

Description d'une première récolte française de *Psathyrella ichnusae* (Örstedius, Contu, E. Larsson & Vizzini)
D. Deschuyteneer & P. Tanchaud



Récolte réalisée par P. Tanchaud, sur la commune de Yves en Charente-Maritime
Coordonnées GPS : 46.036274 N 1.023901 W

Habitat : sur sol plutôt sablonneux, boueux, dans un pré avec chevaux, parmi les débris herbacés, à côté de crottins ; chapeau : 9 mm pour le plus gros.



Description macroscopique

Chapeau mesurant 9 mm de diamètre pour l'exemplaire le plus développé, de forme conico-paraboloïde ne devenant pas plan convexe, non strié et dépourvu d'umbon, de teinte ocre brun foncé sur les jeunes exemplaires frais, devenant ocre chamois sur les exemplaires plus matures ; hygrophane, il décolore en ocre très pâle. Il est parsemé de fibrilles vélaires blanches éparses, prédominantes sur la moitié du chapeau proche de la marge, au niveau de laquelle elles forment un filet arachnéen, partiellement appendiculé.

Lames espacées à moyennement espacées, largement adnées, décurrentes par une dent, ocre brunâtre, dont l'arête fimbriée est blanche sur exsiccatum.

Stipe mesurant 30-40 x 1,5-3 mm, blanc teinté d'ocre ; apex prumineux, finement fibrilleux dans les 2/3 inférieurs.

Voile fibrilleux blanc dense qui, selon la description d'Örstadius (*op cit.*), relie la marge au stipe et recouvre le chapeau des sujets jeunes, persistant au niveau de la marge sur les exemplaires adultes.

Chair mince ; saveur et odeur sans particularités.

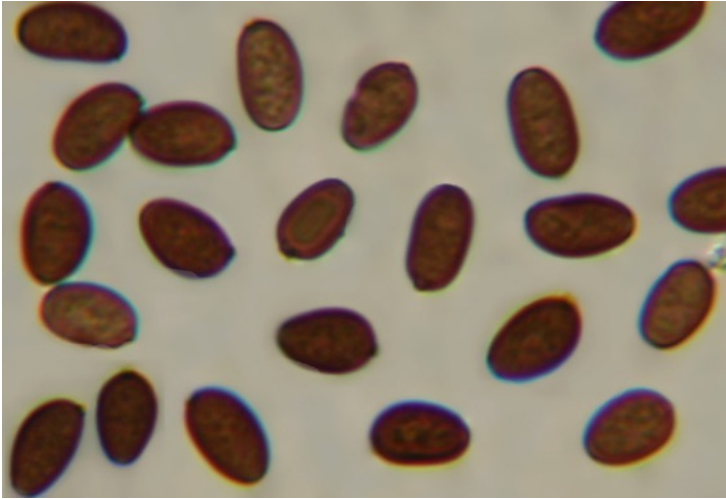
Spores mesurées au sommet du stipe N=30, Arithmetic mean Me of L × W: **8.14 × 4.97 μm**, Arithmetic mean Me of Q: **1.64**

Dimensions computed by quantile method with 80% confidence interval: L × W for 80% CI: (7.5-) **7.95-8.73**(-9) × (4-) **4.95-5.2**(-5.5) μm, Q for 80% CI: **(1.45)1.5 - 1.8**(2);

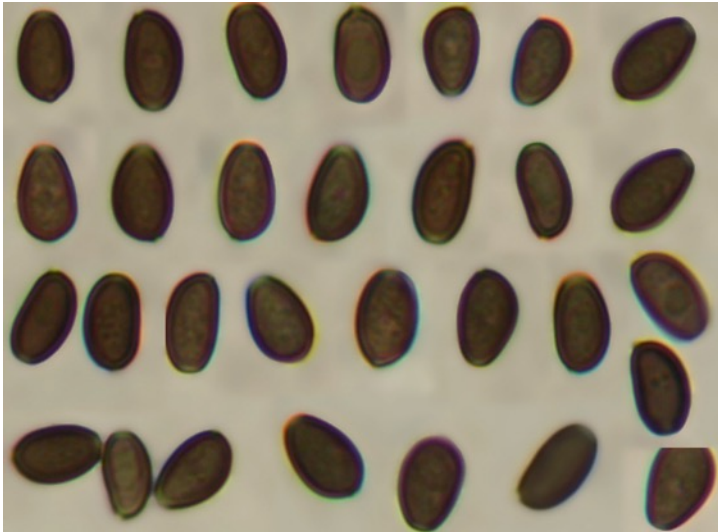
de face oblongues, subcylindriques, parfois ovoïdes, légèrement à nettement amygdaliformes de profil, sub-opaques, brun-rouge dans l'ammoniaque à 10%, grisâtres dans la potasse à 5%, à net pore germinatif central conique ; (*Örstadius* 7,8-8,3-9,2 × 4,4-4,6-5 μm).

Basides 16-22 × 9-13 μm, clavées, tétrasporiques ; (*Örstadius* 18-20 × 8-9 μm).

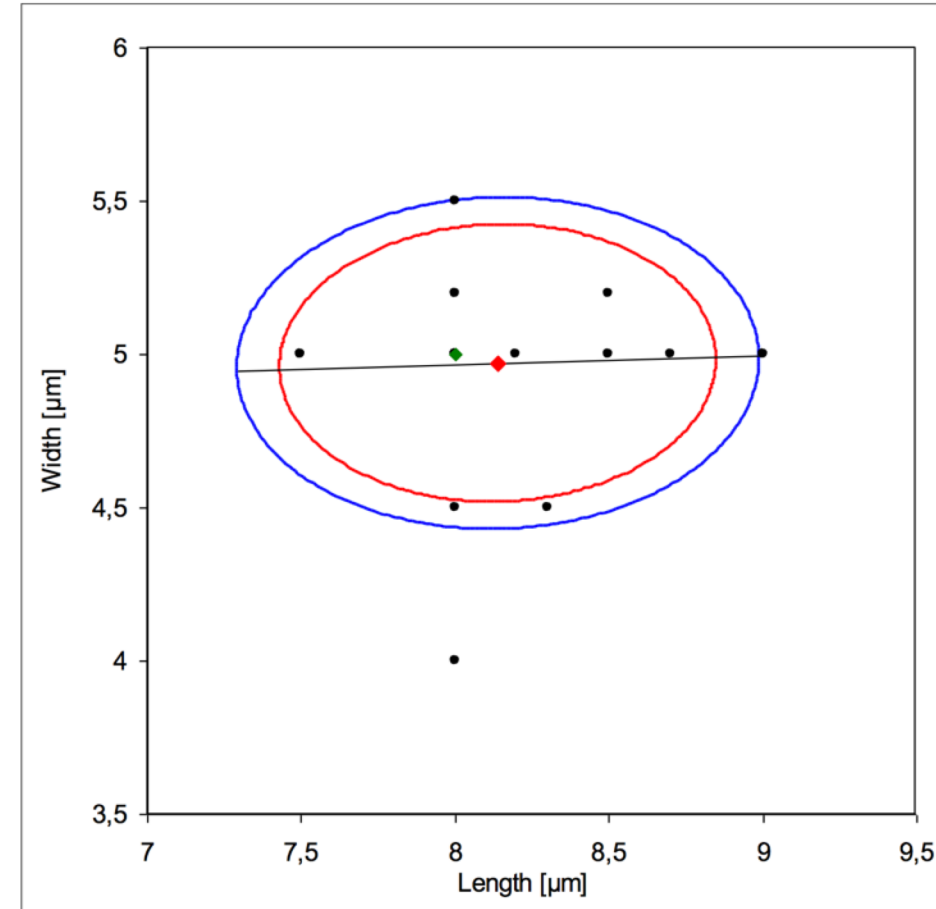
NH₄OH 10%



KOH 5%



Scatter plot with 80% & 90% prediction interval ellipse:



- = spores
- ▶ = arithmetic mean
- ◀ = median
- = 80% prediction interval ellipse
- = 90% prediction interval ellipse

