



GOUVERNEMENT

Liberté  
Égalité  
Fraternité

**anr**<sup>®</sup>  
agence nationale  
de la recherche



PROGRAMME  
DE RECHERCHE  
SÉLECTION  
VÉGÉTALE

# Programme et Équipement Prioritaire de Recherche « Sélection Végétale Avancée » (SVA)

## Appel à projets 2026

L'appel à projets sera ouvert jusqu'au 08/09/2026 11h00 (heure de Paris).

Adresse de consultation : <https://anr.fr/PEPR-SVA-AAP-2026>

APPEL À PROJETS  
2026



# Résumé

Lancé le 1er mars 2024, le programme national de recherche (PEPR) « Sélection végétale avancée pour faire face au dérèglement climatique et assurer la transition agroécologique » (SVA) est une des mesures de la stratégie d'accélération SADEA (Systèmes Agricoles Durables et Équipements Agricoles contribuant à la transition écologique) de France 2030. Piloté par INRAE, il est doté d'un budget de 30 millions d'euros pour une durée de huit ans (2023-2031). Ce programme a pour objectif d'évaluer la contribution de l'édition des génomes pour accompagner la transition agroécologique dans un contexte d'adaptation au dérèglement climatique.

Le programme SVA est structuré autour de quatre axes complémentaires. Il vise à maîtriser les techniques de l'édition des génomes sur un large panel d'espèces (Axe 1) tout en explorant son intégration dans les schémas de sélection, en complément d'autres outils d'aide à la sélection tel que la sélection génomique (Axe 3). Il entend évaluer, à travers des preuves de concept, le potentiel de l'édition des génomes pour contribuer aux objectifs de sélection adaptés aux systèmes agroécologiques dans un contexte de dérèglement climatique (Axe 2). Par ailleurs, le programme prévoit d'analyser et d'accompagner les processus d'innovation autour de l'édition des génomes en sélection végétale, en explorant les tensions et complémentarités avec les enjeux des transitions agroécologiques (Axe 4).

Le programme SVA soutient financièrement des projets de recherche qui s'inscrivent dans ces objectifs scientifiques. Il finance quatre projets ciblés, ainsi que 14 projets de recherche sélectionnés sur un premier appel à projets. Le deuxième appel à projets du PEPR est l'objet de ce document. Les projets proposés à cet appel doivent s'inscrire dans un ou plusieurs des quatre axes mentionnés ci-dessus et ne doivent pas être redondants avec les projets déjà financés.

Doté d'un montant d'environ 2,5 M€, cet appel à projets financera des projets de recherche d'une durée maximale de 4 ans pour un montant d'aide minimal de 400k€ et maximal de 500 k€ par projet. Il est recommandé que la moitié de l'aide demandée soit dédiée au recrutement de post doctorants et doctorants. Les bénéficiaires des aides sont des établissements d'enseignement supérieur et/ou de recherche, ou des groupements de ces établissements, ainsi que certains instituts techniques. Les entreprises et les établissements étrangers pourront avoir le statut d'Établissement partenaire dans les projets, mais ne bénéficieront pas de financement au titre de cette participation.

# Mots-clés

Sélection végétale, édition des génomes, espèces modèles et agronomiques, diversité génétique, recombinaison méiotique, haploïdes doublés, agroécologie, transition agroécologique, dérèglement climatique, adaptation, atténuation, pratiques agricoles, stockage du carbone, agriculteurs, socio-écosystèmes, modélisation, diversification, réduction des intrants, biodiversité, ressources génétiques, phénotypage, génomique, génétique, services écosystémiques, sols, plantes, génotypage, propriété intellectuelle, éthique, sciences participatives, stress biotiques, stress abiotiques.



# Dates importantes

## Clôture de l'appel à projets

Les éléments du dossier de dépôt doivent être déposés sous forme électronique, y compris les documents signés par le responsable légal de chacun des partenaires, impérativement avant le :

**8 septembre 2026 à 11:00 (heure de Paris)**

sur le site :

<https://france2030.agencerecherche.fr/PEPR-SVA-AAP-2026-projet>

## Webinaire de présentation de l'AAP

Le mardi 12 mai 2026 de 14h30 à 16h30 (heure de Paris)

<https://anr.webex.com/anr/j.php?MTID=m7797ed8abee7f915ff52b272af09721>

3

# Contacts ANR

[PEPR-SVA@agencerecherche.fr](mailto:PEPR-SVA@agencerecherche.fr)

**Responsable d'Action : Yves Coquet**

Il est nécessaire de lire attentivement l'ensemble du présent document et les instructions disponibles sur le site de dépôt des dossiers.



# Sommaire

<b>Résumé .....</b>	<b>2</b>	2.3 Principales caractéristiques des projets.....	12
<b>Mots-clés .....</b>	<b>2</b>	2.4 Partenaires.....	12
<b>Dates importantes.....</b>	<b>4</b>	2.5 Besoins numériques.....	13
<b>Contacts ANR.....</b>	<b>4</b>	<b>3. Examen des projets proposés.....</b>	<b>13</b>
<b>1. Contexte et objectifs de l'appel à projets .....</b>	<b>8</b>	3.1 Procédure d'évaluation et de sélection .....	13
1.1 Contexte.....	8	3.2 Critères de recevabilité.....	14
1.2. Objectifs et calendrier de l'appel à projets .....	9	3.3 Critères d'évaluation.....	15
1.3 Rôle du comité de pilotage du PEPR et rôle de l'ANR .....	9	<b>4. Modalités de dépôt.....</b>	<b>15</b>
<b>2. Thématiques de l'appel et projets attendus .....</b>	<b>10</b>	4.1 Contenu du dossier de dépôt	16
2.1 Thématiques .....	10	4.2 Procédure de dépôt .....	16
Axe 1- Lever les verrous technologiques actuels pour une application généralisée des outils d'édition des génomes.....	10	4.3 Conseils pour le dépôt.....	17
Axe 2- Edition des génomes pour accompagner la transition agroécologique.....	11	<b>5. Dispositions générales pour le financement.....</b>	<b>17</b>
Axe 3- Intégration de l'édition des génomes dans les schémas de sélection .....	11	5.1 Financement.....	17
Axe 4- Analyse des processus d'innovation autour de l'édition des génomes et accompagnement à la conception de régimes de sélection agroécologiques.....	12	5.2 Accord de consortium.....	17
<b>2.2 Liens avec d'autres actions</b>	<b>12</b>	5.3 Science ouverte.....	18
		5.4 Aide d'État.....	20
		5.5 Suivi des projets et communication.....	20
		<b>6 Annexes Indicateurs.....</b>	<b>21</b>
		6.1 Indicateurs communs des projets France 2030.....	21
		6.2 Indicateur commun aux PEPR	23
		6.3 Indicateurs spécifiques au PEPR SVA .....	23

**7 Annexe - Les projets du PEPR  
SVA ..... 24**

**8 Annexe- Définition des  
caractères en adéquation  
avec les objectifs  
scientifiques du PEPR SVA  
..... 40**

# 1. Contexte et objectifs de l'appel à projets

## 1.1 Contexte

Face aux changements globaux, l'adaptation et la transformation des systèmes de production agricole sont des défis majeurs. De nouveaux systèmes doivent être conçus pour faire face au dérèglement climatique, assurer la préservation des ressources naturelles et la santé humaine, animale et environnementale.

L'agroécologie est une approche systémique qui place les agrosystèmes au cœur des systèmes socio-techniques, socio-écologiques et alimentaires. En termes de pratiques, elle privilégie des modes de production basés sur une réduction des intrants, une gestion économe des ressources, une valorisation de la biodiversité et une réponse adaptée aux besoins alimentaires locaux. Au niveau scientifique, l'agroécologie requiert des démarches interdisciplinaires, voire transdisciplinaires, et une reconception des systèmes à différentes échelles (nouveaux systèmes de production, nouvelles chaînes de valeur, innovations couplées), en mobilisant les échelles emboîtées de la biodiversité (Caquet et al., 2019<sup>1</sup>). Pour réussir la transition agroécologique, il est essentiel que la recherche produise de nouvelles connaissances, développe des outils et mette à disposition des ressources adaptées pour accompagner les agriculteurs et toutes les parties prenantes. Dans ce cadre, la sélection végétale a un rôle à jouer pour mobiliser et valoriser la diversité génétique. Elle doit être repensée à la lumière des objectifs de l'agroécologie et des défis liés au dérèglement climatique et être intégrée dans les différentes échelles de reconception des systèmes agricoles et alimentaires. Créer de nouvelles variétés de plantes, plus résilientes, économes en ressources, offrant des services multiples (y compris pour des usages non alimentaires) et conçues avec et pour des pratiques agroécologiques est une des pistes à explorer.

La transition agroécologique et le dérèglement climatique rendent également nécessaire la définition de nouveaux objectifs et critères (caractères) de sélection. Une partie de ces objectifs peut être atteinte en exploitant des caractères bien connus qui permettent l'adaptation aux stress biotiques et abiotiques induits par la réduction des intrants et le dérèglement climatique. Cependant, il est également nécessaire d'élargir les objectifs de sélection à de nouvelles espèces et à de nouveaux caractères pour assurer la diversification (espèces et services) et la mobilisation des interactions bénéfiques (régulations biologiques au sein du système).

La recherche doit s'investir dans des travaux interdisciplinaires pour assurer ces perspectives et la sélection végétale doit exploiter toutes les connaissances et méthodologies de recherche disponibles pour répondre à la nécessité (i) de disposer sur le marché de matériel végétal innovant et adapté, (ii) de répondre aux attentes sociétales et (iii) de soutenir la compétitivité des acteurs de l'agriculture.

La sélection génétique est un outil puissant pour améliorer les caractéristiques des espèces et donc les performances des systèmes agricoles. Le processus de sélection génétique évolue dans le temps en fonction des connaissances scientifiques, des attentes sociétales et des objectifs agro-environnementaux. Au cours des deux dernières décennies, les outils génomiques ont permis d'accéder à des critères de sélection indirects (sélection assistée par marqueurs, sélection génomique) qui peuvent être mobilisés plus tôt, plus rapidement et compléter la seule utilisation de la sélection

<sup>1</sup> Caquet T. et al.. Réflexion prospective interdisciplinaire pour l'agroécologie. Rapport de synthèse. 2019, 108 pp. ([10.15454/heimwa](https://doi.org/10.15454/heimwa)). ([hal-02154433v2](https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-02154433v2))

phénotypique. Aujourd'hui, **l'édition des génomes (EG)**, notamment grâce à la technologie CRISPR-Cas (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats - CRISPR associated protein), doit être évaluée pour identifier son utilité et sa complémentarité vis à vis des techniques actuelles de sélection végétale. Dans quelle mesure l'EG peut accélérer l'amélioration de caractères nouveaux, de caractères complexes, et permettre la sélection simultanée de plusieurs caractères d'intérêt avec des outils de ciblage appropriés ? L'EG constitue-t-elle un levier complémentaire potentiel pour relever les défis actuels et accompagner la transition agroécologique ? C'est dans cette perspective que se positionnent les travaux du programme Sélection Végétale Avancé (PEPR SVA)<sup>2</sup>.

## 1.2. Objectifs et calendrier de l'appel à projets

Cet Appel à Projets (AAP) a pour objectif de soutenir des projets de recherche novateurs, positionnés sur un ou plusieurs des 4 axes scientifiques du PEPR SVA (cf. §2.1. Thématiques). Ces projets ne doivent pas être redondants avec les quatre projets ciblés du PEPR (cf. §7. Annexe - Les projets ciblés du PEPR SVA) et les [14 projets](#) issus du premier AAP. Pour les projets qui souhaitent réaliser en France des essais au champ de plantes éditées, un soutien financier spécifique, en dehors du cadre de cet AAP, pourrait être mis en place. Pour tout renseignement à ce sujet, contacter la direction du PEPR SVA (Contacts : Directrice du Programme : [annabelle.dejardin@inrae.fr](mailto:annabelle.dejardin@inrae.fr) ; Manageuse de programme : [bertille.natoly-delaunay@inrae.fr](mailto:bertille.natoly-delaunay@inrae.fr)).

Le budget total du PEPR SVA est de 30 M€ et cet AAP est doté d'une enveloppe d'environ 2,4 M€. Le montant de l'aide de chaque projet devra être compris entre 400k€ et 500 k€ pour une durée maximale de 4 ans. Il est recommandé que la moitié de l'aide demandée soit dédiée au recrutement de post doctorants et doctorants.

## 1.3 Rôle du comité de pilotage du PEPR et rôle de l'ANR

L'AAP est mis en place et suivi par l'ANR en concertation avec la direction du PEPR SVA. Celle-ci sera à disposition pour conseiller les porteurs de projets dans la définition du périmètre scientifique du projet, sa cohérence avec les objectifs du programme et la composition des consortiums (Contacts : Directrice du Programme : [annabelle.dejardin@inrae.fr](mailto:annabelle.dejardin@inrae.fr) ; Manageuse de programme : [bertille.natoly-delaunay@inrae.fr](mailto:bertille.natoly-delaunay@inrae.fr)).

Le Comité de Pilotage du PEPR (composé de la directrice et de la manageuse du programme, de deux co-responsables pour chacun des quatre axes scientifiques ainsi que du responsable de l'infrastructure) est responsable, en lien avec l'ANR, de la préparation du texte décrivant les objectifs, le périmètre scientifique et les thèmes de l'appel à projets. Il assure la cohérence de cet appel avec l'ensemble des autres actions du programme, dans le respect du document de cadrage scientifique.

L'ANR assure l'organisation de la mise en œuvre de l'appel à projets. L'évaluation des projets est réalisée par un comité d'évaluation à dimension internationale et indépendant du Comité de Pilotage.

En amont du processus d'évaluation, la directrice de programme rappellera brièvement au comité international les objectifs et grandes lignes du PEPR SVA et son positionnement par rapport aux stratégies institutionnelles. Par la suite, le comité international prendra seul en charge les évaluations.

Sur la base de cette évaluation, la direction du PEPR SVA propose la liste des projets pour financement et les montants qui pourraient leur être alloués au Secrétariat Général Pour l'Investissement (SGPI). Le Premier Ministre, après avis du Comité de Pilotage Ministériel opérationnel (CPMo) et du SGPI, arrête

<sup>2</sup> Pour en savoir plus : [Axes - Sélection Végétale Avancée](#)

la décision concernant les bénéficiaires et les montants accordés.

Chacun des projets lauréats fait l'objet d'un contrat entre l'ANR et l'établissement coordinateur du projet, précisant les obligations réciproques de chacune des parties.

