

Étude des facteurs de résistances du blé tendre à la production des mycotoxines T2, HT2, DON et NIV par les fusarioses (FSOV 2010M)

Valérie LAURENT^{1*}, Hermann BURSTMAYR⁴, Laure DUCHALAIS², Delphine HOURCADE³, Marc LEMMENS⁴, Olivier Robert¹

1 – BIOPLANTE - FLORIMOND DESPREZ - 3 rue Florimond Desprez, 59242 Cappelle en Pévèle

2 – BIOPLANTE - R2n - Route d'Epincy, 28150 Louville La Chenard

3 – ARVALIS Institut du Végétal – 6 chemin de la Côte Vieille, 31450 Baziège

4 – IFA-Tulln – Konrad Lorenz Str. 20, 3430 Tulln, Autriche

* Coordinateur : Valérie Laurent, valerie.laurent@florimond-desprez.fr

1. Introduction

La fusariose est une maladie du blé qui peut conduire à des pertes importantes de rendement et de qualité lorsque les conditions environnementales sont favorables pour le développement de la maladie (précédent maïs, humidité élevée et précipitations pendant la floraison). Cette maladie est responsable de l'accumulation de mycotoxines dans les grains. Pour les céréales, les mycotoxines les plus fréquentes sont les trichothécènes de type B (surtout le déoxynivalénol (DON) et le nivalénol (NIV)), mais aussi les trichothécènes de type A comme les toxines HT2 et T2 qui peuvent être produites par certaines espèces de *Fusarium*. La DON provoque chez les animaux de ferme une consommation réduite d'aliments, une prise de poids réduite et des vomissements. La consommation de fortes concentrations de DON par les humains provoque des nausées, des vomissements, une diarrhée, des douleurs abdominales, des maux de tête, des étourdissements et de la fièvre. Les toxines NIV et T2 sont jusqu'à 20 fois plus toxiques que la DON. La toxicité des mycotoxines a conduit la Commission Européenne à fixer des limites législatives pour les mycotoxines de *Fusarium*, y compris les trichothécènes, DON et zéaralénone, dans les céréales et produits à base de céréales destinés à la consommation humaine dès 2006. Des limites ont été ajoutées pour la combinaison de trichothécènes, HT2/T2 en 2013 (100 µg/kg). À l'heure actuelle, aucune information n'est connue sur la résistance des cultivars à HT2 et T2, et il n'y a pas suffisamment de variétés résistantes à la production de DON.

Dans ce projet, nous nous sommes donc concentrés sur une comparaison de la résistance du blé aux producteurs de DON et aux producteurs de HT2/T2. Ce projet visait également à obtenir de nouveaux outils (marqueurs moléculaires, qPCR, FT-NIR) qui faciliteront l'obtention de variétés de blé tendre résistantes à la production de mycotoxines de fusarioses dans les grains.

Notre projet est donc une première étape pour fournir des variétés plus résistantes aux mycotoxines de *Fusarium* pour les agriculteurs français et les outils pour les étudier et caractériser.

2. Matériels et méthodes

Matériel végétal et tests de résistance

Tests aux champs

Sur les 3 ans, un total de 329 lignées de blé tendre, 3 orges et 3 blés durs ont été semés en 2 répétitions dans 3 lieux: en Autriche, à l'IFA-Tulln et dans le Nord de la France chez Bioplante (FD ou R2n) et chez Arvalis (Loir et Cher). Les inoculations ont été effectuées en soirée avec 3 inoculum différents: une souche de *Fusarium graminearum*, productrice de trichothécènes B, à une concentration de 20,000 spores de conidies par ml et une souche de *F. sporotrichoides*, productrice de trichothécènes A, à une concentration de 40.000 conidies par ml et un mélange des 2 souches. Les inoculations ont été réalisées à 50% de floraison. Chez R2n, FD et Arvalis, la contamination a été réalisée pour chaque cultivar individuellement à 50% de floraison et 2 jours après. A l'IFA, l'inoculation a été réalisée pour tous les génotypes dès la floraison des premiers cultivars et répétée tous les 2 jours jusqu'à la floraison du dernier génotype. Toutes les parcelles ont été irriguées par springler (R2n, FD, Arvalis) ou brumisation (IFA) pendant 20 heures après l'inoculation.

