

La fusariose des épis des céréales à paille : synthèse de 10 années de recherche pour une meilleure gestion intégrée de la maladie.

Romain Valade (1), Béatrice Orlando (2), Claude Maumene (2), Valérie Laval (3), Anne-Sophie Walker(3), Renaud Ios (4), Anne-Laure Boutigny (5), Valérie Cadot (6), Marie Foulongne-Oriol (7), Florence Forget (7), Vessela Atanasova-Penichon (7), Cyrille Saintenac (8), Ludovic Bonhomme (8), Thierry Langin (8) Frédéric Serre (9), Delphine Taillieu (10), Pierre Roumet (11), Emmanuelle Gourdain (2)

- (1) Arvalis, Thiverval-Grignon,
(2) Arvalis, Boigneville,
(3) INRA UMR BIOGER, Thiverval-Grignon,
(4) ANSES LSV, Malzéville,
(5) ANSES LSV, Angers,
(6) GEVES, Beaucouzé,
(7) INRA UR MycSA, Bordeaux,
(8) INRA UMR GDEC,
(9) INRA UE PHACC, Clermont Ferrand,
(10) Florimond-Desprez, Cappel en Pévèle,
(11) INRA UMR AGAP, Montpellier

r.valade@arvalis.fr

La fusariose de l'épi (FHB) est une maladie des céréales causée par un complexe d'espèces de champignons phytopathogènes des genres *Fusarium* et *Microdochium*, ayant des caractéristiques épidémiologiques différentes et productrices ou non de différentes toxines. Le FHB entraîne d'importantes pertes de rendement et des problèmes de qualité sanitaire et technologique dans toutes les régions tempérées du globe. La composition du complexe d'espèces est différente selon les céréales, très dépendante du climat de l'année et de l'itinéraire technique. Ces espèces peuvent avoir des sensibilités différentes aux fongicides utilisés et des comportements différents vis à vis des résistances présentes dans les variétés. Ainsi, il est essentiel de connaître ces caractéristiques pour mettre en œuvre les méthodes de lutte intégrée adaptées à cette maladie. Depuis plus de 10 ans, plusieurs programmes de recherche ont permis des avancées significatives sur cette thématique. Des outils ont été développés et ont permis de caractériser plus précisément les populations fongiques selon les céréales et leurs interactions. Des modèles ont été développés pour prédire le risque et adapter les moyens de lutte. Les mécanismes moléculaires impliqués dans l'interaction entre les gènes de la plante et la pathogénicité des espèces fongiques commencent à être décryptés. Des méthodes de phénotypage se développent pour aider à la caractérisation de la sensibilité variétale et des méthodes de lutte directe utilisant des produits de biocontrôle sont en développement. L'objectif de cet article est de synthétiser les principaux résultats acquis dans l'objectif d'une protection intégrée vis-à-vis de la fusariose des épis des céréales.

Fusarium head blight (FHB) is a cereal disease caused by a complex of plant pathogenic fungal species of the genera *Fusarium* and *Microdochium*, with different epidemiological characteristics and producing or not different toxins. The FHB causes significant yield losses, health issues and technological quality concerns in all temperate areas worldwide. The composition of the species complex is different according to the cereal, depending on the climate of the year and the agronomic practices. These species may have different susceptibilities to the fungicides used and different behaviors towards genetic resistance. Thus, investigating these characteristics is required to implement integrated pest management strategies adapted to this disease. For more than 10 years, several research programs have led to significant progress in this area. Tools have been developed to more accurately characterize fungal populations and their interactions. Models have been developed to predict the risk and to adapt control measures. The molecular mechanisms involved in the interaction between plant genes and the pathogenicity of fungal species are beginning to be deciphered. Phenotyping methods are being developed to help in the characterization of varietal susceptibility and direct control methods using biocontrol products are under investigation. The goal of this paper is to review the main results obtained in the context of integrated management of fusarium head blight.

INTRODUCTION

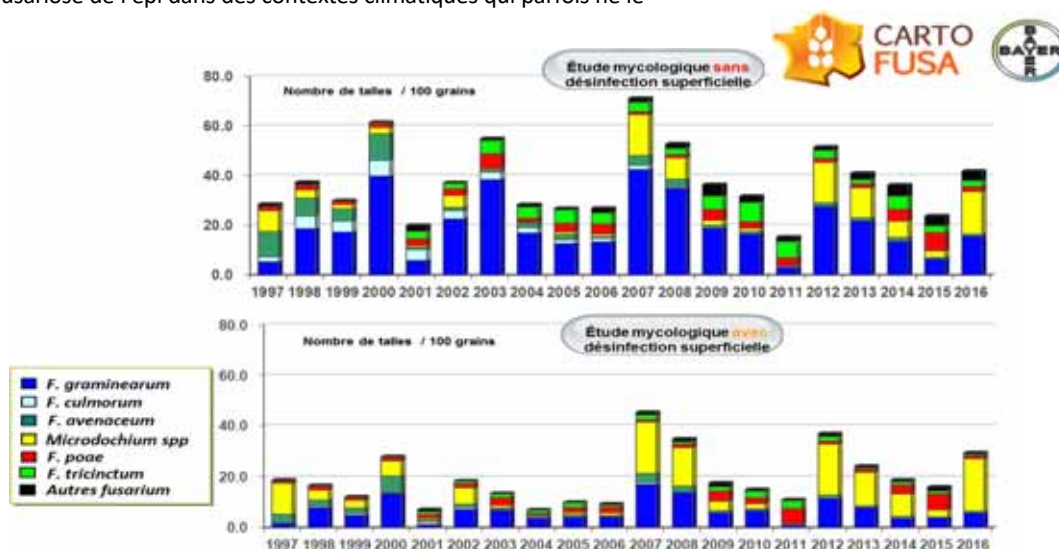
La fusariose de l'épi est une maladie des céréales causée par un complexe d'espèces présentes en fréquence variable sur les grains pouvant entraîner des pertes importantes de rendement. En effet, la nuisibilité associée aux attaques de « fusariose » peut atteindre plus de 20q/ha dans des conditions extrêmes. Ainsi, les années « dites à fusariose » peuvent engendrer des pertes économiques conséquentes pour un agriculteur, d'autant plus que le traitement fongicide, dans des conditions optimales d'application, n'a que 50 à 75% d'efficacité (essais Arvalis). Associée à cette perte économique directe pour l'agriculteur, il existe un enjeu sanitaire de taille puisque certaines espèces du complexe fusarien sont susceptibles de produire des mycotoxines dans les grains et ainsi dégrader la qualité sanitaire de la récolte et des produits qui en découlent. Or, depuis le 1^{er} juillet 2006, la filière céréalière est soumise au règlement européen 1831/2003 qui fixe des teneurs maximales en déoxynivalenol (DON). Concernant les céréales à paille, la teneur maximale est de 1250 µg/kg exception faite du blé dur pour lequel la teneur maximale est de 1750µg/kg. Ainsi, le respect des limites réglementaires est devenu une nouvelle condition d'accès au marché et les répercussions économiques peuvent être considérables en cas de déclassement des lots non conformes.

La lutte contre cette maladie est rendue particulièrement difficile en raison de la diversité des espèces pathogènes qui en sont responsables et qui possèdent des caractéristiques épidémiologiques différentes. Ainsi, deux genres fongiques sont principalement impliqués dans la fusariose du blé tendre comme du blé dur en Europe : *Microdochium*, avec deux espèces majoritaires *M. nivale* et *M. majus* (Glynn *et al.*, 2005) et *Fusarium*. Une vingtaine d'espèces du genre *Fusarium* a pu être isolée et identifiée à partir de grains de blé fusariés (Parry *et al.*, 1995). Au sein du genre *Fusarium*, les espèces prédominantes en Europe sont *F. graminearum* (complexe d'au moins 16 espèces cryptiques, Wang *et al.*, 2011), *F. culmorum*, *F. avenaceum* et *F. poae* (Bottalico et Perrone, 2002 ; loos *et al.*, 2004). Si les souches du genre *Microdochium* sont non toxigènes, les espèces de *Fusarium* sont susceptibles de produire toute une diversité de mycotoxines dont les trichothécènes B et en particulier le DON, synthétisé principalement par *F. graminearum* et *F. culmorum*.

Depuis la mise en place de cette réglementation, 1 à 1.5 millions d'ha de blés ont reçu chaque année une protection contre la fusariose de l'épi dans des contextes climatiques qui parfois ne le

justifiaient pas *a posteriori*. Des critères objectifs de prise de décision existent mais restent encore à perfectionner, en particulier concernant la lutte contre *Microdochium*. Or, dans un contexte de réduction programmée de l'utilisation des produits phytopharmaceutiques dictée par les différents plans Ecophyto (objectif de réduction de 50% en 2025), le traitement de l'épi pourrait être un levier pour aider à la réduction. Cet objectif doit s'accompagner du maintien d'une agriculture qui satisfasse les débouchés alimentaires, les enjeux économiques et sanitaires. Il est donc nécessaire de disposer des outils les plus performants possibles pour mettre en œuvre une protection intégrée de l'épi. Les fongicides peuvent avoir un fort pouvoir structurant sur les populations de *Fusarium* et *Microdochium* observées sur le grain et peuvent déplacer les équilibres de flore dans un sens favorable ou défavorable à la qualité sanitaire. Un choix approprié des matières actives actuelles accompagné d'un positionnement judicieux des applications permis par la prise en compte des différentes espèces fongiques présentes sur les épis d'une parcelle permet ainsi de limiter les applications inutiles et d'éviter de favoriser les espèces toxigènes. Ces applications doivent également tenir compte de l'émergence de nouvelles populations résistantes aux différentes familles de fongicides (Walker *et al.*, 2009). Avec des débouchés exclusivement en alimentation humaine et des variétés utilisées sensibles à très sensibles à la fusariose, l'enjeu sur blé dur est d'autant plus important que le traitement anti-fusariose est aujourd'hui quasi-systématique pour assurer des blés de bonne qualité sanitaire. Dans ce cas, le développement de produits de biocontrôle pourrait s'avérer une solution alternative incontournable.

