Zeitschrift: Mémoires de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles

Herausgeber: Société Vaudoise des Sciences Naturelles

Band: 29 (2021)

Artikel: Avantages et inconvénients de l'identification moléculaire des champignons dans le cadre d'une étude de la diversité fongique des futaies de Montricher

Autor: Hofstetter, Valérie / Buyck, Bart / Gindro, Katia

DOI: https://doi.org/10.5169/seals-919669

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist die Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften auf E-Periodica. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Zeitschriften und ist nicht verantwortlich für deren Inhalte. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern beziehungsweise den externen Rechteinhabern. Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen sowie auf Social Media-Kanälen oder Webseiten ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Mehr erfahren

Conditions d'utilisation

L'ETH Library est le fournisseur des revues numérisées. Elle ne détient aucun droit d'auteur sur les revues et n'est pas responsable de leur contenu. En règle générale, les droits sont détenus par les éditeurs ou les détenteurs de droits externes. La reproduction d'images dans des publications imprimées ou en ligne ainsi que sur des canaux de médias sociaux ou des sites web n'est autorisée qu'avec l'accord préalable des détenteurs des droits. En savoir plus

Terms of use

The ETH Library is the provider of the digitised journals. It does not own any copyrights to the journals and is not responsible for their content. The rights usually lie with the publishers or the external rights holders. Publishing images in print and online publications, as well as on social media channels or websites, is only permitted with the prior consent of the rights holders. Find out more

Download PDF: 12.07.2025

ETH-Bibliothek Zürich, E-Periodica, https://www.e-periodica.ch

Avantages et inconvénients de l'identification moléculaire des champignons dans le cadre d'une étude de la diversité fongique des futaies de Montricher

Valérie HOFSTETTER[1], Bart BUYCK[2] & Katia GINDRO[1]

Hofstetter V., Buyck B. & Gindro K., 2021. Avantages et inconvénients de l'identification moléculaire des champignons dans le cadre d'une étude de la diversité fongique des futaies de Montricher. *Mémoire de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles* 29 : 63-94.

Résumé

Ce projet pilote a évalué la faisabilité d'un inventaire fongique, des futaies de Montricher (Jura vaudois, Suisse) récemment mises sous protection, basé uniquement sur une séquence d'ADN (ITS) pour identifier les champignons récoltés. Les avantages et les limites d'une telle approche ont été explorés et les principaux obstacles à une identification moléculaire correcte des espèces de champignons se sont avérés être la faible couverture taxonomique des banques de données publiques et le nombre élevé de séquences ITS associées à la mauvaise espèce, cela pour près de 30 % des séquences pour lesquelles un examen approfondi des résultats a été effectué. D'après l'Atlas de répartition des champignons de Suisse, cinq des 124 espèces récoltées sont nouvelles pour la Suisse (*Antrodiella stipitata*, *Cortinarius laberiae*, *Cortinarius subgracilis*, *Postia alni*, *Russula inamoena*), six espèces ont été très rarement récoltées auparavant dans ce pays (*Antrodiella citrinella*, *Cortinarius cotoneus*, *Hygrophoropsis rufa*, *Psathyrella fagetophila*, *Sistotrema sernanderi*, *Trichoderma polysporum*) et quatre espèces sont menacées (*Cortinarius cotoneus*, *Mycena pruinatipes*, *Pluteus phlebophorus*, *Tricholomopsis flammula*). Ces résultats pourraient suggérer que les futaies de Montricher ont une haute valeur de conservation, cela d'autant plus que la surface de récolte et l'effort d'échantillonnage de cet inventaire fongique préliminaire étaient très réduits. Les raisons pour lesquelles une telle conclusion pourrait être prématurée sont discutées.

Mots-clés : séquences codes-barres, espaceurs internes transcrits de l'ADN ribosomal nucléaire (ITS), GenBank, Mycobank, Jura vaudois, Vaud, Suisse.

Hofstetter V., Buyck B. & Gindro K., 2021. Advantages and disadvantages of molecular identification of fungi in the context of a study of the fungal diversity from the Montricher forests. *Mémoire de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles* 29 : 63-94.

Abstract

This pilot project assessed the feasibility of a fungal inventory in a recently protected beech forest at Montricher (Switzerland) based solely on DNA sequences (ITS) to identify the harvested fungi. The advantages and limits of such an approach were explored. Major impediments for a correct sequence-based identification of the collected mushrooms have proven to be the poor taxonomic coverage of public sequence databases and the high number of deposited ITS sequences associated with the wrong fungal species. Therefore, only in-depth examination of BLAST results may allow for a correct

[1] Département fédéral de l'économie, de la formation et de la recherche DEFR, Route de Duillier 60, CP 1012, 1260 Nyon 1, Suisse, valerie.hofstetter@agroscope.admin.ch, katia.gindro@agroscope.admin.ch

[2] Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB -UMR 7205), Muséum National d'Histoire Naturelle, Université de la Sorbonne, CNRS, CP 39, 12 Rue Buffon, 75005 Paris, France, bart.buyck@mnhn.fr

© Société Vaudoise des Sciences Naturelles, 2021. Tous droits de reproduction réservés. CODEN : BSVAA6 ISSN : 0037-9603

identification (in this case changing almost 30 % of our initial top score species identifications). Following the 'Atlas de répartition des champignons de Suisse' five out of the total of 124 collected species were new for Switzerland (*Antrodiella stipitata*, *Cortinarius laberiae*, *Cortinarius subgracilis*, *Postia alni*, *Russula inamoena*), another six species were very rarely collected in Switzerland before (*Antrodiella citrinella*, *Cortinarius cotoneus, Hygrophoropsis rufa*, *Psathyrella fagetophila*, *Sistotrema sernanderi*, *Trichoderma polysporum*), while four out of the collected species were endangered species (*Cortinarius cotoneus*, *Mycena pruinatipes, Pluteus phlebophorus*, *Tricholomopsis flammula*). These results suggest that the Montricher beech forest has a high conservation value, especially considering the very limited harvest area and sampling effort of this preliminary fungal inventory. However, we discuss the fact that such a conclusion may be premature.

***Keywords*:** barcode sequences, nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacers (ITS), GenBank, Mycobank, Jura vaudois, Vaud, Switzerland.

Introduction

Jusqu'à récemment, les champignons n'ont reçu qu'une attention limitée dans la conservation biologique (Griffith 2012, Heilmann-Clausen *et al.* 2014) bien qu'ils jouent un rôle clé dans les écosystèmes terrestres comme décomposeurs de matériel végétal mort, dans le recyclage du carbone et des nutriments minéraux et comme mutualistes de la grande majorité des plantes terrestres auxquelles ils procurent le nitrate, le phosphore et l'eau (Van der Heijden *et al.* 2015). L'impact négatif des activités humaines sur les habitats naturels augmentant de manière exponentielle, bon nombre d'espèces de champignons saprophytes sur bois mort (Christensen *et al.* 2005) ou ectomycorrhiziques (Di Marino *et al.* 2009) sont en déclin ou en voie de disparition en Europe.

Les champignons sont un des règnes du vivant les plus diversifiés, règne comprenant plusieurs millions d'espèces (Blackwell 2011, Hibbett *et al.* 2016, Scheffers *et al.* 2012, Wijayawardene *et al.* 2018) dont seules 120'000 sont actuellement formellement décrites (Hawksworth & Lücking 2017). Par conséquent, l'estimation de la biodiversité fongique pose de sérieux problèmes méthodologiques, même si elle se restreint aux gros champignons (principalement aux agarics au sens large [Agaricomycotina]), groupe traditionnellement bien étudié en Europe. Dans la plupart des genres, les espèces proches sont difficiles à distinguer et leur identification nécessite une expertise morphologique par des taxonomistes expérimentés. En Europe, cette expertise est en déclin depuis des décennies dans les cercles professionnels (Buyck 1999, Samson 1995) et est actuellement principalement assurée par les sociétés mycologiques et les mycologues amateurs (Shehan 2017). Trouver l'expertise taxonomique nécessaire a toujours été le facteur le plus limitant des inventaires fongiques.

C'est pourquoi, depuis deux décennies, le développement des techniques moléculaires a conduit les scientifiques à utiliser des séquences code-barres d'ADN dans l'idée de pouvoir se passer d'expertise taxonomique. Actuellement, la séquence code-barre la plus utilisée pour identifier les champignons est la région ribosomale comprenant les 'internal transcribed spacers' 1 et 2 et le 5.8S (ITS) (Schoch *et al.* 2012, Schoch *et al.* 2014). Pour le moment, l'identification moléculaire souffre, comme l'expertise taxonomique, d'importantes limitations, en particulier de la couverture taxonomique des bases de données publiques et de la fiabilité des

identifications associées aux séquences (Bidartondo 2008, Kang *et al.* 2010, Ko Ko *et al.* 2011, Nilsson *et al.* 2006, Nilsson *et al.* 2012, Vilgalys 2003).

Dans ce projet pilote nous avons examiné la faisabilité d'un inventaire fongique de futaies à Montricher (Jura vaudois, Suisse). Cent quinze hectares de futaies sont protégés depuis 2001 et ne seront pas exploités les quarante prochaines années. Afin d'estimer la valeur de conservation de ces futaies et de déterminer quel usage adopter pour y maximiser la diversité fongique, les autorités forestières du canton de Vaud ont initié un projet pilote d'inventaire fongique. Disposant d'un temps (une année), d'un budget, d'un personnel et d'une expertise taxonomique très limités, nous avons opté pour une approche moléculaire (séquençage de la région ITS) pour caractériser et identifier les champignons récoltés. Une telle approche offrait aussi l'avantage de permettre une identification future plus précise, la couverture taxonomique des bases de données publiques étant en constante amélioration.

Matériel et méthodes

Échantillonnage des champignons

L'échantillonnage de la biodiversité fongique s'est limité à la récolte de tous les macro-champignons (lichens et myxomycètes exclus) dans quatre transects de 200 m^2 chacun (figure 1A). Deux de ces transects ont été délimités dans des zones de vieille futaie, l'une non exploitée (réserve naturelle, figure 1B) et l'autre exploitée (figure 1C). Les deux autres transects ont été délimités dans des zones de futaie moyenne, l'une exploitée et l'autre non. Ces transects ont été cartographiés (figure 2) afin d'éviter la collecte répétée du même individu (champignons persistants comme les polypores et les croûtes). La comparaison de la biodiversité fongique de ces transects visait à établir la valeur de conservation des futaies mises sous protection (comparaison entre vieilles et moyennes futaies), ainsi qu'à étudier l'impact de l'exploitation (comparaison entre futaies exploitées et non exploitées) sur la diversité fongique afin de trouver le meilleur usage forestier à adopter dans la zone protégée de cette forêt.

La récolte des champignons sur le terrain a été effectuée à douze reprises entre juin 2015 et mai 2016 (figure 3). Les collections fongiques ont été photographiées, cartographiées et numérotées sur le terrain, placées individuellement dans du papier d'aluminium puis ramenées à Agroscope (Suisse). Deux échantillons de chaque collection ont été prélevés, puis placés individuellement dans un tube Eppendorf contenant 500 µl d'une solution de chlorure d'ammonium triméthilique cétylique concentrée 1x (CTAB 1x). Le reste du matériel récolté a été séché en étuve à 60 °C, puis chaque collection fongique placée dans un sachet plastique étanche, afin d'éviter qu'il se réhydrate et moisisse.

Caractérisation moléculaire et délimitation des 'operational taxonomic units' (OTUs)

L'ADN génomique fongique a été isolé selon la méthode proposée par Hofstetter *et al.* (2002) à partir de matériel placé dans du CTAB 1x. La région ITS a été amplifiée en utilisant les amorces ITS1F (ou ITS1) et ITS4 et le produit d'amplification obtenu envoyé pour séquençage dans les deux sens avec les mêmes amorces. Les séquences ITS obtenues ont été assemblées avec le programme Sequencher v. 4.9 (Gene Codes Corp., USA), puis alignées en utilisant le programme MacClade (Maddison & Maddison 2003). L'alignement a permis de délimiter les ITS. Une fois délimitées, ces séquences ont été soumises à une recherche de

Figure 1. Transects de récolte des champignons. En haut : emplacement des transects (bleu : vieilles futaies [bas : non exploitée ; haut : exploitée] ; orange : moyennes futaies [bas : non exploitée ; haut : exploitée]). Milieu gauche : transect délimité dans une zone de vieille futaie non exploitée. Milieu droit : transect délimité dans une zone de vieille futaie exploitée. Bas gauche : transect délimité dans une zone de moyenne futaie exploitée. Bas droit : transect délimité dans une zone de moyenne futaie non exploitée. (Photos : Katia Gindro).

