



Unravelling the epidemiological and dispersal dynamics of the 2024-2025 chikungunya virus (CHIKV) outbreak on Réunion island

Etienne Frumence^{*,*}, **Raphaëlle Klitting**^{*}, Kyla Serres, Yucai Shao, Muriel Vincent, Mandev S. Gill, Marc A. Suchard, Philippe Lemey, Xavier de Lamballerie, Marie-Christine Jaffar-Bandjee, **Simon Dellicour**[@]

Follow this preprint

Unravelling the epidemiological and dispersal dynamics of the 2024-2025 chikungunya virus outbreak on Réunion island

Etienne Frumence, Raphaëlle Klitting, Kyla Serres, Yucai Shao, Muriel Vincent, Mandev S. Gill, Marc A. Suchard, Philippe Lemey, Xavier de Lamballerie, Marie-Christine Jaffar-Bandjee, Simon Dellicour

doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.07.26343606>

This article is a preprint and has not been peer-reviewed [what does this mean?]. It reports new medical research that has yet to be evaluated and so should not be used to guide clinical practice.

Abstract

Full Text

Info/History

Metrics

Preview PDF

Abstract

Réunion island just experienced a massive chikungunya virus outbreak in 2024-2025, with more than 54,000 confirmed cases. This is the second major chikungunya outbreak on the island, following the first one that peaked 20 years ago. It has been assessed that this new outbreak finds its origin in a single introduction event into the island, offering a unique opportunity to exploit viral genomic data to understand the epidemiological and dispersal dynamics of the introduced transmission chain. We sequenced >3,000 near-full viral genomes collected during the course of the epidemic. Harnessing this genomic dataset, we used a set of phylodynamic and phylogeographic approaches to unravel the paths taken by the transmission chain and the external factors having impacted its dynamics on the island. Our analyses

Previous

Next

Posted January 11, 2026.

Download PDF

Print/Save Options

Author Declarations

Data/Code

Email

Share

Citation Tools

Get QR code

Subject Area

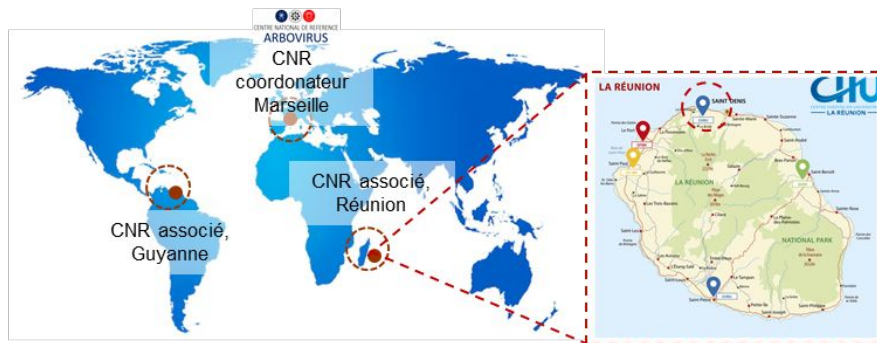
Epidemiology

highlight a dispersal pattern in line with a gravity-model dynamic with viral transition events being more frequent from and toward more populated areas. While we find that dispersal events were on average more likely between geographically close locations, our analyses also reveal that the transmission chain was overall spatially intermixed, with frequent exchanges among distant residential areas. In addition, we show that the decrease in transmission rate leading to the end of the epidemic can, at least to a large extent, be attributed to the population immunity resulting from both the current and the 2005-2006 epidemic. While a short-term resurgence of viral transmission cannot be excluded, the impact of herd immunity constitutes an encouraging outcome that should at least contribute to limiting the spread of the virus in the upcoming seasons.

La surveillance des arbovirus à la Réunion

- Localisée au Laboratoire de microbiologie du CHU de La Réunion, Saint-Denis
- Centre National de Référence (CNR) associé pour les arbovirus depuis 2012, renouvelé pour la période 2023-2027 (arrêté du 30 décembre 2022)

Responsable Dr. Nicolas Traversier
Responsable adjoint Dr. MC Jaffar-Bandjee



Expertise

- Identification et caractérisation des souches
- Développement ou validation de tests diagnostiques



Surveillance

- Suivi de l'évolution et des caractéristiques des épidémies



Alerte

- Signalement immédiat de tout événement présentant un risque pour la santé publique



Conseil

- Auprès des professionnels de santé, de l'ARS et de Santé publique France

- Détection des arbovirus assurée par les laboratoires publics et privés de La Réunion
- Cas positifs transmis aux autorités sanitaires et au CNR associé pour confirmation et analyses

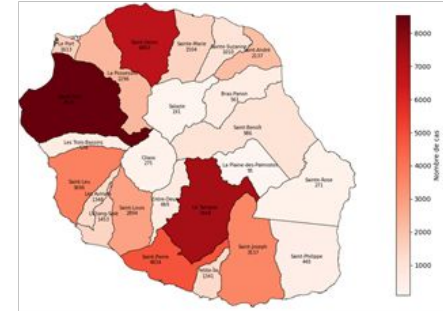
Les épidémies d'arboviroses à la Réunion

- Vecteur omniprésent : *Aedes albopictus*
 - Implanté sur l'ensemble du territoire
 - Forte densité en zones urbaines et péri-urbaines
- 2005–2006 : Épidémie majeure de Chikungunya
 - ≈ 38 % de la population infectée / 250 000 cas estimés
 - Impact sanitaire, économique et sociétal majeur
- 2018–2020 : Épidémie de Dengue sérotype 2
- 2020–2021 : Épidémie de Dengue sérotype 1
- Août 2024 : Premiers cas autochtones d'une nouvelle vague de Chikungunya



Réémergence du CHIKV à la Réunion 2024–2025

- **août 2024** : premier cas autochtone confirmé par le CNR des arbovirus de La Réunion
 - Circulation virale faible jusqu'à fin 2024
 - Epidémie majeure en 2025
 - Pic observé **fin mars – avril 2025**
- **54 250 cas confirmés biologiquement**
 - **195 800** consultations estimées en médecine de ville
 - Environ **3 000** passages aux urgences hospitalières
- Séroprévalence globale estimée à **66,0 %** à l'échelle de l'île
- Origine de l'immunité :
 - Environ 20 % : immunité résiduelle issue de l'épidémie 2005–2006
 - **Environ 46 %** : immunité acquise durant l'épidémie 2025



Cas confirmés de Chikungunya à la Réunion 2024-2025, données SPF.



- Etude SPF post-épidémie (S35–S45, 2025)
- Reliquats de sérum issus de laboratoires privés
- 1565 échantillons inclus
- Détection des IgG anti-CHIKV par ELISA (CNR associé des Arbovirus, CHU La Réunion)

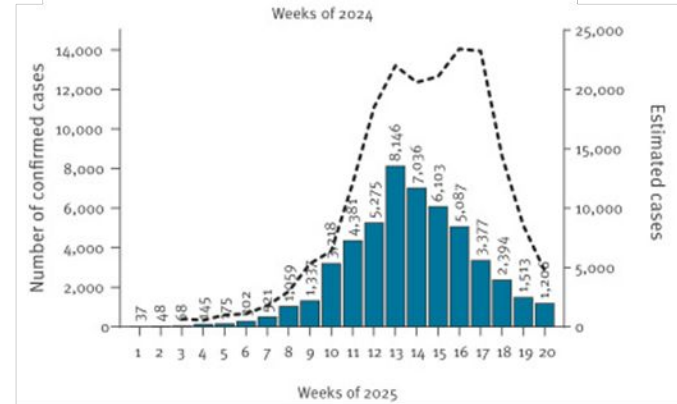
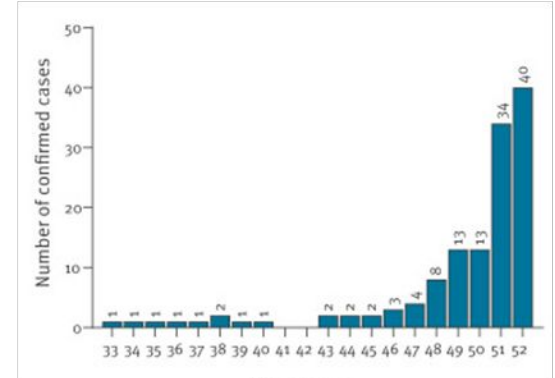
Résultats de l'enquête de séroprévalence du chikungunya à La Réunion, 2025, SPF, décembre 2025.

