



La Lettre

DE LA SMF

N° 30, 15 juillet 2025

Dresser une liste des macromycètes décrits de la France métropolitaine.

par François VALADE¹, Léo MIETTON^{1,2} et Bart BUYCK^{1,3}

INTRODUCTION

Dans un contexte de disparition rapide de l'expertise taxinomique mycologique en France – et plus généralement en Europe – il est urgent de pouvoir créer les conditions nécessaires à une identification fiable de la fonge par des moyens qui nécessitent moins d'expertise de terrain, autrement dit, par le séquençage moléculaire. Actuellement, nous estimons que moins de 5 % des champignons recensés en France bénéficient d'une séquence de référence dans GenBank⁴ (base de données de séquences ADN publiques). Inutile de dire que, pour le moment, une identification moléculaire fiable reste hors de notre portée pour un inventaire fongique en France, comme d'ailleurs dans le reste de l'Europe (HOFSTETTER et coll., 2019). Par 'séquence de référence' nous entendons une séquence fiable car obtenue d'un matériel correctement identifié, de préférence donc du spécimen-type. Comblent cette lacune – au moins pour les taxons décrits de notre territoire – n'est pas seulement une priorité absolue, mais permettra également une meilleure protection et conservation de notre biodiversité fongique en France.

En 2020, la Société mycologique de France (SMF), via son président Bart Buyck, a soumis à l'Inventaire national du patrimoine naturel (INPN) du Muséum national d'Histoire naturelle (MNHN) un projet proposant de dresser une liste – ainsi qu'une carte géographique de répartition par département – des champignons décrits de la France métropolitaine et pour lesquels l'obtention d'une séquence de référence s'avère nécessaire, faute de matériel existant exploitable d'un point de vue moléculaire.

Des localités et des habitats prioritaires seraient ainsi catalogués afin d'orienter les sorties mycologiques vers la recherche de matériel frais sur les lieux de récolte originaux des taxons pour lesquels un séquençage est requis, tandis que la cartographie des types permettrait de cibler la recherche des récoltes récentes dans la région d'origine du spécimen-type, avec le soutien des sociétés et fédérations mycologiques locales. L'ensemble du réseau mycologique français pourrait ainsi être mis à contribution de façon ciblée et efficace. Ces nouvelles récoltes permettraient soit une néotypification des taxons lorsque le spécimen-type n'a pas été conservé (ce qui est notamment le cas de la grande majorité des espèces décrites au XIX^e siècle), soit une épitypification quand l'holotype existe, mais que son ADN semble trop dégradé pour permettre une caractérisation moléculaire.

Dans cette contribution, nous présenterons comment nous avons procédé pour compiler cette liste et nous discuterons des résultats obtenus et des différents problèmes et difficultés rencontrés afin que de futurs projets similaires puissent profiter de notre expérience.

¹ Société mycologique de France, 20 rue Rottembourg, F-75012 Paris.

² Muséum national d'Histoire naturelle, Direction Générale Déléguée aux Collections (DGD-C), Ensemble Botanique, 57 rue Cuvier, F-75005 Paris.

³ Muséum national d'Histoire naturelle, Institut de Systématique, Évolution, Biodiversité (ISYEB), CNRS, Sorbonne Université, EPHE, Université des Antilles, 57 rue Cuvier, F-75005 Paris.

⁴ <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

Société mycologique de France – 20, rue Rottembourg – 75012 PARIS

Tél. : + 33 (0) 9 52 45 96 23 – smf@mycofrance.org – <http://www.mycofrance.org>

MÉTHODOLOGIE

Le fichier de base

Afin d'alléger une recherche de l'ensemble des taxons fongiques décrits de la France métropolitaine, une demande a été faite mi-2019 auprès de MycoBank⁵ pour l'envoi d'un fichier d'exportation de tous les noms de taxons basés sur des types français. Nous avons ainsi reçu un fichier au format Excel contenant un peu plus de 8000 lignes, celles-ci correspondant à l'ensemble des basionymes, recombinaisons, variantes orthographiques et synonymes homotypiques pour les taxons fongiques décrits de la France métropolitaine. Le terme 'fongique' est ici à prendre au sens large car comprenant tous les groupes traditionnellement étudiés par des mycologues. Ce fichier MycoBank comportait huit colonnes : une première colonne affichait un numéro utilisé par MycoBank pour la gestion des données, une deuxième colonne donnait le nom complet du taxon (espèce, sous-espèce, variété ou forme) mais sans auteur(s), suivaient ensuite deux colonnes pour les auteurs (la première donnant les noms complets, la deuxième en abrégé), une colonne pour l'année de publication et une autre pour le numéro MycoBank officiel, une colonne reprenant le nom du taxon mais cette fois-ci avec auteur(s) et la référence bibliographique complète, et enfin une dernière colonne résumant la position du taxon dans la classification (depuis le règne jusqu'au genre). Grâce à cette indication de l'affiliation systématique des taxons dans le fichier MycoBank, un premier filtrage a consisté à éliminer l'ensemble des taxons (un peu plus de 2100 lignes) qui n'appartiennent pas aux macromycètes habituellement étudiés par nos membres. Nous avons donc éliminé tous les chytridiomycètes et zygomycètes ou encore les hémibasidiomycètes pathogènes appartenant aux rouilles et charbons, tandis que parmi les ascomycètes, les groupes écartés correspondaient aux *Laboulbeniales*, levures, oïdiums, hyphomycètes ou encore les lichens (ces derniers occupant 213 lignes). Finalement, des groupes comme les myxomycètes et oomycètes, n'appartenant plus au règne fongique, furent également éliminés.

Les nouvelles espèces décrites de la France métropolitaine depuis la réception du fichier MycoBank n'ont pas été rajoutées, puisqu'elles ont généralement bénéficié d'un séquençage du code-barres fongique (la région génétique correspondant aux '*internal transcribed spacers*' ou ITS, voir SCHOCH et coll., 2012) et ne nécessitent donc pas d'être récoltées à nouveau. Il a ensuite été décidé de supprimer quelques 1500 lignes supplémentaires, correspondant aux cortinaires. En effet, tous les types de cortinaires français ont déjà été prélevés pour séquençage par des équipes de recherche scandinaves il y a une dizaine d'années et les résultats de ce séquençage sont en cours de publication, parfois en collaboration avec nos experts français (voir par ex. LIIMATAINEN et coll., 2014, 2017, 2020b).

Dans le fichier 'macromycètes' ainsi obtenu, nous avons ensuite éliminé les quelques 1350 lignes correspondant aux recombinaisons ultérieures des noms afin de ne retenir que les basionymes dans notre liste. En revanche, nous avons laissé les noms illégitimes (71) ou ceux publiés de façon invalide (261) dans le fichier pour la seule raison que le séquençage des types permettra peut-être d'aboutir à des résultats intéressants ou inattendus. De plus, le fichier a été complété manuellement du fait de l'absence de nombreux taxons pourtant décrits de France. Manquaient notamment environ 220 sur les 232 espèces décrites par Bulliard, ainsi que quelques autres oubliés. Néanmoins, il est fort probable que certains taxons manquent toujours à l'appel. De toute façon, ce fichier des macromycètes français restera continuellement sujet à amélioration, précision et compléments, et nous allons continuer à le compléter dans les mois – voire les années – à venir.