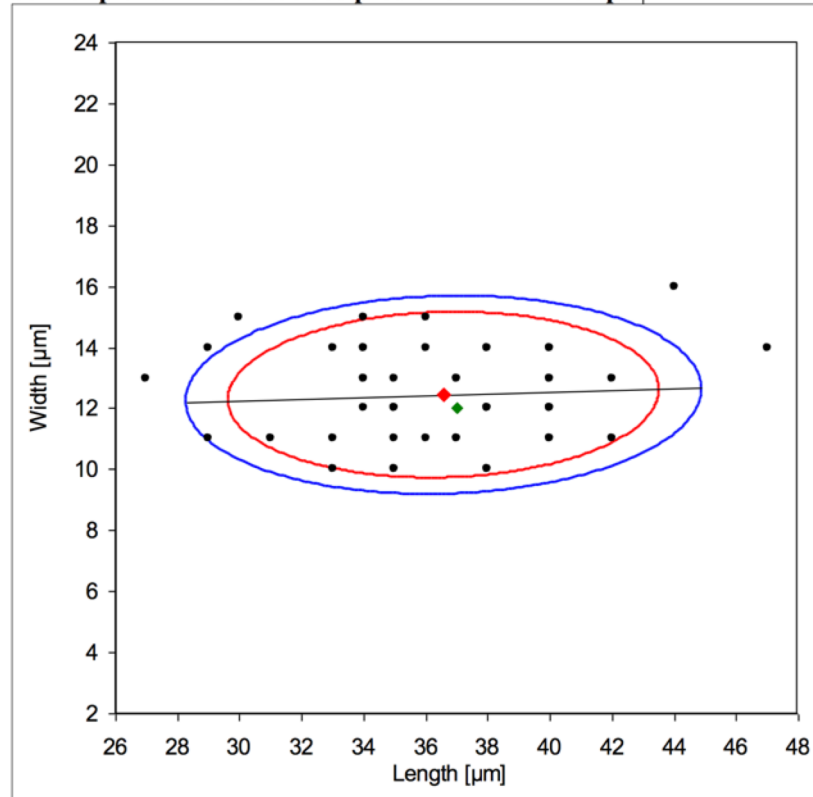
Cheilocystides mesurant pour N=50: Arithmetic mean Me of L × W: **34.1 × 12.3 μm**,

Dimensions computed by quantile method with 80% confidence interval: L × W for 80% CI: (24-)**28.9-40(-45) × 10-15 μm**.

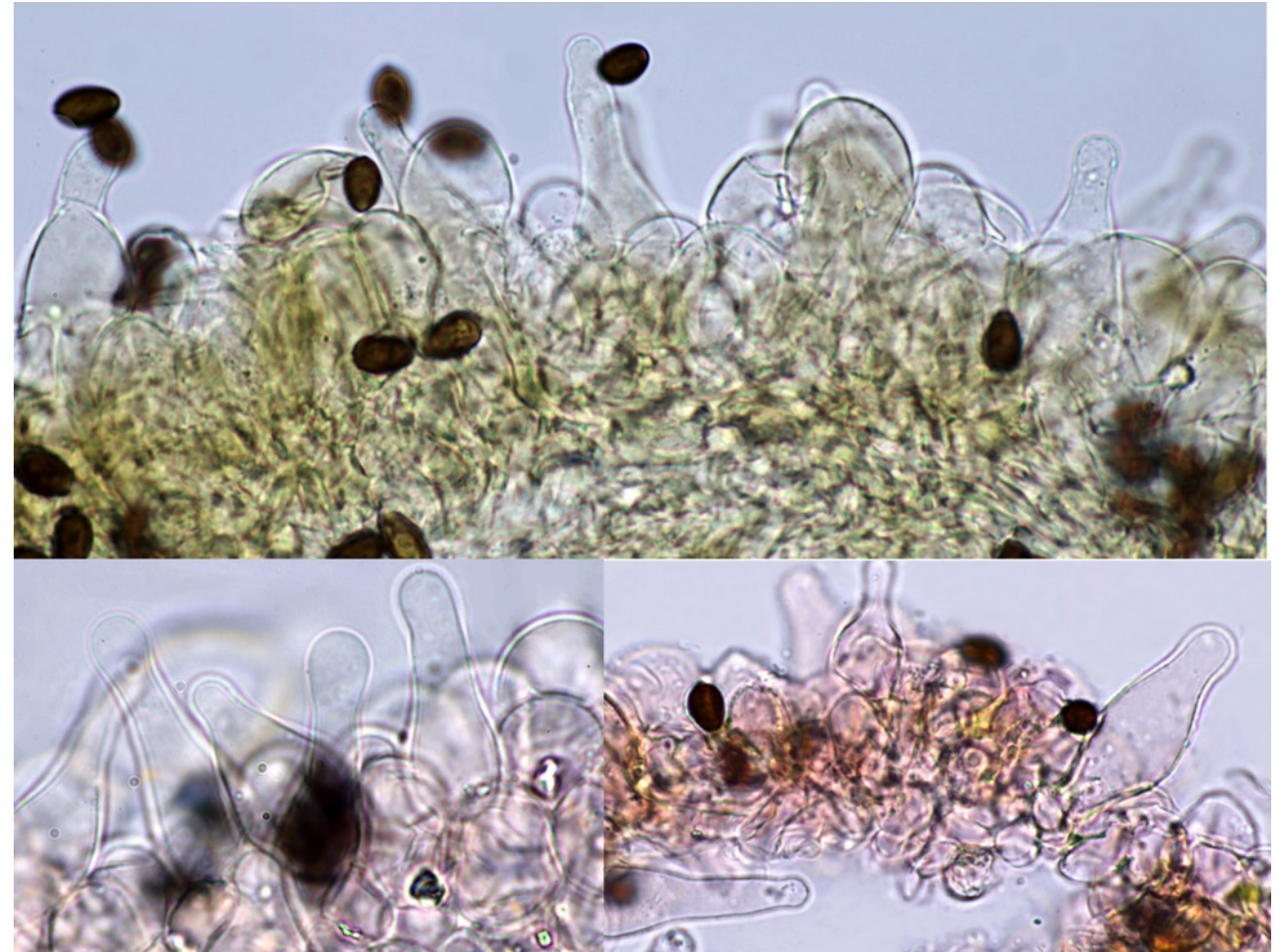
Analogues aux pleurocystides, essentiellement clavées et utriformes mais aussi lagéniformes, avec alors un col bien développé à sommet ogi-val parfois subcapité ou nettement capité, à paroi fine et sporadiquement légèrement épaissie et teintée ; peu nombreuses à nombreuses, disséminées ou groupées sous forme de clusters ; (*Örstadius* 25-35 x 10-16 μm).

Cellules marginales (paracystides) clavées, à paroi souvent épaissie et teintée, peu nombreuses mais denses à proximité de la marge, les cheilocystides ayant tendance à disparaître à ce niveau.

Scatter plot with 80% & 90% prediction interval ellipse:

