



GOVERNEMENT

*Liberté
Égalité
Fraternité*

anr®
agence nationale
de la recherche



PEPR Exploratoire MoleculArXiv : stockage moléculaire de données

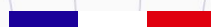
« Appel à projets MoleculArXiv »

Date de remise des lettres d'intention le 11/06/2024
à 11h00 (heure de Paris).

Date de dépôt des projets complets le 31/10/2024
à 11h00 (heure de Paris).

Adresse de consultation : <https://anr.fr/PEPR-Explo-MoleculArXiv-2024>

APPEL À PROJETS
Avril 2024



Résumé

Lancé officiellement en mai 2022, le PEPR exploratoire MolecuArXiv piloté par le CNRS, est financé par France 2030 dans la cadre d'un soutien de l'Etat pour accompagner la recherche fondamentale.

Dans un contexte international compétitif, le PEPR MolecuArXiv a pour ambition de relever de nombreux défis scientifiques afin d'inventer des dispositifs de stockage permettant l'archivage massif de données sur des supports de type moléculaire, des polymères synthétiques ADN et non-ADN.

Quatre projets ciblés ont été initiés fin 2022 et plus de 20 laboratoires sont aujourd'hui mobilisés pour mener à bien des recherches pluridisciplinaires en chimie, informatique, micro-fluidique, nanotechnologie et biologie, nécessaires à la réalisation des objectifs du projet.

Doté d'un budget global de 20 M€ sur une durée de 7 ans, le PEPR MolecuArXiv mobilise des équipes qui vont agir sur la parallélisation des dispositifs de synthèse, mettre au point de nouvelles molécules et technologies d'information afin d'accélérer la synthèse de différents types de supports moléculaires, tout en optimisant leur codage et leur décodage.

Le budget du PEPR permettra de développer et renforcer quatre plateaux techniques destinés à la synthèse d'ADN, au criblage d'enzymes à la synthèse de polymères non ADN et au séquençage de l'ADN synthétique. Le PEPR soutient des projets de recherches interdisciplinaires et le recrutement de jeunes chercheurs.

Il envisage aussi de financer la montée en TRL des innovations scientifiques soutenues par des preuves de concepts d'applications à impact.

Enfin, le PEPR se positionnera dans l'animation des communautés françaises et européennes, jusqu'à faire émerger une proposition de FET-flagship européen.

Cet appel à projets a pour objectif principal d'identifier des forces de recherche qui puissent se mobiliser, via des consortiums, pour contribuer à l'émergence de nouvelles idées pour développer des solutions innovantes dans le domaine du stockage moléculaire de données, en complément des travaux de recherche initiés dans les projets ciblés de MolecuArXiv.

Le montant maximal qui pourra être alloué à l'ensemble des projets issus de cet appel est de 3,5 M€, avec pour chaque projet une aide située entre 500 k€ et 1000 k€.

L'appel à projets se déroulera en deux phases avec le dépôt d'une lettre d'intention dans un premier temps, puis le dépôt d'un dossier complet dans un deuxième temps.

Mots-clés

Stockage d'information, données massives, chimie des polymères ADN et non-ADN, synthèse enzymatique d'ADN, polymères numériques, chimie analytique, séquençage, compression d'information, théorie et traitement du signal, bio-informatique, micro-fluidique, nanotechnologies ADN, archivage.

Dates importantes

Date de remise des lettres d'intention (Phase 1)

La lettre d'intention doit être déposée sous forme électronique, impérativement avant le :

[11 juin 2024] à 11h (heure de Paris)

sur le site :

<https://france2030.agencerecherche.fr/PEPR-Explo-MoleculArXiv-2024-lettre>

Date de dépôt des projets (Phase 2)

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 :

[31 octobre 2024] à 11h (heure de Paris)

sur le site :

<https://france2030.agencerecherche.fr/PEPR-Explo-MoleculArXiv-2024-dossier>

Contacts ANR

PEPR-MoleculArXiv@agencerecherche.fr

Chargé de Projet Scientifique : Kevin PASSADOR
Responsable d'Action : Arnaud HAUDRECHY

Il est nécessaire de lire attentivement l'ensemble du présent document et les instructions disponibles sur le site de dépôt des lettres d'intention :

<https://france2030.agencerecherche.fr/PEPR-Explo-MoleculArXiv-2024-lettre>

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

<https://france2030.agencerecherche.fr/PEPR-Explo-MoleculArXiv-2024-dossier>

Pour toute question : PEPR-MoleculArXiv@agencerecherche.fr

Sommaire

Résumé	2	3.1.	Phase 1 : examen des lettres d'intention.....	15
Mots-clés.....	2	3.1.1.	Critères de recevabilité des lettres d'intention.....	15
Dates importantes	3	3.1.2.	Critères d'évaluation des lettres d'intention.....	15
Contacts ANR.....	3	3.2.	Phase 2 : projets complets.....	16
1. Contexte et objectifs de l'appel à projets ...	6	3.2.1.	Critères de recevabilité des projets complets.....	16
1.1. Contexte et enjeux du PEPR.....	6	3.2.2.	Critères d'évaluation des projets complets.....	16
1.1.1. Synthèse ADN nouvelle génération (PC1).....	7	3.2.3.	Processus de sélection des projets complets.....	17
1.1.2. De la donnée numérique à l'ADN synthétique (PC2).....	7	4. Dispositions générales pour le financement	18	
1.1.3. Polymères numériques synthétiques (PC3)	8	4.1.	Financement.....	18
1.1.4. Faire du stockage ADN une réalité pratique (PC4).....	8	4.2.	Accords de consortium.....	18
1.2. Objectifs de l'appel à projets.....	9	4.3.	Science ouverte	19
1.3. Rôle du directeur du PEPR et des responsables scientifiques de projets ciblés.....	9	4.4.	Aide d'État.....	19
1.4. Contact du directeur du PEPR.....	10	4.5.	Suivi des projets et communication	20
2. Thématiques de l'appel et projets attendus	11	5. Modalités de dépôt	20	
2.1. Thématiques / propositions / orientations.....	11	5.1.	Lettre d'intention (phase 1).....	20
2.1.1. Thématiques proposées en lien avec les défis de la synthèse ADN de nouvelle génération	11	5.2.	Dossier complet (phase 2).....	20
2.1.2. Thématiques proposées en lien avec les défis de la représentation de la donnée numérique sur ADN synthétique	12	5.3.	Procédure de dépôt.....	21
2.1.3. Thématiques proposées en lien avec les défis de l'utilisation de polymères numériques synthétiques	13	5.4.	Conseils pour le dépôt	21
2.1.4. Thématiques proposées en lien avec les défis de l'applicabilité du stockage sur ADN.....	13	6. Annexe 1. Indicateurs.....	22	
2.2. Principales caractéristiques des projets	14	Annexe 1.1 - Indicateurs communs des projets France 2030	22	
2.3. Partenaires.....	14	6.1.	Publications.....	22
3. Examen des projets proposés.....	15	6.2.	Brevets.....	22
		6.3.	Jeux de données.....	22
		6.4.	Logiciels.....	22
		6.5.	Production technologique.....	22
		6.6.	Start-up	22
		6.7.	Financements externes	22
		6.8.	Projets soumis / retenus au Conseil européen de la recherche (European Research Council – ERC)	23
		6.9.	Ressources humaines.....	23
		6.10.	Formation	23
		6.11.	Doctorats.....	24
		6.12.	Post-Doctorats	24
		Annexe 1.2 - Indicateur commun aux PEPR.....	24	

