



**Lauréats des appels
à projets 2023-2025
et Chaires junior**

**PROGRAMME
ET ÉQUIPEMENTS
PRIORITAIRES
DE RECHERCHE
MALADIES
INFECTIEUSES
ÉMERGENTES**

FINANCER
LA RECHERCHE,
SE PRÉPARER
AUX CRISES

Éditos	4
Contexte	6
Chiffres clés	8
Portrait des lauréats	10
VOLET 1	10
Acquérir des connaissances fondamentales sur les maladies infectieuses émergentes	
VOLET 2	29
Promouvoir l'innovation en matière de diagnostics, de vaccins et de traitements	
VOLET 3	37
Permettre aux politiques publiques et à la société de faire face aux crises épidémiques	
CHAIRES JUNIOR	42
À propos	48
Contacts	50



Anne Jouvenceau-Bester

Coordnatrice nationale
de la stratégie d'accélération MIE MN



UN PILIER DE NOTRE SOUVERAINETÉ SANITAIRE

Le programme de recherche sur les maladies infectieuses émergentes financé par France 2030 et piloté par l'ANRS MIE est un pilier de notre souveraineté sanitaire.

En structurant une recherche d'excellence, interdisciplinaire et tournée vers la production de savoirs indispensables à l'élaboration de solutions (médicales comme les vaccins, technologiques comme les outils de détection précoce), il renforce durablement notre capacité collective à anticiper, comprendre et lutter face à l'émergence de maladies infectieuses, au bénéfice de la santé publique.



Yazdan Yazdanpanah

Directeur de l'ANRS MIE
et responsable du PEPR MIE



Hervé Raoul

Directeur adjoint de l'ANRS MIE
et coordinateur scientifique du PEPR MIE

“ LE PEPR MIE RÉPOND À UN IMPÉRATIF DE SANTÉ PUBLIQUE

L'humanité est confrontée à une succession galopante de crises liées à des maladies infectieuses émergentes (MIE) : chikungunya, Ebola, influenza aviaire, Covid-19, etc.

Et ce phénomène ne peut qu'augmenter à mesure que le réchauffement climatique s'accroît et favorise notamment la dissémination d'animaux vecteurs des pathogènes concernés.

Le constat dressé en particulier par la pandémie de Covid-19 fut sans appel : nous ne devons pas cesser de poursuivre et de renforcer nos efforts de préparation pour faire face à ces maladies infectieuses émergentes ou ré-émergentes, toujours au prisme d'une approche « *One Health* » (ou « Une seule santé »). Cette épidémie a montré que pour mieux lutter face à l'apparition de nouvelles maladies, il faut investir dans la recherche pour mieux connaître leur transmission, les traitements potentiels, les vaccins et pouvoir ainsi répondre plus rapidement.

Socle du volet recherche de la stratégie nationale d'accélération « Maladies infectieuses émergentes & Menaces nucléaires, radiologiques, biologiques et chimiques » du plan France 2030, le Programme et équipements prioritaires de recherche (PEPR) sur les MIE entend bien répondre à cet impératif de santé publique.

Le but de ce dispositif, dont l'ANRS Maladies infectieuses émergentes (ANRS MIE / Inserm) assure entièrement le pilotage, est justement de soutenir des projets de recherche et d'innovation, interdisciplinaires et multipartenaires, à même d'améliorer nos connaissances fondamentales sur les maladies infectieuses émergentes, de développer de nouveaux traitements et vaccins mais également de nous éclairer sur l'acceptabilité humaine et sociale des décisions publiques en la matière. Dans un monde où la science est de plus en plus contestée, l'ANRS MIE assume résolument cette responsabilité.

Et nous nous réjouissons que trente-quatre belles initiatives en bénéficient déjà !

PEPR MIE : un accélérateur de préparation aux pandémies



Déployée dans le cadre du plan France 2030, la stratégie d'accélération MIE MN comprend plusieurs actions, dont le PEPR MIE.

Doté d'une enveloppe de 70 M€, ce dernier est un dispositif indispensable de financement de la recherche et de l'innovation pour lutter contre l'émergence de maladies infectieuses.

La pandémie de Covid-19 a rappelé une nécessité majeure de santé publique : comprendre, prévenir et contrôler les phénomènes d'émergence des maladies infectieuses. Une priorité pour laquelle il est indispensable de mettre en place des projets de recherche ambitieux. En mars 2022, le Gouvernement en prend acte en présentant sa stratégie d'accélération « Maladies infectieuses émergentes & Menaces nucléaires, radiologiques, biologiques et chimiques » (SA MIE MN), inscrite dans le plan Innovation Santé 2030 lancé en juin 2021.

Le socle scientifique de cette stratégie donne naissance à deux Programmes et équipements prioritaires de recherche (PEPR). Le premier, intitulé « PREZODE », est opéré par l'Agence nationale de recherche (ANR) et piloté par le Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement (Cirad), l'Institut de recherche pour le développement (IRD) et l'Institut national de recherche pour l'agriculture, l'alimentation et l'environnement (INRAE). Il se concentre sur la prévention de l'émergence des zoonoses (virus, bactéries ou parasites transmis aux humains par des animaux ou des insectes). Le second, piloté et opéré par l'ANRS MIE (agence autonome de l'Inserm), porte plus largement sur la compréhension des mécanismes d'infection, les dynamiques épidémiques et le développement de contre-mesures et aides à la décision en période de crise liée à une maladie infectieuse émergente ou ré-émergente.

Soutenir la recherche dans toutes ses dimensions

Le PEPR MIE doit contribuer tant à une meilleure préparation au risque de pandémie, qu'à développer une capacité de réponse plus rapide et plus efficace fondée sur une prévention renforcée, une détection précoce et des options thérapeutiques adaptées. Il vise également à améliorer la cohésion et la réactivité de la communauté scientifique française afin de faire

face aux futurs risques épidémiques, en facilitant notamment le transfert de connaissances, la génération de données utiles à la décision et la mise à l'échelle industrielle des innovations issues de ces recherches. Pour cela, le PEPR MIE soutient une recherche multidisciplinaire à travers différents dispositifs financés par le plan France 2030. Il se décline chaque année en appel à projets autour de trois piliers visant l'acquisition de connaissances fondamentales (volet 1) ; l'innovation en matière de diagnostics, traitements et vaccins (volet 2) ; et l'amélioration des politiques de santé publique (volet 3).

Les projets financés par le PEPR MIE ciblent en particulier trois familles de pathologies présentant un risque élevé de crise sanitaire en France : les arboviroses, les fièvres hémorragiques virales et les viroses respiratoires. Des agents bactériens présentant un risque élevé de bioterrorisme ont également été rendus éligibles lors du premier appel à projets lancé en 2023.

Déjà 34 projets soutenus

Onze projets ont été sélectionnés en 2023. Ils s'appuient désormais sur un soutien cumulé de 21,6 millions d'euros. Neuf projets supplémentaires ont bénéficié, l'année suivante, d'aides s'élevant à 16 millions d'euros. Et en 2025, neuf nouveaux projets de recherche se sont partagés un financement total d'environ 15 millions d'euros. Projets auxquels se sont ajoutés, pour la première fois, cinq « chaires junior », soutenues à hauteur de 4,6 millions d'euros, sur la base de propositions novatrices formulées par de jeunes scientifiques positionnés sur les MIE. Enfin, en 2024, les PEPR MIE et PREZODE ont conjointement financé le projet « ZOOFLU » portant sur l'étude des mécanismes d'émergence de la grippe aviaire. Soutenu à hauteur de 500 000 euros, il témoigne du lien étroit entre les deux dispositifs. Au total, 70 millions d'euros ont ainsi été fléchés depuis le budget du plan France 2030 pour le PEPR MIE.

Le PEPR MIE en chiffres

MONTANT TOTAL ALLOUÉ AUX PROJETS LAURÉATS
AU 1^{ER} JANVIER 2026

59 526 323 €

NOMBRE TOTAL D'INSTITUTIONS IMPLIQUÉES



+ 70

POURCENTAGE FEMMES/HOMMES
(TOTAL DES ÉQUIPES COORDINATRICES)



41,2 %



58,8 %

RÉPARTITION GÉOGRAPHIQUE (ÉCHELLE RÉGIONALE) DE L'ÉQUIPE COORDINATRICE (PAR PROJET)



● Appels à projets 2023

● Appels à projets 2024

● Appels à projets 2025

● Chaires junior

Portraits des lauréats

VOLET 1

Acquérir des connaissances fondamentales sur les maladies infectieuses émergentes

Les recherches financées dans le volet 1 du PEPR MIE visent à mieux caractériser les mécanismes moléculaires et cellulaires de l'infection et de la réponse de l'hôte (pathogenèse, immunité), ainsi que les dynamiques d'émergence et de transmission.

Elles mobilisent des approches complémentaires – de la biologie expérimentale à la modélisation, en passant par les analyses génomiques

et la biologie computationnelle – et s'intéressent aussi aux interfaces humain-animal-environnement qui conditionnent l'apparition et la diffusion des agents pathogènes.

En renforçant ce socle de connaissances, ce premier volet prépare le terrain pour concevoir plus rapidement des contre-mesures (prévention, diagnostics, traitements) et améliorer la capacité de réponse collective lorsque survient une crise.

PROMOTION	NOMBRE DE LAURÉATS	MONTANT TOTAL DES AIDES
2023	7	14,534 M€
2024	5	9,098 M€
2025	6	10,588 M€
Total	18	34,221 M€



1,476 M€



48 mois

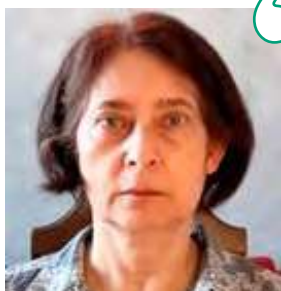


6 partenaires

Viroses
respiratoires

3D-LUNGO

Déchiffrer la susceptibilité aux virus respiratoires dans des tissus reconstruits en 3D



Le projet 3D-LUNGO a pour objectif de fournir des modèles tissulaires en 3D des muqueuses nasales, bronchiques et pulmonaires, afin d'étudier rapidement les lésions que peuvent induire les virus respiratoires nouvellement apparus.