Le fichier de travail

L'étape suivante consistait à confectionner un fichier permettant de saisir toutes les données associées à la récolte du spécimen-type à partir des descriptions originales. Pour ce faire, un fichier vide pour importation dans Sonnerat - la base de données utilisée pour les spécimens des herbiers du MNHN - a été choisi pour des raisons pratiques. En effet, à la fin du projet l'ensemble des données pourrait ainsi être versé directement dans la banque de données INPN du MNHN. Au fichier MycoBank de base ont donc été ajoutés tous les champs d'un fichier Sonnerat pouvant accueillir les données associées à la récolte des spécimens-types : notamment les champs associés au récolteur principal et ses accompagnateurs, les numéros de récolte, d'herbier et de code-barres éventuel, le pays, le département, la localité et les coordonnées de géolocalisation (étalés sur plusieurs colonnes), l'altitude, la date de récolte (déclinée en 3 colonnes pour le jour, le mois et l'année), la phénologie, l'hôte, le substrat, l'écologie, ainsi qu'une colonne pour commentaires divers. Enfin, deux colonnes ont été rajoutées pour référencer le nom actuel du taxon, une première colonne pour le nom actuel adopté dans MycoBank, l'autre pour celui dans Index Fungorum⁶. Au total, ce fichier totalise donc 44 colonnes.

⁵ <https://www.mycobank.org/>

⁶ <https://www.indexfungorum.org/Names/Names.asp>

Lotissement de la liste des taxons

Le fichier de travail ainsi obtenu a ensuite été segmenté en lots au niveau du genre ou de la famille (dépassant rarement les 100 lignes par lot). Ces lots ont été distribués aux membres de la SMF s'étant portés volontaires pour compléter le fichier avec les informations disponibles pour les spécimens-types (pour la liste des participants, voir les remerciements). Il faut constater également que le début du projet fut fortement perturbé par les 4 vagues de la pandémie de Covid-19 qui ont déferlé sur la France entre le printemps 2020 et l'automne 2021. Ceci eut des répercussions négatives sur les échanges et la bonne communication entre les participants (les visioconférences n'étant pas encore dans nos habitudes à cet époque). Il fut donc décidé – puisque, de toute façon, il n'y avait à l'époque pas d'argent disponible pour offrir un séquençage en masse des récoltes – de se limiter à des essais pour quelques genres de champignons en attendant la fin de la pandémie. Ce n'est donc qu'à partir de début 2024, lors du démarrage du projet Funif-Col au MNHN, que ce lotissement a repris de façon plus intensive.

La recherche des informations des types a pu se faire en majeure partie grâce aux documents numérisés accessibles sur quelques sites bibliographiques et documentaires en ligne, comme celui de la bibliothèque nationale (Gallica⁷), Biodiversity Heritage Library⁸ ou encore Internet Archive⁹, ainsi que diverses revues mycologiques en accès libre sur la toile, ou consultables sur place à la bibliothèque de la SMF (au siège parisien) ou à la bibliothèque centrale du Muséum national d'Histoire naturelle de Paris. Il convient aussi de mentionner que nous avons pu profiter de l'informatisation déjà réalisée et accessible en ligne pour quelques 1300 spécimens-types français déposés au fungarium de Genève (CJBG, Suisse), dont 313 cortinaires qui ont été réintégrés à notre fichier.

Le fichier final

En 2025, le fichier final a enfin été obtenu par compilation de tous les fichiers des contributeurs du projet. Si quelques rares erreurs dans les références bibliographiques de MycoBank ont pu être corrigées lors de l'informatisation des taxons (par ex. : numéro erroné de page ou de fascicule dans la référence bibliographique), cette compilation a nécessité néanmoins encore une harmonisation très importante et chronophage des données renseignées de façon peu homogène par les différents participants, entraînant souvent de nouvelles corrections par la suite. Ce point sera traité plus en détail ci-après.

La cartographie

Une cartographie de ces spécimens-types par département français faisait partie du concept original du projet, puisque celui-ci avait pour objectif de permettre une répartition et une orientation optimales des sorties pour l'ensemble des fédérations, sociétés ou associations mycologiques du pays lors de la recherche sur le terrain des espèces ciblées dès l'automne 2025. Une carte départementale de la France a donc été générée par programmation en langage R¹⁰.

RÉSULTATS

Le fichier

L'assemblage des fichiers individuels du lotissement a permis d'exclure du fichier final au total 89 taxons supplémentaires lesquels correspondent finalement à des espèces d'autres pays (73) ou qui font partie des territoires d'outre-mer de la France (16). Ces informations, comme les autres corrections ou ajouts au fichier original, seront transmises à MycoBank.

Le fichier final des basionymes compte 3526 lignes pour un total de 3292 taxons de macromycètes en faisant abstraction des macromycètes exclus (essentiellement un peu plus de 1000 cortinaires, voir aussi la discussion), ainsi que des espèces fongiques françaises publiées après la réception du fichier original MycoBank (soit au total 219 taxons fongiques publiés de France métropolitaine depuis début 2019, tous groupes confondus). Dans les semaines qui suivent, cette liste des taxons à rechercher sera mise en ligne sur le site de la SMF (<https://www.mycofrance.fr/projets/types-des-mycota-de-france/>) Les données seront également envoyées à l'INPN pour intégration dans leur base de données consultable en ligne (<https://inpn.mnhn.fr/accueil/index>).

⁷ <https://gallica.bnf.fr/accueil>

⁸ <https://www.biodiversitylibrary.org>

⁹ <https://archives.org>

¹⁰ [https://fr.wikipedia.org/wiki/R_\(langage\)](https://fr.wikipedia.org/wiki/R_(langage))

