corse, deux foyers ont été signalés : Grosseto-Prugna (Corse-du-Sud, 14 cas) et Ghisonaccia (Haute-Corse, 2 cas). D'autres foyers significatifs ont été recensés en Auvergne-Rhône-Alpes (AuRA), notamment à Montoison (Drôme, 3 cas), Claix (Isère, 5 cas) et Eybens (Isère, 1 cas). Des épisodes plus ponctuels ont été enregistrés dans d'autres régions :

- Nouvelle-Aquitaine : Val-de-Cognac (Charente, 5 cas), Hendaye (Pyrénées-Atlantiques, 3 cas), Dax (Landes, 1 cas) et Bergerac (Dordogne, 2 cas).
- Grand Est : Lipsheim (Bas-Rhin, 1 cas).
- Bourgogne-Franche-Comté : Dijon (Côte-d'Or, 2 cas).

La taille des foyers a varié de 1 à 23 cas, le plus important ayant été identifié à Vitrolles (Bouches-du-Rhône, PACA). Plusieurs épisodes étaient encore en cours début août 2025, notamment à Vitrolles, Grosseto-Prugna, Val-de-Cognac, Antibes et Poulx-Caveirac. De plus, le premier foyer secondaire³ sur Caveirac, lieu de passage d'un cas autochtone de Poulx, a été identifié.

La distribution géographique des foyers est fonction à la fois la densité d'implantation d'*Aedes albopictus* et de l'intensité des échanges humains avec les zones d'endémie (La Réunion, Madagascar, zone Caraïbe), principaux pourvoyeurs de cas importés ayant initié les chaînes de transmission locales (M.-C. Paty et al., 2024).

³ **Cas secondaire** : Cas probable ou confirmé ayant eu un contact étroit avec un cas probable ou confirmé et dont l'apparition des symptômes a eu lieu deux semaines ou plus après l'apparition des symptômes chez le premier cas.

Tableau 2 Principales caractéristiques des épisodes de transmission autochtone de chikungunya en France hexagonale, saison 2025, à la date du 12 août

Zone géographique concernée			Nombre de cas	Date du début de signe		Durée de l'épisode (jours)	Date du signalement	Date de la confirmation de CNR	Délai entre la DDS du 1 ^{er} cas et la confirmation de CNR (jours)
Région	Département	Commune		1 ^{er} cas	Dernier cas				
Occitanie	Hérault	Prades-le-Lez	1	27/05/2025	27/05/2025	1	05/06/2025	13/06/2025	18
PACA	Var	La Crau	2	02/06/2025	05/06/2025	4	11/06/2025	13/06/2025	12
Occitanie	Gard	Bernis	1	11/06/2025	11/06/2025	1	23/06/2025	23/06/2025	13
AuRA	Drôme	Montoisson	3	13/06/2025	19/06/2025	7	18/06/2025	24/06/2025	12
PACA	Bouches-du-Rhône	Salon-de-Provence	13	16/06/2025	30/06/2025	15	20/06/2025	20/06/2025	5
PACA	Var	Toulon	1	16/06/2025	16/06/2025	1	11/07/2025	21/07/2025	36
Corse	Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	19/06/2025	01/08/2025	44	20/06/2025	25/06/2025	7
Grand Est	Bas-Rhin	Lipsheim	1	26/06/2025	26/06/2025	1	27/06/2025	30/06/2025	5
PACA	Bouches-du-Rhône	Vitrolles	23	29/06/2025	04/08/2025	37	25/07/2025	01/08/2025	34
Occitanie	Hérault	Castries	12	30/06/2025	26/07/2025	27	08/07/2025	16/07/2025	17
AuRA	Isère	Claix	5	01/07/2025	27/07/2025	27	04/07/2025	08/07/2025	8
PACA	Var	Fréjus	4	01/07/2025	03/08/2025	34	07/07/2025	11/07/2025	11
Nouvelle-Aquitaine	Charente	Val-de-Cognac	5	01/07/2025	03/08/2025	34	31/07/2025	06/08/2025	37
PACA	Alpes-Maritimes	Antibes	5	09/07/2025	31/07/2025	23	25/07/2025	30/07/2025	22
Nouvelle-Aquitaine	Pyrénées-Atlantiques	Hendaye	3	09/07/2025	24/07/2025	16	18/07/2025	29/07/2025	21
Occitanie	Gard	Poulx-Caveirac (8+4)	12	10/07/2025	07/08/2025	29	25/07/2025	01/08/2025	23
Nouvelle-Aquitaine	Landes	Dax	1	19/07/2025	19/07/2025	1	23/07/2025	28/07/2025	10
BFC	Côte d'Or	Dijon	2	21/07/2025	24/07/2025	4	04/08/2025	08/08/2025	19
PACA	Alpes-Maritimes	Auribeau-sur-Siagne	1	21/07/2025	21/07/2025	1	31/07/2025	08/08/2025	19
Corse	Haute-Corse	Ghisonaccia	2	31/07/2025	31/07/2025	1	05/08/2025	ND	ND
PACA	Alpes-Maritimes	Nice	1	31/07/2025	31/07/2025	1	08/08/2025	13/08/2025	14
Nouvelle-Aquitaine	Dordogne	Bergerac	2	31/07/2025	03/08/2025	4	06/08/2025	12/08/2025	13
AuRA	Isère	Eybens	1	02/08/2025	02/08/2025	1	07/08/2025	12/08/2025	11

AuRA : Auvergne-Rhône-Alpes, PACA : Provence-Alpes-Côte d'Azur, BFC : Bourgogne-Franche-Comté, ND : Non déterminé, DDS : date du début de signe, CNR : Centre National de Recherche. Tableau trié par la date du début de signe du plus ancien au plus récent.

P.S. Les lignes en gris sont les épisodes clos

3.1.2 Période et durée des épisodes

La survenue des épisodes s'est échelonnée entre la fin mai et le début août 2025, le premier foyer a débuté le 17 mai à Prades-le-Lez et le dernier le 2 août à Eybens. Un peu plus de la moitié des épisodes ont débuté entre mi-juin et mi-juillet (Tableau 2). Les durées varient fortement selon les foyers : de 1 jour pour les cas isolés (p.ex. Bernis, Toulon, Lipsheim...) à 4-6 semaines pour les clusters les plus prolongés. Les épisodes de plus longue durée concernent notamment **Grosseto-Prugna** (19/06 → 01/08, ~6 semaines), **Vitrolles** (29/06 → 04/08, ~5 semaines), **Fréjus** (01/07 → 03/08, ~5 semaines), **Val-de-Cognac** (01/07 → 03/08, ~5 semaines), **Castries** (30/06 → 26/07, ~4 semaines) et **Poulx-Caveirac** (10/07 → 07/08, ~4 semaines). Compte tenu du fait qu'au moment de la rédaction, seuls six épisodes de transmission autochtone étaient considérés comme clos, il n'est pas possible, à ce stade, d'établir une analyse statistiquement robuste de la durée moyenne ou médiane des épisodes observés.

La Figure 9 présente la répartition des cas autochtones de chikungunya selon la date du début de signes, entre le 27 mai et le 10 août (la période d'observation est fixée entre 1^{er} mai et 12 août, pendant laquelle la date du début de signe du dernier cas est au 10 août). Chaque barre bleue correspond au nombre brut de cas enregistrés à une date donnée (date de début des signes), ce qui permet d'observer la variabilité quotidienne des notifications. Afin de mieux appréhender la tendance sous-jacente de l'épidémie et d'en réduire le « bruit » aléatoire, une courbe rouge a été ajoutée, représentant une tendance lissée obtenue par une régression locale pondérée (*LOESS, Locally Estimated Scatterplot Smoothing*). Cette méthode non paramétrique, adaptée aux séries temporelles de taille modérée, permet de modéliser la relation entre la date et le nombre de cas sans supposer de forme fonctionnelle prédéfinie, tout en préservant la structure locale des données. Elle est particulièrement pertinente pour visualiser les variations progressives de l'incidence au cours du temps et identifier les périodes de croissance, de plateau ou de décroissance de la transmission.

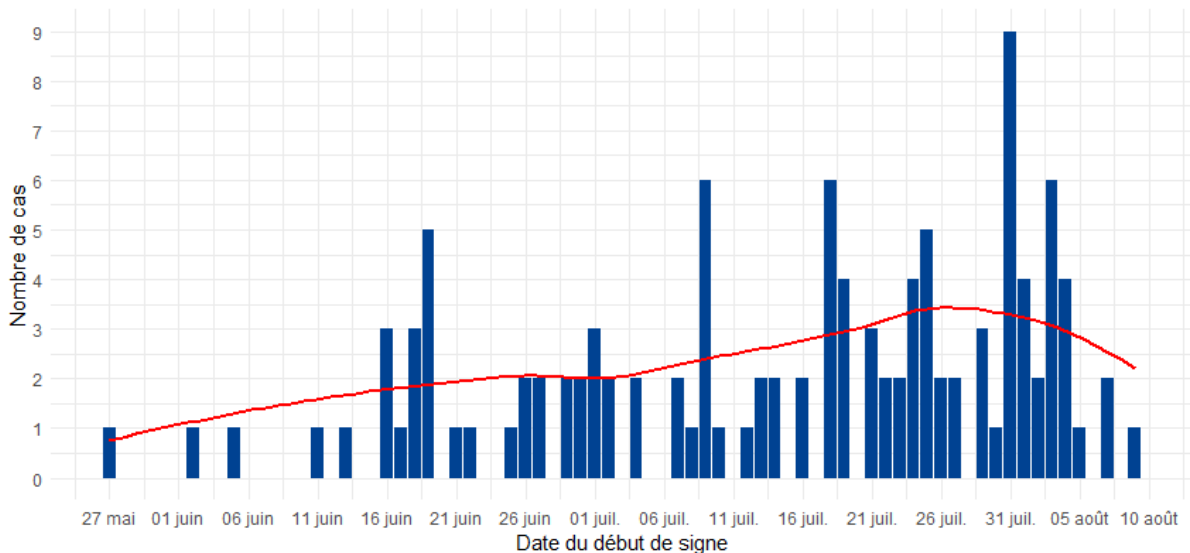


Figure 9 Courbe épidémique des cas autochtones de chikungunya – France métropolitaine, mai-août 2025

Source de données : Santé publique France

Les premiers cas sont apparus à la fin du mois de mai, suivis d'une augmentation progressive des notifications durant le mois de juin. Plusieurs pics sont observés : un premier autour de la mi-juin, un second à la mi-juillet, et un pic majeur à la fin du mois de juillet (jusqu'à 9 cas développant les symptômes le même jour). Au 12 août, la saison n'est pas encore finie, il manque probablement des cas non encore signalés. Après ce maximum pendant la période de rédaction de ce mémoire, le nombre de nouveaux cas a légèrement diminué, tout en restant élevé au début du mois d'août, indiquant la poursuite de la transmission autochtone à cette période, mais il est probable qu'à la fin de la saison, nous constaterons que la tendance continuait à augmenter. Cette dynamique suggère une circulation virale active sur une période d'environ deux mois et demi (à la date du 12 août), avec des fluctuations probablement liées à la survenue de foyers géographiquement distincts et à l'intensité des investigations entomologiques et des mesures de lutte antivectorielle mises en place.