Lisa Chakrabarti

Directrice de recherche (Institut Pasteur)

LE PROJET

Le projet 3D-LUNGO se concentrera sur l'étude des infections par le virus de la grippe A (IAV), le virus respiratoire syncytial (VRS) et le SARS-CoV-2. L'objectif ultime du projet 3D-LUNGO sera de reconstruire en 3D les différents niveaux de l'arbre respiratoire, y compris la muqueuse nasale, les bronches, les bronchioles et les alvéoles pulmonaires, et de relier les différents modèles via la microfluidique afin d'étudier la propagation virale d'un niveau à l'autre et d'obtenir une vue d'ensemble de la sensibilité des tissus humains aux virus respiratoires.

L'ENJEU

Il existe un besoin critique de modélisations pertinentes pour comprendre comment les virus se propagent dans les voies respiratoires humaines. Six équipes composées de cliniciens, de virologues et d'experts en microfluidique uniront leurs forces pour développer des modèles tissulaires humains en 3D qui imitent la muqueuse tapissant les voies respiratoires et les alvéoles pulmonaires. Ces modèles permettront d'identifier les déterminants de la susceptibilité aux principaux virus respiratoires d'une manière physiologiquement pertinente, et ainsi de mieux prédire le potentiel de propagation virale dans les voies respiratoires humaines.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- CNRS
- ENS
- Univ. Lyon 1
- CEA
- CHU Montpellier

Publications

Gibeaud A, Pizzorno A, Terrier O. In vitro modeling of influenza infection in the respiratory epithelium: advanced cellular models to better understand complex host-virus interactions. *Curr Opin Virol.* 2025;70: 101452. doi:10.1016/j.coviro.2025.101452. Fonseca BF, Robinot R, Michel V, Mendez A, Lebourgeois S, Chivé C, et al. Stealth replication of SARS-CoV-2 Omicron in the nasal epithelium at physiological temperature. *Journal of Virology.* 2025 [cited 8 Jan 2026]. doi:10.1128/jvi.02008-25. Fonseca BF, Wong-Ng J, Connor M, Mary H, Kim MH, Yim R, et al. Modeling viral and bacterial infections in human lung organotypic systems reveals strain specific host responses. *bioRxiv.* 2025; 2025.03.31.644992. doi:10.1101/2025.03.31.644992.



3,250 M€



48 mois



7 partenaires



Arboviroses

CAZIKANO

Prévention et contrôle du risque infectieux des souches africaines contemporaines du virus Zika



Avec CAZIKANO, nous visons à anticiper le risque d'émergence des souches africaines du virus Zika en combinant recherche fondamentale, approches intégrées et innovation antivirale au service de la santé publique.

Chaker El Kalamouni

Maître de conférences (Inserm)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- Univ. La Réunion
- Institut Pasteur
- CNRS
- Univ. Queensland (Australie)

LE PROJET

Le virus Zika est un arbovirus transmis par les moustiques *Aedes*, responsable d'épidémies majeures depuis 2013 et associé au syndrome congénital Zika et à la transmission sexuelle. Les souches africaines récentes présentent un fort potentiel tératogène et une transmission accrue. Le projet CAZIKANO évalue le risque d'émergence de ces souches via l'étude intégrée de leur transmission, de leur persistance chez l'hôte humain et de leur sensibilité à des antiviraux d'origine naturelle.

L'ENJEU

CAZIKANO répond aux enjeux de préparation aux crises sanitaires liées aux arbovirus émergents.

Il renforce l'anticipation des risques d'introduction et de diffusion du Zika en France hexagonale et ultramarine, développe des outils de surveillance et d'évaluation du risque, et favorise l'innovation par l'identification de stratégies antivirales, en cohérence avec les objectifs de France 2030.

Publications

Torii, S.; Lord, J. S.; Lavina, M.; Prot, M.; Lecuyer, A.; Diagne, C. T.; Faye, O.; Faye, O.; Sall, A. A.; Bonsall, M. B.; Simon-Lorière, E.; Montagutelli, X.; Lambrechts, L., Polygenic viral factors enable efficient mosquito-borne transmission of African Zika virus. *Nat Commun* 2025, 16, (1), 9594. Jézéquel, G.; Fargier, J.; Bigay, J.; Polidori, J.; Geslin, J.; Hue, N.; El Kalamouni, C.; Desrat, S.; Roussi, F., Analogues of Natural Macarantin B Display Potent Antiviral Activity and Better Metabolic Stability. *ChemMedChem* 2025, 20, (9), e202400978. Grimanelli, Z.; Mesmin, B.; Gautier, R., Docking and molecular dynamics simulations of ORPphilins targeting OSBP. In *Methods in Enzymology*, Academic Press: 2025. Bancelhon, M. D.; Mesmin, B., Reciprocal control of viral infection and phosphoinositide dynamics. *FEBS Lett* 2025.



1,737 M€



42 mois



5 partenaires

Fièvres
hémorragiques
virales

COPAFLICT

Comprendre la pathogenèse de la fièvre de Lassa pour identifier des cibles thérapeutiques innovantes



COPAFLICT va permettre de mieux comprendre les interactions entre le virus Lassa et son hôte afin de caractériser les mécanismes immunitaires impliqués dans l'infection fatale ou, au contraire, la guérison.

Sylvain Baize

Directeur de recherche (Institut Pasteur)

LE PROJET

Ce projet vise à caractériser la pathogenèse de la fièvre de Lassa (FL) et à décrire des mécanismes conduisant à une issue fatale et des réponses immunitaires impliquées dans la survie. Il permettra d'identifier des cibles thérapeutiques innovantes, et des biomarqueurs permettant un diagnostic précoce et un pronostic de sévérité de la maladie. Cela repose sur les compétences des partenaires en immunologie, physiopathologie, transcriptomique, protéomique, et recherche clinique.

L'ENJEU

COPAFLICT cherche à comprendre des mécanismes de pathogénicité de la FL, et à une échelle plus large, des fièvres hémorragiques virales (FHV). Les biomarqueurs ouvriront de nouvelles voies de management des FHV. Cette étude sera suivie d'une mise en place d'une thérapie innovante pour les FHV combinant antiviraux et modulateurs de la réponse de l'hôte. Globalement, ce projet contribue à la lutte contre les maladies hautement pathogènes listées comme prioritaires par l'ANRS MIE et l'OMS.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- CEA
- Univ. Lyon 1

Publications

Expansion of myeloid suppressor cells and suppression of Lassa virus-specific T cells during fatal Lassa fever. Lafoux B, Fourcaud G, Hortion J, Soyer L, Journeaux A, et al. (2025) Expansion of myeloid suppressor cells and suppression of Lassa virus-specific T cells during fatal Lassa fever. PLOS Pathogens 21(4): e1013111. <https://doi.org/10.1371/journal.ppat.1013111>.



2,737 M€



48 mois



20 partenaires



Agents bactériens

DEBS-Plague

Décryptage des facteurs environnementaux, biologiques et sociétaux régissant le risque de réémergence de la peste sur le territoire français

LE PROJET

La peste est une zoonose bactérienne transmise par les puces de rongeurs, aujourd'hui absente d'Europe mais toujours présente dans plusieurs foyers endémiques. Le projet analyse les facteurs écologiques, évolutifs et moléculaires associés au risque de réémergence de *Yersinia pestis* sur le territoire français. Il repose sur un consortium interdisciplinaire associant histoire, archéologie, écologie, génomique, biologie expérimentale, modélisation et ingénierie.

L'ENJEU

Dans un contexte de maladies infectieuses émergentes, de changement climatique et de risques biologiques, la réémergence de la peste constitue un enjeu sanitaire, écologique et socio-économique majeur. Ce projet s'inscrit dans les objectifs de France 2030 en renforçant la préparation aux crises sanitaires, la caractérisation du risque peste en France et la structuration durable d'une recherche interdisciplinaire innovante développant des outils de surveillance, de modélisation et de contrôle transférables à d'autres zoonoses émergentes, dont la maladie X.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur (France et Madagascar)
- Nottingham University (Royaume-Uni)
- Univ. La Réunion
- VetAgro Sup Lyon
- IRD- INRAE
- Univ. Avignon
- Stirling University (Royaume-Uni)
- Univ. Bordeaux
- Univ. Lille
- Universität Tübingen (Allemagne)
- University of Oslo (Norvège)
- Univ. Lyon 2
- Univ. Grenoble



Ce projet vise à anticiper le risque de réémergence de la peste en France par une approche interdisciplinaire. Il s'inscrit dans une démarche de préparation aux crises et de structuration durable de la recherche sur les zoonoses émergentes.

Florent Sebbane

Directeur de recherche (Inserm)

Publications

Emergence, global dispersal, and local adaptations of *Yersinia pestis*, the agent of plague. Carcauzon V, Laudisoit A, Slavin P, Goodman S, Sebbane F, Tortosa P. Appl Environ Microbiol. 2025, Sous press La peste à l'ère moderne, comprendre la transmission de la bactérie *Yersinia pestis* par les puces. Med Sci (Paris). 2025, 41:578-584. Sebbane F, Dewitte A, Baillez A. Malagasy flea microbiota results from a combination of vertically transmitted and environmentally acquired microbes. Carcauzon V, Cordonin C, Sebbane F, Soarimalala V, Goodman SM, Tortosa P. Sci Rep. 2025, 15(1):8461.