Depuis plus de 10 ans, plusieurs programmes de recherche ont permis des avancées significatives dans la gestion intégrée de la fusariose des épis. Des outils ont été développés et ont permis de caractériser plus précisément les populations fongiques selon les céréales à paille et leurs interactions. Des modèles ont été développés pour prédire le risque et adapter les moyens de lutte. Les mécanismes moléculaires impliqués dans l'interaction entre les gènes de la plante et la pathogénicité des espèces fongiques commencent à être décryptés. Des méthodes de phénotypage se développent pour aider à la caractérisation de la sensibilité variétale et des méthodes de lutte directe utilisant des produits de biocontrôle sont en développement. L'objectif de cet article est de synthétiser les principaux résultats acquis, à ce jour, qui ont permis le déploiement d'une protection intégrée vis-à-vis de la fusariose des épis des céréales.



1. UN COMPLEXE D'ESPÈCES VARIABLE SELON LES ANNÉES ET LES CÉRÉALES.

Afin de pouvoir lutter efficacement contre une maladie cryptogamique et utiliser les bons leviers de la lutte intégrée, il est primordial de connaître avec précision l'espèce en cause. Or, dans le cas de la fusariose des épis, la maladie est causée par un complexe d'espèces du genre *Fusarium* et *Microdochium*. Cependant, associer visuellement un symptôme à une ou plusieurs espèces de *Fusarium*, même parmi les principales, reste difficile voire impossible. Depuis le début des années 2000, un effort significatif a été mené pour caractériser les espèces présentes en France. L'étude de la diversité du complexe *Fusarium* et *Microdochium* est classiquement réalisée par des techniques microbiologiques. Les souches sont isolées à partir des grains de blé cultivés sur des milieux de culture adaptés, elles sont ensuite purifiées puis identifiées morphologiquement par observation de différents critères : aspect du mycélium, vitesse de croissance, forme et taille des spores, etc...

En 2004, Iloos et collaborateurs ont mis en évidence la présence majoritaire de *F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *Microdochium* spp. et *F. poae*. BayerCropScience, avec l'opération CartoFusa (parcelles agriculteurs enquêtées depuis 1997), a également mis en évidence, les mêmes espèces prédominantes pour le blé tendre (figure 1). Ces données ont également permis de montrer une variabilité importante de la composition du complexe d'espèces selon les années d'études et des modifications au cours du temps. Par exemple, *F. culmorum*, est une espèce qui était fréquemment détectée au début des années 2000 ; or, depuis 2008, cette espèce est significativement moins présente en France. A l'inverse, le genre *Microdochium* est plus fréquemment rencontré depuis 2007. Ces changements dans la composition du complexe d'espèces peuvent être dus à plusieurs facteurs non encore déterminés (changements dans les pratiques agronomiques, climat, lutte génétique ou encore la lutte chimique).

Ces méthodes microbiologiques de diagnostic ont des limites. En effet, la compétition entre plusieurs espèces lors de la phase d'isolement peut masquer la présence de certaines d'entre elles, tout comme les milieux utilisés ou la température. De plus, l'identification morphologique des espèces de *Fusarium* exige une grande expertise qui n'est pas suffisante dans le cas de certaines espèces cryptiques de *Fusarium*, comme celles du complexe d'espèces *F. graminearum* s.l. (FGSC), qui ne sont pas identifiables morphologiquement.

Ainsi, depuis quelques années, de nouveaux outils ont été développés pour caractériser plus précisément la composition du complexe d'espèces. Ces outils basés sur les techniques de biologie moléculaire (PCR quantitative, metabarcoding, ...) permettent de différencier plus rapidement et facilement les espèces. D'ailleurs, ces méthodes moléculaires sont les seules qui permettent de discriminer *M. majus* de *M. nivale*. En effet, il est quasi-impossible de différencier ces deux espèces par des méthodes visuelles.

Dans le cadre d'un projet ANR (Don&Co, 2011-2014), un set d'outils moléculaires (PCR quantitative) a été développé afin de permettre la détection et la quantification des 7 espèces fusariennes (*F. graminearum*, *F. culmorum*, *F. avenaceum*, *F. sporotrichioides*, *F. poae*, *F. langsethiae*, *F. tricinctum*) et des 2 espèces de *Microdochium* (*M. nivale*, *M. majus*), les plus fréquemment rencontrées en France (Elbelt et al., 2018). Dans cette période, l'espèce majoritairement retrouvée sur les blés

français (dur et tendre) est *F. graminearum*. Cette espèce représente entre 60 et 90% des espèces quantifiées suivant les échantillons. Trois autres espèces sont retrouvées dans 84 % des échantillons: *M. majus* (10%- 30 %), *M. nivale* (10% - 30 %) et *F. avenaceum* (5% -15%). *F. culmorum* est très peu quantifié sur les trois années du projet ce qui confirme sa quasi-disparition sur les blés cultivés en France.

Plusieurs projets de recherche se sont concentrés sur les 3 espèces dominantes (*F. graminearum*, *M. nivale* et *M. majus*). Ainsi, entre 2007 et 2017, plus de 800 parcelles agriculteurs ont été enquêtées et ont permis de quantifier l'ADN de ces 3 espèces à la récolte (figure 2, Valade et al., 2018). Ces données ont permis de mettre en évidence la variabilité interannuelle importante liée au climat qui structure fortement les populations pathogènes. En effet, l'équilibre entre les espèces est modulé par le climat dont la température qui est un facteur déterminant. Les températures fraîches à la floraison sont plus favorables à *Microdochium* spp. qu'à *F. graminearum* (Gourdain et al., 2013). D'autres variables climatiques ont également été identifiées comme la somme de pluie autour de la floraison ou des combinaisons entre le nombre de jours de pluie et les températures à des stades phénologiques différents (Valade et al., 2018). Ces analyses ont permis de mettre en évidence que les variables climatiques avec un effet significatif sur la présence des espèces peuvent être différentes entre *Microdochium* et *F. graminearum*. Néanmoins, elles ont également permis de mettre en évidence une co-occurrence fréquente entre ces 3 espèces (Gourdain et al., 2015, Taillieu et al., 2019). Les corrélations significatives et positives montrent qu'il n'y a pas d'exclusion entre *F. graminearum* et *Microdochium*. Les analyses statistiques sur les quantifications ont démontré que les trois espèces fongiques pouvaient co-exister sur une même parcelle sans phénomène de compétition et plus particulièrement d'exclusion. Il a aussi été mis en évidence une très bonne corrélation entre les deux espèces de *Microdochium* et ce indépendamment de l'année et l'espèce de blé considérée (Gourdain et al., 2015 ; Taillieu et al., 2019).

Le développement de technologies de séquençage à haut débit a permis d'accéder à la diversité de communautés de microorganismes (Buée et al., 2009; Bik et al., 2012) de façon beaucoup plus exhaustive. Ces techniques permettent un séquençage massif de marqueurs ADN (Barcode) utilisés pour caractériser les espèces. Boutigny et al. (2019) ont développé un outil basé sur les technologies de séquençage à haut débit, exploitant la variabilité du gène EF1- α , afin de détecter sans *a priori* l'ensemble des espèces de *Fusarium* présentes au sein d'échantillons de terrain.

L'utilisation de ce nouvel outil a permis de mettre en évidence la présence de 17 espèces différentes de *Fusarium* dans les échantillons de blé tendre, blé dur et orge analysés. *F. graminearum* et *F. poae* sont présentes dans la majorité des échantillons. Certaines espèces de *Fusarium* sont spécifiquement détectées dans l'orge : *Fusarium thapsinum*, *Fusarium torulosum*, *Fusarium subglutinans*, *Fusarium redolens*, *Fusarium oxysporum*, *Fusarium mahaseni* ou dans le blé : *Fusarium proliferatum*.

L'avantage de cet outil est de pouvoir appréhender la diversité du complexe *Fusarium* sans *a priori*, contrairement à d'autres techniques classiquement utilisées en biologie moléculaire (tests PCR ou PCR en temps réels, qui sont espèces-spécifiques). En outre, il s'affranchit des problèmes de compétition et d'identification morphologique délicate des

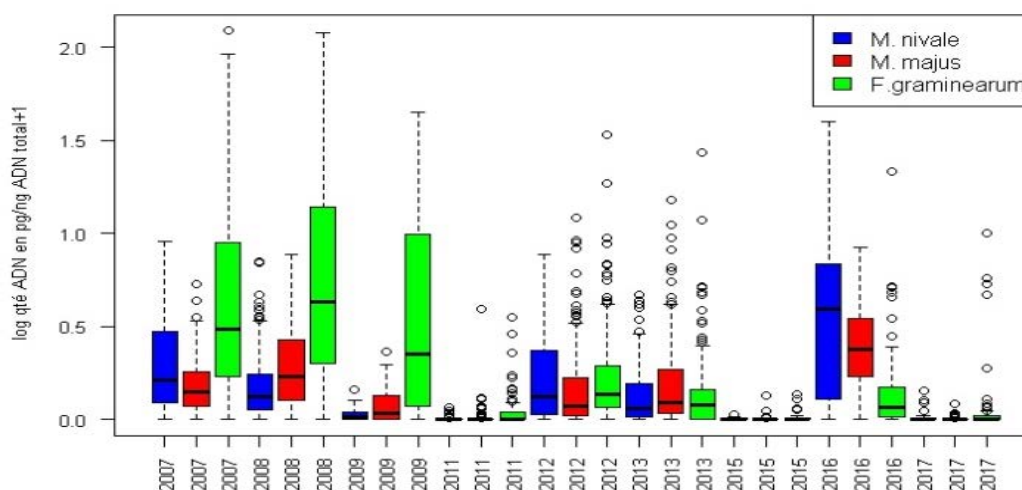


Figure 2. Quantité d'ADN (en log +1) de *Microdochium nivale* (bleu), *Microdochium majus* (rouge), *F. graminearum* (vert) selon les années de récolte entre 2007 et 2017 (n=825).

espèces rencontrés en isolement mycologique. La mise à disposition de cet outil permettra de mener des études épidémiologiques sur la diversité du complexe *Fusarium* sur céréales en France. Il détectera et gèrera aussi plus efficacement les émergences d'espèces de *Fusarium* ou toute modification de la prévalence des espèces impliquées, et donc le risque toxigène associé. Son utilisation devrait participer, à moyen terme, à l'adoption de nouvelles stratégies en matière d'utilisation de produits phytopharmaceutiques et de pratiques agricoles.