3.1.3 Caractéristique épidémiologique

Parmi les 23 épisodes autochtones investigués, l'origine du cas primaire importé de la transmission a pu être identifiée avec certitude dans 10 épisodes, listés dans le Tableau 2 (en raison des données confidentielles, les deux colonnes sont enlevées dans le tableau). La quasi-totalité de ces cas index revenaient d'un séjour dans les îles du sud-ouest de l'océan Indien : 7 de La Réunion, 1 de Madagascar, et 2 épisodes pour lesquels le lieu de retour du cas primaire n'a pas pu être déterminé.

La distance maximale observée entre les cas au sein d'un même épisode variait de 0 mètre (cas cohabitant) à 4km, avec la majorité des foyers présentant une dispersion inférieure

à 300 mètres. Cette distance reflète l'extension spatiale limitée de la transmission vectorielle est cohérente avec le comportement de dispersion du moustique vecteur *Aedes albopictus*. Les rares distances supérieures à 500 m correspondent à des situations particulières (multiples zones de circulation ou liens épidémiologiques complexes). Pour l'instant, les acteurs coopèrent bien pour contrôler, investiguer et limiter la gamme d'activité des moustiques et réussir à contenir la transmission.

Sur le plan démographique, 115 cas autochtones ont été recensés, dont 50 femmes (43.5 %) et 65 hommes (56.5 %). L'âge des cas variait de 2 à 84 ans, avec une moyenne de 50,6 ans et une médiane de 56 ans. La distribution par tranches d'âge montre une prédominance des cas chez les adultes d'âge moyen et plus âgés, particulièrement dans les classes d'âge 60-69 ans (23.5 %), 50-59 ans (20.0 %) et 70-79 ans (15.7 %). Les enfants et adolescents (< 20 ans) représentent moins de 12 % des cas.

Sexe	Nombre de cas	Pourcentage
Féminin	50	43.5%
Masculin	65	56.5%

Age	Nombre de cas	Pourcentage
0 – 9	5	4.3%
10 – 19	8	7.0%
20 – 29	8	7.0%
30 – 39	9	7.8%
40 – 49	16	13.9%
50 – 59	23	20.0%
60 – 69	27	23.5%
70 – 79	18	15.7%
80 - 89	1	0.9%

3.2 Délais de notification et réactivité du système

3.2.1 Délai de signalement par cas

Parmi les cas autochtones de chikungunya recensés entre mai et août 2025, le délai entre la date de début des signes (DDS) et la date de signalement variait de 0 à 46 jours, avec une médiane de 7 jours (IQR : 3–11) et une moyenne de 8.6 jours (écart-type : 7.6 jours). La distribution des délais (Figure 10, gauche) montre une concentration des signalements dans les dix premiers jours suivant l'apparition des symptômes, avec un pic au jour 0 correspondant aux notifications quasi-instantanées (souvent en contexte d'investigation active). Toutefois, des valeurs extrêmes ont été observées, dépassant 30 jours pour 4 cas, traduisant des signalements tardifs. Le boxplot (Figure 10, droite) met en évidence cette dispersion, avec plusieurs valeurs aberrantes situées au-delà du 3^e quartile.

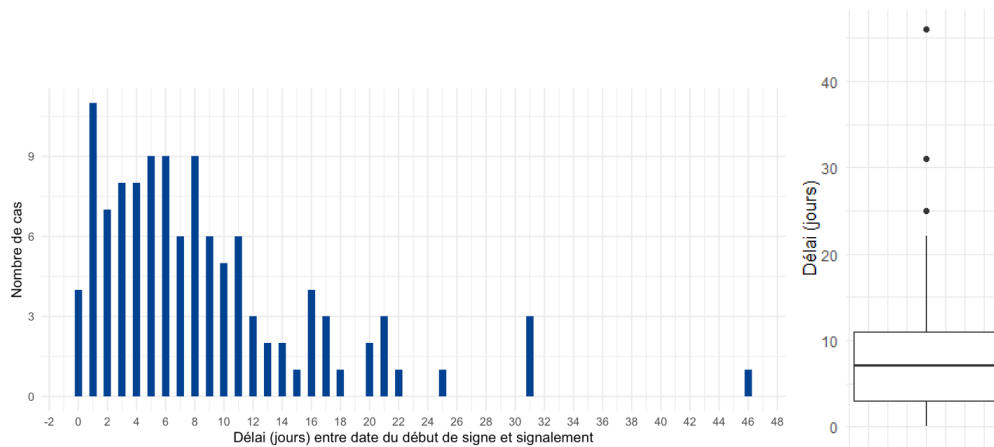


Figure 10 Délais entre l'apparition des symptômes des cas et le signalement des cas

La distribution des données relative au délai entre la DDS et le signalement est asymétrique, avec une queue vers la droite, traduisant que si une proportion importante de cas est signalée rapidement, quelques cas non négligeables restent identifiés avec un délai significatif. Ce délai peut affecter l'efficacité des mesures de lutte antivectorielle déclenchées après détection. En épidémiologie des maladies à transmission vectorielle, l'intervention précoce, idéalement dans les premiers jours suivant l'apparition des symptômes menées sur des épisodes de chikungunya en France métropolitaine a montré dans des scénarios simulés que le déploiement des mesures antivectorielles 10 jours plus tôt que l'intervention faite à cette époque-là (délai de 0 à 90 jours entre le signalement et la date du début de signe du cas primaire, 2014-2017) aurait permis de réduire de 30 à 40% le nombre de cas, alors qu'un retard de 10 jours aurait augmenté la taille de l'épisode de 65 à 100% (Jourdain et al., 2022; SPF, 2014).

L'analyse conjointe des dates de début des signes et de signalement (Figure 11) illustre ce décalage temporel : les barres verticales indiquent le nombre de cas selon la DDS (rose) et le signalement (bleu), tandis que les courbes lissées (méthode LOESS) (« Régression locale », 2025) permettent d'atténuer la variabilité journalière et de dégager la tendance générale. On observe que les signalements suivent globalement la dynamique des débuts de signes, mais avec un léger retard en début de période. Ce décalage se réduit progressivement et, début août, la courbe des signalements dépasse temporairement celle des DDS, suggérant l'accumulation puis le traitement groupé de notifications. Toutefois, ces données journalières

peuvent être soumises à des fluctuations importantes liées au hasard, à des retards de déclaration ou à des regroupements de signalements.

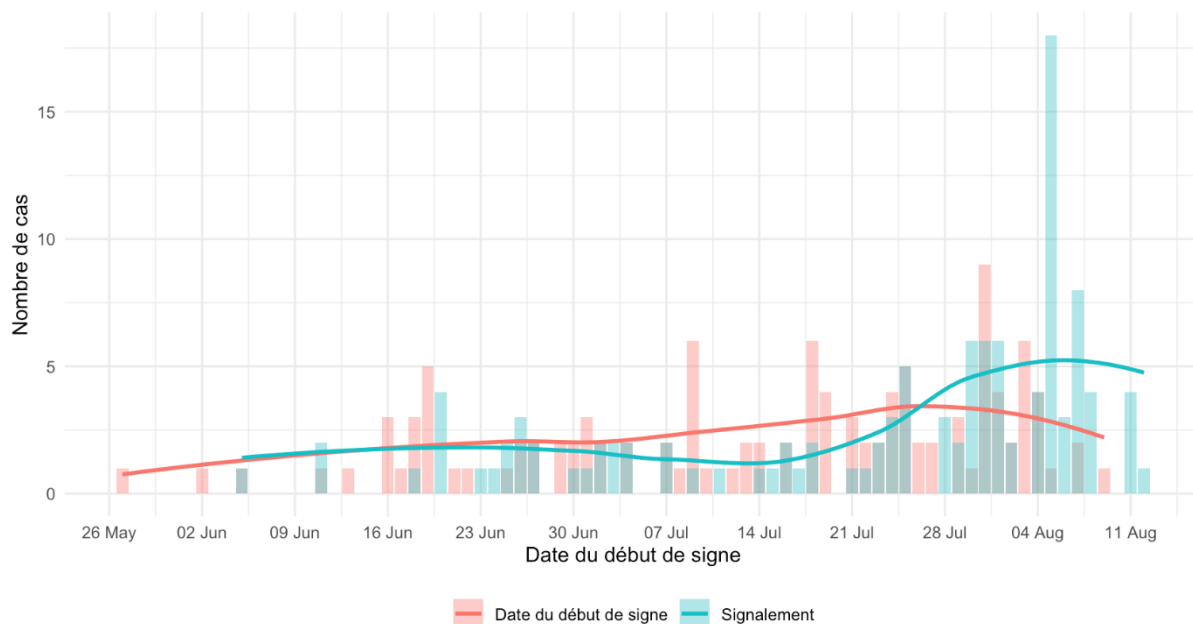


Figure 11 Distribution conjointe et tendances lissées des dates de début des signes et de signalement des cas autochtones de chikungunya — France métropolitaine, mai-août 2025

3.2.2 Délai entre la date du début de signe du premier cas et le signalement

Parmi les 23 épisodes identifiés, le délai médian entre la date de début des signes du premier cas et le signalement était de 8 jours (IQR = 5–13 jours), avec une moyenne de 10,0 jours (écart-type = 7,9 ; min–max = 1–30 jours). La distribution montre une forte hétérogénéité, avec plusieurs épisodes signalés précocement (≤ 5 jours) et d'autres avec des délais prolongés (> 15 jours), décrite dans la Figure 12.

