

Projet ANR-18-SUSC-0007

ProFaba

Programme **ERA-Net SusCrop 2018**

A	IDENTIFICATION.....	2
B	RESUME CONSOLIDE PUBLIC	3
B.1	Instructions pour les résumés consolidés publics	3
B.2	Résumé consolidé public en français	4
B.3	Résumé consolidé public en anglais.....	5
C	MEMOIRE SCIENTIFIQUE	6
C.1	Résumé du mémoire	6
C.2	Enjeux et problématique, état de l'art	7
C.3	Approche scientifique et technique.....	8
C.4	Résultats obtenus	9
C.5	Exploitation des résultats.....	10
C.6	Discussion	11
C.7	Conclusions.....	11
C.8	Références.....	11
D	LISTE DES LIVRABLES.....	12
E	IMPACT DU PROJET	13
E.1	Indicateurs d'impact	14
E.2	Liste des publications et communications.....	14
E.3	Liste des éléments de valorisation.....	15
E.4	Bilan et suivi des personnels recrutés en CDD (hors stagiaires)	16

Ce document est à remplir par le coordinateur en collaboration avec les partenaires du projet. L'ensemble des partenaires doit avoir une copie de la version transmise à l'ANR.

Ce modèle doit être utilisé uniquement pour le compte-rendu de fin de projet.

A IDENTIFICATION

Acronyme du projet	ProFaba
Titre du projet	Developing improved <i>Vicia faba</i> breeding practices and varieties to drive domestic protein production in the European Union
Coordinateur du projet (société/organisme)	Dr Stig Uggerhøj Andersen (Aarhus University, Dept of Molecular Biology and Genetics)
Période du projet (date de début – date de fin)	42 mois (01.04.2019 - 31.10.2022)
Site web du projet, le cas échéant	https://www.suscrop.eu/projects-first-call/profaba

Rédacteur de ce rapport	
Civilité, prénom, nom	M. Nadim TAYEH
Téléphone	03.80.69.36.54
Adresse électronique	Nadim.tayeh@inrae.fr
Date de rédaction	15/03/2023

Si différent du rédacteur, indiquer un contact pour le projet	
Civilité, prénom, nom	
Téléphone	
Adresse électronique	

Liste des partenaires présents à la fin du projet (société/organisme et responsable scientifique)	<ul style="list-style-type: none"> - Aarhus University, Denmark, Dr Stig Uggerhøj Andersen (AU) - University of Helsinki, Finland, Prof Fred Stoddard (UH) - Georg-August Universität Göttingen, Germany, Prof Wolfgang Link (GOT) - IFAPA Area Genómica y Biotecnología, Dr. Ana M. Torres (IFAPA) - INRA UMR Agroécologie, France, Dr. Nadim Tayeh (INRAE) - University of Reading, United Kingdom, Prof. Donal O'Sullivan (UR) - Teagasc Crops Research, Ireland, Dr. Sheila Alves (Teagasc) - Agrovegetal, Spain, Dr. Ignacio Solis (AGV) - Sejet Plant Breeding, Denmark, Dr Linda K. Nielsen (Sejet) - Norddeutsche Pflanzenzucht Hans-Georg Lembke KG, Germany, Dr. Olaf Sass (NPZ) - GSP (Groupement des Sélectionneurs Des Protéagineux), France, Dr. Françoise Labalette (GSP)
---	---

B RESUME CONSOLIDE PUBLIC

Ce résumé est destiné à être diffusé auprès d'un large public pour promouvoir les résultats du projet, il ne fera donc pas mention de résultats confidentiels et utilisera un vocabulaire adapté mais n'excluant pas les termes techniques. Il en sera fourni une version française et une version en anglais. Il est nécessaire de respecter les instructions ci-dessous.

B.1 INSTRUCTIONS POUR LES RESUMES CONSOLIDES PUBLICS

Les résumés publics en français et en anglais doivent être structurés de la façon suivante.

Titre d'accroche du projet (environ 80 caractères espaces compris)

Titre d'accroche, si possible percutant et concis, qui résume et explicite votre projet selon une logique grand public : il n'est pas nécessaire de présenter exhaustivement le projet mais il faut plutôt s'appuyer sur son aspect le plus marquant.

Les deux premiers paragraphes sont précédés d'un titre spécifique au projet rédigé par vos soins.

Titre 1 : situe l'objectif général du projet et sa problématique (150 caractères max espaces compris)

Paragraphe 1 : (environ 1200 caractères espaces compris)

Le paragraphe 1 précise les enjeux et objectifs du projet : indiquez le contexte, l'objectif général, les problèmes traités, les solutions recherchées, les perspectives et les retombées au niveau technique ou/et sociétal

Titre 2 : précise les méthodes ou technologies utilisées (150 caractères max espaces compris)

Paragraphe 2 : (environ 1200 caractères espaces compris)

Le paragraphe 2 indique comment les résultats attendus sont obtenus grâce à certaines méthodes ou/et technologies. Les technologies utilisées ou/et les méthodes permettant de surmonter les verrous sont explicitées (il faut éviter le jargon scientifique, les acronymes ou les abréviations).

Résultats majeurs du projet (environ 600 caractères espaces compris)

Faits marquants diffusables en direction du grand public, expliciter les applications ou/et les usages rendus possibles, quelles sont les pistes de recherche ou/et de développement originales, éventuellement non prévues au départ.