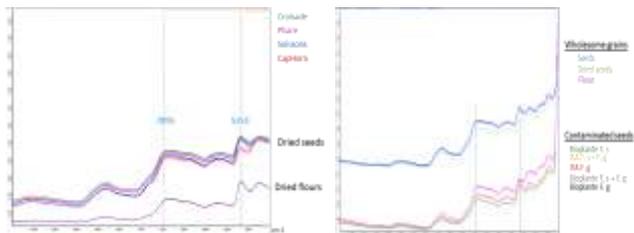
Les notations ont débuté 10 jours après la floraison puis été répétées tous les 4 jours jusqu'à 30 jours après. La notation visuelle est exprimée en % d'épillets touchés sur l'ensemble de la parcelle. Le pourcentage d'épillets touchés a été utilisé pour calculer une AUDPC jusqu'au jour 26 après floraison. Une note visuelle du FDK (pourcentage de grains échaudés) a été effectuée après le battage.

Mesure de la teneur en mycotoxines

La teneur en mycotoxines de la farine de 6 génotypes de comportements contrastés face aux *Fusariums* a été analysée par ELISA (Labs Roemer, Tulln, Autriche) et par GC-MS/MS (Capinov, Landerneau, France) pour comparer la validité des 2 types de mesures. L'Elisa et le GC-MS/MS ayant donné des résultats très comparables pour la DON

($r=0,99$), et un peu moins pour T2 ($r=0,75$), la teneur en mycotoxines de la farine des génotypes semés à l'IFA les années 2 et 3 a été analysée uniquement par GC-MS/MS. La teneur en DON des mêmes génotypes a ensuite été déterminée par FT-NIR avec un Multi Purpose Analyser de chez Bruker équipée d'une sphère rotative à partir des grains ou de farine.

Une analyse préliminaire, effectuée sur les grains, a permis de vérifier que l'appareil permettait bien de détecter la DON. Après avoir vérifié que la DON liquide (1mg/ml dans de l'acétonitrile) était bien détectée dans la gamme d'ondes attendues (7095 cm^{-1} et 5251 cm^{-1}), la répétabilité des mesures à partir de grains ou de farine a été comparée (cf figure). L'utilisation de farine plutôt que des grains permet d'obtenir une meilleure répétabilité des mesures.



Répétabilité des mesures effectuées sur grains et sur farine et Comparaison des résultats obtenus sur grains sains et contaminés.

Quantification de l'ADN fongique par qPCR

L'ADN fongique de *F. graminearum* et *F. sporotrichioïdes* des 190 génotypes inoculés l'année 3 a été quantifié par PCR quantitative en temps réel Taqman avec le gène *EF1 α* .

Test en serre de la résistance de type III contre les trichothécènes A

La concentration optimale de toxines (DON, NIV T2 et HT2) a été évaluée sur 4 génotypes de blé de sensibilité connue à DON et NIV. Une lignée contient *Fhb1*, le QTL qui régit la résistance à DON et NIV. Les autres lignées n'ont pas ce QTL et l'une d'entre elle est très sensible aux DON et NIV. Les 4 trichothécènes ont été appliqués à différentes concentrations (0,5, 1 et 2 mg / épi) afin de déterminer si T2 et HT2 sont phytotoxiques pour le blé, et si oui, quelle concentration provoque l'apparition des symptômes. Il s'agissait, en outre, d'observer si les lignées montraient des différences de résistance envers T2 et HT2.