1. Contexte et objectifs de l'appel à projets

1.1. Contexte et enjeux du PEPR

La mémoire de l'humanité repose sur notre capacité à gérer des quantités de données de plus en plus importantes, sur des périodes allant de quelques années à plusieurs siècles. Les outils actuels ne sont plus suffisants et il est nécessaire d'envisager des solutions qui puissent devenir rapidement opérationnelles. L'une des plus prometteuses est fournie par un stockage de l'information sous forme d'ADN, à l'instar de ce que réalisent les êtres vivants pour le codage de leur génome.

L'ADN fournit en effet un moyen de stockage très stable sur de très longues périodes avec des conditions simples de mise en œuvre. Les enjeux autour du stockage ADN se positionnent désormais à l'échelle mondiale : face à la constitution de grands consortia industriels nord-américains, dotés de soutiens financiers importants, les PME françaises chefs de file du domaine se tournent vers ces alliances.

Un des objectifs du PEPR (Programme et Equipements Prioritaire de Recherche) MolecuArXiv est de positionner l'écosystème de recherche académique (informatique, chimie, biologie, nanotechnologies, micro-fluidique) et industriel français comme un acteur incontournable du stockage sur polymères (ADN et non-ADN) à l'échelle internationale.

En appuyant le travail précurseur des pépites industrielles françaises par une mobilisation interdisciplinaire forte des acteurs de la recherche, l'objectif à 5 ans est de déployer les recherches et infrastructures nécessaires pour pouvoir réaliser le cycle de lecture/écriture à un bit par seconde (100 fois plus rapide que la synthèse commerciale actuelle) soit 10 Go de données en 24h avec parallélisation, en débloquent le verrou majeur actuel de la vitesse et du coût de synthèse.

Ceci permettra de déployer dans les 2 années suivantes des démonstrateurs sur plusieurs collections appartenant à des partenaires institutionnels (INA, Parlement Européen...), puis de financer l'accompagnement à la montée en TRL des innovations issues des axes scientifiques (actions de prématuration conduisant à la création de start-up ou à des transferts industriels).

Le PEPR MolecuArXiv vise à lever plusieurs verrous scientifiques en lien avec le stockage moléculaire, et à fournir plusieurs démonstrateurs.

Le premier verrou concerne la synthèse d'ADN et sa lecture par des approches dédiées au stockage massif (chimie, génomique, micro-fluidique, micro-fabrication).

Le deuxième verrou est lié à la compression de l'information (informatique, nanotechnologies) pour réduire les coûts de synthèse de polymère et rendre le décodage robuste au bruit induit par le processus biochimique.

Le troisième verrou concerne l'accélération du séquençage des données stockées, pour permettre la lecture rapide de volumes de données largement supérieurs à la taille des plus grands génomes séquencés à ce jour.

Enfin le quatrième verrou concerne les nouveaux polymères, synthétiques ou dérivés de l'ADN (chimie, biologie, informatique).

Des applications seront mises en place avec des utilisateurs dans le cadre de l'archivage des données froides, du marquage, du calcul et de l'ingénierie moléculaire.

Ce programme de recherche défie les équipes scientifiques impliquées afin d'atteindre de nombreux objectifs :

- Augmenter la vitesse de synthèse tout en réduisant les coûts et proposer de nouvelles solutions permettant de faire du stockage massif de données ;
- Mettre au point de nouveaux outils pour gérer et sécuriser les bases de données ADN ;
- Accélérer le développement de nouveaux codes, de nouveaux algorithmes et de nouvelles stratégies de compression de l'information sur des bases N -aires ;
- Construire un démonstrateur de stockage sur ADN ;
- Apporter aux archives institutionnelles une vision concrète des défis et opportunités liés au stockage de données sur ADN ;

- Aboutir à des brevets fondateurs dans la thématique du stockage moléculaire de données ;
- Mobiliser la communauté française de la recherche pour créer un écosystème dédié au stockage moléculaire de l'information afin de positionner la France à l'avant-garde de la révolution de ce domaine.

Quatre projets ciblés (PC1, PC2, PC3 et PC4) ont été initiés fin 2022 afin de mener des recherches pluridisciplinaires, en chimie, informatique, micro-fluidique, nanotechnologies et biologie, nécessaires à la réalisation des objectifs du PEPR.

Les paragraphes 1.1.1 à 1.1.4., présentés ci-dessous, décrivent les thématiques de recherche qui sont actuellement couvertes par les travaux menés au sein de ces projets ciblés.

1.1.1. Synthèse ADN nouvelle génération (PC1)

Le premier projet ciblé « Synthèse ADN nouvelle génération », a pour objectif la conception de nouvelles technologies de synthèse rapide d'ADN.

Au sein du PC1, le projet explore de nouvelles approches de synthèses d'ADN spécifiquement destinées au stockage de l'information digitale. Ainsi ce projet se libère des contraintes associées à la synthèse d'oligonucléotides biologiquement compatibles.

Cette synthèse de nouvelle génération devra cependant être rapide et évolutive. Elle devra aussi pouvoir être massifiée (nombreux sites d'écriture en parallèle) et ne pas entraîner d'externalités négatives (solvants organiques, composés dangereux, etc.).