Préciser aussi toute autre retombée= partenariats internationaux, nouveaux débouchés, nouveaux contrats, start-up, synergies de recherche, pôles de compétitivités, etc.

Production scientifique et brevets depuis le début du projet (environ 500 caractères espaces compris)

Ne pas mettre une simple liste mais faire quelques commentaires. Vous pouvez aussi indiquer les actions de normalisation

Illustration

Une illustration avec un schéma, graphique ou photo et une brève légende. L'illustration doit être clairement lisible à une taille d'environ 6cm de large et 5cm de hauteur. Prévoir une résolution suffisante pour l'impression. Envoyer seulement des illustrations dont vous détenez les droits.

Informations factuelles

Rédiger une phrase précisant le type de projet (recherche industrielle, recherche fondamentale, développement expérimental, exploratoire, innovation, etc.), le coordonnateur, les partenaires, la date de démarrage effectif, la durée du projet, l'aide ANR et le coût global du projet, par exemple « Le projet XXX est un projet de recherche fondamentale coordonné par xxx. Il associe aussi xxx, ainsi que des laboratoires xxx et xxx). Le projet a commencé en juin 2006 et a duré 36 mois. Il a bénéficié d'une aide ANR de xxx € pour un coût global de l'ordre de xxx € »

B.2 RESUME CONSOLIDE PUBLIC EN FRANÇAIS

Suivre impérativement les instructions ci-dessus.

Stimuler la recherche et la pré-sélection de *Vicia faba* pour la production de protéines végétales en Europe

Le projet ProFaba visait à aborder la réponse de la féverole aux principaux facteurs limitants afin d'améliorer les performances des cultures à travers l'Europe

L'un des enjeux sociétaux majeurs du 21^{ème} siècle est d'assurer la sécurité alimentaire et nutritionnelle d'une population croissante dans des conditions de changement climatique et de pression sur les ressources naturelles. Le système agricole européen actuel, dominé par les céréales, est remis en question car il impose d'importations conséquentes de protéines et nécessite de grandes quantités d'engrais minéraux à forte intensité énergétique. L'introduction de cultures de légumineuses telles que la fève crée un système plus équilibré et autosuffisant en protéines. Pour atteindre cet objectif, des pratiques de sélection innovantes et des variétés améliorées de féverole sont nécessaires. Le projet ProFaba visait à résoudre de nombreux problèmes qui limitent actuellement la production de féverole, notamment la résistance aux ravageurs, aux maladies et aux stress abiotiques, les interactions avec les bactéries fixatrices d'azote et la résilience au changement climatique. Le partage de connaissances sur un large nombre de traits a été recherché pour garantir que les sélectionneurs partenaires puissent relever les défis les plus pertinents, soit localement, soit à plus grande échelle.

Des actions complémentaires et collaboratives sur un ensemble commun d'accessions de féverole, ainsi que des méthodes innovantes de phénotypage, ont été utilisées

ProFaba a réuni une solide expertise européenne dans le domaine de la féverole pour établir des stratégies uniques de génotypage et de bioinformatique et des référentiels de données communs. Les partenaires individuels ont également abordé avec succès des problèmes spécifiques importants pour la résilience et la productivité des cultures dans un panel commun de diversité, partageant les résultats avec le consortium au fur et à mesure qu'ils sont générés. De nouvelles méthodes de dépistage de la résistance aux maladies et aux ravageurs ont été développées et un effort majeur a été fait pour identifier les déterminants génétiques clés. Les interactions symbiotiques ont été caractérisées en détail, ainsi que les réponses des plantes au gel et aux sols acides en utilisant le phénotypage dans des conditions contrôlées. De plus, un modèle phénologique adapté aux différentes conditions agro-écologiques en Europe a été développé pour évaluer l'impact du futur changement climatique sur la culture de la féverole.

Un résultat important est le génotypage de 2 678 accessions de féverole, y compris un panel de diversité et des populations reproductrices. Cela représente une caractérisation significative du germoplasme de la féverole. Pour partager des données phénotypiques et génotypiques, FabaBase (<https://faba.au.dk>) a été développée et héberge désormais un vaste ensemble de données. FabaBase facilite grandement l'analyse génétique quantitative et donc les analyses d'association à l'échelle du génome. Un certain nombre d'associations fortes et

stables entre les traits et les marqueurs ont été identifiées. De plus, des accessions très résistantes ont été mises en évidence par phénotypage. Celles-ci incluent une accession avec une tolérance remarquable aux conditions de sol acides et des accessions tolérantes au gel.

En conclusion, ProFaba a apporté des contributions significatives à la sélection de fèves basée sur la génomique et au développement de meilleures pratiques et variétés de féverole en établissant un vaste réseau de collaborations efficace entre sélectionneurs et chercheurs européens de premier plan. Les principales publications comprennent des résultats sur le génotypage et le séquençage du génome de la fève.

Le projet ProFaba est un projet de recherche fondamentale coordonné par Dr. Stig Uggerhøj Andersen basé à l'université d'Aarhus au Danemark. Il associe aussi 10 autres partenaires, dont en France l'UMR Agroécologie et le GSP (Groupement des Sélectionneurs Des Protéagineux). Le projet a commencé en Avril 2019 et a duré 42 mois. Il a bénéficié d'une aide ANR de 160 000 € pour un coût global de l'ordre de 2 351 000 €.