Organisation du recueil des échantillons

- **Phase pré-épidémique (2024)**
 - Récupération exhaustive des tubes positifs auprès des laboratoires privés
=> caractérisation précoce des premiers cas
- **Montée en charge (janvier-février 2025)**
 - Augmentation rapide du nombre d'échantillons collectés
 - Difficultés logistiques rencontrées par certains laboratoires privés pour le traitement et l'acheminement des tubes
- **À partir de mi-février 2025 :**
 - Mise en place d'une stratégie d'échantillonnage raisonnée
 - Sélection des tubes par commune, jusqu'à 30 échantillons par semaine et par groupe de laboratoires privés (Cerba, Inovie RéuniLAB, Bioaustral)
 - Transmission de l'ensemble des échantillons issus du réseau CHU
 - Exception du CHOR : transmission partielle des tubes

=> Plus de **3 500 échantillons positifs** obtenus

=> Analyse génomique réalisée par séquençage



Données SPF, Frumence et al. 2025

Le séquençage du CHIKV

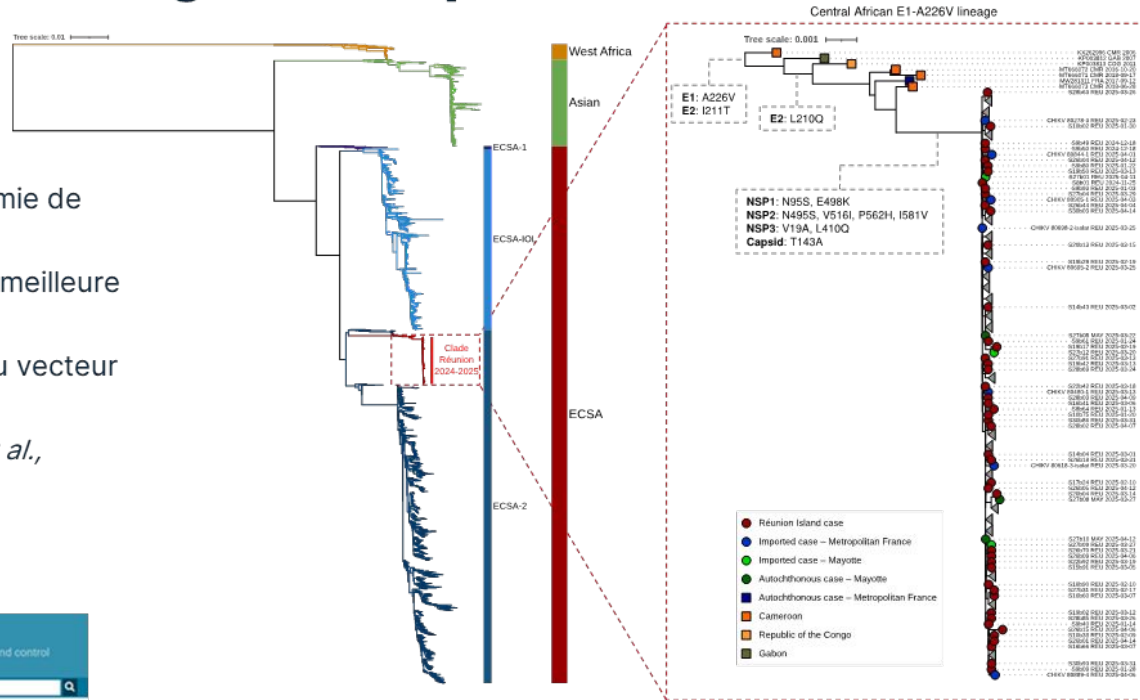
- Analyses effectuées sur la **plateforme de séquençage partagée du CHU de La Réunion**, utilisée par plusieurs équipes de recherche et de diagnostic
- Protocoles basés sur le protocole **ARTIC**:
 - Séquençage reposant sur une stratégie de RT-PCR tiling
 - Amplification du génome viral par fragments chevauchants d'environ **1 200 bases**
 - Jeux d'amorces personnalisés pour les virus Dengue (sérotypes 1–4), **Chikungunya**, Zika et d'autres arbovirus
 - Amplicons couvrant l'ensemble du génome codant
 - Librairies préparées avec kit Rapid Barcoding Kit (ONT)
 - Séquençage réalisé sur MinION (ONT)



Quick J, Grubaugh ND, Pullan ST, et al. Multiplex PCR method for MinION and Illumina sequencing of Zika and other virus genomes directly from clinical samples. Nat Protoc. 2017

Résultats préliminaire de génomique du CHIKV 2024-2025

- **Génotype** : ECSA (*East-Central-South-African*)
- Différente des souches responsables de l'épidémie de 2006 à La Réunion
- Présente la **mutation E1-A226V**, associée à une meilleure adaptation au moustique *Aedes albopictus*
- Autres mutations qui donnent une adaptation au vecteur (E2-I210Q et L211T)
- Délétion de 81 nt dans la région 3'UTR (*Taieb et al., 2025*)
- Proche des séquences du Cameroun de 2018



Frument et al. 2025



Partage et valorisation des données génomiques

Accessibilité des données de l'épidémie 2024-2025:

>3100 séquences de CHIKV

- **Dépôt ARBOGEN:** L'intégralité des séquences de l'épidémie est disponible dans une **section dédiée** avec des jeux de données de référence.
- **Dépôt International (NCBI GenBank):**
 - Identifiants : PX797910 à PX800869.
 - *Note : En cours de mise en ligne (release prévue le 16 février 2026).*



Plateforme nationale en ligne pour le partage sécurisé des données génomiques d'arbovirus entre partenaires.



References		
All references genomes are listed here.		
DOWNLOAD SELECTED		
Actions		Name
	☐	CHIKV full dataset
	☐	CHIKV subsampled dataset

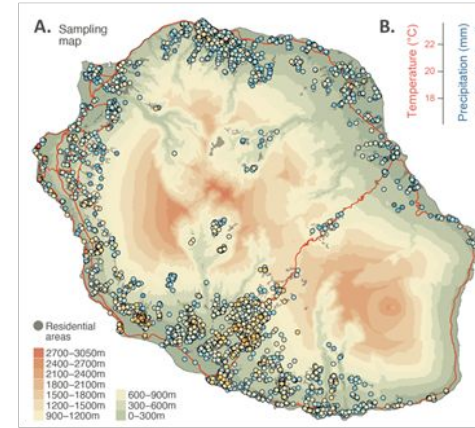
De la surveillance génomique aux analyses phylodynamiques et phylogéographiques

- Une collaboration entre :
 - CNR associé des arbovirus Réunion
 - Laboratoire des virus émergents (UVE) / CNR des arbovirus à Marseille
 - Laboratoire d'Epidémiologie Spatiale de l'Université libre de Bruxelles

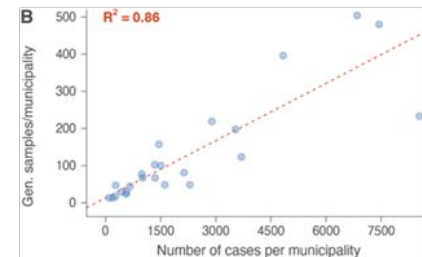
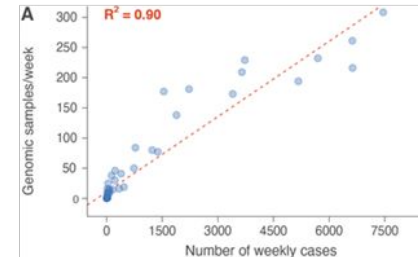
Unravelling the epidemiological and dispersal dynamics of the 2024-2025 chikungunya virus outbreak on Réunion island