1,080 M€



42 mois



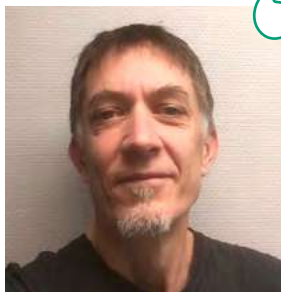
4 partenaires



Agents bactériens

Ft6SS-Méca

Mécanistique du système de sécrétion de type 6 de *Francisella tularensis*



Ce projet est clef sur le plan fondamental pour la compréhension du facteur de virulence majeur de *Francisella tularensis*. À terme, ce projet pourrait permettre de développer des approches thérapeutiques ciblées.

Thomas Henry

Directeur de recherche (Inserm)

LE PROJET

Francisella tularensis est une bactérie hautement virulente et hautement infectieuse. Sa multiplication est sous le contrôle du système de sécrétion de type VI (T6SS), une nanoarbalète qui tire des nanoflèches dotées de poisons moléculaires (appelées effecteurs) dans la cellule humaine. Malgré son rôle central dans la virulence, le T6SS de *Francisella* reste très mal connu. Le projet Ft6SS-Méca rassemble un consortium multidisciplinaire alliant cryo-microscopistes, cristallographes, biologistes cellulaires et des microbiologistes cliniques du Centre National de Référence de la Tularémie. Les objectifs du projet sont de résoudre la structure du T6SS de *Francisella*, les mécanismes de sécrétion et la fonction moléculaire des effecteurs de *Francisella*.

L'ENJEU

Francisella tularensis est une bactérie hautement virulente qui est un agent potentiel de bioterrorisme. Il est donc clef de mieux comprendre les mécanismes par lesquels cette bactérie peut tuer un être humain. La virulence de *Francisella* est liée à sa capacité à se multiplier très rapidement au sein des cellules humaines. Le projet vise à en résoudre les mécanismes moléculaires de cette nanoarbalète et des poisons qui sont au cœur de la virulence de *Francisella tularensis*. À terme, cette connaissance devrait favoriser le développement de médicaments ciblant spécifiquement cette nanoarbalète ou les poisons moléculaires injectées par la bactérie dans la cellule humaine.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- CNRS
- Univ. Bordeaux
- CHU Grenoble Alpes



2,082 M€



36 mois



13 partenaires



Arboviroses

LSDengue

Déterminants de la dengue grave dans les territoires français ultramarins

LE PROJET

Le projet LSDengue étudie les déterminants de la dengue grave dans les territoires français ultramarins à partir de cohortes prospectives (CARBO) et rétrospectives (R-CARBO). Le consortium standardise, collecte et modélise des données cliniques, virologiques, immunologiques et génétiques afin de caractériser la physiopathologie, les interactions hôte-virus et d'identifier des biomarqueurs pronostiques de gravité de la dengue.

L'ENJEU

Face à l'extension de la dengue, LSDengue développe des outils transférables à d'autres arbovirus : modèles de prédiction précoce du risque de forme grave ; recommandations pour optimiser l'orientation et le prise en soin des patients ; circuits pérennes de collecte/partage des données hôte-virus et d'analyse d'échantillons (collection, sérotypage, séquençage) entre Outre-mer et Hexagone ; réseau de surveillance renforcée (cas, décès, études de cohortes via un entrepôt de données de santé dédié).

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CHU Martinique
- Centre hospitalier de Cayenne
- Faculté de médecine de Marseille
- Institut Pasteur
- IRD
- Univ. La Réunion
- CHU La Réunion
- CHU Guadeloupe
- Inserm
- CHT Nouméa



Comprendre pourquoi certains patients évoluent vers une dengue grave nous permettra d'anticiper et d'adapter la prise en charge, tout en structurant un réseau interterritorial de données et d'échantillons utile pour les futures émergences.

André Cabié

Professeur (CHU Martinique)



2,170 M€



36 mois



13 partenaires

Viroses
respiratoires

SISP&EAU

Surveillance intégrative en soins primaires & des eaux usées



SISP&EAU, c'est suivre tous les variants du SARS-CoV-2 dans les eaux usées ; produire des indicateurs épidémiologiques par âge, virus et département ; utiliser les mouchoirs pour la virologie et s'intéresser aux motivations des acteurs de la surveillance.

Pierre-Yves Boëlle
Professeur (Inserm)

LE PROJET

Dans le contexte post-pandémique, une meilleure utilisation des sources de données pour la surveillance épidémique est nécessaire. SISP&EAU s'appuie sur les avancées technologiques pour le typage des pathogènes respiratoires (tests rapides, tests génomiques), sur l'extraction automatisée d'information dans les dossiers médicaux électroniques, les systèmes participatifs de surveillance épidémiologique, les données macro-épidémiologiques issues des eaux usées afin de fournir une quantification de la circulation virale à des niveaux spatio-temporels fins. Le but est de proposer des indicateurs de surveillance intégrés plus sensibles et bien calibrés utilisables en routine, acceptables par la population et utiles aux autorités.

L'ENJEU

À la suite de la pandémie de COVID-19, il faut pérenniser une surveillance épidémiologique des maladies transmissibles efficace, que ce soit pour anticiper l'émergence comme pour fournir un outil de monitoring au cours d'une épidémie. La surveillance des eaux usées a été une innovation majeure dans la période pandémique, pour suivre les variants viraux et la possibilité d'analyser des sources hétérogènes (humaines et animales). En médecine générale, l'enjeu est de fédérer les informations issues de plusieurs sources, en adoptant des méthodes simplifiées et moins invasives.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Sorbonne Univ.
- Univ. Côte d'Azur
- APHP
- CNRS
- INRAE
- CEA
- Univ. Lorraine
- Univ. Strasbourg
- Hospices Civils de Lyon
- Institut Pasteur



2,138 M€



36 mois



3 partenaires



Arboviroses

ArboRetro

Rendre les moustiques intolérants aux infections
par les arbovirus en manipulant les rétrotransposons



Avec ArboRetro, nous voulons comprendre et perturber les mécanismes qui permettent aux moustiques de tolérer les virus. En les rendant intolérants, nous visons à réduire durablement l'impact des maladies virales émergentes sur la santé mondiale.

Maria-Carla Saleh

Professeure (Institut Pasteur)

INSTITUTION DU CONSORTIUM

• Institut Pasteur

LE PROJET

Les arbovirus transmis par les moustiques *Aedes* tels que la dengue et le chikungunya posent un problème croissant de santé publique à travers le monde. Le projet ArboRetro vise à réduire la tolérance virale des moustiques, qui leur permet de transmettre les arbovirus sans en être affectés. En inactivant les rétrotransposons qui sont responsables de la tolérance virale des moustiques par des techniques avancées d'édition génétique, le projet vise à bloquer la transmission des arbovirus.

L'ENJEU

Le projet ArboRetro s'inscrit pleinement dans les priorités de France 2030, en contribuant à la préparation face aux crises sanitaires émergentes. En explorant de nouveaux mécanismes biologiques pour bloquer la transmission virale par les moustiques, il ouvre la voie à des stratégies de lutte innovantes, durables et respectueuses de l'environnement. Il renforce la capacité d'innovation et la structuration de la recherche française dans le domaine des maladies infectieuses.



2,242 M€



36 mois



9 partenaires

Viroses
respiratoires

SURVI3

Infections respiratoires virales sévères en réanimation : approche intégrative et translationnelle pour la préparation des futures ré-émergences et émergences

LE PROJET

Le projet SURVI3 a pour objectif de caractériser les déterminants de différentes formes d'infections virales respiratoires sévères, en identifiant des sous-groupes de patients de soins critiques à partir de variables cliniques et de biomarqueurs biologiques. Son ambition est de caractériser les mécanismes sous-jacents aux sous-classes d'infections respiratoires sévères en utilisant des approches intégratives et translationnelles. La méthodologie utilisée permettra d'identifier des endotypes et/ou des phénotypes cliniques.

L'ENJEU

Grâce à un consortium de haute qualité et un fort partenariat interdisciplinaire, la constitution d'une large cohorte prospective multicentrique associée à une méthodologie intégrative d'analyses multi-omiques permettront d'identifier des endotypes et/ou des phénotypes dérivés de biomarqueurs clinico-biologiques. L'objectif ultime est de dessiner des stratégies de médecine personnalisée dans le champ des maladies infectieuses émergentes et la préparation pandémique.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- AP-HP
- Inserm
- Institut Necker
- Institut Pasteur
- Univ. Tours
- Institut Imagine



L'insuffisance respiratoire aiguë hypoxémique est la cause principale d'admission en réanimation dans le monde. L'un des enjeux majeurs de SURVI3 est de définir des stratégies de traitement personnalisées dépendant de paramètres cliniques, immuno-inflammatoires, virologiques

Nicolas De Prost
Professeur (AP-HP)

Publications

Clinical Phenotypes of Critically Ill Patients with COVID-19 Infected with Omicron: A Nationwide Prospective Cohort Study. Audureau E, ... Fourati S, de Prost N; SEVARVIR investigators. Infect Dis Ther. 2026 Jan 6. Impaired serum neutralization and death in Omicron-infected critically ill patients: insights from the French SEVARVIR prospective, multicenter cohort study. Bruel T, ... Fourati S, de Prost N. Intensive Care Med Exp. 2025 Nov 26;13(1):121. Severe parvovirus B19 infection in patients with sickle cell disease hospitalized in intensive care units. Gendreau S, ... Fourati S, de Prost N. Blood Adv. 2025 Nov 25;9(22):5695-5707. How to manage antivirals in critically ill patients with influenza? Bay P, Martin-Loeches I, Haudebourg AF, Lê MP, Peytavin G, Rameix-Welti MA, Fourati S, de Prost N. Clin Microbiol Infect. 2025 Jul;31(7):1157-1165.