La résistance aux mycotoxines a été étudiée pour 24 génotypes de blé sur 2 répétitions de 4 épis. Les toxines ont été solubilisées dans du méthanol ou bien dans un solvant eau-acétonitrile (60:40) non toxique et la solution de toxine a été appliquée sur 2 épillets voisins à l'aide d'une micropipette. Les épis ont ensuite été couverts d'un sac en plastique pendant 24 heures afin d'assurer une forte humidité relative de l'air. Les symptômes sont apparus 10 jours après l'application et les mesures ont été répétées les jours 14, 18 et 22. Une AUDPC a été calculée avec la valeur moyenne des quatre épis par plante et des 2 répétitions à partir des

caractères blanchiment des épillets et flétrissement de l'épi au-dessus du point de traitement. Comme le méthanol utilisé pour solubiliser les trichothécènes est phytotoxique, des contrôles effectués avec le solvant seul ont permis de soustraire les symptômes induits par le méthanol de ceux observés avec les toxines.

Génotypage et génétique d'association

L'ADN de 186 lignées de l'année 3 a été génotypé avec les marqueurs SNP de la puce SNP AXIOM TaBW420K SNP développée par l'INRA dans le cadre de BreedWheat. A l'IFA, sur les 169 642 SNP polymorphes obtenus, 34 735 marqueurs ont été retenus pour l'étude d'association. Les associations entre SNP et caractères ont été détectées à l'aide du progiciel R GAPIT. Un modèle linéaire de cartographie mixte a été appliqué en tenant compte de la structure de la population (coordonnées principales (Q-matrice)) et de la structure familiale (matrice de la relation (K-matrice)). La même démarche a été appliquée avec le package R EMMA par R2n et Arvalis sur leurs données de phénotypages des années 1 et 2 avec respectivement 92 700 SNP et 95 génotypes et 92 491 SNP et 66 génotypes et une p value inférieure à 0.01 et 0.001.

Identification des espèces naturelles de *Fusarium*

388 échantillons prélevés en France en condition de contamination naturelles pendant les saisons 2012-2013 ont été caractérisés pour identifier les espèces de *Fusarium* présentes naturellement sur le territoire français (Nirenberg, 198; Nelson *et al.*, 1983).

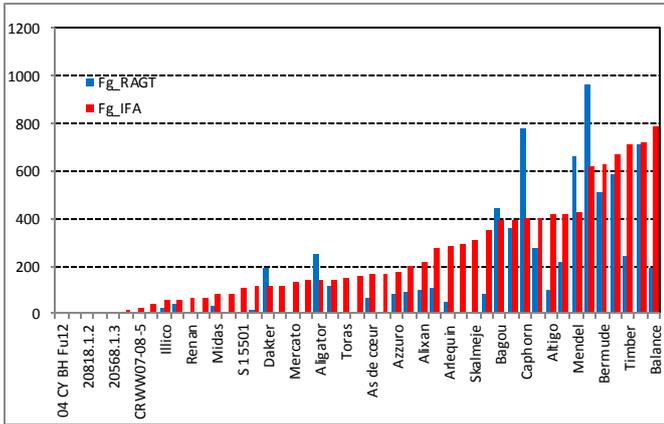
3. Résultats et discussions

Variation génétique pour la réponse à la fusariose aux champs

Mesures aux champs

Pour les 3 années, de façon inattendue, la sévérité de la maladie était très différente entre les lieux (cf figure) et les isolats.

L'attaque par *F. graminearum* est toujours plus sévère que l'attaque par *F. sporotrichioïdes* quelque soit le lieux ou l'année sauf pour l'année 2011, dans le Nord de la France que cela soit chez R2n en 2011 ou chez FD en 2013, l'attaque par *F. sporotrichioïdes* a été plus sévère que l'attaque par *F. graminearum*.



Exemple de différence d'AUDPC obtenue en 2011 entre les lieux R2n et IFA avec *F. graminearum*

Deux types de protocoles d'inoculation ont été appliqués : bien que les quantités finales de spores inoculées soient les mêmes dans les 2 pays, en France, les inoculations ont eu lieu en 2 passages alors qu'en Autriche il y a des inoculations tout les 2 jours pendant toute la période d'épiaison du panel que de date d'épiaison différentes. De plus, le système d'irrigation est différent (springler en France et brumisation en Autriche). Ces différences peuvent en partie expliquer les différences de sévérité de fusariose observée entre les lieux français et autrichien.