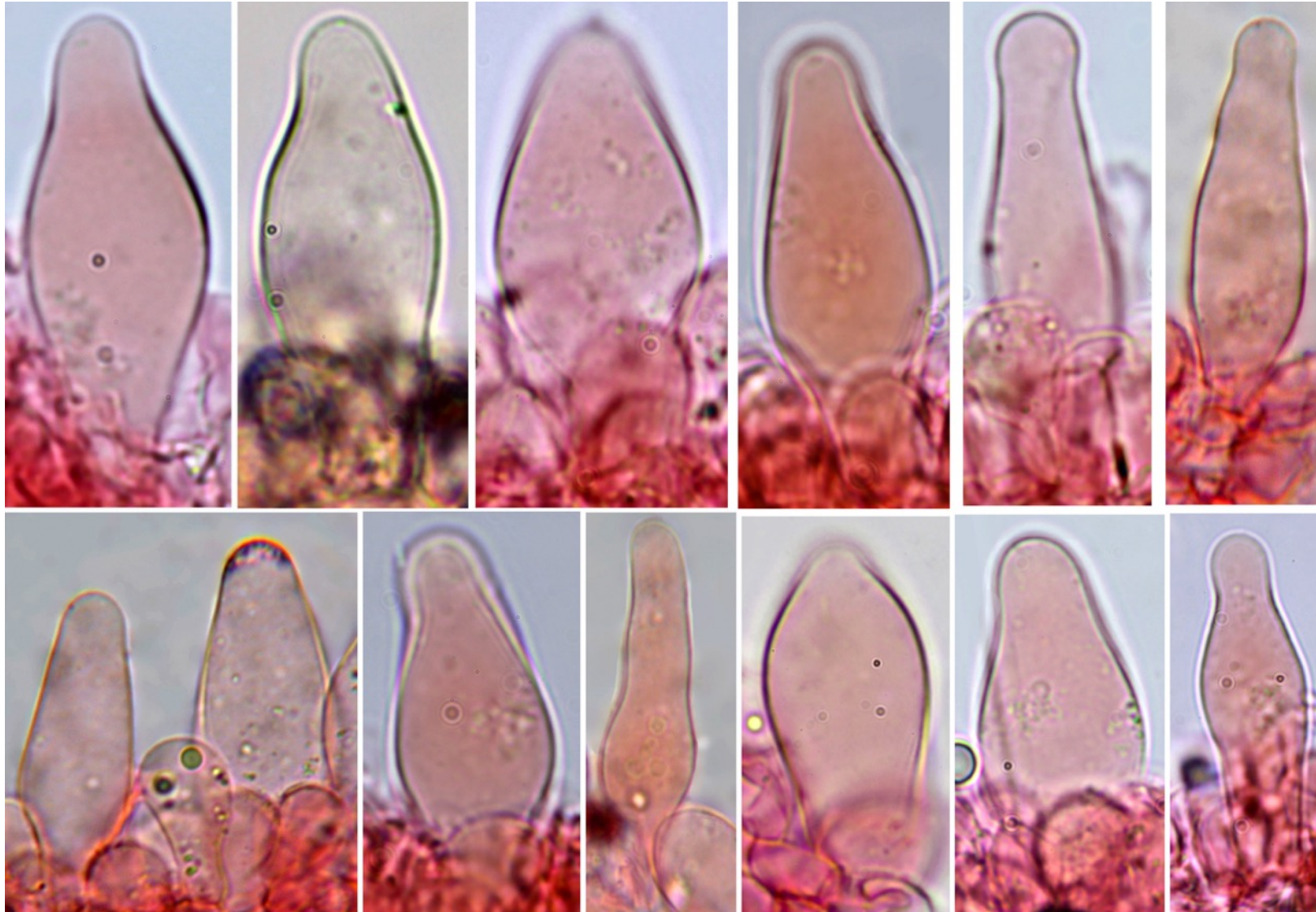


- = measured dimensions
- ♦ = arithmetic mean
- ♦ = median
- = 80% prediction interval ellipse
- = 90% prediction interval ellipse



Cheilocystides et cellules marginales (paracystides) à proximité de la marge du chapeau.

Cheilocystides dont la paroi est parfois modérément épaissie et pigmentée



Pleurocystides mesurant pour N=50

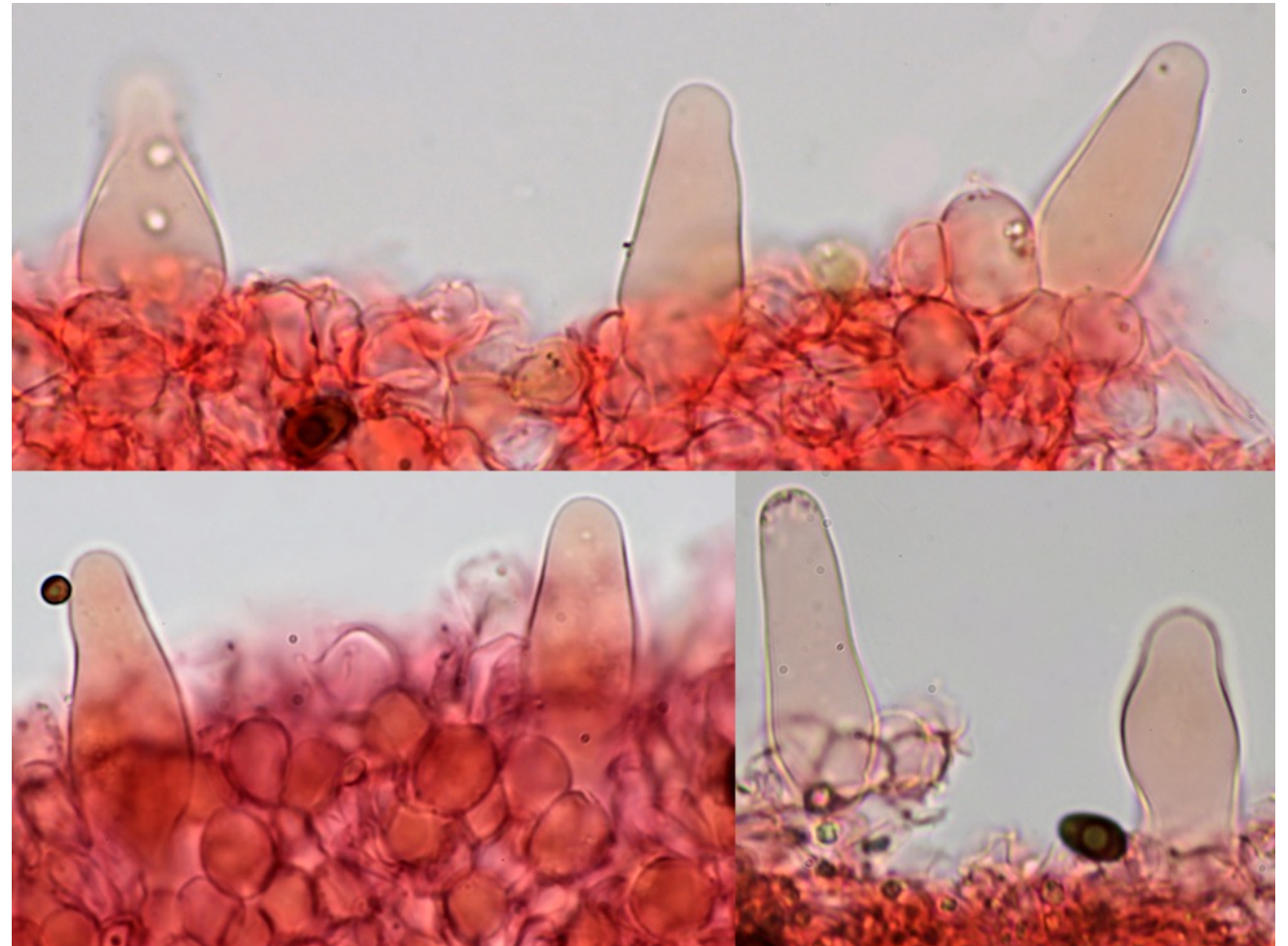
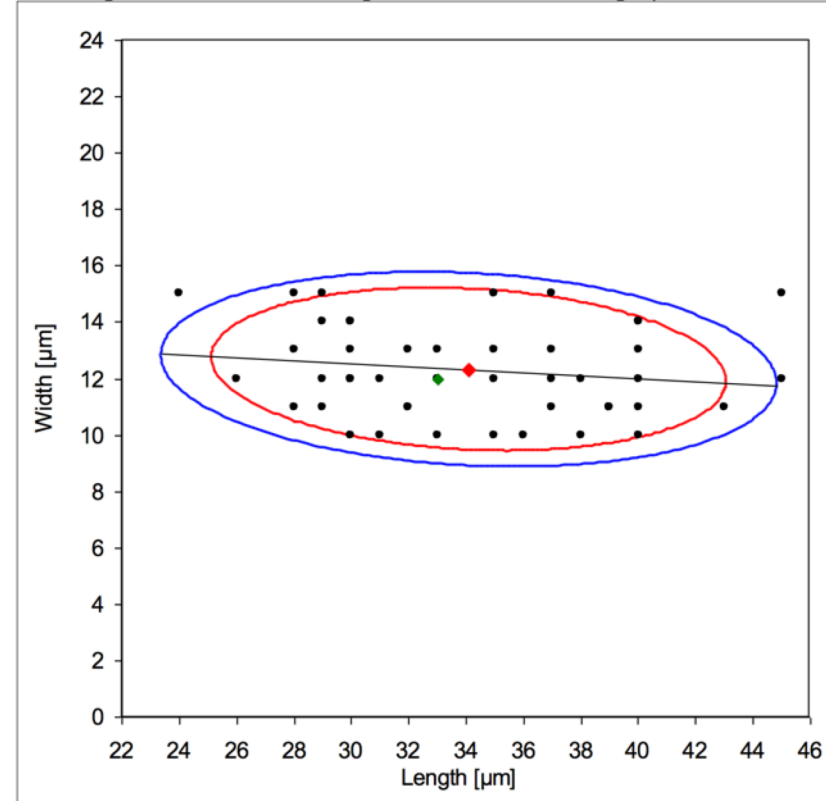
Arithmetic mean Me of L × W: **36.6 × 12.4 μm**;

Dimensions computed by quantile method with 80% confidence interval: L × W for 80% CI: **(27-)32.8-40(-47) × (10-)10.9-14(-16) μm**.