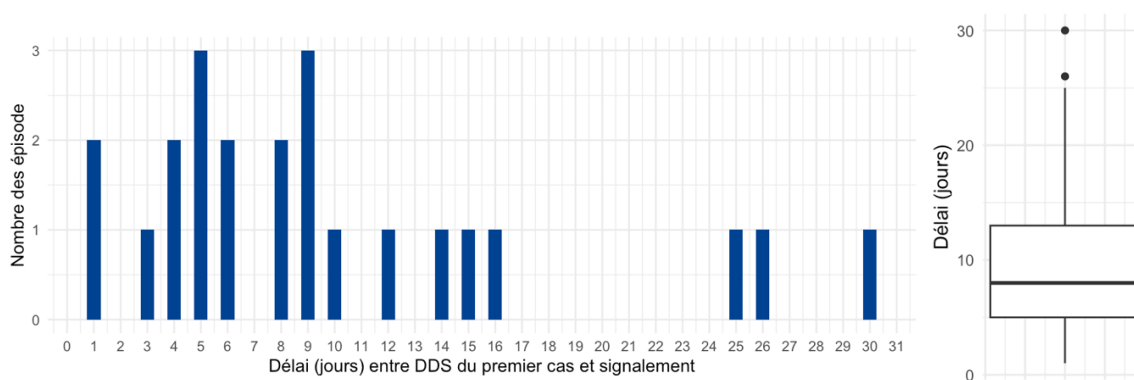


Figure 12 Délais entre date du début de signe des premiers cas de chaque épisode et le signalement

La courbe épidémique cumulée (Figure 13) met en évidence un décalage temporel constant entre les DDSs et les dates de signalement : le nombre d'épisodes détectés par

signalement reste systématiquement inférieur ou décalé par rapport à celui basé sur les DDSs. Ce constat illustre une perte de réactivité du système de surveillance, particulièrement au cœur de l'épidémie (fin juin – fin juillet). Par ailleurs, alors que l'épidémie continuait sa progression, une diminution temporaire des signalements a été observée. Cette baisse a ensuite été suivie par l'apparition de plusieurs groupements de signal, traduisant à la fois un retard de détection et une détection en bloc lors d'investigations plus approfondies.

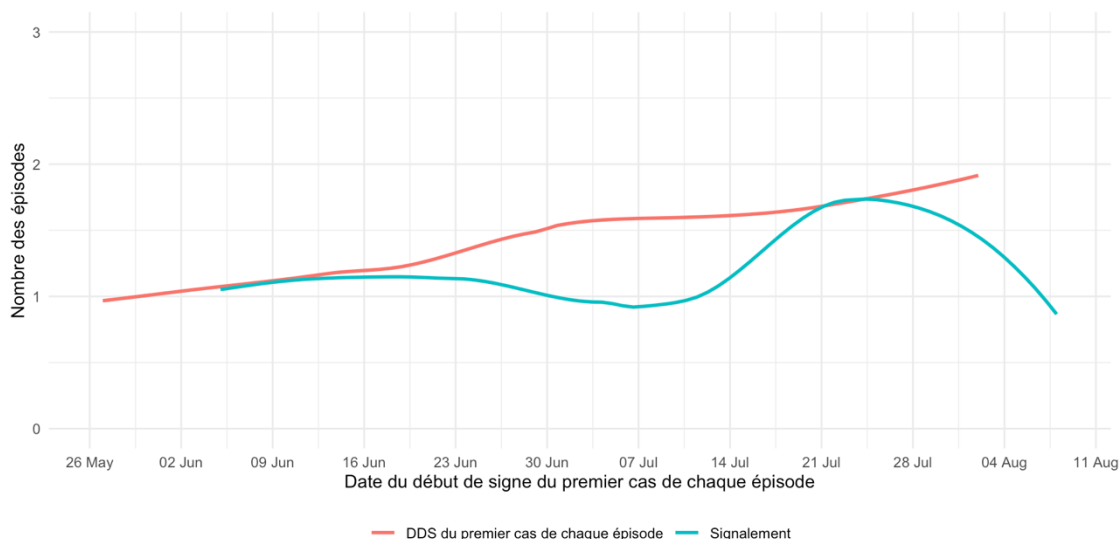


Figure 13 Tendances lissées entre dates du début de signe des premiers cas de chaque épisode et date du signalement— France métropolitaine, mai-août 2025

3.3 Modalités de détection et de signalement

Parmi ces 115 cas, 57.4% (66/115) des cas sont signalés par un professionnel de santé (DO, fiche de signalement), ou par le rattrapage de laboratoire, 30.4% (35/115) des cas sont identifiés par l'enquête en porte-à-porte et 12.2% (14/115) des cas sont identifiés par l'interrogatoire d'un autre cas comme indiqué dans le Tableau 3.

Tableau 3 Nombre et pourcentage des cas identifiés selon le mode de signalement

Mode de signalement	Nombre de cas (n)	Pourcentage (%)
Cas confirmé ou probable signalé par un professionnel de santé (DO, fiche de signalement) / Cas identifié par le rattrapage laboratoire	66	57.4
Cas identifié par l'enquête en porte-à-porte	35	30.4
Cas identifié par l'interrogatoire d'un autre cas	14	12.2
Total	115	100

Afin de comparer la distribution des cas entre les différents modes de signalement, un test du χ^2 d'adéquation (Chi-square goodness-of-fit test (« Goodness of Fit », 2025)) a été

réalisé pour comparer la distribution observée des cas selon les modes de signalement, en testant l'hypothèse nulle d'une répartition uniforme entre les trois catégories (seuil de significativité $\alpha = 0,05$). Les conditions d'application du test étaient respectées (effectifs théoriques > 5 , indépendance des observations).

La répartition des cas diffère significativement selon le mode de signalement ($\chi^2 = 35.704$; ddl = 2 ; $p = 1.766e-08 < 0,001$). Les cas signalés par un professionnel de santé (DO, fiche de signalement) ou par le rattrapage laboratoire ou cas suspects signalés par un professionnel de santé représentent la proportion la plus importante (57.4 %), suivis des cas identifiés lors d'une enquête en porte-à-porte (30.4 %). Les cas issus de l'interrogatoire d'un autre cas (12.2 %) sont moins fréquents.

Ces résultats soulignent le rôle central du signalement par les professionnels de santé dans la détection des cas. Toutefois, près d'un tiers des cas ont été identifiés grâce à l'enquête en porte-à-porte, ce qui met en évidence l'importance des stratégies de recherche active lors d'un épisode de transmission. Les autres modes de signalement, bien que moins représentés, peuvent contribuer à la détection de chaînes de transmission moins visible.

L'analyse croisée entre le mode de signalement et le délai entre la DDS et la notification des cas (Tableau 4) montre que, parmi les 115 cas autochtones, 66 % ont été signalés dans un délai inférieur ou égal à 7 jours. Les cas notifiés par un professionnel de santé (déclaration obligatoire, fiche de signalement), identifiés par rattrapage laboratoire ou par suspicion clinique, sont répartis équitablement entre signalements précoces (≤ 7 jours, 33 cas) et tardifs (> 7 jours, 33 cas). Les cas détectés lors d'enquêtes entomologiques en porte-à-porte présentent une proportion légèrement plus élevée de signalements précoces (22 versus 13), tandis que ceux identifiés par l'interrogatoire d'un autre cas sont distribués de manière symétrique (7 versus 7).

Tableau 4 Tableau croisé entre le mode de signalement et le délai entre la date du début de signe et le signalement

Mode de signalement / délai entre date du début de signe et signalement	0 – 7 jours	>7 jours
Cas confirmé ou probable signalé par un professionnel de santé (DO, fiche de signalement) / Cas identifié par le rattrapage laboratoire / cas suspect signalé par un professionnel de santé	33	33
Cas identifié par l'enquête en porte-à-porte	22	13
Cas identifié par l'interrogatoire d'un autre cas	7	7
Total	62	53

Le test du χ^2 de Pearson ($X^2 = 1,62$; ddl = 2 ; p = 0,445) n'a pas mis en évidence d'association statistiquement significative entre le mode de signalement et le délai de notification, suggérant que la rapidité de signalement est indépendante de la voie par laquelle les cas ont été identifiés. Cette absence d'association pourrait être liée à l'hétérogénéité des contextes de détection (par exemple, détection proactive en période d'investigation versus détection passive via recours aux soins) et à la taille encore limitée de l'échantillon analysé.

En résumé, l'analyse descriptive des épisodes autochtones de chikungunya survenus en France hexagonale entre mai et août 2025 met en évidence une diffusion géographiquement hétérogène mais concentrée dans le sud du territoire, ainsi qu'une dynamique temporelle marquée par plusieurs pics successifs de cas. Les caractéristiques épidémiologiques confirment l'implication de cas index importés dans la majorité des foyers et soulignent la dispersion spatiale limitée, cohérente avec le comportement d'*Aedes albopictus*.

L'étude des délais de signalement révèle, malgré une proportion notable de notifications précoces, la persistance de délais plus longs pour certains cas. Ces retards doivent être interprétés avec nuance : ils reflètent d'une part des contraintes organisationnelles ou diagnostiques, mais aussi des situations inévitables, comme l'existence de formes asymptomatiques ou paucisymptomatiques non détectées.

Par ailleurs, il convient de souligner que l'efficacité et la rapidité de certaines mesures de contrôle, notamment les interventions de démoustication, ont permis d'éviter le développement ou l'extension de plusieurs foyers. Enfin, la diversité des modalités de détection — allant du signalement médical aux enquêtes en porte-à-porte — illustre la complémentarité des canaux de surveillance et constitue un atout pour limiter la transmission virale.

3.4 Initiation au Data Analyse

"We should take care not to make the intellect our god. It has of course powerful muscles but no personality. It cannot lead, it can only serve, and it is not fastidious in its choice of a leader"
—Albert Einstein, 1943.