Au-delà de la diversité interspécifique observée, il est également indispensable de connaître la variabilité présente au sein d'une espèce. Ainsi, la diversité génétique observée au sein d'une population et les flux de gènes entre populations contribuent fortement à la capacité d'adaptation des organismes. Chez *F. graminearum*, espèce majoritaire responsable de la fusariose, une très grande diversité phénotypique (aptitude à produire des toxines, pathogénicité sur blé ...) et génétique a été démontrée (Pinson-Gadais *et al.*, 2013). Plusieurs analyses sur des populations de *F. graminearum* issues de parcelles françaises ont été réalisées à l'aide de marqueurs microsatellites et/ou SNP (single nucleotide polymorphism) et confirment la variabilité génétique importante existante au sein de l'espèce. La séquence complète de 6 génomes de souches françaises de *F. graminearum* a été obtenue par reséquençage. Une très grande diversité génétique existe au sein de ces isolats avec 3.8 variant/Kb. Une analyse approfondie de ces variants nucléotidiques a permis de caractériser finement la diversité génomique existante. Celle-ci se singularise par une organisation bipartite selon le niveau de polymorphisme, fortement corrélé au taux de recombinaison, et à la distribution des fonctions des gènes. L'hypothèse d'un génome à deux vitesses chez ce pathogène a été proposée et laisse suggérer une très forte capacité évolutive de l'espèce (Laurent *et al.*, 2017). Des travaux similaires sont également en cours sur d'autres espèces du complexe fusarien, notamment *F. avenaceum*, *F. tricinctum* et *Microdochium spp.* Ces données sont indispensables pour anticiper l'émergence de nouveaux isolats potentiellement plus pathogènes.

2. MYCOTOXINES ET ESPECES FUSARIENNES

Les mycotoxines produites par les espèces fusariennes, aussi appelées fusariotoxines appartiennent à plusieurs familles de molécules : les trichothécènes, majoritairement de type B comme le déoxynivalénol (DON) et formes acétylées, le nivalénol (NIV) et sa forme acétylée ; parmi les trichothécènes de type A, citons les toxines T-2 et HT-2 ; les fumonisines et la zéaralénone (ZEA). D'autres fusariotoxines sont également identifiées, comme par exemple les enniatines, la beauvericine, la moniliformine et la fusarine C (Charmet *et al.*, 2016). Ces dernières toxines sont couramment qualifiées d'« émergentes » car étudiées plus récemment. Au moins une vingtaine de mycotoxines produites par les espèces du genre *Fusarium* ont été identifiées comme susceptibles d'engendrer une exposition élevée de l'Homme ou de l'animal au regard des données toxicologiques existantes (Glenn 2007; Bottalico & Perrone 2002). Si chaque espèce présente son propre spectre de production, dans certains cas, des différences sont observées au niveau même de l'espèce et définissent leur chémotype. Par exemple, chez *F. graminearum*, trois chémotypes sont classiquement distingués, et semblent différencier des populations différentes (Van der Lee *et al.*, 2015; Ward *et al.*, 2008). En plus de la ZEA, commune à l'ensemble des souches (Morgavi & Riley 2007; Reddy *et al.*, 2010), les souches produisent majoritairement du DON ainsi que du 15-acétyldéoxynivalénol (chémo type 15-ADON), ou majoritairement du DON ainsi que du 3-acétyldéoxynivalénol (chémo type 3-ADON), ou du nivalénol au lieu du déoxynivalénol (chémo types NIV).

Compte tenu de la présence naturelle du complexe fusarien, la présence de diverses fusariotoxines à des taux quantifiables dans les grains est cohérente. Des corrélations positives sont observées entre mycotoxines résultant de la biosynthèse d'un agent pathogène donné ou résultats de la cooccurrence de différentes espèces de *Fusarium* (Orlando, 2016a). Des corrélations négatives peuvent également être observées, résultant d'une probable compétition entre espèces de *Fusarium* (Orlando *et al.*, 2010).

2.1. Le déoxynivalénol

Le DON, trichothécène de type B, est la mycotoxine la plus abondante en France sur céréales. Plusieurs études menées notamment par Arvalis ont montré une forte corrélation ($r > 0.75$) entre la teneur en DON et la quantification d'ADN de *F. graminearum* dans les grains des enquêtes agriculteurs ainsi que dans l'ensemble des essais menés depuis une dizaine d'années au sein d'ARVALIS où la composition de la flore était variable (Gourdain *et al.*, 2015). Ce résultat confirme le statut de *F. graminearum* comme principal producteur de DON sur le territoire français au détriment de *F. culmorum* notamment. La production de DON par le champignon est un élément important pour sa pathogénicité (mais non obligatoire) et est nécessaire, dans certains hôtes, pour permettre sa progression dans l'épi notamment par le rachis (Foroud *et al.*, 2019).

Cette production de mycotoxines ne semble pas très modulée par la présence d'autres champignons puisque de nombreux échantillons analysés étaient infectés par deux ou trois espèces incluant *F. graminearum* et *Microdochium spp.* en quantité variable et sans que la corrélation entre le DON et la quantité de *F. graminearum* soit significativement affectée (Gourdain *et al.*, 2015). Des études en conditions contrôlées confirment que la réponse des isolats de *F. graminearum* à un compétiteur est très variable et souche dépendante et que la production de mycotoxines serait variable et plus souvent légèrement réduite qu'augmentée (Siou *et al.*, 2015).

2.2. Les toxines T2 et HT2

Les toxines T-2 et HT-2 sont des trichothécènes de type A fréquemment quantifiées sur les céréales françaises. Des travaux conduits par ARVALIS entre 2007 et 2011 ont démontré que l'avoine, qu'elle soit d'hiver ou de printemps, est de loin l'espèce la plus sensible, suivie de l'orge de printemps, du maïs et du blé dur. Le seigle, le blé tendre, l'orge d'hiver et le triticale sont plus faiblement contaminés par ces toxines (Orlando, 2012). D'autres travaux conduits dans le cadre du projet ANR BARSAFE, ont également permis d'identifier *F. sporotrichoides* comme principal responsable des contaminations en toxines T-2 et HT-2 des orges sur 4 des 5 années d'étude, *F. langsethiae* étant le principal contributeur sur une seule année d'étude. L'étude conjointe du DON et des toxines T-2 et HT-2 sur orge met en évidence une corrélation négative entre les 2 toxines (Orlando *et al.*, 2010), ce qui incite à étudier plus précisément les populations fongiques pour mieux comprendre les interactions entre espèces.

Plus récemment, l'EFSA (European Food Safety Authority) a défini une nouvelle Dose journalière Tolérable (DJT) de 0.02µg/kg pc. pour la somme des toxines T-2 et HT-2 (EFSA, 2017) : cette nouvelle DJT est 5 fois plus faible que la précédente, ce qui amène la Commission Européenne à reconsidérer l'actuelle recommandation 013/165/EU concernant les céréales et les produits céréaliers destinés à la consommation humaine et animale. Des discussions sont en cours pour revoir à la baisse les teneurs maximales et pour faire évoluer cette recommandation en réglementation.

2.3. Les toxines « émergentes »

Certaines toxines dites « émergentes » ne font, à ce jour, l'objet d'aucune réglementation mais sont néanmoins régulièrement présentes et donc surveillées par l'EFSA mais aussi ARVALIS (Orlando, 2016b). Parmi ces toxines, les enniatines, la beauvericine et la moniliformine, ont été étudiées dans plus de

1000 échantillons de céréales au cours des dernières années en France (Orlando *et al.*, 2019)

A ce jour, plus de 29 enniatines ont été identifiées dont les enniatines A, A1, B et B1 qui sont les plus fréquentes. L'EFSA (2014) mentionne que ces toxines sont détectées dans 76% des grains en Europe, aux USA et en Afrique du Sud avec une présence plus importante dans l'orge et le seigle. Les teneurs mesurées peuvent dépasser les 1000µg/kg. Les espèces fusariennes susceptibles de produire ces enniatines sont *F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. poae* et *F. sambucinum*. Orlando *et al.* (2019) ont confirmé la détection de ces toxines en France avec des niveaux variables selon les années ; et plus importants pour l'orge de printemps et le triticale suivis par le blé tendre et le blé dur. Cette étude a permis de mettre en évidence que *F. tricinctum* est la principale source de contamination en enniatines pour le blé dur et l'orge de printemps. *F. avenaceum* est également un important contributeur dans ces deux céréales et est le principal dans le blé tendre et le triticale. A l'inverse, même si *F. poae* est fréquemment rencontré, sa contribution n'est pas significative pour les céréales étudiées excepté pour le blé tendre.

Ces résultats montrent que la maîtrise de la qualité sanitaire passe par la connaissance précise des populations fongiques, qui varient selon les céréales, afin de pouvoir utiliser les leviers de la protection intégrée qui sont les plus efficaces vis à vis des agents pathogènes cibles. D'autres études sont à mener pour comprendre les interactions entre les espèces et les différentes variables agro-climatiques qui conduisent à la présence d'enniatiens.

De même, la beauvericine et la moniliformine, susceptibles d'être produites par plusieurs espèces de *Fusarium* (*F. avenaceum*, *F. tricinctum*, *F. poae*, *F. sporotrichoides*, *F. sambucinum*, *F. subglutinans*, *F. proliferatum*) sont détectées en France mais essentiellement sur le maïs. Néanmoins, elles peuvent aussi être identifiées sur céréales à paille.

3. LA LUTTE GENETIQUE ET LES OUTILS DE PHENOTYPAGE

3.1. La résistance génétique à la fusariose

Pour limiter les contaminations en fusariotoxines, la meilleure stratégie est de combiner les pratiques agronomiques avec la lutte génétique, c'est-à-dire, l'utilisation de variétés résistantes à la fusariose des épis. Néanmoins, la diversité des espèces en cause, les différents types de résistance et la difficulté à phénotyper les variétés rendent l'amélioration génétique plus difficile que pour d'autres maladies.

La génétique de la résistance à la fusariose est quantitative : aucune variété à résistance totale n'a été identifiée. A ce jour, cinq types de résistance peuvent être distingués pour les céréales à paille (Foroud *et al.*, 2019) :

- la résistance à l'infection initiale (type I),
- la résistance à la propagation du champignon dans les tissus végétaux (type II),
- la capacité de dégrader les mycotoxines (type III),
- la résistance à l'accumulation en mycotoxine (type IV)
- la résistance à l'infection du grain (type V).