B.3 RESUME CONSOLIDE PUBLIC EN ANGLAIS

Suivre impérativement les instructions ci-dessus.

Boosting research and prebreeding in *Vicia faba* for protein production in Europe

The ProFaba project aimed to address the response of faba bean to key limiting factors to improve crop performance across Europe

One of the major societal challenges of the 21st century is to ensure food and nutritional security for a growing population under conditions of climate change and pressure on natural resources. Europe's current cereal-dominated agricultural system is being challenged because it forces large protein imports and requires large amounts of energy-intensive mineral fertiliser. The introduction of legume crops such as faba bean creates a more balanced and protein self-sufficient system. To achieve this goal, improved faba bean breeding practices and varieties are needed. The ProFaba project aimed to address many of the issues that currently limit faba bean production, including resistance to pests, diseases and abiotic stresses, interactions with nitrogen-fixing rhizobia, and resilience to climate change. Knowledge sharing regarding a large set of traits was sought to ensure that breeder partners could address the most relevant challenges, either locally or on a broader scale.

Complementary and collaborative actions on a common set of faba bean accessions, together with innovative methods of phenotyping, have been used

ProFaba has brought together strong European expertise in faba bean to establish unique genotyping and bioinformatics strategies and common data repositories. Individual partners have also successfully addressed specific issues important for crop resilience and productivity in a common diversity panel, sharing results with the consortium as they are generated. New methods for disease and pest resistance screening have been developed and a major effort has been made to identify key genetic mechanisms. Symbiotic interactions have

been characterised in detail, as well as plant responses to frost and acidic soils using phenotyping under controlled conditions. In addition, a phenological model adapted to the different agro-ecological conditions in Europe has been developed to assess the impact of future climate change on faba bean cultivation.

An important result is the genotyping of 2,678 faba bean accessions, including a diversity panel and breeding populations. This represents a significant characterisation of faba bean germplasm. To share phenotypic and genotypic data, FabaBase (<https://faba.au.dk>) was developed and now hosts extensive datasets. FabaBase greatly facilitates quantitative genetic analysis and hence genome-wide association scans. A number of stable, high-confidence trait-marker associations have been identified. In addition, highly resistant accessions have been highlighted by phenotyping. These include an accession with remarkable tolerance to acid conditions and hardy accessions.

In conclusion, ProFaba has made significant contributions to genomics-based faba bean breeding and the development of improved faba bean breeding practices and varieties by establishing a large and efficient collaborative network of leading European faba bean breeders and researchers. The major publications included results on faba bean genotyping and genome sequencing.

The ProFaba project was an exciting research project coordinated by Dr Stig Uggerhøj Andersen based at Aarhus University in Denmark. It brought together 10 other partners, including in France the UMR Agroécologie and the GSP (Groupement des Sélectionneurs protéin crops). The project started in April 2019 and lasted 42 months. It benefited from an ANR grant of €160,000 for an overall cost of around € 2,351,000.

C MEMOIRE SCIENTIFIQUE

Maximum 5 pages. On donne ci-dessous des indications sur le contenu possible du mémoire. Ce mémoire peut être accompagné de rapports annexes plus détaillés.

Le mémoire scientifique couvre la totalité de la durée du projet. Il doit présenter une synthèse auto-suffisante rappelant les objectifs, le travail réalisé et les résultats obtenus mis en perspective avec les attentes initiales et l'état de l'art. C'est un document d'un format semblable à celui des articles scientifiques ou des monographies. Il doit refléter le caractère collectif de l'effort fait par les partenaires au cours du projet. Le coordinateur prépare ce rapport sur la base des contributions de tous les partenaires. Une version préliminaire en est soumise à l'ANR pour la revue de fin de projet.

Un mémoire scientifique signalé comme confidentiel ne sera pas diffusé. Justifier brièvement la raison de la confidentialité demandée. Les mémoires non confidentiels seront susceptibles d'être diffusés par l'ANR, notamment via les archives ouvertes <http://hal.archives-ouvertes.fr>.

Mémoire scientifique confidentiel : oui

C.1 RESUME DU MEMOIRE

Ce résumé peut être repris du résumé consolidé public.

Dans le but de stimuler la production de protéines dans l'Union européenne, ProFaba a réuni une solide expertise en fèverole pour établir des stratégies

communes de génotypage et de bioinformatique ainsi que des référentiels de données communs.

Un résultat majeur est le génotypage de 2 678 accessions de féverole comprenant des génotypes issus de panels de diversité, de populations biparentales et de lignées sélection développés à travers un certain nombre de projets nationaux et européens avec la participation de partenaires ProFaba. Cela représente la première caractérisation génétique mondiale de ressources assez larges de féverole et constitue une avancée majeure pour la sélection de la féverole basée sur la génomique.

Pour partager les données de phénotypage et de génotypage, FabaBase (<https://faba.au.dk>) a été développée et détient maintenant à la fois des données issues d'essais sur le terrain et des

données génotypiques. FabaBase a été conçue pour accompagner les analyses en génétique quantitative, y compris les analyses d'association à l'échelle du génome, la prédiction génomique et l'analyse des interactions génotype-environnement. À l'aide de ces outils, un certain nombre d'associations de marqueurs de traits stables a d'ores et déjà été identifié.