1,783 M€



36 mois



8 partenaires

Viroses
respiratoires

UNFIRE

Accélérer notre capacité à comprendre et combattre l'immunopathologie causée par les infections respiratoires dues à des virus émergents



Le projet développera une stratégie thérapeutique d'inhibition spécifique des effets inflammatoires délétères des interférons sans compromettre leurs activités antivirales bénéfiques, en fédérant des équipes complémentaires pour accélérer l'application à la santé humaine des recherches fondamentales effectuées chez l'animal.

Marc Dalod

Directeur de recherche (CNRS)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- CNRS
- Univ. Aix Marseille
- Univ. Paris Sud
- Hospices Civils de Lyon

LE PROJET

L'objectif est de mieux comprendre comment des infections virales respiratoires sévères endommagent les poumons chez des individus autrement en bonne santé, sans histoire ou prédisposition connue de susceptibilité aux infections virales, comme pour de nombreux cas de COVID sévère ou grippe émergente. Nous voulons spécifiquement déterminer si, ou comment certaines réponses immunitaires sont délétères, en particulier les interférons de type I produits par les cellules dendritiques plasmacytoïdes.

L'ENJEU

L'administration de glucocorticoïdes est utilisée pour traiter les infections respiratoires sévères et d'autres maladies infectieuses émergentes où l'inflammation détruit des organes vitaux. Cela induit une forte immunosuppression exposant les patients à une multiplication accrue de l'agent pathogène ou à des surinfections. Il faut donc développer des traitements plus sûrs, en contrôlant finement l'activité de molécules pro-inflammatoires spécifiques, via l'identification et la manipulation pharmacologique de leurs sources cellulaires ou fonctions délétères.

Publications

Plasmacytoid dendritic cells are dispensable or detrimental in murine systemic or respiratory viral infections. Nat Immunol. 2025. doi: 10.1038/s41590-025-02288-3. PMID: 41023479. Ngo C, Pierini-Malosse C, Rahmani K, Valente M, Collinet N, Bessou G, Guerry C, Fabregue M, Mathieu S, Sharkaoui S, Mazzoli S, Sansoni A, Fiore F, Laprie C, Alexopoulou L, Gaya M, Gregoire C, Broggi A, Wurbel S, Rua R, Haidar N, Milpied P, Escalière B, Vu Manh TP, Fallet M, Chasson L, Tran H, Baranek T, Le Bert M, Malissen B, Zarubica A, Dalod M, Tomasello E.



1,105 M€



36 mois



5 partenaires



Arboviroses

VERTICAL

Caractérisation mécanistique de nouveaux facteurs de l'hôte et viraux pour des interventions thérapeutiques ciblant la transmission transplacentaire des *Flavivirus*

LE PROJET

VERTICAL étudie la transmission verticale des *Orthoflavivirus* afin d'anticiper le risque d'infections congénitales lors de futures épidémies. Le projet analyse le rôle du placenta et des vésicules extracellulaires, en particulier des micro-ARN du cluster C19MC et de l'ARN subgénomique viral, dans la transmission transplacentaire. Grâce à un consortium multidisciplinaire, VERTICAL vise à identifier de nouveaux mécanismes et à développer des stratégies thérapeutiques ciblant la transmission verticale.

L'ENJEU

Le projet VERTICAL s'inscrit pleinement dans le contexte des maladies infectieuses émergentes. En décryptant les mécanismes de transmission verticale des *Flavivirus*, il contribue à la préparation aux crises sanitaires, à l'anticipation des futures épidémies et à la protection des populations vulnérables. Son approche intégrée, associant recherche fondamentale, innovation technologique et partenariat industriel, renforce durablement la capacité nationale d'innovation et la structuration de la recherche en santé.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- IRD
- CNRS
- Univ. Toulouse
- Univ. Montpellier
- NéoVirTech

66



Avec VERTICAL, nous explorons comment les Flavivirus se transmettent de la mère au fœtus afin de développer des stratégies innovantes pour limiter les infections congénitales et renforcer la préparation aux futures épidémies

Cécile Malnou

Professeure (Inserm Toulouse)

Publications

Ex vivo Culture of Human Placental Explants for the Study of Viral Transmission Across the Maternal-Fetal Interface H. Martin, C. Martin, L. Guimbaud, D. Duchanois, P. Guerby, C.E. Malnou JoVE ; December 2025 ; 226e69525.



1,828 M€



36 mois



6 partenaires



Transversal

ViroBrain

Impact des infections virales émergentes sur les fonctions cérébrales



Identifier les mécanismes moléculaires qui expliquent comment les infections virales perturbent les fonctions cérébrales est un enjeu majeur du projet ViroBrain.

Raphaël Gaudin

Directeur de recherche (CNRS)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Inserm
- Univ. Toulouse
- Institut Imagine
- Univ. Strasbourg
- AP-HP
- Institut Pasteur

LE PROJET

Les infections virales du cerveau représentent une menace pour la santé publique, mais les mécanismes sous-jacents restent mal compris. Notre projet ViroBrain projette d'évaluer l'impact des infections virales sur les fonctions cérébrales, en mettant l'accent sur les virus respiratoires et les arbovirus. Notre consortium est composé de six équipes aux expertises complémentaires en virologie, neurobiologie, protéomique et électrophysiologie clinique.

L'ENJEU

Notre projet permettra d'accélérer l'acquisition de connaissances sur plusieurs des pathogènes prioritaires tels que définis par l'ANRS MIE, mais également d'accroître notre préparation face aux futures menaces épidémiques d'origine virale. Ainsi, nous serons à même d'orienter les autorités de santé publique en définissant très rapidement le potentiel d'un nouveau virus à provoquer des troubles neurologiques afin de définir les contre-mesures à mettre en place lorsque cela est nécessaire.



2,001 M€



36 mois



6 partenaires

Fièvres
hémorragiques
virales

CCHFabric

Décryptage des facteurs hôtes et viraux qui régissent le mécanisme d'assemblage du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHFV) et des *Orthonairovirus*

LE PROJET

Les maladies infectieuses transmises par les tiques, dont le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHFV), sont en augmentation dans le monde entier en raison de l'expansion géographique des tiques.

Il est essentiel de comprendre comment les particules s'assemblent dans les cellules infectées afin de trouver des traitements et d'anticiper l'émergence d'une épidémie. Dans ce contexte, le projet CCHFabric vise à caractériser le rôle de deux protéines virales non structurales, GP38 et NSm, dans l'assemblage et la sécrétion des particules virales, ainsi qu'à identifier et caractériser le rôle des facteurs cellulaires impliqués dans cette étape du cycle viral. CCHFabric combinera des approches multidisciplinaires issues de la biologie structurale, de la biologie computationnelle et de la virologie cellulaire et moléculaire.

CCHFabric permettra de mieux comprendre les mécanismes de production des particules virales, avec des découvertes brevetables concernant les molécules antivirales et de nouvelles cibles thérapeutiques pour le CCHFV et les *Orthonairovirus* apparentés.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- CNRS
- Institut Pasteur
- Sorbonne Université



En disséquant ses structures atomiques et sa machinerie de propagation, CCHFabric révélera l'intimité du virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo et inventera des stratégies antivirales.

François-Louis Cosset

Directeur de recherche (Inserm Lyon)



2,016 M€



36 mois



5 partenaires



Arboviroses

CHICAGO

Déterminants de la réplication et pathogénèse du virus chikungunya chez l'hôte mammifère et le vecteur insecte



Le but de CHICAGO est de décrypter les déterminants moléculaires qui contrôlent la réplication et la pathogénèse du virus chikungunya chez l'hôte mammifère et le vecteur insecte pour révéler les mécanismes fondamentaux de sa transmission et de sa virulence.

Ali Amara

Directeur de recherche (Inserm)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Inserm
- Institut Pasteur
- Univ. Strasbourg
- Univ. Aix Marseille

LE PROJET

Le virus du chikungunya (CHIKV) est un arbovirus qui pose un problème majeur de santé publique. À ce jour, aucun vaccin efficace ni traitement antiviral spécifique n'est disponible. Cette situation reflète des lacunes majeures dans notre compréhension des mécanismes de réplication et de pathogénèse du CHIKV. Le projet CHICAGO vise à décrypter les mécanismes moléculaires et cellulaires de la réplication et de la pathogénèse du CHIKV, en se concentrant sur la protéine multifonctionnelle nsP3. S'appuyant sur des découvertes majeures du consortium, il repose sur la conviction que des avancées fondamentales sont essentielles pour développer de nouvelles stratégies antivirales et vaccinales.

CHICAGO apportera des connaissances majeures sur la biologie du CHIKV, en établissant les bases structurales et fonctionnelles de son complexe de réplication (CR) et en explorant le rôle central de nsP3. Le projet posera ainsi les fondations conceptuelles et moléculaires pour des thérapies antivirales nouvelles et des interventions ciblées sur les vecteurs. En cohérence avec la feuille de route scientifique de l'ANRS MIE, CHICAGO réunit un consortium d'excellence à l'expertise complémentaire et au solide historique collaboratif.



1,541 M€



36 mois



3 partenaires

Viroses
respiratoires

Disorder-to-Adapt

Thérapeutique ciblant le désordre intrinsèque
des protéines à l'interface grippe-hôte



Nous savons que des protéines désordonnées sont essentielles pour la réplication de la grippe, nous allons essayer d'exploiter cette information pour développer de nouveaux inhibiteurs.

Martin Blackledge

Directeur de recherche (CEA)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CEA
- Institut Pasteur
- Inserm

LE PROJET

Le projet Disorder-to-Adapt vise à la caractérisation du rôle des protéines désordonnées dans l'adaptation de la grippe aviaire aux humains, et l'exploitation de ces connaissances pour explorer de nouvelles approches au développement des inhibiteurs viraux.

Le désordre intrinsèque des protéines joue une fonction essentielle dans les mécanismes de réplication virale. Or, il peut s'avérer difficile, voire impossible, de caractériser cette fonction à l'aide des méthodes classiques de la biologie structurale, et ce malgré les progrès récents de la microscopie électronique (ME), car les domaines intrinsèques désordonnés (IDR) sont trop dynamiques pour être visualisés.