Quelque soit l'année, le lieu et l'isolat, les génotypes présentent une grande variabilité de résistance à la fusariose. Les lignées les plus résistantes sont les lignées expérimentales possédant *Fhb1*. Les variétés résistantes au moins 2 des trois années de test sont Capo, Renan, Oxebo, Ambello et Illico et les sensibles, Timber, T oisonodor, Charger, Roysac et Balance. Bagou et Isengrain apparaissent résistants ou sensibles selon les années.

Un classement similaire est obtenu avec le FDK et la teneur en mycotoxines reflétant les corrélations élevées qui existent entre l'AUDPC et ces 2 caractères: respectivement 0.85 et 0.86 pour *F. graminearum* et 0.61 et 0.70 pour *F. sporotrichioides*.

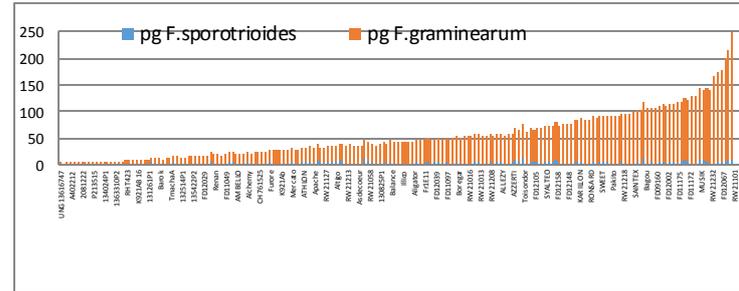
Les caractères hauteur de la plante, date de floraison et rétention des anthères présentent également une variation importante entre les génotypes.

Contamination par les mycotoxines

Comme attendu au regard de la variation de résistance observée, les lignées inoculées avec *F. graminearum* présentent une variation significative de la teneur en DON, de 822 µg/kg à 49 100 µg/kg. Les échantillons inoculés par *F. sporotrichioides* présentent également une grande variation pour la teneur en T2 et HT2. La teneur HT2 varie de 46 µg/kg à 3 250 µg/kg, elle est plus élevée que la teneur en T2. De la DON est également trouvée dans ces échantillons (moyenne 1 995 µg/kg), mais à une concentration 10 fois moindre que dans les échantillons inoculés par *F. graminearum* (moyenne 21 800 µg/kg). Seules des traces de ZON ont été trouvées dans les échantillons.

Teneur en ADN fongique

En 2013, il y a une grande variation de la teneur en ADN de *F. graminearum* (1 à 239 pg/ng d'ADN total) pour les lignées inoculées par ce champignon et une variation moindre de la teneur en *F. sporotrichioides* (0.2 à 14 pg/ng) pour les génotypes inoculé par *F. sporotrichioides* (cf figure).



Quantité d'ADN de champignon présent dans les échantillons inoculés en 2013 à l'IFA

Corrélation entre les différentes mesures

	Inoculation <i>F. graminearum</i> (FG)					inoculation <i>F. sporotrichioides</i> (FS)			
	FHB	AUDPC	FDK	Qté champignon	[DON]	FHB	AUDPC	FDK	Qté champignon
AUDPC_FG	0.96	1							
FDK_FG	0.86	0.85	1						
Qté champignon FG	0.58	0.55	0.61	1					
[DON]_FG	0.85	0.86	0.91	0.61	1				
FHB_FS	0.7	0.7	0.66	0.43	0.66	1			
AUDPC_FS	0.71	0.74	0.68	0.46	0.71	0.91	1		
FDK_FS	0.69	0.68	0.77	0.53	0.76	0.61	0.61	1	
Qté champignon FS	0.69	0.7	0.71	0.46	0.73	0.53	0.58	0.65	1
[T2.HT2]_FS	0.7	0.75	0.76	0.48	0.8	0.62	0.7	0.73	0.78