De ce fait le projet explore principalement les approches de synthèse enzymatique, via des polymérases. Le projet suit la recette qui a fait le succès du séquençage nouvelle génération : le développement de nouveaux blocs chimiques spécifiquement conçus pour mieux contrôler la synthèse de l'ADN comme support digital, la création d'outils enzymatiques dédiés pour manipuler ces éléments constitutifs, l'intégration de cette nouvelle biochimie dans un environnement micro-fluidique miniaturisé, et enfin l'interfaçage avec un système de contrôle électronique hautement parallélisé.

L'un des objectifs prioritaires du PC1 est de développer des modes de synthèse bien plus rapides que les approches actuelles, et capables d'atteindre l'encodage d'un bit par seconde en brin unique. Ces approches doivent être compatibles avec la miniaturisation/parallélisation massive, c'est-à-dire qu'elles doivent être adressables via des technologies matricielles.

Un autre objectif du PC1 est aussi de mieux caractériser les contraintes associées aux différentes options de synthèse afin, en collaboration avec le PC2, de les intégrer dans les schémas de codage. Par exemple, il s'agit de caractériser les modes d'erreurs associés à certains types de synthèse, ainsi que les rapports entre bénéfices et coûts (en termes de compacité, durabilité, vitesse de lecture, etc.). Ces données permettront de nourrir les modèles établis et exploités par le PC2.

Enfin le PC1 devra produire les démonstrateurs expérimentaux permettant la synthèse d'ADN pour les projets explorés dans les autres PC, en particulier pour les applications testées par le PC4 en collaboration avec les partenaires institutionnels.

1.1.2. De la donnée numérique à l'ADN synthétique (PC2)

Le deuxième projet ciblé « De la donnée numérique à l'ADN synthétique » vise à rendre le stockage efficace en étudiant différentes stratégies de compression développées sur mesure pour tenir compte des caractéristiques physico-chimiques impliquées dans l'écriture et la lecture de l'ADN.

La première étape du processus de codage est la construction d'un dictionnaire de mots de code composé des symboles A, G, C et T. Le flux d'informations codées sur l'ADN doit respecter certaines contraintes biochimiques sur les combinaisons de bases qui forment un fragment d'ADN : éviter les homopolymères ainsi que les motifs répétés et respecter une teneur faible en G, C.

Il faut également tenir compte du fait que le processus implique certaines procédures biochimiques qui peuvent corrompre les données codées. La synthèse, le séquençage, le stockage et la manipulation de l'ADN (principalement l'amplification par PCR) peuvent entraîner des erreurs en introduisant des substitutions ou des indels (insertions ou suppressions de nucléotides) et compromettre l'intégrité du contenu stocké. Le stockage de l'ADN peut alors être considéré comme un canal naturellement bruité pour lequel des codes correcteurs appropriés doivent être développés.

Le coût de la synthèse de l'ADN étant élevé, il est également important de tirer pleinement parti de la compression optimale qui peut être obtenue avant de synthétiser la séquence dans l'ADN.

Dans ce contexte, les objectifs prioritaires de ce projet incluent la conception de codes correcteurs d'erreurs avancés basés sur les contraintes du support ADN, le développement de schémas d'indexation appropriés pour encoder et récupérer les documents numériques, et le développement d'algorithmes bio-informatiques spécifiques pour traiter les données issues du séquençage ainsi que le développement de solutions de séquençage de troisième génération.

Ce projet ciblé est constitué de six équipes de recherche spécialistes de la compression/codage, du séquençage et aussi des traitements bio-informatiques nécessaires lors de la relecture des molécules d'ADN.

1.1.3. Polymères numériques synthétiques (PC3)

Le troisième projet ciblé « Polymères synthétiques numériques » s'intéresse à la généralisation du support de stockage d'information sur des polymères synthétiques (non-ADN). Il a été montré très récemment que des messages binaires peuvent être stockés dans différents types de macromolécules synthétiques.

Ces nouveaux polymères informationnels possèdent de nombreux avantages par rapport à l'ADN. En effet, leur structure moléculaire peut être optimisée pour favoriser le stockage de données. Il est par exemple possible de préparer des macromolécules permettant de favoriser l'écriture, la lecture, la modification, la suppression ou la préservation à long terme de séquences binaires.

Toutefois, ce sujet novateur et prometteur n'est pas aussi développé que le stockage de données sur ADN. Dans ce contexte, ce projet regroupe huit équipes de recherche françaises de haut niveau afin d'élaborer des polymères numériques encore plus performants.

Le consortium de recherche comprend des experts en chimie organique, chimie des polymères, chimie analytique et chimoinformatique.

Un premier aspect qui sera étudié dans ce projet est la vitesse d'écriture. Actuellement, la synthèse des polymères numériques est beaucoup trop lente pour pouvoir conduire à des applications viables. Ainsi, des chimies accélérées seront étudiées en détail dans ce projet.

Par ailleurs, l'organisation spatiale des polymères numériques sera étudiée. Des chimiothèques de polymères seront organisées en 2D ou en 3D.

Enfin, la lecture de ces polymères sera étudiée avec différents outils de séquençage comme la spectrométrie de masse ou l'analyse nanopore.

1.1.4. Faire du stockage ADN une réalité pratique (PC4)

Enfin, le but du quatrième projet ciblé « Faire du stockage ADN une réalité pratique » est de rendre le stockage moléculaire pratique, sûr et exploitable.

Ce projet ciblé est amené à jouer un rôle essentiel dans l'avancement de la praticité des bases de données ADN. Il se concentrera sur des collaborations fortes avec les autres projets ciblés et partenaires institutionnels pour s'assurer que le stockage de données sur ADN est non seulement une technique faisable, mais également conviviale et adaptée aux besoins des utilisateurs finaux.

L'implication des utilisateurs finaux, dès les premiers stades du développement d'une nouvelle technologie, est capitale. L'histoire a montré que les technologies échouent souvent à être largement adoptées non pas parce qu'elles sont inefficaces, mais parce qu'elles ne s'alignent pas bien avec les besoins pratiques et les préférences de leurs utilisateurs prévus. Pour éviter cela, le PC4 identifiera ces besoins en amont, grâce à une collaboration active avec les utilisateurs finaux potentiels pour créer des solutions sur mesure répondant à leurs exigences spécifiques.