Etienne Frumence, Raphaëlle Klitting, Kyla Serres, Yucal Shao, Muriel Vincent, Mandev S. Gill,  Marc A. Suchard,  Philippe Lemey, Xavier de Lamballerie, Marie-Christine Jaffar-Bandjee,  Simon Dellicour
doi: <https://doi.org/10.64898/2026.01.07.26343606>

medRxiv
THE PREPRINT SERVER FOR HEALTH SCIENCES



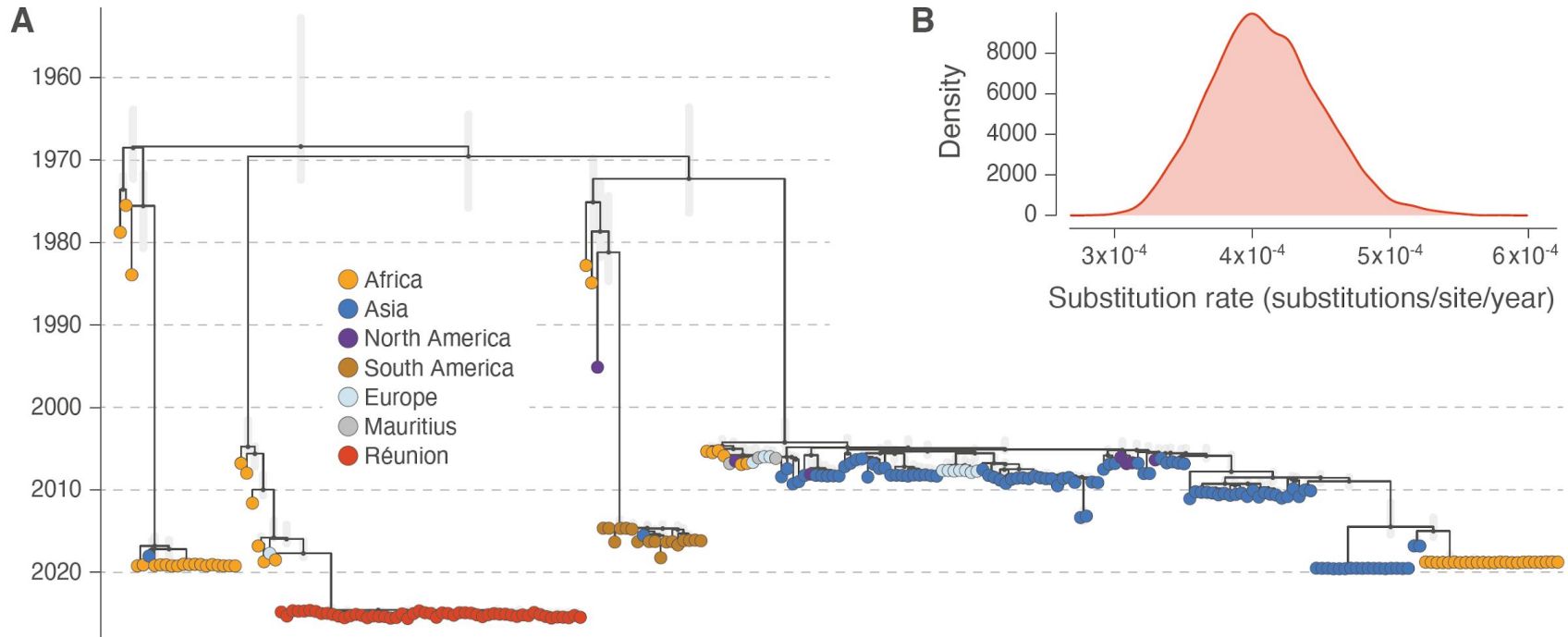
- Un jeu de données important :
 - **3 114 séquences exploitables**
 - Chaque séquence associée à une adresse localisée à La Réunion
 - Travail approfondi de géolocalisation
- Structuration spatiale du jeu de données
- Cohérent temporellement (de l'introduction au pic épidémique)
- Cohérent spatialement (ensemble du territoire couvert)



=> Représentatif de la dynamique réelle de l'épidémie

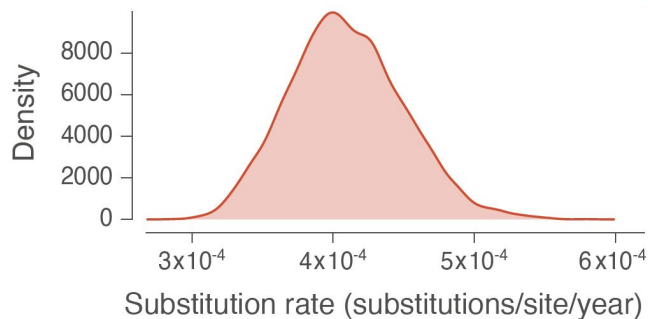
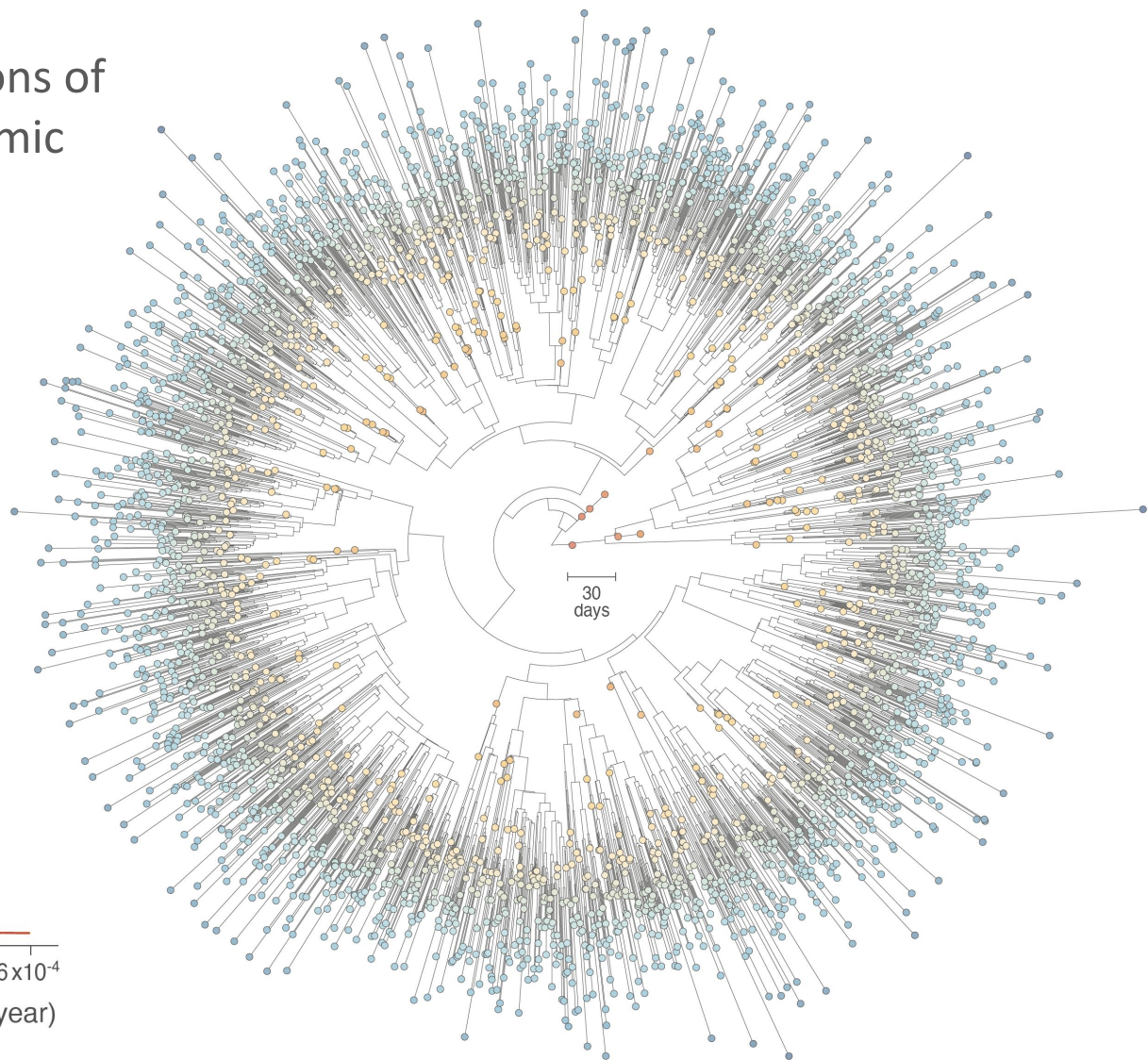
Phylogenetic investigations of the CHIKV epidemic dynamic in Réunion island