## 2. Thématiques de l'appel et projets attendus

Cet AAP s'articule autour des 4 axes scientifiques qui structurent le PEPR SVA. Le PEPR SVA vise à maîtriser l'édition des génomes sur un large panel d'espèces (Axe 1) tout en explorant son intégration dans les schémas de sélection, en complément de la sélection génomique (Axe 3). Il entend évaluer, à travers des preuves de concept, le potentiel de l'édition des génomes pour répondre aux objectifs de sélection adaptés aux systèmes agroécologiques dans un contexte de dérèglement climatique (Axe 2). Par ailleurs, le programme prévoit d'évaluer les impacts socio-économiques et de simuler divers scénarios pour concevoir de nouveaux modèles économiques, sociaux et réglementaires adaptés à ces innovations (Axe 4). Les propositions déposées aborderont un ou plusieurs axes scientifiques du programme et ne devront pas être redondants avec les projets ciblés du PEPR et les [14 projets](#) issus du premier AAP (cf. §7. Annexe). Une attention particulière sera portée aux projets impliquant des espèces importantes pour la diversification des cultures et pour lesquelles la recherche est structurellement sous-financée.

### 2.1 Thématiques

#### Axe 1- Lever les verrous technologiques actuels pour une application généralisée des outils d'édition des génomes

Au niveau technologique, l'utilisation de l'édition des génomes est limitée par les outils moléculaires actuellement disponibles, qui ne permettent pas toutes les modifications génomiques souhaitées. Des propositions sont donc attendues pour élargir le champ d'applications des outils d'édition, avec notamment (i) la possibilité de modifier à façon des régions peu ou pas accessibles du génome, de par leur organisation chromatinienne, et (ii) de permettre des réarrangements chromosomiques. Les propositions concernant le développement de nouveaux outils moléculaires d'édition des génomes non soumis à la propriété intellectuelle liée aux CRISPR/Cas ou dérivés sont fortement encouragées. Les applications indiquées ci-dessus ne sont pas exhaustives. Les propositions développant des outils de prime editing ne seront pas prises en compte car traitées dans le projet ciblé TYPEX (cf. §7. Annexe - Les projets ciblés).

L'édition des génomes se fait actuellement essentiellement via une étape de transgénèse. Cette étape reste limitante pour de nombreuses espèces d'intérêt pour la transition agroécologique par manque de méthodes efficaces de transformation et/ou de régénération. Les propositions visant à développer ou à améliorer les méthodes de transgénèse de plantes récalcitrantes à la transformation (comme par exemple les Légumineuses) sont donc encouragées. Des propositions portant sur le développement de méthodes d'édition limitant l'intégration de tout ou partie de transgènes dans le génome de la plante (transgene-free ou DNA-free) sont attendues, notamment pour les espèces à propagation végétative (Fraisier, Framboisier, etc.) pour lesquelles l'élimination de transgènes par ségrégation n'est pas possible.

Le développement ou l'amélioration de méthodes d'édition sur des plantes modèles (e.g. *Arabidopsis thaliana*) ou de plantes cultivées pour lesquelles des méthodes de transformation sont utilisées en

routine (e.g. tomate, riz, blé, maïs, etc.) ne seront pas considérées.

## Axe 2- Edition des génomes pour accompagner la transition agroécologique

L'axe 2 couvre l'utilisation de l'EG pour améliorer les réponses des plantes aux facteurs climatiques, aux maladies et aux ravageurs, dans un contexte d'agroécologie. L'objectif est de disposer de caractères impliqués dans l'efficacité des fonctions attendues au sein de systèmes de cultures innovants pouvant contribuer efficacement à la transition agroécologique et à l'adaptation au dérèglement climatique.

Les efforts se concentreront sur l'application de l'EG à des gènes et allèles déjà identifiés, dans des plantes d'intérêt agronomique (plantes cultivées et de service) et visant à développer du matériel végétal dans ce cadre. Une attention particulière sera portée aux projets ciblant des légumineuses qui occupent une place centrale dans la transition agroécologique, ainsi qu'à toute espèce dite « mineure » qui permet une diversification des cultures et pour laquelle il existe aujourd'hui un manque de recherche académique. Il est nécessaire de redéfinir des idéotypes adaptés à ces nouveaux contextes, en ciblant de nouveaux caractères ou en explorant plus largement la diversité génétique des caractères déjà sous sélection. Des modèles écophysologiques pourront être utilisés à cette fin pour sélectionner les combinaisons de caractères les plus pertinents à tester.

L'EG pourra cibler des caractères difficiles à obtenir ou à combiner par les méthodes de sélection actuelles. Il pourrait notamment s'agir de combinaisons de caractères impliqués dans l'amélioration de la tolérance aux stress abiotiques (sécheresse, chaleur, gel), la réduction des intrants agricoles (eau, nutriments), le stockage de carbone dans les environnements agricoles ou encore les interactions positives des plantes avec leur environnement (symbioses, interactions plantes-insectes par exemple).

En complément, veuillez-vous référer à l'Annexe 8 - Définition des caractères en adéquation avec les objectifs scientifiques du PEPR SVA.

Les propositions devront veiller à ne pas être redondantes avec les activités développées dans le cadre des projets ciblés GARDENS et DIALOG (cf. §7. Annexe - Les projets ciblés).

## Axe 3- Intégration de l'édition des génomes dans les schémas de sélection

L'axe 3 porte sur l'utilisation de l'EG pour favoriser la mobilisation de l'agro-biodiversité (espèces sauvages apparentées, accessions traditionnelles, lignées élites...) en sélection et accélérer le processus de création de nouvelles variétés. Les propositions viseront donc à la mise en œuvre des outils de l'EG pour accroître le brassage génétique et optimiser les combinaisons d'allèles pour des caractères contribuant favorablement à la transition agroécologique et à l'adaptation aux changements globaux en agriculture.

Les activités proposées devront veiller à ne pas être redondantes avec celles déjà menées dans le cadre du projet ciblé DIVEDIT pour les espèces qui y sont déjà travaillées (cf. §7. Annexe - Les projets ciblés).

Parmi les thèmes complémentaires, on retrouve l'édition des génomes pour la néo-domestication d'espèces apparentées aux espèces cultivées, l'accélération de la sélection chez des espèces peu améliorées, la facilitation de l'introgession de caractères d'intérêt entre espèces, la correction de défauts d'accessions traditionnelles, la stimulation, redistribution ou ciblage de la recombinaison méiotique, l'accélération de la sélection par édition de cibles multiples ou la détermination de l'influence du fond génétique sur la plus-value de l'édition.

## Axe 4- Analyse des processus d'innovation autour de l'édition des génomes et accompagnement à la conception de régimes de sélection agroécologiques

L'axe 4 soutient les travaux en Sciences Humaines et Sociales qui permettront d'analyser et d'accompagner les trajectoires scientifiques, sociales, économiques et juridiques des innovations liées à l'édition des génomes pour la transition agroécologique. Ils pourront venir en appui aux politiques publiques. L'appel soutient des approches dans différentes disciplines (sociologie, études des sciences et technologies, économie, sciences de gestion, sciences de la conception, droit, sciences politiques...). Des approches intégrant des travaux interdisciplinaires et transdisciplinaires seront appréciées, dans lesquels les chercheurs et chercheuses en sciences biotechniques et usagers directs et indirects des innovations variétales ne sont pas considérés uniquement comme des « objets d'étude » mais des partenaires de travail. Différentes thématiques pourront être abordées, notamment l'évolution des réglementations (pourquoi et comment les réglementations autour des *New Breeding Technologies* (NBT) sont-elles élaborées ? quelles sont leurs implications ?), les régimes de droits de propriété (comment garantir l'accès aux technologies et aux ressources génétiques ? quelle évolution du Certificat d'Obtention Végétale face au développement potentiel des NBT ?), la gouvernance de la diversité cultivée (quels impacts des NBT sur cette gouvernance, sur l'augmentation ou la diminution potentielle de l'homogénéité des ressources génétiques utilisées dans les systèmes agri-alimentaires, quelles chaînes de valeurs, de la production à la consommation, pour valoriser la diversité cultivée ?), les diversités des valeurs et conceptions de l'agroécologie dans le domaine de la sélection variétale (notamment en dépassant les oppositions classiques entre Science et Opinion dans le cas des NBT). Les recherches menées devront aider à la conception des formes de régulation assurant que les innovations permises par les NBT contribuent aux transitions agroécologiques.

### 2.2 Liens avec d'autres actions

Le programme SVA est un des outils de la stratégie d'accélération SADEA (Systèmes Agricoles Durables et Équipements Agricoles contribuant à la transition écologique) de France 2030. Il est complémentaire à d'autres actions, comme le PEPR « Agroécologie et Numérique: données, agroéquipements et ressources génétiques au service de la transition agroécologique et de l'adaptation aux aléas climatiques ([AgroEcoNum](#)) », le programme Cultiver et Protéger Autrement ([CPA](#)) et le PEPR « Biomasses, biotechnologies et technologies durables pour la chimie et les carburants ([B-Best](#)) ». Tout projet déposé dans le cadre de cet AAP, s'appuyant sur des résultats issus de ces programmes ou générant du matériel végétal pouvant être utile pour ces programmes, sera bienvenu.

### 2.3 Principales caractéristiques des projets

Les projets déposés devront s'intégrer dans les objectifs et la stratégie globale du PEPR SVA. Ils seront d'une durée maximale de 4 ans avec des financements compris entre 400 et 500 k€. Il est recommandé que la moitié de l'aide demandée soit dédiée au recrutement de post doctorants et doctorants. Les projets multidisciplinaires sont encouragés.

### 2.4 Partenaires

Seuls les organismes de recherche et les établissements de recherche et d'enseignement supérieur, ou des groupements de ceux-ci, peuvent bénéficier d'une aide financière dans le cadre de cet appel à projets. Les établissements privés contribuant aux missions de service public de l'enseignement supérieur et de la recherche, relevant de l'article L.732-1 du code de l'Éducation, pourront

éventuellement être financés après analyse par l'ANR, avis du MESRE et validation par le SGPI. Les instituts techniques qualifiés contribuant aux missions d'intérêt général, relevant de l'article D823-1 du code rural et de la pêche maritime, pourront éventuellement être financés après analyse par l'ANR.

Les équipes de recherche impliquées dans les 4 projets ciblés et les 14 projets issus du premier AAP du PEPR peuvent rejoindre les consortiums des projets de cet AAP.

Cependant, les responsables scientifiques et techniques des projets ciblés et des 14 projets issus du premier AAP ne peuvent pas être responsables de projet pour cet AAP.

Par ailleurs, les membres du comité de pilotage du programme SVA ne peuvent pas déposer de proposition en tant que responsable. Ils peuvent néanmoins être responsables scientifiques au titre d'un établissement partenaire de la proposition.

Lorsque cela est bénéfique au consortium, il est encouragé d'associer dans les projets des partenaires internationaux, des acteurs du monde socio-économique, des ONG, des collectivités, etc. Ces derniers ne pourront pas bénéficier de financement direct dans le cadre de cet appel mais pourront apparaître comme partenaires non financés.

## 2.5 Besoins numériques

Les activités de recherche supposent l'utilisation de services numériques et l'utilisation d'infrastructures informatiques pour répondre à des besoins de natures différentes comme le stockage des données, le calcul, le traitement de données et l'hébergement de serveurs.

Les projets devront évaluer et dimensionner leurs besoins en termes de :

- Stockage des données ;
- Calcul en milliers heures de calcul (CPU, GPU...);
- Serveurs / services applicatifs (machines virtuelles, serveurs de bases de données...).

Pour ce faire, les déposants sont invités à se rapprocher d'une structure mutualisée existante (datacentre labellisé en région, e-infrastructure, centre de calcul national ou mésocentre de calcul...), qui pourra répondre aux besoins du projet, et qui pourra les accompagner dans ce dimensionnement.

Les coûts de ces besoins numériques et leur demande de financement seront à intégrer dans le projet.

Le recours à des services numériques, le co-investissement ou l'hébergement des infrastructures dans des datacentres labellisés par le MESRE au sein des Régions doit être privilégié. L'acquisition d'équipements numériques destinés à être installés dans les locaux des structures de recherche ou des établissements n'est donc pas encouragée.

# 3. Examen des projets proposés

## 3.1 Procédure d'évaluation et de sélection

Les projets recevables (cf. § 3.2) seront évalués par un comité d'évaluation indépendant à dimension internationale. Ce comité pourra recourir, le cas échéant, à des expertises externes et pourra procéder à une audition des porteurs des projets (accompagnés par des représentants du projet, le cas échéant) ; le comité pourra formuler des questions qui seront transmises en amont.

À l'issue de ses travaux, le comité d'évaluation remettra à la directrice du PEPR SVA un rapport comprenant :

- 1) La liste des projets que le comité recommande pour financement en raison de leur qualité, évaluée sur la base des critères indiqués au §3.3 ;
- 2) La liste des projets que le comité propose de ne pas financer en raison d'une qualité qu'il juge insuffisante sur au moins l'un des critères indiqués au §3.3.

Chaque projet évalué fera l'objet d'un argumentaire justifiant de sa position sur l'une des deux listes. Le comité pourra formuler un avis sur le montant des financements demandés.

La directrice du PEPR proposera au Secrétariat Général Pour l'Investissement (SGPI) la désignation des projets qui pourraient être financés et le montant qui pourrait leur être alloué. Le Premier ministre, après avis du SGPI, arrêtera la décision concernant les bénéficiaires et les montants définitivement accordés. Chaque projet fera l'objet d'un contrat entre l'ANR et l'établissement coordinateur du projet, détaillant les obligations réciproques des parties.

Les membres du comité d'évaluation ainsi que les expertes et experts externes sollicités s'engagent à respecter les règles de déontologie et d'intégrité scientifique établies par l'ANR. A ce titre, elles et ils s'engagent au strict respect des règles de confidentialité, à déclarer tout lien d'intérêt qui pourrait constituer un conflit d'intérêt dans le cadre de l'évaluation et à ne pas utiliser d'outils IA ou utilisant l'IA pour réaliser l'évaluation. En cas de manquement dûment constaté, l'ANR se réserve le droit de prendre toute mesure qu'elle juge nécessaire pour y remédier comme cela est précisé dans la charte de déontologie et d'intégrité scientifique de l'ANR ainsi que dans la politique ANR en matière d'éthique, d'intégrité scientifique et de déontologie disponibles sur son site internet. La composition du comité d'évaluation sera affichée sur le site de publication de l'appel à projets à l'issue de la procédure de sélection.

## 3.2 Critères de recevabilité

### IMPORTANT

Les dossiers ne satisfaisant pas aux critères de recevabilité ne seront pas transmis au comité d'évaluation et ne pourront en aucun cas faire l'objet d'un financement.