En effet, une fois que les utilisateurs auront stocké leurs données dans une base de données ADN commerciale, les exploitations nécessiteront toute une gamme d'outils moléculaires, micro-fluidiques et informatiques pour gérer les données de manière efficace à grande échelle et avec précision. Le PC4 sera instrumental dans le développement de ces outils, s'assurant que les systèmes de stockage de données ADN ne sont pas seulement robustes et sécurisés, mais également

polyvalents et conviviaux. En s'intégrant avec des partenaires institutionnels, le PC4 démontrera l'applicabilité des bases de données ADN à travers des cas d'utilisation convaincants, tels que le stockage et la récupération continue de données en provenance de partenaires institutionnels et de dépôts légaux français.

Plus précisément, le PC4 va :

- Construire une Plateforme Prototype pour l'encodage de données dans l'ADN : en collaboration avec le PC1 (synthèse ADN de nouvelle génération) et le PC2 (codage/décodage), le PC4 intégrera les avancées scientifiques du PEPR dans un prototype fonctionnel. Cette plateforme micro-fluidique automatisée codera les données dans l'ADN à grande vitesse en utilisant la nouvelle chimie ADN développée dans MoleculArXiv.
- Développer des Outils pour la Gestion de Bases de Données : des outils moléculaires, micro-fluidiques et informatiques pour gérer les bases de données ADN à grande échelle seront développés. Par exemple, la latence lente du stockage de données ADN pourrait être problématique pour certaines applications, et pour répondre à cette problématique une série d'outils pour accélérer la récupération d'informations dans les bases de données ADN sera également proposée.
- Collaborer avec des Institutions pour l'Application Pratique : le PC4 travaillera avec des institutions telles que la Bibliothèque nationale de France (BnF), le Software Heritage, l'Institut National de l'Audiovisuel (INA) et le Parlement Européen pour présenter les applications pratiques du stockage de données ADN. Le projet prévoit de stocker et de récupérer des données emblématiques de chaque institution partenaire, y compris des documents historiquement significatifs, pour démontrer la durabilité et la résilience aux erreurs de l'ADN en tant que support de stockage, même dans des conditions difficiles.
- Sécuriser les bases de données : la sécurisation des bases de données ADN est essentielle car elles deviendront des dépôts pour de vastes quantités de données sensibles, attirant des menaces potentielles de cybersécurité. Il est essentiel d'intégrer une sécurité solide dès la conception, et nos efforts sont dirigés vers la création de protocoles moléculaires et informatiques pour assurer une authentification robuste et l'intégrité des données, établissant une norme pour la sécurité des données ADN.

1.2. Objectifs de l'appel à projets

Cet appel à projets vise à :

- Identifier les forces de recherche susceptibles de se mobiliser sur des questions scientifiques identifiées autour des axes de recherche qui structurent le programme ;
- Soulever de nouvelles questions scientifiques originales et lever les verrous associés pour répondre aux objectifs et aux enjeux de MoleculArXiv ;
- Contribuer à la production de connaissances pour alimenter les objectifs du programme ;
- Faire émerger et créer de nouveaux consortia pour contribuer à lever les verrous, proposer de nouvelles idées pour développer des solutions innovantes pour le stockage moléculaire de données.

1.3. Rôle du directeur du PEPR et des responsables scientifiques de projets ciblés

L'équipe opérationnelle en charge de l'appel à projets est constituée du directeur de programme du PEPR MoleculArXiv, des responsables scientifiques des projets ciblés ainsi que de la cheffe de projet. Les missions de cette équipe sont multiples :

- Rédiger le texte de l'appel à projets, en lien avec l'ANR, en précisant : le périmètre scientifique de recherche du PEPR, les objectifs de l'appel et les besoins complémentaires de recherche dans la thématique du PEPR ;
- Analyser les lettres d'intention déposées lors de la phase 1 afin de vérifier la cohérence des propositions avec les objectifs du PEPR MolecuArXiv et proposer, le cas échéant, des restructurations / regroupements de consortia ou l'ajout de partenaires complémentaires. Lors de cette phase (analyse des lettres d'intention), cette équipe sera complétée au moins par le président du comité d'évaluation de la phase 2, ainsi qu'un membre du conseil scientifique du PEPR ;
- Exposer au comité d'évaluation, mobilisé par l'ANR, les grandes lignes et objectifs de MolecuArXiv, de sorte que les experts aient pleinement conscience des enjeux du PEPR et de cet appel à projets ;
- Proposer au SGPI la liste des projets pour un financement France 2030, en précisant les budgets qui pourraient être alloués, sur la base de l'évaluation du comité d'évaluation ;
- Assurer le suivi des projets lauréats lors de revues annuelles avec les porteurs de projet et en concertation avec l'ANR, revues au cours desquelles pourront être discutées les avancées scientifiques, les interactions potentielles avec les autres projets, les actions de dissémination et également les difficultés rencontrées.

1.4. Contact du directeur du PEPR

Pour toutes questions relatives à cet appel à projets, il est possible de contacter le directeur du programme Marc ANTONINI, par courriel à l'adresse suivante : contact@pepr-molecularxiv.fr.

2. Thématiques de l'appel et projets attendus

2.1. Thématiques / propositions / orientations

Cet appel à projets est ouvert. En effet, les projets qui seront issus de cet appel n'ont pas obligation à rentrer spécifiquement dans les propositions de recherche identifiées dans ce paragraphe. Il est même tout à fait possible de couvrir plusieurs de ces propositions de façon transverse.

Les thématiques ci-dessous sont des orientations sur des sujets qu'il serait intéressant de voir traités dans le domaine du stockage moléculaire de données, en lien avec celles déjà étudiées dans MoleculArXiv. L'idée est que les projets proposés dans le cadre de cet appel viennent compléter les travaux déjà initiés au sein des quatre projets ciblés, décrits aux paragraphes 1.1.1 - 1.1.4, proposent de nouvelles approches ou explorent de nouvelles pistes de recherche en lien avec les enjeux de ce PEPR. Cette liste de propositions non exclusives n'est pas exhaustive.

2.1.1. Thématiques proposées en lien avec les défis de la synthèse ADN de nouvelle génération

✓ Accélération/miniaturisation de l'écriture :

Actuellement la vitesse de synthèse base à base de brins d'ADN, que ce soit par des approches chimiques ou biochimiques (enzymatiques) est largement limitée par les multiples étapes fluidiques nécessaires à chaque cycle, incluant couplage et déprotection. De plus, le nombre de ces étapes dépend du mode de parallélisation envisagé, ainsi que de la taille de l'alphabet. Pour réduire le nombre de ces étapes, il est important d'identifier de nouvelles stratégies de contrôle pour l'encodage enzymatique sur ADN ainsi que des moyens de limiter au maximum les erreurs d'écriture. Ainsi les stratégies permettant de contrôler l'activité enzymatique via des signaux optiques, électriques ou électrochimiques (par exemple), pourront être explorées. Les propositions permettant de réaliser ces opérations à grande vitesse sont particulièrement encouragées.