Le patrimoine génétique des céréales, et plus particulièrement du blé, démontre une grande variabilité génétique pour la résistance à la fusariose des épis (Buerstmayr *et al.*, 2009). Actuellement, plus de 550 régions génomiques, appelées QTL pour « Quantitative Trait Loci » présentes sur l'ensemble des chromosomes ont été associées à la résistance à la fusariose chez le blé (Buerstmayr *et al.*, 2009 ; Dhokane *et al.*, 2016 ; Steiner *et al.*, 2019), et près d'une trentaine chez l'orge (Bai et Shaner 2004; Massman *et al.*, 2011) ce qui témoigne de la complexité des mécanismes mis en œuvre.

Chez le blé tendre, ces QTLs ont pour la plupart des effets quantitatifs assez faibles les rendant inefficaces en cas de forte pression parasitaire ou de conditions climatiques favorables au développement des cortèges fusariens (Buerstmayr *et al.*, 2009). Les sources de résistance les plus efficaces ont été identifiées chez la variété chinoise Sumai3, avec notamment l'identification du QTL Fhb1. Le clonage de ce QTL a montré que son effet reposait sur l'existence d'un gène dont l'expression favoriserait le développement de la maladie (TaHRC, Su *et al.*, 2019 ; Li *et al.*, 2019). Cet exemple illustre l'existence de facteurs dits « de sensibilité » à la fusariose qui contribuent à l'établissement de l'agent pathogène dans l'épi. L'utilisation d'allèles spécifiques des gènes qui les contrôlent constitue donc une véritable alternative pour la diversification des sources de résistances actuelles. Si les composantes moléculaires de la sensibilité à la fusariose demeurent encore une boîte noire, différentes études ont d'ores et déjà montré qu'elles impliquent une grande diversité de fonctions, qu'elles s'expriment en lien étroit avec le développement du grain et qu'elles pourraient être activées par des acteurs moléculaires fongiques appelés effecteurs de pathogénie (Chétouhi *et al.*, 2016, Fabre *et al.*, 2019).

Les études réalisées sur le blé dur sont moins documentées. La faiblesse de la résistance à la fusariose au sein des lignées élites a incité la communauté internationale à rechercher des sources de résistance dans du matériel plus exotique. Des accessions exprimant des niveaux de résistance conséquents ont été identifiées au sein de la forme sauvage (*T. turgidum dicoccoides*), primitive à grains vêtus (*T. turgidum dicoccum*) ou à grains nus (*T. turgidum carthlicum*) (Gilbert, 1998 ; Buerstmayr *et al.*, 2003 ; Kumar *et al.*, 2007 ; Oliver *et al.*, 2007). Des niveaux de résistance modérée ont également été observés au sein de populations locales traditionnelles syrienne (Talas *et al.*, 2011) ou tunisienne (Fakhfakh, *et al.*, 2011).

La localisation des QTL de résistance identifiés au sein des formes *T. turgidum* ssp. ainsi que la comparaison d'haplotypes aux QTL de résistance avec ceux obtenus pour le blé tendre suggère que cette variabilité génétique apporte de nouvelles sources de résistances. Les régions chromosomiques identifiées ne se regroupent que partiellement avec celles du blé tendre (variétés locales tunisiennes Huhn *et al.* 2012; 7AL et 2AL (*T. dicoccoides*, Kumar *et al.*, 2007, Garvin *et al.*, 2009); 2BL et 6BS (*T. carthlicum*, Somers *et al.*, 2006). En France, l'évaluation d'une core collection de *T. turgidum* ssp comprenant des formes sauvages, primitives et modernes a mis en évidence le potentiel de résistance important d'accessions appartenant aux sous espèces *T. dicoccum* et *T. carthlicum*. Cette résistance à l'infection par *F. graminearum* et à son développement au sein de l'épi s'accompagne également d'une faible accumulation de fusariotoxines et notamment des TCTB (DON) sur les grains matures (Trottet *et al.*, 2014). Depuis 2009, l'étude de cette

résistance s'est prolongée dans le cadre d'une collaboration entre le GIE blé dur, Arvalis et l'Inra. Elle a été ciblée sur la résistance apportée par un géniteur Dic2. Ce géniteur apporte un niveau de résistance très supérieur à ceux observés au sein de la forme cultivée; il a été identifié dès 2002 et l'ensemble des expérimentations mises en place (conditions de plein champ ou de tunnel) n'ont jamais démenti ce comportement. Une étude comparative de la composition en composés phénoliques de différentes ressources génétiques de blé dur a mis en évidence l'existence spécifique de molécules de type flavone (vitexin, orientin et isoscoparin) dans les épis de ce géniteur et a soulevé l'hypothèse du rôle de ces flavones dans la résistance à l'accumulation de fusariotoxines. Lors de l'étude de la descendance entre ce géniteur Dic2 et une variété sensible (Silur), 2 régions chromosomiques situées respectivement sur le bras court du chromosome 1B et le bras long du chromosome 5A ont été identifiées. La région du chromosome 1B a été également identifiée pour affecter la concentration des composés flavonoïques confortant l'hypothèse du rôle de ces composés dans l'interaction plante-*Fusarium*.

Concernant la résistance variétale à *Microdochium* spp., très peu de données sont disponibles dans la littérature. Des études récentes menées en France dans le cadre du projet FSOV *Microdochium* ont montré qu'il existe des différences variétales dans la résistance (Taillieu *et al.*, 2019). Ainsi, du progrès génétique est possible pour lutter contre *Microdochium* même si aucune résistance totale n'a été observée et que peu de QTL ont été caractérisés. Dans cette étude, il n'a pas été mis en évidence de différences marquantes pour les variétés testées entre *M. majus* et *M. nivale*. Dans l'ensemble, les variétés sensibles à *F. graminearum* le sont aussi à *Microdochium* spp. Les analyses statistiques réalisées sur le réseau d'essais de caractérisation des sensibilités variétales ne permettent pas de prouver la présence d'une interaction entre la variété et la typologie de l'essai (répartition des différentes espèces fongiques entre *Microdochium* et *F. graminearum*). Ce résultat s'expliquerait notamment par les méthodes de sélection qui sont essentiellement basées sur des notations visuelles qui permettent difficilement de différencier les espèces. Ainsi, les génotypes avec des épis fusariés sont contre-sélectionnés sans prendre en compte les espèces présentes. Cependant, des données récentes (Taillieu *et al.*, 2019) suggèrent des différences pour certaines variétés, pouvant ainsi mettre en évidence des mécanismes de résistance différents. Enfin, certains résultats suggèrent que les variétés présentent des niveaux de résistance différents selon l'organe attaqué. Ainsi, certaines variétés semblent plus sensibles sur feuilles que sur épis (ou l'inverse).

3.2. Le progrès génétique en France

Aucune variété de céréales n'est totalement résistante à la fusariose de l'épi au sens large. En France, un protocole d'évaluation CTPS de la résistance variétale à *F. graminearum* est en vigueur actuellement pour trois espèces : le blé tendre, le blé dur et le triticale pour l'inscription des variétés au catalogue français. La réglementation CTPS encourage le développement de variétés résistantes à la fusariose de l'épi, en leur octroyant un bonus afin de faciliter leur inscription au Catalogue français et défavorise les variétés sensibles en délivrant un malus sans prendre en compte la sensibilité à *Microdochium* qui pourrait être différente. L'effort de sélection en blé tendre en France a permis une élévation du niveau de

résistance à la fusariose causée par *F. graminearum* des variétés inscrites en France depuis 2008, avec une baisse significative des variétés sensibles au profit des variétés intermédiaires et résistantes (Cadot et Maigniel, 2013). Néanmoins, le nombre de variétés peu sensibles reste assez limité du fait de la difficulté à sélectionner les variétés pour ce critère à cause de nombreux facteurs (résistance multigénique avec des effets mineurs, interactions avec l'environnement, difficulté à combiner rendements et qualité, phénotypage, etc...).

3.3. Les méthodes de phénotypage

Pour mieux appréhender les mécanismes de résistance mis en jeu et augmenter le progrès génétique, il est indispensable d'élaborer des méthodes d'évaluation pertinentes. Malheureusement à ce jour, il n'existe pas de méthode d'évaluation variétale robuste, notamment en cas de complexe fusarien : les principales méthodes actuelles sont basées sur l'observation humaine, sur de l'imagerie dans le visible (RGB) et sur des analyses moléculaires ou chimiques destructives.

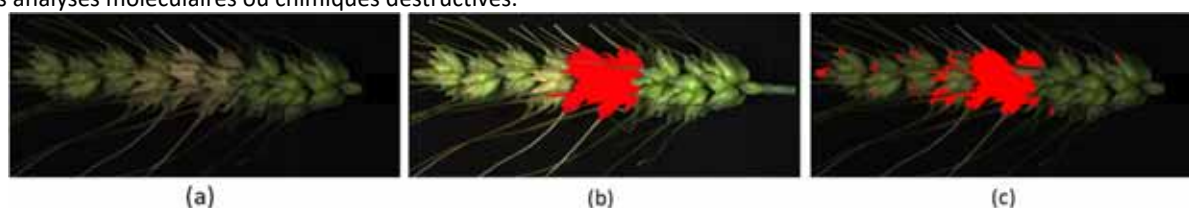


Figure 3. Comparaison des zones fusariées entre : (a) l'image initiale, (b) l'image de référence et (c) le résultat de la classification des pixels par le modèle utilisant les longueurs d'ondes retenues par l'ADPP séquentielle.

Objectiver ces observations et en diminuer le coût est essentiel pour améliorer l'efficacité des criblages du matériel génétique et pour caractériser les différents niveaux de résistance vis-à-vis des différentes espèces du complexe fusarien. Récemment, différents travaux de recherche ont mis en évidence les potentialités de l'analyse d'image couplée ou non à la spectrométrie pour apprécier la sensibilité sur épis à cette maladie ou encore la charge fongique fusarienne sur les grains.