La transmission de maladies vectorielles telles que le chikungunya est influencée par de multiples facteurs : climatiques, écologiques, voire socio-économique, liés aux cas importés, aux épidémies circulantes dans les départements et territoires ultramarins et dans le Monde, et aux interventions de santé publique (Lambrechts et al., 2011; Mordecai et al., 2017; M. C. Paty et al., 2014; M.-C. Paty et al., 2024; Roiz et al., 2024). Ces déterminants sont nombreux et potentiellement non linéaires ou interactifs (par exemple, la température agit sur la longévité du moustique, la fréquence des piqûres et la durée d'incubation extrinsèque du

virus ; des travaux ont montré qu'un intervalle de 18 à 34°C est propice à la transmission, avec un optimum situé entre 26 et 29°C) (Lambrechts et al., 2011; Mordecai et al., 2017). Dans un contexte où le nombre de cas autochtones demeure limité, les modèles de régression multiparamétriques classiques peinent à satisfaire les hypothèses de linéarité, d'indépendance et de taille d'échantillon suffisante, ce qui conduit à des résultats instables ou biaisés. C'est pourquoi, avant toute modélisation causale, je propose une approche exploratoire fondée sur la forêt aléatoire (Random Forest, RF) (« Forêt d'arbres décisionnels », 2025) afin d'identifier et de caractériser les covariables influençant la taille des foyers autochtones (Nb_cas), en mettant l'accent sur les délais de signalement et d'intervention (delai_dds_sign, delai_dds_lav), les indicateurs liés aux cas importés et la température moyenne (temp_moyenne). Cette approche est une initiation aux Machine Learning et Data Analyse, et son déploiement nécessite l'utilisation du package de R randomforest (Breiman et al., 2024) pour essayer de hiérarchiser dans un premier temps les variables simples, en évitant de raisonner par moi-même pour obtenir un modèle complexe.

Les principales caractéristiques de la RF sont les suivantes : (i) une bonne performance prédictive et une généralisation robuste, (ii) la capacité à traiter un grand nombre de variables explicatives sans sélection préalable ; (iii) l'estimation de l'importance des variables, via les indices de Gini ou la permutation aléatoire ; (iv) l'erreur hors sac (OOB), qui fournit une estimation quasi non biaisée de l'erreur de généralisation au cours même de l'entraînement ; et (v) la prise en compte de relations non linéaires et d'interactions entre variables, avec la possibilité d'identifier des valeurs atypiques ou de réaliser une exploration non supervisée via les mesures de proximité (« Forêt d'arbres décisionnels », 2025; Galasso et al., 2022).

Ainsi, dans ce contexte, la forêt aléatoire constitue un outil non paramétrique particulièrement adapté à une phase exploratoire et à l'établissement d'une hiérarchisation des variables.

Tableau 5 résumé des variables dans les épisodes autochtones

Région	Département	Commune	Nb_cas	DDS_1	DDS_dernier	Duree	LAV1	ddsignalement	cas_importe	temp_moyenne	temp_min	temp_max
Occitanie	Hérault	Prades-le-Lez	1	2025-05-27	2025-05-27	1	2025-06-18	2025-06-05	51	24	23	26
PACA	Var	La Crau	2	2025-06-02	2025-06-05	4	2025-06-13	2025-06-11	43	24	23	26
Occitanie	Gard	Bernis	1	2025-06-11	2025-06-11	1	2025-06-26	2025-06-23	21	24	17	30
AuRA	Drôme	Montoisson	3	2025-06-13	2025-06-19	7	2025-06-24	2025-06-18	11	27	21	34
PACA	Bouches-du-Rhône	Salon-de-Provence	13	2025-06-16	2025-06-30	15	2025-07-18	2025-07-11	76	25	22	28
PACA	Var	Toulon	1	2025-06-16	2025-06-16	1	2025-06-25	2025-06-20	43	24	23	26
Corse	Corse du Sud	Grosseto-Prugna	14	2025-06-19	2025-08-01	44	2025-06-25	2025-06-20	3	25	21	29
Grand-Est	Bas-Rhin	Lipsheim	1	2025-06-26	2025-06-26	1	2025-07-02	2025-06-27	38	23	17	29
PACA	Bouches-du-Rhône	Vitrolles	23	2025-06-29	2025-08-04	37	2025-08-01	2025-07-25	76	19	15	23
Occitanie	Hérault	Castries	12	2025-06-30	2025-07-26	27	2025-07-13	2025-07-08	51	26	23	29
AuRA	Isère	Claix	5	2025-07-01	2025-07-27	27	2025-07-11	2025-07-07	58	24	20	27
PACA	Var	Fréjus	4	2025-07-01	2025-08-03	34	2025-08-04	2025-07-31	43	27	21	34
Nouvelle-Aquitaine	Charente	Val-de-Cognac	5	2025-07-01	2025-08-03	34	2025-07-09	2025-07-04	4	23	17	29
PACA	Alpes-Maritimes	Antibes	5	2025-07-09	2025-07-31	23	2025-07-31	2025-07-18	26	25	23	27
Nouvelle-Aquitaine	Pyrénées-Atlantiques	Hendaye	3	2025-07-09	2025-07-24	16	2025-08-02	2025-07-25	18	23	17	29
Occitanie	Gard	Poullx-Caveirac (8+4)	12	2025-07-10	2025-08-07	29	2025-07-30	2025-07-25	21	21	15	27
Nouvelle-Aquitaine	Landes	Dax	1	2025-07-19	2025-07-19	1	2025-07-28	2025-07-23	22	24	21	28
PACA	Alpes-Maritimes	Auribeau-sur-Siagne	1	2025-07-21	2025-07-21	1	2025-08-13	2025-08-04	26	24	20	23
BFC	Côte d'Or	Dijon	2	2025-07-21	2025-07-24	4	2025-08-05	2025-07-31	15	21	15	26
Nouvelle-Aquitaine	Dordogne	Bergerac	2	2025-07-31	2025-08-03	4	2025-08-11	2025-08-08	9	27	21	33
Corse	Haute-Corse	Ghisonaccia	2	2025-07-31	2025-07-31	1	2025-08-11	2025-08-06	7	23	15	23
PACA	Alpes-Maritimes	Nice	1	2025-07-31	2025-07-31	1	2025-08-07	2025-08-05	26	23	17	29
AuRA	Isère	Eybens	1	2025-08-02	2025-08-02	1	2025-08-13	2025-08-07	58	27	23	30

Variables dépendantes (Y) : Nb_cas, nombre de cas dans un foyer. Bien que la taille de l'échantillon soit limitée, cette variable est adaptée à une analyse exploratoire de l'importance des covariables et des dépendances partielles.

Variables indépendantes (X) : trois catégories d'expositions identifiées dans le tableau :

delai_sign : délai (en jours) entre la date du premier cas déclaré (DDS) et la notification du signalement.

delai_lav : délai (en jours) entre la date du premier cas déclaré (DDS) et la première intervention de lutte antivectorielle (LAV).

cas_importe : Nombre de cas importés depuis 1^{er} janvier 2025 jusqu'au 12 août 2025 dans chaque département donné.

temp_moyenne : Température moyenne du département donné pendant la période de la transmission, toutes les données de la température viennent du site Historique-Météo⁴

⁴ <https://www.historique-meteo.net/>

3.4.1 Traitement des données manquantes

Parmi les variables renseignant la date de l'intervention de lutte antivectorielle (LAV1), certaines dates précises manquaient, bien que toutes les communes aient effectivement mis en œuvre une intervention initiale. Étant donné que le package randomForest de R n'autorise pas la présence de valeurs manquantes (car la construction des arbres nécessite une valeur numérique pour permettre la division des nœuds), une étape préalable d'imputation a été nécessaire (Breiman et al., 2024). Pour pallier ces absences, j'ai estimé les dates manquantes de LAV1 en utilisant la valeur moyenne observée du délai entre la date du signalement et le premier traitement, calculée sur les foyers disposant d'une information complète. Ce choix repose sur une hypothèse raisonnable d'homogénéité opérationnelle dans les délais d'intervention entre territoires, en l'absence d'information locale spécifique. Il s'agit d'une méthode d'imputation déterministe basée sur des connaissances du terrain et compatible avec une approche exploratoire de type machine learning (Imbert & Vialaneix, 2018). Tableau 6 présente les résultats faits par le package de R et leurs interprétations. Figure 14 fait la visualisation de la hiérarchie de l'importance de ces variables.

3.4.2 Hiérarchiser l'importance des variables à l'aide de forêts aléatoires pour surligner les enjeux dans la surveillance des cas autochtones de chikungunya en France hexagonale de l'année 2025

Tableau 6 résultat du forêt aléatoire

Variable	%IncMSE	IncNodePurity	Interprétation
Duree	17.35	152.84	La variable la plus importante, indiquant que la durée de la transmission est le facteur dominant dans la prédiction du nombre de cas
cas_importe	7.81	131.98	La forte corrélation indique que le nombre de cas importés joue un rôle important dans l'ampleur de la transmission locale
delai_sign	3.58	97.11	Modérément important, plus le temps d'intervention en cas d'éclosion est court ou rapide, moins le nombre de cas peut être élevé.
delai_lav	1.65	97.43	Faible impact et hautement colinéaire avec delai_sign, mais je fais ici une interprétation prudente, parce qu'à cause de l'insuffisance des données et la colinéarité entre cette variable et delai_sign, c'est en fait la mesure de démoustication qui peut contrôler la taille de foyer.
temp_moyenne	0.00	109.65	Il y a une certaine contribution, suggérant que les conditions climatiques affectent le potentiel de transmission

Deux indicateurs d'importance des variables ont été utilisés :

- %IncMSE : il reflète la perte de performance du modèle (augmentation de l'erreur) lorsqu'une variable est aléatoirement permutée. Un score élevé indique que la variable est essentielle pour la précision des prédictions (Greenwell, s. d.; Prasad et al., 2006; Soil Survey, 2025).
- IncNodePurity : il mesure la réduction moyenne de l'impureté des nœuds (erreur résiduelle) lorsque la variable est utilisée pour une division dans l'arbre. Il reflète l'utilisation structurelle de la variable dans le modèle (Greenwell, s. d.; Prasad et al., 2006; Soil Survey, 2025).