- 2024-2025: second massive chikungunya virus (CHIKV) outbreak in Réunion island
- epidemic likely initiated by a single introduction event into the island, which offers a unique opportunity to exploit viral genomic data to understand the epidemiological and dispersal dynamics of the introduced transmission chain



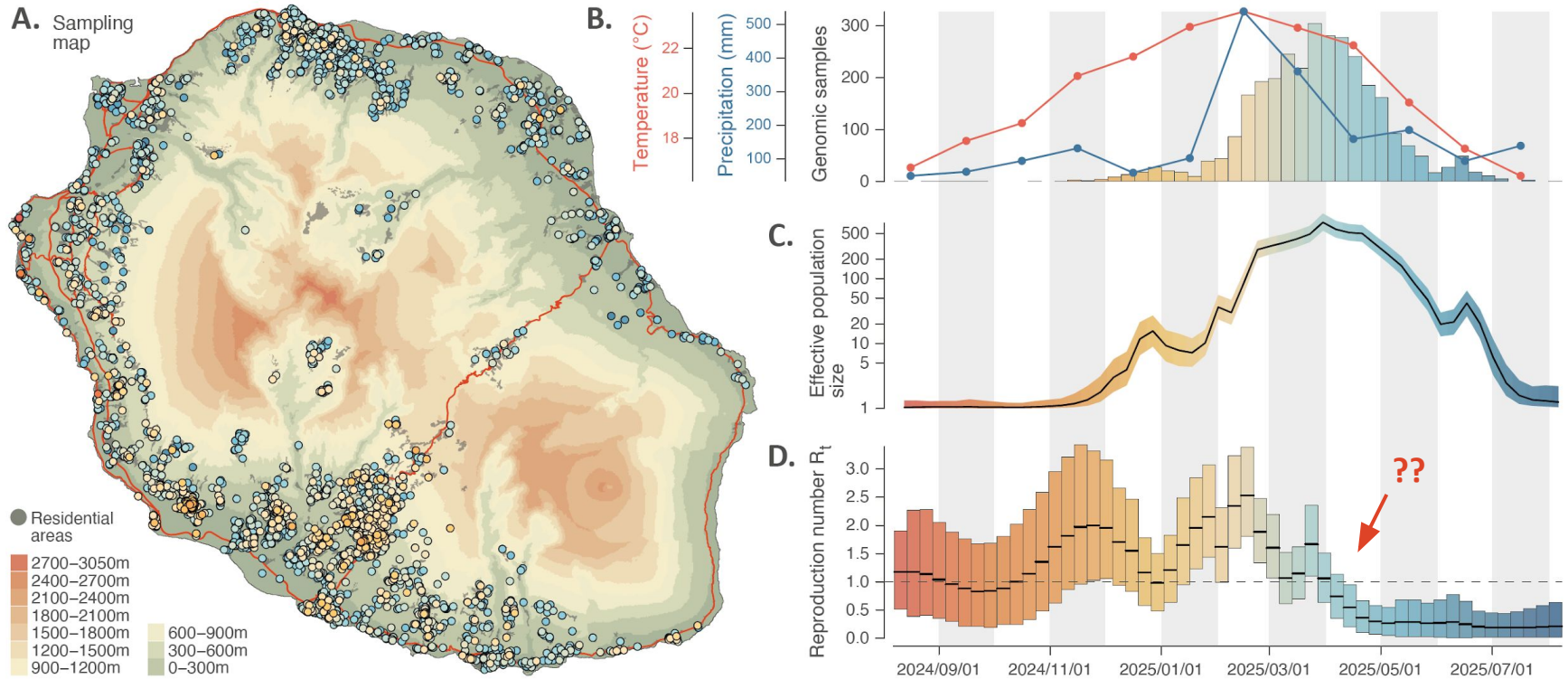
Phylodynamic investigations of the CHIKV epidemic dynamic in Réunion island

- 2024-2025: second massive chikungunya virus (CHIKV) outbreak in Réunion island
- epidemic likely initiated by a single introduction event into the island

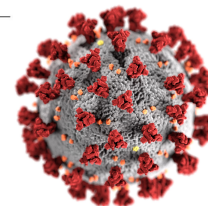


Phylogenetic investigations of the CHIKV epidemic dynamic in Réunion island

- 2024-2025: second massive chikungunya virus (CHIKV) outbreak in Réunion island
- seroprevalence at the end of the epidemic: ~66% (= ~20% from 2005-2006)



COVID-19 herd immunity: where are we?



Arnaud Fontanet^{1,2}✉ and Simon Cauchemez³✉

Herd immunity is a key concept for epidemic control. It states that only a proportion of a population needs to be immune (through overcoming natural infection or through vaccination) to an infectious agent for it to stop generating large outbreaks. A key question in the current COVID-19 pandemic is how and when herd immunity can be achieved and at what cost.

Herd immunity is achieved when one infected person in a population generates less than one secondary case on average, which corresponds to the effective reproduction number R (that is, the average number of persons infected by a case) dropping below 1 in the absence of interventions. In a population in which individuals mix homogeneously and are equally susceptible and contagious, $R = (1 - p_c)(1 - p_I)R_0$ (equation 1), where p_c is the relative reduction in transmission rates due to non-pharmaceutical interventions; p_I is the proportion

of immune individuals; and R_0 is the reproduction number in the absence of control measures in a fully susceptible population. R_0 may vary across populations and over time, depending on the nature and number of contacts among individuals and potentially environmental factors. In the absence of control measures ($p_c = 0$), the condition for herd immunity ($R < 1$, where $R = (1 - p_I)R_0$) is therefore achieved when the proportion of immune individuals reaches $p_I = 1 - 1/R_0$.

Phylogenetic investigations of the CHIKV epidemic dynamic in Réunion island

We sought to determine whether the R_t drop revealed by our episodic birth-death model analysis could be explained by the island population reaching sufficient herd immunity. To this end, we used a phylogenetic approach to estimate the outbreak basic reproduction number (R_0 ; the average number of persons infected by a positive case at the beginning of the epidemic), which **ranges from 1.39 (95% HPD = [1.36, 1.41]) to 2.27 (95% HPD = [2.18, 2.38])**.

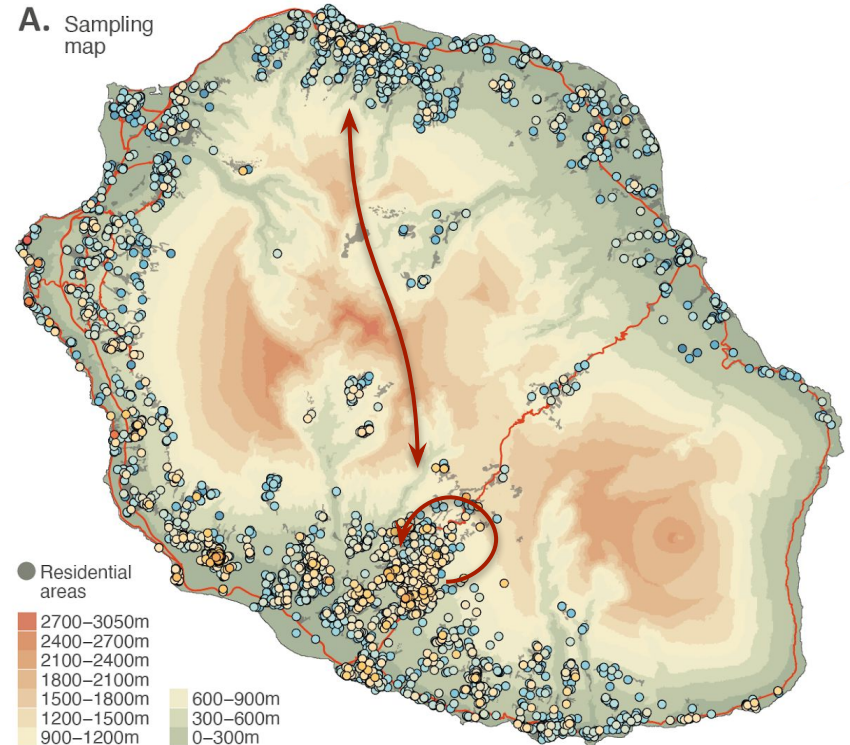
We then exploited this estimated range of R_0 values together with seroprevalence data to estimate the effective reproduction number R_t at the end of the epidemic using the following formula outlined below, getting R_t values **-ranging from 0.47 (95% HPD = [0.46, 0.48]) to 0.77 (95% HPD = [0.74, 0.81])**. This result confirms that the current herd immunity, as estimated by prevalence data, can explain the R_t dropping below one and the end of the epidemic.