La carte de répartition

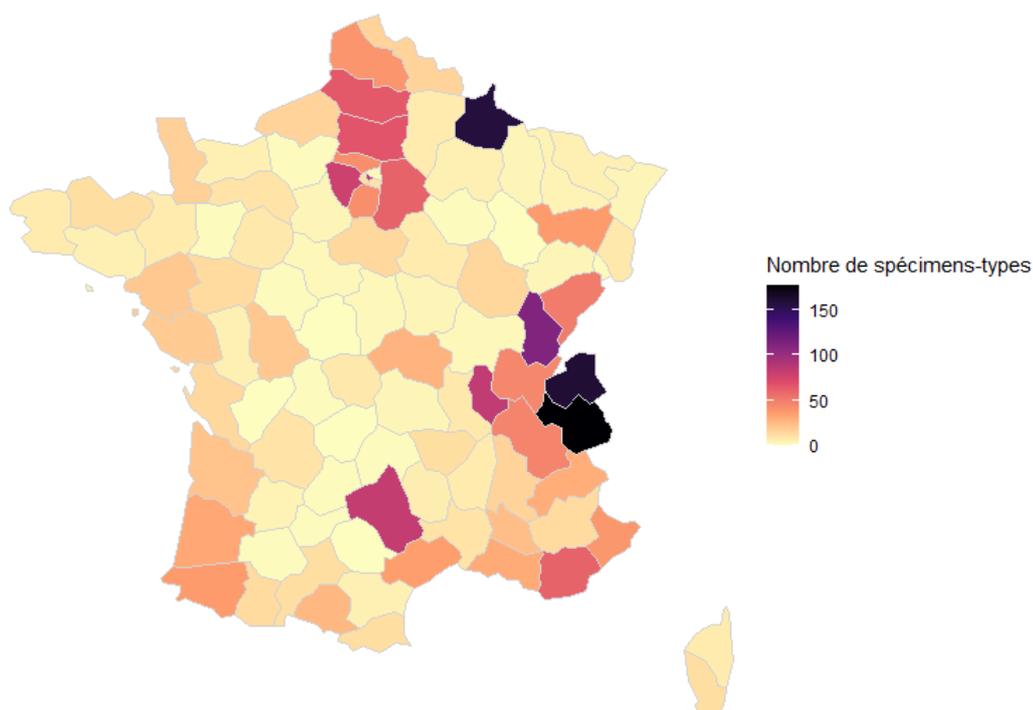


Figure 1 – Répartition du nombre de spécimens-types par département

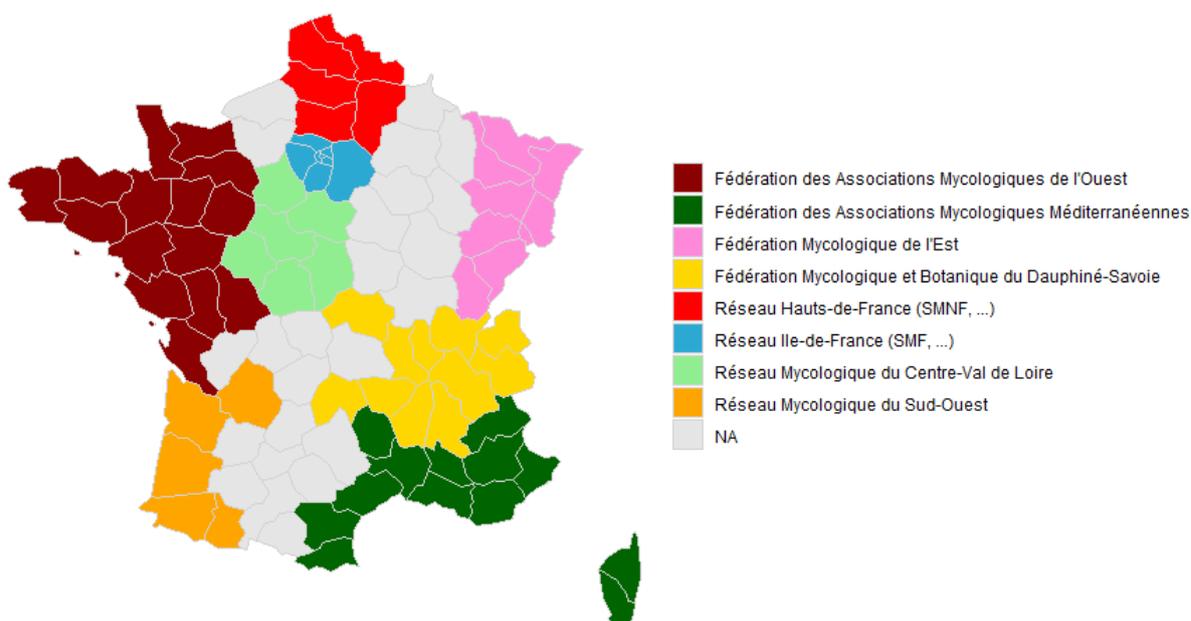


Figure 2 – Couverture des Fédérations et Réseaux mycologiques français

Les figures ci-dessus comparent la répartition départementale des taxons du fichier avec la couverture du territoire français par les grandes fédérations et réseaux mycologiques de création bien plus récente que la SMF (laquelle a volontairement été réduite sur nos cartes à la région Île-de-France car c'est bien là que se déroule l'essentiel de ses activités). Cette carte montre une distribution des champignons français qui reflète assez bien celle correspondant à la densité démographique française (Figure 1). En effet, l'activité mycologique est concentrée dans les grandes agglomérations, dans les départements qui longent les côtes, puis aussi dans la région Auvergne-Rhône-Alpes, mais elle est nettement moindre à l'intérieur du pays, lequel reste largement à

Société mycologique de France – 20, rue Rottembourg – 75012 PARIS

Tél. : + 33 (0) 9 52 45 96 23 – smf@mycofrance.org – <http://www.mycofrance.org>

l'écart des grands réseaux mycologiques (Figure 2). Notons quand-même que, depuis 2-3 ans, la couverture mycologique nationale s'est enrichie d'une fédération Centre-Val de Loire, en plein développement.

Il convient de mentionner que quelques mycologues particulièrement productifs ont eu une influence majeure sur la répartition de ces taxons. Citons, par exemple, le département des Ardennes dans le nord ou celui de l'Aveyron dans le sud qui ne font partie d'aucun grand réseau mycologique, mais qui contrastent avec les départements autour par le (très) grand nombre d'espèces décrites. L'explication se trouve dans l'activité débordante d'un seul mycologue dans ces départements : Patrick Reumaux dans celui des Ardennes et Amédée Galzin (qui récoltait pour l'abbé Bourdot) dans l'Aveyron. Quelques autres récolteurs importants sont mentionnés dans la discussion ci-dessous. N'oublions pas non plus que l'absence de la majorité des cortinaires dans notre fichier diminue d'avantage l'importance – déjà considérable – de la région Auvergne-Rhône-Alpes, d'où ont été décrits pas loin de 1000 espèces de cortinaires, en plus de nombreux autres champignons.