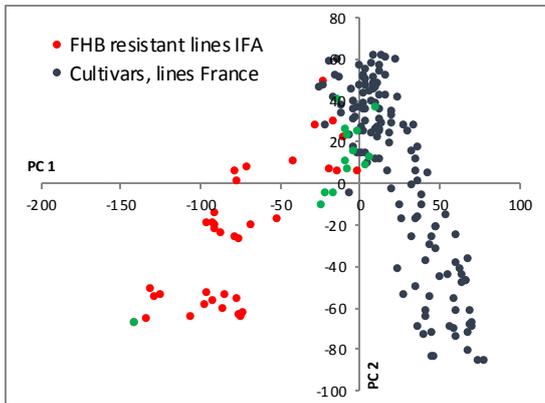
Les corrélations entre les différents mesures de résistance (sévérité (FHB, AUDPC et FDK), teneur en mycotoxines DON et T2-HT2, et quantité de champignons) sont toutes positives et élevées tout comme les coefficients de corrélation entre la résistance à différentes espèces de *Fusarium*.

La hauteur de la plante est corrélée négativement avec la résistance à *F. graminearum* (-0.61) et à *F. sporotrichioides* (-0.57) tandis que la rétention des anthères est corrélée positivement avec la résistance aux 2 espèces (0.63 et 0.51). La date de floraison n'a aucun impact sur la résistance aux 2 espèces (-0.03 et -0.04).

Association génétique pour la réponse à la fusariose

Associations marqueurs - caractères IFA 2013

La structure du panel a été étudiée à l'aide d'une analyse en coordonnées principales sur les données de génotypage. Les coordonnées sur les axes 1/2 séparent clairement le groupe des cultivars du matériel génétique très résistant à la fusariose de l'IFA-Tulln (cf figure).



L'analyse des associations marqueur-caractères a révélé pour la plupart des caractères une dizaine de marqueurs avec une valeur de $p < 0,001$.

Pour l'inoculation avec *F. graminearum*, les marqueurs IAAV8952 (1B), cfn0616018 (2B) cfn3349111 (7A) et cfn0578972 (2A) présentent la plus forte association avec l'AUDPC, pour la teneur en DON les marqueurs les plus importants sont cfn0301796 (7A), cfn0506851 (1A), cfn2337440 (4A) et cfn0288097 (7D). Avec *F. sporotrichioides*, les associations les plus fortes avec l'AUDPC ont été trouvées pour cfn0698313 (3B), cfn0508215 (1A), cfn1576914 (2B), et cfn0542607 (1B), et pour la teneur en T2 + HT2 cfn0944112 (7D), cfn0537041 (1B), cfn2421028 (4B) et cfn2542103 (5A). Les zones 2A (95-99cM), 5B (120cM) et 7A (80-84cM) combinent plusieurs caractères de résistance et deux zones sont liées à la fois à la teneur en T2+HT2 et à la quantité de *F. sporotrichioides*.

Plusieurs régions de QTL d'échappement combinent des associations avec des caractères de résistance et des caractères morphologiques. Des zones des chromosomes 1B (39-40cM), 2B (61cM), 4A (144cM) combinent la résistance à la fusariose et la hauteur, trois zones liées à la hauteur sont spécifiques de la résistance à *F. sporotrichioides* : deux sur le chromosome 3 A (18-19 et 140-144cM) et une du 7D (184-185 cM). Sur le chromosome 1A, une zone (54.1cM) est associée à la sévérité de la fusariose, la teneur en toxine et la hauteur de la plante et une autre (0cM) à la résistance à la fusariose et à la rétention des anthères.

Associations marqueurs - caractères R2n 2011

L'analyse effectuée avec *F. graminearum* a révélé 730 marqueurs liés à l'AUDPC et avec *F. sporotrichioides* 1169 marqueurs sont liés à l'AUDPC. Cinq QTL qui expliquent entre 6 et 18% de la variation totale de la résistance montrent une association claire avec le phénotype des 85 lignées testées chez R2n et ont été validés sur les phénotypes testés par l'IFA en 2013.