✓ Intégration :

Le débit d'encodage moléculaire est le produit de la vitesse d'écriture d'un brin unique et de la parallélisation de ces synthèses. Historiquement, la demande en oligonucléotides de séquences définies a motivé le développement des technologies matricielles de synthèse. Plusieurs approches 2D ont été proposées pour synthétiser en parallèle de nombreuses séquences d'ADN. Cependant, la miniaturisation poussée peut entraîner des problèmes au niveau de la qualité des synthèses. Les approches à bas coût, bas impact (e.g. consommation en réactifs) et haute capacité d'intégration dans la chaîne technologique, tout en démontrant une compatibilité avec le stockage massif sont encouragées.

✓ Augmentation des performances, approches alternatives et taux d'erreur :

Au-delà de la synthèse base à base de clusters clonaux, il est possible d'envisager d'autres modes d'écriture de l'information sur le support moléculaire : technique d'édition de base, synthèse par bloc, approches de ligation, d'assemblage, synthèse « on the fly », molécule unique etc. Les propositions explorant ces modes alternatifs, les propositions où le mode de synthèse permet la réduction des erreurs (e.g. déphasage) ou celles permettant l'obtention de brins plus longs sont encouragées. Elles devront toujours démontrer une compatibilité avec l'intégration à haut débit.

✓ Bases modifiées et ADN augmenté :

Les approches publiées de stockage de données sur ADN font généralement appel à de l'ADN canonique, pour lequel existent déjà de nombreux outils, incluant des synthèses optimisées, des méthodes enzymatiques de copie ou de manipulation, ainsi que des machines de séquençage massif. Cependant, certaines variations autour de la structure de l'ADN, telles que des bases modifiées (naturelles ou pas), ou des modifications du squelette, peuvent apporter de nouvelles fonctions tout en restant compatibles avec certains des outils mentionnés. Les propositions pourront concerner la production des synthons associés à ces variants (e.g. synthèse chimique), ou leur intégration dans le polymère (e.g. outils enzymatiques) et devront mettre en avant les bénéfices potentiels du point de vue du stockage de données, avec une stratégie pour démontrer ces bénéfices (durabilité, taux d'erreur en écriture ou séquençage, densité, etc.).

2.1.2. Thématiques proposées en lien avec les défis de la représentation de la donnée numérique sur ADN synthétique

✓ Modélisation du processus d'écriture/lecture biochimique :

Il est important de modéliser les dégradations du signal apportées par les différentes étapes biotechnologiques en considérant le processus de stockage sur ADN comme un canal bruité qui génère des erreurs, fournissant un signal altéré après lecture et décodage. La modélisation précise du type des erreurs produites lors de la synthèse, du conditionnement pour le stockage, de la dégradation à long terme de l'ADN, de la sélection des molécules ou encore du séquençage, permettra de concevoir des solutions de corrections d'erreurs robustes adaptées au stockage sur ADN.

✓ Développement de solutions de compression conjointes source/canal robustes aux différents bruits issus du processus biochimique :

Dans le contexte du stockage de données sur ADN, les processus biotechnologiques peuvent être poussés à leur limite dans le but de réduire les coûts et d'augmenter le rendement. Dans ce cas, le nombre d'erreurs aura tendance à augmenter. Mais tant que des solutions de correction d'erreurs, combinées au traitement des données post-séquençage ainsi qu'aux algorithmes de séquençage, sont capables de corriger le signal, il est possible d'optimiser l'ensemble du processus.

✓ Solutions de structuration de la donnée codée pour un adressage aléatoire des bases de données moléculaires :

La question est de savoir comment retrouver sélectivement un document particulier sans séquencer systématiquement toutes les molécules d'ADN. Il est donc important et nécessaire de proposer des solutions d'adressage d'indexation spécifiques au stockage de données sur ADN synthétique permettant de récupérer efficacement des informations numériques à partir de milliards de molécules d'ADN stockées dans le même espace physique.

✓ Développement de nouvelles approches de séquençage des acides nucléiques adaptées aux usages particuliers du stockage de données :

Les technologies actuelles de séquençage des acides nucléiques permettent la lecture de documents de quelques gigabases. L'enjeu est de mettre en place de nouvelles approches pour dépasser largement cet ordre de grandeur, pour permettre la conservation de corpus significatifs, tout en créant de nouveaux usages des technologies de séquençage en les rendant accessibles à de nouveaux utilisateurs.

2.1.3. Thématiques proposées en lien avec les défis de l'utilisation de polymères numériques synthétiques

✓ Développement de méthodes non-conventionnelles pour le séquençage des polymères synthétiques codés :

A ce jour les polymères numériques non-naturels ne peuvent être séquencés que par deux méthodes principales : la spectrométrie de masse en tandem et l'analyse nanopore. Dans ce cadre, les candidatures pour des projets permettant d'identifier et de développer de nouveaux outils de séquençage, sont les bienvenues. Ces outils peuvent être (mais ne sont pas limités à) : des approches RMN, des analyses de surface, des stratégies contrôlées de dépolymérisation, des procédés de dégradation chimique, des approches capillaires ou des procédés chromatographiques. Ces nouvelles approches de séquençage devront être impérativement appliquées à des polymères non-naturels.

✓ Etude du vieillissement et de la stabilité temporelle des polymères synthétiques numériques :

Les polymères synthétiques sont souvent peu dégradables et peuvent être potentiellement préservés sur de très longues périodes. Dans ce cadre, les candidatures pour des projets permettant d'évaluer la stabilité de polymères synthétiques numériques dans le temps, sont les bienvenues. Les stratégies possibles pourraient être (mais ne sont pas limitées à) : des études expérimentales de dégradation chimique, thermique et d'exposition au rayonnement, des études expérimentales de vieillissement accéléré ou des études de modélisation informatique.

