

Inventaire des champignons de Saül : bilan et perspectives à partir des observations sur les sentiers

Mélanie Roy^{1,2}

¹Laboratoire Evolution et Diversité Biologique - Université Paul Sabatier - UMR CNRS, IRD, UPS - 118 route de Narbonne, 31062 Toulouse

²Instituto Franco-Argentino para el Estudio del Clima y sus Impactos (UMI IFAECI/CNRS-CONICET-UBA-IRD) Dpto. de Ciencias de la Atmósfera y los Océanos, FCEN, Universidad de Buenos Aires. Intendente Guiraldes 2160 - Ciudad Universitaria. Pabellón II - 2do. Piso. (C1428EGA) Ciudad Autónoma de Buenos Aires - Argentina

Résumé

L'Atlas de la biodiversité communale de Saül a impliqué habitants, agents du Parc amazonien, et mycologues experts et universitaires de 2018 à 2021, avec comme objectif de dresser un inventaire des champignons les plus communs, observés sur les sentiers, et dégager des perspectives de gestion en relation avec les habitats de Saül. En 3 années de projet, les observations participatives ont permis de rassembler 246 observations, les collectes par les mycologues de passage en ont ajouté 1630. Ces observations ont permis d'observer au moins 490 espèces de champignons, dont 183 espèces (soit 37%) sont encore à décrire ou à confirmer en les comparant à des spécimens déjà récoltés. Ce travail de vérification a été entrepris pour les Ascomycètes et a déjà révélé 123 espèces nouvelles pour la science, provenant de l'ABC. Notre inventaire dans le cadre de l'ABC confirme que la fonge de Saül est typique des grandes forêts d'Amazonie, dominées par des champignons associés aux bois morts et à la litière. La présence d'espèces nouvelles pour la science parmi les espèces les plus microscopiques invite à préserver la biodiversité des champignons, sans doute à une échelle très locale, notamment sur les bois morts et dans différents habitats forestiers.

Mots clés

Mycologie, diversité, taxonomie, écologie, conservation

Introduction

Historique des inventaires en Guyane et connaissances de la fonge guyanaise

L'étude des champignons en Guyane commence sans doute avec le savoir des populations locales. La littérature sur ce point est sommaire, et seuls quelques noms sont mentionnés, tandis que les noms et les usages sont un peu plus nombreux au Brésil et au Venezuela (cf chapitre sur les usages, par Brisse et Roy dans ce cahier). La publication d'inventaires et la description d'espèces est néanmoins ancienne en Guyane, puisque dès 1840, J.P.F.C. Montagne mentionne des champignons en Guyane (Montagne, 1840, 1850). La liste la plus complète, de 1850 mentionne 255 espèces, dont la fameuse chanterelle de Guyane (*Cantharellus guyanensis*). Par la suite, une liste (« checklist ») fût publiée en 1996, incluant cette fois 635 espèces (Courtecuisse *et al.*, 1996),

issues des récoltes menées par R. Courtecuisse lors de son séjour en Guyane.

Les listes ne sont certes pas la seule façon de mentionner des espèces, et de nombreuses espèces ont ainsi été ajoutées au fil du temps (Decock *et al.*, 2013; Amalfi & Decock, 2014; Henkel *et al.*, 2014; Decock, 2016; Crous *et al.*, 2017; Gruhn *et al.*, 2018b,a) et notamment en quantité pour les ascomycètes (Fournier & Lechat, 2015, 2016; Lechat *et al.*, 2019). Au final, la liste la plus à jour provient du référentiel taxonomique, mis à jour par l'Inventaire National du Patrimoine Naturel (INPN), et disponible sous sa version « Taxref » (<https://inpn.mnhn.fr/telechargement/referentielEsp/ccc/taxref/14.0/menu#>; (Gargominy *et al.*, 2020)). La version la plus récente de TaxRef (v14) mentionne ainsi 4146 espèces pour la Guyane. Cette liste est cependant encore en cours de révision, et surestime le nombre d'espèces décrites, car par exemple une espèce peut y être décrite sous deux

noms différents si la révision du référentiel n'a pas eu lieu. Le consortium ADONIS soutenu par la Société Mycologique de France a pour objectif actuellement de réviser le référentiel taxonomique pour les Antilles, et la révision du référentiel des espèces de Guyane ne saurait tarder.

Le défi des inventaires fongiques en Guyane

Si les listes et référentiels taxonomiques synthétisent les découvertes, les inventaires par des experts restent la matière première, et le moteur de nombreuses descriptions. En effet, l'un des traits caractéristiques des inventaires, menés tant par des experts mycologues que des écologues en Guyane, fût de révéler, à chaque nouvelle mission, de nouvelles espèces pour la science, et potentiellement pour le référentiel taxonomique de Guyane. Ainsi, la synthèse de Jaouen et al. (Jaouen *et al.*, 2019) souligne l'abondance des spécimens uniquement reconnus au genre, et encore en cours de détermination. Par ailleurs, l'analyse des champignons ectomycorhiziens associés au sable blanc (Roy *et al.*, 2016), en Guyane et au Brésil, souligne la faible fréquence des carpophores récoltés pour une espèce donnée (2,5 carpophores par espèce en général) et la quantité de spécimens non-identifiés, y compris dans les collections de mycologues experts tel que R. Singer (collection de Manaus). Il est cependant à noter, que tant que ces espèces ne sont pas décrites, leur présence n'est pas citée dans le référentiel taxonomique.