Les méthodes d'étude des protéines en solution, notamment la spectroscopie à résonance magnétique nucléaire (RMN), en combinaison avec la ME et des approches cellulaires, seront utilisées pour fournir une description approfondie du rôle du désordre des protéines virales et cellulaires dans le cycle de transcription-réplication de l'ARN des virus influenza A (IAV), avec un accent particulier sur le rôle des IDR de la famille des protéines ANP32 d'origine humaine et animale détournées par le virus.



1,623 M€



36 mois



3 partenaires

Viroses
respiratoires

Flu-PREDICT

Approche hybride, expérimentale et d'apprentissage automatique, pour prédire le réassortiment entre virus grippaux aviaires et humains ou porcins



Flu-PREDICT allie expérimentation et IA pour décrypter le réassortiment des virus influenza A et mieux prédire le risque pandémique.

Nadia Naffakh

Directrice de recherche (Institut Pasteur)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- PSL
- CNRS

LE PROJET

Le projet Flu-PREDICT souhaite identifier les déterminants de la compatibilité entre segments d'ARN viraux du virus influenza A (IAV), dont le brassage génétique peut entraîner de nouveaux génotypes pandémiques, à partir de données expérimentales à haut-débit couplées à des approches de machine learning (ML). Le projet mise sur l'innovation par l'usage combiné de modèles statistico-physiques et de stratégies d'apprentissage actif pour prédire les séquences impliquées dans l'incorporation spécifique du génome et l'effet de mutations sur ce processus. Flu-PREDICT entend faire progresser la compréhension des règles qui gouvernent l'incorporation et le réassortiment du génome des IAVs, notamment entre virus aviaires et mammifères.

Il vise à prédire les compatibilités entre ARN viraux (ARNv) et les probabilités de réassortiment, y compris pour de nouvelles souches virales, renforçant ainsi les outils d'évaluation du risque pandémique de l'OMS et du CDC. Les technologies développées permettront également d'envisager une surveillance exhaustive des IAVs, sans connaissance préalable des séquences recherchées. L'ambition du projet Flu-PREDICT est ainsi d'améliorer la compréhension des règles qui gouvernent l'incorporation et le réassortiment du génome des IAVs, et d'ajouter un nouveau paramètre prédictif aux outils d'évaluation du risque pandémique de l'OMS et du CDC.



1,410 M€



36 mois



4 partenaires

Viroses
respiratoires

MuST-RSV

Régulation multi-échelle de la transcription et de la traduction au cours de l'infection par le VRS

LE PROJET

Les avancées récentes contre les infections par le virus respiratoire syncytial (VRS), liées au développement de vaccins pour les personnes âgées et les femmes enceintes et de deux anticorps monoclonaux pour les nouveau-nés, ont permis de limiter l'impact de ces infections. Toutefois, ces traitements n'induisent qu'une protection de court terme, et aucun traitement alternatif n'est actuellement disponible. En outre, la potentielle émergence de mutations d'échappement souligne la nécessité d'identifier de nouvelles cibles thérapeutiques.

Dans ce contexte, le projet MuST-RSV propose d'aborder la multiplication du VRS sous un angle innovant, en se concentrant sur l'étude des ARNm viraux et des mécanismes impliqués dans leur régulation, de la transcription à la traduction. Les mécanismes régissant la transcription, le trafic, les modifications et la traduction des ARNm viraux restent encore mal caractérisés.

Ce projet vise à : (i) caractériser les ARNm viraux produits et effectivement traduits au cours du cycle viral ; (ii) identifier les partenaires cellulaires interagissant avec la protéine M2-1 et impliqués dans la régulation du devenir des ARNm viraux ; (iii) suivre par des approches de microscopie la dynamique spatio-temporellement du trafic des ARNm et des protéines virales au cours de l'infection ; et (iv) obtenir des données structurales sur l'organisation des usines virales, leurs sous-compartmentes et leur environnement cytoplasmique.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- INRAE
- CNRS
- Institut Pasteur



Le projet MuST-RSV vise à explorer la régulation spatio-temporelle des ARNm viraux du VRS afin de repenser les mécanismes fondamentaux de la multiplication virale.

Marie Galloux

Directrice de recherche (INRAE)



1,994 M€



36 mois



7 partenaires

Viroses
respiratoires

PARAMYXOM6A

Étude et ciblage des méthylations m6A des ARN des *Paramyxovirus* pour le développement d'antiviraux innovants contre les virus émergents de cette famille immunitaire innée de l'hôte



Face à la menace de virus affichant jusqu'à 100 % de létalité, notre ambition est de décoder le camouflage chimique qui permet à leur génome d'être invisible pour notre système immunitaire, dans le but, à moyen terme, de concevoir une nouvelle génération de traitements antiviraux, capables de neutraliser les futures pandémies.

Bruno Sargueil

Directeur de recherche (CNRS)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Univ. Paris Cité
- Inserm
- INRAE

LE PROJET

Nous ne disposons aujourd'hui d'aucun vaccin ni traitement contre les *Paramyxovirus*, comme les virus Nipah ou Hendra. Le projet pluridisciplinaire PARAMYXOM6A vise à mieux comprendre comment ces virus parviennent à échapper aux défenses immunitaires de l'hôte. Il s'intéressera en particulier à une modification chimique présente sur leur ARN génomique, une méthylation des adénosines appelée m6A. Cette modification pourrait jouer un rôle essentiel dans la capacité de ces virus à se multiplier sans être détectés par le système immunitaire inné. L'objectif de ce projet est d'identifier précisément ces modifications, de comprendre leur rôle dans le cycle viral, puis de développer de nouveaux médicaments capables de les neutraliser. Pour cela, nous étudierons à la fois des virus humains comme Nipah ou celui de la rougeole qui servira de modèle expérimental, mais aussi un virus du saumon.

Ce projet repose sur une approche « *One Health* », qui considère les liens étroits entre l'homme et son environnement, entre la santé humaine et celle des autres animaux. En révélant des mécanismes encore inconnus d'échappement immunitaire, cette recherche pourrait ouvrir la voie à une nouvelle génération de traitements antiviraux, commun à une ou plusieurs familles de virus et permettant de réagir rapidement à une épidémie.

VOLET 2

Promouvoir l’innovation
en matière de diagnostics,
de vaccins et de traitements

Le volet 2 du PEPR MIE finance des projets visant à développer, à moyen et long terme, un portefeuille de solutions prêtes à être lancées dès les premiers signaux d’alerte. Il met l’accent sur l’innovation afin de réduire le délai entre l’idée, la preuve, et le déploiement face à un événement émergent.

Ce volet soutient ainsi le développement de nouveaux traitements, vaccins, et des nouveaux outils de diagnostic et de dépistage des maladies infectieuses. En préparant dès aujourd’hui les contre-mesures de demain, ce deuxième volet renforce concrètement notre capacité collective à prévenir, détecter et protéger – avant, pendant et après l’émergence.

PROMOTION	NOMBRE DE LAURÉATS	MONTANT TOTAL DES AIDES
2023	2	3,999 M€
2024	3	5,373 M€
2025	2	3,054 M€
Total	7	12,427 M€



1,580 M€



48 mois



9 partenaires

Viroses
respiratoires

NIPAH-LISA

Interférer avec les usines virales comme approche thérapeutique contre le virus Nipah et les *Paramyxovirinae*



Avec NIPAH-LISA, notre ambition est de développer une nouvelle génération d'antiviraux pour répondre à des menaces majeures comme le virus Nipah, en combinant des approches innovantes ciblant le virus et l'hôte grâce à des expertises complémentaires.

Sonia Longhi

Directrice de recherche (Aix-Marseille Université)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Univ. Aix Marseille
- Univ. Tours
- Inserm
- ENS
- Univ. Lyon 1
- Univ. Paris Saclay
- Sciences Po

LE PROJET

NIPAH-LISA est un projet multidisciplinaire visant à développer une approche antivirale contre les virus Nipah, parainfluenza de type 3 et de la rougeole. Il vise à développer des antiviraux ciblant les usines virales, à les combiner avec des composés dirigés contre l'hôte, à optimiser leur administration pulmonaire par inhalation et à identifier des stratégies favorisant l'acceptabilité de ces traitements par la population, dans un contexte de préparation sanitaire.

L'ENJEU

Ce projet vise à identifier des candidats antiviraux et des stratégies favorisant leur administration et leur acceptation sociétale contre le virus Nipah, pathogène de classe 4 à fort potentiel pandémique, ainsi que contre d'autres *Paramyxovirus* à fort impact sanitaire. Il s'appuie sur des approches innovantes et des méthodes de rupture ciblant de nouvelles cibles thérapeutiques, et s'inscrit dans une stratégie globale visant à renforcer la préparation et la réponse aux crises sanitaires émergentes.

Publications

Canus L, Jacquemin C, Orch WE, Ogire E, Ferren M, Moissonnier E, Lalande A, Bourgeois A, Ducret G, Bouget J, Haftek Z, Jacolin F, Aublin-Gex A, Décimo D, Moroso M, Mely S, Rozières A, Faure M, Diaz O, Gerlier D, Si-Tahar M, Lotteau V, Perrin-Cocon L, Mathieu C, Vidalain PO. In Vitro and Ex Vivo evidence that pharmacological induction of the hypoxia response pathway efficiently restricts measles and Nipah virus infections. *Emerg Microbes Infect.* 2025, 14(1):2563067. doi: 10.1080/22221751.2025.2563067. PMID: 40958637.



2,418 M€



48 mois



9 partenaires

Viroses
respiratoires

VORTEX

Analyse des composés organiques volatils dans l'air expiré pour le diagnostic rapide d'infections respiratoires émergentes

LE PROJET

Le projet VORTEX vise à développer un outil de diagnostic rapide et non invasif des infections respiratoires par l'analyse des composés organiques volatils (COV) de l'air expiré. En combinant études cliniques, modèles cellulaires, technologies analytiques de pointe et analyses multi-omiques, le projet identifiera des signatures spécifiques du volatilome capables de distinguer infections virales, bactériennes et pathogènes émergents.