- 1) Le dossier complet doit être déposé sur le site de dépôt de l'ANR avant la date de clôture indiquée page 3. De plus, le document administratif et financier, qui intègre les lettres d'engagement signées par chaque établissement partenaire et scannées, doit être déposé sur le site de dépôt de l'ANR à la date et l'heure indiquées en page 3.
- 2) Le document scientifique du projet doit impérativement suivre le modèle disponible sur le site internet de l'appel à projets et être déposé sur ce site au format PDF non protégé.
- 3) Le projet aura une durée maximale de 4 ans.
- 4) Le montant total de l'aide demandée devra être de 400k€ minimum et 500 k€ maximum.
- 5) Une même personne ne pourra être porteur que d'un seul projet dans le cadre du présent appel à projets.
- 6) Un porteur de projet déjà financé par le PEPR SVA ne pourra pas être porteur d'un projet dans le cadre de cet AAP.
- 7) Les membres du comité de pilotage du programme SVA ne peuvent pas être porteurs de projet. Ils peuvent cependant être responsables scientifiques au titre d'un établissement partenaire du projet.

- 8) L'établissement coordinateur doit être un établissement français de l'enseignement supérieur et de la recherche ou un établissement français de recherche.
- 9) Sont exclus les projets qui causeraient un préjudice important du point de vue de l'environnement (application du principe DNSH – Do No Significant Harm ou « absence de préjudice important ») au sens de l'article 17 du règlement européen sur la taxonomie.

### 3.3 Critères d'évaluation

Les experts externes et les membres du comité d'évaluation sont appelés à examiner les propositions de projet selon les critères d'évaluation ci-dessous, regroupés en quatre grandes catégories.

#### 1) Excellence et ambition scientifique :

- Clarté des objectifs et des hypothèses de recherche ;
- Caractère novateur, ambition, originalité, rupture méthodologique ou conceptuelle du projet par rapport à l'état de l'art ;
- Pertinence de la méthodologie.

#### 2) Qualité du consortium, moyens mobilisés et gouvernance :

- Compétence et implication du responsable du projet : expertise dans le domaine, capacité à coordonner des consortiums, parcours de carrière, reconnaissance internationale ;
- Qualité et complémentarité du consortium scientifique au regard des objectifs du projet ;
- Adéquation entre les moyens humains et financiers mobilisés (y compris ceux demandés dans le cadre du projet) et les objectifs visés ;
- Pertinence du calendrier, gestion des risques scientifiques et solutions alternatives, crédibilité des jalons proposés ;
- Pertinence et efficacité de la gouvernance du projet (pilotage, organisation, animation, etc.).

#### 3) Impact et retombées du projet :

- Cohérence avec les objectifs généraux du PEPR SVA ;
- Capacité du projet à répondre aux enjeux de recherche d'au moins un axe thématique de l'AAP ;
- Impacts économiques et sociétaux envisagés, contribution au développement de solutions en réponse aux enjeux des domaines prioritaires de la Stratégie Nationale SADEA ;
- Contribution à la durabilité des pratiques agricoles (réduction des intrants, gestion des ressources, diversification) ;
- Bénéfices pour les agriculteurs, les entreprises et la société en général ;
- Stratégie de diffusion et de valorisation des résultats (en interne et vers l'extérieur), adhésion aux principes de science ouverte et de données FAIR, et promotion de la culture scientifique.

#### 4) Éthique et conformité réglementaire :

- Respect des enjeux éthiques et réglementaires concernant l'édition des génomes et les essais en champ.

## 4. Modalités de dépôt

## 4.1 Contenu du dossier de dépôt

Le dossier de candidature devra comporter l'ensemble des éléments nécessaires à l'évaluation de la proposition. Il devra être déposé avant la clôture de l'appel à projets, dont la date et l'heure sont indiquées page 3.

### Important

Aucun élément complémentaire ne pourra être accepté après la clôture de l'appel à projets dont la date et l'heure sont indiquées page 3

Les documents devront être déposés sur le site de dépôt dont l'adresse est mentionnée page 3. Afin d'accéder à ce service, il est indispensable d'obtenir au préalable l'ouverture d'un compte (identifiant et mot de passe). Pour obtenir ces éléments, il est recommandé de s'inscrire le plus tôt possible.

Le dossier de dépôt complet est constitué de deux documents intégralement renseignés :

- 1) **Le « document scientifique »**, d'une longueur maximum de **15 pages (police Arial 11)**, rédigé **en anglais**, comprenant :
  - Une description du projet envisagé, selon le format fourni ;
  - En annexe la liste des publications scientifiques des trois dernières années des chercheurs/équipes proposant le projet (non comptée dans les 15 pages).
- 2) **Le « document administratif et financier »**, qui comprend la description administrative et budgétaire du projet et intègre les lettres d'engagement signées par chaque établissement partenaire.

Les éléments du dossier de candidature (document administratif et financier au format Excel / modèles de document scientifique au format Word) seront accessibles à partir de la page web de publication du présent appel à projets (voir adresse page 3).

## 4.2 Procédure de dépôt

Les documents du dossier de dépôt devront être transmis par le responsable du projet :

### **SOUS FORME ÉLECTRONIQUE impérativement :**

- Avant la date de clôture indiquée page 3 du présent appel à projets,
- Sur le site web de dépôt selon les recommandations en 0.

L'inscription préalable sur le site de dépôt est nécessaire pour pouvoir déposer un projet.

Seule la version électronique des documents de candidature présente sur le site de dépôt à la clôture de l'appel à projets est prise en compte pour l'évaluation.

UN ACCUSÉ DE RÉCEPTION, sous forme électronique, sera envoyé au responsable du projet lors du dépôt des documents.

NB : La signature des lettres d'engagement, intégrées dans le document administratif et financier, permet de certifier que les partenaires du projet sont d'accord pour déposer le projet conformément aux conditions décrites dans le document administratif et financier ainsi que dans le document scientifique et ses éventuelles annexes.

## 4.3 Conseils pour le dépôt

Il est fortement conseillé :

- d'ouvrir un compte sur le site de dépôt le plus tôt possible ;
- de ne pas attendre la date limite d'envoi des propositions pour la saisie des données en ligne et le téléchargement des fichiers (attention : le respect de l'heure limite de candidature est impératif) ;
- de vérifier que les documents déposés dans les espaces dédiés des rubriques « documents de dépôt » et « documents signés » sont complets et correspondent aux éléments attendus. Le dossier de candidature et le dépôt des documents signés ne pourront être validés par le responsable du projet que si l'ensemble des documents a été téléchargé ;
- de consulter régulièrement le site internet dédié au programme, à l'adresse indiquée page 1, qui comporte des informations actualisées concernant son déroulement ;
- de contacter, si besoin, les correspondants par courrier électronique, à l'adresse mentionnée page 4 du présent document.
- De contacter, si besoin, l'ANR à l'adresse [PEPR-SVA@agencerecherche.fr](mailto:PEPR-SVA@agencerecherche.fr)
- De contacter, si besoin, la directrice et la manageuse du programme SVA par courrier électronique aux adresses : [annabelle.dejardin@inrae.fr](mailto:annabelle.dejardin@inrae.fr) et [bertille.natoly-delaunay@inrae.fr](mailto:bertille.natoly-delaunay@inrae.fr).

# 5. Dispositions générales pour le financement

## 5.1 Financement

Les appels financés au titre du PEPR présentent un caractère exceptionnel et se distinguent du financement récurrent des établissements universitaires ou de recherche.

Les financements alloués représentent des moyens supplémentaires destinés à des actions nouvelles. Ils pourront permettre le lancement de projets de recherche innovants, et financer, par exemple, l'achat d'équipements ainsi que des dépenses de personnels affectés spécifiquement à ces projets et des dépenses de fonctionnement associées.

Les dépenses éligibles sont précisées dans le règlement financier relatif aux modalités d'attribution des aides de l'action PEPR. L'intervention publique s'effectue notamment dans le respect des articles 107 à 109 du Traité sur le Fonctionnement de l'Union européenne et des régimes cadres d'aides d'Etat afférents, ainsi que des encadrements temporaires en vigueur. Le soutien financier sera apporté sous la forme d'une dotation, dont le décaissement est effectué par l'ANR pour l'établissement coordinateur du projet, selon l'échéancier prévu dans le contrat, sur la durée du projet.

## 5.2 Accord de consortium

Les consortiums sans Entreprises ne sont pas soumis à l'obligation de conclure et transmettre à l'ANR un accord de consortium. Lorsqu'il est exigé, un accord de consortium, qui peut être constitué d'un ensemble d'accords entre l'établissement coordinateur et chacun des établissements partenaires

individuellement, précisant les droits et obligations de chaque Établissement partenaire, au regard de la réalisation du projet, devra être fourni par l'Établissement coordinateur dans un délai maximum de 12 mois à compter de la date de signature du contrat attributif d'aide. En cas d'accords multiples, l'Établissement coordinateur se porte garant dans ce cas de la cohérence (absence de clauses contradictoires) de cet ensemble d'accords.

L'ensemble des Établissements partenaires qui affectent des moyens au Projet sont signataires de cet/ces accords même s'ils ne bénéficient pas d'une quote-part de l'aide.

Cet accord précise notamment selon la typologie des projets financés :

- les modalités de valorisation des résultats obtenus au terme des recherches, et de partage de leur propriété intellectuelle ;
- la répartition des tâches, des moyens humains et financiers et des livrables ;
- le régime de publication / diffusion des résultats ;
- la gouvernance, en précisant notamment le nom du responsable du projet pour l'établissement coordinateur ;
- la valorisation des outils et/ou produits pédagogiques numériques réalisés.

L'Établissement coordinateur envoie directement une copie de cet accord, ainsi que celles de ses éventuels avenants, à l'ANR.

Cet accord permettra d'évaluer l'absence d'une aide indirecte octroyée aux Entreprises par l'intermédiaire des établissements d'enseignement supérieur et/ou de recherche.

L'absence de ce document pourra conduire à la cessation du financement du projet et à l'application des dispositions prévues à l'article 6.6 du Règlement Financier (suspension et reversement de l'aide).

L'élaboration d'un accord de consortium n'est pas nécessaire s'il existe déjà un contrat-cadre contenant les dispositions ci-dessus liant les Établissements partenaires. Une copie de ce contrat-cadre ou une attestation devra être transmise avant la signature du contrat attributif d'aide. À l'expiration dudit contrat, si celui-ci n'est pas reconduit, l'accord de consortium sera alors requis.

## 5.3 Science ouverte

Dans le cadre de la contribution de l'ANR à la promotion et à la mise en œuvre de la science ouverte, et en lien avec le Plan national pour la science ouverte au niveau français (PNSO) et le Plan S au niveau international, les bénéficiaires de l'ANR s'engagent à<sup>3</sup> :

**Garantir l'accès ouvert immédiat aux publications scientifiques évaluées par les pairs.**

Ainsi, toutes les publications scientifiques issues de projets ANR financés dans le cadre de France 2030, seront rendues disponibles en accès libre sous la licence *Creative Commons CC-BY* ou équivalente, en utilisant l'une des trois voies suivantes :

- publication dans une revue nativement en accès ouvert ;
- publication dans une revue par abonnement faisant partie d'un accord dit transformant ou journal transformatif<sup>4</sup> ;
- publication dans une revue à abonnement. La version éditeur ou le manuscrit accepté pour publication sera déposé dans l'archive ouverte HAL sous une licence *CC-BY* en mettant en

<sup>3</sup> Pour plus d'informations, retrouvez les engagements de l'ANR pour une « Science ouverte » à la page Web <https://anr.fr/fr/lanr/engagements/la-science-ouverte/>

<sup>4</sup> Définition d'accord dit transformant ou journal transformatif : <https://www.coalition-s.org/transformative-journals-faq/>

œuvre la Stratégie de non-cession des droits<sup>5</sup>, selon les modalités communiquées dans les conditions particulières.

Au moment du dépôt, l'auteur utilisera la formulation suivante dans l'article et/ou dans la lettre adressée à l'éditeur :

*« Cette recherche a été financée en tout ou partie, par l'Agence Nationale de la Recherche (ANR) dans le cadre de France 2030 au titre du projet ANR-nn-XXXX-nnnn. Dans l'objectif de sa publication en accès ouvert, l'auteur a appliqué une licence open access CC-BY à tout manuscrit accepté pour publication (AAM) résultant de cette soumission. ».*

Pour vérifier si le journal ou la revue de leur choix est conforme au Plan S et quelle voie s'offre à eux, les auteurs pourront utiliser l'outil Journal Checker Tool.<sup>6</sup>

De plus, le coordinateur ou la coordinatrice du projet s'engage à ce que le **texte intégral** de ces publications scientifiques (version acceptée pour publication ou version éditeur) soit **déposé dans l'archive ouverte nationale HAL**, au plus tard au moment de la publication, et à mentionner la référence ANR du projet de recherche (ex : ANR-26-XXXX-0001) dont elles sont issues en associant un identifiant pérenne (DOI Crossref).

Par ailleurs, l'ANR recommande que les chapitres d'ouvrage et les ouvrages de recherche évalués par les pairs issus de projets ANR soient également rendus disponibles en accès ouvert sous une licence Creative Commons ou équivalente (la licence CC-BY est recommandée). L'ANR encourage le dépôt du texte intégral du chapitre ou de l'ouvrage de recherche dans l'archive ouverte nationale HAL (version acceptée pour publication ou version éditeur) et à mentionner la référence ANR du projet de recherche (ex : ANR-26-XXXX-0001) en associant un identifiant pérenne (DOI Crossref).

L'ANR encourage également le dépôt des pré-publications (*pré-prints*) dans des plateformes ou archives ouvertes.

### **Faciliter le partage et la réutilisation des données de la recherche.**

En particulier pour les données liées aux publications, **en adoptant une démarche dite FAIR** (*Facile à trouver, Accessible, Interopérable, Réutilisable*), conforme au principe « *aussi ouvert que possible, aussi fermé que nécessaire* » et à fournir dans les 6 mois qui suivent le démarrage du projet, une première version du Plan de gestion des données (PGD) selon les modalités communiquées dans les conditions particulières<sup>7</sup>. Dans une démarche de simplification, l'ANR préconise l'utilisation du modèle de PGD commun structuré disponible sur DMP OPIDoR<sup>8</sup>. Par ailleurs, les bénéficiaires s'engagent à déposer les données qu'ils souhaitent publier dans un entrepôt thématique de référence, ou dans [recherche.data.gouv](https://recherche.data.gouv.fr), en indiquant la référence du projet ANR dont elles sont issues (ex ANR-26-XXXX-0001).<sup>9</sup>

Enfin, conformément au 2ème Plan national pour la science ouverte, l'ANR recommande que les logiciels développés durant le projet soient mis à disposition sous une licence libre et que les codes

<sup>5</sup> <https://www.ouvrirlascience.fr/mettre-en-oeuvre-la-strategie-de-non-cession-des-droits-sur-les-publications-scientifiques/>

<sup>6</sup> <https://journalcheckertool.org/>

<sup>7</sup> Dans une logique de simplification, et pour promouvoir les principes FAIR, l'ANR recommande l'adoption du [plan de gestion des données structuré](https://opidor.fr/lanr-publie-un-modele-de-pgd-structure-dans-dmp-opidor/), disponible sur DMP OPIDoR, qui permettra notamment une auto-complétion des données administratives du projet ANR.