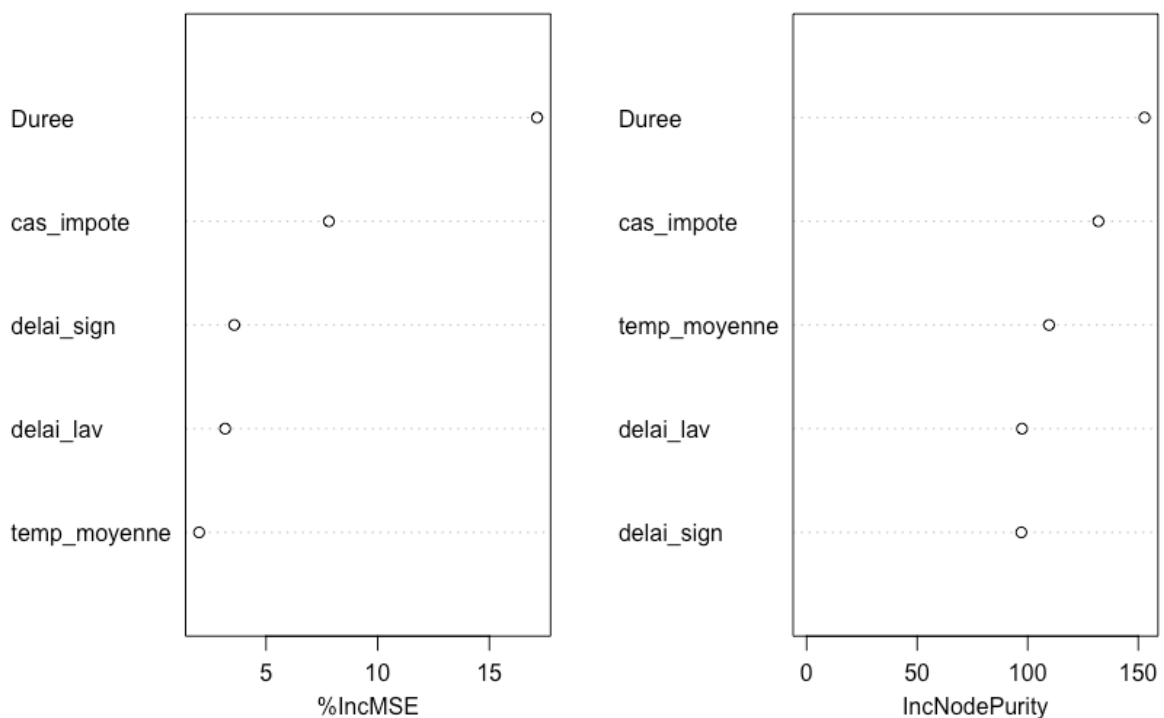


Figure 14 Importance des variables

Bien que les deux mesures soient souvent corrélées, le %IncMSE est généralement considéré comme plus robuste et interprétable, car il reflète directement l'impact sur la performance prédictive (Gregorutti et al., 2013).

Une analyse par forêt aléatoire a été menée afin d'identifier les déterminants majeurs du nombre de cas autochtones (Nb_cas) pour les épisodes de transmission de chikungunya en France hexagonale. Le modèle explique environ 31 % de la variance totale, ce qui est acceptable compte tenu du nombre limité d'observations et de la variabilité contextuelle. De toutes façons, comme une initiation au Data Analyse, je décide de continuer cette analyse et obtenir d'abord une perspective globale.

Parmi les variables incluses (Figure 14), la durée de l'épisode ressort comme le prédicteur le plus important (%IncMSE = 17.3), suivi du nombre de cas importés (7.8) et du délai de signalement (3.58).

Ces résultats soulignent que la dynamique temporelle (durée, délai) et l’amorce par cas importé sont plus déterminantes que les conditions climatiques moyennes dans l’explication des foyers autochtones. Les variables *delai_lav* (délai jusqu’à l’intervention de lutte) et *temp_moyenne* (température moyenne durant l’épisode) montrent des contributions plus faibles. Fait intéressant, bien que *temp_moyenne* n’augmente pas directement l’erreur du modèle, sa forte valeur de IncNodePurity (**109**) indique que cette variable est régulièrement utilisée dans les décisions internes des arbres, bien qu’elle soit substituable sans impact sur la performance globale.

Une analyse exploratoire des corrélations entre variables a été réalisée à l’aide du coefficient de Pearson, effectuée par le package R *corrplot* (Wei & Simko, 2024), comme illustré à la Figure 15. Cette matrice révèle plusieurs relations significatives :

- Une forte corrélation positive ($r = 0,76$) est observée entre la durée de l’épisode et le nombre de cas autochtones, confirmant le rôle central de ce paramètre dans l’intensité de la transmission locale.
- Le délai de signalement (*delai_sign*) et le délai d’intervention (*delai_lav*) présentent des corrélations modérées avec le nombre de cas ($r \approx 0,45$), suggérant l’impact potentiel de la réactivité du système sur la dynamique de l’épisode.

D’un point de vue méthodologique, la matrice met en évidence une colinéarité très forte ($r = 0,95$) entre *delai_sign* et *delai_lav*, ce qui pourrait poser un problème dans les modèles linéaires ou paramétriques. Il en va de même pour les variables climatiques, fortement interdépendantes ($r > 0,69$), ce qui justifie leur regroupement ou leur sélection prudente dans les analyses multivariées ultérieures.

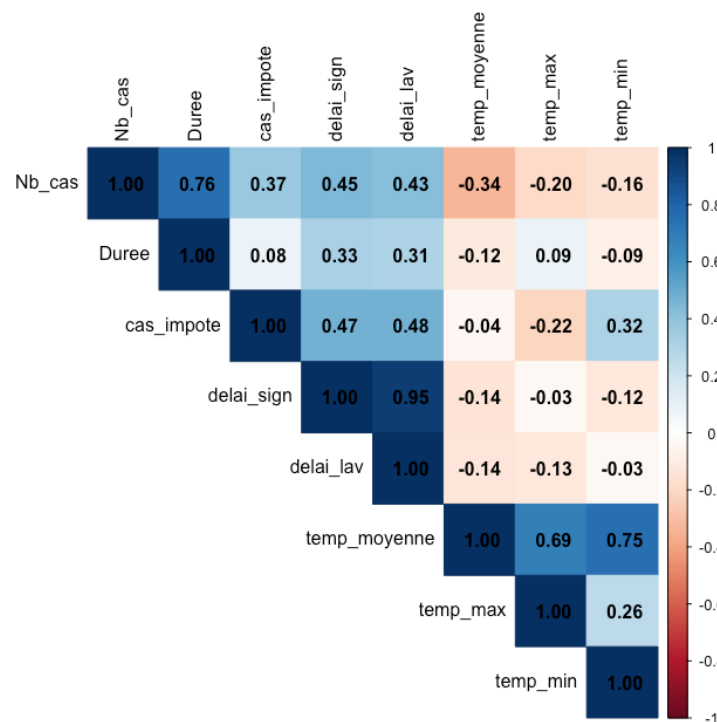


Figure 15 Matrice de corrélation de Pearson entre les variables explicatives et la variable cible (*Nb_cas*)

L'ensemble des résultats issus du modèle de forêt aléatoire met en évidence plusieurs déterminants clés du nombre de cas autochtones observés au cours des épisodes étudiés. La variable la plus prédictive est la durée de l'épisode (Duree), fortement corrélée au nombre de cas, suivie par le nombre de cas importés (cas_importe) et les délais opérationnels (delai_sign, delai_lav), qui témoignent de l'importance de la réactivité des dispositifs de surveillance et de lutte. L'analyse des corrélations a permis d'identifier des situations de multicollinéarité, notamment entre delai_sign et delai_lav, ainsi qu'entre les différentes mesures de température, suggérant une nécessaire prudence dans leur intégration conjointe dans les modèles explicatifs.

4 Discussion

4.1 Résumé des principaux résultats

L'analyse conduite sur la première partie de la saison estivale 2025 met en évidence un nombre inédit de 23 épisodes autochtones de chikungunya, totalisant 115 cas recensés à la date du 12 août. Ces épisodes se sont concentrés dans le sud de la France métropolitaine (notamment en Provence-Alpes-Côte d'Azur et en Occitanie), mais des foyers ont également été observés dans d'autres régions (Nouvelle-Aquitaine, Auvergne-Rhône-Alpes, Bourgogne-Franche-Comté, Grand Est, et Corse), illustrant une dispersion géographique plus large que lors des années précédentes.

La dynamique temporelle des flambées a montré une succession de pics de transmission, avec un premier signal fin mai, puis une intensification entre mi-juin et fin juillet. La durée des épisodes était très hétérogène : d'un seul à quelques jours pour les cas isolés à plus de 4–6 semaines pour les clusters les plus importants (Vitrolles, Grosseto-Prugna, Fréjus, Poulx-Caveirac).

Sur le plan épidémiologique, l'origine importée des épisodes a pu être confirmée dans une dizaine de foyers, principalement à partir de cas revenant de La Réunion mais aussi de Madagascar. La dispersion spatiale des cas à l'intérieur des foyers est restée limitée (< 300 m dans la majorité des situations), cohérente avec l'écologie d'*Aedes albopictus*. L'analyse démographique a montré une prédominance des cas adultes d'âge moyen et plus âgés (moyenne 50,6 ans, médiane 56 ans), avec une répartition par sexe légèrement en faveur des hommes (56,5 %).

Concernant la réactivité du système de surveillance, le délai médian entre le début des signes et le signalement était de 8 jours pour les cas individuels et de 10 jours pour les premiers cas d'épisode, avec une grande variabilité (0 à 46 jours). Malgré la fréquence de notifications précoces, un peu de retard substantiel a été constaté dans quelques épisodes. Ces délais n'ont pas montré d'association significative avec le mode de signalement, mais ils soulignent la persistance de marges de progrès dans la détection précoce, même si, globalement, les délais étaient courts et on certainement contribué à l'absence de foyer incontrôlé (comme cela été le cas en Italie en 2007 et 2017) à la date de rédaction de ce rapport.

Enfin, l'analyse exploratoire par forêt aléatoire a identifié la durée de l'épisode comme principal déterminant du nombre de cas autochtones, suivie du nombre de cas importés depuis 1er janvier 2025 et du délai de signalement. Ces résultats confirment l'importance du contrôle rapide des foyers et de la surveillance des cas importés, alors que les variables climatiques n'ont joué qu'un rôle secondaire dans ce jeu de données restreint.

En résumé, cette étude confirme à la fois la capacité persistante d'*Aedes albopictus* à maintenir une transmission autochtone en France hexagonale et les défis opérationnels liés

aux délais de signalement et d'intervention, tout en mettant en lumière la diversité géographique et démographique des foyers observés en 2025.

4.2 Mise en perspective par rapport à la littérature

Les résultats obtenus pour l'été 2025 s'inscrivent dans la continuité des épisodes autochtones de chikungunya déjà documentés en France métropolitaine. Depuis l'implantation d'*Aedes albopictus* au début des années 2000, plusieurs épisodes limités ont été décrits : un premier foyer de deux cas en 2010 dans le Var (Grandadam et al., 2011), un épisode plus important de 11 cas à Montpellier en 2014 (Delisle et al., 2015), puis deux clusters en 2017 dans le Var et l'Hérault, totalisant 17 cas autochtones (SPF & Calba, 2018). Par rapport à ces précédents, la saison 2025 se distingue par un nombre nettement plus élevé et précoce de foyers (23 épisodes, 115 cas), traduisant à la fois une intensification du risque et une amélioration de la capacité de détection.