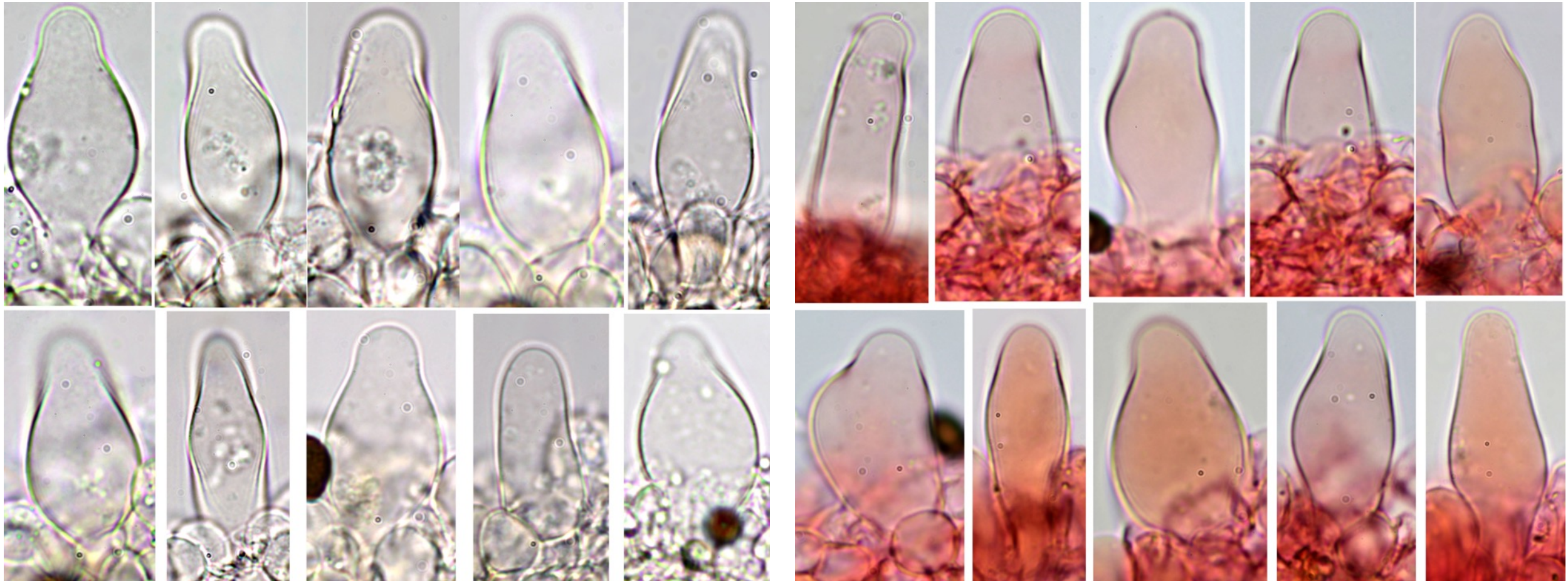
Essentiellement clavées et utriformes, parfois lagéniformes et subcapitées, nombreuses, hyalines, dont la paroi est souvent modérément épaissie et teintée, présentant parfois au sommet des granulations intracellulaires réfringentes ;

(*Örstadius* 32-48 x 10-18 μm).

Scatter plot with 80% & 90% prediction interval ellipse:



Pleurocystides dont la paroi est modérément épaisse et pigmentée



Caulocystides analogues aux pleurocystides et aux cheilocystides.

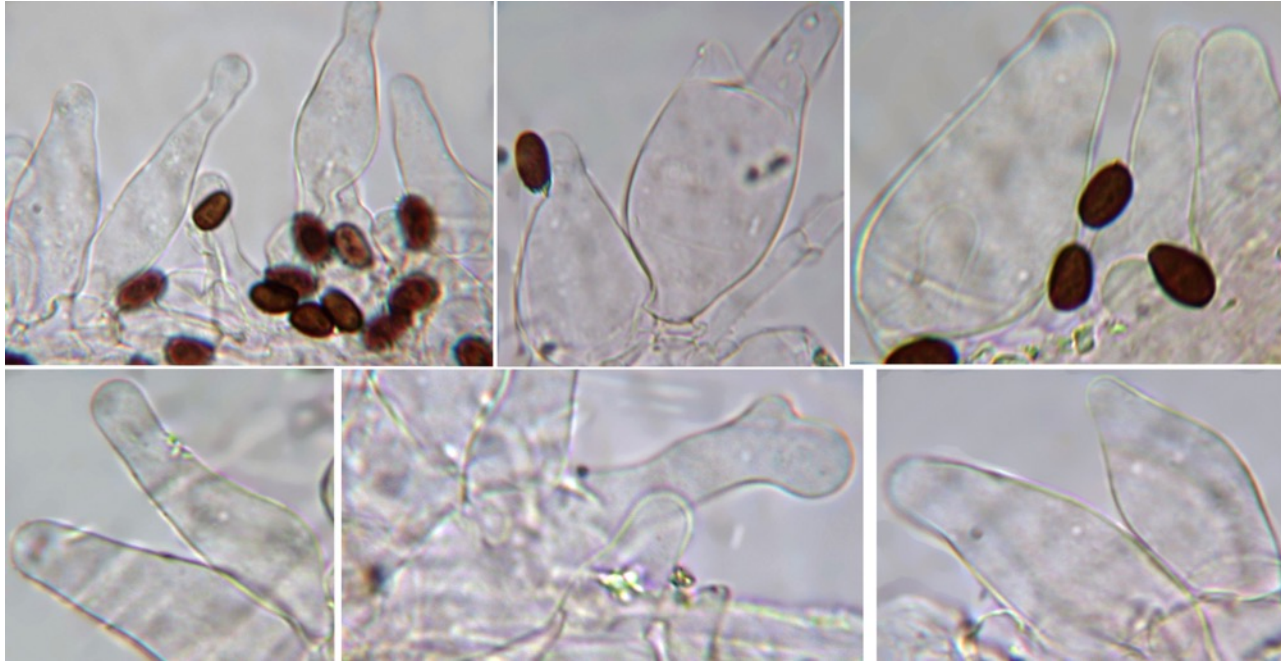
Pileipellis un hyménoderme, constitué de une à deux couches de cellules globuleuses et clavées, les hyphes de la trame pileïque sont nettement pigmentées.

Voile constitué d'hyphes cylindriques hyalines peu ramifiées, dont les extrémités sont peu ou pas dilatées.

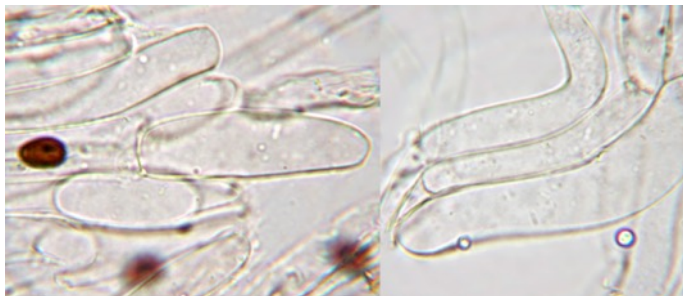
Méδιοstrate nettement pigmentée brun-beige.

Boucles présentes entre autre au niveau des hyphes du stipe.