L'ENJEU

VORTEX répond au besoin de tests rapides et extensibles en cas de pandémie. En validant une méthode de prélèvement non invasive, ce projet améliorera la chaîne de diagnostic, facilitant l'isolement précoce et limitant la propagation d'un pathogène respiratoire. De plus, le projet mise sur une approche transdisciplinaire, partant de l'analyse in-vitro jusqu'à l'étude clinique tout en analysant l'acceptabilité sociétale pour garantir le déploiement réel d'une technologie innovante.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Hospices Civils de Lyon
- Univ. Lyon 1
- Univ. Poitiers
- ENS
- Sciences Po
- CNRS
- CRNH

66



VORTEX ambitionne de transformer la détection des infections respiratoires en exploitant le potentiel du volatilome. En combinant clinique, modèle in-vitro et intelligence artificielle, ce projet ouvre la voie à un diagnostic mieux adapté aux crises sanitaires futures.

Alexandre Gaymard

Maître de conférences (CNR / CIRI)



1,837 M€



36 mois



7 partenaires

Viroses
respiratoires

ANTIVIRESPIR

Criblage, identification et caractérisation d'antiviraux dirigés contre les virus respiratoires

LE PROJET

Ce projet ANTIVIRESPIR vise à cribler des banques de molécules nouvelles synthétisées par les chimistes du projet et données de ChemBioFrance sur cellules infectées par les virus respiratoires, comme la grippe, les coronavirus, le virus respiratoire syncytial (VSR) et les pneumovirus. De plus, les méthodes traditionnelles de détection manquant parfois de sensibilité ou étant difficiles à mettre en œuvre en laboratoire de bio-sécurité de niveau 3 (BSL3), de nouveaux outils basés sur des systèmes rapporteurs fluorescents, des réplicons ou des pseudo-particules virales seront développés pour permettre des criblages à haut débit plus sensibles tout en limitant la manipulation des virus.

L'ENJEU

Même lorsque des vaccins existent, les antiviraux restent indispensables, notamment pour les populations non vaccinables ou réfractaires, et ils constituent parfois la seule option thérapeutique, comme pour le VIH ou l'hépatite C. Le développement d'antiviraux à large spectre, efficaces et limitant l'émergence de résistances, est donc une priorité. Ce projet s'implique dans la préparation aux crises pandémiques virales de demain, renforce la capacité d'innovation dans le criblage phénotypique d'antiviraux contre les virus respiratoires par les virologistes, la synthèse de nouvelles molécules chimiques antivirales par les chimistes et la structuration durable du consortium à travers le projet national VIROCRIB.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Institut Pasteur
- Inserm
- Univ. Nantes
- Univ. Lyon 1
- ENS
- CHU Montpellier
- Univ. Aix Marseille
- Univ. Montpellier



La crise du Covid-19 a révélé notre manque de préparation face aux pandémies, en particulier les virus respiratoires, dont la menace augmente avec l'urbanisation, l'élevage intensif et la pollution.

Delphine Muriaux

Directrice de recherche (CNRS)

Publications

Morichon L, Assou S, Bourdin A, Muriaux D, De Vos J. [In vitro preclinical models reproducing the respiratory epithelium: Application to the study of SARS-CoV-2 virus infection]. Rev Mal Respir. 2025 Mar;42(3):153-158. doi: 10.1016/j.rmr.2025.02.001. Morichon L et al. Human iPSC-Derived Airway Models Enable Comparative Analysis of SARS-CoV-2 Infection in Healthy and COPD Bronchial Epithelium iScience 2026 (in press).



2,179 M€



36 mois



5 partenaires

Viroses
respiratoires

InHEALation

Plateforme prophylactique et thérapeutique
innovante contre les virus aéroportés



Protéger l'individu, interrompre la transmission, renforcer la mémoire immunitaire : InHEALation repense la lutte contre les pathogènes respiratoires pour transformer la réponse aux infections grâce à une immunité locale, précoce et durable.

Mathieu Epardaud

Directeur de recherche (INRAE)

LE PROJET

Le projet InHEALation vise à développer des plateformes vaccinales à large spectre contre les virus respiratoires émergents. Il se concentre sur l'optimisation de l'immunité mucosale via la formulation vaccinale et la comparaison des voies nasale et pulmonaire, en utilisant la grippe comme modèle, avec un objectif de transfert technologique clinique. Les thématiques principales impliquées sont l'immunologie, l'infectiologie, la thérapie anti-infectieuse et la vaccinologie.

L'ENJEU

Ce projet vise à dépasser la limite des stratégies vaccinales et thérapeutiques actuelles : la faible induction de l'immunité au niveau des muqueuses, principales portes d'entrée des agents infectieux. Il a pour objectif de développer et d'optimiser des outils vaccinaux prophylactiques et thérapeutiques contre un virus respiratoire modèle, en identifiant les conditions optimales de formulation et de délivrance. Cette approche renforcera l'arsenal contre les pathogènes existants et permettra de disposer d'une plateforme prête à l'emploi face à un futur pathogène pandémique.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- INRAE
- Inserm
- Univ. Tours
- Sorbonne Université
- Institut Pasteur
- CNRS
- Univ. Jean Monnet

Publications

Lakhrif, Z., Poupée-Beaugé, A., Boursin, F. et al. Intranasal spike and nucleoprotein fusion protein-based vaccine provides cross-protection and reduced transmission against SARS-CoV-2 variants. *npj Vaccines* 10, 75 (2025). <https://doi.org/10.1038/s41541-025-01123-y>.



1,356 M€



36 mois



7 partenaires



Arboviroses

NeuroFlaviNA

**Cibler les infections neuro-invasives associées
aux *Flavivirus* avec des analogues nucléosidiques**



Le consortium NeuroFlaviNA a pour objectif de proposer de nouveaux candidats médicaments afin de lutter contre certaines infections neuro-invasives pour lesquelles il n'existe pas actuellement de traitement spécifique efficace.

Suzanne Peyrottes

Directrice de recherche (CNRS Languedoc)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Univ. Montpellier
- Univ. Orléans
- Univ. Aix Marseille
- IRD
- Inserm
- Univ. d'Artois

LE PROJET

L'objectif du projet Neuro-FlaviNA est de proposer de nouveaux candidats médicaments via l'utilisation d'une stratégie dite du « cheval de Troie » visant à contourner les limitations associées à leur passage au travers de la barrière hémato-encéphalique (BHE), point critique dans le développement de thérapies antivirales efficaces ciblant le système nerveux central. Le projet s'appuie sur un consortium de 7 partenaires académiques français, aux compétences complémentaires en chimie médicinale, biochimie, virologie, neuro-physiologie et physiologie cellulaire.

L'ENJEU

La lutte contre les infections neuro-invasives causées par les *Flavivirus* cliniquement importants tels que le virus du Nil occidental ou l'encéphalite à tiques, contre lesquels il n'existe actuellement aucun traitement spécifique efficace est un problème majeur de santé publique en raison de leur forte capacité à atteindre le cerveau et à provoquer des troubles neurologiques graves. Afin de relever ce défi, nous avons rassemblé un continuum complémentaire d'équipes de recherche : de la conception à la synthèse de composés, suivies des phases d'évaluation.



1,073 M€



36 mois



4 partenaires



Arboviroses

ArboSENSOR

Quartz BioNEMS pour la détection d'arbovirus

LE PROJET

ArboSENSOR vise à développer les premiers résonateurs BioNEMS piézoélectriques en α -quartz, fonctionnant à très haute fréquence et dotés d'une couche de reconnaissance innovante, capables de détecter sélectivement des arbovirus dans des échantillons complexes, avec une sensibilité supérieure à celle de l'ELISA et proche de celle de la PCR.

Pour atteindre cet objectif, le projet réunit des experts de nombreux domaines tels que la microélectronique, la nanotechnologie, la virologie moléculaire et cellulaire, l'entomologie, les modèles animaux, la virologie clinique, l'immunologie et l'ingénierie des protéines.

Les résultats attendus du projet ArboSENSOR devraient aboutir à une technologie de rupture, combinant haute performance, spécificité accrue et faible coût de fabrication, ouvrant la voie à un dispositif de diagnostic rapide, sensible, compact et adaptable aux menaces émergentes.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CNRS
- Inserm



ArboSENSOR vise à révolutionner le diagnostic des arbovirus en permettant une détection ultra-sensible, rapide et déployable sur le terrain, afin de répondre efficacement aux menaces infectieuses émergentes.

Laura Picas

Docteure (CNRS Languedoc)



1,981 M€



36 mois



4 partenaires

Viroses
respiratoires

CATMOS

Balise de surveillance continue des menaces biologiques aéroportées



L'enjeu du projet CATMOS est de développer une balise de surveillance en continue des menaces biologiques aéroportées.

Jean-Maxime Roux
Chef de laboratoire (CEA-Leti)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- CEA
- Univ. Lyon 1
- Univ. Bordeaux
- Institut Pasteur

LE PROJET

Le projet CATMOS vise à développer un dispositif de surveillance original pour la détection de toute menace biologique aéroportée, capable de réaliser de manière autonome des analyses multiplexes. Le principal défi consiste à éviter la consommation de réactifs coûteux au moyen d'un capteur innovant à base d'aptamères intégré et opéré dans une cartouche microfluidique.

En fin de projet, une preuve de concept sera établie pour la détection de trois pathogènes respiratoires saisonniers majeurs : le SARS-CoV-2, le virus de la grippe A et le virus respiratoire syncytial.