<https://opidor.fr/lanr-publie-un-modele-de-pgd-structure-dans-dmp-opidor/>

<sup>8</sup> Le modèle structuré permet une auto-complétion des données administratives (titre, résumé, acronyme....) à partir de l'identifiant du projet (code décision). Il permet également une analyse plus automatisée de leur contenu.

<sup>9</sup> Pour vous aider dans le choix de l'entrepôt, consultez les ressources sur [recherche.data.gouv](https://recherche.data.gouv.fr/logigram/ou-publier-vos-donnees)

Le comité pour la science ouverte a également établi une liste de critères de sélection pour un entrepôt digne de confiance : [https://www.ouvrirlascience.fr/wp-content/uploads/2023/11/Donnees\\_EntrepotConfiance\\_NoteMethodologique.pdf](https://www.ouvrirlascience.fr/wp-content/uploads/2023/11/Donnees_EntrepotConfiance_NoteMethodologique.pdf)

sources soient archivés dans Software Heritage et décrits dans HAL en indiquant la référence du projet ANR (ex : ANR-26-XXXX-0001).

Un Plan de gestion de données (PGD) décrit la façon dont les données sont produites, documentées, (ré)utilisées, gérées et partagées pendant et après le projet de recherche. Il favorise ainsi la documentation des données selon les principes FAIR et facilite la réutilisation des données. Le PGD est un document valorisable notamment en le partageant sur HAL, il pourra également servir de base à la rédaction d'un data paper. La rédaction et la mise à jour d'un PGD sont des pratiques préconisées par de nombreux acteurs dont, au niveau national, le Réseau science ouverte entre les agences de financement<sup>10</sup>, et au niveau international, la commission européenne, et la majorité des agences de financement en Europe.

Pour accompagner les chercheurs et les chercheuses dans cette démarche, les ateliers de la donnée sont des dispositifs de proximité, conçus pour fournir aux équipes de recherche qui en font la demande une expertise en gestion et en diffusion des données<sup>11</sup>.

## 5.4 Aide d'État

L'aide versée dans le cadre de cet appel est susceptible de constituer une aide d'Etat au sens de l'article 107, §1 du TFUE si elle soutient des activités économiques entendu comme toute offre de biens ou des services sur un marché donné. Les bases juridiques mobilisables sont : l'Encadrement des Aides d'Etat à la recherche, au développement et à l'innovation n°2022/C 414/01 du 28 octobre 2022 ou toute communication ultérieure venant s'y substituer, le régime cadre exempté n° SA. 111723 d'aides à la recherche, au développement et à l'innovation pris sur la base du règlement général d'exemption par catégorie n° 651/2014 adopté par la Commission européenne le 17 juin 2014 et publié au JOUE le 26 juin 2014, tel que modifié par les Règlements (UE) 2017/1084 de la Commission du 14 juin 2017, publié au Journal Officiel de l'Union Européenne du 20 juin 2017, 2020/972 du 2 juillet 2020 publié au JOUE du 7 juillet 2020 et 2023/1315 du 23 juin 2023 publié au JOUE du 30 juin 2023 ou tout autre régime cadre exempté validé par la Commission européenne, le règlement n° 2023/2831 de la Commission du 13 décembre 2023 « relatif à l'application des articles 107 et 108 du traité sur le fonctionnement de l'Union européenne aux aides de minimis » et la décision de la Commission du 20 décembre 2011 « relative à l'application de l'article 106, paragraphe 2, du traité sur le fonctionnement de l'Union européenne aux aides d'État sous forme de compensations de service public octroyées à certaines entreprises chargées de la gestion de services d'intérêt économique général ».

## 5.5 Suivi des projets et communication

Dans le cadre du suivi des projets financés par France 2030, des informations sont collectées annuellement pour 1) des indicateurs communs à tous les projets France 2030 opérés par l'ANR (voir Annexe 6.1) et 2) un indicateur commun à tous les projets des PEPR (voir Annexe 6.2), ainsi que des indicateurs communs aux projets du PEPR SVA (voir Annexe 6.3). Des indicateurs spécifiques pourront également être conjointement définis pour chaque projet au moment de la contractualisation.

Une fois le projet sélectionné, chaque bénéficiaire soutenu par le Plan France 2030 est tenu de mentionner ce soutien dans ses actions de communication ou de publication des résultats du projet, avec la mention « Ce projet a été soutenu par le Plan France 2030 », accompagnée des logos du Plan

<sup>10</sup> Le réseau science ouverte rassemble l'Agence de la transition écologique (ADEME), l'Agence nationale de la recherche (ANR), l'ANRS Maladie infectieuses émergentes (ANRS MIE), l'Agence nationale de sécurité sanitaire de l'alimentation, de l'environnement et du travail (Anses), La Fondation pour la recherche médicale (FRM) et l'Institut national du cancer (INCa).

<sup>11</sup> <https://recherche.data.gouv.fr/fr/ateliers-de-la-donnee>

France 2030. Enfin, les bénéficiaires sont tenus à une obligation de transparence et de reporting vis-à-vis de l'Etat et de l'ANR, nécessaire à l'évaluation ex-post des projets ou de l'appel à projets.

## 6 Annexes Indicateurs

### 6.1 Indicateurs communs des projets France 2030

#### Brevets

Numéro de demande
Nom du brevet

#### Données de la recherche

DOI (identifiants uniques pérennes) du jeu de données issu du projet
--

#### Codes sources et logiciels

URL, SWHID ou DOI du logiciel déposé rattaché au projet
---

#### Technologies clés/technologies de santé/innovations sociales issues des projets

##### Technologies clés

Technologie clé	TRL de départ défini au début du projet	TRL atteint l'année de la collecte	TRL d'arrivée visé au moment du lancement du projet	Définir plus précisément la technologie
-----------------	---	------------------------------------	---	---

##### Technologies de santé

TRL de départ défini au début du projet	TRL atteint l'année de la collecte	TRL d'arrivée visé au moment du lancement du projet	Définir plus précisément la technologie de santé
---	------------------------------------	---	--

##### Innovations sociales

SRL de départ défini au début du projet	SRL atteint l'année de la collecte	SRL d'arrivée visé au moment du lancement du projet	Définir plus précisément l'innovation sociale
---	------------------------------------	---	---

#### Start-up

SIRET
-------

#### Financement externe additionnel

#### Financement externe additionnel PRIVE

Établissement (coordinateur ou partenaire) ayant perçu le financement externe	Type de financeur	Nom du financeur	Type de financement (monétaire, non monétaire : en nature)	SIRET de l'entreprise	Courriel contact de l'entreprise	Montant perçu (pendant l'année €)
---	-------------------	------------------	--	-----------------------	----------------------------------	-----------------------------------

### **Financement externe additionnel PUBLIC**

Établissement (coordinateur ou partenaire) ayant perçu le financement externe	Type de financeur	Nom du financeur	Type de financement (monétaire, non monétaire : en nature)	Pour les financements ANR, EOTP du projet	Montant perçu (pendant l'année €)
---	-------------------	------------------	--	---	-----------------------------------

### **Financement externe additionnel INTERNATIONAL**

Établissement (coordinateur ou partenaire) ayant perçu le financement externe	Type de financeur	Nom du financeur	Type de financement (monétaire, non monétaire : en nature)	Pour les financements Commission européenne (hors ERC), numéro du projet	Montant perçu (pendant l'année €)
---	-------------------	------------------	--	--	-----------------------------------

### **Projets déposés / retenus au Conseil européen de la recherche (European Research Council – ERC)**

Numéro du projet	Nom du chercheur	Prénom du chercheur	Retenu	Montant du financement obtenu	Lien du projet déposé à l'ERC avec le projet financé par France 2030
------------------	------------------	---------------------	--------	-------------------------------	--

### **Ressources humaines**

	Personnes physiques mobilisées dans l'année	Dont femmes	ETPT tous genres confondus
Enseignant-chercheur et chercheur (professeur, maître de conférences, directeur de recherche, chargé de recherche)			
Ingénieur de recherche, ingénieur d'études, assistant ingénieur, technicien de recherche et de formation, adjoint			

technique de recherche et de formation			
--	--	--	--

### Formation

	Nombre de personnes inscrites	Dont femmes
Inscrits en première année pour une formation Bac+2		
Inscrits en deuxième année pour une formation Bac+2		
Inscrits en première année pour une Licence ou Bac+3		
Inscrits en deuxième année pour une Licence ou Bac+3		
Inscrits en troisième année pour une Licence ou Bac+3		
Inscrits en première année pour un Master ou équivalent		
Inscrits en deuxième année pour un Master ou équivalent		
Inscrits en diplôme universitaire d'une année		
Inscrits en première année d'un diplôme universitaire de plus d'une année		
Inscrits en deuxième année d'un diplôme universitaire de plus d'une année		
Inscrits en troisième année d'un diplôme universitaire de plus d'une année		

### Doctorats

Nom du Doctorant	Prénom du Doctorant	Numéro ORCID	Doctorat réalisé grâce à une bourse CIFRE ou COFRA	Si Thèse CIFRE ou COFRA, nom du Partenaire	Si Thèse CIFRE ou COFRA, SIRET du Partenaire	Si Thèse CIFRE ou COFRA, adresse électronique du référent chez le partenaire

### Post-doctorats

Nom du post-doctorant	Prénom du post-doctorant	Numéro ORCID

## 6.2 Indicateur commun aux PEPR

### Transfert aux programmes de Maturation / Prématuration :

Nom du projet	Nom du programme Maturation/Prématuration

## 6.3 Indicateurs spécifiques au PEPR SVA

### Présentation à des congrès internationaux

**Définition :** Présentation couvrant les activités du PEPR SVA au sein d'événement rassemblant des acteurs de la scène internationale.

**Ce qui est collecté :** Les informations collectées auprès des responsables de projet correspondent à un compte rendu de l'événement reprenant : titre de l'événement, lieu,

organisateur, objectifs de la réunion, public(s) ciblé(s), programme de la journée, nombre de participants, un résumé des réactions/ questions suite à l'intervention autour du PEPR SVA, le support de présentation.

Ces informations permettront d'évaluer l'évolution de la perception des activités du PEPR tout au long de sa durée ainsi que de sa présence sur la scène internationale.

### Productions diffusées aux acteurs non académiques

Définition : Une production diffusée aux acteurs non académiques se réfère à tout type de support (document, rapport, etc.) ciblant les acteurs socio-professionnels (instituts techniques, agriculteurs, semenciers, associations de consommateurs, associations pour l'environnement, citoyens, etc.).

Ce qui est collecté : la production et sa description courte, le type de production (rapport, affiche/poster, jeu, vidéo/ film, autre), le public ciblé.

Ces informations permettront d'évaluer le nombre d'action de diffusion selon les cibles.

### Actions dans les médias sociaux

Définition : Les médias sociaux font référence à la radio, la presse écrite, les chaînes de télévision ainsi que les sites de diffusion audio et vidéo (Youtube, Spotify, etc.).

Ce qui est collecté : Toutes les interventions dans les médias sociaux en précisant pour chacune, le type d'intervention (interview écrite, interview orale, vidéo, podcast), titre de l'intervention, nom du média de diffusion, le support.

Ces informations permettront d'évaluer le nombre d'actions de diffusion selon les cibles, et l'évolution de la perception des activités du PEPR tout au long de sa durée ainsi que de sa présence sur la scène internationale

### Devenir des doctorants, post docs et ingénieurs post contrat au PEPR

Nombre de doctorants, post docs, ingénieurs dont le contrat est terminé et nombre occupant un poste actuellement.

## 7 Annexe - Les projets du PEPR SVA

Le PEPR SVA finance 4 projets ciblés (DIVEDIT, TYPEX, GARDENS et DIALOG) et 14 projets sélectionnés lors du premier AAP compétitif.

Les actions de recherche menées dans chacun de ces projets sont résumées dans cette annexe. Elles permettront à la communauté scientifique de proposer des projets de recherche non redondants avec les questions de recherche couvertes par les projets déjà financés.

### **DIVEDIT- Augmenter la diversité génétique dans les programmes de sélection par l'utilisation de l'édition du génome**

**Établissement coordinateur** : IRD

**Établissements partenaires** : Université Grenoble Alpes (UGA), INRAE, CIRAD, Limagrain

**Responsable du projet :** Mathias Lorieux soutenu par Laurence Moreau

**Durée du projet :** 5 ans/ **Budget :** 6 985 612.40 € dont 2 779 582.93€ financé par le PEPR SVA

### Résumé

L'élargissement de la diversité génétique et l'accélération des processus de sélection sont des aspects clés du développement de nouveaux systèmes de production, indispensables à une agriculture déjà confrontée à un dérèglement climatique inexorable. L'objectif de ce projet de recherche prioritaire est d'explorer les avantages de l'utilisation des technologies d'édition du génome (EG) pour enrichir la boîte à outils de l'amélioration des plantes.

Le premier objectif aborde la question du gain (temps, efficacité à court et long terme) en sélection liée à l'intégration de l'EG et de nouveaux caractères dans les schémas de sélection modernes. Un cadre théorique complet sera développé pour les espèces annuelles allogames (p. ex. maïs, tournesol) et autogames (p. ex. blé, pois) et les espèces pérennes à cycles moyens à longs (p. ex. arbres forestiers et arbres fruitiers). Des simulations informatiques évalueront le gain génétique potentiel pour un investissement de recherche donné tant pour l'utilisation de l'EG multiplex (diversité génétique existante) que pour l'introduction d'une nouvelle diversité génétique pour des caractères. Des développements de schémas de sélection alternatifs incluant l'EG avec les schémas existants seront proposés. Une étude expérimentale et par simulation et de sélection explorera les avantages d'utiliser l'EG pour augmenter la recombinaison méiotique augmentée en vue d'accroître le brassage des allèles et le gain génétique sera menée.