DISCUSSION ET OBSERVATIONS

Un projet collaboratif

L'édification de cette liste d'espèces françaises a permis de mettre en évidence certaines difficultés inhérentes au caractère collaboratif du projet. De façon générale, les données ont souvent été saisies dans des colonnes différentes selon les participants, ce qui a nécessité par la suite un travail d'harmonisation particulièrement chronophage. De plus, certaines consignes ont évolué au cours du projet (par exemple l'ajout de ligne en cas de syntype ou de paratype, voir plus bas) et n'ont été présentées qu'à une partie des contributeurs, renforçant d'autant plus cette hétérogénéité. Ainsi, si à l'origine le fichier comportait deux colonnes distinctes, une pour l'herbier de dépôt au moment de la publication et une pour l'herbier actuel, le caractère erratique de la colonne choisie par les participants nous a conduit à regrouper celles-ci en une seule colonne herbier actuel, seule la collection de Donadini (déposée à l'origine à Marseille, aujourd'hui à Montpellier) présentant des données différentes entre les deux colonnes. Les numéros de récoltes ont également été harmonisés afin de conserver une même notation pour chaque collection, et les codes postaux injustement renseignés dans la colonne localité ont été remplacés par les codes INSEE des communes. Enfin, les données concernant la végétation, l'hôte et l'écologie présentaient sans doute la plus grande variabilité, ce qui témoigne peut-être d'une certaine confusion sur ces notions parmi les contributeurs. En conclusion, notre expérience souligne l'importance de présenter des consignes claires et des exemples concrets aux participants d'un tel projet afin de réduire la charge de travail liée à l'homogénéisation du fichier et de renforcer la robustesse et la fiabilité des données ainsi récoltées.

Concernant la cartographie des spécimens-types français, laquelle faisait partie des livrables du projet depuis le début, il avait initialement été demandé aux participants de rajouter le département lorsque celui-ci n'était pas mentionné dans la description originale, puis aussi de rajouter des coordonnées de géolocalisation aussi précises que possible. Très rapidement, nos aspirations initiales ont été revues à la baisse, ces recherches prenant trop de temps aux contributeurs. Un problème supplémentaire était que beaucoup de taxons dans le fichier datent d'avant le XX^e siècle (environ 659 taxons parmi les 3292 du fichier, soit un cinquième) et ont été publiés sans aucune mention de localité, même pas le pays. Pour ces vieux taxons, la seule information fournie se limitait souvent au substrat du champignon. En effet, à cette époque, on était encore convaincu que les champignons avaient une très large distribution. Toute chanterelle jaune de moyenne taille, par exemple, était déterminée comme étant *Cantharellus cibarius*, n'importe le continent sur lequel la récolte avait été faite (WANG et coll., 2023). Malheureusement, il convient de constater que cette absence de localité ne concerne pas que les taxons décrits au XVIII^e et XIX^e siècle par Bulliard, Persoon, Desmazières, De Candolle, Roumeguère, Quélet, Boudier et leurs contemporains, mais que, même parmi les descriptions les plus récentes, certains auteurs continuent à omettre la mention d'une localité, et cela même si depuis le 1^{er} janvier 1958, il est obligatoire de désigner un spécimen-type bien renseigné.

Quelques chiffres

Il convient de préciser que le nombre de lignes (3526) dans le fichier est légèrement supérieur au nombre réel de taxons (3292) répertoriés. En effet, il a été décidé en cours de projet d'informatiser l'ensemble des récoltes citées dans la publication originale afin de multiplier les chances de localiser un spécimen d'intérêt. Ainsi, certaines lignes ont été dupliquées avec parfois jusqu'à 8 récoltes ajoutées et donc autant de lignes supplémentaires pour un même taxon. Néanmoins, ces récoltes additionnelles gardent le même numéro MycoBank en plus du basionyme et restent facilement identifiables. De plus, seule la ligne correspondant à l'holotype porte une mention dans la colonne 'herbier de dépôt du type' ce qui permet de la distinguer aisément des autres récoltes. Le nombre de taxons peut quant à lui être obtenu dans Excel après simple suppression des doublons basée sur les basionymes, et c'est à partir de cette liste de 3292 taxons qu'ont été générés l'ensemble des résultats présentés ici. À noter que cette opération n'exclue pas les éventuelles variantes orthographiques qui de toute façon ne possèdent pas le même numéro MycoBank.

Le fichier comprend au total 547 taxons d'ascomycètes et 2745 de basidiomycètes, lesquels représentent l'ensemble des macromycètes décrits de la France métropolitaine (toutefois après exclusion de la majorité des cortinaires). L'exclusion de certains autres groupes fongiques est probablement discutable, notamment dans le cas de quelques phytopathogènes, comme les rouilles (*Pucciniales*) ou encore les oïdiums (*Erysiphales*), car il existe en effet une expertise pour ces taxons dans le milieu 'amateur' laquelle est facilitée surtout par la spécialisation très poussée de ces champignons pour certaines plantes hôtes. Un exemple récent est celui sur les *Pucciniales* dans les Yvelines qui résulte d'un projet de science participative en collaboration avec l'unité BIOGER du Centre INRAE Versailles-Saclay (SUFFERT, 2025).

L'ensemble des taxons français dans le fichier final représente 215 genres d'ascomycètes et 297 genres de basidiomycètes. Un peu plus de la moitié (281) de ces genres se limitent à un seul taxon dans le fichier, 77 genres couvrent deux taxons, 101 entre 3 et 9 taxons, 40 entre 10 et 50 et seulement 8 entre 50 et 100 taxons. Enfin, seuls 5 genres dépassent (parfois largement) les 100 taxons, avec *Cortinarius* loin devant. Ce dernier genre est absolument un cas à part en France. *Cortinarius* est représenté dans notre fichier quasi exclusivement par les informations associées aux 313 spécimens-types déposés à Genève, lesquels correspondent principalement aux premiers tomes de l'*Atlas des Cortinaires* (REUMAUX et coll., 1990a, 1990b). Pourtant, le fichier original obtenu de MycoBank contenait pas moins de 1479 lignes '*Cortinarius*' dont seulement 84 correspondent à une recombinaison, laissant donc 1395 basionymes (parmi lesquels relativement peu de taxons infraspécifiques). Pas moins de 718 de ces basionymes sont attribués à Robert Henry (majoritairement en tant que seul auteur) et 378 à Patrick Reumaux (le plus souvent avec co-auteurs). Difficile de savoir combien de ces cortinaires vont passer le test du séquençage car il y a de nombreux obstacles à une interprétation correcte des types qui sont parfois soit perdus, soit composés de trop peu de matériel ou qui se révèlent être résistants au séquençage (ceci est particulièrement le cas des types de R. Henry). Ajoutons à cela des problèmes nomenclaturaux (pas mal de noms invalides [153] ou illégitimes [50] dans le cas de R. Henry par exemple) ainsi que des opinions divergentes avec d'autres cortinariologues quant à la bonne délimitation des espèces, et il est rapidement clair qu'il sera très difficile d'arriver à un consensus international concernant ces espèces, dont beaucoup sont déjà interprétées comme étant des synonymes (voir par ex. LIIMATAINEN et coll., 2014).

Une comparaison entre les basionymes et les noms actuels des macromycètes permet également de se rendre compte du bouleversement de la classification des champignons en Europe depuis le XVIII^e siècle, conséquence de l'importance grandissante prise par les caractères microscopiques, puis, bien plus récemment, les caractères moléculaires et la phylogénie.