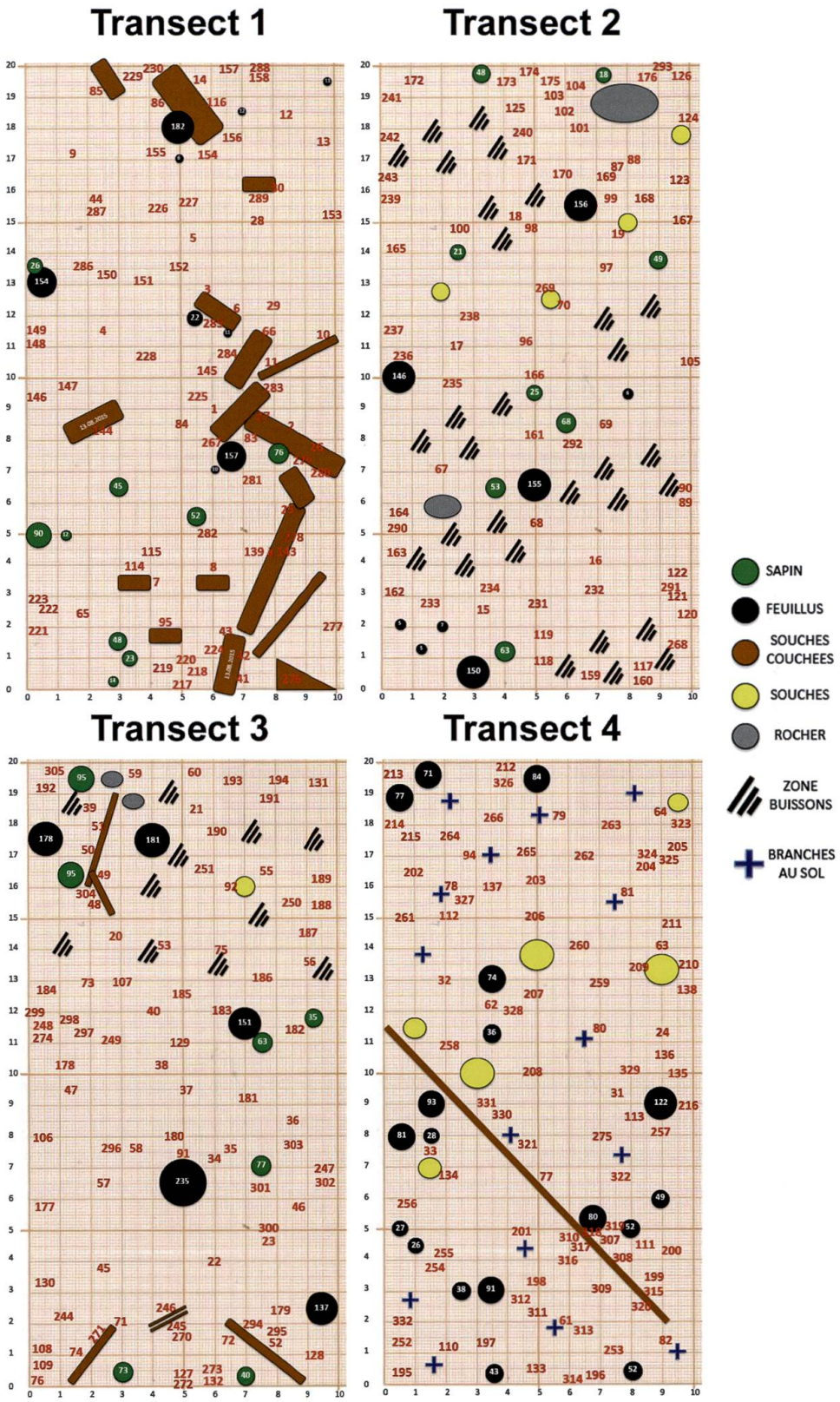

Figure 2. Cartographie des transects. Les numéros indiqués en rouge correspondent aux numéros attribués aux collections fongiques récoltées. Transect 1 : délimité dans une zone de vieille futaie non exploitée. Transect 2 : délimité dans une zone de vieille futaie exploitée. Transect 3 : délimité dans une zone de moyenne futaie exploitée. Transect 4 : délimité dans une zone de moyenne futaie non exploitée.

similarité dans Sequencher v. 4.9 avec un paramètre d'assemblage de 100 % afin de déterminer le nombre de génotypes fongiques présents dans notre échantillonnage.

L'identification des collections fongiques s'est basée sur les résultats d'une recherche de similarité de chaque génotype (https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PAGE_TYPE=BlastSearch#) avec les séquences déposées dans la banque de données mondiale GenBank (National Center for Biotechnology Information). Les collections fongiques récoltées à Montricher ont été nommées en fonction du nom scientifique attribué à la (les) séquence(s) la (les) plus similaire(s) dans GenBank ('BLAST top score' exprimé en %) et le nombre d'OTUs délimité en fonction de ce 'BLAST top score' et du pourcentage de similarité que les séquences obtenues avaient entre elles (voir Hofstetter *et al.* 2019 pour une présentation détaillée de la méthode utilisée pour délimiter et identifier les collections fongiques). Les noms fournis par GenBank ont été vérifiés dans Mycobank (http://www.mycobank.org/) et dans Index Fungorum (http://www.indexfungorum.org/names/names.asp).

Fréquence des espèces récoltées à Montricher en Suisse

Pour les collections identifiées à l'espèce ou au genre sur la base de leur 'BLAST top score' dans GenBank, la fréquence à laquelle chacune de ces espèces avait été récoltée en Suisse entre 1800 et fin 2018 a été vérifiée en utilisant l'Atlas de répartition des champignons de Suisse (ARCS; http://www.wsl.ch/dienstleistungen/inventare/pilze_flechten/swissfungi/). Cette recherche a permis d'établir si notre inventaire préliminaire comportait des espèces de champignons nouvelles, rarement récoltées ou menacées (en danger, vulnérables ou en voie de disparition; Senn-Irlet *et al.* 2007) en Suisse et par conséquent indicatrices de la valeur de conservation des futaies de Montricher (Siddig *et al.* 2016).

Résultats

Délimitation moléculaire des OTUs (ou espèces fongiques provisoires)

Au total, 294 collections de macro-champignons ont été récoltées. L'été et l'automne 2015 étaient relativement secs (figure 3) et peu propices à la fructification des champignons, ce qui explique le nombre peu élevé de récoltes. Une séquence ITS a pu être obtenue pour 283 d'entre elles (96,2 % des collections). Des 11 collections pour lesquelles une séquence n'a pas été obtenue, trois ont été identifiées morphologiquement à l'espèce (deux *Tremella mesenterica* et un *Trametes hirsuta*); six autres collections étaient des espèces corticioïdes qui auraient nécessité une procédure de clonage, l'amplification ayant généré plusieurs bandes; les deux dernières collections étaient des résidus de périthèces noires qui n'ont pas fourni assez d'ADN à l'extraction pour permettre l'amplification d'ITS avec le protocole standard adopté.

Une fois ces 283 séquences ITS alignées, délimitées et assemblées dans Sequencher avec un seuil de similarité de 100 %, 163 génotypes ITS ont été obtenus. Des séquences complètes d'ITS ont pu être obtenues pour toutes les collections séquencées à l'exception de deux *Mycena* (Mont-77 [seul ITS1 a été obtenu] and Mont-30 [le 5.8S est manquant]) et pour un *Hygrophorus* (Mont-243 [ITS2 manquant]).

Ces 163 génotypes ITS ont été déposés dans GenBank (voir les numéros d'accession dans l'annexe I). Deux de ces génotypes ont été écartés comme contaminants des champignons récoltés: *Penicillium swiecickii* et *Verticillium* sp. (annexe I). Les génotypes ayant 99 % de simi-

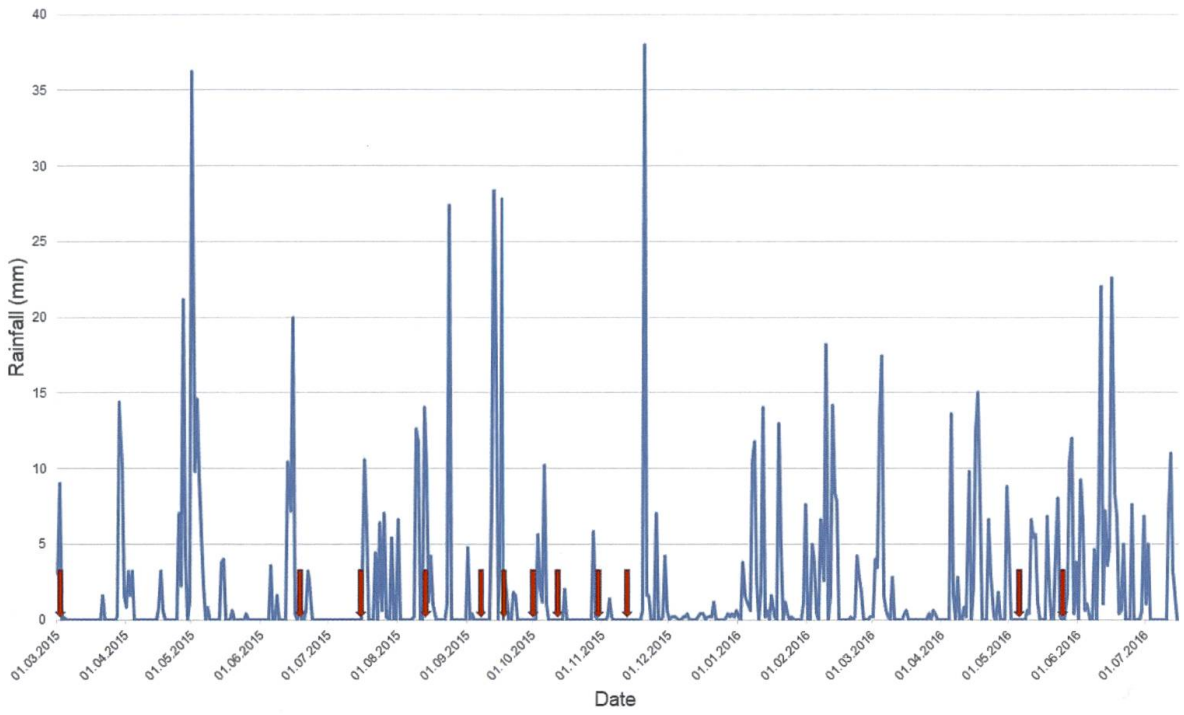

Figure 3. Pluviométrie de mars 2015 à septembre 2016 établie à partir des données d'une des stations météorologiques les plus proche de Montricher (Arnex-sur-Orbe) (www.agrometeo.ch). Les dates des récoltes sont indiquées par les flèches rouges.

larité entre eux étant considérés comme faisant partie du même OTU (voir Hofstetter *et al.* 2019), notre échantillonnage fongique inclut 124 OTUs (dont 123 délimités moléculairement et un morphologiquement [*Trametes hirsuta*] ; annexe I).

Identification moléculaire des OTUs

Nonante-quatre des 123 OTUs délimités moléculairement ont pu être identifiés au rang de l'espèce par recherche de similarité de leur séquence ITS GenBank (99 [cf.] – 100 % de similarité [annexe I] entre notre séquence et celle[s] de GenBank). Un peu moins d'un quart des OTUs n'ont pas pu être identifiés sur la base de leur séquence ITS. La faible couverture taxonomique des banques de données publique reste un des principaux facteurs limitants des inventaires fongiques moléculaires.

Fréquence des espèces récoltées dans l'ARCS

En tenant compte uniquement de la séquence 'BLAST top score', sans examen approfondi des résultats de nos recherches de similarité, 94 OTUs avaient pu être identifiés à l'espèce (annexe I). Une recherche de ces espèces dans l'ARCS effectuée en octobre 2017 (tableau 1) avait montré que six des espèces récoltées étaient nouvelles pour la Suisse, que sept espèces avaient été récoltées moins de dix fois en Suisse depuis 1800 et que cinq des espèces récoltées étaient des espèces menacées en Suisse.

Ces résultats étaient inattendus compte tenu des conditions météorologiques peu favorables aux champignons (figure 3), de la surface de récolte très réduite (800 m^2) et du nombre restreint de sorties sur le terrain pour récolter. Conscients des problèmes liés à l'identifica-

Tableau 1. Identification moléculaire avant et après un examen critique des résultats de BLAST. Les lignes en gras correspondent aux identifications modifiées après examen critique de ces résultats. Abréviations utilisées pour les espèces indicatrices : en danger (EN), vulnérable (VU) ou en voie de disparition (NT = 'nearly threatened').

Identification par BLAST top score(s)	Statut de l'espèce dans L'ARCS*	Après Examen critique des résultats de BLAST	Statut de l'espèce dans L'ARCS
Antrodiella citrinella Niemelä & Ryvarden (Niemelä & Ryvarden 1983)	rare (5)	*Antrodiella citrinella*	rare
***Antrodiella* sp.**	—	***Antrodiella stipitata*** H.S. Yuan & Y.C. Dai (Yuan *et al.* 2006)	**nouvelle**
Cibaomyces glutinis Zhu L. Yang, Y.J. Hao & J. Qin (Hao *et al.* 2014)	**nouvelle**	***Rhizomarasmius setosus*** (Sowerby) Antonín & A. Urb. (Moreau *et al.* 2015)	**commune**
Cortinarius cotoneus Fr. (Fries 1838)	indicatrice (VU)	*Cortinarius cotoneus*	indicatrice (VU)
Cortinarius laberiae B. Oertel & Saar (dans Münzmay *et al.* 2009)	nouvelle	*Cortinarius laberiae*	nouvelle
Cortinarius subgracilis Moënne-Locc. (Bideau *et al.* 2001)	nouvelle	*Cortinarius subgracilis*	nouvelle
Hygrophoropsis rufa (D.A. Reid) Knudsen (Knudsen & Vesterhold 2008)	rare (1)	*Hygrophoropsis rufa*	rare
Trichoderma polysporum (Link) Rifai (Rifai 1969) (téléomorphe : *Hypocrea pachybasioides* Yoshim. Doi (Doi 1972))	rare (2)	*Trichoderma polysporum* (téléomorphe : *Hypocrea pachybasioides*)	rare
Lactarius helvus (Fr.) Fr. (Fries 1838)	**indicatrice (VU)**	***Lactarius pallidus*** (Pers.) Pers. (Persoon 1797)	**commune**
Laxitextum incrustatum Hjortstam & Ryvarden (Hjortstam & Ryvarden 1981)	**nouvelle**	***Laxitextum bicolor*** (Pers.) Lentz (Lentz 1955)	**commune**
Mycena alniphila Robich (Robich 2016)	rare (1)	*Mycena alniphila*	rare
Mycena sp.	—	***Mycena pruinatipes*** Robich (Robich 2005)	**indicatrice (VU)**
Pluteus phlebophorus (Ditmar) P. Kumm. (Kummer 1871)	indicatrice (NT)	*Pluteus phlebophorus*	indicatrice
Pluteus pseudorobertii M.M. Moser (Moser 1953)	**rare (7) et indicatrice (EN)**	***Pluteus atromarginatus*** (Singer) Kühner (Kühner 1935)	**commune**
Postia caesia (Schrad.) P. Karst. (Karsten 1881)	**commune**	***Postia alni*** Niemelä & Vampola (Miettinen *et al.* 2018)	**nouvelle**
Psathyrella fagetophila Örstadius & Enderle (Enderle 1996)	rare (2)	*Psathyrella fagetophila*	rare
Russula inamoena Sarnari (Sarnari 1994)	nouvelle	*Russula inamoena*	nouvelle
Sistotrema sernanderi (Litsch.) Donk (Donk 1956)	rare (5)	*Sistotrema sernanderi*	rare
Tricholomopsis flammula Métrod ex Holec in Holec (Holec 2009)	indicatrice (VU)	*Tricholomopsis flammula*	indicatrice (VU)

* (nombre de récoltes en Suisse de 1801-octobre 2017)

tion moléculaire des champignons, nous avons effectué un examen critique et plus approfondi des résultats de BLAST pour les espèces nouvelles, rares ou menacées et pour certaines espèces problématiques que nous ne parvenions pas à identifier dans les genres *Antrodiella* et *Mycena* parce que leurs séquences ITS étaient 99-100 % similaires avec les séquences de plusieurs espèces dans GenBank. Cet examen a tenu compte de la littérature taxonomique et phylogénétique récente, des problèmes de nomenclature et a même nécessité, dans certains cas, d'aligner nos séquences avec les séquences 'BLAST top score' pour vérifier par analyse phylogénétique l'emplacement des séquences des champignons récoltés, afin de les nommer correctement. Nous avons aussi prêté attention aux décisions nomenclaturales disponibles et à l'information concernant les collections types des espèces fournies par Mycobank, Index fungorum et l'ARCS pour les 94 OTUs ayant pu être identifiés moléculairement au rang de l'espèce (99 [cf.] – 100 % de similarité de nos séquences avec les séquences les plus similaires de GenBank, Hofstetter *et al.* 2019). Cet examen critique des résultats de BLAST pour les espèces nouvelles, rares et/ou menacées en Suisse, ainsi que pour les espèces problématiques, a sensiblement modifié les identifications préliminaires obtenues (voir tableau 1).