Le deuxième objectif est d'utiliser l'EG pour développer de nouveaux outils de sélection. L'accent sera mis sur des systèmes expérimentaux avec une technologie d'EG bien établie et des gènes cibles déjà identifiés, afin de garantir la faisabilité des approches proposées. Quatre sous-objectifs seront poursuivis : (i) améliorer la recombinaison méiotique, afin d'augmenter la diversité intra-population – et de rompre les liaisons entre allèles d'intérêt et allèles défavorables. Des cassures d'ADN double brin seront provoquées directement par EG dans des régions hypo-recombinantes d'intérêt, tout en ciblant simultanément les gènes méiotiques ou la méthylation de l'ADN pour y augmenter la recombinaison ; (ii) surmonter les barrières reproductives entre espèces proches, pour permettre la création d'une diversité nouvelle et l'introgession de nouveaux caractères à partir d'espèces apparentées aux cultures, et la création de populations interspécifiques en ségrégation avec un contenu allélique équilibré provenant à la fois de parents sauvages et cultivés. Pour ce faire, on modifiera les gènes connus pour provoquer la stérilité dans les croisements interspécifiques chez les parents sauvages porteurs de caractères d'intérêt, par exemple chez le riz africain, ou on adoptera des stratégies fondées sur l'épigénétique, par exemple chez les cucurbitacées ; (iii) accroître l'efficacité de la sélection grâce à la fixation rapide de l'information génétique en utilisant la technologie des haploïdes doublés. Des gènes-clés impliqués dans la reproduction chez le maïs (monocotylédone modèle) et Arabidopsis (dicotylédone modèle) seront modifiés pour étendre la propriété d'induction d'haploïdes in planta aux cultures de caméline, de colza oléagineux et de riz, et (iv) établir l'EG en trans grâce à l'induction haploïde (HI- edit), qui combine l'induction d'haploïdes in planta avec l'EG pour modifier directement les génotypes récalcitrants à la transformation génétique.

Le troisième objectif est d'évaluer par des études socio-économiques l'impact de l'utilisation de l'EG et de son intégration dans les programmes de sélection végétale. Les stratégies des parties prenantes liées à l'EG seront analysées. Les stratégies de propriété intellectuelle liées à l'application de l'EG seront explorées avec une attention particulière sur leur impact sur la liberté d'action des acteurs économiques. Cette recherche s'appuiera sur un grand nombre d'entretiens, une analyse des brevets et une modélisation économique.

## TYPEX- Vers une édition spécifique et précise du génome

## végétal.

**Établissement coordinateur :** INRAE

**Établissements partenaires :** Université Toulouse III Paul Sabatier LRSV – Toulouse, CNRS, CIRAD, Limagrain, Mercier

**Responsables du projet :** Fabien Nogué, Pierre-Marc Delaux

**Durée du projet :** 5 ans/ **Budget :** 5 480 786.87 € dont 2 497 691.21 € financé par le PEPR SVA

### Résumé

Depuis sa découverte en 2012, la technologie CRISPR-Cas a rapidement supplanté toutes les autres méthodes d'édition du génome en raison de son efficacité et de sa facilité d'utilisation. Cette technologie s'est considérablement améliorée au cours de la dernière décennie pour répondre aux besoins des scientifiques et des sélectionneurs, élargissant leur boîte à outils pour créer des modifications dans le génome. Cependant, nous sommes encore loin de la situation idéale où n'importe quel type de modification peut être systématiquement introduit à n'importe quelle position dans le génome de n'importe quelle espèce végétale. L'objectif principal du projet TYPEX est de permettre à la communauté française des scientifiques et des sélectionneurs de maîtriser l'édition précise du génome végétal, et ce, chez un nombre important d'espèces modèles et cultivées. À l'heure actuelle, les limitations à une édition prédictible et précise du génome sont : (1) les caractéristiques inhérentes aux outils d'édition du génome limitant leur polyvalence et/ou leur efficacité et (2) la capacité de régénération des plantes après l'introduction et l'action du module CRISPR-Cas dans les cellules végétales. Récemment, une nouvelle stratégie a été développée, nommée Prime Editing, qui permet une très grande variété d'édicions (substitution de base, insertions, suppressions, remplacements). Depuis qu'elle a été utilisée pour la première fois dans des cellules humaines, cette méthode a été appliquée à quelques espèces végétales. Les résultats de ces études indiquent qu'une amélioration substantielle des méthodes de Prime Editing est nécessaire avant qu'elles puissent être utilisées en routine en sélection variétale.

Le premier objectif du projet TYPEX sera de développer des outils et des règles générales pour un Prime Editing efficace chez les plantes. Trois plantes modèles, *Marchantia*, *Physcomitrium* et *Arabidopsis*, chez lesquelles les stratégies basées sur le système CRISPR-Cas classique sont utilisées en routine, seront utilisées en parallèle pour améliorer le PE. L'amélioration du PE, basée sur une stratégie de type « cycle DBTL », portera sur plusieurs paramètres clés de l'efficacité du PE, tels que le type d'enzymes utilisées pour l'édition, les conditions expérimentales, ou la conception du pegRNA qui porte l'information de l'édition à réaliser. Parce que les stratégies de transformation utilisées pour ces modèles sont différentes, les améliorations apportées aux trois plantes seront très complémentaires et transférables à une majorité de plantes, y compris les plantes de grandes cultures.

L'objectif final est de construire une capacité partagée d'outils pour l'édition précise et prédictible du génome végétal, avec la mise en place d'une plateforme en charge de la synthèse de gènes, des stratégies de clonage et de la collecte des modules CRISPR optimisés. Cette plateforme distribuera aux participants du projet les différents modules/protocoles à utiliser pour une édition du génome efficace. Ce sera le deuxième objectif du projet, qui est de déployer le Prime Editing dans une gamme large d'espèces de plantes cultivées. Pour cela, les règles générales établies sur les espèces modèles seront testées de manière exhaustive sur des plantes pour lesquelles la stratégie CRISPR-Cas classique est déjà maîtrisée (tomate, blé, maïs, riz, peuplier) et qui sont des cultures d'intérêt pour l'agriculture française. Le troisième objectif sera de permettre l'édition de gène chez des plantes pour lesquelles des techniques efficaces de transformations, et donc d'édition du génome, ne sont pas encore disponibles (pois, haricot, vigne, prunier, eucalyptus). A cet effet, de nouvelles stratégies, originales, de transfert au sein de la cellule des modules CRISPR-Cas optimisés, seront déployées. Ainsi, le projet TYPEX va renforcer fortement la capacité des acteurs français de la sélection et de la recherche pour faire de la création variétale précise et sur un très grand nombre d'espèces.

## **GARDENS- Systèmes agroécologiques innovants : systèmes vergers-maraîchers**

**Établissement coordinateur :** CIRAD

**Établissements partenaires :** Université des Antilles, Université Paris Saclay, INRAE, IFV, Vitropic S.A.

**Responsables du projet :** Fabienne Micheli, Marc Tchamitchian

**Durée du projet :** 6 ans/ **Budget :** 6 695 469€ dont 2 271 380€ financé par le PEPR SVA

### **Résumé**

Face aux changements globaux actuels, incluant l'élévation des températures, la variabilité des précipitations et l'accroissement des risques climatiques extrêmes, l'adaptation rapide des systèmes de production agricole est cruciale pour assurer la sécurité alimentaire, atténuer les effets du dérèglement climatique et amorcer une transition agroécologique. Le projet PEPR SVA a identifié les nouvelles techniques génomiques (NGT), notamment l'édition du génome (EG), comme des outils clés pour cette transition agroécologique. L'EG, aux côtés de la sélection génomique et de la sélection participative, offre des solutions ciblées pour renforcer la résilience des plantes aux stress abiotiques, la résistance aux maladies et la qualité des produits, cruciales pour adapter l'agriculture aux schémas climatiques émergents. Toutefois, l'agriculture traditionnelle, axée uniquement sur la maximisation de la croissance individuelle des plantes, doit être repensée pour intégrer des principes écologiques. Le présent projet met l'accent sur une transition vers les systèmes vergers-maraîchers, une forme d'agroforesterie qui favorise une production diversifiée, la résilience des écosystèmes et une utilisation efficace des terres. Malgré leur potentiel, ces systèmes ont été négligés, ce qui incite à réévaluer les efforts de sélection des plantes et les indicateurs de performance pour prioriser la résilience des écosystèmes par rapport au rendement. GARDENS, projet collaboratif impliquant des institutions de recherche, des universités, des organisations agricoles et des partenaires privés, vise à concevoir des systèmes de culture innovants intégrant l'EG pour répondre aux besoins diversifiés des acteurs et renforcer la durabilité de ces systèmes. Grâce à la recherche participative et aux processus de co-conception, le projet définira collectivement des objectifs, des caractéristiques agronomiques et des espèces végétales pour développer des systèmes de culture efficaces et durables adaptés aux contextes locaux. Cette approche inclusive garantit l'alignement avec les objectifs sociétaux, environnementaux et économiques, favorisant l'acceptation et l'adoption des innovations biotechnologiques par les acteurs des filières concernées. Le projet se concentrera sur l'analyse de systèmes vergers-maraîchers à faibles intrants de façon à optimiser la production tout en conservant la biodiversité et en préservant la santé des écosystèmes. En intégrant les innovations biotechnologiques avec les techniques de gestion traditionnelles, GARDENS vise à améliorer l'efficacité, la résilience et la durabilité des systèmes. Cette approche holistique prend en compte les dynamiques socio-économiques, les interactions écologiques et les déterminants génétiques pour identifier les caractères et les gènes végétaux cibles pour l'EG. Les essais sur le terrain comparant des systèmes édités et non édités fourniront une preuve de concept pour la mise en œuvre de systèmes de culture innovants et coconstruits, répondant aux objectifs écologiques, biologiques et économiques de l'ensemble des acteurs impliqués.

## **DIALOG- Une approche de co-conception pour l'évaluation variétale en agroécologie dans les cultures annuelles**

**Etablissement coordinateur :** AgroParisTech

**Etablissements partenaires :** INRAE, Mines Paris-PSL, CNRS, Université Paris Est Créteil Val de Marne

**Responsables du projet :** Jean Denis Faure, Alexandra Jullien

**Durée du projet :** 5 ans / **Budget :** 5 187 501,03 € dont 2 707 422,77 € financé par le PEPR SVA.

**Résumé :**

Le projet prioritaire « Systèmes de Cultures Annuelles Innovants pour la Transition Agroécologique » vise à analyser, définir et mettre en œuvre des régimes d'évaluation des variétés obtenues par édition génomique ou autres méthodes en ce qui concerne la fourniture de services écosystémiques dans les systèmes agroécologiques de cultures annuelles. Le caractère collectif de la démarche, multipartite et pluridisciplinaire, repose sur l'implication de généticiens, d'agronomes, d'écophysiologistes, de spécialistes des sciences sociales, ainsi que d'acteurs tels que les acteurs du secteur semencier, les instituts techniques, les coopératives et les agriculteurs. Les systèmes agroécologiques (SE) reposent sur la mobilisation de régulations biologiques plutôt que sur l'utilisation d'intrants synthétiques, par exemple par l'utilisation d'association de deux espèces, de rente ou dont l'une peut être une plante de service non récoltées, pour fournir des services écosystémiques tels que la production de nourriture ou d'énergie, l'atténuation du changement climatique, la prévention de l'érosion, etc. L'amélioration de la structure et de la qualité du sol, la gestion des mauvaises herbes et des ravageurs, etc. La création et la sélection de variétés adaptées à ses nouveaux systèmes de culture en association, permettant d'optimiser les processus de facilitation et de compétition entre les différentes composantes de l'agroécosystème, est un levier d'amélioration de l'efficacité de ces systèmes. Toutefois, il n'existe pas encore de cadre pour l'évaluation des ressources variétales dans les programmes d'évaluation de systèmes agroécologiques. Pour répondre à ces enjeux, différentes approches de sélection et de conception innovante des systèmes de culture seront mobilisées. Au vu des enjeux de la transition agroécologique, il apparaît néanmoins essentiel de reconstruire des approches interdisciplinaires et multipartites autour de la sélection végétale pour l'agroécologie. Le consortium scientifique dispose déjà des ressources scientifiques et techniques nécessaires : (i) des ressources génétiques modifiées et non éditées prêtes à être testées ; (ii) des modèles écophysiologiques de plantes et de couvert en association ; (iii) un réseau de partenaires pour évaluer les services écosystémiques et (iv) des méthodes de sciences de gestion pour une co-conception innovante en situation de dissensus : l'approche KCP (Knowledge-Concept-Proposal) développée par Benoit Weil et Pascal Le Masson (Mines Paris) qui, outre son pouvoir explicatif, fournit des mécanismes génératifs d'innovation pour surmonter les obstacles cognitifs, stimulant ainsi notre capacité à innover. L'évaluation portera sur un portefeuille de services écosystémiques et agronomiques définis collectivement. Les systèmes testés pourront de plus être améliorés au cours du projet en fonction des avancées scientifiques (suivi scientifique et technique). Ce projet permettra d'acquérir des connaissances académiques et techniques sur l'adaptation des variétés pour l'AE aux systèmes de culture annuels et les services qu'elles fournissent, de réaliser une analyse comparative des systèmes d'évaluation des variétés existants et de co-concevoir un système d'évaluation dédié théorique idéal. En outre, à titre de validation du concept, ce système d'évaluation variétal co-conçu (incluant du matériel végétal édité ou non) sera testé expérimentalement au cours du projet.

## **AGROWALLS : Édition des gènes des parois du maïs pour améliorer le rendement digestible dans les systèmes agroécologiques**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Responsable du projet :** Horlow Christine

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 527 601 € dont 496 337 € financé par le PEPR SVA.