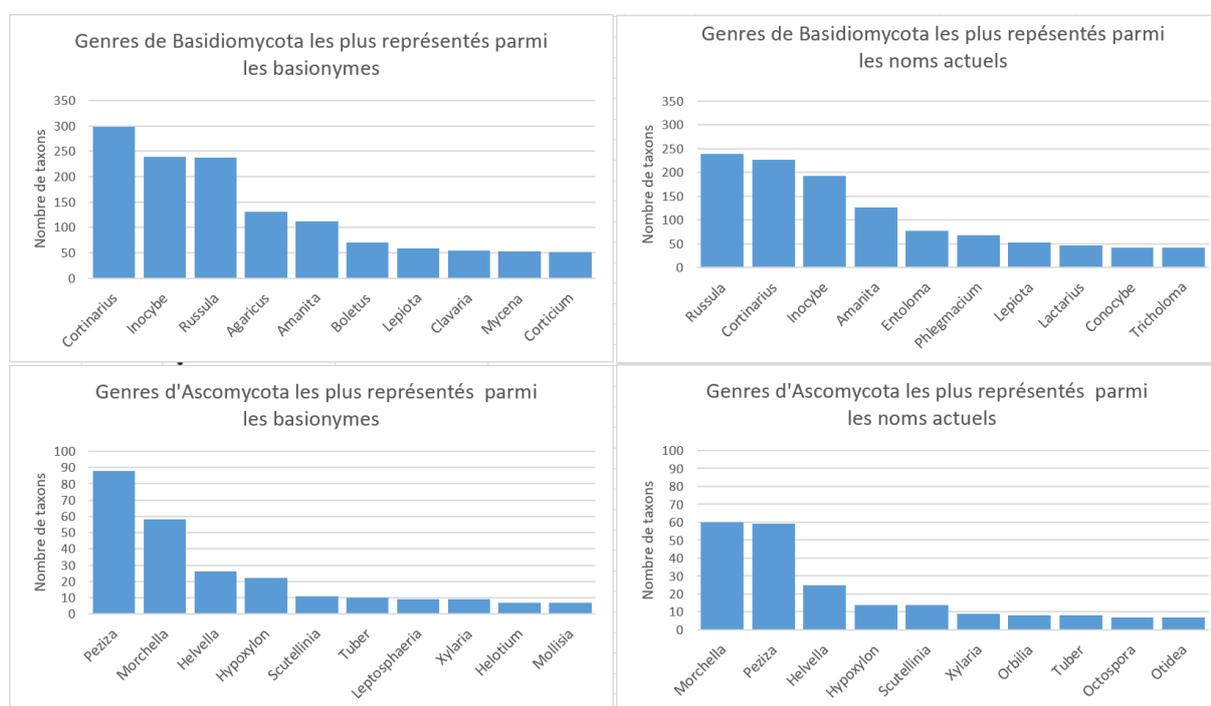


Figure 3 – Comparaison du nombre d'espèces par genre en se basant sur les basionymes ou noms actuels (d'après Index Fungorum) pour les 10 genres de basidiomycètes et d'ascomycètes les mieux représentés.

En comparant les 10 genres d'ascomycètes et de basidiomycètes les mieux représentés dans le fichier, notons un changement drastique dans les noms de genre qui figurent dans les deux classements, avec plusieurs genres sortants parmi les basionymes des basidiomycètes (*Agaricus*, *Boletus*, *Corticium*, *Mycena*, *Clavaria*) au profit de nouveaux entrants parmi les noms actuels

dans Index Fungorum (*Entoloma*, *Phlegmacium*, *Conocybe*, *Lactarius*, *Tricholoma* ; Figure 3). Pour les ascomycètes ce bouleversement est un peu moindre. Le plus souvent ce changement s'accompagne pour les basidio-, comme pour les ascomycètes, d'une chute générale du nombre de taxons par genre. Avec toutefois quelques exceptions comme les russules, qui se reconnaissent très bien sur le terrain grâce à leur chair cassante, ou encore les amanites qui grimpent sensiblement. La chute générale du nombre de taxons par genre est souvent une conséquence de la multiplication récente (et parfois excessive) des genres suite aux phylogénies moléculaires, comme c'est le cas notamment pour l'ensemble des bolets (voir VELLINGA et coll., 2015). La division récente du genre *Cortinarius* en 9 genres distincts (LIIMATAINEN et coll., 2022) ne se voit que très peu ici, car seulement le genre *Phlegmacium* semble avoir eu un impact. L'éclatement des cortinaires reste d'ailleurs très contesté d'un point de vue scientifique pour le moment (GALLONE et coll., 2024). La chute de 239 à 193 taxons pour le genre *Inocybe* reflète également un éclatement en plusieurs genres (MATHENY et coll., 2020) qui a été immédiatement adopté dans Index Fungorum et MycoBank. En Europe, le genre *Inocybe* est actuellement représenté par un peu plus de 450 espèces qui se répartissent grossièrement en trois-quarts pour le genre *Inocybe*, le quart restant étant distribué parmi trois nouveaux genres : *Mallocybe*, *Inosperma* et *Pseudosperma* (BANDINI et coll., 2018). On retrouve approximativement cette même répartition dans notre fichier pour les taxons français (cela représente : 21 *Pseudosperma*, 20 *Mallocybe*, 7 *Inosperma* et 193 *Inocybe*).

Comme expliqué plus haut, la compilation de notre fichier final est basée sur les basionymes des taxons. Ces basionymes représentent 2323 espèces et 969 taxons infraspécifiques (sous-espèce, variété ou forme). Toutefois, le fichier associe ces basionymes aux noms actuels recommandés à la fois par MycoBank et par Index Fungorum, vu que ces deux sites importants ne partagent pas toujours la même opinion. Le genre *Inocybe*, comme d'ailleurs le genre *Cantharellus*, fournissent de bons exemples pour illustrer les différences d'opinion entre MycoBank et Index Fungorum quant au nom actuel à adopter non seulement pour une espèce, mais aussi quant au placement dans un genre. En faisant abstraction des noms infraspécifiques, qui ne sont jamais affichés pour le nom actuel à adopter dans Index Fungorum, ce désaccord entre les deux sites concerne environ 1/4 des espèces françaises.

Un reflet de l'histoire de la mycologie française

Plus généralement, les données collectées nous permettent de retracer l'histoire de la mycologie française à travers l'évolution du nombre de nouvelles espèces décrites chaque année et de mettre en lumière les auteurs y ayant apporté la plus grande contribution (Figure 4). Si le plus ancien taxon dans le fichier, *Phallus esculentus* (basionyme de *Morchella esculenta*), a été décrit par Carl von Linné en 1753, la récolte française mentionnée ici est en fait datée de 2009 et correspond à une opération d'épitypification (RICHARD et coll., 2015).

