



2006-2008

« Résistance à la fusariose et mycotoxines dans les grains de blé dur et triticale » (en partenariat avec le GIE TRITICALE)

DESCRIPTION RÉSUMÉE

L'objectif du projet est de réduire la quantité de mycotoxines produites par des *Fusarium* dans les grains de blé tendre, blé dur et triticale en utilisant la résistance génétique pour des contaminations à la floraison, qui sont les plus spectaculaires, et des contaminations insidieuses plus tardives pendant la phase de remplissage du grain qui ne produisent pas de symptômes apparents.

Des travaux importants sur la résistance ont déjà été réalisés chez le blé tendre, le triticale et dans une moindre mesure sur le blé dur et permettent de disposer de sources de résistance à la contamination à la floraison. La relation entre la résistance mesurée par les symptômes et la teneur en mycotoxines des grains a suscité beaucoup moins de travaux.

Dans une première étape, on estimera l'aptitude à accumuler peu de mycotoxines dans les grains de variétés et génotypes ayant déjà un assez bon niveau de résistance à la contamination de l'épi (blé tendre et triticale) ou dérivés de croisements interspécifiques (blé dur).

L'analyse se fera en plusieurs étapes pour limiter les coûts liés aux analyses de mycotoxines :

- taux de contamination des grains par *Fusarium*
- analyse par des tests d'un coût réduit mais de précision moyenne
- analyse précise par spectrométrie des lots les plus intéressants

Dans une seconde étape, les génotypes accumulant peu de mycotoxines après contamination à la floraison seront évalués pour leur réaction après contamination pendant la phase de formation des grains. Des techniques d'analyse des trichothécènes rapides et peu coûteuses (NIRs, ...) seront développées pour permettre aux sélectionneurs de classer des génotypes pour leur aptitude à limiter l'accumulation de mycotoxines dans leurs grains, et permettre à la filière de détecter les lots de grains à risque. La sélection pour la résistance à l'accumulation de mycotoxines sera amorcée à partir des meilleurs génotypes détectés pour être poursuivie dans une étape ultérieure.