Au niveau européen, les épisodes autochtones rapportés en Italie et en Espagne confirment que la transmission locale de chikungunya est possible dans d'autres zones tempérées. L'Italie a connu un foyer majeur en Émilie-Romagne avec 205 cas entre 4 juillet et 27 septembre 2007 (Rezza et al., 2007; Venturi et al., 2017) et précisément, à la fin de cette session de 2007, l'ECDC a noté près de 330 cas autochtones en Italie (ECDC, 2017) ; puis un nouvel épisode en 2017 dans la région du Latium avec un foyer secondaire en Calabre avec totalement près de 500 cas confirmés ou probable rapportés dans les études (ECDC, 2019; Rezza, 2018; Riccardo et al., 2019). L'Espagne a aussi documenté dizaine cas autochtones en 2022 (Chikungunya Virus Disease - Annual Epidemiological Report for 2022, 2024). En comparaison, les foyers français de 2025 présentent des caractéristiques intermédiaires : géographiquement étendus vers le nord, plus nombreux et dispersés que les précédents épisodes français, ce qui souligne une capacité d'implantation désormais bien établie d'*Aedes albopictus* dans plusieurs régions hexagonales tempérées.

La cohérence avec la littérature est également retrouvée concernant le rôle central des cas importés comme déclencheurs de transmission locale. Dans la majorité des épisodes français comme européens, un cas index revenant d'une zone d'endémie (principalement l'océan Indien, l'Afrique ou les Caraïbes), où colonise l'*Aedes albopictus* auquel la souche de chikungunya virus adapte, a été identifié (Delisle et al., 2015; SPF & Calba, 2018). Ce schéma est similaire à celui décrit en Italie en 2007, où l'introduction du virus au niveau local provenait d'un voyageur infecté en Inde (Rezza et al., 2007). De même, la dispersion spatiale limitée des cas (souvent < 300 m) observée en 2025 est en accord avec les études précédentes sur le faible rayon de vol d'*Aedes albopictus* (Delisle et al., 2015).

En revanche, certaines efficacités apparaissent. Les délais de signalement observés en 2025 (médiane de 8 jours) sont plus courts que ceux rapportés dans la littérature lors d'épisodes antérieurs en France, où la détection était moins rapide (Delisle et al., 2015).

L'efficacité de la détection et de l'investigation des cas autochtones montre que le système est beaucoup plus habituel aux arboviroses et leurs élargissements vers les pays tempérés. Des modélisations suggèrent que leur efficacité décroît rapidement avec le retard de mise en œuvre (Jourdain et al., 2022), ce qui souligne l'importance d'une détection précoce et de l'adaptabilité de notre système.

En résumé, les épisodes autochtones de 2025 confirment les tendances déjà documentées en France et dans d'autres pays européens tempérés, tout en marquant une intensification du phénomène par le nombre de foyers et leur dispersion géographique. Cette évolution témoigne à la fois de l'expansion du vecteur, de l'accroissement du flux de cas importés et du renforcement de la surveillance, mais elle met aussi en lumière les défis persistants liés aux délais de signalement, la pression sur les systèmes de surveillance, le contrôle avec multiplication des investigations et des actions de démoustication.

4.3 Forces et limites de l'étude

Cette étude présente plusieurs forces méthodologiques. D'abord, elle repose sur l'exhaustivité des cas autochtones de chikungunya déclarés en France métropolitaine pendant la période considérée. Les données utilisées proviennent de sources officielles centralisées (Santé publique France, ARS, bulletins épidémiologiques), garantissant leur cohérence et leur comparabilité. L'intégration de plusieurs canaux de surveillance (déclarations obligatoires, enquêtes de terrain, rattrapages de laboratoire) a permis de limiter le risque de perte d'information et d'offrir une vision globale des épisodes autochtones. Par ailleurs, la visualisation cartographique et la représentation spatio-temporelle des foyers se sont révélées particulièrement utiles pour appréhender la dynamique de diffusion et pour mettre en évidence la concentration des épisodes dans certaines zones géographiques. Enfin, l'usage d'outils statistiques (analyses descriptives, courbes lissées par LOESS, test du Chi²) a contribué à une interprétation scientifiquement robuste, en réduisant l'effet des fluctuations aléatoires et en objectivant les comparaisons entre groupes.

Néanmoins, l'analyse comporte plusieurs limites qu'il convient de souligner. Les données exploitées restent partielles, car au moment de la rédaction seulement six épisodes autochtones étaient clos, limitant la possibilité de dégager des tendances consolidées, notamment sur la durée moyenne des épisodes. La sous-détection demeure possible, du fait de formes asymptomatiques ou paucisymptomatiques, mais aussi de retards diagnostiques ou de défauts de signalement par les professionnels de santé. Les délais de notification doivent également être interprétés avec prudence : certains reflètent un véritable retard organisationnel, mais d'autres traduisent la détection rétrospective de cas dans le cadre d'investigations de clusters. Sur le plan biologique, l'absence d'analyse de séroprévalence exhaustive a pu conduire à une sous-estimation du nombre réel

d'infections. Sur le plan de santé publique, ce mémoire ne compte pas les facteurs socio-économiques et ne concernent pas les inégalités sociales qui peuvent être engendrées par les maladies infectieuses. Enfin, aucun facteur environnemental ou climatique n'a été intégré à l'analyse, alors qu'il s'agit de déterminants essentiels de la dynamique de transmission des arboviroses, notamment pour *Aedes albopictus*.

Ces forces et limites doivent être prises en compte dans l'interprétation des résultats et invitent à poursuivre les analyses avec des données consolidées, en intégrant notamment des dimensions entomologiques et climatiques pour affiner la compréhension de la dynamique épidémique. De plus, il semblerait pertinent d'évaluer les impacts sanitaire et économique des arboviroses après la saison estivale, afin de comprendre mieux les effets néfastes de ces épisodes sur la santé humaine et la société.

4.4 Implications pour la surveillance et la santé publique

Les résultats de cette étude soulignent plusieurs implications pour la surveillance et la gestion de la santé publique en contexte d'arboviroses émergentes.

L'importance du délai court entre le début des signes et le signalement apparaît déterminante pour l'efficacité des mesures de lutte antivectorielle. Les analyses montrent que les interventions mises en œuvre précocement permettent de limiter l'extension spatiale et temporelle des foyers (Jourdain et al., 2022).

La complémentarité des canaux de détection constitue également un atout pour le dispositif de surveillance. Les cas ont été identifiés par différents vecteurs : signalements de professionnels de santé, résultats de laboratoire, enquêtes de terrain porte-à-porte ou encore interrogatoires d'autres cas. Cette diversité contribue à limiter les pertes d'information et à détecter plus rapidement certains foyers, mais elle souligne également la nécessité d'une meilleure intégration des flux de données pour optimiser la réactivité.

Les résultats mettent aussi en évidence le besoin de renforcer la communication et la sensibilisation des professionnels de santé. Certains retards apparaissent évitables, un effort accru de formation, de rappel des procédures et d'information en période de circulation virale pourrait améliorer la rapidité et la complétude des déclarations, en particulier pour les cas index.

De nombreuses études ont mis en évidence l'existence de relations significatives entre les maladies à transmission vectorielle et des facteurs climatiques tels que la température et l'humidité (Lambrechts et al., 2011; Mordecai et al., 2017). Néanmoins, dans le cadre du présent travail, les données disponibles étaient trop limitées pour démontrer de manière robuste un tel effet sur la dynamique des épisodes autochtones de chikungunya observés en 2025. Cette limite constitue cependant une piste de recherche importante pour l'avenir : l'intégration de variables climatiques et entomologiques dans des modèles prédictifs plus accessibles pourrait permettre d'anticiper la taille et la durée des foyers. L'utilisation de

modèles simplifiés, exploitables en routine par les acteurs de terrain, représenterait un atout opérationnel pour renforcer la surveillance et optimiser les stratégies de lutte antivectorielle.

Enfin, dans une perspective plus large, l'étude illustre l'intérêt d'adapter le système de surveillance dans un contexte de risque croissant. L'extension continue d'*Aedes albopictus* en France métropolitaine, combinée aux effets du changement climatique sur la saisonnalité et la densité vectorielle, accroît la probabilité d'épisodes autochtones plus fréquents et plus étendus dans les années à venir. La mise en place d'outils intégrant données entomologiques, climatiques et épidémiologiques, ainsi que le développement de modélisations prédictives, pourraient renforcer la capacité d'anticipation et de réponse face à une possible endémisation du chikungunya.

Conclusion

Cette étude a permis de dresser un bilan inédit des épisodes autochtones de chikungunya en France hexagonale au cours de l'été 2025. Avec 23 foyers totalisant 115 cas recensés entre mai et août, la saison s'est caractérisée par une intensité et une dispersion géographique sans précédent. La majorité des épisodes ont été déclenchés par des cas importés de La Réunion et, plus marginalement, de Madagascar, confirmant le rôle central des introductions virales dans un contexte d'implantation durable d'*Aedes albopictus*.

L'analyse a montré que les foyers restaient spatialement limités, avec une extension rarement supérieure à quelques centaines de mètres, mais d'une durée parfois prolongée, jusqu'à six semaines. La dynamique temporelle a révélé plusieurs pics successifs de transmission, traduisant à la fois l'hétérogénéité des contextes locaux et l'importance des interventions rapides. Le délai médian entre l'apparition des signes et le signalement a été estimé à 7–10 jours, soulignant une marge d'amélioration pour renforcer la réactivité du système de surveillance.

L'étude met en lumière les points forts du dispositif français, notamment l'exhaustivité des cas recensés, la diversité des canaux de détection (signalement médical, laboratoires, enquêtes de terrain) et la mobilisation rapide des mesures de lutte antivectorielle. Toutefois, certaines limites persistent : données encore partielles au moment de l'analyse, retards hétérogènes de notification, absence d'investigations sérologiques exhaustives et de prise en compte systématique des déterminants climatiques.

Ces constats renforcent l'idée que la maîtrise du chikungunya en France hexagonale repose sur une détection rapide, une communication renforcée auprès des professionnels de santé et une intégration accrue des données épidémiologiques, entomologiques et climatiques. Dans un contexte de changement climatique et d'expansion continue d'*Aedes albopictus*, le risque de multiplication et d'extension des épisodes autochtones est appelé à croître. L'expérience de 2025 souligne la nécessité d'adapter en permanence les outils de surveillance et les stratégies de lutte afin de prévenir l'installation durable d'une transmission endémique.