**Résumé :**

Le projet AGROWALLS vise à développer des lignées de maïs fourrage de nouvelle génération

présentant un rendement digestible amélioré dans des systèmes à faibles intrants, en cohérence avec la transition agroécologique. En France, près de 1,28 million d'hectares sont consacrés au maïs fourrage, une culture stratégique pour la performance des systèmes laitiers. Maintenir un rendement digestible élevé demeure un défi sous conditions suboptimales, dans la mesure où le rendement dépend fortement de l'apport en azote, tandis que la valeur énergétique du fourrage est largement déterminée par la digestibilité des parois, un caractère complexe influencé par la composition biochimique et la distribution histologique des composants pariétaux, notamment la lignine et les acides p-hydroxycinnamiques dans les tiges. Les travaux récents de l'équipe QUALIBIOSEC de l'Institut Jean-Pierre Bourgin - Sciences du Végétal (IJPB, INRAE) montrent que l'influence relative des caractères biochimiques et histologiques sur la digestibilité des parois varie selon la disponibilité en eau, les caractères biochimiques et histologiques exerçant une influence similaire dans des conditions de déficit hydrique modéré à sévère. Ces résultats soulignent la nécessité d'une stratégie de sélection intégrative ciblant simultanément les caractères biochimiques et histologiques dans des conditions à faibles intrants. Dans ce contexte, le projet AGROWALLS exploite un ensemble unique de gènes récemment identifiés par l'équipe QUALIBIOSEC, complété par des travaux de l'équipe de W. Boerjan (VIB-UGent, Belgique). Le projet mettra en œuvre une stratégie d'édition multi-génique afin d'optimiser les propriétés de la paroi tout en minimisant les éventuels impacts négatifs sur la croissance. Des lignées avec un ou plusieurs gènes inactivés ou partiellement édités seront générées afin d'identifier les combinaisons de gènes améliorant la digestibilité des parois sans compromettre la production de biomasse sous faible apport en azote et en eau. Le projet est structuré en quatre tâches (WP). Le WPO assurera la gouvernance, l'intégration des données, le suivi et le contrôle qualité. Le WP1 produira les lignées multi-éditées ciblant les gènes des parois et de maintien de la croissance. Le WP2 évaluera les caractères associés au rendement et à la réponse au stress selon des combinaisons factorielles d'azote et d'eau en serre en conditions contrôlées. Le WP3 quantifiera les caractères biochimiques et histologiques, puis intégrera les données pour déterminer l'impact sur le rendement digestible. Le projet AGROWALLS permettra ainsi d'identifier des combinaisons alléliques optimales pour un maïs durable à faibles intrants et soutiendra la production d'idéotypes combinant digestibilité des parois accrue et rendement résilient. Le projet s'inscrit dans l'Axe 2 du programme PEPR Sélection Végétale avancée (SVA), utilisant l'édition génomique comme outil pour la transition agroécologique. Le consortium interdisciplinaire réunit des expertises en génétique végétale, édition génomique, biochimie et histologie de la paroi, physiologie du stress et bio-informatique, garantissant la qualité des travaux scientifiques, tout en facilitant de futures évaluations au champ, ainsi que des applications à d'autres cultures fourragères. Le projet AGROWALLS fournira ainsi des stratégies et des ressources pour renforcer la durabilité et la compétitivité de la production fourragère européenne face aux contraintes climatiques et de ressources.

## **CARBOOST - Amélioration de la fixation du carbone et de la résistance au stress chez les arbres**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissements partenaires :** Université Toulouse 3

**Responsable du projet :** Duruflé Harold

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 537 537€ dont 498 865€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

Les arbres, organismes longévifs, sont très vulnérables au changement climatique. La sécheresse et la hausse des températures provoquent déjà le dépérissement des forêts et devraient s'intensifier. L'amélioration génétique pourrait améliorer la tolérance au stress des arbres et, par conséquent, la séquestration efficace du CO<sub>2</sub>, offrant ainsi une solution agroécologique naturelle et évolutive à l'atténuation du changement climatique. Les arbres produisent du bois, la biomasse lignocellulosique la plus abondante sur Terre, un puits de carbone essentiel et une ressource précieuse pour la

bioénergie et les matériaux. Le bois, ou xylème, est formé par le cambium vasculaire grâce à la différenciation de cellules spécialisées dotées d'épaisses parois cellulaires secondaires lignifiées. Ces parois cellulaires secondaires sont composées de cellulose, d'hémicelluloses et de lignine, et leur composition peut être remodelée sous l'effet d'un stress environnemental, contribuant ainsi à la plasticité du bois et à l'adaptation à la sécheresse. Les stress abiotiques comme le froid, la sécheresse et la chaleur peuvent reprogrammer les gènes liés à ces parois secondaires. Dans le cadre d'initiatives européennes antérieures telles que TREE4JOULES et B4EST, des gènes candidats impliqués dans la croissance et la tolérance aux stress environnementaux ont été identifiés pour soutenir le développement de cultures ligneuses pérennes améliorées. Fort de ces connaissances, l'objectif du projet CARBOOST est d'introduire des allèles favorables dans des génotypes élites de peupliers afin d'améliorer la productivité en environnements contrastés. Notre approche s'appuie sur la connaissance de gènes candidats bien documentés impliqués dans la formation du bois et la tolérance aux stress, pour lesquels nous identifierons des allèles favorables et concevrons des vecteurs Prime Editing. Nous créerons ensuite des lignées hybrides éditées de *P. nigra* et de *P. deltoides* x *P. nigra* (*P. xcanadensis*) et évaluerons leur croissance en environnements contrastés. Malgré l'intérêt du peuplier comme modèle, seuls quelques génotypes sont facilement transformables. En France, le programme du GIS Peuplier, coordonné par le laboratoire BioForA, s'appuie sur les nouvelles connaissances scientifiques pour organiser les efforts visant à produire des variétés améliorées. Cependant, *P. nigra* et les hybrides commerciaux restent réfractaires à la transformation. Le projet PEPR SVA TYPEX développe la méthode Prime Editing sur le clone INRA-717-1B4 (*P. tremula* x *P. alba*), fournissant ainsi des outils et des résultats pour des applications d'édition plus larges. Le Work Package 2 se concentrera sur l'adaptation des méthodes de transformation aux hybrides *P. nigra* et *P. xcanadensis*. En exploitant les connaissances acquises et les gènes candidats liés à la croissance du bois et à la réponse au stress, CARBOOST vise à développer des lignées de peupliers présentant une séquestration du carbone et une résilience optimisée, contribuant ainsi à l'adaptation au changement climatique et à la transition agroécologique.

## DEREGULE - Améliorer la tolérance du maïs à la sécheresse en modifiant des éléments régulateurs clefs

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Responsable du projet :** Fagny Maud

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 466 348 € dont 499 929€ financé par le PEPR SVA.

### Résumé :

Dans le projet DEREGULE, nous proposons d'améliorer la tolérance au déficit hydrique d'une lignée de maïs en éditant des éléments régulateurs afin de modifier la régulation de l'expression des gènes. En Europe, le rendement du maïs est particulièrement impacté par les sécheresses estivales récurrentes. L'architecture génétique de la réponse du maïs à la sécheresse est fortement polygénique, et implique un réseau de régulation de l'expression des gènes complexe. Les variations génétiques au sein des éléments cis-régulateurs (CRE, cis-regulatory elements) et en particulier au niveau des éléments distaux comme les enhanceurs et les silencers expliquent une grande partie de la variabilité de cette réponse entre lignées. Pour accélérer la création de nouvelles variétés adaptées au changement climatique, rassemblant de nombreux allèles avantageux sur le plan agronomique, l'édition génétique peut être une méthode intéressante. Cependant, il semble compliqué d'améliorer significativement la tolérance du maïs à la sécheresse en modifiant un seul gène, même en ciblant un de ceux présentant un des plus forts effets sur le phénotype. Modifier plusieurs CRE clefs régulant plusieurs gènes impliqués dans la réponse au déficit hydrique et impliqués dans les mêmes voies de signalisation semble une stratégie plus prometteuse. Dans ce cadre, la

modularité des CRE distaux, c'est-à-dire le fait que les CRE régulant des gènes d'une même voie de signalisation tendent à avoir des séquences régulatrices similaires, en particulier les mêmes sites de fixation de facteurs de transcription, est une propriété intéressante, qui permet d'activer de nombreux gènes à partir de quelques facteurs de transcription. Pourrions-nous nous appuyer sur cette propriété et obtenir une augmentation significative de la tolérance à la sécheresse d'une lignée de maïs en modifiant plusieurs CRE distaux ayant des séquences similaires et régulant plusieurs gènes au sein d'une ou deux voies de signalisation clefs ? Notre objectif est donc d'identifier un tel ensemble de CRE pour ensuite créer une lignée éditée portant des mutations affectant la transcription de plusieurs gènes dans une même voie de signalisation clef. Nous proposons d'abord d'identifier une poignée de gènes et de voies de signalisation clefs à l'aide d'approches de génomique comparée. Dans une deuxième partie, nous créerons des lignées de maïs transformées en altérant des CRE distaux pour un petit nombre de gènes individuellement, ou pour un ensemble de gènes impliqués dans une même voie de signalisation grâce à une approche CRISPR-Cas. Dans une troisième partie, nous prévoyons de tester les phénotypes de ces lignées éditées en réponse à la sécheresse, en serre et aux champs. Ce projet va permettre la création de maïs plus tolérant à la sécheresse, une étape cruciale pour la compétitivité de l'agriculture française. Cela fournira la preuve de concept que nous pouvons améliorer la tolérance à la sécheresse du maïs en éditant des éléments cis-régulateurs, et fournira une feuille de route pour améliorer la résilience du matériel élite au changement climatique, un objectif clef du développement de futurs agroécosystèmes. Ce projet rentre donc parfaitement dans le cadre de l'axe 2 du PEPR « Sélection Végétale Avancée », en utilisant l'édition génétique pour permettre l'accélération de la transition agroécologique.

## EpiCRISPR – Élucidation des effets inattendus d'inactivation de gènes induits par CRISPR-Cas

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissement partenaire :** CNRS

**Responsable du projet :** Vaucheret Hervé

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 720 895 € dont 484 283€ financé par le PEPR SVA.

### Résumé :

L'expression correcte d'un gène dépend de l'intégrité de sa séquence nucléotidique, mais aussi de la présence de marques épigénétiques appropriées, permettant un ajustement précis de son expression spatio-temporelle. Jusqu'à présent, les techniques d'édition génique par CRISPR-Cas ont principalement été utilisées pour introduire des mutations inactivant l'expression du gène ciblé. Par conséquent, la question de savoir si la région génique éditée a conservé ou non ses marques épigénétiques d'origine n'a pas fait l'objet d'études particulières. Le seul effet indésirable de CRISPR-Cas pris sérieusement en compte a été l'éventuelle introduction de mutations dans le génome en dehors du gène ciblé. Aujourd'hui, l'attente la plus importante de l'édition génétique est la modification localisée de la séquence d'un gène cible pour créer de nouveaux allèles intéressants sur le plan agronomique. Ceci implique que le gène cible doit rester correctement exprimé et régulé. Par conséquent, la possibilité que les marques épigénétiques originales du gène ciblé aient été modifiées au cours du processus d'édition doit être considérée comme un risque potentiel. En effet, plusieurs études ont mis en évidence que les dommages à l'ADN sont à l'origine du remodelage du méthylome, ce qui suggère que les mécanismes de maintien de l'intégrité du génome et de l'épigénome sont interconnectés. Cette notion émergente est renforcée par les résultats d'expériences réalisées par nos deux groupes qui ont révélé que l'édition de gènes à l'aide de l'outil CRISPR-Cas9 modifie parfois les marques épigénétiques associées au gène cible (ou aux gènes situés à proximité), entraînant une altération transitoire ou durable de leur expression par silencing au niveau transcriptionnel (TGS) ou post-transcriptionnel (PTGS). Nos résultats ont mis en évidence des effets de silencing inattendus déclenchés par CRISPR-Cas9, susceptibles de compromettre l'interprétation

des événements d'édition génique. Ils ont également révélé qu'une analyse de l'expression des gènes adjacents aux régions génomiques ciblées est absolument nécessaire. Le projet EpiCRISPR permettra de décrypter comment l'induction d'une cassure sur l'ADN par CRISPR-Cas9 induit des effets de silencing inattendus et vise à développer des outils pour les prévenir. Les résultats issus de ce projet permettront de compléter nos connaissances sur la technologie CRISPR-Cas et s'inscrit donc parfaitement dans les objectifs du PEPR-SVA.

## **epiRIPEN - Contrôle épigénétique et amélioration du mûrissement des fruits de tomate**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissement partenaire :** Université Paris Saclay

**Responsable du projet :** Bouché Nicolas

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 269 525€ dont 499 727€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

La tomate (*Solanum lycopersicum*) est à la fois une espèce modèle pour l'étude du développement des fruits charnus et une culture d'une importance économique majeure. Pour les sélectionneurs, prolonger la durée de conservation et accélérer la précocité de production constituent des objectifs essentiels, en particulier dans le contexte de la production sous serre et des défis croissants liés au changement climatique. La maturation est orchestrée par des régulateurs clés tels que RIN, NOR, FUL1 et FUL2, dont l'activité est profondément modulée par des mécanismes épigénétiques, notamment la méthylation de l'ADN et les modifications des histones. Exploiter ces modes de régulation représente une opportunité encore largement inexploitée pour l'amélioration des plantes. Le projet epiRIPEN vise à décrypter et à manipuler la régulation épigénétique de la maturation de la tomate. Nous combinerons des approches épigénomiques à l'échelle unicellulaire avec des outils basés sur l'édition CRISPR-dCas9 afin de moduler précisément l'état de la chromatine au niveau des loci liés à la maturation du fruit. Notre stratégie repose sur quatre axes : (i) identifier les éléments cis-régulateurs à résolution unicellulaire (single cell), (ii) déployer des éditeurs épigénétiques spécifiques pour la déméthylation de l'ADN et des histones, (iii) évaluer les conséquences fonctionnelles et agronomiques des lignées éditées dans des conditions standard et de stress, (iv) analyser l'héritabilité, la stabilité et la biosécurité des modifications induites au fil des générations. Ainsi, epiRIPEN apportera une preuve de concept que l'édition de l'épigénome peut constituer un outil exploitable pour la sélection végétale. En générant des lignées de tomate à durée de conservation prolongée et à résilience accrue, le projet répond directement aux objectifs du programme PEPR SVA et contribue à la stratégie SADEA pour une agriculture durable, autonome et résiliente face au climat.

## **GEMYC - Edition du génome du blé visant à améliorer la mycorhize arbusculaire pour une agriculture durable**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissement partenaire :** Université Toulouse 3

**Responsable du projet :** Lefebvre Benoît

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 087 939€ dont 487 364€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

Ce projet vise à améliorer l'interaction entre le blé tendre (*Triticum aestivum*) et les champignons mycorhiziens arbusculaires (CMA) afin de promouvoir les systèmes de culture agroécologiques. Les CMA sont des micro-organismes bénéfiques pour le sol qui améliorent l'absorption des nutriments par les plantes, en particulier l'azote et le phosphore, et renforcent leur résistance aux parasites et

aux maladies, ainsi que leur tolérance à la sécheresse. S'appuyant sur les récentes avancées dans la compréhension des mécanismes moléculaires impliqués dans l'établissement et la régulation de la mycorhize arbusculaire, le projet utilisera l'édition génomique CRISPR-Cas9 pour générer environ 15 lignées de blé avec des gènes modifiés, qui favorisent la colonisation par les CMA, même dans des sols riches en nutriments, ou qui bloquent la colonisation (lignées myc-). Toutes les lignées seront phénotypées pour la colonisation par les CMA, la nutrition mycorhizienne et la réponse de croissance mycorhizienne (MGR). Le projet produira des lignées de blé améliorées pour les réponses aux CMA, qui pourront être évaluées dans le cadre de futurs essais en plein champ, ainsi que des lignées myc-utiles pour quantifier la contribution des CMA à la performance des systèmes de culture agroécologiques et pour identifier les déterminants génétiques qui contrôlent la MGR, dans de futures études de génétique quantitative. Dans l'ensemble, ce projet contribuera à l'évaluation des pratiques agroécologiques et à la sélection de variétés de blé plus résistantes, adaptées à des systèmes bas intrants et aux changements climatiques.