Concernant le phénotypage au champ automatisé, très peu d'études sont recensées : citons l'imagerie RGB dans le visible sur blé tendre et triticale, mesurant le taux d'épilletus fusariés (Bouguenec *et al.*, 2015 ; Serre *et al.*, 2015). Le protocole mis en œuvre est fondé sur l'analyse de photographies prises à partir d'un simple reflex numérique complémenté par des éclairages flash. Deux algorithmes ont été mis en œuvre. « SegEpis » permet d'isoler les seuls pixels appartenant aux épis et « SegFusa », basé sur la couleur, permet de calculer sur les photographies segmentées avec « SegEpis », la surface des épis présentant des symptômes de fusariose. En plein champ, l'application du protocole ne donne pas entièrement satisfaction car la quantification des symptômes sur épis par notation automatique dans le visible ne permet pas de distinguer les *Fusarium* spp des *Microdochium* spp ni de la rouille jaune *Puccinia striiformis* quand cette dernière atteint l'épi. Par conséquent les notations s'avèrent moins fiables et répétables entre sites suivant la pression parasitaire, et nécessitent le développement de nouvelles méthodes d'évaluation plus spécifiques.

Néanmoins en situation de plein champ, une plus grande richesse spectrale couplée à une maîtrise de la lumière (éclairage actif permettant d'avoir un spectre lumineux reproductible) paraît la voie principale à considérer pour

Les notations visuelles basées sur le FDK (*Fusarium*-Damaged Kernels) sont généralement plutôt bien corrélées avec la DON (Paul *et al.*, 2005) ou la quantité d'ADN fongique de *F. graminearum* dans le cas où seul *F. graminearum* est présent. Quand la maladie est causée par un complexe d'espèces, les corrélations sont plus faibles notamment avec le FDK qui ne permet pas de différencier les espèces à l'inverse des outils moléculaires ou des analyses biochimiques. De plus, les notations visuelles, sont basées sur de l'expertise, et demande du temps et de la main d'œuvre hautement spécialisée pour identifier et quantifier les symptômes correctement.

améliorer la reproductibilité des résultats obtenus sur blé tendre. L'imagerie hyperspectrale qui résulte du couplage entre la spectroscopie et l'imagerie, génère une information en hypercube dont la dimension spectrale dépend du nombre de longueurs d'ondes utilisées. Cette grande richesse d'information est particulièrement adaptée pour l'analyse des tissus externes et pourrait permettre d'acquérir une signature spectrale propre à chaque espèce fongique. Elle est en plein essor, que ce soit pour caractériser des couverts végétaux pour quantifier la teneur en azote (Vigneau *et al.*, 2011, Benoit *et al.*, 2013), soit pour quantifier les mauvaises herbes (Asnor *et al.*, 2007 ; Bossua *et al.*, 2009). Récemment, le GEVES en liaison avec l'INRA de Clermont Ferrand, a réussi à identifier les sous-ensembles de longueurs d'ondes permettant la détection et la quantification de la fusariose sur épis à l'aide d'une caméra hyperspectrale (400nm-1000nm) en laboratoire, par analyses chimiométriques (Faure *et al.*, 2018 (Figure 3)). Des études complémentaires ont permis de confirmer que les facteurs « année » et « environnement » ne modifient pas les longueurs d'ondes identifiées comme discriminantes, après quatre années d'étude. Des travaux se poursuivent pour développer cette technique au champ, avec pour challenge la maîtrise de la variation de lumière.

Concernant le phénotypage de la fusariose sur grains récoltés, les potentialités de l'imagerie hyperspectrale et multispectrale pour détecter les grains contaminés et/ou quantifier la charge fongique ont été soulignées sur les grains de différentes espèces au cours de ces dernières années (Malheine *et al.*, 2012 & 2016). L'imagerie multispectrale en laboratoire a notamment été développée sur maïs (Oldenburg *et al.*, 2015, Del Fiore *et al.*, 2010), blé dur (Jaillais *et al.*, 2015) et blé tendre (Cadot *et al.*, 2014). Un algorithme « FusaSpectral » spécifique au blé

tendre a été développé pour évaluer la résistance variétale à *F. graminearum*, (Cadot *et al.*, 2015). Depuis 2015, cette méthodologie est utilisée en routine sur blé tendre au GEVES pour évaluer la résistance variétale à la fusariose dans le cadre de l'inscription des variétés au Catalogue français. Néanmoins, cette technique a encore des limites pour bien caractériser les variétés dans le cas où plusieurs espèces de *Fusarium* et *Microdochium* sont présentes (Taillieu *et al.*, 2019). Des études sont en cours pour améliorer les modèles afin de pouvoir prendre en compte la diversité fusarienne.

4. LA LUTTE CHIMIQUE ET BIOLOGIQUE

Afin de réduire le risque de développement de la fusariose, des traitements fongicides sont préconisés à la floraison, stade d'infection optimal des *Fusarium* spp. L'efficacité des traitements fongicides est variable et difficile à prédire en conditions de contamination naturelle. L'efficacité sera conditionnée par le type de molécules actives utilisé, mais aussi la méthode et le stade d'application. De plus, chacune des espèces de *Fusarium* du complexe présente une sensibilité particulière aux fongicides. Ainsi, l'efficacité des fongicides dépend de la population pathogène dominante sur l'épi (*Fusarium* et *Microdochium*). Contre *F. graminearum*, les triazoles sont efficaces, en particulier le prothioconazole suivi par le tébuconazole et le metconazole. Néanmoins, l'efficacité sur épis de ces matières actives a décliné fortement depuis plusieurs années. Ainsi, Arvalis a démontré une baisse de 2 points par an depuis 2004 pour arriver à une efficacité proche de 30% (Arvalis, Choisir & Décider, 2017). De plus, des résistances sont connues et largement distribuées en France pour *Microdochium* vis-à-vis des strobilurines et du thiophanate-méthyl (Walker *et al.*, 2009 ; Batina *et al.*, 2015). Ainsi, il est important de continuer à caractériser la résistance des espèces du complexe fusarien aux matières actives utilisées afin de gérer au mieux le risque sanitaire. D'autres solutions dont de nouvelles matières actives sont en cours de développement et devraient être prochainement disponibles.

Actuellement, la plupart des solutions de biocontrôle pour la protection des céréales se rapporte à l'utilisation de microorganismes antagonistes ou d'éliciteurs de défense naturelle des plantes.

Cependant, des solutions comme le Polyversum[®], déjà homologuées, n'ont pas permis d'atteindre des efficacités suffisantes même en mélange avec une solution conventionnelle. Le mode d'action de ce biofongicide est basé sur l'effet du microorganisme *Pythium oligandrum* qui parasite *Fusarium* et dégrade ses parois pour y pénétrer. Polyversum[®] agit également comme stimulateur de défense des plantes.

Des études sur l'utilisation de substances naturelles peu exploitées à ce jour ont été récemment entreprises dans le cadre de plusieurs projets de recherche. L'identification de ces substances résulte de deux types d'approche : (i) une meilleure connaissance de la physiologie des champignons producteurs de mycotoxines et en particulier des mécanismes de toxino-génèse, (ii) le screening d'extraits naturels issus de végétaux ou de surchargeants de cultures microbiennes. Les progrès obtenus ces dernières années dans la connaissance sur les régulations des voies de biosynthèse de mycotoxines ont permis de mettre en évidence le rôle clef du statut oxydant et de démontrer l'efficacité inhibitrice de molécules naturelles à activité antioxydante telles que certains composés phénoliques,

certaines xanthophylles et peptides microbiens. Les approches de screening ont permis d'isoler des extraits actifs contre la croissance fongique de *Fusarium* et sa production de mycotoxines à partir de coproduits des filières forestières et agricoles. Les premiers résultats sur l'identification des principes actifs de ces extraits suggéreraient la présence des composés phénoliques. Il est essentiel de poursuivre les études sur la compréhension des mécanismes d'action de ces biomolécules, ce qui permettra de limiter les difficultés liées au transfert des méthodologies de l'échelle laboratoire à l'échelle champ ainsi que les risques de développement de résistances fongiques. La compréhension de ces mécanismes est également indispensable au développement de formulations.

Ainsi, les solutions alternatives sont peu nombreuses et peu efficaces à ce jour mais les importants efforts portés sur la recherche de solutions permettront peut-être à moyen terme d'identifier des solutions efficaces.

5. LA PROTECTION INTEGREE DE LA FUSARIOSE DES EPIS

De nombreuses études ont donc mis en évidence l'impact des pratiques culturales et des facteurs environnementaux sur la production de DON et sur le développement de *F. graminearum*. Les facteurs qui ressortent systématiquement sont le climat autour de la floraison, le précédent cultural, le travail du sol ainsi que la sensibilité variétale (Obst *et al.*, 2000 ; Schaafsma *et al.*, 2001 ; Barrier-Guillot *et al.*, 2006 ; Lemmens, 2007 ; Gourdain *et al.*, 2009 ; Orlando *et al.*, 2010 ; Gourdain *et al.*, 2015). Parmi ces facteurs, la présence dans le sol de résidus de la récolte précédente est décrite comme déterminante, les *Fusarium* et *Microdochium* étant capables de survie saprophyte. Gourdain *et al.* (2016) ont étudié les facteurs de risque dans la présence de 4 espèces du complexe fusarien (*F. graminearum*, *F. culmorum*, *M. majus*, *M. nivale*). Les résultats montrent une disparité annuelle et régionale importante de l'occurrence des quatre espèces fongiques. Les analyses statistiques mettent en évidence l'importance du climat mais aussi des conditions pédo-climatiques régionales et par conséquent des pratiques agronomiques sur la variabilité des quantifications d'ADN. Ce constat est d'autant plus marqué pour *F. graminearum* puisque c'est la seule espèce pour laquelle des variables agronomiques sont ressorties des analyses de forêt aléatoire et du modèle linéaire mixte (figure 4).