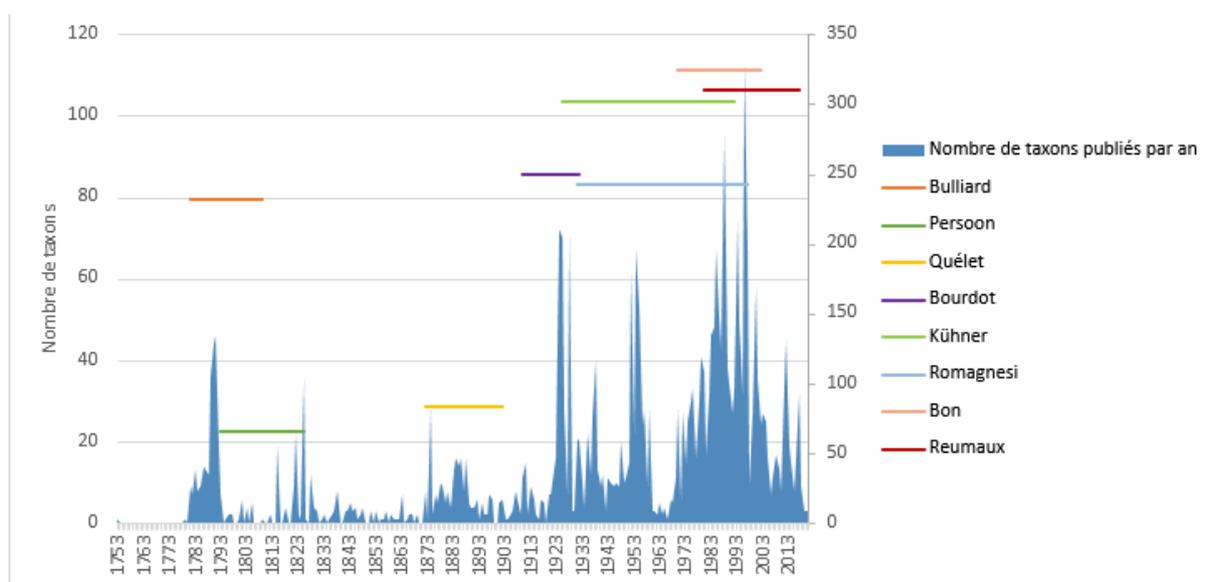


Figure 4 – Évolution du nombre de nouvelles espèces décrites de France par an et contribution des principaux auteurs

Au XVIII^e siècle, c'est surtout à Pierre Bulliard qu'on doit la plupart des nouvelles espèces avec pas moins de 232 taxons décrits entre 1781 et 1809 dans les différents volumes de son ouvrage *Herbier de la France* (BULLIARD, 1780–1793) ainsi que dans son *Histoire des champignons de la France* (BULLIARD, 1791), achevé à titre posthume. Le relais est ensuite pris par Christiaan Hendrik Persoon, mycologue sud-africain installé à Paris en 1803, qui est à l'origine de la publication de 66 taxons dont une majorité tirée de *Mycologia Europaea* (PERSOON, 1822, 1825, 1828). Si l'on constate une légère baisse dans le rythme

de parution dans le courant du XIX^e, la fin du siècle voit l'émergence de plusieurs taxinomistes importants parmi lesquels Claude-Casimir Gillet (40 taxons), Lucien Quélet (84) ou encore Émile Boudier (44), ces deux derniers ayant par ailleurs été à l'origine de la fondation de la Société mycologique de France en 1884.

La première moitié du XX^e siècle est marquée par le travail considérable d'Hubert Bourdot sur les polypores et les corticiés avec 249 taxons décrits entre 1910 et 1932, dont 220 publiés en collaboration avec Amédée Galzin dans les différents volumes des *Hyménomycètes de France* (BOURDOT & GALZIN, 1927). Impossible également de ne pas citer Robert Kühner et Henri Romagnesi, figures de la mycologie du siècle dernier ayant co-signé la *Flore analytique des champignons supérieurs* (KÜHNER & ROMAGNESI, 1953), remarquables autant par leur longévité que par le nombre de taxons leur étant attribués, respectivement 302 entre 1925 et 1992 et 242 entre 1931 et 1997. Plus proche de nous et alors que le rythme de publication semble s'accélérer, le mycologue du nord de la France Marcel Bon apparaît comme le contributeur le plus prolifique avec 324 taxons décrits entre 1970 et 2002, dont 223 en tant que seul auteur (Figure 5). Enfin, comme discuté précédemment, 310 espèces de cortinaires et de russules publiées entre 1980 et 2017 sont à mettre au crédit de Patrick Reumaux, pour la plupart avec le concours d'André Bidaud et de Pierre Moëgne-Loccoz qui sont eux-mêmes associés à 148 et 139 taxons, respectivement.

De façon surprenante, on constate une légère diminution du nombre de nouveaux taxons décrits par an depuis le début des années 2000, ce qui pourrait s'expliquer en partie par la perte de compétences taxinomiques évoquée en introduction, mais aussi par les exigences scientifiques nécessitant d'associer au moins une séquence ITS ou une phylogénie lors de la publication de nouveaux taxons fongiques, ceci depuis la désignation de l'ITS en tant que code-barres fongique (SCHOCH et coll., 2012). Ajoutons enfin que le nombre de mycologues professionnels associés aux institutions a chuté vertigineusement au tournant du siècle.