Bibliographie

- Bettis, A. A., L'Azou Jackson, M., Yoon, I.-K., Breugelmans, J. G., Goios, A., Gubler, D. J., & Powers, A. M. (2022). The global epidemiology of chikungunya from 1999 to 2020 : A systematic literature review to inform the development and introduction of vaccines. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 16(1), e0010069. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010069>
- Breiman, L., Cutler, A., & Liaw, A. (2024). *randomForest : Breiman and Cutlers Random Forests for Classification and Regression (Version 4.7-1.2)* [Logiciel]. <https://cran.r-project.org/web/packages/randomForest/index.html>
- Chikungunya virus disease—Annual Epidemiological Report for 2022*. (2024, juin 11). <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/chikungunya-virus-disease-annual-epidemiological-report-2022>
- CNR Arbovirus. (2025, juillet 30). *Surveillance génomique des cas autochtones d'arboviroses en France métropolitaine 2025-07-26*. <https://cnr-arbovirus.fr/public/>
- Couturier, E., Guillemin, F., Mura, M., Léon, L., Virion, J.-M., Letort, M.-J., De Valk, H., Simon, F., & Vaillant, V. (2012). Impaired quality of life after chikungunya virus infection: A 2-year follow-up study. *Rheumatology (Oxford, England)*, 51(7), 1315-1322. <https://doi.org/10.1093/rheumatology/kes015>
- Delisle, E., Rousseau, C., Broche, B., Leparac-Goffart, I., L'Ambert, G., Cochet, A., Prat, C., Foulongne, V., Ferré, J. B., Catelinois, O., Flusin, O., Tchernonog, E., Moussion, I. E., Wiegandt, A., Septfons, A., Mendy, A., Moyano, M. B., Laporte, L., Maurel, J., ... Golliot, F. (2015). Chikungunya outbreak in Montpellier, France, September to October 2014. *Eurosurveillance*, 20(17). <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2015.20.17.21108>
- DGS_Céline.M. (2025, mai 16). *Cartes de présence du moustique tigre (Aedes albopictus) en France métropolitaine*. Ministère du Travail, de la Santé, des Solidarités et des Familles. <https://sante.gouv.fr/sante-et-environnement/risques-microbiologiques->

physiques-et-chimiques/especes-nuisibles-et-parasites/article/cartes-de-presence-du-moustique-tigre-aedes-albopictus-en-france-metropolitaine

- ECDC. (2017, septembre 14). *Rapid Risk Assessment: Clusters of autochthonous chikungunya cases in Italy*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/rapid-risk-assessment-clusters-autochthonous-chikungunya-cases-italy>
- ECDC. (2019, décembre 16). *Chikungunya virus disease—Annual Epidemiological Report for 2018*. <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/chikungunya-virus-disease-annual-epidemiological-report-2018>
- Ferreira, F. C. P. de A. D. M., da Silva, A. S. V., Recht, J., Guaraldo, L., Moreira, M. E. L., de Siqueira, A. M., Gerardin, P., & Brasil, P. (2021). Vertical transmission of chikungunya virus: A systematic review. *PloS One*, *16*(4), e0249166. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249166>
- Fontenille, D., Lagneau, C., Lecollinet, S., Lefait Robin, R., Setbon, M., Tirel, B., & Yébakima, A. (Éds.). (2009). Le chikungunya dans l'océan Indien, à La Réunion et à Mayotte. In *La lutte antivectorielle en France* (p. 37-56). IRD Éditions. <https://doi.org/10.4000/books.irdeditions.1308>
- Forêt d'arbres décisionnels. (2025). In *Wikipédia*. https://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=For%C3%AAAt_d%27arbres_d%C3%A9cisionnels&oldid=226106638
- Galasso J., Cao D. M., & Hochberg R. (2022). A random forest model for forecasting regional COVID-19 cases utilizing reproduction number estimates and demographic data. *Chaos, Solitons, and Fractals*, *156*, 111779. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2021.111779>
- Goodness of fit. (2025). In *Wikipedia*. https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Goodness_of_fit&oldid=1305828506
- Gossner, C. M., Ducheyne, E., & Schaffner, F. (2018). Increased risk for autochthonous vector-borne infections transmitted by *Aedes albopictus* in continental Europe. *Eurosurveillance*, *23*(24), 1800268. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2018.23.24.1800268>

- Grandadam, M., Caro, V., Plumet, S., Thiberge, J.-M., Souarès, Y., Failloux, A.-B., Tolou, H. J., Budelot, M., Cosserat, D., Leparç-Goffart, I., & Desprès, P. (2011). Chikungunya Virus, Southeastern France. *Emerging Infectious Diseases*, 17(5), 910. <https://doi.org/10.3201/eid1705.101873>
- Greenwell, B. B. & B. (s. d.). *Hands-On Machine Learning with R*. Consulté 25 août 2025, à l'adresse <https://bradleyboehmke.github.io/HOML/>
- Gregorutti, B., Michel, B., & Saint-Pierre, P. (2013). *Correlation and variable importance in random forests*. <https://hal.science/hal-00879978>
- Imbert, A., & Vialaneix, N. (2018). Décrire, prendre en compte, imputer et évaluer les valeurs manquantes dans les études statistiques : Une revue des approches existantes. *Journal de la Société Française de Statistique*, 159(2), 1.
- Jourdain, F., Valk, H. de, Noël, H., Paty, M.-C., L'Ambert, G., Franke, F., Mouly, D., Desenclos, J.-C., & Roche, B. (2022). Estimating chikungunya virus transmission parameters and vector control effectiveness highlights key factors to mitigate arboviral disease outbreaks. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 16(3), e0010244. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010244>
- Lambrechts, L., Paaijmans, K. P., Fansiri, T., Carrington, L. B., Kramer, L. D., Thomas, M. B., & Scott, T. W. (2011). Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by *Aedes aegypti*. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 108(18), 7460-7465. <https://doi.org/10.1073/pnas.1101377108>
- Magrit—Cartographie thématique*. (s. d.). Consulté 31 juillet 2025, à l'adresse <https://magrit.cnrs.fr/>
- Maxim, L., Apouey, B., Baumstark, L., Bonnet, C., Brunelle, T., Caillavet, F., Carpentier, A., Coutrot, T., Detang-Dessendre, C., Garcia, S., Gauthey, J., Lavaine, E., Leandri, M., Clainche, C. L., Loheac, Y., Louafi, S., Maxim, L., Plottu, E., Rouviere, E., ... Vergnaud, J.-C. (2024). *Moustique tigre en France hexagonale : Risque et impacts d'une arbovirose* [Report, ANSES]. <https://cnrs.hal.science/hal-04841803>

Mordecai, E. A., Cohen, J. M., Evans, M. V., Gudapati, P., Johnson, L. R., Lippi, C. A., Miazgowicz, K., Murdock, C. C., Rohr, J. R., Ryan, S. J., Savage, V., Shocket, M. S., Ibarra, A. S., Thomas, M. B., & Weikel, D. P. (2017). Detecting the impact of temperature on transmission of Zika, dengue, and chikungunya using mechanistic models. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 11(4), e0005568. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0005568>

Patient zéro. (2025). In *Wikipédia*. https://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=Patient_z%C3%A9ro&oldid=227437321

Paty, M. C., Six, C., Charlet, F., Heuzé, G., Cochet, A., Wiegandt, A., Chappert, J. L., Dejour-Salamanca, D., Guinard, A., Soler, P., Servas, V., Vivier-Darrigol, M., Ledrans, M., Debruyne, M., Schaal, O., Jeannin, C., Helynck, B., Leparç-Goffart, I., & Coignard, B. (2014). Large number of imported chikungunya cases in mainland France, 2014 : A challenge for surveillance and response. *Eurosurveillance*, 19(28), 20856. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES2014.19.28.20856>

Paty, M.-C., Apouey, B., Calba, C., Cardinale, É., Milcent, C., Roiz, D. A., Rouviere, E., Salles, J.-M., Simard, F., Simonin, Y., Thuilliez, J., Barrès, É., Raimond, V., Fite, J., Étoré, F., & Fiore, K. (2024). *Epidémies dues à un arbovirus transmis par le moustique Aedes albopictus en France hexagonale : Probabilité d'apparition, ampleur de la transmission et impacts sanitaires, économiques et sociaux* (p. 247 p.) [Report, Anses]. <https://anses.hal.science/anses-04721058>

Prasad, A. M., Iverson, L. R., & Liaw, A. (2006). Newer Classification and Regression Tree Techniques : Bagging and Random Forests for Ecological Prediction. *Ecosystems*, 9(2), 181-199. <https://doi.org/10.1007/s10021-005-0054-1>

R: The R Project for Statistical Computing. (2025, juin 13). <https://www.r-project.org/>

Régression locale. (2025). In *Wikipédia*. https://fr.wikipedia.org/w/index.php?title=R%C3%A9gression_locale&oldid=223548543

Rezza, G. (2018). Chikungunya is back in Italy : 2007–2017. *Journal of Travel Medicine*, 25(1). <https://doi.org/10.1093/jtm/tay004>

- Rezza, G., Nicoletti, L., Angelini, R., Romi, R., Finarelli, A. C., Panning, M., Cordioli, P., Fortuna, C., Boros, S., Magurano, F., Silvi, G., Angelini, P., Dottori, M., Ciufolini, M. G., Majori, G. C., Cassone, A., & CHIKV study group. (2007). Infection with chikungunya virus in Italy: An outbreak in a temperate region. *Lancet (London, England)*, 370(9602), 1840-1846. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(07\)61779-6](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(07)61779-6)
- Riccardo, F., Venturi, G., Luca, M. D., Manso, M. D., Severini, F., Andrianou, X., Fortuna, C., Remoli, M. E., Benedetti, E., Caporali, M. G., Fratto, F., Mignuoli, A. D., Rizzo, L., Vito, G. D., Giorgio, V. D., Surace, L., Vairo, F., Angelini, P., Re, M. C., ... Rizzo, C. (2019). Secondary Autochthonous Outbreak of Chikungunya, Southern Italy, 2017. *Emerging Infectious Diseases*, 25(11), 2093. <https://doi.org/10.3201/eid2511.180949>
- Roiz, D., Pontifes, P. A., Jourdain, F., Diagne, C., Leroy, B., Vaissière, A.-C., Tolsá-García, M. J., Salles, J.-M., Simard, F., & Courchamp, F. (2024). The rising global economic costs of invasive *Aedes* mosquitoes and *Aedes*-borne diseases. *Science of The Total Environment*, 933, 173054. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2024.173054>
- Russo, G., Subissi, L., & Rezza, G. (2020). Chikungunya fever in Africa: A systematic review. *Pathogens and Global Health*, 114(3), 136-144. <https://doi.org/10.1080/20477724.2020.1748965>
- Soil Survey. (2025). *Chapter 6 Tree-based Models | Statistics for Soil Survey—Part 2*. https://ncss-tech.github.io/stats_for_soil_survey/book2/tree-based-models.html
- SPF. (2014, septembre). *Bulletin de veille sanitaire Antilles-Guyane. N°3-4-5—Septembre-Novembre* 2014. <https://www.santepubliquefrance.fr/regions/antilles/documents/bulletin-regional/2014/bulletin-de-veille-sanitaire-antilles-guyane.-n-3-4-5-septembre-novembre-2014>
- SPF. (2025a, juillet 23). *Chikungunya, dengue et zika en France hexagonale. Bulletin de la surveillance renforcée du 23 juillet* 2025. <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-a-transmission-vectorielle/chikungunya/documents/bulletin-national/chikungunya>

dengue-et-zika-en-france-hexagonale.-bulletin-de-la-surveillance-renforcee-du-23-juillet-2025