Exemples détaillés des problèmes d'identification moléculaire rencontrés

Cas 1. *Hydropus subalpinus*

L'identification moléculaire d'*H. subalpinus* (figure 4) illustre bien le problème de la faible couverture taxonomique offerte par les banques de données mondiales de séquences comme GenBank. Vingt-deux des séquences obtenues n'avaient pu être identifiées qu'au rang de l'ordre (Agaricales sp., figure 5A) lors de notre première recherche de similarité de séquences en 2017 (annexe I). Pour ces séquences, seule la région 5.8S et une petite partie d'ITS1 (couverture maximale de 73 %; figure 5A) offraient entre 84 et 93 % de similarité avec des séquences de GenBank, alors qu'aucune similarité significative n'était trouvée pour ITS1 ou ITS2. Mais, sur la base de leur morphologie, ces collections avaient été facilement identifiées comme *Hydropus subalpinus* (figure 4). En effectuant une recherche de BLAST de ces séquences l'année suivante (en 2018; figure 5B), une séquence nouvellement déposée dans GenBank pour *H. subalpinus* a confirmé l'identification morphologique de nos collections. La séquence déposée pour *H. trichoderma* (figure 5B), 100 % similaire à la séquence ITS déposée pour *H. subalpinus*, est fort probablement aussi une séquence de cette dernière espèce.

Cas 2. *Cibaomyces glutinis* ou *Rhizomarasmius setosus* ?

Un des problèmes que nous avons le plus souvent rencontré en examinant nos résultats de BLAST de manière approfondie est que certaines séquences n'étaient pas correctement nommées dans GenBank pour cause d'erreurs lors du dépôt des séquences ou lors des manipulations en laboratoire. Le cas de *Cibaomyces glutinis* est un bon exemple de ce type d'erreur. En effet, nous avions obtenu des séquences identiques pour deux collections (génotype MK028377, annexe I) d'un très petit champignon (diamètre < 2 mm) à port marasmioïde, à chapeau blanc et à pied long et filiforme. Cette séquence (MK028377) s'est révélée 100 % similaire à une séquence déposée pour *C. glutinis* [KM588673; figure 6]). La seconde séquence la plus similaire avec la nôtre sur GenBank montrait seulement 90 % de similarité. *C. glutinis* est un genre monospécifique récemment décrit d'Asie par Hao *et al.* (2014). D'après la littérature, cette espèce n'a été col-

Figure 4. *Hydropus subalpinus* (à gauche Mont-322, à droite Mont-313 ; voir tableau 1). Collections identifiées morphologiquement par Guillaume Eyssartier. (Photos : Katia Gindro).

lectée qu'une fois depuis sa description, en France, dans une région près des Alpes donc pas très éloignée de Montricher. Ces récoltes ont été identifiées par un expert taxonomique des espèces marasmioïdes (Moreau *et al.*, 2015). Il n'y avait, à première vue, pas de raison de douter que l'identification moléculaire de nos deux collections soit correcte et que nous ayons une espèce nouvelle pour la Suisse dans notre échantillonnage fongique. Cependant, en consultant la publication de Moreau *et al.* (2015), la photo ainsi que la description de *C. glutinis* ne ressemblaient pas à nos deux collections. Les deux exemplaires que nous avions récoltés étaient d'une taille similaire à celle de *C. glutinis,* mais cette dernière avait une couleur tirant plus vers le gris brunâtre et le bord des lames brun. Aussi, en consultant la publication originale de *C. glutinis* (Hao *et al.* 2014), nous avons constaté qu'ils avaient déposé deux séquences ITS pour *C. glutinis*, une pour l'holotype de cette espèce (NR_132898) et l'autre pour le paratype (KJ024100). En vérifiant les résultats du BLAST, celles-ci n'apparaissaient que bien plus bas dans les résultats (absent de la figure 6) et ne montraient que 83-84 % de similarité avec la séquence déposée pour la même espèce par Moreau *et al.* (2015), cela avec une couverture des séquences de 99 %. En effectuant une recherche de similarité mais, cette fois, avec les séquences types de *C. glutinis* déposées par Hao *et al.* (2014), la seule séquence proche (95 % de similarité) était la séquence KM588675, séquence publiée dans le même article de Moreau *et al.* que celle de *C. glutinis,* mais associée dans GenBank à une collection canadienne de *Rhizomarasmius pyrrocephalus*. D'après la discussion écrite dans ce dernier papier, il était clair que la séquence KM588675 représentait en fait la collection française de *C. glutinis* (les auteurs ont interprété la similarité de 95 % de cette séquence avec celle du type asiatique comme une variation intraspécifique). N'étant pas capables de résoudre ce problème d'identification, nous avons contacté les auteurs de Moreau *et al.* (2015) qui ont eu la gentillesse de nous envoyer le fichier d'origine des séquences de leur publication. Une comparaison entre les séquences déposées dans GenBank et le fichier d'origine a montré qu'un décalage s'était produit entre les séquences et les numéros leur étant originellement associés au moment du dépôt des séquences. D'après le fichier d'origine, notre spécimen a pu être aisément identifié comme *Rhizomarasmius setosus*, espèce très commune en Suisse.

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Pluteus sp. KA12-0396 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RNA ger	573	753	73%	2e-159	93%	KR673451.1
Clitocybe ulmicola TENN 029208 ITS region; from TYPE material	368	447	52%	1e-97	89%	NR_119887.1
Tricholomataceae sp. 29 YS-2010 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosom	363	363	51%	5e-96	85%	HM007087.1
Clitocybula aff. lacerata GRSM77072 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal trans	353	353	51%	3e-93	85%	FJ596916.1
Clitocybula sp. TENN60306/TFB12058 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal trar	353	353	51%	3e-93	85%	EU623637.1
Clitocybula sp. FCME25069 clone c3 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal trans	344	344	51%	2e-90	85%	EU623636.1
Clitocybula sp. FCME25069 clone c1 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal trans	339	339	51%	8e-89	84%	EU623635.1
Trogia venenata strain XY14 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RN	333	333	45%	4e-87	87%	KT968071.1
Trogia venenata 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer 1, 5.8S	331	331	44%	1e-86	87%	KX268227.1
Trogia venenata strain TC2-28 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal F	331	331	44%	1e-86	87%	KT968080.1

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Accession
Hydropus subalpinus strain Montri-291 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8	1260	1260	100%	0.0	100.00%	MK028414.1
Hydropus subalpinus strain Montri-312 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8	1253	1253	99%	0.0	99.85%	MK028415.1
Hydropus subalpinus strain Montri-323 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8	1247	1247	99%	0.0	99.71%	MK028416.1
Hydropus subalpinus voucher SMNS:SMNS-STU-F-0900123 small subunit ribosomal RNA	1245	1245	100%	0.0	99.56%	MF039248.1
Hydropus trichoderma voucher SMNS:SMNS-STU-F-0900127 small subunit ribosomal RN	1243	1243	100%	0.0	99.56%	MF039249.1
Hydropus aff. subalpinus strain Montri-294 internal transcribed spacer 1, partial sequence;	1177	1177	100%	0.0	97.67%	MK028417.1
Pluteus sp. KA12-0396 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosomal RN	573	753	73%	3e-159	93.18%	KR673451.1
Clitocybe ulmicola TENN 029208 ITS region; from TYPE material	368	447	52%	2e-97	88.93%	NR_119887.1
Tricholomataceae sp. 29 YS-2010 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S rib	363	363	51%	8e-96	85.47%	HM007087.1
Tricholomataceae sp. isolate DS68 small subunit ribosomal RNA gene, partial sequence; i	353	353	51%	5e-93	85.04%	MK808864.1
Trichocomaceae sp. isolate DS181 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ril	353	353	51%	5e-93	85.04%	MK808569.1

Figure 5. Séquences GenBank les plus similaires au génotype ITS MK028414 obtenu pour la collection Mont-291 = *Hydropus subalpinus* (tableau 1). A. Recherche de similarité pour la séquence MK028414 effectuée en 2017; B. Recherche de similarité pour la même séquence effectuée en 2018.

Cas 3. Plusieurs espèces du genre *Mycena*

Un autre exemple d'erreurs dans les métadonnées associées aux séquences déposées dans GenBank concerne plusieurs espèces du genre *Mycena.* D'après les résultats de BLAST obtenus pour les séquences MK028471 et MK028467 (annexe I; figures 7A et 7B respectivement), il était évident que certaines séquences avaient été incorrectement associées à certaines espèces de *Mycena*. Notre séquence MK028471 était 99 % similaire aux séquences de trois espèces de *Mycena* classées dans des sections différentes de ce genre (figure 7A): *M. flavoalba* sect. *Adonideae* (JF908436), *M. rosella* (Fr.) P. Kumm. sect. *Luculentae* Maas Geest. subsect. *Rosellae* Singer ex Maas Geest. (JF908473), et *M. pura* (Pers.) P. Kumm sect. *Purae* (FN394576). Comme les deux premières séquences avaient été déposées par Osmundson *et al.* (2013), nous sommes allés vérifier si ces trois séquences étaient associées aux mêmes espèces dans

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Cibaomyces glutinis voucher LIP PAM99082601 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	1279	1279	99%	0.0	100%	KM588673.1
Rhizomarasmius setosus voucher BRNM 736121 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	896	896	99%	0.0	90%	KM588674.1
Rhizomarasmius pyrrocephalus strain TENN51091 18S small subunit ribosomal RNA gene, pa	894	894	99%	0.0	90%	DQ097369.1
Marasmius cf. epidryas 34_N3F25 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosor	850	850	99%	0.0	89%	HQ445616.1
Rhizomarasmius undatus voucher LIP PAM07092201 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribos	743	743	99%	0.0	86%	KM588672.1
Physalacriaceae sp. 2 PRJ-2011 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcrib	725	725	99%	0.0	86%	JN225955.1
Marasmius epidryas strain KH59 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosom	704	704	79%	0.0	90%	GU234115.1
Rhizomarasmius oreinus AQUI 6763 ITS region; from TYPE material	701	770	82%	0.0	90%	NR_132910.1
Rhizomarasmius oreinus voucher AQUI 6115 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	697	766	82%	0.0	90%	KM588679.1
Rhizomarasmius oreinus voucher AQUI 6116 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal RN	695	764	82%	0.0	90%	KM588678.1
Rhizomarasmius oreinus voucher BRNM 751553 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	695	764	82%	0.0	90%	KM588669.1
Rhizomarasmius oreinus voucher BRNM 751554 internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosomal	691	761	82%	0.0	90%	KM588670.1
Marasmius epidryas strain KH58 internal transcribed spacer 1, partial sequence; 5.8S ribosom	691	691	80%	0.0	89%	GU234107.1
Gloiocephala aquatica strain CIEFAP50 isolate AFTOL-ID 517 internal transcribed spacer 1, pa	667	746	87%	0.0	90%	DQ097356.1
Gloiocephala resinopunctata strain M703c 18S small subunit ribosomal RNA gene, partial sequ	664	664	87%	0.0	87%	DQ097360.1
Cibaomyces glutinis HKAS 80855 ITS region; from TYPE material	636	636	99%	3e-178	84%	NR_132898.1

Figure 6. Séquences GenBank les plus similaires au génotype ITS MK028377 obtenu pour la collection Mont-155 = *Rhizomarasmius setosus* (tableau 1).

leur publication (voir Odsmundson *et al.* 2013, Supporting material, Table S1, https://doi.org/10.1371/journal.pone.0062419.s003). Nous avons pu constater que pour plusieurs séquences déposées dans GenBank sous le nom de *M. rosella* (JF908473, JF908474, JF908487 et JF908488), le nom adopté dans leur publication était *M. rosea*. Cette correction était plus que surprenante car *M. rosella* et *M. rosea* sont des espèces morphologiquement et écologiquement (forêts de *Picea* sur sol acide et forêts de *Fagus* sur sol calcaire, respectivement) très différentes. Les métadonnées associées à la séquence JF908473 correspondent à une collection fongique citée comme matériel examiné pour *M. rosella* dans la monographie du genre *Mycena* publiée par Robich (2016). Il est difficile d'imaginer que ce spécialiste de la taxonomie des *Mycena* ait pu confondre *M. rosea* et *M. rosella*.

Le même problème d'identification se posait pour notre séquence MK028467 (figure 7B), qui présentait une similarité de 99-100 % avec quatre séquences déposées dans GenBank comme *M. pelianthina* (Fr.) Quél. sect. *Marginatae* mais aussi pour une séquence de *M. rosella* (JF908474) déposée par Osmundson *et al.* (2013). Ces deux espèces sont morphologiquement très différentes. Ne parvenant pas à identifier plusieurs de nos collections de *Mycena* par BLAST, nous avons résolu le problème en effectuant des analyses phylogénétiques incluant nos séquences ITS, un échantillonnage représentatif de la section *Purae* (Harder *et al.* 2013) et les séquences apparemment problématiques d'Osmundson *et al.* (2013). Cette dernière publication portait sur le séquençage de la région ITS de collections étant à l'origine de la description d'espèces (types) de l'herbier de Venise (Italie) pour des genres pour lesquels la couverture taxonomique était faible dans les banques de données publiques. Nos analyses phylogénétiques

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Mycena rosella voucher 79h 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosom	1096	1096	100%	0.0	99%	JF908473.1
Mycena flavoalba voucher 448b 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribo	1096	1096	100%	0.0	99%	JF908436.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH278	1085	1085	98%	0.0	99%	FN394576.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH128	1083	1083	98%	0.0	99%	FN394575.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH066	1083	1083	98%	0.0	99%	FN394567.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH109	1081	1081	98%	0.0	99%	FN394577.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH234	1081	1081	98%	0.0	99%	FN394573.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH169	1079	1079	98%	0.0	99%	FN394579.1
Mycena pura f. violacea ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH031	1077	1077	98%	0.0	99%	FN394578.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH108	1075	1075	98%	0.0	99%	FN394571.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH385	1075	1075	98%	0.0	99%	FN394570.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH077	1075	1075	98%	0.0	99%	FN394569.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH404	1075	1075	98%	0.0	99%	FN394566.1
Mycena pura ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH366	1074	1074	98%	0.0	99%	FN394572.1

Sequences producing significant alignments:

Select: All None Selected:0

Alignments Download GenBank Graphics Distance tree of results

Description	Max score	Total score	Query cover	E value	Ident	Accession
Mycena pelianthina ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH016	1107	1107	98%	0.0	100%	FN394547.1
Mycena pelianthina voucher 108b 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ri	1081	1081	95%	0.0	100%	JF908379.1
Mycena rosella voucher 79m 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S riboso	1123	1123	100%	0.0	99%	JF908474.1
Mycena pelianthina ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher CBH164	1101	1101	98%	0.0	99%	FN394548.1
Mycena pelianthina voucher 108f 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S rib	1118	1118	100%	0.0	99%	JF908380.1
Mycena lammiensis ITS1, 5.8S rRNA gene and ITS2, specimen voucher 165927	1062	1062	98%	0.0	99%	FN394552.1
Mycena pura isolate 2601 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	994	994	100%	0.0	96%	KJ705186.1
Mycena diosma voucher KA13-1230 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcrib	922	922	94%	0.0	96%	KR673698.1
Mycena pura isolate 2820 18S ribosomal RNA gene, partial sequence; internal transcribed spacer	950	950	97%	0.0	96%	KJ705187.1
Mycena rosella voucher 938a 18S ribosomal RNA gene, internal transcribed spacer 1, 5.8S ribosc	977	977	100%	0.0	96%	JF908488.1

Figure 7. Séquences GenBank les plus similaires aux génotypes ITS obtenus pour : A. la collection Mont-198 = *Mycena pura* (génotype MK028471) ; B. la collection Mont-137 = *Mycena pelianthina* (génotype MK028467).