Les lignées Apache, Bio4036, Oregrain, Graindor, K921Ab, K921AB18 et Miroir combinent les 5 QTL 1A, 2A, 2B, 3B et 4D.

Associations marqueurs - caractères Arvalis 2012

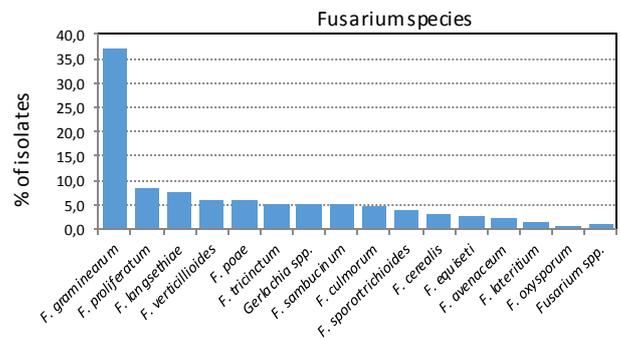
L'analyse a révélé 278 marqueurs liés à l'AUDPC obtenue avec *F. graminearum* et 435 marqueurs liés à l'AUDPC

obtenue avec *F. sporotrichioides*. 59 marqueurs sont associés aux résistances aux deux espèces.

Pour la résistance à *F. graminearum*, aucun des marqueurs ne montre une association claire avec les phénotypes ; mais pour la résistance à *F. sporotrichioides* une zone du chromosome 6BS qui réunit les marqueurs cfn0158300, cfn0129517, cfn0343707 et cfn0868525 montre une association nette avec le phénotype. Dix neuf génotypes présentent l'allèle résistant aux 4 marqueurs. Il s'agit de Adagio, Aligator, Altigo, Ambello, Altigo, As de cœur, Azzerti, Boregar, Cordiale, Isengrain, Mercato, Musik, Oxebo, Premio, Renan, Roysac, Sokal, Toisondor, UNG13616747 et X2056813.

Confirmant la faible corrélation entre lieux, aucune association commune n'a été mise en évidence entre les 3 lieux testés.

Espèces de Fusarium provenant d'infection naturelle en France



F. graminearum (producteur de DON et de zéaralénone) est de loin l'espèce de *Fusarium* dominante en France. *F. langsethiae* (producteur de T2 et HT2) lié à *F. poae*, est la troisième espèce la plus fréquemment trouvée. *F. proliferatum* et *F. verticillioides* (producteurs des fumonisines et connus comme des agents pathogènes importants sur le maïs) apparaissent comme des agents pathogènes plutôt faibles sur le blé tendre tout comme *F. sporotrichioides* (producteur de T2 et HT2). La répartition des espèces observées en France est en accord avec la répartition des espèces de *Fusarium* présentes sur le blé en Europe (Boutigny *et al.*, 2014).

Résistance de type III contre les trichothécènes de type A

Les trichothécènes DON, NIV, HT2 et T2 sont tous phytotoxiques sur le blé. Toutes les toxines provoquent des symptômes similaires à ceux induits par les espèces *Fusarium* (blanchiment des épillets, la propagation des symptômes du bas vers le haut, le flétrissement de la partie supérieure de l'épi dessus du point de traitement).

Quel que soit le solvant utilisé, une variabilité significative importante de la résistance aux 4 trichothécènes a été détectée et les lignées avec le gène de résistance *Fhb1* (20812.2.2, 20568.1.3, 20818.1.2, RHT423) montrent le niveau de résistance le plus élevé non seulement pour la DON, mais aussi pour les autres trichothécènes.