Ces éléments confirment que l'inoculum de *F. graminearum* est très fortement inféodé à la parcelle et à son historique. En effet, Gourdain *et al.* (2015) confirment que le type de résidu et sa quantité modulent significativement la quantité d'inoculum présent sur les résidus. En termes de lutte alternative, une gestion fine des résidus de culture est donc fortement conseillée dans la lutte contre *F. graminearum*, tout comme le choix d'une variété peu sensible à l'accumulation de DON. Ainsi, un moyen très efficace de diminuer le risque DON et d'éviter un traitement fongicide est d'éviter les situations en précédent maïs sans labour. Ainsi, l'ensemble de ces résultats et la valorisation des enquêtes de parcelles agriculteurs mises en place par ARVALIS dès 2001 a permis de proposer des grilles agronomiques d'aide à la décision dès 2006 pour le blé tendre (Druésne *et al.*, 2006), 2009 pour le blé dur (Gourdain, 2009), 2010 pour l'orge (Orlando *et al.*, 2010) et 2016 pour le triticale (Grignon, 2016). Destinées aux agriculteurs, ces grilles forment un outil simple et pédagogique pour gérer le risque mycotoxines à la parcelle. Elles reprennent les principaux facteurs de risque

impliqués dans les contaminations. Elles peuvent, lorsque cette étude a été rendue possible, être enrichies d'un critère climatique en valorisant le cumul de précipitation à floraison \pm 7 jours (figure 5). Dans ce cas appliqué au blé tendre, la finalité est double : optimiser davantage le traitement anti-fusariose ciblé contre *F. graminearum*, mais aussi justifier de la façon la plus objective possible un traitement contre la fusariose des épis : tenir compte des pluies réelles sur la parcelle avant floraison et des prévisions climatiques sur les quelques jours qui suivent permet de traiter uniquement lorsque le risque est avéré. Néanmoins, elle ne prend pas en compte les conditions climatiques conduisant à la maturation de l'inoculum sur les résidus de culture et à sa dispersion. D'autres travaux de modélisation ont donc été conduits en France plus récemment (Corre *et al.*, 2017 ; Gourdain *et al.*, 2018) pour prévoir le risque d'éjections d'ascospores et proposer un modèle décisionnel de traitement contre *F. graminearum* au regard du respect de la limite réglementaire en DON (Gourdain et Grignon, 2018).

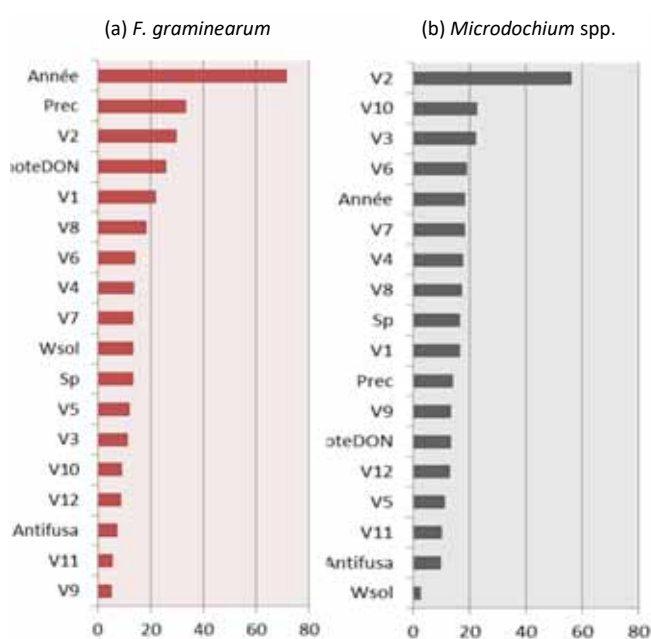


Figure 4. %MSE (mean squared error) des variables agro-climatiques expliquant la présence de (a) *Fusarium graminearum* et (b) *Microdochium* spp dans les enquêtes agriculteurs Arvalis (825 échantillons). Analyses par la méthode des forêts aléatoires. Les variables notées v sont des variables climatiques.

L'impact de tous ces facteurs sur l'équilibre de la flore fusarienne de l'épi est moins clair notamment pour *Microdochium* et les autres espèces de *Fusarium*.

Concernant les deux espèces de *Microdochium*, les études statistiques montrent qu'elles ont un comportement proche même si les résultats n'ont pas permis d'apporter de réponse quant à l'origine de l'inoculum (Gourdain *et al.*, 2015 ; Taillieu *et al.*, 2019). Il semblerait que la quantité d'inoculum soit peu impactée par les pratiques agronomiques mais quasi exclusivement dépendante des conditions climatiques et n'ont donc pas permis à ce jour de proposer une grille de risque ou un modèle de prévision du risque. La voie de lutte la plus prometteuse pourrait être le choix variétal sous réserve qu'un classement de sensibilité à *Microdochium* puisse être établi. En attendant, la lutte chimique reste le moyen actuel le plus efficace pour contrôler la maladie malgré la confirmation de la présence de populations résistantes aux benzimidazoles et strobilurines (Batina *et al.*, 2015).

6. CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES

Ces dernières années, la recherche internationale et notamment française a donc permis des avancées majeures et essentielles pour mettre en œuvre une lutte intégrée contre la fusariose des céréales à paille, principalement celle causée par *F. graminearum*. Différents leviers efficaces sont mobilisables et mobilisés pour répondre à l'objectif de réduction des fongicides allant de la lutte prophylactique (gestion des résidus et des précédents, ...) à la lutte génétique, en s'appuyant sur une analyse du risque performante (grilles, modèles) grâce notamment au développement de méthodes d'analyses innovantes et une meilleure connaissance des populations fusariennes et du déterminisme de la résistance.

Néanmoins, à ce jour, ces leviers sont principalement axés sur la lutte contre *F. graminearum* et le DON. Des moyens importants sont actuellement engagés pour prendre en compte l'ensemble du complexe fusarien notamment dans un contexte de changement climatique, d'évolution des produits phytopharmaceutiques et de l'évolution probable de la réglementation concernant les mycotoxines (incluant de nouvelles mycotoxines). Ainsi, des modèles de prévision du risque sont en cours de développement pour les autres espèces de *Fusarium* et *Microdochium*, les sélectionneurs œuvrent à augmenter la résistance variétale à l'ensemble des espèces causant la fusariose des épis des céréales et des produits phytopharmaceutiques de biocontrôle sont également en développement.

Enfin, de nouvelles thématiques de recherche se développent pour trouver des solutions intégrées innovantes. A ce titre, l'étude du microbiome de l'épi est une piste intéressante. La caractérisation de ce microbiome pourrait permettre d'identifier des champignons et bactéries antagonistes des fusarioses qui pourraient ainsi être utilisés comme agents de biocontrôle (Chen *et al.*, 2018 ; Rojas *et al.*, 2019).





Gestion des résidus*		Sensibilité variétale	Risque	Pluie (mm) autour de la floraison (+/- 7 jours)		
				<10	10-40	>40
	Labour ou résidus enfouis	Peu sensibles	1			
		Moyennement sensibles	2			
	Techniques sans labour ou résidus en surface	Peu sensibles	2			
		Moyennement sensibles	3			T
	Labour ou résidus enfouis	Peu sensibles	2			
		Moyennement sensibles	3			
	Techniques sans labour ou résidus en surface	Peu sensibles	2			
		Moyennement sensibles	4		T	T
	Labour ou résidus enfouis	Peu sensibles	2			
		Moyennement sensibles	3			
	Techniques sans labour ou résidus en surface	Sensibles	4		T	T
		Moyennement sensibles	5		T	T
	Labour ou résidus enfouis	Sensibles	6	T	T	T
		Moyennement sensibles	7	T	T	T
	Techniques sans labour ou résidus en surface	Peu sensibles	2			
		Moyennement sensibles	3			
Techniques sans labour ou résidus en surface	Sensibles	4		T	T	
	Moyennement sensibles	5		T	T	
Techniques sans labour ou résidus en surface	Moyennement sensibles	6	T	T	T	
	Sensibles	7	T	T	T	

Figure 5. Grille d'évaluation du risque d'accumulation du déoxynivalénol (DON) dans le grain de blé tendre et d'aide au traitement contre la fusariose de l'épi.

La grille blé tendre estime le risque de 1, risque DON le plus faible, à 7, risque DON le plus fort. Une variété est dite sensible si sa note d'accumulation en DON est inférieure ou égale à 3,5 et elle est dite peu sensible si cette note est supérieure ou égale à 5,5. *Pour limiter la présence de l'inoculum, il convient de réduire au maximum la présence de résidus lors de la floraison des blés. Pour cela, plusieurs possibilités, le labour permet un bon enfouissement des résidus mais d'autres techniques permettent un résultat proche du labour comme par exemple un broyage fin et une incorporation superficielle des résidus rapidement après récolte. T=parcelle conseillée au traitement.

REMERCIEMENTS

ARVALIS Institut du végétal souhaite remercier tous les agriculteurs et organismes de collecte, ainsi que FranceAgriMer, qui ont contribué à la mise en place et/ou réalisation des enquêtes au champ depuis 2000.

REFERENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- Arvalis Institut du Végétal, 2017. Céréales à paille. Interventions de printemps. Synthèse nationale 2017. Collection Choisir & Décider.
- Asnor, J., Aini Hussain, I., Marzuki Mustafa, M. (2007). Weed image classification using Gabor wavelet and gradient field distribution. *Elsevier computers and electronics in agriculture*, 66, 53-61.
- Bai, G.H. and G. Shaner, 2004. Management and resistance in wheat and barley to fusarium head blight. *Annual Review of Phytopathology*, 42: 135-161.
- Barrier-Guillot, B., M. Delambre, A. Morell, C. Maumene, H. Gouet, F. Grosjean and M. Leuillet, 2006. Identification of agronomic factors that influence the level of deoxynivalenol (don) in wheat grown in france. *Mycotoxins and phycotoxins*. In H. Njapau, S. Trujillo, H.P. van Egmond, D.L. Park (Eds.) *Advances indetermination, toxicology and exposure management*, 239-247.
- Batina H., Atanasova-Penichon V., Fourrey A., Gelisse S., Grignon G., Laval V., Maumené C., Méléard B., Valade R., Walker A.S., Gourdain E., 2015. Utilisation raisonnée des fongicides et apport des biofongicides pour lutter contre la fusariose des épis de blés. 5e Conférence Internationale sur les Méthodes Alternatives de protection des plantes, Lille, 11 au 13 mars 2015.
- Benoit, L., Benoit, R., Belin, E., Vadaine, R., Demilly, D., Chapeau-Blondeau, F., Rousseau, D., 2016. On the value of the Kullback-Leibler divergence for cost-effective spectral imaging of plants by optimal selection of wavebands, *Machine Vision and Applications* 27, 625–635.
- Bik, H.M., D.L. Porazinska, S. Creer, J.G. Caporaso, R. Knight and W.K. Thomas, 2012. Sequencing our way towards understanding global eukaryotic biodiversity. *Trends in Ecology & Evolution*, 27(4): 233-243.
- Bossua J., Géa Ch., Jones G., Truchet F. (2009). Wavelet transform to discriminate between crop and weed in perspective agronomic images ||, *Science Direct computers and electronics in agriculture* 6 5 (2009) 133–143.
- Bottalico, A. and G. Perrone, 2002. Toxigenic fusarium species and mycotoxins associated with head blight in small-grain cereals in europe. *European Journal of Plant Pathology*, 108(7): 611-624.
- Bouguennec, A., Tourvieille de Labrouhe, D., Serre, F., Masson, E., Grignon, G., Hourcade-Marcolla, D., Valade, R., Lonnet, P. (2015). Renforcer les résistances du triticale à l'oidium et à la fusariose par l'intégration de leviers génétiques et agronomiques. *Innovations Agronomiques* 50, 171.
- Boutigny, A.L., A. Gautier, R. Basler, F. Dauthieux, S. Leite, R. Valade, J. Aguayo, R. Ios and V. Laval, 2019. Metabarcoding targeting the ef1 alpha region to assess fusarium diversity on cereals. *Plos One*, 14(1).
- Buee, M., W. De Boer, F. Martin, L. van Overbeek and E. Jurkevitch, 2009. The rhizosphere zoo: An overview of plant-associated communities of microorganisms, including phages, bacteria, archaea, and fungi, and of some of their structuring factors. *Plant and Soil*, 321(1-2): 189-212.
- Buerstmayr, H., T. Ban and J.A. Anderson, 2009. Qtl mapping and marker-assisted selection for fusarium head blight resistance in wheat: A review. *Plant Breeding*, 128(1): 1-26.
- Buerstmayr, H., M. Stierschneider, B. Steiner, M. Lemmens, M. Griesser, E. Nevo and T. Fahima, 2003. Variation for resistance to head blight caused by fusarium graminearum in wild emmer (*triticum dicoccoides*) originating from israel. *Euphytica*, 130(1): 17-23.
- Cadot, V., Vadaine, R., Demilly, D., Maigniel, J.-P., 2015 - Multispectral camera and imaging: a new tool for assessment of wheat resistance to *Fusarium graminearum* and preliminary study for assessment of DON content. In Book of abstracts of 13th European Fusarium Seminar, 10-14 may, Martina Franca (Italy), p. 160.
- Cadot V., Vadaine, R., Valade, R., Maigniel, J.-P., (2014). Multispectral camera and imaging for assessment of resistance to *Fusarium graminearum*. EUCARPIA Cereals Section, ITMI Joint Conference, Wernigerode, Germany, June 29 – July 4, 2014.
- Cadot V. and Maigniel J.-P., 2013. Testing varieties at GEVES for resistance to *Fusarium* head blight on cereals: A way to improve genetic progress in the French Catalogue and to reduce the use of pesticides. In Book of abstracts of 12th European Fusarium Seminar, 12-16 May, Bordeaux (France), p. 99.
- Charmet, G., Bony, S., Fardet, A., Abecassis, J., Lullien-pellerin, V., Richard-Forget, F., 2016. Ouvrage collectif groupe filière INRA, Agriculture et alimentation durables dans la filière céréales. Trois enjeux clés : teneur en protéines, qualités sanitaire et nutritionnelle, Rédactrice du chapitre « qualité sanitaire. Ed. QUAE.
- Chen, Y., J. Wang, N. Yang, Z.Y. Wen, X.P. Sun, Y.R. Chai and Z.H. Ma, 2018. Wheat microbiome bacteria can reduce virulence of a plant pathogenic fungus by altering histone acetylation. *Nature Communications*, 9
- Chetouhi, C., L. Bonhomme, S. Lasserre-Zuber, F. Cambon, S. Pelletier, J.P. Renou and T. Langin, 2016. Transcriptome dynamics of a susceptible wheat upon fusarium head blight reveals that molecular responses to fusarium graminearum infection fit over the grain development processes. *Functional & Integrative Genomics*, 16(2): 183-201.
- Corre, C., Gourdain, E., Grignon, G., 2017- Modélisation du risque *Fusarium graminearum* sur blé tendre. AFPP – 6ème Conférence sur les Moyens Alternatifs de Protection pour une Production Intégrée. Lille, 21, 22 et 23 Mars 2017.
- Del Fiore A., Reverberi M., Ricelli A., Pinzari F., Serranti S., Fabbri A., Bonifazi G., Fanelli C. (2010). Early detection of toxigenic fungi on maize by hyperspectral imaging analysis. *International journal of Food Microbiology*. Volume: 144 Issue: 1 Pages: 64-71.
- Dhokane, D., S. Karre, A.C. Kushappa and C. McCartney, 2016. Integrated metabolo-transcriptomics reveals fusarium head blight candidate resistance genes in wheat qtl-fhb2. *Plos One*, 11(5).
- Druesne C., Barrier-Guillot B., Bernicot MH, et coll., 2006. Mycotoxines : du champ au labo, bien gérer les facteurs de risque. Dossier Perspectives Agricoles, n°324, juin 2006, 25-43.
- EFSA (European Food Safety Authority), 2017. Scientific report on human and animal dietary exposure to T-2 and HT-2 toxin. *EFSA Journal* 2017;15(8):4972, 57 pp.
- EFSA (European Food Safety Authority), 2014. Scientific Opinion on the risks to human and animal health related to the presence of beauvericin and enniatins in food and feed. *EFSA Journal* 2014.12:3802, 174 pp.
- Elbelt, S., Siou, D., Gelisse, S., Cruaud, C., Lannou, C., Lebrun M-H., Laval, V, 2018. Optimized real time QPCR assays for detection and quantification of *Fusarium* and *Microdochium* species involved in wheat head blight as defined by MIQE guidelines. *BioRxiv* 272534
- Fabre, F., M. Vignassa, S. Urbach, T. Langin and L. Bonhomme, 2019. Time-resolved dissection of the molecular crosstalk driving fusarium head blight in wheat provides new insights into host susceptibility determinism. *Plant Cell and Environment*, 42(7): 2291-2308.