(figure 8) ont confirmé que plusieurs séquences déposées dans GenBank par Osmundson *et al.* n'étaient pas associées à la bonne espèce de *Mycena*, résultats déjà suggérés par nos résultats de BLAST (figure 7). L'arbre de maximum de vraisemblance (figure 8) montre clairement que trois des séquences déposées pour *Mycena rosella/rosea* par Osmundson *et al.* ne vont pas se placer dans le bon clade, quel que soit le nom adopté (*M. rosella* ou *M. rosea*) comme correct. Ce type d'erreur est aussi observé pour la séquence JF908474 (figure 7), déposée comme étant une séquence de *M. rosella* alors que notre phylogénie (figure 8) montre que c'est une séquence de *M. pelianthina*. Il est aussi impossible, toujours d'après notre phylogénie, que la séquence JF908436 déposée par les mêmes auteurs pour *M. flavoalba*, soit correctement identifiée vu

qu'elle se place clairement dans la section *Purae* d'après nos analyses (figure 8) et non pas avec les deux autres séquences de *M. flavoalba* utilisées pour enraciner notre phylogénie.

Dans l'idéal, toutes nos identifications moléculaires auraient dû faire l'objet d'un examen approfondi. Mais un tel examen nous a demandé deux mois de travail à plein temps pour à peine une vingtaine de nos résultats de BLAST (les plus intéressants). Un examen critique de toutes nos identifications n'était donc pas envisageable dans le cadre de ce projet pilote et n'est certainement pas à la portée de programmes d'inventaires plus important pouvant impliquer plusieurs centaines, voire milliers d'espèces de champignons. Après un examen approfondi des résultats de 'BLAST' (tableau 1, Hofstetter *et al.* 2019) et d'après l'ARCS, cinq nouvelles espèces pour la Suisse (*Antrodiella stipitata* H.S. Yuan & Y.C. Dai, *Cortinarius laberiae* B. Oertel & Saar, *Cortinarius subgracilis* Moënne-Locc., *Postia alni* Niemelä & Vampola, *Russula inamoena* Sarnari), six espèces très rarement collectées (*Antrodiella citrinella* Niemelä & Ryvarden, *Cortinarius cotoneus* Fr., *Hygrophoropsis rufa* (D.A. Reid) Knudsen, *Psathyrella fagetophila* Örstadius & Enderle, *Sistotrema sernanderi* (Litsch.) Donk in Donk, *Trichoderma polysporum* (Link) Rifai (téléomorphe d'*Hypocrea pachybasioides* Yoshim. Doi) et quatre espèces menacées (*Cortinarius cotoneus* Fr., *Mycena pruinatipes* Robich, *Pluteus phlebophorus* (Ditmar) P. Kumm., *Tricholomopsis flammula* Métrod ex Holec) ont été récoltées dans ce projet pilote d'inventaire fongique.

Cas 4. *Postia alni* et *Cortinarius laberiae*

Ces deux séquences nous ont confrontés à des problèmes de nomenclature fongique. Pour *Postia alni*, l'ARCS, comme Mycobank et Index Fungorum, a adopté *Oligoporus* comme nom de genre correct pour l'espèce que nous avons récoltée (voir Hofstetter *et al.* 2019 Supplementary material 1 et 2, https://link.springer.com/article/10.1007/s13225-019-00428-3#Sec46). Mais la phylogénie la plus récente pour ce complexe (Miettinen *et al.* 2018) a suivi Ortiz-Santana *et al.* (2013) et maintient *Postia* comme genre distinct, sœur d'*Oligoporus*, avec *P. alni* comme l'une des espèces du groupe central. L'ARCS contenait des observations pour *Postia et Oligoporus* lors de notre première recherche de ces espèces en 2017. Mais lors de notre deuxième recherche, fin 2018, toutes les observations pour les deux genres avaient été éliminées, probablement suite à la publication de Miettinen *et al.* (2018), qui montre bien que des données moléculaires sont nécessaires pour identifier correctement les espèces de ces deux genres. Des séquences n'étant pas disponibles pour les collections de *Postia*/*Oligoporus* répertoriées dans l'ARCS, les 8 observations d'*Oligoporus alni,* apparemment rajoutées récemment, restent douteuses d'après la littérature récente (Miettinen *et al.* 2018). Aussi d'après Laessøe et Petersen (2019), l'identification des *Postia*/*Oligoporus* n'est pas simple. Par conséquent, notre séquence est la première identification moléculairement vérifiée de *Postia alni* (Miettinen *et al.* 2018) pour la Suisse.

Le cas de *Cortinarius laberiae* illustre aussi le problème lié à la nomenclature fongique. Deux de nos échantillons ont produit une séquence ITS identique (MK028390, ressource en ligne 1, Hofstetter *et al.* 2019) similaires à 100 % et avec une couverture de 100 % (score total de 1101 nucléotides) avec les séquences GenBank EU655663 (déposée comme *Cortinarius laberiae* TUB 011658) et avec la séquence AY669563 (déposée sous le nom de *C. subarquatus* TUB 01189). Notre séquence était également similaire à 100 %, mais avec une couverture de 93 %, avec la séquence LT899347, également déposée sous le nom de *C. laberiae*. Ces deux espèces, *C. laberiae* (nouvelle espèce pour la Suisse dans cette étude) et *C. subarquatus*,

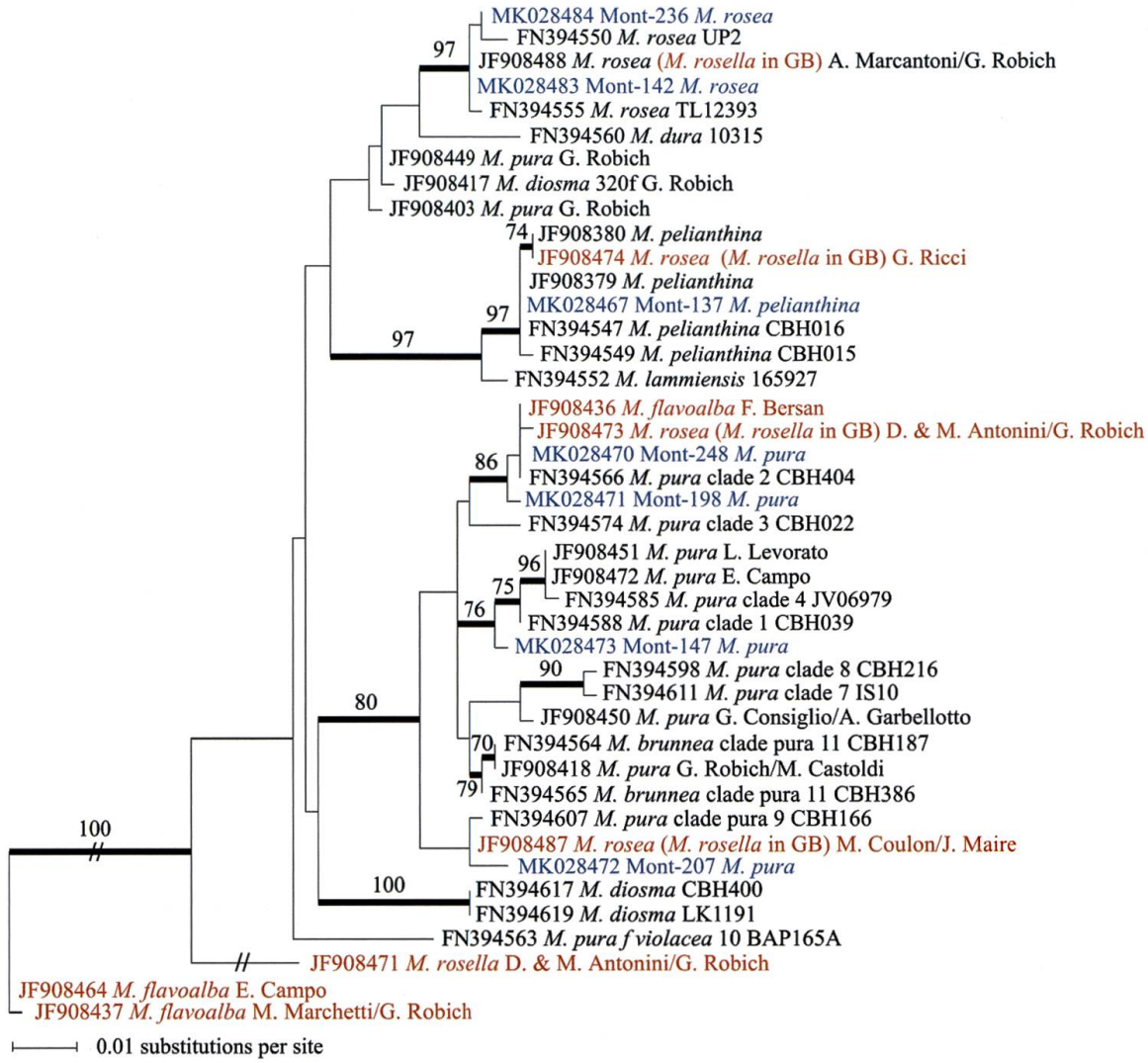

Figure 8. Arbre de maximum de vraissemblance (-ln = 2392.39402) obtenu par analyse phylogénétique d'un alignement de 42 séquences ITS de *Mycena*. Ces analyses ont été effectuées avec le programme PhyML (Guindon & Gascuel 2003) avec le modèle d'évolution GTR, les autres paramètres étant estimés durant la recherche. La robustesse des branches a été évaluée sur la base de 500 réplicats de 'bootstrap' en utilisant les mêmes paramètres que pour la recherche de l'arbre le plus vraissemblable. Les branches ayant obtenu un support de 'bootstrap' significatif (≥ 70% ; Alfaro *et al.* 2003) sont en gras et les valeurs de 'bootstrap' indiquées le long des branches. Les séquences des collections fongiques de Montricher sont indiquées en bleu et les séquences GenBank faisant l'objet de la discussion indiquées en rouge. Les numéros d'accession des séquences échantillonnées dans GenBank commençant par 'FN' et par 'JF' proviennent respectivement des publications de Harder *et al.* (2013) et d'Osmundson *et al.* (2013).

sont deux espèces du complexe *C. calochroi*. Ce complexe d'espèces, morphologiquement bien reconnaissable s'est récemment révélé être très riche en espèces, souvent cryptiques, en utilisant des méthodes moléculaires (Bellanger 2015 ; Frøslev *et al.* 2007 ; Garnica *et al.* 2005 ; Garnica *et al.* 2009). Afin de vérifier l'exactitude de notre identification, nous avons consulté le document original, ainsi que d'autres documents taxonomiques des articles portant sur *C. laberiae*. Il est apparu que la séquence EU655663 de GenBank a été obtenue à partir la collection de l'holotype (TUB011658) pour *C. laberiae*, information mentionnée par Bellanger (2015) et par Frøslev *et al.* (2007), mais la séquence n'a malheureusement pas été annotée

comme type dans GenBank. La collection correspondant à cet holotype est mentionnée dans l'IF (http://www.indexfungorum.org/names/NamesRecord.asp?RecordID=546599) mais pas dans MB (ressource en ligne 2; Hofstetter *et al.* 2019). Aussi la séquence AY669563 (tirée de Garnica *et al.* 2005) a été, à l'origine, déposée sous le nom de *C. subarquatus* mais a été attribuée par la suite à *C. laberiae* par Garnica *et al.* (2009), tout en restant étiquetée comme *C. subarquatus* dans GenBank. Notre séquence est donc bien une séquence de *C. laberiae* et une nouvelle espèce pour la Suisse.

Écologie fongique et comparaison des transects échantillonnés

En admettant qu'une bonne partie de nos identifications moléculaires non vérifiées soient correctes (annexe I), il est à noter que la plupart des espèces récoltées à Montricher sont des espèces de forêts mixtes, les futaies de Montricher étant localement envahies par des conifères. Une espèce saprophyte typiquement associée à *Fagus* est *Psathyrella fagetophila* (Örstadius *et al.* 2015), espèce rare en Europe et connue de seulement trois autres collections en Suisse. En revanche, *Fomitopsis pinicola* et *Gymnopilus sapineus*, comme leurs noms l'indiquent, sont des espèces saprophytes sur bois de conifères principalement pour la première et exclusivement pour la seconde (Eyssartier & Roux 2017). Dans les groupes ectomycorrhiziques, *Lactarius pallidus* et *L. blennius* sont des espèces strictement associées aux hêtres alors que *L. salmonicolor* et *Cortinarius subgracilis* sont des champignons exclusivement liés aux conifères (Eyssartier & Roux 2017).