## **MULTI-CRISP-CROP - Boîte à outils CRISPR pour un contrôle de plusieurs cibles et à plusieurs niveaux pour l'adaptation des plantes à leur environnement**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Responsable du projet :** Gonzalez Nathalie

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 252 624€ dont 492 292€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

Les plantes s'adaptent aux environnements biotiques et abiotiques fluctuants en ajustant leurs réponses moléculaires à différents niveaux, notamment par la modulation de l'expression génique via la transcription et/ou des modifications épigénétiques, afin de maintenir leur développement et leur succès reproductif. L'amélioration des cultures, par l'optimisation de leurs réponses aux signaux environnementaux favorables comme défavorables, constitue un enjeu majeur pour une agriculture plus résiliente. Elle requiert une approche intégrée et multicouche, ciblant la régulation des gènes par des combinaisons de modifications génétiques et épigénétiques précises. Les récentes avancées dans les systèmes CRISPR-Cas, telles que le développement de nucléases hypercompactes, de variants catalytiquement inactifs, d'architectures d'ARN guide (gRNA) optimisées et de systèmes de recrutement d'effecteurs à multicomposantes, ont considérablement élargi le champ d'applications de ces technologies. Au-delà de la simple coupure de l'ADN, ces innovations permettent aujourd'hui une reprogrammation transcriptionnelle ciblée, incluant la modulation de l'expression génique, la méthylation de l'ADN et les modifications des histones. La modularité des systèmes CRISPR (multiplexage, édition orthogonale) autorise la régulation ou l'édition simultanée de multiples loci, faisant de CRISPR un outil de choix pour l'ingénierie de caractères complexes. Néanmoins, la majorité de ces systèmes n'ont été validés que dans un nombre restreint d'espèces modèles, principalement Arabidopsis ou des organismes non végétaux, soulevant ainsi des interrogations quant à leur efficacité et leur transférabilité à une large diversité de cultures. Le projet MULTI-CRISP-CROP a pour ambition de développer une boîte à outils CRISPR compacte, polyvalente et multiplexable, permettant une régulation précise et multicouche de l'expression génique en vue d'améliorer l'adaptation des plantes aux stress environnementaux. Les objectifs spécifiques du projet sont les suivants : i) évaluer l'efficacité de l'édition du génome d'un large panel de nucléases compactes chez la tomate et Medicago ; ii) convertir les nucléases les plus performantes en régulateurs transcriptionnels et épigénétiques (déméthylation de l'ADN et modifications des histones) ; iii) appliquer les outils développés afin de moduler l'expression de gènes clés connus pour améliorer la résilience au stress ou favoriser les interactions bénéfiques plante-microbe in planta, puis évaluer les performances des plantes en conditions de stress.

En optimisant et en validant ces systèmes chez la tomate et Medicago qui représentent une diversité de gènes cibles, de types tissulaires et d'interactions environnementales positives et négatives, ce projet contribuera à ouvrir la voie à des stratégies d'amélioration de précision adaptées aux défis agroécologiques actuels et futurs.

## **MULTI- RESIST - Développer des lignées de riz élites multi-résistantes aux maladies en Afrique par édition multiplex du génome**

**Etablissement coordinateur :** IRD

**Etablissements partenaires :** CIRAD – INRAE

**Responsable du projet :** Szurek Boris

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 090 855€ dont 499 648€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

Les maladies du riz causent d'importantes pertes de rendement en Afrique subsaharienne, où la production ne couvre que 60% des besoins de consommation. Quatre maladies majeures, à savoir la bactériose vasculaire du riz (BLB), la bactériose à stries foliaires (BLS), la pyriculariose, et la panachure jaune du riz, sont responsables de 13% des pertes de rendement dans la région. Notre objectif principal est de développer des lignées de riz élites résistantes à plusieurs maladies en Afrique en utilisant des approches innovantes d'édition multiplexe du génome. Ainsi, notre projet constituera une vitrine du potentiel transformateur de cette technologie pour l'amélioration durable des grandes cultures. Ce projet pionnier dans le pyramidage simultané de plusieurs gènes de résistance au sein de variétés élites de riz, offre une stratégie rarement déployée aujourd'hui malgré tout son potentiel pour conférer une résistance durable et à large spectre. Contrairement aux études antérieures réalisées sur des gènes uniques et dans des variétés modèles, nous ambitionnons d'éditer directement une variété élite de riz africaine, la variété Komboka qui est très populaire en Afrique de l'Est, démontrant de ce fait toute la pertinence du projet en termes d'application et potentiel d'impact socio-économique. Le projet est structuré autour de cinq « work packages » (WP). Après la génération des lignées de riz GE et leur caractérisation génétique (WP1), les lignées feront l'objet d'une évaluation rigoureuse en trois phases : évaluation de la croissance, du développement et des traits physiologiques incluant la performance photosynthétique dans des conditions contrôlées pour détecter d'éventuels compromis (WP2), criblage de la résistance aux maladies contre des souches de pathogènes sélectionnées incluant des souches régionales représentatives des quatre maladies cibles dans des conditions contrôlées (WP3), et essais de terrain multi-sites au Kenya évaluant à la fois l'efficacité de la résistance aux maladies et la performance agronomique dans des conditions réelles (WP4). La coordination du projet est rassemblée dans le WP5. Le projet MultiResist fournira une preuve de concept pour créer des lignées élites de riz durablement résistantes, contribuant à la sécurité alimentaire dans les régions vulnérables tout en faisant progresser la transition agroécologique via une moindre dépendance aux intrants. Cette approche novatrice établira un cadre méthodologique et conceptuel pour le développement accéléré de variétés multi-résistantes, illustrant comment les technologies d'édition du génome peuvent s'intégrer efficacement aux stratégies de sélection modernes au service d'une agriculture durable.

## **NITROBAR - Régulation et optimisation du transport du nitrate chez l'orge pour une agriculture durable**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissements partenaires :** CNRS – Université Paris Cité

**Responsable du projet :** Chardon Fabien

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 2 080 251€ dont 488 224€ financé par le PEPR SVA.

**Résumé :**

Le projet NITROBAR vise à améliorer l'efficacité de l'utilisation de l'azote (NUE) et de l'eau (WUE) chez l'orge (*Hordeum vulgare* L.) en tirant parti d'un mécanisme physiologique nouveau et sous-exploité : le transport vacuolaire du nitrate. Alors que les stratégies conventionnelles se concentrent sur les caractéristiques des racines ou les voies d'assimilation, NITROBAR explore comment la compartimentation du nitrate aux niveaux subcellulaire, cellulaire et temporelle, influence les flux d'azote de la plante entière, l'utilisation des ressources et le rendement. Le projet s'appuie sur des découvertes récentes chez *Arabidopsis thaliana*, où des mutations dans les transporteurs vacuolaires de nitrate ont entraîné une augmentation de la remobilisation de l'azote et de la teneur en azote des graines sans compromettre le rendement. En transposant ce concept à l'orge, NITROBAR utilisera l'édition de gènes CRISPR-Cas9 sur les homologues de l'orge pour générer des allèles fonctionnels et pour modifier le promoteur afin d'optimiser l'expression pendant la sénescence et le remplissage de la graine. L'impact de ces modifications sera évalué dans des conditions de faible teneur en azote et en eau, à l'aide de plateformes de phénotypage à haut débit et d'un suivi des nutriments basé sur les isotopes.

En combinant la génétique moléculaire, la physiologie du transport cellulaire et l'analyse de la plante entière, NITROBAR fournira à la fois des connaissances mécanistiques et des lignées d'orge éditées sans marqueur, avec des caractéristiques NUE et WUE améliorées. Le projet contribue directement aux objectifs de la SVA du PEPR en proposant des cibles et des méthodologies innovantes pour la sélection de céréales à faible consommation d'intrants et résistantes au climat.

## **SOLAMIXIS - Solutions pour une apomixie synthétique acceptable au Champ**

**Etablissement coordinateur :** CIRAD

**Etablissements partenaires :** Université Paris Saclay - Université Grenoble Alpes – Université Bordeaux - INRAE

**Responsable du projet :** Gilles Laurine

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 760 647€ dont 500 000€ financé par le PEPR SVA.

**Résumé :**

L'exploitation de la vigueur hybride, ou hétérosis, est une voie très prometteuse pour soutenir une agriculture résiliente et durable tout en garantissant une production alimentaire sûre. Cependant, pour les espèces cultivées autogames comme le riz, la production de semences hybrides F1 est techniquement complexe et donc coûteuse, ce qui rend les avantages de l'hétérosis financièrement inaccessibles aux petits exploitants agricoles. L'introduction de l'apomixie, un mode naturel de reproduction clonale par grains, chez ces espèces pourrait permettre à la fois une diversification sur mesure d'hybrides s'auto-reproduisant à l'identique par grain, d'atteindre les exploitations familiales et de contribuer à la fois à l'adaptation au changement climatique et à la transition agroécologique. Solamixis s'appuie sur les récentes avancées en matière d'ingénierie chez le riz de l'apomixie synthétique qui combine l'édition génique (EG) de gènes méiotiques clés avec l'induction de la formation d'embryons via l'expression spécifique de la cellule œuf du facteur de transcription OsBBM1. Malgré ce fort potentiel, les systèmes d'apomixie synthétique actuels sont confrontés à des limites importantes telles qu'une fertilité réduite, la dépendance à l'égard d'insertion de transgènes et l'absence d'évaluation des impacts socio-économiques, qui pourraient varier considérablement en fonction des taux d'adoption par les agriculteurs et de la nature de ceux qui contrôlent et détiennent la technologie. En combinant des innovations moléculaires et des approches socio-économiques, Solamixis vise à surmonter ces obstacles grâce : i. au développement du riz apomictique NGT1, ce qui implique l'identification et l'édition génique des régions régulatrices endogènes du gène OsBBM1 afin

d'obtenir une expression finement régulée de OsBBM1 - déclenchant la parthénogenèse sans compromettre le développement de l'albumen (WP1) - et l'élimination de l'ADN étranger inséré (WP2) ; et ii. à la formulation de recommandations pour une utilisation équitable de cette innovation afin d'accompagner le déploiement du riz hybride apomictique (WP3). Solamixis intègre des compétences en biologie du développement végétal, en ingénierie du génome, en épigénomique et en sciences juridiques/sociales afin d'améliorer le système d'apomixie synthétique du riz et d'anticiper les implications plus larges de son déploiement.

## **SOYCOVER - Couverture et résilience du soja pour assurer un rendement stable grâce à l'édition génomique**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Responsable du projet :** Buitink Julia

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 316 665€ dont 499 874€ financé par le PEPR SVA.

### **Résumé :**

Alors que le changement climatique redéfinit le potentiel agricole à travers l'Europe, la culture du soja s'étend vers les régions plus septentrionales de la France, où l'augmentation du temps thermique devrait favoriser les rendements. Cependant, le plein potentiel agronomique de ces zones reste sous-exploité en raison d'une implantation irrégulière des cultures, en particulier dans des conditions à faibles intrants et sous-optimales, qui peut diminuer le rendement. Dans les systèmes agroécologiques, où le resemis, ou l'usage intensif d'intrants sont limités, la stabilité du rendement repose sur la capacité intrinsèque de la plante à assurer une levée rapide et à compenser une mauvaise émergence. Le projet SOYCOVER propose une stratégie de modification génomique à double levier pour renforcer l'adaptation du soja à ces environnements. Le premier levier vise à améliorer la vigueur initiale et à optimiser la croissance des premières feuilles afin d'assurer une couverture du sol rapide, une limitation optimale des adventices et une meilleure acquisition des ressources lors des stades précoces du développement. Le second levier cible la plasticité de la ramification, c'est-à-dire la capacité de la plante à ajuster son architecture aérienne en produisant davantage de branches latérales lorsque l'émergence des plantules est compromise. Ce caractère permet d'atténuer les pertes de rendement liées à une mauvaise émergence en permettant à la plante d'occuper plus d'espace et de compenser les lacunes du couvert végétal. La stratégie Targeted Induced Genetic Variation sera utilisée pour générer de nouvelles combinaisons alléliques pour des gènes codant des régulateurs négatifs de ces phases de développement et sélectionner ainsi des phénotypes favorables, notamment une levée rapide et une ramification accrue. Les lignées les plus performantes (8-10), qui représenteront une diversité allélique, seront caractérisées sur une base écophysiologique et moléculaire afin d'identifier les facteurs clés de la vigueur et de la ramification. Les lignées seront également testées dans des essais en plein champ pour le rendement, les interactions entre les caractères et les compromis possibles. SOYCOVER livrera des combinaisons alléliques optimisées ainsi que du matériel donneur pour la sélection d'idéotypes de soja caractérisés par une levée robuste, une fermeture rapide du couvert et une architecture adaptative. Ces innovations permettront d'assurer des rendements stables en conditions de faibles intrants et de contribuer à l'autosuffisance protéique de l'Europe ainsi qu'au développement de systèmes agroécologiques résilients.