Les partenaires individuels ont également abordé avec succès des questions spécifiques importantes pour la résilience et la productivité des cultures, partageant les résultats avec le consortium. De nouvelles méthodes ont été développées pour le dépistage de la résistance aux maladies, et un effort majeur pour identifier les génotypes résistants aux insectes et déterminer les mécanismes génétiques a été entrepris. Des interactions symbiotiques ont été caractérisées en profondeur, y compris l'identification d'un grand nombre de souches de rhizobium compétitives et efficaces collectées dans toute l'Europe.

En ce qui concerne les stress abiotiques et biotiques, une accession présentant une tolérance remarquable aux conditions acides a été identifiée ainsi que des accessions résistantes à l'hiver et des accessions résistantes aux bruches très prometteuses pour le développement de variétés améliorées. De plus, un modèle phénologique adapté aux différentes conditions agroécologiques en Europe a été développé pour estimer les effets du réchauffement climatique sur la culture de la féverole.

En conclusion, ProFaba a apporté des contributions significatives au développement de meilleures pratiques et variétés de féverole grâce à la mise en place d'un vaste réseau de collaboration efficace comprenant les principaux sélectionneurs et chercheurs européens de la féverole.

C.2 ENJEUX ET PROBLEMATIQUE, ETAT DE L'ART

Présenter les enjeux initiaux du projet, la problématique formulée par le projet, et l'état de l'art sur lequel il s'appuie.

Présenter leurs éventuelles évolutions pendant la durée du projet (les apports propres au projet sont présentés en C.4).

L'Europe souffre d'un important déficit en protéines, qui se traduit par une importation nette annuelle de 40 millions de tonnes de soja sous forme de graines entières ou de farine (FAOstat). En revanche, la production totale de l'UE de soja, de pois et de féverole est de 8 millions de tonnes (données d'Eurostat pour 2016), à peu près équitablement répartis entre les trois. La féverole est adaptée à une large gamme de climats, a une bonne résistance aux maladies, et la concentration de ses graines en protéines est plus élevée que celle des autres légumineuses féculentes, y compris le pois. Elle constitue donc un candidat intéressant pour

stimuler la production de protéines dans toute l'Europe. Pour réaliser ce potentiel, la féverole doit être une culture économiquement compétitive et attrayante pour les agriculteurs européens. Pour ce faire, le projet ProFaba a

réuni une solide expertise de la féverole de toute l'Europe pour établir des stratégies de génotypage et de bioinformatique ainsi que des référentiels de données communs. Les méthodes et les données ont été traduites pour être utilisées par les partenaires sélectionneurs pour assurer un impact immédiat sur les stratégies de sélection et le développement des variétés. Les partenaires individuels ont abordé des sujets spécifiques importants pour la résilience et la productivité des cultures, partagé les résultats au fur et à mesure qu'ils ont été produits avec le consortium et les ont rendu publics au fur et à mesure.

En réunissant un large groupe de partenaires de toute l'Europe, ProFaba a abordé de nombreux problèmes qui limitent actuellement production de féverole, y compris la résistance aux ravageurs, aux maladies et au stress abiotiques, les interactions avec les rhizobiums fixateurs d'azote et la résilience au changement climatique. Le partage des connaissances des données générées à l'aide d'un ensemble commun de lignées de féverole très diverses fut la garantie que les partenaires sélectionneurs locaux peuvent relever les défis les plus pertinents auxquels sont confrontés les agriculteurs pour accroître la compétitivité de la féverole par rapport à celle des céréales et générer ainsi un système agricole européen plus équilibré et autosuffisant en protéines, qui tire pleinement partie des fixation biologique de l'azote.

C.3 APPROCHE SCIENTIFIQUE ET TECHNIQUE

L'Europe est confrontée à un défi de production de protéines. Elle importe chaque année en moyenne 40 millions de tonnes de soja en grains et de tourteau de soja pour répondre à ses besoins en protéines complémentaires dans l'alimentation, mais elle ne produit que 8 millions de tonnes de graines de légumineuses à graines ; d'où la stratégie sur les protéines végétales (https://ec.europa.eu/info/news/commission-seeks-expert-views-plant-proteins-2018-mar-13_en) élaborée par la Commission élabore Couvrant plusieurs zones climatiques, l'Europe a besoin d'une culture largement adaptée avec un bon profil de résistance aux maladies et une teneur élevée en protéines pour relever ce défi. La féverole est un fort candidat mais a besoin d'un développement ciblé pour devenir financièrement compétitive pour davantage d'agriculteurs, avec des caractéristiques et des adaptations climatiques différentes dans tous les pays et régions. Cela limite la concurrence entre les éleveurs locaux, mais il reste important de développer des ressources et plates-formes bioinformatiques facilitant le partage des connaissances, ce qui peut stimuler l'amélioration de la fève à travers l'Europe.

Un ensemble commun d'accessions diverses a été implanté et caractérisé du Nord au Sud de l'Europe. Ces accessions ont été soigneusement sélectionnées pour capturer la diversité d'intérêt pour tous les traits étudiés tout en maintenant une fréquence d'allèles qui facilitera la cartographie d'association.