✓ Approches originales de parallélisation de la synthèse et/ou du séquençage des polymères synthétiques numériques :

L'analyse de mégadonnées fait partie des objectifs principaux du PEPR MolecuArXiv. Toutefois, les approches permettant la synthèse et le séquençage en parallèle de polymères synthétiques codés restent très peu nombreuses à ce jour. Dans ce cadre, les candidatures pour des projets permettant de développer des méthodes originales pour préparer ou lire simultanément un grand nombre de polymères synthétiques numériques sont les bienvenues. Les stratégies possibles pourraient être (mais ne sont pas limitées à) : des approches de chimie combinatoire, des analyses de surfaces ou des analyses de mélanges complexes.

2.1.4. Thématiques proposées en lien avec les défis de l'applicabilité du stockage sur ADN

✓ Aspects légaux, sociaux, et éthiques des bases de données ADN :

Les bases de données ADN pourront conserver pendant des siècles des données à haute importance légale telles que des dossiers médicaux, des transactions financières, des actes notariés ou des registres publics comme les cadastres. Le statut légal futur de ces bases n'étant pas défini, il est essentiel d'établir un cadre légal dès maintenant pour que ces données aient la même valeur que les registres papier, actuellement références pour les actes légaux. Les propositions provenant des sciences humaines et sociales, à l'intersection du droit, de l'éthique et de l'informatique visant à établir un statut légal pour les bases de données ADN tout en préservant la confidentialité des informations personnelles pour les siècles à venir, sont encouragées.

✓ Robotisation, téléopération et apprentissage :

Il est essentiel de robotiser la récupération d'informations dans les bases de données ADN, car les utilisateurs finaux ne seront pas nécessairement des spécialistes en biologie moléculaire. Les approches humanoïdes peuvent jouer un rôle majeur car elles sont généralistes, adaptables et capables d'interagir avec des humains dans des environnements complexes comme un centre de données.

Des projets innovants en robotique humanoïde, par exemple basés sur l'apprentissage, où des robots apprennent des protocoles de récupération d'informations dans les bases de données ADN en se calquant sur les mouvements d'un opérateur humain expert, ou la téléopération, qui permettrait à un humain de contrôler à distance les mouvements d'un robot intervenant sur une base de données ADN, sont attendus.

Les approches de robotique anthropomorphe dextre capables de reproduire l'agilité de la main humaine pour exploiter l'éventail d'équipements (e.g. centrifuges, thermocycleurs), d'instruments (e.g. pipettes), de consommables (e.g. pointes, tubes de PCR, ...) et de protocoles (e.g. séparation magnétique) conçus depuis 50 ans pour une manipulation digitale par des humains, sont également encouragées.

✓ [Nouvelles applications du stockage d'informations sur ADN :](#)

L'augmentation des capacités de synthèse et de séquençage de l'ADN, associée aux propriétés uniques de celui-ci (densité, répliquabilité, durabilité, etc.), ouvre la voie à des applications novatrices du stockage d'information sous forme moléculaire. Nous sollicitons des projets exploitant cette nouvelle dimension, par exemple la microscopie à ADN¹ (qui permet d'encoder dans des séquences d'ADN des relations spatiales entre objets), la spectroscopie de force à ADN² (qui permet d'enregistrer dans des séquences d'ADN, l'historique de forces hydrodynamiques) la cryptographie à ADN³ (qui permet de chiffrer des documents grâce à des clés à ADN), ou encore les réseaux de neurones à base d'ADN⁴ (qui traitent directement au niveau moléculaire de l'information encodée dans de l'ADN), qui sont des domaines émergents pouvant étendre l'applicabilité du stockage d'informations sur ADN.

Cet appel est ouvert et ne se limite bien entendu pas à toutes les thématiques proposées. Le consortium devra s'efforcer de rendre ses méthodes disponibles aux autres équipes mobilisées dans le PEPR.

2.2. Principales caractéristiques des projets

Les projets proposés seront collaboratifs et devront s'intégrer dans les objectifs globaux du PEPR MoleculArXiv. Les projets auront une durée comprise entre 3 et 4 ans.

Le montant de l'aide allouée se situera entre 500 k€ et 1 M€ par projet. Le montant maximal qui pourra être consacré à cet appel est de 3,5 M€, pour la totalité des projets retenus en phase 2.

Les projets seront nécessairement collaboratifs, avec un minimum de deux structures de recherche différentes.

2.3. Partenaires

Les projets pourront uniquement être portés par des établissements français d'enseignement supérieur et/ou de recherche.

Seuls les établissements d'enseignement supérieur et/ou de recherche ou des groupements de ces établissements pourront bénéficier d'une aide financière dans le cadre de cet appel à projets.

Les porteurs de projet sont encouragés à mobiliser les acteurs socioéconomiques du domaine du stockage de données numériques. L'intérêt est de renforcer les interactions entre les différents acteurs de ce domaine de sorte que chacun puisse avoir accès aux données et avancées les plus récentes afin de coconstruire sur cette base des solutions qui soient appropriées, viables et durables.

¹ Weinstein, Joshua A., Aviv Regev, and Feng Zhang. "DNA microscopy: optics-free spatio-genetic imaging by a stand-alone chemical reaction." *Cell* 178.1 (2019): 229-241.

² Hariadi, R. F., Winfree, E., & Yurke, B. "Determining hydrodynamic forces in bursting bubbles using DNA nanotube mechanics". *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 112.45 (2015): E6086-E6095.

³ Gehani, Ashish, Thomas LaBean, and John Reif. "DNA-based cryptography." *Aspects of molecular computing: essays dedicated to tom head, on the occasion of his 70th birthday* (2004): 167-188.

⁴ Okumura, Shu, et al. "Nonlinear decision-making with enzymatic neural networks". *Nature*, 610.7932 (2022) : 496-501.

Aussi, 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 être financés après analyse de l'ANR, avis du MESR et validation par le SGPI.

Les établissements étrangers et les entreprises pourront avoir le statut d'Établissement partenaire dans les projets mais ne bénéficieront d'aucun financement au titre de cette participation.

3. Examen des projets proposés

3.1. Phase 1 : examen des lettres d'intention

Les lettres d'intention, rédigées en anglais, décriront :

- Les objectifs scientifiques et principaux axes de recherche ;
- L'adéquation avec le présent appel à projets ;
- La composition du consortium et le choix de l'établissement coordinateur ;
- Le montant de la subvention envisagée, qui devra se situer entre 500 k€ et 1 M€.