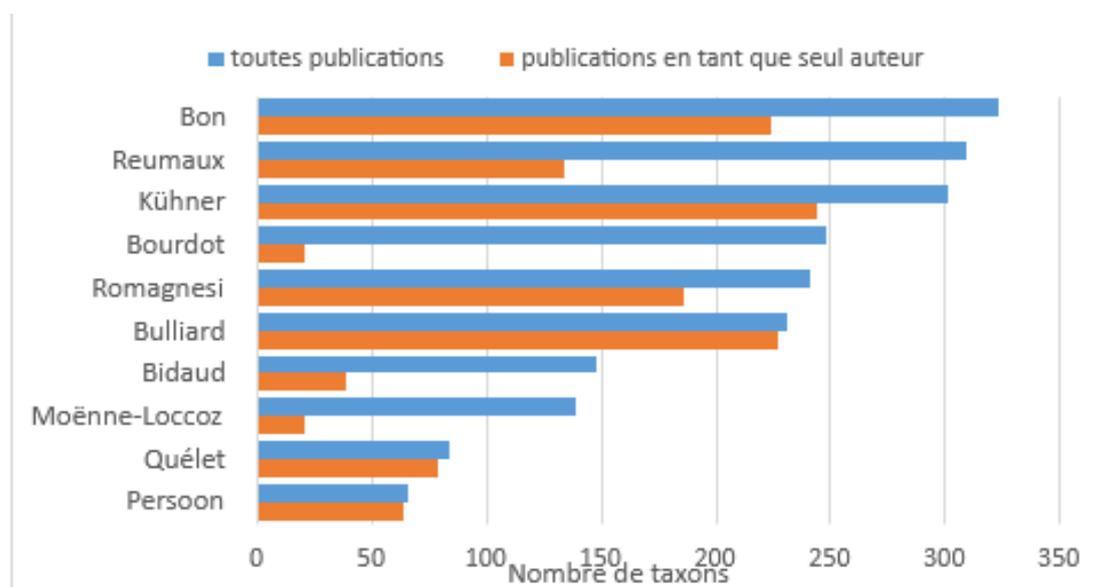


Figure 5 – Auteurs ayant décrit le plus de taxons de France

Poursuite et perspectives

Cette liste d'espèces françaises à rechercher en priorité ne constitue que la première étape. Maintenant, le plus important sera d'organiser rapidement les prospections sur le terrain via le réseau mycologique national. L'expertise nécessaire pour une identification morphologique fiable des champignons en France est concentrée dans un nombre de plus en plus réduit de personnes dont l'âge est de plus en plus avancé. D'ici 10-15 ans, cette deuxième phase du projet pourrait très bien être plus difficilement réalisable. En effet, l'exemple du groupe des cortinaires, avec les disparitions de Patrick Reumaux et d'André Bidaud début 2024, devrait nous inciter à agir rapidement. Car l'expertise de terrain basée sur une approche morphologique classique reste essentielle pour identifier correctement les champignons nouvellement récoltés qui devront passer au séquençage.

Cette deuxième étape sous-entend également un dépôt de spécimens bien documentés et illustrés (comme s'il s'agissait d'une nouvelle espèce) permettant de se faire une idée précise et correcte de l'ensemble des caractères du champignon. Ces dépôts permettront non seulement de compléter la description existante, mais aussi de réinterpréter la morphologie quand certaines différences moléculaires indiquent une situation bien plus complexe, comme ce fut récemment le cas avec le groupe de *Russula nigricans* (voir DE LANGE et coll., 2023, CHALLENGE et coll., 2024) ou comme cela a été démontré pour beaucoup d'espèces de

Cortinarius (LIIMATAINEN et coll., 2014, 2017). Cette deuxième étape exigera donc un grand investissement sur le terrain, et de prendre aussi des habitudes que la plupart d'entre nous n'ont peut-être pas encore, comme de conserver des échantillons en herbier et de faire des prélèvements de tissus dans des tampons physiologiques pour permettre une bonne conservation de l'ADN. En revanche, nous pourrions profiter actuellement d'un accès plus facile au séquençage à prix réduit – voire même offert – à travers des initiatives française comme Funif-Col¹¹ ou européenne comme FunDive¹².

Nous pensons qu'une certaine coordination au niveau national et régional sera également nécessaire afin de pouvoir orienter et suivre efficacement la progression, qui pourra être discutée lors de réunions telles que la CAFAM. Cette deuxième étape demandera également de la part des participants une bonne connaissance des genres et espèces impliqués et une exploration bibliographique en amont, notamment pour vérifier si des séquences de référence existent déjà (l'existence dans GenBank de nombreuses séquences-types non annotées comme telles avait été démontrée par HOFSTETTER et coll., 2019) ou si des épitypes n'ont pas déjà été désignés, comme cela a récemment été fait pour certaines russules comme pour *R. nigricans* Fr. (MELOT, 2021) ou encore pour *R. seperina* Dupain (ADAMČÍK et coll., 2019). Bref, le travail qui nous attend s'annonce considérable et particulièrement chronophage.

Du moment que cette nouvelle étape aura bien démarré, nous allons également devoir réfléchir à des solutions permettant de publier plus rapidement ces séquences de référence qui serviront à épi- ou néotypifier nos taxons. En effet, le temps habituel demandé pour la rédaction d'une épitypification dans un article scientifique 'normal' (voir par ex. VESTERHOLT et coll., 2014) n'est pas envisageable, sinon on aurait besoin au moins d'un demi-siècle. C'est là peut-être que les différents bulletins et autres publications mycologiques en France s'avéreront d'une grande utilité.

REMERCIEMENTS

Les auteurs tiennent à remercier le Dr. Vincent Robert (Biologics, MycoBank) pour nous avoir envoyé la liste des taxons décrits de la France métropolitaine. L'ensemble des autres membres de la SMF ayant participé au fichier, par ordre alphabétique : Eddy Boite, Jean-Marc Cannet, Xavier Carteret, René Chalange, Alain Champagne, Jean-Paul Chaumeton, Hervé Cochard, Yoko Debaube, Lucile Foyart, Christophe Geissler, Mijo Gomez, Fabien Henry, Raphaël Hervé, Matthieu Jérusalem, Patrice Lainé, Laetitia Marey et Pierre-Arthur Moreau. Enfin, Louise Pierron est remerciée pour son aide à la programmation de la carte départementale en langage R.