La majorité des espèces n'ayant été récoltées qu'une seule fois (annexe I), nous nous sommes abstenus de présenter des courbes d'accumulation d'espèces et d'estimer la diversité fongique sur la base des OTUs récoltés, les index permettant d'évaluer cette diversité étant fortement dépendants de la fréquence de récolte des OTUs. Cependant, à titre indicatif, une comparaison des transects échantillonnés (tableau 2) indique qu'un nombre plus élevé d'espèces a été récolté dans les futaies moyennes (87 espèces; transects 3 et 4) que dans les vieilles futaies (62 espèces; transects 1 et 2). Ce résultat peut s'expliquer, du moins en partie, par le fait que les deux transects délimités dans les vieilles futaies étaient en pente, alors que les deux transects de futaie moyenne étaient plats. Comme l'année de récolte était plutôt sèche, les rares pluies ont dû ruisseler sur les transects en pente, sans avoir le temps de pénétrer dans le sol, et mieux pénétrer dans les transects plats et donc favoriser la fructification des champignons. Toujours à titre indicatif, nos résultats (tableau 2) indiquent qu'un nombre légèrement plus élevé d'espèces a été récolté dans les transects non exploités (1 et 3) que dans les transects exploités (2 et 4), respectivement 79 et 70 espèces. Le transect 2 est celui dans lequel le nombre d'espèces saprophytes récolté était le plus bas comparativement aux trois autres transects (tableau 2). Ce résultat peut s'expliquer par le fait que le transect 2 est celui dans lequel le bois mort était quasi inexistant (figure 2). Enfin, deux fois plus d'espèces menacées ont été récoltées dans les transects non exploités (1 et 3; 10 espèces; tableau 2) que dans les transects exploités (2 et 4; 5 espèces), le nombre le plus élevé de ces espèces à valeur de conservation ayant été récolté dans le transect 1, vieille futaie non exploitée.

Discussion

Dans ce projet pilote d'inventaire fongique, la stratégie d'identification fongique adoptée était basée uniquement sur une recherche de similarité entre les séquences ITS des champignons récoltés et les séquences disponibles dans les bases de données publiques. Cette stratégie d'iden-

Tableau 2. Comparaison entre les transects. Le nombre d'espèces a été évalué en considérant que les OTUs ayant des séquences de 99 (cf.) à 100 % similaires entre elles faisaient partie de la même espèce.

	transect 1	transect 2	transect 3	transect 4
Type de futaie	vieille	vieille	moyenne	moyenne
Exploitation	non	oui	non	oui
Nombre d'espèces saprophytiques récoltées	27	18	35	33
Nomres d'espèces ectomycorhiziques récoltées	5	12	12	7
Nombre d'espèces récoltées ayant une valeur de conservation	7	1	3	4

tification est la plus fréquemment adoptée par les biologistes des sols et par les chercheurs en écologie moléculaire ou en médecine (Nilsson *et al.* 2014). La fiabilité des identifications fongiques basées uniquement sur une recherche de similarité entre séquences ITS a été critiquée à plusieurs reprises. La proportion de séquences fongiques mal identifiées dans les banques de données publiques est de 10-20 % d'après plusieurs études (Bidartondo 2008, Kang *et al.* 2010, Ko Ko *et al.* 2011, Nilsson *et al.* 2006, Nilsson *et al.* 2012, Vilgalys 2003). L'examen approfondi de nos résultats de BLAST suggère que cette proportion de séquences mal nommées est encore plus élevée, atteignant presque 30 %. Les raisons le plus souvent invoquées pour les séquences mal nommées ne sont pas seulement des erreurs d'identification morphologique mais aussi des erreurs dans l'amplification d'ITS (numérotation des tubes, séquences chimériques [Bridge *et al.* 2003, Buyck *et al.* 2016]) ou lors du dépôt des séquences (numéro d'accession de la séquence dans GenBank associé à la mauvaise collection fongique). Le 'Barcoding' (ou identification à partir d'une séquence d'ADN) a été naïvement adopté par certains chercheurs comme procédé permettant d'identifier les organismes sans avoir à passer par une identification morphologique (Godfray 2007, Hebert *et al.* 2003). Ce procédé d'identification a cependant fait l'objet de nombreuses critiques de la part de taxonomistes spécialistes de différents groupes d'organismes (Begerow *et al.* 2010, De Carvalho *et al.* 2007, Jeewon & Hyde 2016, Nguyen *et al.* 2016, Peay 2014) et nous ne pouvons que souscrire à ces critiques après examen approfondi de nos résultats (tableau 1).

La présente étude montre aussi qu'un examen critique des résultats de BLAST peut sensiblement modifier les résultats et conclusions d'un inventaire fongique. Si, sur la base de différences morphologiques, nous n'avions pas réexaminé nos résultats pour *Cibaomyces glutinis* (figure 6), nous aurions certainement déposé notre séquence sous ce nom, alors que le nom correct à associer à notre séquence est *Rhizomarasmius setosus*. De plus, en déposant cette séquence sous le nom de *C. glutinis*, nous aurions augmenté le risque que d'autres commettent la même erreur et que cette erreur persiste et s'amplifie au cours du temps, les chercheurs faisant naturellement confiance à une identification moléculaire lorsque le même nom revient plusieurs fois en tête de liste des 'BLAST top scores'. De plus, *C. glutinis* aurait été une espèce nouvelle pour la Suisse, alors que *R. setosus* (encore signalé sous son ancien nom de *Marasmius setosus* dans l'ARCS) est une espèce commune dans ce pays (tableau 1). Un autre cas d'identification moléculaire problématique était pour *Pluteus pseudorobertii*. La synonymie récente, acceptée pour cette espèce avec *P. tricuspidatus* et *P. atromarginatus* (Justo *et al.* 2014), n'était à jour ni dans Mycobank, ni dans l'ARCS, et nous aurions déposé notre séquence sous le nom

de *P. pseudorobertii* si nous n'avions pas consulté la littérature taxonomique récente. Alors que *P. pseudorobertii* est une espèce très rare et menacée d'après l'ARCS, *P. atromarginatus* est une espèce très commune en Suisse. Si nous n'avions pas eu connaissance de la publication de Justo *et al.*, la présence de *P. pseudorobertii* aurait été interprétée comme un signe de la haute qualité d'habitat des futaies de Montricher. Plusieurs des séquences obtenues dans ce projet pilote pour le genre *Mycena* auraient, elles aussi, été déposées sous le mauvais nom dans GenBank si nous avions fait confiance aux noms associés aux séquences déposées par Osmundson *et al.* (2013), sans consulter la littérature taxonomique pour ce genre et sans effectuer d'analyses phylogénétiques pour vérifier l'emplacement de ces séquences (figure 8).

Les exemples discutés montrent qu'une interprétation fiable des résultats de BLAST nécessite de bonnes connaissances des aspects taxonomiques, systématiques et nomenclaturaux des organismes à identifier, ainsi qu'un accès facile à la littérature taxonomique et phylogénétique disponible pour ces organismes. Cette étude montre clairement que la taxonomie n'est pas un « simple service ». L'expertise taxonomique reste importante, même dans le contexte d'une identification moléculaire et les non-spécialistes ont toutes les chances de mal identifier bon nombre de séquences fongiques s'ils se fient uniquement à la première séquence s'affichant dans les 'BLAST top scores', sans examen plus approfondi des résultats.

Les résultats de ce projet pilote montrent aussi qu'une des principales limitations de l'identification moléculaire des champignons reste la faible couverture taxonomique actuellement disponible dans les banques de données publiques (Kang *et al.* 2010, Ko Ko *et al.* 2011, Nilsson *et al.* 2012). Dans notre étude, près d'un quart des OTUs n'a pas pu être identifié au rang d'espèce, leur séquence ITS n'étant suffisamment proche d'aucune séquence de la GenBank pour permettre de les nommer plus précisément qu'au rang du genre (e.g. *Clavariadelphus*, la plupart des *Inocybe* et des *Mycena*, plusieurs *Cortinarius*, etc. [annexe I]). Le nombre d'espèces de champignons d'Europe pour lesquelles une séquence ITS a été déposée dans GenBank est très restreint, alors que c'est à peu près le seul continent pour lequel un inventaire fongique presque complet a été réalisé. Même si le nombre de séquences fongiques déposées dans GenBank pour des espèces formellement décrites a rapidement augmenté de 493 taxa en 1993 à 28'340 en 2014 (Federhen 2015), ce n'est qu'une goutte d'eau dans l'océan si l'on considère que la biodiversité fongique terrestre est actuellement évaluée à plusieurs millions d'espèces (Blackwell 2011, Hawksworth & Lücking 2017, Hibbett *et al.* 2016, Scheffers *et al.* 2012, Wijayawardene *et al.* 2018). Cependant, la présente étude montre aussi que la couverture taxonomique des banques de données publiques est en constante amélioration. Ayant effectué deux recherches de similarité de séquences à une année d'intervalle, plusieurs séquences qui n'avaient pas pu être identifiées moléculairement à l'espèce en 2017 ont pu l'être en 2018 (annexe I: *Hydropus subalpinus*, *Postia alni*, *Mycena* cf. *maculata*).

Aussi, la plupart de nos identifications moléculaires n'auraient pas été possibles sans les études taxonomiques récentes suivantes: *Antrodiella stipitata* (Floudas & Hibbett 2015), *Rhizomarasmius setosus* (Moreau 2017 com. pers.), *Cortinarius laberiae* and *C. subgracilis* (Bellanger 2015), *Postia alni* (Ortiz-Santana *et al.* 2013, Miettinen *et al.* 2018), *Hydropus subalpinus* (Eberhardt *et al.* 2018), *Hygrophoropsis rufa* (Holec & Kolarík 2013), *Mycena alniphila* (Osmundson *et al.* 2013), *Pluteus atromarginatus* (Justo *et al.* 2014), *Psathyrella fagetophila* et *P. obtusata* (Örstadius *et al.* 2015), *Russula inamoena* (Melera *et al.* 2017), *Sistotrema oblongisporum* (Kotiranta & Larsson 2013), *Tricholomopsis flammula* (Holec & Kolarík

2011). Le progrès est indéniable mais reste lent (Seifert 2009). Il est donc fort probable que les OTUs que nous n'avons pas pu identifier à l'espèce en 2018 soient identifiables d'ici quelques années. Nous ne pouvons que souscrire aux conclusions de Nilsson *et al.* (2006), à savoir que le plus grand défi de l'identification moléculaire sera d'ordre taxonomique plutôt que technique.

Enfin, avoir récolté cinq espèces nouvelles pour la Suisse, six espèces très rarement récoltées dans ce pays et quatre espèces menacées d'après l'ARCS est surprenant si l'on considère la surface de récolte extrêmement réduite (800 m^2) et le nombre restreint de sorties sur le terrain lors de ce projet pilote d'inventaire fongique. Ces résultats pourraient suggérer que les futaies de Montricher ont une haute valeur de conservation. Cependant, une telle conclusion serait prématurée car plusieurs problèmes inhérents aux inventaires fongiques peuvent expliquer pourquoi notre échantillonnage comprend des espèces rares ou absentes de l'ARCS : la description récente de nouvelles espèces, une identification erronée de certaines espèces et/ou un manque d'intérêt pour certains groupes de champignons.

En effet, quand nous avions effectué notre recherche pour *Hygrophoropsis rufa* dans l'ARCS en 2017, cette espèce n'avait été récoltée qu'une seule fois. Cette espèce avait d'abord été décrite par Reid (1972) comme une variété d'*Hygrophoropsis aurantiaca,* puis a été transférée au rang d'espèce par Knudsen (Knudsen & Vesterholt 2008). Ce n'est que depuis l'étude taxonomique plus récente de Holec & Kolarík (2013), qui a précisé les différences macro- et micro-morphologiques entre *H. rufa* et *H. aurantiaca* facilitant ainsi leur identification, que dix autres récoltes de *H. rufa* ont été ajoutées à l'ARCS ces deux dernières années. Ce même problème de délimitation d'espèces proches est probablement aussi à la source de certaines lacunes dans l'ARCS pour *Antrodiella* (avec une espèce nouvelle [figure 9A] et une espèce très rare pour la Suisse à Montricher ; tableau 1). Ce genre regroupe des espèces poroïdes dont certaines sont extrêmement proches morphologiquement et moléculairement parlant et donc difficiles à identifier (Yang *et al.* 2014). Les groupes corticioïdes, comme le genre *Sistotrema* (2 espèces rarement collectées en Suisse), sont aussi difficiles à identifier et sont souvent négligés par les amateurs et les profes-

Figure 9. Photos de deux des espèces intéressantes trouvées à Montricher. *Antrodiella stipitata* (à gauche), espèce nouvelle pour la Suisse et *Psathyrella fagetophila* (à droite), espèce récoltée trois fois en Suisse entre 1800 et 2018. (Photos : Katia Gindro).

sionnels (Larsson 2007). De même, dans des genres très diversifiés, comme *Cortinarius* (récolte d'une nouvelle espèce pour la Suisse et d'une espèce rare; tableau 1 ; Peintner *et al.* 2004) ou *Russula* (une nouvelle espèce pour la Suisse) avec des centaines d'espèces différentes en Europe, la distinction des espèces proches demande une grande expertise taxonomique. Notre récolte de *Russula inamoena* (tableau 1), une espèce décrite relativement récemment (Sarnari 1994), est la première observation pour la Suisse mais n'est pas forcément rare, car souvent confondue avec *R. foetens* (Melera *et al.* 2017), espèce commune en Suisse d'après l'ARCS.

L'identification des macro-champignons est presque exclusivement basée sur l'observation des caractères de leur forme sexuée. Leur forme asexuée ou anamorphe – si elle existe et est présente – n'est presque jamais récoltée, puisque non identifiable sur la base de la morphologie. Nos quelques récoltes de *Trichoderma polysporum*, forme asexuée (anamorphe) d'*Hypocrea pachybasioides* (téléomorphe), illustrent parfaitement l'avantage d'une identification purement moléculaire. Enfin, le genre *Psathyrella* (avec *P. fageticola*, autre espèce rarement récoltée en Suisse; tableau 1 ; figure 9B) montre aussi les avantages d'une identification moléculaire à partir de peu de matériel car l'observation de plusieurs individus, à différents stades de développement, est souvent nécessaire pour identifier une espèce de *Psathyrella.* Ce genre est par conséquent souvent négligé par les amateurs et les professionnels, raison pour laquelle il est fort probablement sous-représenté dans l'ARCS.

Dans leur ensemble, nos résultats illustrent un des problèmes majeurs de l'identification morphologique des champignons, notamment la disparition des taxonomistes professionnels en mycologie (Buyck 1999). La Suisse, comme d'autres pays d'Europe, dispose de très peu de professionnels spécialisés en taxonomie des champignons pour étudier la biodiversité présente dans ce pays. De plus, la taxonomie fongique a récemment explosé, avec en moyenne 1 200 espèces nouvellement décrites chaque année (Hibbett *et al.* 2011) et des dizaines de genres nouveaux. Suivre la littérature récente pour tous les groupes de champignons est impossible pour les rares professionnels impliqués en mycologie. Trouver cinq nouvelles espèces pour la Suisse en ayant collecté sur une surface très réduite et de manière non intensive illustre bien le fait que les champignons, bien qu'ils aient un grand impact écologique et économique, ont été longtemps considérés comme un groupe systématique mineur (Hibbett *et al.* 2016). Ces résultats montrent aussi que nous sommes très loin d'avoir une estimation fiable de la biodiversité fongique présente en Suisse. Nos résultats vont dans le sens de plusieurs études ayant montré que collecter systématiquement tous les champignons, les documenter et les séquencer dans des régions sous-échantillonnées est une approche efficace pour révéler la partie de la diversité fongique encore inconnue de ces régions et d'améliorer les banques de données publiques comme GenBank et l'ARCS (Hyde & Soytong 2008, Truong *et al.* 2017). Il est clair aussi que nos résultats montrent que les chercheurs devraient faire plus attention aux métadonnées qu'ils associent aux séquences qu'ils déposent dans ces banques. Comme mentionné précédemment, le nombre de séquences mal nommées après avoir réexaminé nos résultats est proche de 30 %. Ces erreurs devraient être corrigées dans GenBank, comme dans les autres banques de données publiques et seuls les auteurs ont le pouvoir de le faire (Schoch com. pers.). Si ces erreurs ne sont pas corrigées, il y a toutes les chances qu'elles se perpétuent dans le futur et nuisent sérieusement à la taxonomie fongique et à la mycologie en général.