Herd immunity is achieved when one infected person in a population generates less than one secondary case on average, which corresponds to the effective reproduction number R (that is, the average number of persons infected by a case) dropping below 1 in the absence of interventions. In a population in which individuals mix homogeneously and are equally susceptible and contagious, $R = (1 - p_c)(1 - p_I)R_0$ (equation 1), where p_c is the relative reduction in transmission rates due to non-pharmaceutical interventions; p_I is the proportion

of immune individuals; and R_0 is the reproduction number in the absence of control measures in a fully susceptible population. R_0 may vary across populations and over time, depending on the nature and number of contacts among individuals and potentially environmental factors. In the absence of control measures ($p_c = 0$), the condition for herd immunity ($R < 1$, where $R = (1 - p_I)R_0$) is therefore achieved when the proportion of immune individuals reaches $p_I = 1 - 1/R_0$.

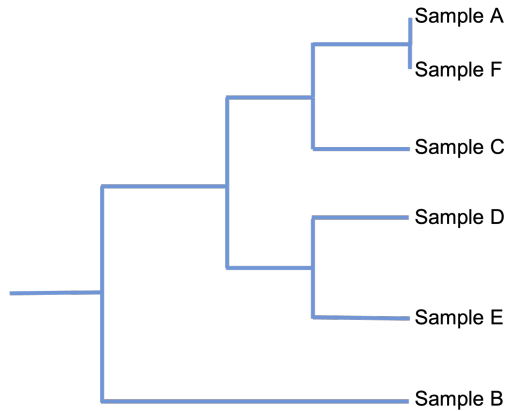
Dispersion du CHIKV sur l'île de La Réunion en 2024-2025: étude phylogéographique

- Dynamiques de dispersion spatiale ?
- Facteurs impliqués ?

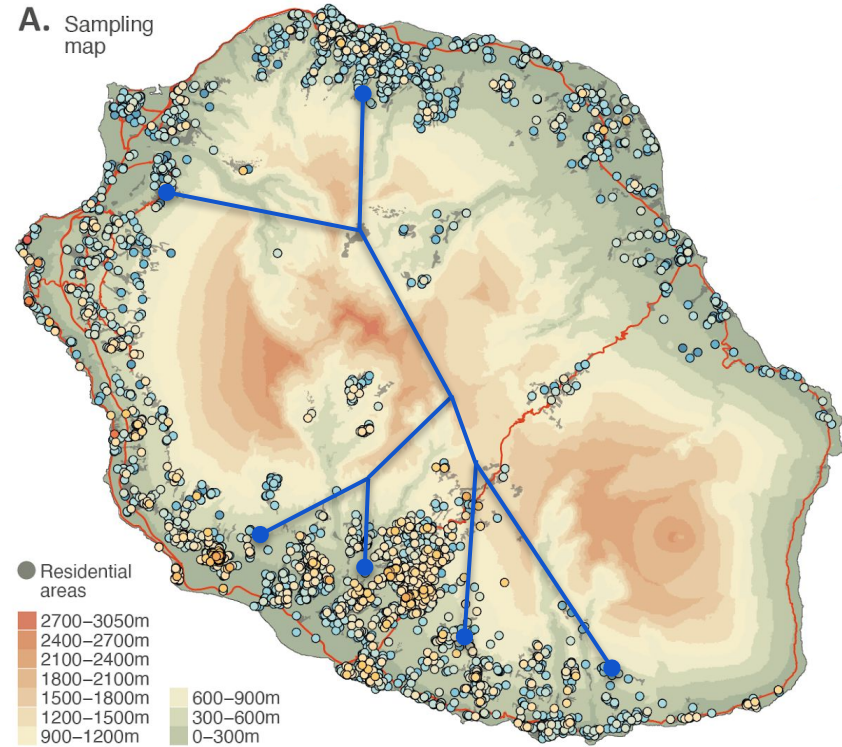


Méthode

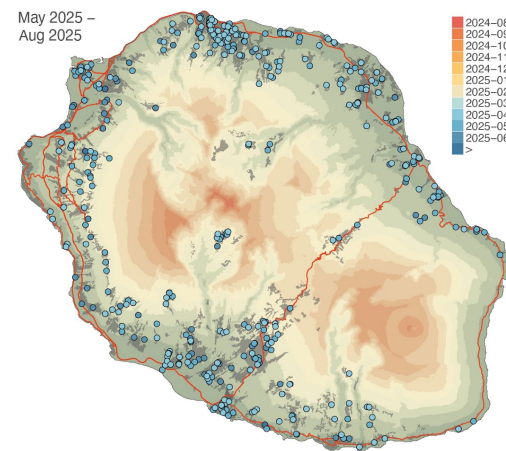
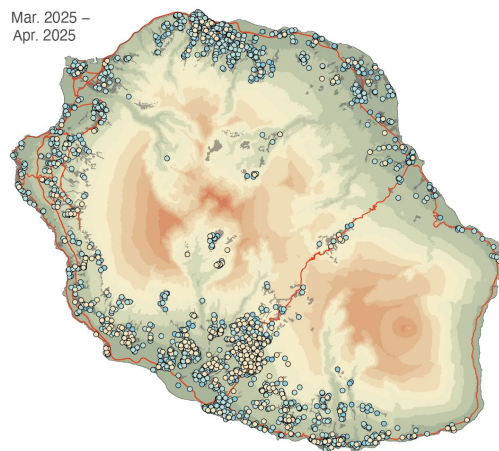
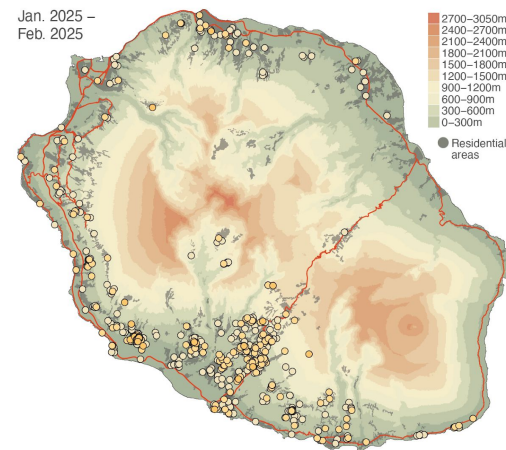
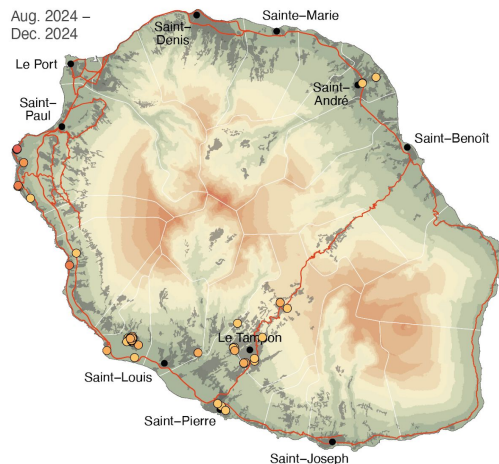
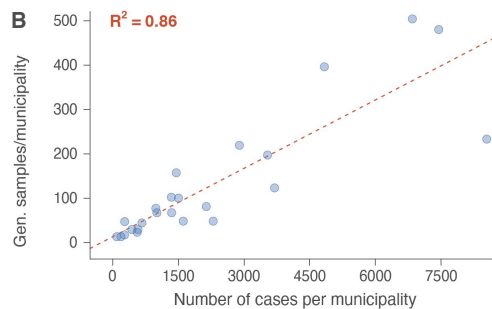
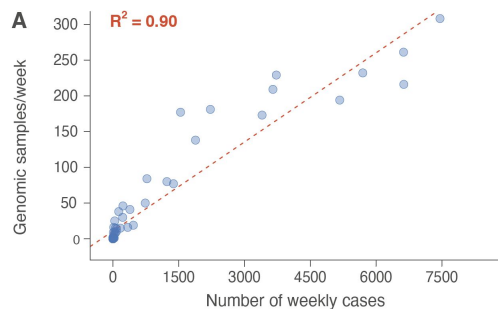
> Inférence
phylogéographique