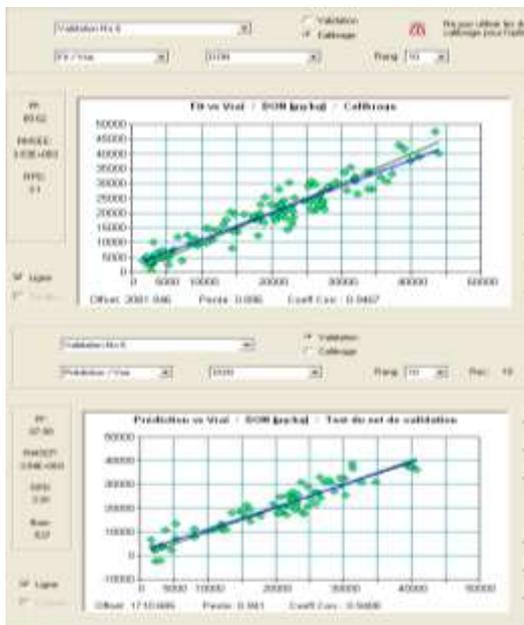
Il existe une différence importante de toxicité entre les trichothécènes: HT2 ≈ DON > NIV ≈ T2.

Il y a une relation étroite ($r =$ de 0.74 à 0.89) de la résistance des génotypes aux différents trichothécènes en utilisant le solvant non toxique.

Utilisation du FT-NIR comme outil prédictif de la résistance

La mesure a été réalisée sur une boîte de Pétri en rotation. Deux mesures par échantillon ont été moyennées. La droite a été construite à partir des spectres obtenus entre 4 605.4 et 4 242.8 cm^{-1} ondes.

Une droite de calibration a été construite à partir des spectres obtenus sur les grains et la farines des génotypes inoculés en 2011 et 2012. La valeur de référence utilisée provenait des concentrations de DON obtenues par GC-MS/MS. Les concentrations varient de 116 à 43 500 $\mu\text{g}/\text{kg}$. Soixante dix pour cent des échantillons ont été utilisés pour la calibration et 30% pour la validation.



Bien que le coefficient de détermination (R^2) obtenu indique que la droite de calibration peut prédire une valeur approximative et que le standard deviation of reference data (RPD = 2.9) prouve que la classification obtenue serait acceptable mais grossière (Williams, 1997), la valeur de l'erreur de prédiction (RMSEP) est si élevée (36 300 $\mu\text{g}/\text{kg}$) qu'elle couvre une grande partie de la gamme de concentrations disponibles (116 à 43 500 $\mu\text{g}/\text{kg}$): l'erreur est plus grande que les concentrations réelles de sorte que la

droite de détermination ne peut pas être utilisée pour des prévisions réalistes. Ainsi, si la droite est utilisée pour la prédiction de DON à partir de génotypes inoculés par *F. sporotrichioides*, on obtient des prédictions négatives.

Girolamo et al, (2009) avait obtenu des résultats similaires sur le coefficient de détermination d'échantillons de blé naturellement contaminés ($r^2 = 0.82$, RPD = 2.0); mais leur RMSEP était seulement de 348 $\mu\text{g}/\text{kg}$ alors que la concentration de DON de leurs échantillons variait de 0 à 2 290 $\mu\text{g}/\text{kg}$. Pour l'industrie, la valeur seuil est située de 200 $\mu\text{g}/\text{kg}$ à 1 250 $\mu\text{g}/\text{kg}$. Or dans cette gamme, la droite de prédiction obtenue n'est pas bonne et les erreurs d'estimation sont importantes. Avec le panel utilisé, inoculé artificiellement, les valeurs obtenues peuvent être jusqu'à 10 fois supérieures à celles obtenues avec une contamination naturelle. Ceci suggère que l'utilisation du FT-NIR pour la détermination de DON nécessiterait le développement d'une droite de calibration à partir d'échantillons naturellement contaminés pour être dans la bonne gamme de calibration.

4. Conclusions

Les résultats des 3 années sont cohérents et permettent d'identifier des parallèles entre la résistance au champignon et la contamination par les toxines.

Parmi les génotypes de blé d'hiver testés, il ya une grande variation génétique pour la sévérité de la fusariose mesurée par des symptômes visuels tout comme il y a une grande variabilité de la résistance aux quatre trichothécènes (DON, T2, HT2 et NIV). Les lignées avec le gène de résistance de type II *Fhb1* montrent un niveau de résistance plus élevé non seulement pour la DON, mais aussi pour les autres trichothécènes testés.