Dans un effort concerté, cet ensemble de ressources a été utilisé pour déchiffrer et modéliser les bases génétiques de traits d'intérêt, y compris l'autofertilité, la fixation de l'azote, la qualité des protéines et la tolérance à la sécheresse, au froid, à la chaleur, aux insectes et aux maladies.

La clé fut la création d'un référentiel de données commun et la gestion et la conservation de données de haute qualité du génotype et du phénotype, formant la base de modèles prédictifs pour l'architecture des traits et les allèles et haplotypes associés.

C.4 RESULTATS OBTENUS

Positionner les résultats par rapports aux livrables du projet et aux publications, brevets etc. Revisiter l'état de l'art et les enjeux à la fin du projet.

WP1 Germoplasme

La multiplication des semences pour les accessions du panel de diversité génétique nommé ProFaba200 a été réussie et tous les essais au champ ont été établis comme prévu.

L'analyse de la diversité génétique du panel ProFaba200 a montré des sous-groupes clairs, en accord avec l'origine géographique du matériel.

WP2 Phénotypage Expérimental

2.1 Résistance aux maladies et autofertilité : en 2019/20, des échantillons d'ARN ont été générés à partir des stigmates d'accessions contrastées pour l'autofertilité et ceux-ci ont été séquencés pour comprendre les mécanismes sous-jacents.

2.2 Tolérance aux bruches : un examen détaillé de la collection de ressources génétiques ProFaba200 pour ce caractère a été effectué pour 2020 et 2021. Les graines récoltées sur les différents essais au champ ont été récoltées et des analyses génétiques et phénotypiques détaillées ont été conduites. Une variabilité significative pour la résistance aux bruches a été décelée . Les analyses d'association ont identifié des marqueurs associés à la résistance aux bruches.

2.3 Tolérance à l'aluminium et au sol acide : 189 accessions de féverole ont été testées et une variation de l'indice de tolérance des racines (RTI) a été observée. Un génotype spécifique a montré une tolérance extrême et sera utilisé dans les croisements.

2.4 Tolérance au gel : Un panel de test de 200 féverole d'hiver et un jeu de validation de 60 féverole d'hiver ont été soumis pour un génotypage à haut débit. L'évaluation des accessions de validation (conditions contrôlées, essais sur le terrain) et l'analyse GWAS ont été conduits en dernière année.

2.5 Interactions avec le rhizobium : Le sol de tous les partenaires a été reçu et testé pour la concentration en rhizobium et les propriétés du sol. Un isolement de souches de rhizobium et un barcodage de celles-ci a été conduit. Un grand essai en serre a été réalisé, inoculant la collection ProFaba avec la bibliothèque de souches de rhizobium. L'occupation des nodules a été déterminée et des souches compétitives et efficaces identifiées. Les données recueillies en lien avec les interactions plantes/souches de rhizobium permettront de conclure sur des aspects de compétitivité et d'efficacité des souches.

2.6 Qualité des protéines. Le panel ProFaba a été phénotypé pour la teneur en protéines et les gènes candidats ont été identifiés. En parallèle, trois mutants principaux ont été identifiés parmi 181 lignées mutantes criblées. SDS-PAGE a mis en évidence des bandes aberrantes en ce qui concerne les peptides alpha de légumine ou la convicine. Des rétrocroisements avec Hedin/2 ont été lancés pour créer des lignées quasi-isogéniques et la construction de populations biparentales pour des analyses de cartographie a été lancée.

WP3 Modèles de simulation phénologique

Les actions dans WP3 ont été basées sur les données de floraison recueillies lors des essais aux champs du panel ProFaba200. Des données météorologiques quotidiennes de référence (1980-2010) et futures (2040-2099) avec une résolution spatiale de 25 km ont été utilisées. Cinq modèles ont été inclus (GFDL-CM3, GISS-E2-R, HadGEM2-ES, MIROC5 et MPI-ESMMR) et trois scénarios de forçage (RCP2.6, RCP4.5 et RCP8.5). Les simulations et les expériences ont permis de révéler des scénarios probables en lien avec le réchauffement climatique.

WP4 : Curation et analyse des données

4.1 Génération et conservation des données de géotypage : Tout le matériel ProFaba a été géotypé à l'aide d'une puce SNP Axiom. Les données sur la diversité, le déséquilibre de liaison et la structure de la population du panel ProFaba200 ont été relayées aux partenaires.

4.2 Conservation des données phénotypiques.

Référentiel de données : le site Web du référentiel de données et les bases de données sous-jacentes ont été conçus et une version fonctionnelle est en ligne. Les données des essais sur le terrain sont entièrement organisées et disponibles en ligne.

WP5 Lier géotype au phénotype

Un pipeline de GWAS qui ne nécessite pas d'imputation de marqueurs a été mis en place. Des cartes génétiques ont été construites pour faciliter d'autres GWAS et les analyses de prédiction génomique. Les marqueurs ont maintenant été cartographiés sur le génome de référence de la féverole et nous avons effectué une étude approfondie de la diversité mondiale de la fève (<https://www.biorxiv.org/content/10.1101/2022.07.18.500421v1>).

WP6 Gestion, diffusion & communication

Trois réunions en présentiel se sont tenues sur toute la durée du projet : une réunion de lancement à Dijon avec la participation de tous les partenaires, une réunion à mi-parcours prévue chez NPZ en Allemagne et une réunion finale à Cordoue en Espagne.