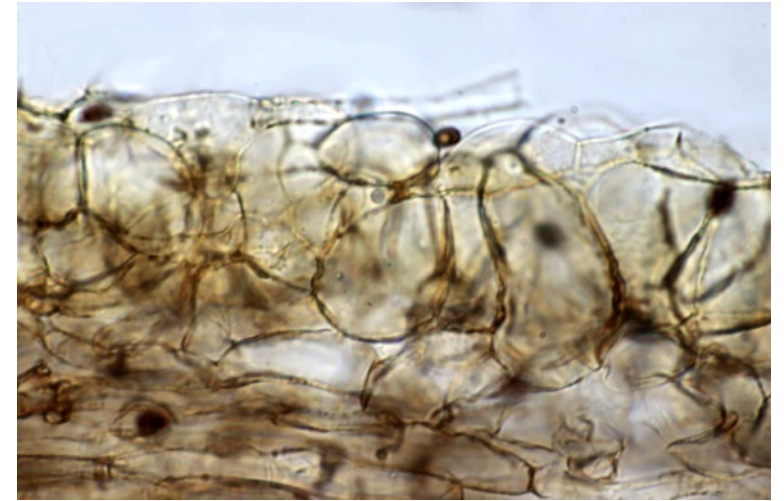
Caulocystides



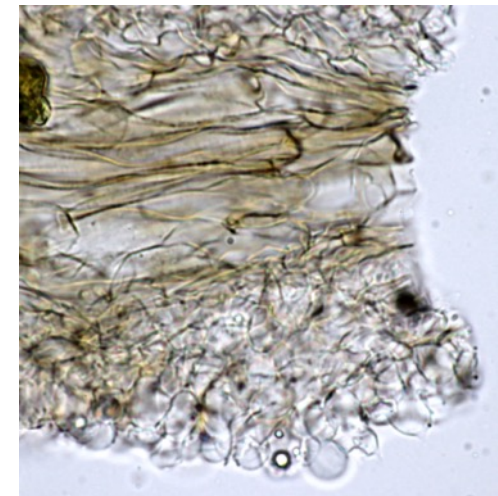
voile



Pileipellis dans H₂O



Méδιοstrate



***Psathyrella ichnuseae* 2018-970-ALV16503 PAT 1 =3D ok, 99% *Psathyrella ichnusae* (KC992911)**

PAT_1_ITS_*Psathyrella ichnusae*

GAGGAAGTAAAAGTCGTAACAAGGTTTCCGTAGGTGAACCTGCGGAAGGATCATTAAATGAATAACTATGGTATTGGTTGTAGCTGGCTTTTAGGAGCATGTGCACACCTGCCATTCTTATCTTT
CCACCTGTGCACTTAATGTAGGCCTGGATAACTCTCGCTTTTCGAGCGGATGCAAGGATTGCTGTGTCAAAGATCGGCTCTCTTTGAATTTCCAAGTCTATGTATCTTTACACACCCCAATTGTAT
AATGGAGAATGTAGTCAATGGGCTTTTCATGCCATAAAACAATAACAACCTTTTCAGCAACGGATCTCTTGGCTCTCGCATCGATGAAGAACGCAGCGAAATGCGATAAGTAATGTGAATTGCAG
AATTCAGTGAATCATCGAATCTTTGAACGCACCTTTCGCTCCTTGGTATTCCGAGGAGCATGCCTGTTTGAGTGTCAATTAATTCTCAACTTCATCAATTTTTTAAAAAATTGTGTGAAGCTTGG
ATATGGGGGCTTGCAGAACATCTTGTAGTGTACTGCTCTCCTTAAATGAATTAGCAAGTTCAAACCTGAGCTATATCTATTGGTGTGATAATTATCTACGCTATTGATTGAGCTTAGACTTGCTTCTA
ACCGTCTGAAAAGACAATTTTTTGACAATTGACCTCAAATCAGGTAGG

Genbank Acession number/Version: MK129251.1

>PAT_1_LSU_*Psathyrella ichnusae*

AGGATTCCCCTAGTAACTGCGAGTGAAGCGGGAAAAGCTCAAATTTAAAATCTGGTGGTCTTTGGCCATCCGAGTTGTAATCTAGAGAAGTGTTACCCGTGTCGGACCGTGTACAAGTCTCCT
GGAATGGAGCGTCATAGAGGGTGAGAATCCCGTCTTTGACACGGACTACCGAGACTTTGTGGTGTGCTCTCAAAGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCAAATGGGTGGTAAATTCCAT
CTAAAGCTAAATATTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACCGTGAGGGAAAGATGAAAAGAACTTTGGAAAGAGAGTTAAACAGTACGTGAAATTGCTGAAAGGGAAACGCTTGAAGT
CAGTCATGTTAGCTGGAAATCAGCCTTGCTTTTGCTGGGTGTATTTTCTAGTTGACAGGCCAGCATCAGTTTTGACCGGTGGAAAAAGTCTAGAGGAATGTGGCATCTTTGGATGTGTTATAGC
CTTTGGTCGTATACATCGATTGGGACTGAGGAACTCAGTACTTGTACTTAGGATGCTGGCATAATGGCTTTAATCGACCCGTCTTGAAACACGGACCAAGGAGTCTAACATGCCTGCGAGTGTT
TGGGTGAAAACCCGGACGCGTAATGAAAGTGAAAGTTAAGATCCCTGTGCATGGGGAGCATTGACGCCCGGACCAGAAGTTTTCTGACGGCCCTGCGGTAGAGCATGTATGTTGGGACCCG
AAAGATGGTGAACATGCCTGAATAGGGTGAAGCCAGAGGAACTCTGGTGGAGGCTCGTAGCGATTCTGACGTGCAAATCGATCGTCAAATTTGGGTATAGGGGCGAAAGACTAATCGAA
CCATCTAGTAGCTGGTTCCTGCC

Genbank Acession number/Version: MK129250.1

Sequencing and phylogenetic analysis

DNA Extraction, Amplification and Sequencing of the fungus was performed by Alvalab (Oviedo, Spain). The phylogenetic analysis was done by Dieter Wächter (Thiersheim, Germany). The genomic DNA was extracted from dried fruiting bodies. Amplification of the ITS region was performed with the ITS4 primer [1]. The initial base calling was done with FinchTV [2]. The nucleotide sequence was checked manually for errors, as well as the base calling at unsafe regions (trails, low confidence scores, stutters and polymorphs) on the basis of existing sequences of the */Hydrophilae*-clade by divergence matrix and corrected if necessary. In the present case only a trimming of the trails was necessary. The following molecular phylogenetic markers were used for the phylogenetic analysis: ITS1 (Internal Transcribed Spacer 1), 5.8S (5.8S rRNA Gene), ITS2 (Internal Transcribed Spacer 2), LSU (Large Subunit 28S rRNA Gen), β -tub (exons of the β -tubulin gene), ef-1 α (exons of the ef-1 α gene). The nucleotide sequences for the tree inference were taken from NCBI [3] and Unite [4] (essential ones of the */Hydrophilae*-clade see Table 1). Region boundaries for the ITS- and LSU-region were carried out with ITSx [5] and HMMER [6] including the databases. As outgroup, the sequence sets of the most closely related clades of the Ingroup were used, i.e. the */pygmaea* down to the */gordonii* clade. Due to the rapidly evolving, indel-rich areas of the ITS region, it can only be aligned veridical by using an iterative multigene-guide tree. The initial alignment of the ITS region was performed with Mafft [7] using the FFT-NS-2 method. The initial alignment of the LSU gene was carried out using E-INS-i method. The indel matrices for the ITS and LSU regions were each coded with SeqState [8] using the SIC = "Simple Indel coding" [9] method. After each alignment step, an ML analysis with RAxML [10] (model: GTRCAT, refining under GTR+G for DNA, GTR2+G with acquisition bias correction according to Lewis [11] for indel partitions) was carried out and the resulting best tree was used as a guide tree for the refinement of the ITS1 and ITS2 MSA. The iterative alignments were done with Prank [12], whereby the switches -once and -uselogs were set. Tracing values were recorded, evaluated statistically and thus the end of the iteration loop of the alignment was determined. The partitioning of all alignments and the indel matrices as well as the model selection for the DNA alignments was done with Partitionfinder [13]. For the final partitioning, the guide tree of the last iteration step was used. As information criterion the Bayesian Information Criterion (BIC) [14] used was after comparison with the Corrected Akaike Information Criterion (AICc) [15] and evaluation with respect to over- or under-partitioning. The partitioning scheme of the final phylogeny was:

- DNA-partition 1: ITS1 + ITS2
- DNA-partition 2: LSU
- DNA-partition 3: 5.8S + β -tub-Codon 1 + β -tub-Codon 2
- DNA-partition 4: β -tub-Codon 3 + ef-1 α -Codon 3
- DNA-partition 5: ef-1 α -Codon 1
- DNA-partition 6: ef-1 α -Codon 2
- Binary partition (gap matrices): ITS1 + ITS2 + LSU

The final maximum likelihood analysis was done with RAxML 8.2.10 [10]. For all DNA partitions, the GTR substitution matrix [16] under the CAT model [10] was used. The final optimization took place under gamma distribution [10]. For the binary partitions, the "Two State Time-Reversible Model" with acquisition bias correction [11] was used. 1000 ML bootstrap inferences were calculated. Of these, 1000 trees were sampled and the best tree was labeled with the ML bootstrap support values and collapsed to the ML bootstrap value of 50%. The phylogram in Fig 1 was edited with Treegraph [17]. The upper *Psathyrella* clades (*/noli-tangere* to */fibrillosa*) has been collapsed for a better representation.

Genbank Acession number/Version:

2018-970-ALV16503 PAT 1 – ITS : MK129251.1

2018-970-ALV16503 PAT 1 – LSU : MK129250.1

Arbre phylogénétique réalisé par Dieter Wächter montrant la correspondance à 100% de notre récolte avec la récolte de l'holotype de M. Contu, et sa position dans le clade *Ichnusae*, premier clade de la section *Pennatae*.