SPF. (2025b, août 12). *Chikungunya, dengue et zika en France hexagonale. Bulletin de la surveillance renforcée du 12 août 2025.*

<https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-a-transmission-vectorielle/chikungunya/documents/bulletin-national/chikungunya-dengue-et-zika-en-france-hexagonale.-bulletin-de-la-surveillance-renforcee-du-12-aout-2025>

SPF & Calba. (2018, juillet 10). *Circulation autochtone de chikungunya dans deux communes du Var, août-septembre 2017.*

<https://www.santepubliquefrance.fr/provence-alpes-cote-d-azur-et-corse/circulation-autochtone-de-chikungunya-dans-deux-communes-du-var-aout-septembre-2017>

SPF, C. de L. R. (2025c, juillet 25). *Surveillance sanitaire à La Réunion. Bulletin du 25 juillet 2025.* <https://www.santepubliquefrance.fr/regions/ocean-indien/documents/bulletin-regional/2025/surveillance-sanitaire-a-la-reunion.-bulletin-du-25-juillet-2025>

SPF, CiRe de Mayotte. (2025, juillet 4). *Chikungunya et dengue à Mayotte. Bulletin du 4 juillet 2025.* <https://www.santepubliquefrance.fr/regions/ocean-indien/documents/bulletin-regional/2025/chikungunya-dengue-et-zika-a-mayotte.-bulletin-du-4-juillet-2025>

SPF, & Fournier, L. (2024, juillet 8). *Bilan de la surveillance de la dengue, du chikungunya et du Zika en France hexagonale en 2023.* <https://www.santepubliquefrance.fr/import/bilan-de-la-surveillance-de-la-dengue-du-chikungunya-et-du-zika-en-france-hexagonale-en-2023>

SPF, & Krug, C. (2025, mai 15). *Chikungunya, dengue et zika en France hexagonale. Bilan 2024.* <https://www.santepubliquefrance.fr/maladies-et-traumatismes/maladies-a-transmission-vectorielle/chikungunya/documents/bulletin-national/chikungunya-dengue-et-zika-en-france-hexagonale.-bilan-2024>

- Venturi, G., Luca, M. D., Fortuna, C., Remoli, M. E., Riccardo, F., Severini, F., Toma, L., Manso, M. D., Benedetti, E., Caporali, M. G., Amendola, A., Fiorentini, C., Liberato, C. D., Giammattei, R., Romi, R., Pezzotti, P., Rezza, G., & Rizzo, C. (2017). Detection of a chikungunya outbreak in Central Italy, August to September 2017. *Eurosurveillance*, 22(39), 17. <https://doi.org/10.2807/1560-7917.ES.2017.22.39.17-00646>
- Voozarbo | *Datalogue*. (2023, septembre 27). <https://datalogue.iledefrance.ars.sante.fr/catalogue/voozarbo>
- Wei, T., & Simko, V. (2024). *An Introduction to corrplot Package* [Logiciel]. <https://cran.r-project.org/web/packages/corrplot/vignettes/corrplot-intro.html>
- WHO. (2025, juin 1). *Chikungunya epidemiology update—June 2025*. <https://www.who.int/publications/m/item/chikungunya-epidemiology-update-june-2025>
- Wimalasiri-Yapa, B. M. C. R., Stassen, L., Huang, X., Hafner, L. M., Hu, W., Devine, G. J., Yakob, L., Jansen, C. C., Faddy, H. M., Viennet, E., & Frentiu, F. D. (2019). Chikungunya virus in Asia - Pacific: A systematic review. *Emerging Microbes & Infections*, 8(1), 70-79. <https://doi.org/10.1080/22221751.2018.1559708>

Liste des figures

Figure 1 Communes colonisées par <i>Aedes albopictus</i> en France métropolitaine au 1er janvier 2025.....	3
Figure 2 Pourcentage de la population habitant des communes colonisées par <i>Aedes albopictus</i> par départements en France métropolitaine au 1er janvier 2025	3
Figure 3 Pourcentage des communes colonisées par <i>Aedes albopictus</i> en France métropolitaine au 1er janvier 2025	4
Figure 4 Nombre de cas autochtones de dengue, chikungunya et Zika, identifiés par épisode de transmission, France hexagonale, 2010-2024	5
Figure 5 L'origine des cas importés de chikungunya en France métropolitaine en 2025 ...	6
Figure 6 Nombre de cas de chikungunya importés en France hexagonale, par zone de séjour (août 2024 - août 2025).....	7
Figure 7 Algorithme de décision relatif à un cas de chikungunya, de dengue ou de Zika ..	8
Figure 8 Carte de localisation des épisodes de transmission autochtone de chikungunya en 2025 (01/05 - 12/08).....	13
Figure 9 Courbe épidémique des cas autochtones de chikungunya – France métropolitaine, mai-août 2025	18
Figure 10 Délais entre l'apparition des symptômes des cas et le signalement des cas ...	20
Figure 11 Distribution conjointe et tendances lissées des dates de début des signes et de signalement des cas autochtones de chikungunya — France métropolitaine, mai-août 2025	21
Figure 12 Délais entre date du début de signe des premiers cas de chaque épisode et le signalement.....	21
Figure 13 Tendances lissées entre dates du début de signe des premiers cas de chaque épisode et date du signalement— France métropolitaine, mai-août 2025	22
Figure 14 Importance des variables	28
Figure 15 Matrice de corrélation de Pearson entre les variables explicatives et la variable cible (Nb_cas)	29

Liste des tableaux

Tableau 1 Distribution des cas et des épisodes autochtones selon région en France métropolitaine en 2025, à la date du 12 août	13
Tableau 2 Principales caractéristiques des épisodes de transmission autochtone de chikungunya en France hexagonale, saison 2025, à la date du 12 août	15
Tableau 3 Nombre et pourcentage des cas identifiés selon le mode de signalement	22
Tableau 4 Tableau croisé entre le mode de signalement et le délai entre la date du début de signe et le signalement.....	23
Tableau 5 résumé des variables dans les épisodes autochtones.....	26
Tableau 6 résultat du forêt aléatoire.....	27

LI

Shiyong

12 septembre 2025

MASTER 2 METEORES
Promotion 2025

Etude descriptive de la transmission autochtone de chikungunya en France métropolitaine, été 2025 (mai - août) : caractérisation des épisodes, enjeux pour la réactivité du système de surveillance et perspective pour un problème de santé publique environnementale

Résumé :

Au cours de l'été 2025 (mai - août), la France hexagonale a enregistré 23 épisodes autochtones de chikungunya, totalisant 115 cas. Ces foyers, déclenchés majoritairement par des cas importés de La Réunion et de Madagascar, se sont concentrés dans le sud du territoire mais avec une dispersion plus large que lors des épisodes antérieurs. La transmission est restée spatialement limitée (souvent < 300 m), mais certains clusters ont persisté jusqu'à six semaines.

L'analyse a mis en évidence un délai médian de 7 jours entre l'apparition des symptômes et le signalement, traduisant des marges d'amélioration pour renforcer la réactivité du système. La diversité des canaux de détection (médecins, laboratoires, enquêtes de terrain) a constitué un atout, mais n'a pas permis d'éviter certains retards.

Ces résultats confirment la capacité d'*Aedes albopictus* à maintenir une transmission locale en France et soulignent l'importance d'une détection précoce et d'une lutte antivectorielle rapide. Ils appellent à adapter en continu le dispositif de surveillance, notamment dans un contexte de changement climatique et d'extension du vecteur, afin de prévenir le risque d'endémisation.

Mots clés :

Chikungunya ; Transmission autochtone ; Surveillance épidémiologique ; Lutte antivectorielle ; *Aedes albopictus* ; France métropolitaine ; Forêt aléatoire

L'Ecole des Hautes Etudes en Santé Publique n'entend donner aucune approbation ni improbation aux opinions émises dans les mémoires : ces opinions doivent être considérées comme propres à leurs auteurs.

LI

Shiyang

September 2025

MASTER 2 METEORES
Promotion 2025

Descriptive study of autochthonous chikungunya transmission in metropolitan France, summer 2025 (May - August): characterization of outbreaks, challenges for the responsiveness of the surveillance system and perspective for an environmental public health problem

Abstract :

During the summer of 2025 (May–August), mainland France recorded 23 autochthonous outbreaks of chikungunya, totaling 115 cases. These outbreaks, triggered mainly by cases imported from Réunion and Madagascar, were concentrated in the south of the country but were more widespread than in previous outbreaks. Transmission remained spatially limited (often < 300 m), but some clusters persisted for up to six weeks.

Analysis revealed a median delay of 7 days between the onset of symptoms and reporting, indicating room for improvement in strengthening the system's responsiveness. The diversity of detection channels (doctors, laboratories, field surveys) was an asset, but did not prevent certain delays.

These results confirm the ability of *Aedes albopictus* to maintain local transmission in France and highlight the importance of early detection and rapid vector control. They call for continuous adaptation of the surveillance system, particularly in the context of climate change and vector expansion, in order to prevent the risk of endemicity.

Mots clés :

Chikungunya; Autochthonous transmission; Epidemiological surveillance; Vector control; *Aedes albopictus*; Metropolitan France; Random forest

L'École des Hautes Études en Santé Publique n'entend donner aucune approbation ni improbation aux opinions émises dans les mémoires : ces opinions doivent être considérées comme propres à leurs auteurs.