Des réunions virtuelles ont été organisées en plus des réunions en présentiel.

Le compte Twitter de ProFaba, @ProFaba_SusCrop, a activement promu le projet, les résultats et les recherches des partenaires (451 tweets, 275 followers). En outre, les résultats de ProFaba ont été activement promus par les partenaires au niveau des parties prenantes à travers de réunions et conférences scientifiques.

C.5 EXPLOITATION DES RESULTATS

Le projet ProFaba a permis d'identifier du matériel génétique de féverole résistant aux ravageurs, aux acides et au gel. Cela contribuera à réduire l'utilisation de pesticides et encouragera la consommation de légumineuses, augmentant ainsi la diversité des cultures et réduisant le besoin d'engrais azotés.

En réalisant des essais coordonnés sur le terrain de la féverole dans les zones climatiques européennes, couplés à des expériences sous différentes conditions de CO₂, le consortium a produit des données qui seront utilisées pour prédire la performance de géotypes spécifiques de féverole dans les conditions actuelles et futures pour permettre aux sélectionneurs d'optimiser les variétés à une vitesse qui correspond au rythme du changement climatique.

Enfin, un ensemble de souches de rhizobium hautement compétitives et efficaces a été révélé. Celles-ci seront utilisées dans les efforts futurs pour fournir des inoculants parfaitement adaptés aux génotypes de plantes et aux types de sols.

C.6 DISCUSSION

Discussion sur le degré de réalisation des objectifs initiaux, les verrous restant à franchir, les ruptures, les élargissements possibles, les perspectives ouvertes par le projet, l'impact scientifique, industriel ou sociétal des résultats.

Heureusement, les essais sur le terrain n'ont pas été affectés par la crise de COVID-19 qui a surgi en plein milieu de la durée du contrat. En revanche, le phénotypage qui dépend des installations des laboratoires a été quant à lui affecté, principalement en raison du manque de personnel et de difficultés de mise en place de services parfois classiques comme l'autoclavage et la préparation de milieux de culture. Dans certains cas, c'est aussi parce que l'accès aux laboratoires a été limité. Le personnel s'est alors concentré sur d'autres tâches du projet qu'il pourrait avancer à la place. En utilisant cette stratégie, le consortium a été en mesure de fournir les résultats escomptés. La prolongation exceptionnelle de six mois de la durée du projet a été très utile à ce niveau.

Les principaux résultats pratiques / solutions innovantes majeures du projet ProFaba sont :

- Incorporation de marqueurs significatifs et de nouveaux géniteurs dans les programmes de sélection (court terme).
- Développement d'une entreprise dérivée pour fournir des inoculants de rhizobium de féverole qui correspondent à la fois au génotype de la plante et au sol (à moyen terme).
- Prédiction génomique des performances des cultures dans des conditions climatiques spécifiques, y compris les environnements futurs (moyen terme).

C.7 CONCLUSIONS

Le projet ProFaba a réussi à rassembler un vaste réseau de chercheurs et de sélectionneurs de féverole de premier plan à travers les pays de l'Europe. La caractérisation de plus de 2 500 accessions de féverole, représentatives de la diversité mondiale, a constitué une avancée majeure pour la communauté des protéagineux.

Les méthodes et les données de génotypage de la féverole, les marqueurs identifiés par les analyses en génétique ainsi que le matériel végétal identifié avec des caractéristiques souhaitables doivent être intégrés dans les schémas de sélection. Une analyse plus approfondie et le développement de méthodes devraient être entrepris dans des projets de suivi afin de maximiser le bénéfice des données recueillies à travers les essais sur le terrain. De même, les projets d'innovation doivent être entrepris pour déterminer le potentiel commercial de la technologie de criblage féverole / rhizobium développée dans ProFaba.

C.8 REFERENCES

D LISTE DES LIVRABLES

Quand le projet en comporte, reproduire ici le tableau des livrables fourni au début du projet. Mentionner l'ensemble des livrables, y compris les éventuels livrables abandonnés, et ceux non prévus dans la liste initiale.

Date de livraison	N°	Titre	Nature (rapport, logiciel, prototype, données, ...)	Partenaires (souligner le responsable)	Commentaires
M1	WP1	Seed for multiplication	Graines	Tous	
M8 & M20	WP1	Semi-pure seed for geno- and phenotyping	Graines	<u>GOT</u> , INRAE, GSP, Sejet, Teagasc, UR	
M20 & M32	WP2 – T2.1	Disease incidences for ProFaba200	Données	<u>IFAPA</u>	
M20	WP2 – T2.2	Data on bruchid damage	Données	<u>INRAE</u>	Retard dû à la COVID-19 et au non accès à la tomographie. Phénotypage manuel des lots de graines
M36	WP2 – T2.2	Seeds from crosses between elite and bruchid-resistant cultivars	Graines	<u>INRAE</u>	Abandonné car retard du livrable associé – remplacé par une approche moléculaire pour recherche de marqueurs et gènes candidats
M30	WP2 – T2.3	Report on acidity- and aluminium-tolerant germplasm	Rapport	<u>UH</u>	
M16	WP2 – T2.4	Genotyping data of 200 winter beans and of validation set of 60 winter beans	Données	<u>GOT</u> , AU, UR	
M20	WP2 – T2.4	Bulks for GBS analysis	Graines	<u>GOT</u>	
M36	WP2 – T2.4	Validation of validation lines under controlled conditions and in field trials	Rapport	<u>GOT</u>	
M10	WP2 – T2.5	Barcoded rhizobium strain collection	Collection de souches	<u>AU</u> , Tous	
M30	WP2 – T2.5	Plant growth phenotype and nodule occupancy data	Données	<u>AU</u>	
M12	WP2 – T2.6	Protein & essential amino acid contents of EMS mutant population	Données	<u>UR</u>	
M30	WP2 – T2.6	Protein & essential amino acid contents of ProFaba200 panel	Données	<u>UR</u> , Tous	
M36	WP3	Report on impacts of climate change on faba bean crops	Rapport	<u>IFAPA</u> , Tous	
M3	WP4 – T4.1	Report on fully genotyped proFaba200	Rapport	<u>UR</u>	Retard de 6 mois dû au temps