La sévérité de la maladie est plus prononcée avec *F. graminearum* qu'avec *F. sporotrichioides* et une différence significative de toxicité des trichothécènes a été observée (toxicité: HT2 ≈ DON > NIV ≈ T2)

La résistance à *F. graminearum* est fortement corrélée à la résistance à *F. sporotrichioides* et une relation étroite ($r=0,74$ à 0.89) entre la résistance des génotypes aux différents trichothécènes a été observée. La teneur en mycotoxines est élevée et cohérente avec le champignon inoculé: l'inoculation avec *F. graminearum* conduit à la contamination par de la DON et l'inoculation par *F. sporotrichioides* à la contamination par T2 et HT2.

Ni la hauteur de la plante ni la date d'épiaison ne sont systématiquement associées à la réponse à la fusariose. Même si les lignées hautes ont tendance à être moins atteintes, plusieurs génotypes avec une paille courte présentent une bonne résistance à la fusariose et des

génotypes résistants ont été trouvés dans toutes les classes de précocité.

L'extrusion des anthères est négativement corrélée avec la sévérité la fusariose, les lignées qui expulsent la plupart ou la totalité de leurs anthères peu de temps après la floraison sont moins fusariées que les lignées qui conservent leurs anthères dans les fleurs. Une extrusion des anthères rapide et complète pourrait être un élément de résistance passive chez le blé. Une sélection pour une extrusion des anthères élevée semble une cible de la sélection indirecte prometteuse pour une faible sensibilité à la fusariose.

La teneur en ADN fongique a montré une bonne corrélation avec la sévérité des symptômes de *Fusarium* sur les épis et les grains (0.53-0.58) et avec la contamination par les mycotoxines (0.61-0.78). La qPCR est donc un outil efficace pour suivre la résistance dans les essais. Le FT-NIR ne semble, par contre, pas adapté au suivi des concentrations très faibles de toxines à détecter.

Bien que *F. graminearum* soit l'espèce la plus répandue dans les échantillons naturellement infectés en France (prévalence > 35%), les espèces productrices de T2 et HT2 *F. langsethiae* (8%) et *F. sporotrichioides* (4%) représentaient, ensemble, 12% des isolats de *Fusarium* identifiés. Cela représente une menace non négligeable pour la sécurité alimentaire du blé, car T2 et HT2 sont considérés comme beaucoup plus toxiques que la DON. De plus sous la pression élevée de la maladie au niveau des lignées sensibles dans les parcelles ensemencées par *F. sporotrichioides*, *F. graminearum* et de la DON ont été trouvés, indiquant l'existence de fonds d'infections «naturels».

La recherche d'association avec un très grand nombre de marqueurs est complexe et nécessite une grande rigueur dans l'interprétation des résultats. Très peu de marqueurs ont montré une forte association avec des symptômes de fusariose. La résistance à la fusariose dans ce panel de lignées semble régi par de multiples QTL à effet relativement faible et hautement spécifiques du milieu et de l'année.

Références bibliographiques

- Boutigny A-L, Ward T.J., Ballois N., Iancu G., Ios R.** (2014) Diversity of the *Fusarium graminearum* species complex on French cereals. *European Journal of Plant Pathology* 138:133-148
- De Girolamo A., Lippolis V., Nordkvist E., Visconti A.** (2009) Rapid and non invasive analysis of deoxynivalenol in durum and common wheat by Fourier-Transform Near Infrared (FT-NIR) spectroscopy. *Food Additives and Contaminants A* 26:907-917
- Nelson P.E., Toussoun T.A., Marasas W.F.O.** (1983) *Fusarium species: an illustrated manual for identification*. The Pennsylvania State University Press, University Park and London.
- Nirenberg H.** (1981) A simplified method for identifying *Fusarium* spp. occurring on wheat. *Canadian Journal of Botany* 59:1599-1609.
- Williams P. C.** (1997) Recent advances in near-infrared applications for the agricultural and food industries. *Proceedings: International Wheat Quality Conference. Manhattan, Kans.* Manhattan, Kans., Grain Industry Alliance