Portraits des lauréats

VOLET 3

Permettre aux politiques publiques et à la société de faire face aux crises épidémiques

Le volet 3 du PEPR MIE soutient des projets en sciences humaines et sociales, en épidémiologie, en modélisation et en santé publique à même de mieux éclairer les choix collectifs durant des crises sanitaires lorsque les connaissances sont encore limitées.

Les recherches financées visent à clarifier les processus de décision publique, à évaluer l’efficacité, l’efficacité et les impacts des contre-mesures ainsi qu’à analyser la dynamique des épidémies selon différents scénarios de crise.

Elles s’attachent aussi à mieux comprendre les conditions d’information, d’adhésion libre et durable aux mesures proposées, et de mieux identifier – puis compenser – leurs effets négatifs, notamment lorsqu’ils creusent des inégalités.

Enfin, ce volet encourage la mise en place de dispositifs pérennes, mobilisables rapidement lors d’une émergence, pour produire des données utiles au pilotage des politiques publiques, au plus près du terrain et des réalités sociales.

PROMOTION	NOMBRE DE LAURÉATS	MONTANT TOTAL DES AIDES
2023	2	3,121 M€
2024	1	1,416 M€
2025	1	1,232 M€
Total	4	5,769 M€



1,526 M€



48 mois



8 partenaires



Transversal

ACMÉ

Améliorer l'acceptabilité et l'accessibilité des contre-mesures préventives dont les vaccins lors d'émergences épidémiques

LE PROJET

Ce consortium multidisciplinaire met en dialogue la psychologie, l'anthropologie, l'économie du comportement, l'épidémiologie, l'infectiologie et la santé publique. En s'appuyant sur des analyses secondaires, une étude longitudinale, des études de préférences dans des scénarios épidémiques, une revue des expériences probantes et un exercice de simulation, ACMÉ produira des recommandations et protocoles pour des futures épidémies.

L'ENJEU

Le projet répond aux enjeux France 2030 en renforçant la préparation aux crises sanitaires liées aux maladies infectieuses. Il produira des stratégies de décision et mise en œuvre favorisant la confiance et l'équité sociale, des outils de monitoring, des pré-protocoles pour la recherche interventionnelle, et une feuille de route pour un transfert rapide et durable des connaissances vers l'action en santé publique.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- Faculté de médecine de Marseille
- Univ. Aix Marseille
- ORS PACA
- Univ. Jean-Monnet
- CHU Bordeaux
- EHESP



Nous portons une attention particulière aux confiances, aux inégalités sociales, et le rôle des professionnels de santé. À travers nos travaux, nous constatons le besoin de porter plus d'attention au niveau local dans la riposte aux épidémies.

Judith Mueller

Professeure (EHESP) et chercheuse (Institut Pasteur)

Publications

McColl, K., Mueller, J., Martin-Lapoirie, D. et al. Understanding the interplay between epidemiological and social cognitive drivers of behaviour change during the Covid-19 pandemic. Sci Rep 15, 30556 (2025). <https://doi.org/10.1038/s41598-025-14644-2>.



1,594 M€



48 mois



6 partenaires

Fièvres
hémorragiques
virales

TICKRISK

Co-développer la préparation et la communication des risques pour la fièvre hémorragique de Crimée-Congo : connaissances, politiques et expériences dans les zones frontalières européennes



TICKRISK fait dialoguer la production des connaissances scientifiques et des politiques de préparation sur une arbovirose avec les expériences situées et les diverses contraintes (sociales, matérielles, professionnelles) des populations exposées à ces risques infectieux.

Tamara Giles-Vernick

Cheffe d'unité (Institut Pasteur)

LE PROJET

Cette étude vise à renforcer la préparation et la communication sur les risques associés à la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (FHCC) afin d'améliorer l'adoption de mesures de protection par le public. TICKRISK rassemble des chercheurs en sciences humaines et sociales (SHS) et biomédicaux ainsi qu'un programme de sciences citoyennes en France, Espagne, Roumanie, et Turquie. Son objectif est d'apprendre de la comparaison de ces 4 pays où l'épidémie de FHCC s'exprime différemment, afin de développer des outils adaptés pour la préparation et la prévention face aux épidémies.

L'ENJEU

En tant qu'étude SHS comparative, TICKRISK apportera des contributions à la préparation et à la réponse face à la FHCC. Ce projet produira de nouvelles connaissances sur les forces et les faiblesses des politiques actuelles de lutte contre la FHCC, ainsi que sur les groupes et pratiques à risque. Il facilitera les échanges entre les autorités sanitaires de chaque site, en fournissant des recommandations fondées sur les SHS pour la prévention et la gestion des épidémies. Enfin, il développera une boîte à outils d'éducation à la santé et de communication sur les risques.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- Univ. Montpellier
- Univ. Bordeaux
- INRAE
- CNRS (Turquie)
- IRD
- ENS
- Ministère de l'Europe et des Affaires étrangères



1,416 M€



36 mois



9 partenaires

Viroses
respiratoires

PreVix

Préparation pandémique au virus respiratoire X : modélisation intégrative des premiers cas aux contre-mesures sanitaires précoces



On ne peut pas empêcher l'émergence de nouveaux virus, mais on peut éviter qu'ils provoquent le chaos. En définissant à l'avance des métriques, des seuils et des réponses partagées, on réagit plus rationnellement quand la tempête survient.

Mircea T. Sofonea

Maître de conférences (Univ. Montpellier)

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Univ. Montpellier
- EHESP
- Univ. Bordeaux
- Univ. Paris Cité
- Collège de France
- Institut Pasteur
- Sorbonne Université
- IRD
- Inserm

LE PROJET

PreViX a pour ambition de développer un cadre scientifique et sanitaire pour les virus respiratoires non encore documentés. En utilisant la modélisation pour intégrer les expertises en santé publique, virologie, infectiologie, phylogénomique et psychologie de la santé, il vise à développer un cadre opérationnel de nouvelles méthodes pour la surveillance et le contrôle précoces d'un virus respiratoire émergent, à partir des premières données disponibles, hétérogènes tant en nature qu'en qualité.

L'ENJEU

PreViX répond au besoin critique d'outils intégratifs de préparation pandémique. Le projet vise à formaliser, par une approche transdisciplinaire et quantitative, des critères objectivables de qualification d'une crise sanitaire causée par un nouveau virus respiratoire, de sa détection précoce à l'escalade des contre-mesures. Il renforce la capacité nationale d'anticipation, d'innovation méthodologique et de structuration pérenne de la recherche et de la santé publique de crise.

Publications

Reyné, B., Djidjou-Demasse, R., Sofonea, M. T., & Alizon, S. (2025). Mutant emergence timing and population immunisation status impact epidemiological dynamics. *Journal of Theoretical Biology*, 112140. Reyné, B., Kamiya, T., Djidjou-Demasse, R., Alizon, S., & Sofonea, M. T. (2025). Leaky or polarised immunity: Non-Markovian modelling highlights the impact of immune memory assumptions. *PLOS Computational Biology*, 21(8), e1013399. Xia, Y., Alexandre, M., Thiebaut, R., Maheu-Giroux, M., & Prague, M. (2026). Defining Optimal Vaccine Features for Pandemic Preparedness: an Individual-Based Model Bridging Within-and Between-Host Dynamics. *Bulletin of Mathematical Biology*, 88(3), 29.



1,232 M€



36 mois



4 partenaires



Arboviroses

INFODEM-EARLY

Plateforme d'anthropologie augmentée pour la détection, la classification et l'atténuation en temps réel des infodémies, visant à renforcer la confiance vaccinale envers les arboviroses dans les DROM français

LE PROJET

INFODEM-EARLY vise à développer une plateforme d'écoute sociale hybride pour détecter et atténuer en temps réel les infodémies autour des vaccins contre les arboviroses dans les départements et régions d'Outre-mer (DROM), en priorité à La Réunion et Mayotte. Le projet combine collecte multicanale (réseaux sociaux, médias locaux, radio), classification automatisée par modèles de langage open source, et ethnographie multi-sites.

En parallèle, INFODEM-EARLY déploiera une formation en cascade à l'entretien empathique de réfutation (ou *Empathetic Refutational Interview*, ou ERI) – une approche de dialogue empathique face aux inquiétudes vaccinales – appuyée par ERI-Sim, un agent conversationnel permettant aux soignants de s'entraîner en conditions réalistes. L'objectif est de fournir aux agences régionales de santé (ARS) et aux acteurs de santé publique des outils opérationnels pour anticiper les controverses informationnelles et renforcer la confiance vaccinale dans les territoires ultramarins.

INSTITUTIONS DU CONSORTIUM

- Institut Pasteur
- CHU La Réunion
- ORS Mayotte
- ORS Provence-Alpes-Côte-d'Azur

66



De la cartographie des inquiétudes vaccinales en temps réel à la formation des soignants, INFODEM-EARLY mise sur une approche intégrée pour renforcer la confiance vaccinale dans les DROM.

Léonard Heyerdahl
Docteur (Institut Pasteur)

Portraits des lauréats

CHAIRES JUNIOR

Les 5 chaires junior soutenues pour une durée de 48 mois dans le cadre du PEPR MIE explorent les mécanismes de l'infection et de la transmission des arbovirus, en étudiant les interactions entre virus, hôtes humains ou vecteurs, et l'environnement. Ils mettent l'accent sur l'immunité, la génétique et la biologie cellulaire, tout en identifiant des pistes concrètes pour prévenir et surveiller des maladies infectieuses émergentes puis développer des stratégies antivirales ou vaccinales.

Ces projets contribuent ainsi à l'émergence d'une nouvelle génération de scientifiques engagés sur les menaces infectieuses. Les lauréat-es bénéficient d'un cadre privilégié pour développer des programmes ambitieux et innovants, et pour structurer leur trajectoire scientifique.