BIBLIOGRAPHIE

- ADAMČÍK, S., B. LOONEY, M. CABOŇ, S. JANČOVIČOVÁ, K. ADAMČÍKOVÁ, P. G. AVIS, M. BARAJAS, R. P. BHATT, A. CORRALES, K. DAS, F. HAMPE, A. GHOSH, G. GATES, V. KÄLVIÄINEN, A. N. KHALID, M. KIRAN, R. DE LANGE, H. LEE, Y. W. LIM, A. KONG, C. MANZ, C. OVREBO, M. SABA, T. TAIPALE, A. VERBEKEN, K. WISTRASSAMEEWONG & B. BUYCK. 2019. — The quest for a globally comprehensible *Russula* language. *Fungal Divers.*, 99 (1), p. 369–449. <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00437-2>
- BANDINI, D., B. OERTEL, S. PLOCH, T. ALI, J. VAURAS, A. SCHNEIDER, M. SCHOLLER, U. EBERHARDT & M. THINES. 2018 (publ. 2019). — Revision of some central European species of *Inocybe* (Fr.: Fr.) Fr. subgenus *Inocybe*, with the description of five new species. *Mycol. Progress*, 18 (1-2), p. 247–294. <https://doi.org/10.1007/s11557-018-1439-9>
- BOURDOT, H., & A. GALZIN. 1927 (publ. 1928). — *Hyménomycètes de France*. Éd. Ed. Lechevalier, Paris, 762 p.
- BULLIARD, P. 1780–1793. — *Herbier de la France*. Chez l'auteur, Paris, 9 vol.
- BULLIARD, P. [J. B. F. P.]. 1791. — *Histoire des champignons de la France*. Vol. 1. Éd. Par l'auteur, Paris, 368 p.
- CHALANGE, R., F. VALADE & B. BUYCK. 2023 (publ. 2024). — *Russula marxmuelleriana*, une espèce peu rare, mais souvent confondue. *Bull. Soc. mycol. Fr.*, 139 (3–4), p. 87–105.
- DE LANGE, R., J. KLEINE, F. HAMPE, P. ASSELMAN, C. MANZ, E. DE CROP, L. DELGAT, S. ADAMČÍK & A. VERBEKEN. 2023. — Stop black and white thinking: *Russula* subgenus *Compactae* (*Russulaceae*, *Russulales*) in Europe revised. *Persoonia*, 51, p. 152–193. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2023.51.04>
- GALLONE, B., T. W. KUYPER & J. NUYTINCK. 2024. — The genus *Cortinarius* should not (yet) be split. *IMA Fungus*, 15 (1), 24. <https://doi.org/10.1186/s43008-024-00159-4>
- HOFSTETTER, V., B. BUYCK, G. EYSSARTIER, S. SCHNEE & K. GINDRO. 2019. — The unbearable lightness of sequenced-based identification. *Fungal Divers.*, 96 (1), p. 243–284. <https://doi.org/10.1007/s13225-019-00428-3>
- KÜHNER, R., & H. ROMAGNESI. 1953. — *Flore analytique des champignons supérieurs (Agaric, Bolets, Chanterelles) comprenant les espèces de l'Europe occidentale et centrale ainsi que la plupart de celles de l'Algérie et du Maroc*. Masson et Cie, Paris, 556 p.
- LIIMATAINEN K., T. NISKANEN, B. DIMA, I. KYTÖVUORI, J. F. AMMIRATI & T. G. FRØSLEV. 2014. — The largest type study of Agaricales species to date: bringing identification and nomenclature of *Phlegmacium* (*Cortinarius*) into the DNA era. *Persoonia*, 33, p. 98–140.
- LIIMATAINEN, K., X. CARTERET, B. DIMA, I. KYTÖVUORI, A. BIDAUD, P. REUMAUX, T. NISKANEN, J. F. AMMIRATI & J.-M. BELLANGER. 2017 — *Cortinarius* section *Bicolores* and section *Saturnini* (*Basidiomycota*, *Agaricales*), a morphogenetic overview of European and north American species. *Persoonia*, 39, p. 175–200. <https://doi.org/10.3767/persoonia.2017.39.08>
- LIIMATAINEN, K., J. T. KIM, L. POKOMY, P. M. KIRK, B. DENTINGER & T. NISKANEN. 2020a. — Taming the beast: a revised classification of Cortinariaceae based on genomic data. *Fungal Divers.*, 112, p. 89–170. <https://doi.org/10.1007/s13225-022-00499-9>

¹¹ <https://isyeb.mnhn.fr/fr/projet-funif-col-9663>

¹² <https://fun-diver.eu/fundive/>

- LIIMATAINEN, K., T. NISKANEN, B. DIMA, J. F. AMMIRATI, P. M. KIRK & I. KYTÖVUORI. 2020b. — Mission impossible completed: unlocking the nomenclature of the largest and most complicated subgenus of *Cortinarius*, *Telamonia*. *Fungal Divers.*, 104 (1), p. 291–331. <https://doi.org/10.1007/s13225-020-00459-1>
- MATHENY, P. B., A. M. HOBBS & F. ESTEVE-RAVENTÓS. 2020. — Genera of *Inocybaceae*: New skin for the old ceremony. *Mycologia*, 112 (1), p. 83–120. <https://doi.org/10.1080/00275514.2019.1668906>
- MELOT, J. 2021. — *Russula nigricans* et *Russula adusta*. Nomenclature et typification. *Bull. Soc. mycol. Fr.*, 137 (1–4), p. 75–82.
- OLARIAGA, I., G. MORENO, J. L. MANJÓN, I. SALCEDO, V. HOFSTETTER, D. RODRÍGUEZ & B. BUYCK. 2017. — *Cantharellus* (*Cantharellales*, *Basidiomycota*) revisited in Europe through a multigene phylogeny. *Fungal Divers.*, 83 (1), p. 263–292. <https://doi.org/10.1007/s13225-016-0376-7>
- PERSOON, C. H. 1822. — *Mycologia europaea*, vol. 1. Édité par J. J. Palme, Erlangen, 355 p.
- PERSOON, C. H. 1825. — *Mycologia europaea*, vol. 2. Édité par J. J. Palme, Erlangen, 214 p.
- PERSOON, C. H. 1828. — *Mycologia europaea*, vol. 3. Édité par J. J. Palme, Erlangen, 282 p.
- REUMAUX, P., & P. MOËNNE-LOCCOZ. 1990a. — *Atlas des Cortinaires. Pars 1*. Éd. Fédération Mycologique Dauphiné-Savoie, Annecy.
- REUMAUX, P., & P. MOËNNE-LOCCOZ. 1990b. — *Atlas des Cortinaires. Pars 2*. Éd. Fédération Mycologique Dauphiné-Savoie, Annecy.
- RICHARD, F., J.-M. BELLANGER, P. CLOWEZ, K. HANSEN, K. O'DONNELL, A. URBAN, M. SAUVE, R. COURTECUISSÉ & P.-A. MOREAU. 2015. — True morels (*Morchella*, *Pezizales*) of Europe and North America: evolutionary relationships inferred from multilocus data and a unified taxonomy, *Mycologia*, 107 (2), p. 359–382. <https://doi.org/10.3852/14-166>
- SCHOCH, C. L., K. A. SEIFERT, S. HUHDORF, V. ROBERT, J. L. SPOUGE, C. A. LEVESQUE, W. CHEN. & Fungal Barcoding Consortium 2012. — Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi. *Proc. natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 109 (16), p. 6241–6246. <https://doi.org/10.1073/pnas.1117018109>
- SUFFERT, F. 2025. Contribution photographique à l'inventaire des *Pucciniales* (rouilles) aux alentours des Clayes-sous-Bois. *Bull. Nat. Yvelines*, fasc. hors-série n° 2, 104 p.
- VELLINGA, E. C., T. W. KUYPER, J. AMMIRATI, D. E. DESJARDIN, R. E. HALLING, A. JUSTO, T. LÆSSØE, T. LEBEL, D. J. LODGE, P. B. MATHENY, A. S. METHVEN, P.-A. MOREAU, G. M. MUELLER, M. E. NOORDELOOS, J. NUYTINCK, C. L. OVREBO & A. VERBEKEN. 2015. — Six simple guidelines for introducing new genera of fungi. *IMA Fungus*, 6 (2), p. 65–68. <https://doi.org/10.1007/BF03449356>
- VESTERHOLT, J., U. EBERHARDT & H. J. BEKER. 2014. — Epytification of *Hebeloma crustuliniforme*. *Mycol. Progress*, 13 (3), p. 553–562. <https://doi.org/10.1007/s11557-013-0938-y>
- WANG, X. H., V. HOFSTETTER, S. Q. CAO, P. G. LIU & B. BUYCK. 2023. — Finding correct names for economically important chanterelles (*Cantharellus*, *Hydnaceae*, *Cantharellales*) in southwestern China: a plea for third party annotation of sequences in GenBank. *Mycosphere*, 14 (1), p. 153–194. <https://doi.org/10.5943/mycosphere/14/1/3>