Date de livraison	N°	Titre	Nature (rapport, logiciel, prototype, données, ...)	Partenaires (souligner le responsable)	Commentaires
		panel			nécessaire pour générer les tissus végétaux, conduire le génotypage et analyser les données
M8	WP4 – T4.2	Instructions and data sheets for collecting phenotype data	Tableaux	<u>Teagasc, INRAE</u>	Une grande partie du travail a été faite finalement dans WP2 par INRAE
M5	WP4 – T4.3	Plan for website design agreed on by all partners	Prototype	<u>AU</u>	
M18	WP5 – T5.1	Unified method for GWAS and genomic prediction of faba bean traits	Méthodes	<u>AU, INRAE, UR</u>	
M1, M18, M36	WP6 – T6.1	Three partner meetings	Réunions	<u>AU</u>	
M1, M6, M12, M18, M24, M30, M36	WP6 – T6.2	Six newsletters	Communication	<u>AU</u>	Abandonné – newsletters remplacées par la mise en place d'un compte Twitter pour le projet, géré par INRAE

E IMPACT DU PROJET

Ce rapport rassemble des éléments nécessaires au bilan du projet et plus globalement permettant d'apprécier l'impact du programme à différents niveaux.

Le projet a permis de développer des outils pour la sélection rapide de féverole, y compris de nouveaux génotypes qui serviront de base à de nouvelles variétés, et des outils génomiques qui permettront d'adopter des méthodes de sélection accélérées, répondant ainsi au premier objectif de l'appel. Grâce au développement des semis des variétés d'automne, la modélisation phénologique et climatique et le contrôle génétique de la tolérance au gel, ProFaba développe de nouvelles cultures intégrées et des ravageurs méthodes et pratiques de gestion, répondant au deuxième objectif de l'appel. En augmentant le potentiel de fixation de l'azote, ProFaba améliore l'efficacité d'utilisation des ressources (URE) de la culture de la féverole elle-même et, avec les résidus de culture, l'URE de l'ensemble du système de culture, ainsi répondre au troisième objectif de l'appel. De même, l'étude détaillée de faba faba et de son interaction avec les rhizobiums symbiotiques aborde le quatrième objet de l'appel en recherchant les interactions des plantes avec d'autres organismes dans un contexte écosystémique de souches de rhizobium concurrentes.

E.1 INDICATEURS D'IMPACT

Nombre de publications et de communications (à détailler en E.2)

Comptabiliser séparément les actions monopartenaies, impliquant un seul partenaire, et les actions multipartenaires résultant d'un travail en commun.

Attention : éviter une inflation artificielle des publications, mentionner uniquement celles qui résultent directement du projet (postérieures à son démarrage, et qui citent le soutien de l'ANR et la référence du projet).

		Publications multipartenaires	Publications monopartenaies
International	Revue à comité de lecture		
	Ouvrages ou chapitres d'ouvrage		
	Communications (conférence)		
France	Revue à comité de lecture		
	Ouvrages ou chapitres d'ouvrage		
	Communications (conférence)		
Actions de diffusion	Articles vulgarisation		
	Conférences vulgarisation		
	Autres		

Autres valorisations scientifiques (à détailler en E.3)

Ce tableau dénombre et liste les brevets nationaux et internationaux, licences, et autres éléments de propriété intellectuelle consécutifs au projet, du savoir faire, des retombées diverses en précisant les partenariats éventuels. Voir en particulier celles annoncées dans l'annexe technique).

	Nombre, années et commentaires (valorisations avérées ou probables)
Brevets internationaux obtenus	
Brevet internationaux en cours d'obtention	
Brevets nationaux obtenus	
Brevet nationaux en cours d'obtention	
Licences d'exploitation (obtention / cession)	
Créations d'entreprises ou essaimage	
Nouveaux projets collaboratifs	
Colloques scientifiques	
Autres (préciser)	

E.2 LISTE DES PUBLICATIONS ET COMMUNICATIONS

Répertorier les publications résultant des travaux effectués dans le cadre du projet. On suivra les catégories du premier tableau de la section **Erreur ! Source du renvoi introuvable.** en suivant les normes éditoriales habituelles. En ce qui concerne les conférences, on spécifiera les conférences invitées.