A. Sampling map

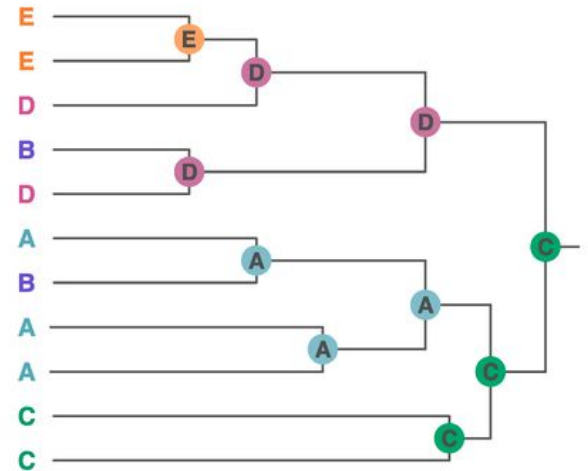
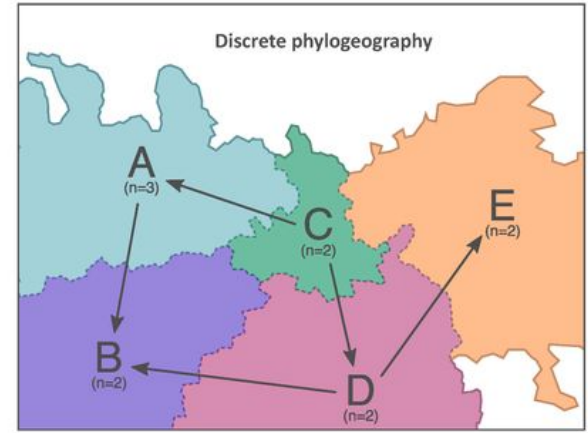
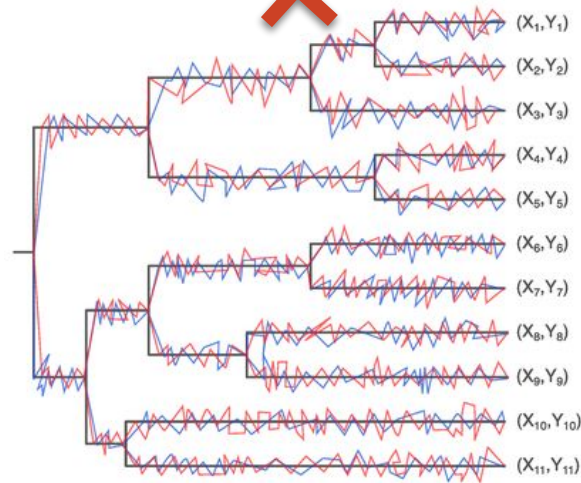
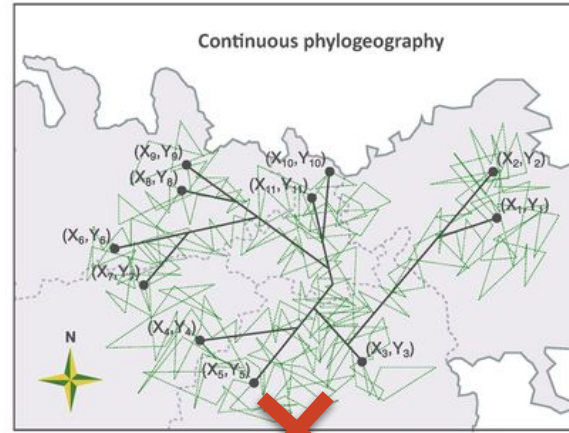


Distribution spatio-temporelle des séquences de l'épidémie de 2024-2025 de CHIKV à La Réunion

