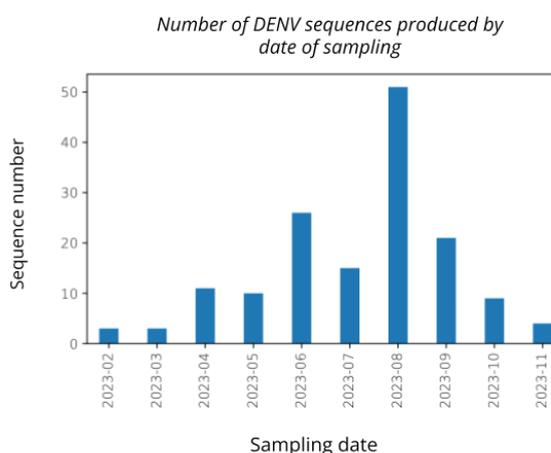


Au 8 décembre 2023, le CNR a séquencé 153 séquences du virus de la dengue liées à l'épidémie des Antilles, échantillonnées entre février et octobre 2023 (cas référés au CNR et échantillons provenant de labos privés). Parmi ces séquences, deux proviennent de cas autochtones secondaires à un import des Antilles, 5 proviennent de Saint Barthélemy, 63 de Guadeloupe, et 73 de Martinique (pour les cas importés, l'origine géographique correspond à la source d'import). Pour les 11 restantes, nous sommes en attente de confirmation des informations sur le lieu

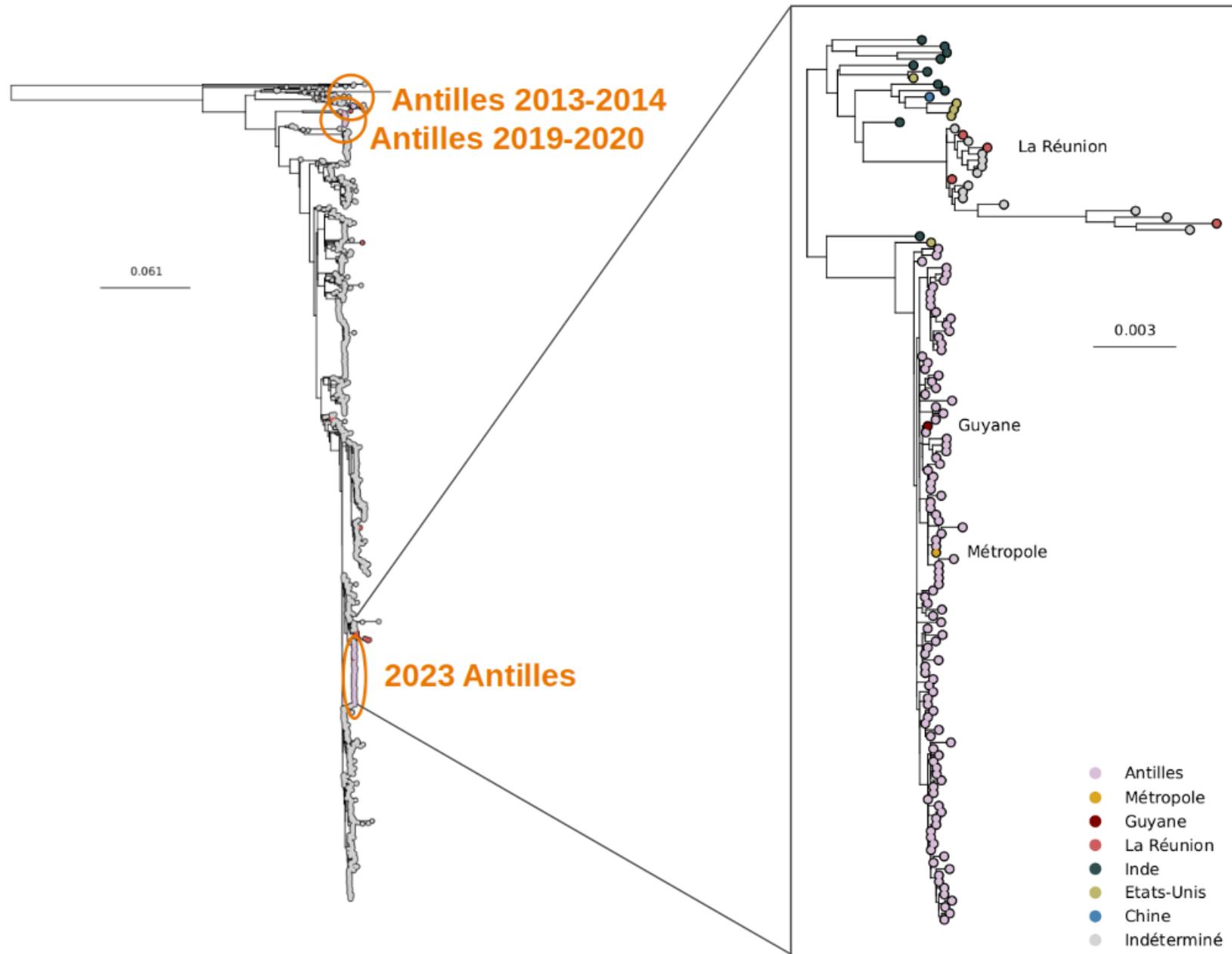


d'acquisition de l'infection par Santé Publique France. La **totalité** de ces séquences appartient au **génotype Cosmopolitan du sérotype 2** du virus de la Dengue (DENV2).

Comme observé lors du dernier point, au sein de l'arbre phylogénétique regroupant l'ensemble des génomes quasi-complets (>8500 nt) du génotype Cosmopolitan, l'ensemble des séquences forme un clade monophylétique, indiquant qu'un **lignage unique circule actuellement aux Antilles** (Saint Barthélemy inclus). Les séquences des Antilles de 2023 groupent avec des séquences provenant des États-Unis (Floride 2023) et d'Inde (2021-2022), plutôt qu'avec les séquences des Antilles des années antérieures (2005-2006, 2013-2014, 2019-2020, sources: CNR, Genbank, IP Guadeloupe, CH Guadeloupe et Martinique), et ce, avec un bon support statistique (BS > 95 pour les noeuds impliqués). Notamment, elles forment un groupe distinct des séquences de DENV2 de Martinique et de Guadeloupe des années 2019 et 2020. Cette topologie indique que **la circulation virale a probablement été causée par une nouvelle introduction dans les Antilles**.

Au sein du clade correspondant aux séquences Antillaises, la présence de groupes où les séquences de Martinique et de Guadeloupe sont intercalées indique que **la circulation locale est couplée à des échanges entre les deux îles**. La localisation des séquences provenant de Saint Barthélemy dans des groupes différents sur l'arbre indique plusieurs introductions sur l'île probablement depuis la Martinique et la Guadeloupe.

Les séquences partagées par le CNR associé de la région Antilles-Guyane groupent toutes avec le clade des Antilles, indiquant que **le lignage épidémique des Antilles a été importé de façon répétée en Guyane, avec au moins un cas autochtone secondaire à un import des Antilles**. Les séquences partagées par le CNR associé de la région Océan Indien groupent séparément du clade antillais, indiquant que **les lignages de DENV2 du génotype Cosmopolitan circulant à la Réunion sont distincts du lignage épidémique des Antilles** (voir figure en page suivante).



Phylogénie du génotype Cosmopolitan du DENV2 avec un zoom sur les séquences provenant des Antilles (2023) (seules les séquences consensus couvrant >80% du génome sont incluses)