PROMOTION	NOMBRE DE LAURÉATS	MONTANT TOTAL DES AIDES
2025	5	4,608 M€



ARBOAAB

Auto-anticorps anti-interférons de type I chez des patients avec infections sévères à arbovirus



L'idée d'ARBOAAB, c'est d'étudier le rôle des auto-anticorps dans les formes graves d'infections arbovirales et les réactions sévères aux vaccins, pour mieux prévenir et gérer ces risques.

COORDINATEUR

Paul Bastard

Docteur (Imagine Institute)

LE PROJET

Le projet ARBOAAB vise à démontrer que les auto-anticorps neutralisant les interférons de type I (AAN-I-IFN) pourraient être à l'origine d'une proportion significative de cas rares d'effets indésirables liés à d'autres vaccins vivants atténués contre les arbovirus, tels que le vaccin contre la dengue (CYD-TDV), le virus de la fièvre jaune (YFV 17D) et le vaccin contre le chikungunya (CHIKV), ainsi qu'une proportion significative de cas plus courants d'encéphalite potentiellement mortelle déclenchée par de nombreux arbovirus tropicaux humains, notamment les infections par le CHIKV, le virus Zika (ZIKV), le YFV et l'encéphalite virale japonaise (JEV), entre autres.



CLIMARBO

Transmission des arbovirus et changement climatique : impact moléculaire sur les moustiques *Aedes*

LE PROJET

CLIMARBO vise à déchiffrer les mécanismes moléculaires, cellulaires et métaboliques par lesquels le changement climatique influe sur la compétence vectorielle des moustiques, en utilisant *Aedes aegypti* comme modèle principal et en transposant les résultats à *Aedes albopictus*, vecteur qui suscite aujourd'hui une inquiétude croissante en Europe et en France.

Pour construire la première carte fonctionnelle de l'acclimatation des moustiques *Aedes* à différents types de stress climatiques (réchauffement ou événements extrêmes), CLIMARBO combinera plusieurs approches : la métabolomique et la génomique à l'échelle cellulaire (*single-cell*) et spatiale.

L'objectif est d'identifier, au sein d'une collection unique de populations de moustiques issues du terrain, les biomarqueurs cellulaires, géniques et métaboliques qui définissent leur capacité d'acclimatation et les conséquences sur la transmission virale.

L'ambition finale est de contribuer à une surveillance vectorielle plus dynamique et prédictive. Concrètement, l'analyse de biomarqueurs sur des moustiques collectés sur le terrain permettra non seulement de mesurer leur potentiel de transmission actuel, mais aussi de prédire leur réponse à de futurs stress climatiques. Cette approche permettra ainsi un contrôle vectoriel ciblé, plus réactif et plus efficace.



Décrypter la réponse du moustique au changement climatique pour anticiper les épidémies virales de demain.

COORDINATEUR

Thomas Vial

Docteur (Institut Pasteur)



GENERATION

Déterminants génétiques de l'échappement du virus de la dengue à la neutralisation immunitaire homotypique



L'objectif est de renforcer la surveillance et la protection vaccinale contre la dengue à travers la génomique virale.

COORDINATRICE

Raphaëlle Klitting

Chargée de recherche (Inserm)

LE PROJET

La dengue est la maladie à arbovirus la plus importante au monde. En constante progression, elle représente un lourd fardeau dans de nombreux pays en développement du Sud et dans la plupart des territoires français d'Outre-mer. Historiquement, l'immunité acquise contre un sérotype du virus de la dengue (DENV) était considérée comme conférant une immunité protectrice « homotypique » contre toutes les souches du même sérotype. Cependant, plusieurs facteurs indiquent que la protection homotypique (induite par un vaccin ou naturelle) peut varier au sein d'un même sérotype.

L'objectif principal de ce projet est d'identifier les déterminants de l'échappement à la protection homotypique contre l'infection par le DENV, en mettant l'accent sur un élément clé de l'immunité contre le DENV, la neutralisation immunitaire. Cela ouvrira la voie à une meilleure protection vaccinale et à une meilleure surveillance des populations exposées à la dengue.



TICK-TACK-TOE

Comprendre les interactions entre stress cellulaire, immunité et infection virale chez la tique pour bloquer la transmission des arbovirus hémorragiques



Les tiques transmettent des virus mortels en quelques minutes. Pour les stopper, il faut comprendre ce qui se joue dans leur intestin, là où tout commence.

COORDINATRICE

Marine Petit

Maîtresse de conférences (Institut Pasteur)

LE PROJET

Comment une cellule intestinale de tique décide-t-elle de tolérer ou de bloquer un virus ? Cette question, à l'intersection du stress cellulaire, de l'immunité et de l'évolution, pourrait briser la chaîne de transmission des arbovirus émergents.

En développant de nouveaux modèles cellulaires et en couplant des études *in vivo* à des approches « -omics » (transcriptomique, protéomique), le projet TICK-TAC-TOE explore les interactions entre les virus et les cellules ou tissus intestinaux des tiques. En comparant aux virus d'importance médicale, le virus de l'encéphalite à tiques (TBEV) et le virus de la fièvre sévère avec syndrome de thrombopénie (SFTSV), il identifiera des mécanismes spécifiques ou conservés, révélant des cibles thérapeutiques inédites pour bloquer l'infection des tiques et leur rôle de vecteur.



VISTA

Exploiter les facteurs hôtes associés aux structures induites par le virus pour concevoir des stratégies antivirales contre les *Orthonairovirus*

LE PROJET

Parmi les agents pathogènes transmis par les tiques, le genre *Orthonairovirus* abrite plus de 50 virus répartis en 15 groupes ou espèces, dont certains sont hautement pathogènes pour l'homme et les animaux. Parmi eux, le virus de la fièvre hémorragique de Crimée-Congo (CCHFV) est celui qui combine à la fois la plus grande aire de répartition et la plus grande importance médicale. À ce jour, aucun traitement prophylactique n'a été mis au point contre le CCHFV ni contre les autres *Orthonairovirus*. Dans ce contexte, il est crucial et urgent de développer des études fondamentales et translationnelles sur ces agents pathogènes afin de concevoir les premiers traitements prophylactiques et thérapeutiques contre le CCHFV et les autres *Orthonairovirus* pathogènes.

Dans ce contexte, le projet VISTA propose de découvrir et de caractériser les facteurs hôtes nécessaires au cycle de vie viral de trois *Orthonairovirus*, dont le CCHFV, en se concentrant sur les facteurs recrutés dans deux structures induites par le virus : les particules virales et les « condensats » intracellulaires concentrant les protéines virales NP et L, deux protéines clés pour la réplication virale.

En combinant l'imagerie et la purification par affinité couplée à la spectrométrie de masse, le projet VISTA étudiera ces structures chez trois hôtes différents, à savoir l'homme, la tique et le bovin, ce qui permettra une étude interspécifique des déterminants viraux et des facteurs de transmission. Enfin, après leur identification et leur caractérisation, le projet VISTA testera des molécules qui pourraient cibler ces facteurs afin de jeter les bases de la découverte d'antiviraux dirigés contre l'hôte.



Le projet VISTA permettra de comprendre et d'empêcher la prise d'otages des ressources de l'hôte par les Orthonairovirus dans les structures qu'ils créent.

COORDINATRICE

Solène Denolly

Chargée de recherche (Inserm)

ANRS MIE

L'ANRS Maladies infectieuses émergentes est une agence autonome de l'Institut national de la santé et de la recherche médicale (Inserm).

Créée le 1^{er} janvier 2021 de la fusion de l'Agence nationale de recherche sur le sida (ANRS) et du consortium REACting, ses missions sont de faciliter, évaluer, coordonner et financer la recherche sur le VIH/sida, les hépatites virales, les infections sexuellement transmissibles, la tuberculose, et les maladies infectieuses émergentes et ré-émergentes.

France 2030

Le plan d'investissement France 2030 traduit une double ambition : transformer durablement des secteurs clefs de notre économie par l'innovation technologique et positionner la France en leader du monde de demain.

France 2030 soutient tout le cycle de vie de l'innovation jusqu'à son industrialisation. Ce plan prévoit 54 Mds€ d'investissement pour que nos entreprises, nos universités, nos organismes de recherche, réussissent pleinement leurs transitions dans les filières stratégiques.

Pensé et déployé en concertation avec les acteurs économiques, académiques, locaux et européens pour en déterminer les orientations stratégiques et les actions phares, il est piloté par le Secrétariat général pour l'investissement (SGPI) pour le compte du Premier ministre et mis en œuvre par l'Agence de la transition écologique (ADEME), l'Agence nationale de la recherche (ANR), Bpifrance et la Banque des Territoires.



Contacts

Département communication et information scientifique

information@anrs.fr

Relations Presse

presse@anrs.fr

+33 (0)6 98 92 15 42

Coordination opérationnelle du PEPR MIE

Claire Madelaine, responsable du département « Soutiens structurants à la recherche »

claire.madelaine@inserm.fr

Inmaculada Ortega-Perez, coordinatrice du pôle « Appels à projets »

inmaculada.ortega-perez@inserm.fr

Morgane Bardey-Vaillant, chargée de gestion et d'aide au pilotage

morgane.bardey-vaillant@inserm.fr

Tiphaine Pierre, chargée de mission

tiphaine.pierre@inserm.fr

Guillaume Machuron, référent Datasharing

guillaume.machuron@inserm.fr

Pôle Financements

finances.pepr@anrs.fr

EN SAVOIR PLUS



Remerciements

La mise en place du PEPR MIE et l'ensemble de ses activités n'auraient pas été possibles sans l'engagement et la collaboration transversale des équipes au sein de l'ANRS MIE.

Crédits photos

Sébastien Delarque : portrait de Yazdan Yazdanpanah (page 5)

Arnaud César Vilette : portrait de Hervé Raoul (page 5)

Jeanne Accorsini / Sipa press / Gouvernement (pages 6 et 49)

Conception graphique

Caroline Vincent

www.anrs.fr

Retrouvez l'intégralité
des mesures du plan France 2030
sur **france2030.gouv.fr**