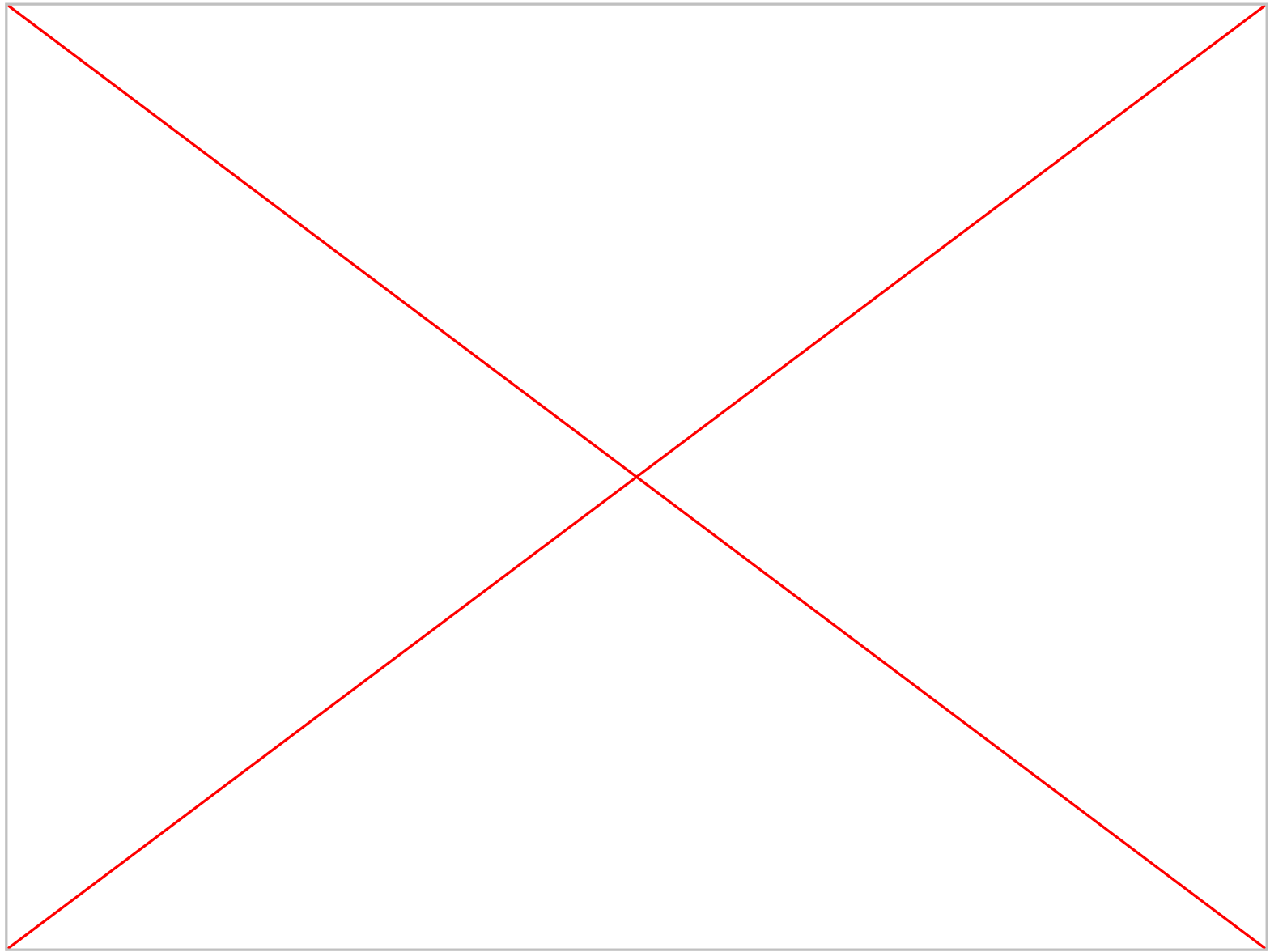


Méthode

> Inférence
phylogéographique

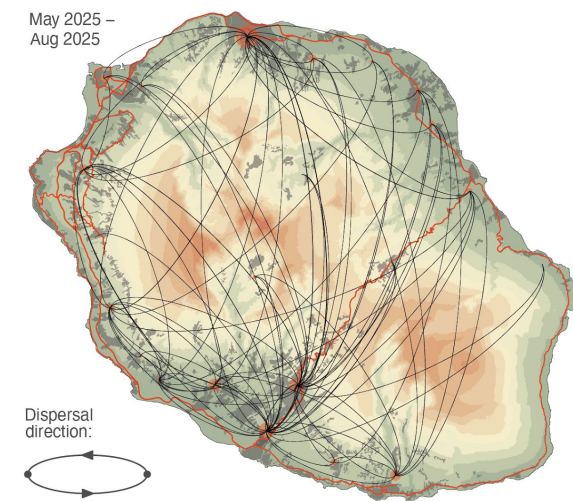
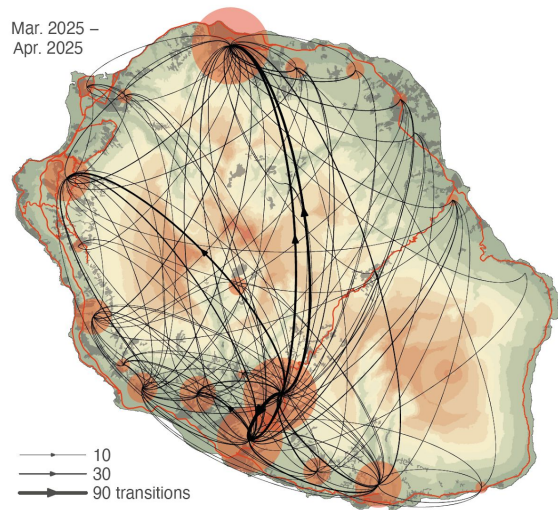
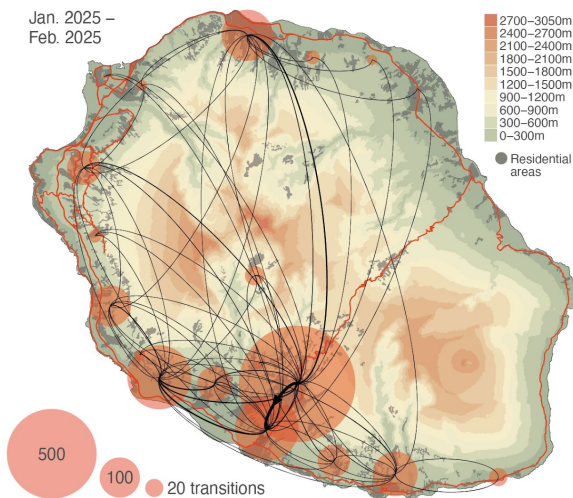
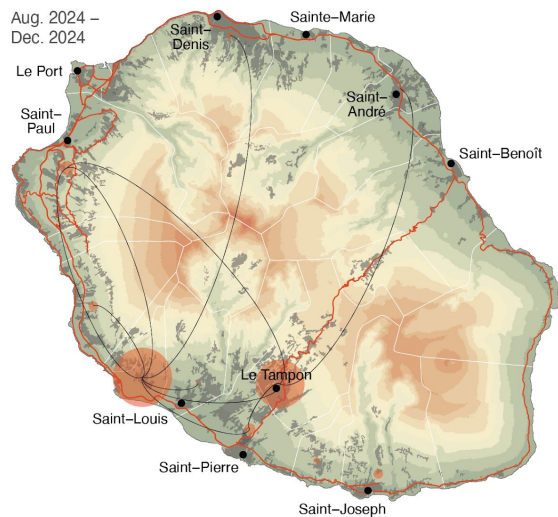


Modified from Nahata et al. 2021

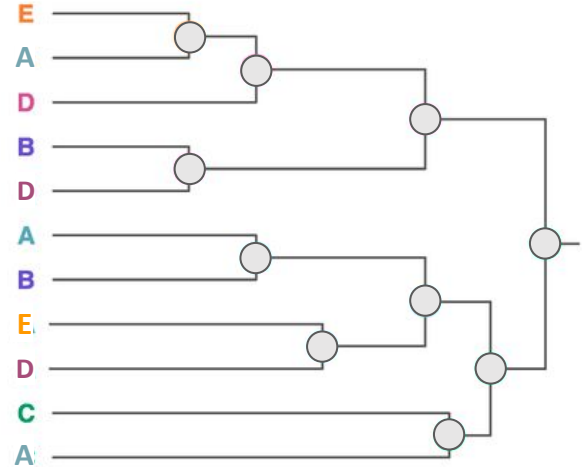
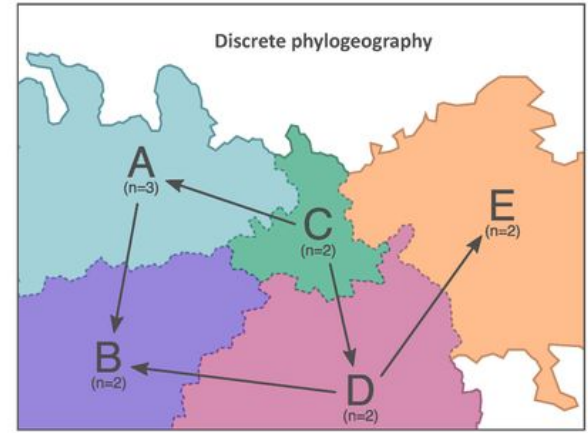
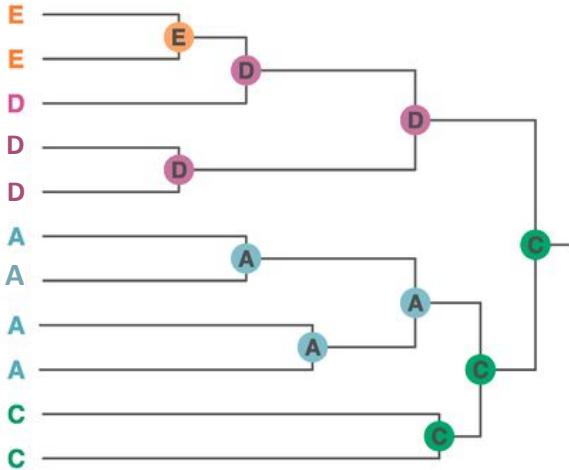
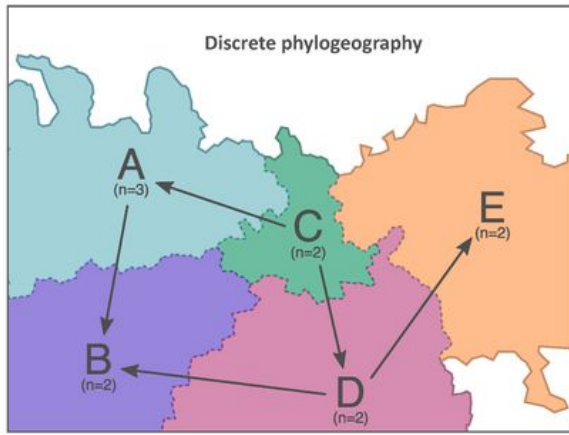


Dynamique de circulation observée en 2024-2025

- Début de transmission dans l'Ouest et le Sud
- Extension en 2025 à la plupart des centres urbains
- Transmission plus intense / rôle majeur des villes du Sud ouest (ex. Le Tampon)
- Importante interconnectivité entre centres urbains "intermixing"



“Intermixing” ?