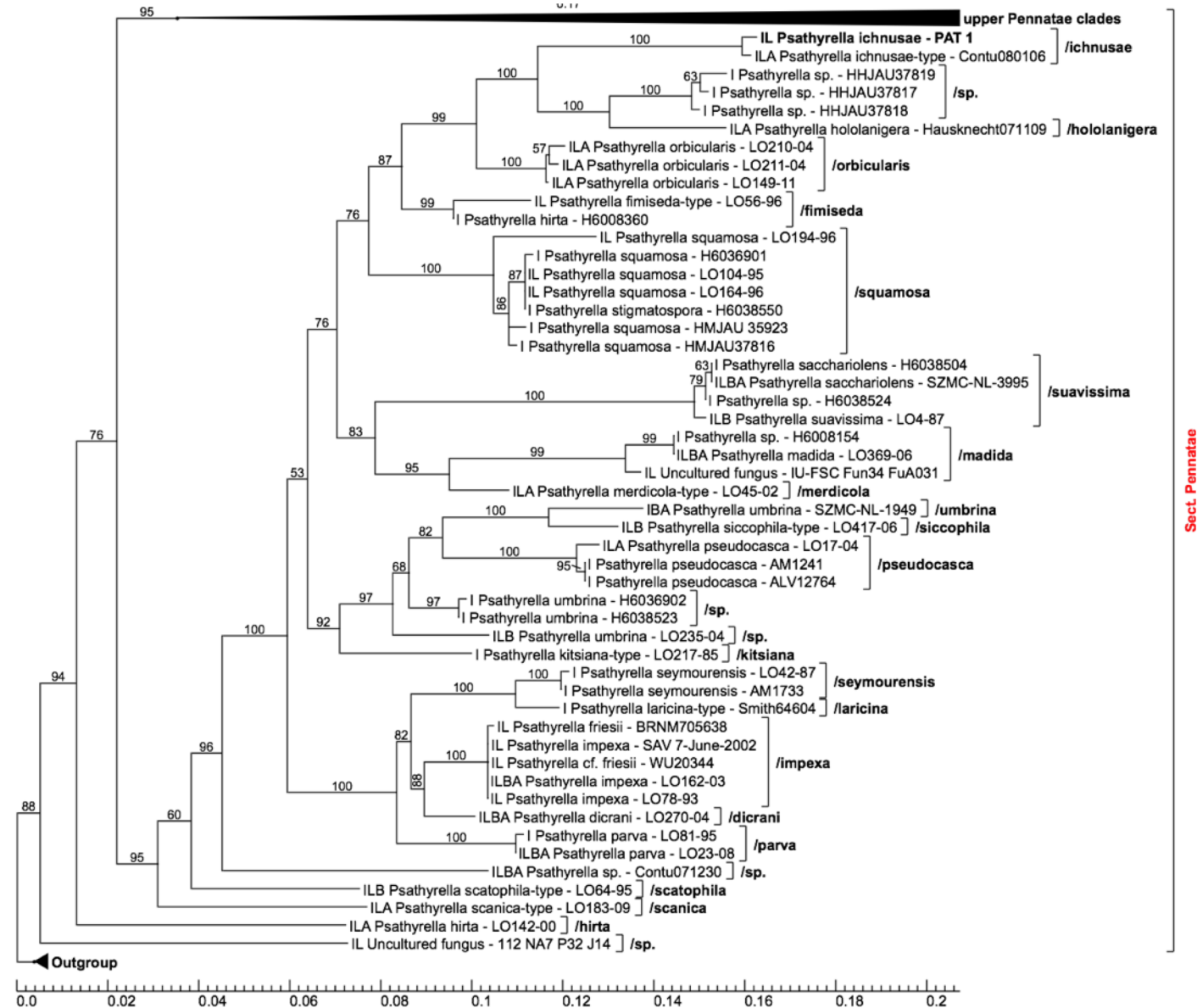


Fig 1 50% collapsed maximum likelihood consensus phylogram. The values on the branches are ML bootstrap values. Abbreviations: I: ITS region, L: LSU region, B: β -tubulin region, A: ef-1 α region. The green number is the longest path length of the triangle collapsed clade.

Table 1 List of relevant sequences used in this publication

Species	Voucher	ITS	LSU	β -Tub	ef-1a
<i>Psathyrella cf. friesii</i>	WU20344	AM712257.1	AM712257.1		
<i>Psathyrella dicrani</i>	LO270-04	DQ389698.1	DQ389698.1	KJ664885.1	KJ732797.1
<i>Psathyrella fimiseda</i>	LO56-96	DQ389690.1	DQ389690.1		
<i>Psathyrella friesii</i>	BRNM705638	AM712253.1	AM712253.1		
<i>Psathyrella hirta</i>	H6008360	UDB021153			
<i>Psathyrella hirta</i>	LO142-00	DQ389702.1	DQ389702.1		KJ732800.1
<i>Psathyrella hololanigera</i>	Hausknecht071109	KC992908.1	KC992908.1		KJ732794.1
<i>Psathyrella ichnusae</i>	Contu080106	KC992911.1	KC992911.1		KJ732795.1
<i>Psathyrella impexa</i>	DD6467	MK139963.1			
<i>Psathyrella impexa</i>	LO162-03	KC992901.1	KC992901.1	KJ664878.1	KJ732789.1
<i>Psathyrella impexa</i>	LO78-93	KC992900.1	KC992900.1		
<i>Psathyrella impexa</i>	SAV 7-June-2002	AM712256.1	AM712256.1		
<i>Psathyrella kitsiana</i>	LO217-85	DQ389689.1			
<i>Psathyrella laricina</i>	Smith64604	KC992914.1			
<i>Psathyrella madida</i>	LO369-06	KC992933.1	KC992933.1	KJ664907.1	KJ732819.1
<i>Psathyrella merdicola</i>	LO45-02	DQ389688.1	DQ389688.1		KJ732798.1
<i>Psathyrella orbicularis</i>	LO210-04	KC992898.1	KC992898.1		KJ732787.1
<i>Psathyrella orbicularis</i>	LO211-04	DQ389692.1	DQ389692.1		KJ732788.1
<i>Psathyrella orbicularis</i>	LO149-11	KC992897.1	KC992897.1		KJ732786.1
<i>Psathyrella parva</i>	LO81-95	KC992913.1			
<i>Psathyrella parva</i>	LO23-08	KC992912.1	KC992912.1	KJ664884.1	KJ732796.1
<i>Psathyrella pseudocasca</i>	LO17-04	DQ389691.1	DQ389691.1		KJ732799.1
<i>Psathyrella pseudocasca</i>	AM1241	MK045332.1			
<i>Psathyrella pseudocasca</i>	ALV12764	MG050094.1			
<i>Psathyrella sacchariolenis</i>	H6038504	UDB021184			
<i>Psathyrella sacchariolenis</i>	SZMC-NL-3995	FN396133.1	FN396182.1	FN396331.1	FN396233.1
<i>Psathyrella scanica</i>	LO183-09	KC992910.1	KC992910.1		KJ732793.1
<i>Psathyrella scatophila</i>	LO64-95	DQ389703.1	DQ389703.1	KJ664896.1	
<i>Psathyrella seymourensis</i>	LO42-87	KC992915.1			
<i>Psathyrella seymourensis</i>	AM1733	MK045661.1			
<i>Psathyrella siccophila</i>	LO417-06	KC992916.1	KC992916.1	KJ664887.1	
<i>Psathyrella sp.</i>	HHJAU37819	MG367201.1			
<i>Psathyrella sp.</i>	HHJAU37817	MG367199.1			
<i>Psathyrella sp.</i>	HHJAU37818	MG367200.1			
<i>Psathyrella sp.</i>	H6038524	UDB021204			
<i>Psathyrella sp.</i>	H6008154	UDB021142			
<i>Psathyrella sp.</i>	Contu071230	KC992909.1	KC992909.1	KJ664883.1	KJ732792.1
<i>Psathyrella squamosa</i>	LO194-96	KC992940.1	KC992940.1		
<i>Psathyrella squamosa</i>	H6036901	UDB021164			
<i>Psathyrella squamosa</i>	LO164-96	KC992939.1	KC992939.1		
<i>Psathyrella squamosa</i>	LO104-95	DQ389687.1	DQ389687.1		
<i>Psathyrella squamosa</i>	HMJAU 35923	MG734729.1			
<i>Psathyrella squamosa</i>	HMJAU37816	MG367206.1			
<i>Psathyrella stigmatospora</i>	H6038550	UDB021227			
<i>Psathyrella suavissima</i>	LO4-87	KC992899.1	KC992899.1	KJ664877.1	
<i>Psathyrella umbrina</i>	SZMC-NL-1949	FM878004.1		FN396326.1	FM897226.1
<i>Psathyrella umbrina</i>	H6036902	UDB021165			
<i>Psathyrella umbrina</i>	H6038523	UDB021203			
<i>Psathyrella umbrina</i>	LO235-04	DQ389697.1	DQ389697.1	KJ664886.1	
Uncultured fungus	IU-FSC Fun34 FuA031	AB520431.1	AB520431.1		
Uncultured fungus	112 NA7 P32 J14	KF297196.1	KF297196.1		