3.1.1. Critères de recevabilité des lettres d'intention

- Les lettres d'intention, rédigé en anglais, devront respecter le format fourni sur le site de l'ANR et ne pas dépasser 4 pages (hors en-tête et résumé). Elles devront impérativement être déposées sur le site dédié de l'ANR avant le 11 juin 2024, date de clôture de la phase 1.
- Une même personne ne pourra déposer qu'une seule lettre d'intention en tant que responsable de projet.
- Ne peuvent pas être impliqués en tant que porteur de projet, les responsables des quatre projets ciblés.
- Le montant de la subvention envisagée devra se situer entre 500 k€ et 1 M€.

Tout document non conforme sera considéré comme non recevable.

3.1.2. Critères d'évaluation des lettres d'intention

Lors de la phase 1, les lettres d'intention seront évaluées selon les critères suivants :

- Adéquation et pertinence de la proposition par rapport aux enjeux du PEPR MolecuArXiv ;
- Excellence et ambition scientifique du projet ;
- Qualité et complémentarité du consortium pour répondre aux objectifs ciblés et des moyens mobilisés ;
- Innovation des travaux envisagés par rapport à ceux qui sont déjà entrepris dans les projets ciblés, en termes de méthodes, d'approches et d'objectifs.

Les lettres d'intention seront évaluées par l'équipe opérationnelle de MolecuArXiv, qui présélectionnera des consortia invités à déposer des projets complets lors de la phase 2.

Pour cette première évaluation de la phase 1, l'équipe opérationnelle sera complétée par au moins le président du comité d'évaluation de la phase 2, ainsi qu'un membre du conseil scientifique du PEPR. Les membres de l'équipe opérationnelle, du comité d'évaluation et du comité scientifique du PEPR sollicités s'engagent à respecter les règles de déontologie et d'intégrité scientifique établies par l'ANR. La charte de déontologie de l'ANR est disponible sur son site internet.

L'équipe opérationnelle facilitera, si nécessaire, le regroupement de consortia et formulera, le cas échéant, des recommandations quant au contenu des projets retenus pour la phase 2.

Les propositions qui ne seront pas retenues en phase 1 feront l'objet d'une justification expliquant les raisons de cette décision.

3.2. Phase 2 : projets complets

3.2.1. Critères de recevabilité des projets complets

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 de dépôt doit être déposé complet sur le site de dépôt de l'ANR avant la date et l'heure de clôture de l'appel à projets. De plus, le document administratif et financier signé par chaque établissement partenaire et scanné doit être déposé sur le site de dépôt de l'ANR à la date et l'heure indiquées en page 3 du présent document.
2. Le document scientifique du projet, rédigé en anglais et d'une longueur maximale de 15 pages, doit impérativement suivre le modèle disponible sur le site internet de l'appel à projets et être déposé au format PDF non protégé.
3. Le projet aura une durée comprise entre 3 et 4 ans.
4. Le montant de l'aide demandée devra être d'un montant minimum de 500 k€ et d'un montant maximum de 1 M€.
5. Un responsable de projet ne pourra être porteur que d'un seul projet.
6. Les membres de l'équipe opérationnelle de l'AAP (définie au paragraphe 1.3), ne peuvent pas être responsable de projet.
7. L'établissement coordinateur doit être un établissement français d'enseignement supérieur et de recherche.
8. Le consortium doit être constitué d'au moins deux structures de recherche.
9. Sont exclus également 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.

3.2.2. Critères d'évaluation des projets complets

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 trois 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, expertise et implication du responsable du projet : capacité à coordonner des consortia pluridisciplinaires et ambitieux, parcours académique, 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) par rapport aux objectifs visés ;

- Pertinence du calendrier (notamment dans le cadre de projets longs), gestion des risques scientifiques et solutions alternatives, crédibilité des jalons proposés ;
- Pertinence et efficacité de la gouvernance du projet (pilotage, organisation, animation, mise en place de comités consultatifs, etc.).

3. Impact(s) et retombées du projet :

- Capacité du projet à répondre aux enjeux de recherche en lien avec la thématique globale du PEPR ;
- Impacts économiques et sociétaux, contribution au développement de solutions en réponse aux enjeux des domaines prioritaires du programme ;
- Stratégie de diffusion (*in itinere* et *ex post*) et de valorisation des résultats, adhésion aux principes FAIR, Open Science et promotion de la culture scientifique.

3.2.3. Processus de sélection des projets complets

Les projets recevables (cf. paragraphe 3.2.1) seront évalués par un comité d'évaluation indépendant à dimension internationale, mis en place par l'ANR, selon les critères précisés au paragraphe 3.2.2. Ce comité pourra recourir, le cas échéant, à des expertises externes et procéder à une audition des porteurs des projets dans le cadre du processus d'évaluation.

À l'issue de ses travaux, le comité d'évaluation remettra au directeur scientifique du PEPR MoleculArXiv un rapport comprenant :

- Les notes attribuées aux projets évalués selon les critères indiqués au paragraphe 3.2.2 ;
- La liste des projets que le comité recommande pour financement en raison de leur qualité, évaluée sur la base des critères indiqués au paragraphe 3.2.2 ;
- 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 paragraphe 3.2.2.

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.

Le directeur scientifique du PEPR propose au Secrétariat Général Pour l'Investissement la désignation des projets qui pourraient être financés et le montant qui pourrait leur être définitivement attribué. Le Premier ministre, après avis du SGPI, arrête la décision concernant les bénéficiaires et les montants accordés. Chaque projet fait 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 experts externes sollicités s'engagent à respecter les règles de déontologie et d'intégrité scientifique établies par l'ANR. La charte de déontologie de l'ANR est disponible sur son site internet.

L'ANR s'assure du strict respect des règles de confidentialité, de l'absence de liens d'intérêt entre les membres du comité ou experts externes et les porteurs et partenaires des projets, ainsi que de l'absence de conflits d'intérêts pour les membres du comité et experts externes. En cas de manquement dûment constaté, l'ANR se réserve le droit de prendre toute mesure qu'elle juge nécessaire pour y remédier. 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.

4. Dispositions générales pour le financement

4.1. 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 personnel affecté spécifiquement à ces projets et de fonctionnement associé.

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.

4.2. Accords de consortium

Les consortia sans entreprise ne sont pas soumis à l'obligation de conclure et transmettre à l'ANR un accord de consortium.

Lorsqu'il est exigé, l'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.