- Fakhfakh, M.M., A. Yahyaoui, S. Rezgui, E.M. Elias and A. Daaloul, 2011. Inheritances of fusarium head blight resistance in a cross involving local and exotic durum wheat cultivars. *Crop Science*, 51(6): 2517-2524.
- Faure M., Serre F., Roche S., Maigniel J.P., Saintenac C., Cadot V., 2018. Identification des longueurs d'onde pour quantifier la fusariose des épis sur blé tendre par imagerie hyperspectrale. Colloque Phloeme, 1ères biennales de l'innovation céréalière, 24-25 janvier 2018.
- Foroud, N.A., D. Baines, T.Y. Gagkaeva, N. Thakor, A. Badea, B. Steiner, M. Bürstmayr and H. Bürstmayr, 2019. Trichothecenes in cereal grains – an update. *Toxins*, 11(11): 634.
- Garvin, D.F., R.W. Stack and J.M. Hansen, 2009. Quantitative trait locus mapping of increased fusarium head blight susceptibility associated with a wild emmer wheat chromosome. *Phytopathology*, 99(4): 447-452.
- Gilbert, J. 1998. Comparison of inoculation methods for screening tetraploid wheat lines for reaction to Fusarium head blight. p. 71–72. In P. Hart et al. (ed.) *Proc. 1998 National FHB Forum*. University Printing, East Lansing, MI
- Glenn, A.E., 2007. Mycotoxigenic fusarium species in animal feed. *Animal Feed Science and Technology*, 137(3-4): 213-240.
- Glynn, N.C., M.C. Hare, D.W. Parry and S.G. Edwards, 2005. Phylogenetic analysis of ef-1 alpha gene sequences from isolates of microdochium nivale leads to elevation of varieties majus and nivale to species status. *Mycological Research*, 109: 872-880.
- Gourdain E., Grignon G, 2018. Piloter l'intervention fusariose des épis de blé. Végéphyt – 12e Conférence Internationale sur les Maladies des Plantes, Tours, 11 et 12 Décembre 2018.
- Gourdain, E., Batina, H., Du Cheyron, P., Fourrey, A., Gélisse, S., Grignon, G., Laval, V., Maumené, C., Méléard, B., Valade R., 2016. Lutte contre les fusarioses des épis de blés : quantification des espèces du complexe fusarien, facteurs de risque et méthodes de lutte. *Innovations Agronomiques* 49, 133-145.
- Gourdain E., Maumené C., Valade, R., Labreuche, J., 2015. Lutte prophylactique contre la fusariose des épis : état des connaissances acquises dans le cadre du projet CASDAR ECOFUSA. 5^e Conférence Internationale sur les Méthodes Alternatives de protection des plantes, Lille, 11 au 13 mars 2015.
- Gourdain, E., Lannou, C., 2013. Fusariose des épis, Le degré d'infection fonction de l'équilibre entre deux champignons. *Perspectives agricoles*, 399.
- Gourdain, E., Piraux F., Barrier-Guillot B., 2009. Les outils pour gérer le risque deoxynivalénol sur blé tendre et blé dur. AFPP – 9^{ème} Conférence Internationale sur les Maladies des Plantes, Tours, 8 et 9 décembre 2009.
- Grignon, G. 2016. Evaluer le risque DON sur triticales. *Perspectives Agricoles*. N°435.
- Huhn, M.R., E.M. Elias, F. Ghavami, S.F. Kianian, S.M. Chao, S.B. Zhong, M.S. Alamri, A. Yahyaoui and M. Mergoum, 2012. Tetraploid tunisian wheat germplasm as a new source of fusarium head blight resistance. *Crop Science*, 52(1): 136-145.
- Ioos, R., A. Belhadj and M. Menez, 2004. Occurrence and distribution of microdochium nivale and fusarium species isolated from barley, durum and soft wheat grains in france from 2000 to 2002. *Mycopathologia*, 158(3): 351-362.
- Jaillais B., Roumet P., Pinson-Gadais L., Bertrand D. (2015). Detection of Fusarium head blight contamination in wheat kernels by multivariate imaging. *Food Control* 54:250-258.
- Kumar, S., R.W. Stack, T.L. Friesen and J.D. Faris, 2007. Identification of a novel fusarium head blight resistance quantitative trait locus on chromosome 7a in tetraploid wheat. *Phytopathology*, 97(5): 592-597
- Laurent, B., M. Moirand, C. Spataro, N. Ponts, C. Barreau and M. Foulongne-Oriol, 2017. Landscape of genomic diversity and host adaptation in fusarium graminearum. *Bmc Genomics*, 18 (1):203.
- Lemmens M., 2007. Genetical, ecophysiological and biochemical interactions modulating the biogenesis of Fusarium mycotoxins. In Colloque scientifique RARE, Arcachon, France, 3-4.
- Li, G.Q., J.Y. Zhou, H.Y. Jia, Z.X. Gao, M. Fan, Y.J. Luo, P.T. Zhao, S.L. Xue, N. Li, Y. Yuan, S.W. Ma, Z.X. Kong, L. Jia, X. An, G. Jiang, W.X. Liu, W.J. Cao, R.R. Zhang, J.C. Fan, X.W. Xu, Y.F. Liu, Q.Q. Kong, S.H. Zheng, Y. Wang, B. Qin, S.Y. Cao, Y.X. Ding, J.X. Shi, H.S. Yan, X. Wang, C.F. Ran and Z.Q. Ma, 2019. Mutation of a histidine-rich calcium-binding-protein gene in wheat confers resistance to fusarium head blight. *Nature Genetics*, 51(7): 1106.
- Mahlein, A.-K. (2016). Plant Disease Detection by imaging sensors. *Plant Disease*. 100: 2. 241:251
- Mahlein K., Steiner U., Hillnhütter C., DehneH.W., Oerke E.C. (2012). Hyperspectral imaging for small-scale analysis of symptoms caused by different sugar beet Diseases. *Plant Methods*, 8:3
- Massman, J., B. Cooper, R. Horsley, S. Neate, R. Dill-Macky, S. Chao, Y. Dong, P. Schwarz, G.J. Muehlbauer and K.P. Smith, 2011. Genome-wide association mapping of fusarium head blight resistance in contemporary barley breeding germplasm. *Molecular Breeding*, 27(4): 439-454.
- Morgavi, D.P. and R.T. Riley, 2007. Fusarium and their toxins: Mycology, occurrence, toxicity, control and economic impact. *Animal Feed Science and Technology*, 137(3-4): 199-200.
- Obst, A., J.L. Gleissenthall and R. Beck, 1997. On the etiology of fusarium head blight of wheat in south germany - preceding crops, weather conditions for inoculum production and head infection, proneness of the crop to infection and mycotoxin production. *Cereal Research Communications*, 25(3): 699-703.
- Oldenburg E., Ellner F., Kraft M. (2015). Detecting and quantifying fusarium ear rot symptoms in maize by spectral imaging technology. In *Book of abstracts of 13th European Fusarium Seminar, 10-14 may, Martina Franca (Italy)*, p.204.
- Oliver, R.E., R.W. Stack, J.D. Miller and X. Cai, 2007. Reaction of wild emmer wheat accessions to fusarium head blight. *Crop Science*, 47(2): 893-899.
- Orlando, B., G. Grignon, C. Vitry, K. Kashefifard and R. Valade, 2019. Fusarium species and enniatin mycotoxins in wheat, durum wheat, triticales and barley harvested in france. *Mycotoxin Research*, 35(4): 369-380
- Orlando B., 2016a - Gérer les mycotoxines du maïs grain. *Phytoma*, 696, 31-36.
- Orlando B., 2016b – Mycotoxines émergentes sur céréales : un observatoire pour orienter la recherche. *Perspectives agricoles*, 439, 34-36.
- Orlando B., 2012 – Mycotoxines : Plusieurs Fusarium responsables des contaminations en T-2 et HT-2. *Perspectives agricoles*, 391, 22-24.
- Orlando B.; Barrier-Guillot, B.; Gourdain, E.; Maumené, C., 2010. Identification of agronomic factors that influence the levels of T-2 and HT-2 toxins in barley grown in France. *World Mycotoxin J.* 3, 169–174.
- Parry, D.W., P. Jenkinson and L. McLeod, 1995. Fusarium ear blight (scab) in small-grain cereals - a review. *Plant Pathology*, 44(2): 207-238.
- Paul, P.A., P.E. Lipps and L.V. Madden, 2005. Relationship between visual estimates of fusarium head blight intensity and deoxynivalenol accumulation in harvested wheat grain: A meta-analysis. *Phytopathology*, 95(10): 1225-1236.
- Pinson-Gadais, L., Foulongne Oriol, M., Ponts, N. (Présentateur), Barreau, C., Richard-Forget, F. (2013). The French Fusarium Collection: a living resource for mycotoxin research. *Fungal Genetics Reports*, 60(Suppl). Presented at 27. Fungal Genetics Conference - Asilomar Conference Grounds,, Pacific Grove, USA (2013-03-12 - 2013-03-17). 334
- Reddy, K.R.N., B. Salleh, B. Saad, H.K. Abbas, C.A. Abel and W.T. Shier, 2010. An overview of mycotoxin contamination in foods and its implications for human health. *Toxin Reviews*, 29(1): 3-26.
- Rojas, E.C., H.J.L. Jorgensen, B. Jensen and D.B. Collinge, 2019. Healthy wheat spikes microbiome contains fungi with biological control potential against fusarium head blight. *Molecular Plant-Microbe Interactions*, 32(10): 56-56.

Schaafsma, A.W., L. Tamburic-Ilinic, J.D. Miller and D.C. Hooker, 2001. Agronomic considerations for reducing deoxynivalenol in wheat grain. *Canadian Journal of Plant Pathology-Revue Canadienne De Phytopathologie*, 23(3): 279-285.

Serre, F., Faure, M., Abadi, M., Desray, P., Roche, S., Joannin, M., Vinot, M., Petit, S., Tourvieille de Labrouhe, D. (2015). Phénotypage au champ des céréales pour la fusariose de l'épi (FHB) par analyse automatique d'image. 11^e Conf. Int. sur les maladies des plantes. Tours (7-9 décembre).

Siou, D., S. Gelisse, V. Laval, S. Elbelt, C. Repincay, M. Bourdat-Deschamps, F. Suffert and C. Lannou, 2015. Interactions between head blight pathogens: Consequences for disease development and toxin production in wheat spikes. *Applied and Environmental Microbiology*, 81(3): 957-965.

Somers, D.J., G. Fedak, J. Clarke and W.G. Cao, 2006. Mapping of fhb resistance qtls in tetraploid wheat. *Genome*, 49(12): 1586-1593.

Steiner, B., M. Buerstmayr, C. Wagner, A. Danler, B. Eshonkulov, M. Ehn and H. Buerstmayr, 2019. Fine-mapping of the fusarium head blight resistance qtl qfhs.lfa-5a identifies two resistance qtl associated with anther extrusion. *Theoretical and Applied Genetics*, 132(7): 2039-2053.

Su, Z.Q., A. Bernardo, B. Tian, H. Chen, S. Wang, H.X. Ma, S.B. Cai, D.T. Liu, D.D. Zhang, T. Li, H. Trick, P. St Amand, J.M. Yu, Z.Y. Zhang and G.H. Bai, 2019. A deletion mutation in tahrc confers fhb1 resistance to fusarium head blight in wheat. *Nature Genetics*, 51(7): 1099.

Taillieu, D., V. Cadot, B. Foucault, O. Robert, L. Duchalais, S. Caiveau, C. Dubiton, P. Giraudeau, S. Dutriez, T. Bouthillier, J. Auzanneau, C. Duque, C. Vitry, S. Le Prieur, F. Dauthieux, M. Faure, T. Baldwin, C. Galon, I. Serandat, JP. Maigniel, R. Valade. 2019. *Microdochium spp.* : Vers une meilleure connaissance de l'occurrence, de l'épidémiologie du champignon et du comportement des variétés de blé tendre actuelles face à cette maladie. Synthèse FSOV 2014 MICRODOCHIUM.

Talas, F., F. Longin and T. Miedaner, 2011. Sources of resistance to fusarium head blight within syrian durum wheat landraces. *Plant Breeding*, 130(3): 398-400.

Trottet, M., Atanosova-Penichon, V., Ferreyrolle, J., Gervais, L., Pinson-Gadais, L., Roumet, P. (2014). Caractérisation de sources de résistance à la fusariose chez le blé dur. *Innovations Agronomiques*, 35, 173-180.

Valade, R., C. Vitry, S. Le Prieur, E. Gourdain, G. Grignon, L. Duchalais, B. Foucault, D. Taillieu, O. Robert. 2018. Influence of agronomic and climatic factors on the epidemiology of *Microdochium* species and assessment of wheat cultivars susceptibility to these pathogens in France. In Book of abstracts of 14th European Fusarium Seminar, 08-10 avril, Tulln (Austria).

Van der Lee, T., Zhang, H., van Diepeningen, A., Waalwijk, C., 2015. Biogeography of *Fusarium graminearum* species complex and chemotypes: a review. *Food Addit Contam Part A Chem Anal Control Expo Risk Assess*. 32:453–60.

Vigneau, N., Ecartot, M., Rabatel, G., Roumet, P., 2011. Potential of field hyperspectral imaging as a non-destructive method to assess leaf nitrogen content in Wheat. *Field Crops Research*, 122(1):25-31

Walker, A.S., C. Auclair, M. Gredt and P. Leroux, 2009. First occurrence of resistance to strobilurin fungicides in *microdochium nivale* and *microdochium majus* from french naturally infected wheat grains. *Pest Management Science*, 65(8): 906-915.

Wang, J.H., M. Ndoye, J.B. Zhang, H.P. Li and Y.C. Liao, 2011. Population structure and genetic diversity of the fusarium graminearum species complex. *Toxins*, 3(8): 1020-1037.

Ward, T.J., Clear, R.M., Rooney, A.P., 2008. An adaptive evolutionary shift in *Fusarium* head blight pathogen populations is driving the rapid spread of more toxigenic *Fusarium graminearum* in North America. *Fungal Genet. Biol.* 45, 473-484.