References

- White TJ, Bruns T, Lee L, Taylor JW (1990) Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In: InnisMA, GelfandDH, Sininski JJ,White TJ (eds) PCR protocols, a guide to methods and applications. Academic Press, New York, pp 315–322
- Rehner SA, Samuels GJ (1994) Taxonomy and phylogeny of *Gliocladium* analysed from nuclear large subunit ribosomal DNA sequences. *Mycological Research* 98: 625-634
- FinchTV 1.4.0**: Geospiza, Inc.; Seattle, WA, USA; <http://www.geospiza.com>
- NCBI**: National Center for Biotechnology Information, U.S. National Library of Medicine 8600 Rockville Pike, Bethesda MD, 20894 USA - <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>
- Unite**: Kõljalg U, Nilsson RH, Abarenkov K, Tedersoo L, Taylor AFS, Bahram M, Bates ST, Bruns TD, Bengtsson-Palme J, Callaghan TM, Douglas B, Drenkhan T, Eberhardt U, Dueñas M, Grebenc T, Griffith GW, Hartmann M, Kirk PM, Kohout P, Larsson E, Lindahl BD, Lücking R, Martín MP, Matheny PB, Nguyen NH, Niskanen T, Oja J, Peay KG, Peintner U, Peterson M, Põldmaa K, Saag L, Saar I, Schüßler A, Scott JA, Senés C, Smith ME, Suija A, Taylor DL, Tellería MT, Weiß M, Larsson K-H. 2013. Towards a unified paradigm for sequence-based identification of Fungi. *Molecular Ecology*, DOI: 10.1111/mec.12481
- ITSx 1.1b**: JOHAN BENGTTSSON-PALME 2012-2017; Improved software detection and extraction of ITS1 and ITS2 from ribosomal ITS sequences of fungi and other eukaryotes for use in environmental sequencing. JOHAN BENGTTSSON-PALME, VILMAR VELDRE, MARTIN RYBERG, MARTIN HARTMANN, SARA BRANCO, ZHENG WANG, ANNA GODHE, YANN BERTRAND, PIERRE DE WIT, MARISOL SANCHEZ, INGO EBERSBERGER, KEMAL SANLI, FILIPE DE SOUZA, ERIK KRISTIANSOON, KESSY ABARENKOV, K. MARTIN ERIKSSON, R. HENRIK NILSSON: *Methods in Ecology and Evolution*, 4: 914-919, 2013 - (DOI: 10.1111/2041-210X.12073)
- HMIMER 3.1b2** (February 2015): <http://hmmer.org/> - Copyright (C) 2015 Howard Hughes Medical Institute. Freely distributed under the GNU General Public License (GPLv3)
- Mafft 7.372** (used over mafft.cbrc.jp)
- NAKAMURA, YAMADA, TOMII, KATO 2018 (*Bioinformatics* 34:2490–2492) - Parallelization of MAFFT for large-scale multiple sequence alignments.
 - KATO, ROZEWICKI, YAMADA 2017 (Briefings in *Bioinformatics*, in press) - MAFFT online service: multiple sequence alignment, interactive sequence choice and visualization.
 - YAMADA, TOMII, KATO 2016 (*Bioinformatics* 32:3246-3251) additional information - Application of the MAFFT sequence alignment program to large data-reexamination of the usefulness of chained guide trees.
 - KATO, STANDLEY 2016 (*Bioinformatics* 32:1933-1942) - A simple method to control over-alignment in the MAFFT multiple sequence alignment program.
 - KATO, STANDLEY 2013 (*Molecular Biology and Evolution* 30:772-780) - MAFFT multiple sequence alignment software version 7: improvements in performance and usability.
 - KURAKU, ZMASEK, NISHIMURA, KATO 2013 (*Nucleic Acids Research* 41:W22-W28) - aLeaves facilitates on-demand exploration of metazoan gene family trees on MAFFT sequence alignment server with enhanced interactivity.
 - KATO, FRITH 2012 (*Bioinformatics* 28:3144-3146) - Adding unaligned sequences into an existing alignment using MAFFT and LAST.
 - KATO, TOH 2010 (*Bioinformatics* 26:1899-1900) - Parallelization of the MAFFT multiple sequence alignment program.
 - KATO, ASIMENOS, TOH 2009 (*Methods in Molecular Biology* 537:39-64) - Multiple Alignment of DNA Sequences with MAFFT. In *Bioinformatics for DNA Sequence Analysis* edited by D. Posada
 - KATO, TOH 2008 (*BMC Bioinformatics* 9:212) - Improved accuracy of multiple ncRNA alignment by incorporating structural information into a MAFFT-based framework.
 - KATO, TOH 2008 (Briefings in *Bioinformatics* 9:286-298) - Recent developments in the MAFFT multiple sequence alignment program.
 - KATO, TOH 2007 (*Bioinformatics* 23:372-374) Errata - PartTree: an algorithm to build an approximate tree from a large number of unaligned sequences.
 - KATO, KUMA, TOH, MIYATA 2005 (*Nucleic Acids Res.* 33:511-518) - MAFFT version 5: improvement in accuracy of multiple sequence alignment.
 - KATO, MISAWA, KUMA, MIYATA 2002 (*Nucleic Acids Res.* 30:3059-3066) - MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform.
- SeqState 1.4.1**: MÜLLER, K (2005), SeqState - primer design and sequence statistics for phylogenetic DNA data sets. *Applied Bioinformatics*, 4, 65-69
- SI (Simple Indel Coding)**: SIMMONS MP AND OCHOTERENA H (2000): Gaps as characters in sequence-based phylogenetic analyses. *Syst Biol* 49: 369–381
- RAxML Version 8.2.10**: A. STAMATAKIS: "RAxML Version 8: A tool for Phylogenetic Analysis and Post-Analysis of Large Phylogenies". In *Bioinformatics*, 2014, open access link: <http://bioinformatics.oxfordjournals.org/content/early/2014/01/21/bioinformatics.btu033.abstract?keytype=ref&ijkey=VTEqUJYCDcf0kP>
- Two parameter model & Acquisition Bias Correction**: PAUL O. LEWIS: A Likelihood Approach to Estimating Phylogeny from Discrete Morphological Character Data - *Systematic Biology*, Volume 50, Issue 6, 1 November 2001, Pages 913–925
- Prank 140603**:
- LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N: AN ALGORITHM FOR PROGRESSIVE MULTIPLE ALIGNMENT OF SEQUENCES WITH INSERTIONS. *PROC NATL ACAD SCI USA* 2005, 102: 10557–10562. 10.1073/pnas.0409137102
 - LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N: A MODEL OF EVOLUTION AND STRUCTURE FOR MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENT. *PHILOS TRANS R SOC LOND B BIOL SCI* 2008, 363: 3913–3919. 10.1098/rstb.2008.0170
 - PHYLOGENY-AWARE ALIGNMENT WITH PRANK (ARI LÖYTYNOJA), [METHODS MOL BIOL.](#) 2014;1079:155-70
- Prank - F Option**: LÖYTYNOJA A, GOLDMAN N: Phylogeny-aware gap placement prevents errors in sequence alignment and evolutionary analysis. *Science* 2008, 320: 1632–1635. 10.1126/science.1158395
- Partitionfinder 2.1.1**:
- LANFEAR, R., FRANSEN, P. B., WRIGHT, A. M., SENFELD, T., CALCOTT, B. (2016) PartitionFinder 2: new methods for selecting partitioned models of evolution formolecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular biology and evolution*. DOI: [dx.doi.org/10.1093/molbev/msw260](https://doi.org/10.1093/molbev/msw260)
 - greedy algorithm used with Partitionfinder: LANFEAR, R., CALCOTT, B., HO, S. Y., & GUINDON, S. (2012). PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular biology and evolution*, 29(6), 1695-1701
 - **Bayesian Information Criterion (BIC)**: SCHWARZ, G. (1978). Estimating the dimension of a model. *The Annals of Statistics*, 6, 461–464
- Corrected Akaike Informationskriterium (AICc)**:
- AKAIKE, H. (1974). A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control*, 19, 716–723
 - HURVICH, C. AND TSAI, C. (1989). Regression and time series model selection in small samples. *Biometrika*, 76, 297–307
 - SUGIURA, N. (1978). Further analysis of the data by akaike’s information criterion and the finite corrections. *Communications in StatisticsTheory and Methods*, A7,13–26
 - MARK J. BREWER, ADAM BUTLER, SUSAN L. COOKSLEY 2016- The relative performance of AIC, AICC and BIC in the presence of unobserved heterogeneity
 - BROWN, J.M., LEMMON, A.R. 2007 - The importance of data partitioning and the utility of Bayes factors in Bayesian phylogenetics. *Syst. Biol.* 56, 643–655
- GTR-Model**: TAVARÉ S. Some probabilistic and statistical problems in the analysis of DNA sequences, *Lectures on mathematics in the life sciences*, vol. Volume 17 Providence (RI) American Mathematical Society
- Treegraph 2.14.0-771 beta**: STÖVER B C, MÜLLER K F: TreeGraph 2: Combining and visualizing evidence from different phylogenetic analyses. *BMC Bioinformatics* 2010, 11:7 - DOI: 10.1186/1471-2105-11-7