Comme déjà mentionné dans l'introduction, cette étude pilote a été initiée pour établir la faisabilité d'un inventaire fongique en utilisant une approche moléculaire. Elle n'est donc en aucun

cas représentative de la diversité fongique des hêtraies de Montricher. Même si une comparaison des transects échantillonnés suggère que le nombre d'espèces fongiques saprophytes est plus élevé lorsque le bois mort est abondant (tableau 2, figure 2) et qu'un nombre plus élevé d'espèces ayant une valeur de conservation a été récolté dans une vieille futaie non exploitée (transect 1, tableau 2), nos données ne permettent pas de mettre en évidence ces tendances de manière significative. Sur la base d'une seule année de récolte peu intensive et sur une surface très réduite, tirer des conclusions écologiques ou émettre une opinion concernant la meilleure manière de gérer cette forêt pour en maximiser sa biodiversité fongique n'est pas possible. Pour commencer à avoir une idée de la biodiversité fongique présente à Montricher, un tel inventaire aurait dû être reconduit sur au moins cinq ans, sur une bien plus grande surface et avec une intensité de collecte bien plus importante.

Remerciements

Nous remercions la Commission des réserves forestières de Montricher pour avoir financé cette étude. Nous remercions également Marc-André Silva, et Pierre Peytregnet, respectivement inspecteur forestier et garde forestier à Montricher, Guillaume Eyssartier pour avoir identifié morphologiquement certaines collections, ainsi qu'Anne-Lise Fabre, Sylvain Schnee, Corinne Julmi, Eric Remolif and Jean-Pierre De Joffrey pour leur aide technique au laboratoire et/ou sur le terrain. Nous remercions aussi Conrad Schoch, Barbara Robbertse (NCBI GenBank, USA), Pedro Crous (Westerdijkinstituut, NL) et Scott Redhead (Agriculture and Agri-Food, Canada) pour les nombreuses discussions intéressantes et utiles que nous avons pu avoir sur le sujet.

Bibliographie

Alfaro M. E., Zoller S. & Lutzoni F.M., 2003. Bayes or Bootstrap? A simulation study comparing the performance of Bayesian Markov Chain Monte Carlo sampling and bootstrapping in assessing phylogenetic confidence. *Molecular Biology and Evolution* 20 : 255-266.

Begerow D., Nilsson H., Unterseher M. & Maier W., 2010. Current state and perspectives of fungal DNA barcoding and rapid identification procedures. *Applied Microbiology and Biotechnology* 87(1) : 99-108.

Bellanger J. M., 2015. Les cortinaires calochroïdes : une mise au point taxinomique. *Documents Mycologiques* XXXVI : 3-34.

Bidartondo M. I., 2008. Preserving accuracy in GenBank. *Science* 319(5870) : 1616.

Bidaud A., Moënne-Loccoz P. & Reumaux P., 2001. Atlas des Cortinaires 11 : 527-626. (Eds) Fédération Mycologique et Botanique Dauphiné-Savoie, France.

Blackwell M., 2011. The fungi : 1, 2, 3… 5.1 million species ? *American Journal of Botany* 98(3) : 426-38.

Bridge P. D., Roberts P. J., Spooner B. M. & Panchal G., 2003. On the unreliability of published DNA sequences. *New Phytologist* 160(1) : 43-48.

Buyck B., 1999. Taxonomists are an endangered species in Europe. *Nature* 23, 401(6751) : 321.

Buyck B, Hosaka K., Masi S. & Hofstetter V., 2016. Molecular analyses of first collections of *Elaphomyces* Nees (Elaphomycetaceae, Eurotiales, Ascomycota) from Africa and Madagascar indicate that the current concept of *Elaphomyces* is polyphyletic. *Cryptogamie Mycologie* 37(1) : 3-14.

Christensen M., Hahn K., Mountford E. P., Ódor P., Standovár T. *et al.*, 2005. Dead wood in European beech (*Fagus sylvatica*) forest reserves. *Forest Ecology Management* 210(1-2) : 267-282.

De Carvalho M. R., Bockmann F. A., Amorim D. S., Brandao C. R. F., Vivo M. *et al.*, 2007. Taxonomic impediment or impediment to taxonomy? A commentary on systematics and the cybertaxonomic-automation paradigm. *Evolutionary Biology* 34 : 140-143.

Di Marino E., Montecchio L., Scattolin L., Abs C. & Aegerer R., 2009. The ectomycorrhizal community structure in European beech forests differing in coppice shoot age and stand features. *Journal of Forestry* 107(5) : 250-259.

Doi Y., 1972. Revision of the Hypocreales with cultural observations. IV. The genus *Hypocrea* and its allies in Japan (2). Enumeration of the species. *Bulletin of the National Science Museum, Tokyo, Japan* 15 : 649-751.

Donk M. A., 1956. Notes on resupinate Hymenomycetes-III. *Fungus* 26 : 3-24.

Eberhardt U., Schuetz N., Krause C. & Beker H. J., 2018. *Hebelomina* revisited and abandoned. *Plant Ecology and Evolution* 151(1) : 96-109.

Enderle M., 1996. Studien in der Gattung *Psathyrella* IV. *Beiträge zur Kenntnis der Pilze Mitteleuropas* 10 : 35-58.

Eyssartier G. & Roux P., 2017. Le guide des champignons, France et Europe. Eds Belin/Humensis, 1152 p.

Federhen S., 2015. Type material in the NCBI Taxonomy Database. *Nucleic Acids Research* 43 (Database issue) : D1086–D1098.

Floudas D. & Hibbett D. S., 2015. Revisiting the taxonomy of *Phanerochaete* (Polyporales, Basidiomycota) using a four gene dataset and extensive ITS sampling. *Fungal Biology* 119 (8) : 679-719.

Fries E., 1838. Epicrisis Systematis Mycologici, Typographia Academica, Uppsala.

Frøslev T. G., Jeppesen T. S., Laessøe T. L. & Kjøller R., 2007. Molecular phylogenetics and delimitation of species in *Cortinarius* section *Calochroi* (Basidiomycota, Agaricales) in Europe. Molecular Phylogenetics and Evolution 44(1) : 217-227.

Garnica S., Weiss M., Oertel B., Ammirati J. & Oberwinkler F., 2009. Phylogenetic relationships in *Cortinarius*, section *Calochroi*, inferred from nuclear DNA sequences. *BMC Evolutionary Biology* 9 :1, doi : 10.1186/1471-2148-9-1.

Garnica S., Weiss M., Oertel B. & Oberwinkler F., 2005. A framework for a phylogenetic classification in the genus *Cortinarius* (Basidiomycota, Agaricales) derived from morphological and molecular data. *Canadian Journal of Botany* 83 : 1457–1477.

Godfray H. C. J., 2007. Linnaeus in the information age. *Nature* 446 : 259-260.

Griffith G. W., 2012. Do we need a global strategy for microbial conservation ? *Trends in Ecology and Evolution* 27 : 1-2.

Guindon S. & Gascuel O., 2003. A simple, fast, and accurate algorithm to estimate large phylogenies by maximum likelihood. *Systematic Biology* 52(5) : 696-704.

Hao Y. J., Qin J. & Yang Z. L., 2014. *Cibaomyces*, a new genus of Physalacriaceae from East Asia. *Phytotaxa* 162(4) : 198-210.

Harder C. B., Læssøe T., Frøslev T. G., Ekelund F., Rosendahl S. *et al.*, 2013. A three-gene phylogeny of the *Mycena pura* complex reveals 11 phylogenetic species and shows ITS to be unreliable for species identification. *Fungal Biology* 117(11-12) : 764-775.

Hawksworth D. L. & Lücking R., 2017. Fungal diversity revisited : 2.2 to 3.8 million species. *Microbiology Spectrum* 5(4) : 1-17.

Hebert P. D. N., Cywinska A., Ball S. L. & de Waard J. R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London B* 270 : 313-322.

Heilmann-Clausen J., Barron E. S., Boddy L., Dahlberg A., Griffith G. W. *et al.*, 2014. A fungal perspective on conservation biology. *Conservation Biology* 29(1) : 61-68.

Hibbett D., Abarenkov K., Kõljalg U., Öpik M., Chai B. *et al.*, 2016. Sequence-based classification and identification of Fungi. *Mycologia* 108(6) : 1049-1068.

Hibbett D. S., Ohman A., Glotzer D., Nuhn M., Kirk P. M., *et al.*, 2011. Progress in molecular and morphological taxon discovery in Fungi and options for formal classification of environmental sequences. *Fungal Biology Reviews* 25 : 38-47.

Hjortstam K. & Ryvarden L., 1981. Studies in tropical Corticiaceae (Basidiomycetes) III. Two new species of *Laxitextum*. *Mycotaxon* 13(1) : 35-40.

Hofstetter V., Clémençon H., Vilgalys R. & Moncalvo J.-M., 2002. Phylogenetic analyses of the Lyophyllaceae (Agaricales, Basidiomycetes) based on nuclear and mitochondrial rDNA sequences. *Mycological Research* 106(9) : 1043-1059.

Hofstetter V., Buyck B., Eyssartier G., Schnee S. & Gindro K., 2019. The unbearable lightness of sequenced-based identification. *Fungal Diversity* 96 : 243-284.

Holec J. & Kolařík M., 2013. Notes on the identity of *Hygrophoropsis rufa* (Basidiomycota, Boletales). *Czech Mycology* 65(1) : 15-24.

Holec J. & Kolařík M., 2011. *Tricholomopsis flammula* (Basidiomycota, Agaricales) - molecular taxonomy, delimitation, variability and ecology. *Mycological Progress* 10 : 93-99.

Holec J., 2009. Valid publication of the name *Tricholomopsis flammula* (Fungi, Basidiomycota, Tricholomataceae), a species clearly separated from *T. rutilans*. *Journal of The National Museum (Prague), Natural History Series* 178 : 7-13.

Hyde K. D. & Soytong K., 2008. The fungal endophyte dilemma. *Fungal Diversity* 33 : 163-173.

Jeewon R. & Hyde K. D., 2016. Establishing species boundaries and new taxa among fungi : recommendations to resolve taxonomic ambiguities. *Mycosphere* 7(11) : 1669-1677.

Johannesson H., Renvall P. & Stenlid J., 2000. Taxonomy of *Antrodiella* inferred from morphological and molecular data. *Mycological Research* 104 (1) : 92-99.

Justo A., Malysheva E., Bulyonkova T., Vellinga E. C., Cobian G., *et al.*, 2014. Molecular phylogeny and phylogeography of Holarctic species of *Pluteus* section *Pluteus* (Agaricales : Pluteaceae), with description of twelve new species. *Phytotaxa* 180(1) : 1-85.

Kang S., Mansfield M. A., Park B., Geiser D. M., Ivors K. L., *et al.*, 2010. The promise and pitfalls of sequence-based identification of plantpathogenic fungi and oomycetes. *Phytopathology* 100 : 732-737.

Karsten P. A., 1881. Enumeratio Boletinearum et Polyporearum Fennicarum, systemate novo dispositarum. *Revue Mycologique de Toulouse* 3(9) : 16-19.

Knudsen H. & Vesterhold J., 2008. Funga Nordica. Nordsvamp, Copenhagen, pp 1-965.

Ko Ko T. W. K., Stephenson S. L., Bahkali A. H. & Hyde K. D., 2011. From morphology to molecular biology : can we use sequence data to identify fungal endophytes ? *Fungal Diversity* 50 : 113-120.

Kokkonen K., 2015. A survey of boreal *Entoloma* with emphasis on the subgenus *Rhodopolia*. *Mycological Progress* 14 : 1-52.

Kõljalg U., Nilsson R. H., Abarenkov K., Tedersoo L., Taylor A. F. S., *et al.*, 2013. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of fungi. *Molecular Ecology* 22 : 5271-5277.

Kotiranta H. & Larsson K.-H., 2013. *Sistotrema luteoviride* sp. nov. (Cantharellales, Basidiomycota) from Finland. *Acta Mycologia* 48(2) : 219-225.

Kühner R.,1935. *Bulletin mensuel de la Société linnéenne de Lyon* 4(1) : 51.

Kummer P., 1871. Der Führer in die Pilzkunde. C. Luppe, Zerbst, 146 p.

Læssøe T. & Petersen J. H., 2019. Fungi of temperate Europe 1-2. Princeton University Press, 1715 pp.

Larsson K.-H., 2007. Re-thinking the classification of corticioid fungi. *Mycological Research* 111 : 1040-1063.

Lentz P. L., 1955. *Stereum* and allied genera of fungi in the upper Mississippi valley. (Eds) US Department of Agriculture 24 : 1-74.

Maddison D.R & Maddison W. P., 2005. MacClade 4 : Analysis of phylogeny and character evolution. Version 4.08a. http://macclade.org.

Melera,S., Ostellari C., Roemer N., Avis P. G., Tonolla M., *et al.*, 2017. Analysis of morphological, ecological and molecular characters of *Russula pectinatoides* Peck and *Russula praetervisa* Sarnari, with a description of the new taxon *Russula recondita* Melera & Ostellari. *Mycological Progress* 16(2) : 117-134.

Miettinen O., Vlasák J., Rivoire B. & Spirin V., 2018. *Postia caesia* complex (Polyporales, Basidiomycota) in temperate Northern Hemisphere. *Fungal Systematics and Evolution* 1 : 101-129.

Moreau P.-A., Vila J., Aime M. C., Antonin V., Horak E., *et al.*, 2015. *Cibaomyces* and *Cyptotrama*, two new genera for Europe, and an emendation of *Rhizomarasmius* (Basidiomycota, Physalacriaceae). *Mycological Progress* 14 : 4, https://doi.org/10.1007/s11557-015-1024-4.