- Skovbjerg CK et al. 2022. Genetic analysis of global faba bean germplasm maps agronomic traits and identifies strong selection signatures for geographical origin. bioRxiv 2022.07.18.500421; <https://doi.org/10.1101/2022.07.18.500421>
- Jayakodi M et al. 2023. The giant diploid faba genome unlocks variation in a global protein crop. Nature; <https://doi.org/10.1038/s41586-023-05791-5>
- Dell’Aglio DD, Tayeh N. 2023. Responsiveness of the broad bean weevil, *Bruchus rufimanus*, to *Vicia faba* genotypes. *Entomologia Experimentalis et Applicata* 171: 312– 322 ; <https://doi.org/10.1111/eea.13277>

E.3 LISTE DES ELEMENTS DE VALORISATION

*La liste des éléments de valorisation inventorie les retombées (autres que les publications) décomptées dans le deuxième tableau de la section **Erreur ! Source du renvoi introuvable.** On détaillera notamment :*

- *brevets nationaux et internationaux, licences, et autres éléments de propriété intellectuelle consécutifs au projet.*
- *logiciels et tout autre prototype*
- *actions de normalisation*
- *lancement de produit ou service, nouveau projet, contrat,...*
- *le développement d’un nouveau partenariat,*
- *la création d’une plate-forme à la disposition d’une communauté*
- *création d’entreprise, essaimage, levées de fonds*
- *autres (ouverture internationale,..)*

Elle en précise les partenariats éventuels. Dans le cas où des livrables ont été spécifiés dans l’annexe technique, on présentera ici un bilan de leur fourniture.

E.4 BILAN ET SUIVI DES PERSONNELS RECRUTES EN CDD (HORS STAGIAIRES)

Ce tableau dresse le bilan du projet en termes de recrutement de personnels non permanents sur CDD ou assimilé. Renseigner une ligne par personne embauchée sur le projet quand l'embauche a été financée partiellement ou en totalité par l'aide de l'ANR et quand la contribution au projet a été d'une durée au moins égale à 3 mois, tous contrats confondus, l'aide de l'ANR pouvant ne représenter qu'une partie de la rémunération de la personne sur la durée de sa participation au projet.

Les stagiaires bénéficiant d'une convention de stage avec un établissement d'enseignement ne doivent pas être mentionnés.

Les données recueillies pourront faire l'objet d'une demande de mise à jour par l'ANR jusqu'à 5 ans après la fin du projet.

Identification				Avant le recrutement sur le projet			Recrutement sur le projet				Après le projet				
Nom et prénom	Sexe H/F	Adresse email (1)	Date des dernières nouvelles	Dernier diplôme obtenu au moment du recrutement	Lieu d'études (France, UE, hors UE)	Expérience prof. Antérieure, y compris post-docs (ans)	Partenaire ayant embauché la personne	Poste dans le projet (2)	Durée missions (mois) (3)	Date de fin de mission sur le projet	Devenir professionnel (4)	Type d'employeur (5)	Type d'emploi (6)	Lien au projet ANR (7)	Valorisation expérience (8)
Dalbosco Dell'Aglio Denise	F	denise.ddd3@gmail.com	01.02.2023	Ph.D.	Hors UE	4	INRAE, UMR Agroécologie	Post-doctorante en charge des analyses dans WP2, tâche 2.2	16	31.05.2022	post-doc étranger	enseignement et recherche publique	chercheur	Non	Non, pas complètement

Aide pour le remplissage

- (1) **Adresse email** : indiquer une adresse email la plus pérenne possible
- (2) **Poste dans le projet** : post-doc, doctorant, ingénieur ou niveau ingénieur, technicien, vacataire, autre (préciser)
- (3) **Durée missions** : indiquer en mois la durée totale des missions (y compris celles non financées par l'ANR) effectuées sur le projet
- (4) **Devenir professionnel** : CDI, CDD, chef d'entreprise, encore sur le projet, post-doc France, post-doc étranger, étudiant, recherche d'emploi, sans nouvelles
- (5) **Type d'employeur** : enseignement et recherche publique, EPIC de recherche, grande entreprise, PME/TPE, création d'entreprise, autre public, autre privé, libéral, autre (préciser)
- (6) **Type d'emploi** : ingénieur, chercheur, enseignant-chercheur, cadre, technicien, autre (préciser)
- (7) **Lien au projet ANR** : préciser si l'employeur est ou non un partenaire du projet
- (8) **Valorisation expérience** : préciser si le poste occupé valorise l'expérience acquise pendant le projet.

Les informations personnelles recueillies feront l'objet d'un traitement de données informatisées pour les seuls besoins de l'étude anonymisée sur le devenir professionnel des personnes recrutées sur les projets ANR. Elles ne feront l'objet d'aucune cession et seront conservées par l'ANR pendant une durée maximale de 5 ans après la fin du projet concerné. Conformément à la loi n° 78-17 du 6 janvier 1978 modifiée, relative à l'Informatique, aux Fichiers et aux Libertés, les personnes concernées disposent d'un droit d'accès, de rectification et de suppression des données personnelles les concernant. Les personnes concernées seront informées directement de ce droit lorsque leurs coordonnées sont renseignées. Elles peuvent exercer ce droit en s'adressant l'ANR (<http://www.agence-nationale-recherche.fr/Contact>).