## **Unlock-SE - Une approche génétique et épigénétique pour résoudre la régénération des céréales**

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Responsable du projet :** Bouchabké-Coussa Oumaya

**Durée du projet :** 3 ans / **Budget :** 1 526 601€ dont 499 259€ financé par le PEPR SVA.

### Résumé :

L'édition génomique végétale nécessite généralement la régénération in vitro de lignées, via embryogenèse somatique (ES) pour la plupart des céréales. Son efficacité dépend fortement du génotype et de l'espèce, et les mécanismes impliqués sont encore mal compris. La régénération via ES reste un obstacle majeur à l'utilisation des nouvelles techniques génomiques dans de larges panels d'accessions, y compris des cultivars élites. Notre objectif est de déverrouiller le potentiel de l'ES dans des génotypes de blé et de maïs récalcitrants à la régénération. Ce projet s'appuie sur des résultats récents, acquis dans l'espèce modèle *Brachypodium distachyon* (Bd), qui identifient des régulateurs (épi)généétiques potentiels de l'initiation de l'ES. Dans notre protocole simplifié, toutes les transitions développementales impliquées dans l'initiation de nouveaux embryons somatiques se produisent en une semaine et dans moins d'un mm<sup>3</sup> (Wehbi et al., 2022). Ce système permet d'évaluer les réponses in vitro quelques jours après l'induction et de régénérer des plantules transgéniques ou éditées en moins de deux mois (Soulhat et al., 2022). Par une approche multimodale originale, nous avons intégré des jeux de données transcriptomiques et épigénomiques (à l'échelle d'organes ou de cellules uniques) afin d'identifier les modules de régulation et les réseaux de gènes impliqués dans les transitions successives lors de la reprogrammation embryogénique chez Bd. Nos résultats mettent en évidence des facteurs de transcription (FT) spécifiques associés à des bascules développementales clés et les relient à des éléments cis-régulateurs (CRE) dans les gènes cibles dont ils contrôleraient l'expression. Notre stratégie tire parti de ces résultats pour déverrouiller la régénération dans des accessions récalcitrantes de blé tendre et de maïs, car les mêmes processus de SE sont utilisés pour produire des lignées transgéniques ou éditées dans les monocotylédones. Dans ces espèces, l'ES repose sur la formation d'embryons somatiques dans le scutellum d'embryons zygotiques immatures cultivés in vitro, d'abord sur milieu inducteur de cals (avec auxine), puis sur milieu de régénération (avec cytokinine). Nous testerons dans un premier temps de multiples perturbations génétiques dans Bd, affectant soit des FT (perte ou gain de fonction), soit des CRE en aval, pour leur capacité à améliorer l'ES induite. Les perturbations qui favorisent la réponse dans Bd seront ensuite testées dans des accessions de blé et de maïs par les laboratoires nationaux de référence pour la transformation de ces espèces. Les loci candidats sélectionnés répondront à plusieurs critères : ils sont des nœuds clés des réseaux de régulation de l'ES déduits de notre étude multimodale ; leurs séquences sont conservées dans Bd, blé et maïs ; et leurs profils dynamiques (expression et marques épigénétiques) sont conservés au cours de l'ES induite dans les trois espèces. Notre système Bd permettant l'analyse rapide de multiples perturbations génétiques (en quelques semaines), seules celles entraînant une réponse in vitro accrue seront testées dans les céréales. Unlock-SE introduit une approche originale, l'ingénierie des CRE, en plus de celle des FT eux-mêmes. Contrairement à l'inactivation ou la surexpression géniques usuelles, souvent pléiotropes, l'édition des CRE pourrait permettre un réglage fin et contextuel de l'expression des gènes, soit activée lors de transitions développementales définies, soit restreinte à des tissus spécifiques. Le projet devrait avoir de multiples impacts : (i) une meilleure compréhension de l'ES végétale, notamment une cartographie détaillée des modules régulateurs qui la contrôlent chez les monocotylédones ; (ii) des outils innovants pour l'édition génomique du blé et du maïs, y compris dans les cultivars élites ; et (3) un accès simplifié aux lignées éditées via l'infrastructure nationale du PEPR Sélection Végétale Avancée et par la diffusion de méthodes originales.

## VigoRice - Améliorer la vigueur précoce pour soutenir une riziculture plus durable en Afrique Sub-Saharienne

**Etablissement coordinateur :** IRD

**Etablissement partenaire :** CEA

**Responsable du projet :** Grondin Alexandre

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 876 970€ dont 496 886€ financé par le PEPR SVA.

### Résumé :

Le riz est un aliment de base pour plus de la moitié de la population mondiale et, avec le blé et le maïs, est l'une des céréales les plus cultivées. Le riz est principalement cultivé après transplantation de jeunes plantules dans des rizières inondées. Cette méthode de culture est très productive, mais elle nécessite de grandes quantités d'eau et génère d'importantes émissions de méthane, un gaz à effet de serre vingt fois plus puissant que le CO<sub>2</sub> et un contributeur majeur au changement climatique. La culture du riz en conditions aérobies, associée à un semis direct dans un champ non inondé, peut réduire drastiquement la consommation d'eau et les émissions de méthane, tout en évitant l'étape laborieuse de transplantation. Toutefois, cette méthode de culture est peu utilisée, car elle entraîne des rendements plus faibles, principalement en raison d'une pression accrue des mauvaises herbes. Renforcer la vigueur précoce du riz est donc essentiel pour améliorer sa compétitivité face aux adventices et son adaptation à la culture aérobie. Le riz africain, *Oryza glaberrima* (Og), est connu pour sa résilience et sa compétitivité face aux mauvaises herbes, mais il n'est que marginalement cultivé en raison de ses faibles rendements et de sa qualité moindre en comparaison des variétés élites d'*Oryza sativa* (Os). Les croisements entre ces deux espèces sont difficiles, mais des hybrides, appelés NERICA (New Rice for Africa), ont précédemment pu être obtenus dans le but de combiner le potentiel de rendement de Os et la résilience climatique de Og. Aujourd'hui, certaines de ces variétés NERICA sont largement cultivées, en particulier en Afrique subsaharienne. Cependant, le potentiel de rendement de ces variétés n'est toujours pas atteint en conditions aérobies, en raison de leur vigueur précoce limitée et de leur faible compétitivité face aux mauvaises herbes. Au cours de travaux antérieurs, nous avons étudié la vigueur précoce dans un panel de diversité de Og et identifié une région génétique associée à ce caractère. Nous disposons désormais d'évidences solides indiquant que, dans cette région, du polymorphisme induisant une expression différentielle du gène Farnesyl Diphosphate Synthase 1 (FPS1) est à l'origine de

différences de vigueur précoce. La variété NERICA 4, la plus cultivée en conditions aérobie, porte l'allèle OsFPS1 et ne présente pas une vigueur accrue par rapport à son parent Og portant l'allèle OgFPS1 associé à une faible vigueur, révélant un potentiel d'amélioration non exploité. Dans le cadre du projet VigoRice, nous mettrons à profit ces connaissances afin d'augmenter, par édition du génome, la vigueur précoce du cultivar NERICA 4. Notre approche principale consistera à substituer le promoteur de FPS1 par un promoteur conférant une forte vigueur, grâce à des méthodes basées sur la réparation dirigée par homologie. Dans des approches complémentaires, nous tenterons d'augmenter l'expression et/ou la traduction de FPS1 en éliminant un ORF identifié en amont du gène, ou en réalisant des délétions au sein du promoteur.

Le projet VigoRice devrait produire de nouvelles lignées dérivées de NERICA 4, dotées d'une vigueur précoce et d'une compétitivité accrue face aux adventices, que nous évaluerons au laboratoire et au champ. Selon la proposition de régulation actuelle émise par l'UE, ces nouvelles lignées seront considérées comme équivalentes aux plantes obtenues par sélection conventionnelle. Elles devraient donc contribuer à rapidement réduire l'empreinte écologique de la riziculture en faveur d'une transition agroécologique, et illustrer le potentiel de l'édition du génome afin de faciliter l'amélioration rapide des variétés en abolissant les barrières d'hybridation.

## VINEDITING - Edition génomique de la vigne pour accompagner la transition agroécologique

**Etablissement coordinateur :** INRAE

**Etablissement partenaire :** INRAE Strasbourg – Mercier Novatech

**Responsable du projet :** Poinssot Benoit

**Durée du projet :** 4 ans / **Budget :** 1 698 391€ dont 499 925€ financé par le PEPR SVA.

**Résumé :**

Les plantes rencontrent divers micro-organismes, allant des microbes mutualistes bénéfiques aux agents pathogènes. La régulation de ces interactions est cruciale, car elle influence la croissance et la santé des plantes. Dans ce contexte, la vigne est soumise à de nombreux agents pathogènes tels que *Plasmopara viticola* (mildiou), *Erysiphe necator* (oïdium), *Botrytis cinerea* (moisissure grise) et *Phyllosticta ampellicida* (pourriture noire), qui causent des pertes importantes, conduisant à un usage massif de produits chimiques pouvant nuire à la santé humaine et à l'environnement. Pour accompagner la transition agroécologique, les stratégies alternatives misent sur de nouvelles variétés de vignes résistantes, l'utilisation de biomolécules comme « stimulateur de défense des plantes » (SDP) et l'exploitation des communautés microbiennes associées aux plantes. Cependant, l'érosion des gènes de résistance et l'émergence de maladies secondaires ont été observées sur des variétés de vigne obtenues par sélection classique. De plus, même si l'utilisation de SDP montre des résultats prometteurs au laboratoire, son efficacité reste encore limitée dans le vignoble. Néanmoins, l'utilisation de ces stratégies reste porteuse d'espoir puisque l'édition génomique pourrait les accélérer en ciblant les gènes impliqués dans les interactions plantes-micro-organismes. Dans ce contexte, le projet VINEDITING vise à obtenir des variétés de vigne éditées NGT1 avec des traits bénéfiques adaptés à la transition agroécologique. Pour obtenir une résistance aux agents pathogènes, nous ciblerons les gènes GLYI-4 (Glyoxalase I-4), EDR1 (Enhanced Disease Resistance 1,) et LYKs (LysM receptor-like kinase). Les plantes éditées seront suivies pour leur résistance à un large panel de pathogènes cryptogamiques afin de produire des plantes avec une tolérance accrue et limitant ainsi l'émergence de maladies secondaires. Au-delà de l'évaluation de la résistance aux maladies, nous évaluerons également l'impact de l'édition sur les interactions bénéfiques avec *Rhizophagus irregularis* et *Trichoderma* spp. Enfin, nous quantifierons l'efficacité des SDP sur les plantes éditées afin d'obtenir de nouvelles variétés de vigne adaptées aux solutions agroécologiques. Pour être classées comme plantes NGT1, ces nouvelles variétés de vigne doivent être « exemptes de transgène ». Cependant, l'élimination des transgènes par croisement est impossible car cela conduit à l'obtention de variétés de vigne hybrides différentes des cépages obtenus par multiplication végétative. Nous développerons donc un vecteur auto-excisable compatible avec la législation NGT1 qui sera obtenu en combinant une technique de contre-sélection et l'excision du transgène à partir de séquences RB à LB par une CAS9-PAM less pour minimiser la cicatrice nucléaire et éviter l'obtention de plantes chimériques. Enfin, le projet VINEDITING produira des variétés de vigne éditées qui évitent les limitations existantes sur les variétés de vigne résistantes obtenues par sélection classique tout en favorisant la transition agroécologique afin de redonner un avantage à la filière viticole française.

# 8 Annexe- Définition des caractères en adéquation avec les objectifs scientifiques du PEPR SVA

Le programme SVA, dont l'objectif est d'évaluer les potentielles contributions de l'EG pour accompagner les transitions agroécologiques dans un contexte de dérèglement climatique, soutient les travaux d'EG portant sur des caractères en adéquation avec cet objectif, à savoir :

## 1) Les caractères réduisant les produits phytosanitaires et les intrants basés sur des ressources non renouvelables

- Tolérance ou résistance aux parasites et aux maladies (champignons, bactéries, virus, insectes, etc.)
- Absorption et utilisation efficaces des éléments nutritifs limitants (N, P) et tolérance à leurs carences grâce à une meilleure capture des ressources (système d'enracinement, transporteurs, etc..) ou à leur remobilisation vers les organes récoltés.
- Réponse des plantes à un travail du sol nul ou réduit : par exemple, caractères impliqués dans l'établissement de la plante, système d'enracinement, etc.
- Tolérance des plantes au désherbage mécanique : par exemple, caractères impliqués dans l'ancrage racinaire.
- Capacité de la plante à supprimer la croissance des adventices par compétition : par exemple, caractères impliqués dans la couverture du sol, la morphologie des plantes et la dynamique de croissance.
- Production de substances allélochimiques (exsudats racinaires, composés organiques volatils, etc.) pour la régulation des adventices et des ravageurs.

## 2) Les caractères favorisant l'adaptation au dérèglement climatique

- Adaptation au stress abiotique (froid, chaleur, sécheresse, salinité, excès d'eau) par échappement au stress (phénologie), évitement ou tolérance : caractères impliqués dans la régulation stomatique, l'efficacité de l'utilisation de l'eau, la sénescence, l'allocation de la biomasse, la croissance des racines, la fermeture de la canopée, la précocité de l'anthèse, la vigueur germinative, etc.
- Modification de la floraison (plus précoce, plus tardive) et maturation rapide des fruits / des graines
- Modulation de la phénologie et des caractères connexes tels que la dormance, les besoins en froid pour l'adaptation au dérèglement climatique (y compris les épisodes de gel au printemps), en particulier chez les espèces pérennes pour lesquelles cette adaptation pose des défis particuliers.
- Modulation de la maturation et du métabolisme des fruits pour protéger la qualité des fruits face au dérèglement climatique.

## 3) Les caractères améliorant l'interaction plante/plante et plante/microbe

- Interactions complémentaires intra- et inter-espèces plante/plante ; par exemple l'aptitude à l'association (angle des feuilles, tolérance à l'ombrage, système d'enracinement, vigueur de croissance précoce, rigidité de la tige, architecture de la plante, etc. ).
- Interactions bénéfiques avec le microbiote et les symbiotes : capacité de mycorhization, fixation symbiotique de l'azote, attraction d'un microbiote favorable, etc.

#### **4) Les caractères associés aux services écosystémiques, y compris l'atténuation du dérèglement climatique**

- Caractères impliqués dans la capture du CO<sub>2</sub>, une photosynthèse efficace, la croissance des racines, la formation du bois (arbres fruitiers et forestiers).
- Caractères, tels que les composants chimiques des tissus végétaux, impliqués (i) dans la biodégradation de la biomasse pour améliorer la composition du sol (NPKC) ou (ii) dans la qualité de la biomasse pour la bioénergie.
- Caractères permettant d'améliorer la phytoremédiation (par exemple, l'absorption et le stockage des métaux lourds).

Les services auxiliaires comprennent tous les services associés aux biens de l'écosystème qui pourraient être fournis directement par les plantes éditées utilisées comme cultures d'accompagnement ou de couverture ou en favorisant la présence de plantes, d'animaux ou de microbes susceptibles d'être utilisés.

- Caractères améliorant l'attractivité, par exemple par la production de phéromones modifiées.
- Caractéristiques fournissant des ressources aux pollinisateurs, en particulier du nectar permettant aux abeilles de se nourrir pendant les périodes de transition (début du printemps et fin de l'automne).



# GOVERNEMENT



## Contacts

Les renseignements concernant le processus administratif (constitution du dossier, démarches en ligne, taux d'aide) pourront être obtenus auprès de l'ANR par courriel :

[PEPR-SVA@agencerecherche.fr](mailto:PEPR-SVA@agencerecherche.fr)