Moser M., 1953. Kleine Kryptogamenflora von Mitteleuropa Die Blätter - und Bauchpilze (Agaricales und Gastromycetes), vol. 2, 282 p., Gustav Fischer Verlag, Jena.

Münzmay T., Oertel B., Schmidt-Stohn G. & Saar G., 2009. *Cortinarius laberiae* Münzmay, B. Oertel & Saar nov. spec. und zwei weitere, wenig bekannte Arten aus der Gattung *Cortinarius*, Untergattung *Phlegmacium* in Europa. *Journal des Journées Européennes du Cortinaire* 11 : 32-40.

Nguyen N. H, Song Z., Bates S. T, Branco S., Tedersoo L., *et al.*, 2016. FUNGuild : an open annotation tool for parsing fungal community data sets by ecological guild. *Fungal Ecology* 20 : 241-248.

Niemelä T. & Ryvarden L., 1983. *Antrodiella citrinella*, a new polypore species. *Karstenia* 23 : 26-30.

Nilsson R. H., Ryberg M., Kristiansson E., Abarenkov K., Larsson K.-H., *et al.*, 2006. Taxonomic reliability of DNA sequences in public sequence databases : A fungal perspective. *PLoS ONE* 1(1) : e59. doi : 10.1371/journal.pone.0000059.

Nilsson R. H., Tedersoo L., Abarenkov K., Ryberg M., Kristiansson E., *et al.*, 2012. Five simple guidelines for establishing basic authenticity and reliability of newly generated fungal ITS sequences. *MycoKeys* 4 : 37-63.

Nilsson R. H, Hyde K. D., Pawłowska J., Ryberg M., Tedersoo L., *et al.*, 2014. Improving ITS sequence data for identification of plant pathogenic fungi. *Fungal Diversity* 67(1) : 11-19.

Örstadius L., Ryberg M. & Larsson E., 2015. Molecular phylogenetics and taxonomy in Psathyrellaceae (Agaricales) with focus on psathyrelloid species : introduction of three new genera and 18 new species. *Mycological Progress* 14(25) : 1-42.

Ortiz-Santana B., Lindner D. L., Miettinen O., Justo A. & Hibbett D. S., 2013. A phylogenetic overview of the antrodia clade (Basidiomycota, Polyporales). *Mycologia* 105(6) : 1391-1411.

Osmundson T. W., Robert V. A., Schoch C. L., Baker L. J., Smith A., *et al.*, 2013. Filling gaps in biodiversity knowledge for macrofungi : contributions and assessment of an herbarium collection DNA barcode sequencing project. *PLoS ONE* 8(4):e62419. doi : 10.1371/journal.pone.0062419.

Peintner U., Moncalvo J.-M. & Vilgalys R., 2004. Toward a better understanding of the infrageneric relationships in *Cortinarius* (Agaricales, Basidiomycota). *Mycologia* 96 : 1042-1058.

Peay K. G., 2014. Back to the future : natural history and the way forward in modern fungal ecology. *Fungal Ecolology* 2 : 4-9.

Persoon C. H., 1797. Tentamen dispositionis methodicae Fungorum, p. 76, Wolf, Leipzig.

Reid D. A., 1972. Fungorum rariorum Icones coloratae. 6 : 5.

Rifai M.A., 1969. A revision of the genus *Trichoderma*. *Mycological Papers* 116 : 1-56.

Robich G., 2016. *Mycena* d'Europa. Associazione Mycologica Bresadola, Trento

Robich G., 2005. Quattro nuove specie di *Mycena* della Sezione *Fragilipedes* (Fr.) Quél. *Bollettino del Museo Civico di Storia Naturale di Venezia* 56 : 51-68.

Samson R. A., 1995. Constraints associated with taxonomy of biocontrol fungi. *Canadian Journal of Botany* 73 (Suppl. 1) : S83-S88.

Sarnari M., 1994. *Russula* nuovo o interessanti dell'Italia centrale e mediterranea - XXV contributo. *Bollettino dell'Associazione Micologica ed Ecologica Romana* 33 : 3-26.

Scheffers B. R., Joppa L. N., Pimm S. L. & Laurance W. F., 2012. What we know and don't know about Earth's missing biodiversity. *Trends in Ecology and Evolution* 27(9) : 501-510.

Schoch C. L., Robbertse B., Robert V., Vu D., Cardianli G., *et al.*, 2014. Finding needles in haystacks : linking scientific names, reference specimens and molecular data for Fungi. *Database*, https//: doi.org/10.1093/database/bau061.

Schoch C. L., Seifert K. A., Huhndorf S., Robert V., Spouge J. L., *et al.*, 2012. Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 109(16) : 6241-6246.

Seifert K. A., 2009. Progress towards DNA barcoding of fungi. *Molecular Ecology Resources* 9(1) : 83-89.

Senn-Irlet B., Bieri G. & Egli S., 2007. Rote Liste Grosspilze. Rote Liste der gefährdeten Arten der Schweiz. Umwelt-Vollzug. 07/18. Bern, Bundesamt für Umwelt BAFU, Birmensdorf, Eidgenössische Forschungsanstalt für Wald, Schnee und Landschaft WSL. 92 p.

Shehan B., 2017. Mushroom Citizen Science in USA : from species lists to Mycofloras 2.0. *Fungi* 10(1) : 28-36.

Siddig A. A. H., Ellison A. M., Ochs A., Villar-Leeman C. & Lau M. K., 2016. How do ecologists select and use indicator species to monitor ecological change ? Insights from 14 years of publication in Ecological Indicators. *Ecological Indicators* 60 : 223-230.

Truong C., Mujic A., Healy R., Kuhar F., Furci G., *et al.*, 2017. How to know the fungi : combining field inventories and DNA-barcoding to document fungal diversity. *New Phytologist* 214(3) : 913-919.

Van der Heijden M. A. G., Martin F., Selosse M. A. & Sanders I. R., 2015. Mycorrhizal ecology and evolution : the past, the present, and the future. *New Phytologist* 205(4) : 1406-1423.

Vilgalys R., 2003. Taxonomic misidentification in public DNA databases. *New Phytologist* 160(1) : 4-5.

Wijayawardene N. N., Pawlowska J., Letcher P. M., Kirk P. M., Humber R. A. *et al*, 2018. Notes for genera : basal clades of fungi (including Aphelidiomycota, Basidiobolomycota, Blastocladiomycota, Calcarisporiellomycota, Caulochytriomycota, Chytridiomycota, Entomophthoromycota, Glomeromycota, Kickxellomycota, Monoblepharomycota, Mortierellomycota, Mucoromycota, Neocallimastigomycota, Olpidiomycota, Rozellomycota and Zoopagomycota). *Fungal Diversity* 92 : 43-129.

Yuan H.-S., 2014. Molecular phylogenetic evaluation of *Antrodiella* and morphologically allied genera in China. Mycological Progress 13(2) : 353-364.

Yuan H.-S., Li J., Huang M. Y. & Dai Y. C., 2006. *Antrodiella stipitata* sp. nov. from Heilongjiang Province, northeast China, and a critical checklist of polypores from the area. *Cryptogamie Mycologie* 27(1) : 21-29.

Annexe

Annexe I. Information sur les collections fongiques de Montricher, sur leur sequence ITS et sur la délimitation des OTUs basée sur les résultats de BLAST (le suffixe cf. a été appliqué dans les cas où la similarité maximale avec une ou plusieurs séquences de GenBank ('BLAST top score[s]') était de 99 % et le suffixe aff. lorsque la similarité était entre 96-98 %). Les taxa pour lesquels les résultats de BLAST ont été réexaminés sont dans les lignes grises. Les noms des espèces qui se sont avérés faux après ré-examination des 'BLAST top score(s)' sont entre parenthèse et les noms corrects sont indiqués en rouge. Les numéros d'accession des 'BLAST top score(s)' indiqués en rouge sont ceux nouvellement déposés entre la première (octobre 2017) et la deuxième recherche (octobre 2018) de similarité des séquences effectuées. Les recouvrements entre les séquences Montricher (Mont) et la(les) séquences la(les) plus similaire(s) dans GenBank sont indiqués en rouge correspondent aux séquences nouvellement déposées entre nos deux recherches de similarité.