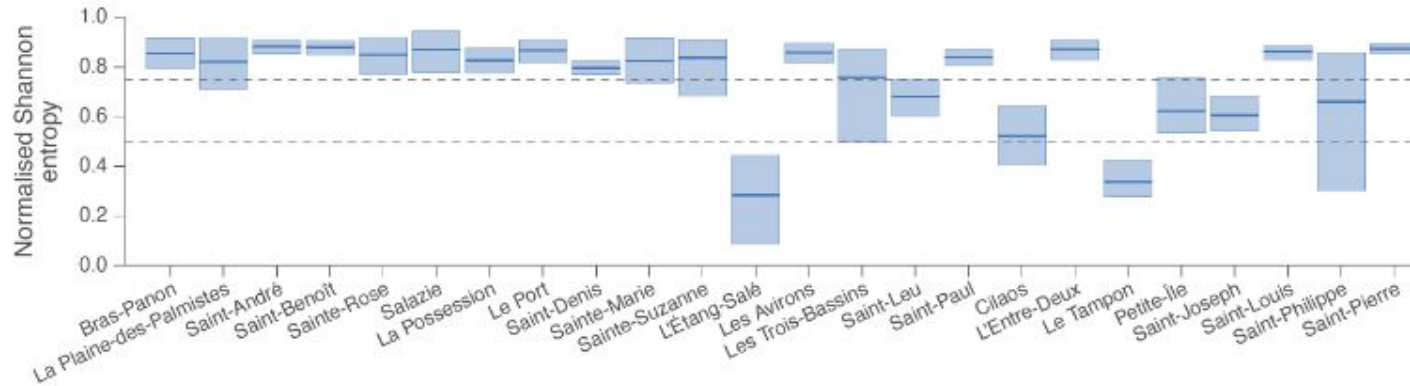


Entropie de Shannon normalisée > structuration phylogénétique /commune

0 (un seul cluster/commune)

1 (chaque séquence = un évènement d'introduction)

Estimation du degré d'intermixing

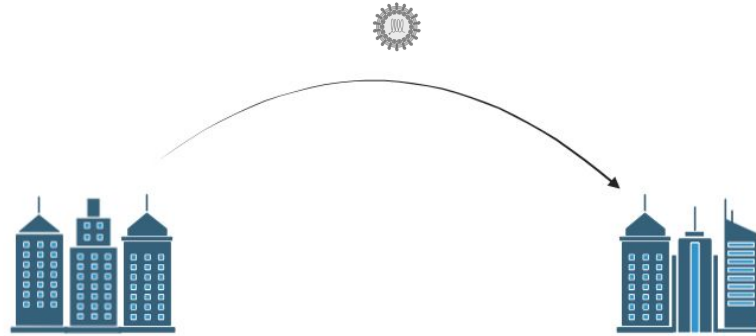


Entropie globalement élevée (>0.5 pour ~80% des c.)

Exceptions

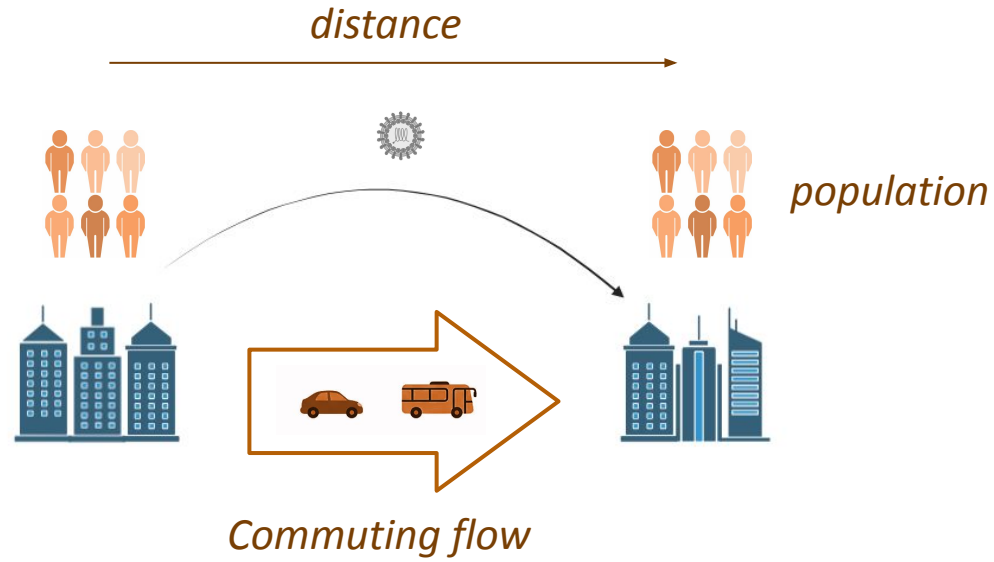
- l'Étang Salé et Le Tampon (<0.5) – communes fortement touchées
- Cilaos, Petit-Île, Saint-Joseph, and Saint-Philippe (<0.75) – communes moins urbanisées/plus isolées

Facteurs impliqués ?



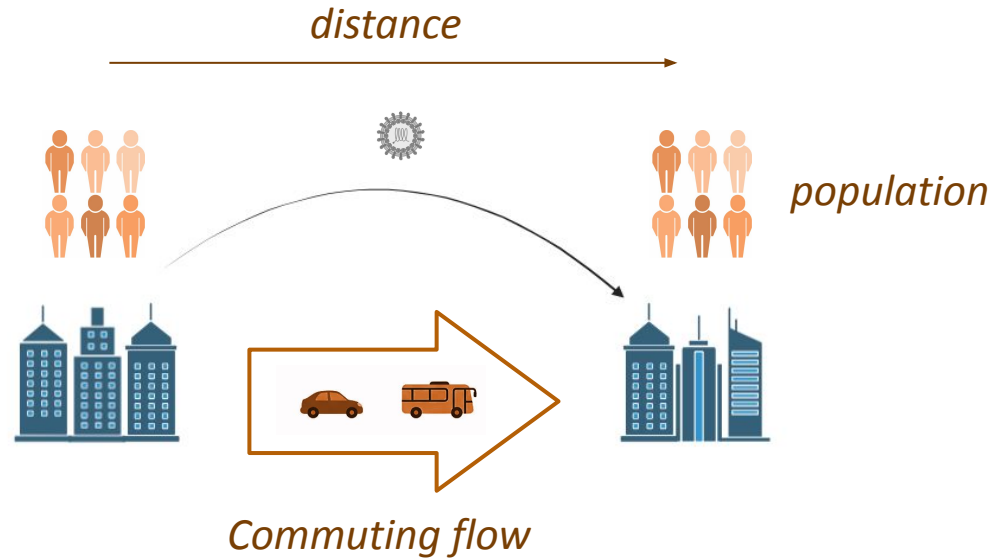
Prédicteurs de la circulation virale entre localisations (communes)

Facteurs impliqués ?



Prédicteurs de la circulation virale entre localisations (communes)

Facteurs impliqués ?



Prédicteurs de la circulation virale entre localisations (communes)

- > mouvements plus fréquents entre communes proches spatialement
- > mouvements plus fréquents depuis/vers communes les plus peuplées

Effet de la **mobilité humaine** ?

Facteur de Bayes = 11 support statistique **positif mais faible** (ici mobilité professionnelle)

Conclusions & Perspectives

- > Une épidémie avec une bonne couverture génomique
- > Autres facteurs impliqués dans la conclusion de l'épidémie ? - baisse des températures et des précipitations (impact sur la densité / activité vectorielle)
- > Faible structuration spatiale/intermixing - rôle de la mobilité ?
- > Autres facteurs contribuant à la propagation virale à investiguer (e.g. densité et compétence vectorielle)

UVE
UNITÉ DES VIRUS
ÉMERGENTS

CHU
CENTRE HOSPITALIER UNIVERSITAIRE
— LA RÉUNION —



SpELL

ULB
UNIVERSITÉ
LIBRE
DE BRUXELLES

MSD Avenir
améliorer la Vie Ensemble
par l'Innovation et la Recherche

**RÉPUBLIQUE
FRANÇAISE**
Liberté
Égalité
Fraternité

anrs
MALADIES INFECTIEUSES
ÉMERGENTES Inserm

KU LEUVEN


CENTRE NATIONAL DE RÉFÉRENCE
ARBOVIRUS


Santé
publique
France

ars
Agence Régionale de Santé
La Réunion

CHU
CENTRE HOSPITALIER
OUEST RÉUNION

CHM


Cerballiance

BIO-AUSTRAL
LABORATOIRE DE BIOMÉDICAL

**LABORATOIRE
DE
SAINT-BENOÎT**
BILOGIE
MÉDICALE

iNovie
BioMed



Thank you for your attention! Any question?