4.3. 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 la subvention France 2030 s'engagent à garantir le libre accès immédiat aux publications scientifiques évaluées par les pairs et à adopter, pour les données de recherche, une démarche dite FAIR (Facile à trouver, Accessible, Interopérable, Réutilisable) conforme au principe « aussi ouvert que possible, aussi fermé que nécessaire ». Ainsi, toutes les publications scientifiques issues de projets financés dans le cadre des PEPR, seront rendues disponibles en libre accès sous la licence Creative Commons CC-BY ou équivalente, en utilisant l'une des trois voies suivantes :

- Publication dans une revue nativement en libre accès ;
- Publication dans une revue par abonnement faisant partie d'un accord dit transformant ou journal transformatif⁵ ;
- Publication dans une revue à abonnement. La version éditeur ou le manuscrit accepté pour publication sera déposé dans l'archive ouverte HAL par les auteur.e.s sous une licence CC-BY en mettant en œuvre la Stratégie de non-cession des droits (SNCD), selon les modalités indiquées dans les conditions particulières de la décision ou contrat de financement.

De plus, l'Établissement coordinateur 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 dont elles sont issues.

L'ANR encourage à déposer les pré-prints dans des plateformes ouvertes ou archives ouvertes et à privilégier des identifiants pérennes ou uniques (DOI ou HAL Id, par exemple). Par ailleurs, l'ANR recommande de privilégier la publication dans des revues ou ouvrages nativement en accès ouvert⁶.

Enfin, l'Établissement coordinateur s'engage 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 indiquées dans le contrat attributif d'aide.

4.4. Aide d'État

Les aides versées dans le cadre du présent appel à projets sont soumises à l'encadrement européen, c'est-à-dire à 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. Il s'agit du dispositif d'aide allouée sur la base régime cadre exempté de notification n° SA.58995 d'aides à la recherche, au développement et à l'innovation pris sur la base du règlement général d'exemption par catégorie n° 2014/651 adopté par la Commission européenne le 17 juin 2014 et publié au JOUE le 26 juin 2014, tel que modifié par le Règlement (UE) 2023/1315 du 23 juin 2023 publié au JOUE du 30 juin 2023.

⁵ Définition d'accord dit [transformant](https://www.coalition-s.org/faq-theme/publication-fees-costs-prices-business-models/) ou [journal transformatif](https://www.coalition-s.org/faq-theme/publication-fees-costs-prices-business-models/) : <https://www.coalition-s.org/faq-theme/publication-fees-costs-prices-business-models/>

⁶ Le site DOAJ (<https://doaj.org/>) répertorie les revues scientifiques dont les articles sont évalués par les pairs et en libre accès. Le site DOAB (<https://www.doabooks.org/>) fait de même pour les monographies.

4.5. 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 1.1) et 2) un indicateur commun à tous les projets des PEPR (voir Annexe 1.2). 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 la publication des résultats du projet, avec la mention « Ce projet a été soutenu par le Plan France 2030 », accompagnée des logos du Plan 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.

5. Modalités de dépôt

5.1. Lettre d'intention (phase 1)

Le document de dépôt de la lettre d'intention est téléchargeable sur le site de l'appel à projets. Il devra être déposé sur le site de l'ANR avant la date de clôture de la phase 1, indiquée en page 3 du présent document. Ce document devra être rédigé en anglais.

Afin d'accéder au service de dépôt, 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.

5.2. Dossier complet (phase 2)

Le dossier de dépôt devra comporter l'ensemble des éléments nécessaires à l'évaluation scientifique et technique du projet. Il devra être déposé avant la clôture de la phase 2 de l'appel à projets, dont la date et l'heure sont indiquées page 3, sur le site de dépôt dont l'adresse est également indiquée en page 3.

Important

Aucun élément complémentaire ne pourra être accepté après la clôture de la phase 2 de l'appel à projets dont la date et l'heure sont indiquées page 3.

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

1. Le « document scientifique », d'une longueur maximum de 15 pages, rédigé en anglais, comprenant une description du projet envisagé, selon le format fourni, avec en annexe la liste des publications scientifiques des trois dernières années des chercheurs/équipes proposant le projet ;
2. Le « document administratif et financier », qui comprend la description administrative et budgétaire du projet et les lettres d'engagement signées par les établissements partenaires.

Les éléments du dossier de dépôt (document administratif et financier au format Excel / modèle 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).

5.3. 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 5.4.

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

Seule la version électronique des documents de dépôt 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.

5.4. Conseils pour le dépôt

Il est fortement conseillé :

- D'ouvrir un compte sur le site de dépôt au plus tôt ;
- De ne pas attendre la date limite d'envoi des projets pour la saisie des données en ligne et le téléchargement des fichiers (attention : le respect de l'heure limite de dépôt 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 dépôt 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 3 du présent document.

6. Annexe 1. Indicateurs

Annexe 1.1 - Indicateurs communs des projets France 2030

6.1. Publications

Publications mentionnant le soutien financier du plan France 2030

6.2. Brevets

Demandes de brevets déposées

6.3. Jeux de données

Jeux de données déposés avec API (pour Application Programming Interface)

6.4. Logiciels

Logiciels déposés

6.5. Production technologique

Nom de la technologie clé (à sélectionner dans un menu déroulant)	TRL* de départ	TRL* d'arrivée visé	TRL* atteint l'année de collecte	Définir plus précisément la technologie

* TRL : Technology Readiness Level

6.6. Start-up

Start-up créées

6.7. Financements externes

Etablissement (coordinateur ou partenaire) ayant perçu le financement externe	Type de financeur	Nom du financeur	Type de financement (monétaire ; non monétaire ; en nature)	Montant perçu pendant l'année

6.8. Projets soumis / retenus au Conseil européen de la recherche (European Research Council – ERC)

Liste des projets déposés au Conseil européen de la recherche (ERC)
Liste des projets ERC obtenus

6.9. 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			

6.10. Formation

	Nombre d'inscrits dans l'année universitaire	Dont Femmes	ETPT tous genres confondus
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			
Inscrits en deuxième année pour un Master			

6.11. Doctorats

Nombre de doctorats initiés financés au moins pour moitié sur les fonds du projet

Dont nombre de doctorats CIFRE

6.12. Post-Doctorats

Nombre de post-doctorats initiés financés au moins pour moitié sur les fonds du projet

Annexe 1.2 - Indicateur commun aux PEPR

Nombre de projets transférés vers des programmes de Maturation / Prématuration



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-MoleculArXiv@agencerecherche.fr