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-252	*Amanita*		*muscaria*	1		MK028369	KP866167	100 %	100 % (1190)
Mont-145	*Antrodiella*		*citrinella*	2		MK028370	AF126879	100 %	100 % (1055)
Mont-330	*Antrodiella*	cf.	(sp.) *stipitata*	2		MK028371	KU726586/ KP135314/ KP135313	99 %	100 % (1042)
Mont-267	Atheliaceae		sp.	1		MK028372	GU187503	93 %	100 % (804)
Mont-220	*Bisporella*		*citrina*	1		MK028375	GQ411507	100 %	100 % (874)
Mont-94	*Calocera*		*viscosa*	2		MK028376	DQ520102	100 %	100 % (710)
Mont-189	*Cerioporus (Polyporus varius* ARCS*)*	cf.	*varius*	8	1	MK028502	AF516575	99 %	100 % (1072)
Mont-128	*Cerioporus (Polyporus varius* ARCS*)*	cf.	*varius*	2	2	MK028503	AF516575	99 %	100 % (1072)
Mont-108	*Clavariadelphus*		sp.	1		MK028378	(KU973835) MG768847	(94 %) 95 %	93 % (669)
Mont-240	*Clavulina*	aff.	*rugosa*	1		MK028379	DQ974712	98 %	91 % (372)
Mont-149	*Clitocybe*		*nebularis*	3	1	MK028381	DQ486691	100 %	98 % (1099)
Mont-217	*Clitocybe*	cf.	*nebularis*	1	2	MK028382	DQ486691	99 %	98 % (1094)
Mont-106	*Clitocybe*	cf.	*phyllophila*	2		MK028380	KJ680971	99 %	100 % (1112)
Mont-247	*Cortinarius*	cf.	*casimiri*	1		MK028383	HQ604719	99 %	100 % (937)
Mont-87	*Cortinarius*	cf.	*cotoneus*	2		MK028384	AY669597	99 %	100 % (1088)
Mont-161	*Cortinarius*		*infractus*	2		MK028385	AY174780	100 %	100 % (1131)
Mont-162	*Cortinarius*		*laberiae*	2		MK028390	(EU655663) NR_1529922	100 %	100 % (1101)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-238	*Cortinarius*		*nanceiensis*	1		MK028386	KJ420982	100 %	100 % (1105)
Mont-250	*Cortinarius*	cf.	*subgracilis*	1		MK028391	EU655658	99 %	100 % (1081)
Mont-178	*Cortinarius*	aff.	*suboxytoneus*	2		MK028387	KX964581	98 %	100 % (905)
Mont-195	*Cortinarius*		sp. 1	1		MK028388	KM576367	99 %	100 % (942)
Mont-208	*Cortinarius*		sp. 2	1		MK028389	KM576369	99 %	100 % (948)
Mont-173	*Crepidotus*	(cf.)	(*applanatus*) *applanatus*	1		MK028392	(DQ202273) KF879614	99 % 100 %	98 % (1129) 100 % (1160)
Mont-256	*Crepidotus*	cf.	*cesatii*	1	2	MK028394	JF907962	99 %	63 % (739)
Mont-5	*Crepidotus*	cf.	*cesatii*	2	1	MK028393	JF907962	99 %	63 % (739)
Mont-22	*Diatrype*		*disciformis*	1		MK028397	AJ302423	100 %	100 % (948)
Mont-16	*Diatrype*	aff.	*spilomea*	1		MK028396	AJ302433	98 %	100 % (885)
Mont-55	*Eichleriella*	cf.	*deglubens*	1		MK028374	AF291272	99 %	96 % (889)
Mont-199	*Entoloma*	cf.	*nidorosum*	3		MK028398	LN850505	99 %	99 % (1572)
Mont-274	*Exidia*		*thuretiana*	1		MK028399	KY801889	100 %	100 % (946)
Mont-24	*Exidiopsis*		sp.	1		MK028373	AF291282	98 %	96 % (848)
Mont-66	*Fomitopsis*		*pinicola*	1		MK028400	FR717226	100 %	99 % (1074)
Mont-41	*Fomitopsis*	cf.	*pinicola*	1		MK028401	FR717226	99 %	99 % (1062)
Mont-221	*Galerina*		*marginata*	3	1	MK028402	AY228347	100 %	100 % (1133)
Mont-144	*Galerina*	cf.	*marginata*	1	2	MK028403	AY228347	99 %	100 % (1127)
Mont-224	*Galerina*	cf.	*sideroides*	2		MK028404	KT008365	99 %	100 % (1136)
Mont-109	*Guepinia* (*Tremiscus* ARCS)	cf.	*helvelloides*	1		MK028523	DQ520100	99 %	100 % (957)
Mont-116	*Gymnopilus*		*sapineus*	3		MK028405	GU062316	100 %	83 % (946)
Mont-72	*Gymnopus*	(cf.)	*foetidus*	2		MK028459	(KJ416259) MH856220	(99 %) 100 %	99 % (1303)
Mont-54	*Gymnopus*		*peronatus*	6		MK028406	AY256706	100 %	100 % (1293)
Mont-118	*Hebeloma*		*sinapizans*	1		MK028407	KT218459	100 %	100 % (1144)
Mont-100	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	1	1	MK028408	KT218389	99 %	100 % (1127)
Mont-97	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	1	2	MK028409	KT218389	99 %	99 % (1122)
Mont-98	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	1	3	MK028410	KT218389	99 %	99 % (1122)
Mont-99	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	2	4	MK028411	KT218389	99 %	100 % (1120)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-89	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	1	5	MK028412	KT218389	99 %	100 % (1127)
Mont-117	*Hebeloma*	cf.	*sinapizans*	2	6	MK028413	KT218389	99 %	100 % (1120)
Mont-291	(Agaricales)[1] *Hydropus*	cf.	(sp.) *subalpinus*	17	1	MK028414	(KR673451) MF039248/ MF039249	(93 %) 99 %	100 % (1245)
Mont-312	(Agaricales) *Hydropus*	cf.	(sp.) *subalpinus*	3	2	MK028415	(KR673451) MF039248/ MF039249	(93 %) 99 %	100 % (1251)
Mont-323	(Agaricales) *Hydropus*	cf.	(sp.) *subal-pinus*	1	3	MK028416	(KR673451) MF039248/ MF039249	(93 %) 99 %	100 % (1256)
Mont-294	(Agaricales) *Hydropus*	aff.	(sp.) *subal-pinus*	1		MK028417	(KR673451) MF039248/ MF039249	(93 %) 99 %	100 % (1184)
Mont-209	*Hygrophoropsis*	cf.	*rufa*	2		MK028418	HF951529	99 %	100 % (1247)
Mont-249	*Hygrophorus*	aff.	*chrysodon*	2		MK028419	HQ650730	97 %	64 % (580)
Mont-243	*Hygrophorus*	aff.	*discoxanthus*	2	1	MK028420	AY463486	97 %	100 % (647)
Mont-159	*Hygrophorus*	aff.	*discoxanthus*	1	2	MK028421	AY463486	97 %	100 % (937)
Mont-193	*Hygrophorus*	cf.	*eburneus*	5		MK028422	AY463485	99 %	100 % (1000)
Mont-233	*Hygrophorus*	cf.	*unicolor*	3		MK028423	AY242857	99 %	95 % (955)
Mont-92	*Hymenopellis*	cf.	*radicata*	1		MK028529	GQ913389	99 %	99 % (1270)
Mont-65	*Hymenopellis*	cf.	*radicata*	1	1	MK028424	GQ913392	99 %	100 % (1349)
Mont-70	*Hymenopellis*	cf.	*radicata*	1	2	MK028425	GQ913392	99 %	100 % (1364)
Mont-8	*Hyphodontia*		*alutaria*	1		MK028426	DQ873603	100 %	99 % (871)
Mont-95	*Hypholoma*		*fasciculare*	3	1	MK028427	AM504125	100 %	100 % (1134)
Mont-253	*Hypholoma*		*fasciculare*	1	2	MK028428	FJ430716	100 %	100 % (1134)
Mont-202	*Inocybe*		*cookei*	1		MK028430	JF908173	100 %	97 % (1051)
Mont-251	*Inocybe*	cf.	*glabripes*	1		MK028431	AM882902	99 %	98 % (1166)
Mont-156	*Inocybe*	cf.	*griseolilacina*	1		MK028432	AM882728	99 %	99 % (1175)
Mont-183	*Inocybe*	cf.	*hirtella*	1		MK028433	AM882932	99 %	100 % (1120)
Mont-182	*Inocybe*	cf.	*posterula*	1		MK028434	(KM873368) NR_153150	99 %	100 % (1125)
Mont-245	*Inocybe*		sp. 1	1	1	MK028435	MH578012	94 %	100 % (893)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-133	*Inocybe*		sp. 1	2	2	MK028436	MH578012	94 %	100 % (896)
Mont-286	*Inocybe*		sp. 2	1	1	MK028437	MH578012	93 %	100 % (854)
Mont-287	*Inocybe*		sp. 2	1	2	MK028438	MH578012	93 %	100 % (848)
Mont-292	*Inocybe*		sp. 2	1	3	MK028439	MH578012	93 %	100 % (843)
Mont-74	*Inonotus*	aff.	*radiata*	1	1	MK028440	JX082384	96 %	100 % (1009)
Mont-132	*Inonotus*	aff.	*radiata*	1	2	MK028441	JX082384	96 %	100 % (1013)
Mont-146	*Laccaria*		*amethystina*	1	1	MK028442	KM067884	100 %	100 % (1129)
Mont-115	*Laccaria*	cf.	*amethystina*	1	2	MK028443	KM067884	99 %	100 % (1123)
Mont-216	*Laccaria*	cf.	*laccata*	1		MK028444	KM067888	99 %	100 % (1114)
Mont-102	*Lactarius*		*blennius*	1	1	MK028445	AY606944	100 %	99 % (990)
Mont-163	*Lactarius*	cf.	*blennius*	1	2	MK028446	AY606944	99 %	100 % (1182)
Mont-185	*Lactarius*	cf.	*blennius*	1	3	MK028447	AY606944	99 %	100 % (1173)
Mont-187	*Lactarius*	cf.	*blennius*	1	4	MK028448	AY606944	99 %	100 % (1182)
Mont-84	*Lactarius*		(*helvus*) *pallidus*	1		MK028449	JF908304/ AY606951	100 %	100 % (1221)
Mont-232	*Lactarius*		*salmonicolor*	8		MK028450	AF140265	100 %	100 % (1210)
Mont-38	*Laxitextum*	cf.	(*incrustatum*) *bicolor*	1		MK028395	AF310102/ KT722621/ MG231721	99 %	100 % (1011)
Mont-172	*Lycoperdon*		*echinatum*	1		MK028451	LN714567	100 %	100 % (1212)
Mont-201	*Lycoperdon*	cf.	*perlatum*	1	1	MK028452	DQ112630	99 %	100 % (1203)
Mont-153	*Lycoperdon*	cf.	*perlatum*	1	2	MK028453	DQ112630	99 %	100 % (1195)
Mont-134	*Lycoperdon*	cf.	*perlatum*	1	3	MK028454	DQ112630	99 %	100 % (1182)
Mont-200	*Lycoperdon*	cf.	*pyriforme*	1		MK028455	AY854075	99 %	100 % (1164)
Mont-263	*Macrotyphula*		sp.	1		MK028456	AJ296348	95 %	82 % (777)
Mont-82	*Marasmius*	cf.	*rotula*	3		MK028457	JN943598	99 %	100 % (1240)
Mont-228	*Marasmius*		*torquescens*	6		MK028458	KF774165	100 %	100 % (1195)
Mont-244	*Mucidula*		*mucida* subsp. *mucida*	1		MK028486	GQ844232	100 %	100 % (1319)
Mont-168	*Mycena*	cf.	*alniphila*	1		MK028460	JF908482	99 %	50 % (608)
Mont-30	*Mycena*	cf.	*amicta*	2		MK028461	JF908394	99 %	98 % (563)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-101	*Mycena*	cf.	*arcangeliana*	2		MK028462	JF908401	99 %	100 % (1164)
Mont-148	*Mycena*	cf.	*crocata*	1		MK028463	JF908492	99 %	100 % (1153)
Mont-242	*Mycena*	cf.	*galericulata*	1	1	MK028464	HG531386	99 %	100 % (1149)
Mont-169	*Mycena*	cf.	*galericulata*	1	2	MK028465	HG531386	99 %	100 % (1140)
Mont-255	*Mycena*	(aff.) cf.	*(galericulata) maculata*	1		MK028466	(EF530930) MH856232	(96 %) 99 %	100 % (1238)
Mont-137	*Mycena*		(*rosella*) *pelianthina*	1		MK028467	FN394547/ JF908379	100 %	100 % (1123)
Mont-258	*Mycena*	cf.	*polygramma*	1		MK028468	JF908433	99 %	100 % (1176)
Mont-273	*Mycena*	cf.	(sp.) *pruinatipes*	1	1	MK028478	JF908493/ KX423792/ MH718251	99 %	97 % (1267)
Mont-281	*Mycena*	cf.	(sp.) *pruinatipes*	1	2	MK028479	JF908493/ KX423792/ MH718251	99 %	97 % (1267)
Mont-277	*Mycena*	cf.	(sp.) *pruinatipes*	1	3	MK028480	JF908493/ KX423792/ MH718251	99 %	97 % (1279)
Mont-197	*Mycena*	cf.	*pseudocorti-cola*	4		MK028469	JF908387	99 %	100 % (1171)
Mont-248	*Mycena*		*pura s. l.*	1	1	MK028470	FN394567	100 %	98 % (1103)
Mont-198	*Mycena*		(sp.) *pura* clade 2	1	2	MK028471	JF908436/ JF908473/ FN394576	99 %	98 % (1085)
Mont-207	*Mycena*		(sp.) *pura* clade 9	1		MK028472	JF908487/ FN394609	99 %	98 % (1085)
Mont-147	*Mycena*		(sp.) *pura* clade 1/4	1		MK028473	FN394588/ JF908472	99 %	98 % (1068)
Mont-77	*Mycena*	aff.	*purpureo-fusca*	1	1	MK028474	JQ358809	97 %	100 % (390)
Mont-304	*Mycena*	aff.	*purpureo-fusca*	2	2	MK028475	JQ358809	97 %	100 % (1040)
Mont-309	*Mycena*	aff.	*purpureo-fusca*	1	3	MK028476	JQ358809	97 %	100 % (1033)
Mont-271	*Mycena*		sp. 1	1		MK028477	JF908452	94 %	100 % (959)
Mont-141	*Mycena*		sp. 2	1		MK028481	JF908486	90 %	71 % (812)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-212	*Mycena*		sp. 3	1		MK028482	JF908486	90 %	91 % (879)
Mont-142	*Mycena*	cf.	(sp.) *rosea*	1	1	MK028483	JF908488/ FN394551	100 %	98 % (1105)
Mont-236	*Mycena*	cf.	(sp.) *rosea*	3	2	MK028484	JF908488/ FN394551	99 %	98 % (1099)
Mont-225	*Neolentinus*	aff.	*adhaerens*	1		MK028485	HM536096	97 %	100 % (920)
Mont-76	*Panaeolus*		*papilionaceus*	1		MK028487	HM035081	100 %	100 % (1061)
Mont-184	*Parasola (Psathyrella* ARCS)		*conopilus*	1		MK028488	FJ770396	100 %	97 % (1127)
Mont-61	*Penicillium*		*swiecickii*	1		MK028489	NR_121254	100 %	100 % (926)
Mont-297	*Peziza*		*arvernensis*	8		MK028490	KP125489	100 %	100 % (1048)
Mont-52	*Phanerochaete*	aff.	*sanguineocarnosa*	2		MK028491	NR_155025	96 %	100 % (950)
Mont-179	*Pholiotina*	aff.	*brunnea*	2		MK028493	JX968259	97 %	100 % (1066)
Mont-191	*Plicaturopsis*	cf.	*crispa*	1		MK028494	DQ534576	99 %	100 % (1022)
Mont-114	*Pluteus*		*atromarginatus* (*pseudoroberti/tricuspidatus*)	1		MK028496	DQ494687/ KJ009769/ JF908634	100 %	100 % (1142)
Mont-86	*Pluteus*	cf.	*atromarginatus* (*pseudoroberti/tricuspidatus*)	1		MK028495	DQ494687/ KJ009769/ JF908634	99 %	100 % (1131)
Mont-176	*Pluteus*		*phlebophorus*/ (*luctuosus*)	1		MK028497	HM562138/ LN866297	100 %	100 % (1136)
Mont-210	*Pluteus*		*pouzarianus* (= *brunneidiscus*, voir Justo *et al.* 2015)	1	1	MK028498	JF908632/ HM562042	100 %	100 % (1114)
Mont-136	*Pluteus*	cf.	*pouzarianus* (= *brunneidiscus*, voir Justo *et al.* 2015)	1	2	MK028499	JF908632/ HM562042	99 %	100 % (1109)
Mont-222	*Pluteus*		*primus*	3		MK028500	KJ009679	100 %	98 % (1092)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-11	*Pochonia*		sp.	1		MK028501	KM231845	100 %	100 % (893)
Mont-219	*Postia*		(*caesia*) *alni*	1		MK028504	(AY599572) MG137036	100 %	100 % (1031)
Mont-206	*Psathyrella*		*fagetophila*	4	1	MK028505	KC992902	100 %	100 % (1123)
Mont-139	*Psathyrella*	cf.	*fagetophila*	1	2	MK028506	KC992902/ KC992907/ KC992906	99 %	100 % (1112)
Mont-129	*Psathyrella*	cf.	*obtusata* (=*psammo-phila*; *senex*= identification incorrecte; voir ÖRSTADIUS *et al.* 2015)	1	1	MK028507	DQ389711/ KC992856/ FN396120	99 %	100 % (1109)
Mont-296	*Psathyrella*	cf.	*obtusata* (=*psammo-phila*; *senex*= identification incorrecte; voir ÖRSTADIUS *et al.* 2015)	2	2	MK028508	DQ389711/ KC992856/ FN396120	99 %	100 % (1118)
Mont-56	*Ramaria*	cf.	*stricta*	4		MK028509	AJ408372	99 %	100 % (1123)
Mont-155	(*Cibaomyces*) *Rhizomarasmius*		(*glutinis*) *setosus*	2		MK028377	KM588673	100 %	100 % (1303)
Mont-205	*Rhodocollybia*	cf.	*butyracea*	1		MK028510	AF505750	99 %	99 % (1279)
Mont-194	*Russula*		*cavipes*	3		MK028511	JF908640	100 %	98 % (1077)
Mont-91	*Russula*		*inamoena*	1		MK028512	KJ834597	100 %	97 % (1101)
Mont-231	*Russula*		*queletii*	1		MK028513	AF418625	100 %	100 % (1123)
Mont-138	*Russula*	cf.	*risigallina*	1		MK028514	DQ422022	99 %	100 % (1120)
Mont-272	*Sarcosphaera*		*coronaria*	2		MK028515	DQ200844	100 %	100 % (965)
Mont-4	*Sistotrema*	cf.	*oblongispo-rum*	1		MK028516	KF218970	99 %	100 % (1064)
Mont-7	*Sistotrema*	cf.	*sernanderi*	2		MK028517	AY805624	99 %	96 % (990)
Mont-81	*Skeletocutis*	cf.	*nivea*	1		MK028518	KP135331	99 %	100 % (1081)
Mont-295	*Stereum*		*gausapatum*	4		MK028519	FN539048	100 %	100 % (1024)

Numéro de collection	Genre	Suffixe	Espèces	Number of collections	Génotypes ITS	Numéros d'accession des séquences ITS dans GenBank	Numéros d'accession des sequences les plus similaires (BLAST top score sequence(s))	'Top score Similarity' (%)	Recouvrement entre la séquence Mont et la séquence la plus similaire dans Gen-Bank(% (Total score)
Mont-203	*Stropharia*	aff.	*cyanea*	2		MK028520	KT336609	100 %	100 % (1122)
Mont-131	*Trametes*		*hirsuta*	1		BB	-	-	
Mont-45	*Trametes*	cf.	*versicolor*	1		MK028521	KC176320	99 %	100 % (996)
Mont-177	*Tremella*		*mesenterica*	4		MK028522	NR_155937	100 %	99 % (754)
Mont-270	*Trichoderma*	cf.	*polysporum*	2		MK028429	NR_134448	99 %	100 % (952)
Mont-83	*Tricholomopsis*		*flammula*	2		MK028524	FR822742	100 %	100 % (917)
Mont-15	*Tubeufia*	cf.	*cerea*	1		MK028525	AY916488	99 %	100 % (850)
Mont-29	*Verticillium*		sp.	1		MK028526	GU183119	97 %	100 % (867)
Mont-35	*Xenasmatella*	aff.	*vaga*	2		MK028492	KP814432	98 %	100 % (935)
Mont-213	*Xerocomellus*	cf.	*pruinatus*	1		MK028527	AJ889933	99 %	100 % (1249)
Mont-105	*Xerula*	cf.	*pudens*	1		MK028528	HM005161	99 %	100 % (1308)
Mont-218	*Xylaria*		*hypoxylon*	3	1	MK028530	AM993131	100 %	99 % (931)
Mont-257	*Xylaria*		*hypoxylon*	2	2	MK028531	AM993122	100 %	99 % (922)