Discussion

A notre connaissance, il n'existe qu'une seule récolte décrite de cette espèce, à savoir celle réalisée en 2008 par M. Contu en Sardaigne, dans la province d'Olbia-Tempio (Golfo di Marinella) (*op cit.*)

L'holotype ayant été récolté dans une prairie côtière sur sol brûlé, cette espèce était considérée comme étant liée à cet habitat particulier. A la lumière de notre récolte réalisée dans une prairie partiellement sablonneuse pâturée par des chevaux, il semble bien que son habitat soit plus large, ce qui reste toutefois à préciser lorsque davantage de récoltes auront été recensées. Cette espèce semble néanmoins affectionner les sols plutôt sablonneux tout comme *Psathyrella arenosa* qui lui est macroscopiquement fort proche.

Psathyrella ichnusae et *P. arenosa* sont deux petites espèces qui ne peuvent être différenciées macroscopiquement que sur base de caractères peu évidents, parfois subjectifs, et dépendant des conditions climatiques.

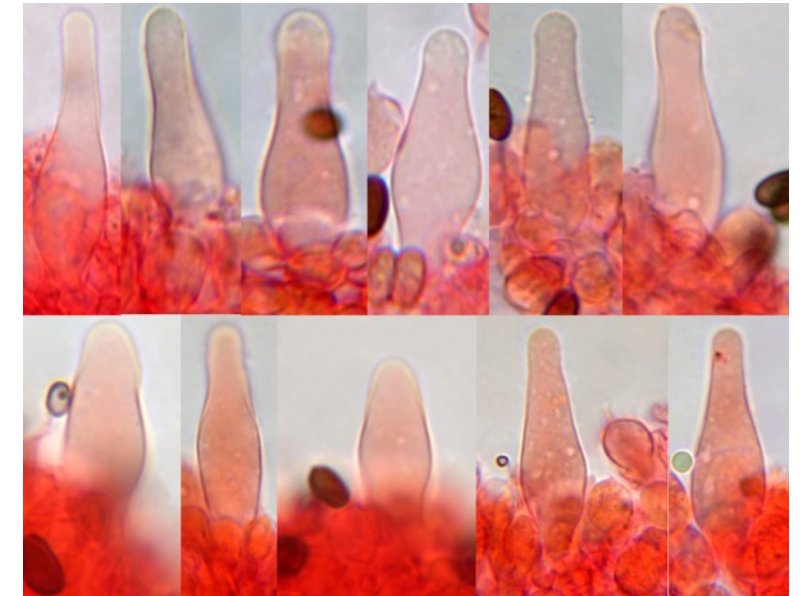
Retenons toutefois, sur base des descriptions d'Örstadius (*op.cit*), que *Psathyrella ichnusae* a le chapeau moins coloré, plus ocre brun que rouge-brun et contrairement à *Psathyrella arenosa*, n'a pas de propension à devenir plan-convexe au cours de la croissance. Le caractère le plus distinctif semble bien être l'abondance du voile de *Psathyrella ichnusae* formant un filet arachnéen blanchâtre persistant au niveau de la marge, alors que le voile de *Psathyrella arenosa* est peu développé et très volatile.

Sur le plan **microscopique**, Örstadius note que ces deux espèces présentent certaines caractéristiques qui permettent cependant de les différencier. En particulier, cet auteur indique que les cystides de *P. arenosa* sont nettement plus étroites, plus lagéniformes et que leur paroi n'est pas épaissie. Ceci est cependant à relativiser à la lumière d'une récolte séquencée de *Psathyrella arenosa* réalisée par M. Broussal (*op.cit*), car dans cette récolte, les pleuros et les cheilocystides sont utrifformes et clavées, et non pas lagéniformes, et présentent également une paroi modérément épaissie et teintée.

A titre de comparaison, nous présentons ci-après sous certaines réserves, une récolte de *Psathyrella* cf. *arenosa* réalisée par P. Tanchaud, présentant tous les caractères de cette espèce, mais dont l'identification formelle n'a pu être confirmée par le séquençage ADN, qui a échoué faute de matériel suffisant.



Pleurocystides de cette récolte de *P.* cf. *arenosa*.



Psathyrella cf. *arenosa* - Patrice Tanchaud - Charente maritime (France)

	Spores		Cheilocystides		Cheilocystides2		Pleurocystides		Pleurocystides2	
1	7,5	5	20	15	35	15	30	15	27	13
2	7,5	5	28	11	32	13	31	11	29	14
3	7,5	5	29	11	29	14	33	10	29	11
4	8	5	30	12	33	12	33	14	33	11
5	8	5	30	12	31	10	34	13	34	14
6	8	5	30	14	30	14	34	14	34	12
7	8	4,5	30	12	30	13	34	13	34	15
8	8	5	30	10	38	12	35	10	35	12
9	8	5,2	30	14	26	12	35	12	35	13
10	8	5	31	12	29	15	35	12	36	14
11	8	5	32	11	29	12	35	11	37	11
12	8	5	32	11	37	12	35	10	37	13
13	8	5	33	12	35	13	36	15	38	14
14	8	5	33	10	40	13	36	11	38	12
15	8	5	35	12	37	15	37	13	38	12
16	8	5	35	10	28	13	37	11	38	14
17	8	5,5	35	15	28	15	38	12	38	12
18	8	5	36	10	39	11	38	10	40	14
19	8	4	37	13	33	13	38	9	40	11
20	8	5,2	37	11	40	14	40	12	40	14
21	8	5	38	10			40	11		
22	8,2	5	39	11			40	13		
23	8,3	4,5	39	11			40	12		
24	8,5	5,2	40	10			40	12		
25	8,5	5	40	11			40	12		
26	8,5	5	40	12			40	13		
27	8,7	5	40	14			42	11		
28	9	5	43	21			42	13		
29	9	5	45	12			44	16		
30	9	5	45	15			47	14		

Remerciements

à Micheline Broussal, qui nous a confié un exsiccatum de sa récolte de *Psathyrella arenosa* ;
à Pablo Alvarado Garcia, pour le séquençage de l'ADN ribosomal (fractions ITS & LSU) ;
à Dieter Wächter, pour l'analyse des séquences de l'ADN et la réalisation de l'arbre phylogénétique ;
à Marcel Lecomte, pour la relecture sur le plan de la forme de cet article.

Bibliographie

Micheline Broussal, (2016) - *Quelques champignons rares récoltés près du col du mont Cenis (Savoie)*. Bull. mycol. bot. Dauphiné-Savoie, n° 221, pp. 53-62.

Leif Örstadius, Martin Ryberg, Ellen Larsson, Mycol. Progress (2015) - *Molecular phylogenetics and taxonomy in Psathyrellaceae (Agaricales) with focus on psathyrelloid species: introduction of three new genera and 18 new species*. 14 :25 ; pp. 29-42.

Adresses des auteurs

Deschuyteneer Daniel, spreeuwenhoek 12 1820 Perk - Belgique

danieldeschuyteneer@gmail.com

Tanchaud Patrice, 2 rue des Espics 17250 Soullignonne - France

patrice.tanchaud@gmail.com