La quantité d'espèces inconnues impressionne toujours en Guyane, et résulte sans doute d'une connaissance récente, d'une diversité foisonnante sous les tropiques, mais aussi du contexte humain et professionnel – la mycologie étant aujourd'hui rarement enseignée et transmise, même à l'université. Les taxonomistes sont plus souvent des experts, formés à titre personnel par d'autres experts et à force d'observation, que des chercheurs ou enseignants-chercheurs en charge de cette discipline. La situation est particulièrement déséquilibrée en France, où les mycologues experts « amateurs » sont beaucoup plus nombreux que les conservateurs des collections fongiques au muséum d'histoire naturelle.

Face à cette pénurie d'experts, les écologues intéressés par les fonctions, la diversité des champignons s'appuient de plus en plus sur le séquençage de l'ADN des champignons, comme méthode d'identification (Truong *et al.*, 2017). Cette approche se base sur le séquençage d'un marqueur dit universel pour les champignons, qu'est l'espaceur intergénique de l'ADN ribosomal nucléaire (ITS, (Gardes & Bruns, 1993)). Le séquençage de ce marqueur, et surtout sa comparaison aux séquences de spécimens déjà séquencés (par BLAST, (Altschul *et al.*, 1990)) et disponible sur des bases de données publiques comme GENBANK ou UNITE (Kõljalg *et al.*,

2005), peut permettre d'orienter ainsi l'identification. Cependant de nombreuses limitations persistent, notamment en Guyane où les données de séquences publiques sont parfois lacunaires, et où les divergences sont parfois profondes avec des séquences déjà connues (cf Rapport Corriol et Roy).

Ces deux approches sont maintenant conjointement menées, à la fois pour affiner les identifications, les publier, et apporter des notions évolutives à la taxonomie. Lors de cet inventaire, nous n'avons pas complété par une approche plus aveugle, comme le séquençage de l'ADN du sol, sans collecte de carpophores, notamment pour maintenir le lien avec les observations des champignons par les habitants de Saül.

Objectif des inventaires fongiques de l'ABC

L'ABC est un projet visant à co-construire les connaissances locales, en impliquant les habitants et les experts dans des inventaires, participatifs ou plus systématiques. Pour le volet fongique, les objectifs ont été (1) de rassembler des mycologues experts francophones sur différents groupes taxonomiques pour dresser un inventaire des champignons visibles de Saül, sur les sentiers, (2) de procéder à des observations permettant d'identifier les champignons les plus communs, les plus accessibles et mettre en relation diversité et habitats, et (3) de prolonger des inventaires par des observations participatives, stimulées par la présence sur place d'un agent du parc (Arthur Brisse, stage de M2 puis contrat au Parc amazonien), et par la mise en place d'un projet participatif (plateforme iNaturalist, cf chapitre sur les sciences participatives, Brisse et Roy). L'objectif de cet article est de synthétiser les résultats en relation avec ces objectifs.

Des inventaires aux conclusions taxonomiques

Objectif et méthodologie

Pour dresser un inventaire adapté à la fonge guyanaise, des experts ont été contactés, tous francophones, de façon à pouvoir communiquer facilement avec les habitants, à couvrir des groupes abondants d'après les inventaires et référentiels taxonomiques, et divers écologiquement. Le tableau I rassemble ainsi les groupes taxonomiques inventoriés (en majorité), et les experts contactés, ainsi que la connaissance de ces groupes taxonomiques, à l'échelle mondiale et de la Guyane.

Comme mentionné plus haut, la mycologie est peu enseignée et les experts sont peu nombreux en France, mais les sociétés naturalistes sont néanmoins reconnues – à la fois en France et à l'international.



Tableau 1 : Ordres taxonomiques inventoriés, connaissance mondiale et en Guyane de leur diversité, et experts invités lors des missions de 2018 à 2021.

Groupe taxonomique	Espèces connues	Représentation en Guyane	Experts invités
Ascomycètes			
Xylariaceae (Xylariales)	2911 espèces de Xylariales reconnues, 1300 espèces de Xylariaceae. Espèces microscopiques, pathogènes ou saprophytes, mais aussi endophytes.	272 sp. Xylariales ; Espèces dominantes dans les communautés endophytes et du bois mort.	Jacques Fournier (AscoFrance)
Nectriaceae (Hypocreales)	2647 espèces d'Hypocreales, 1604 de Nectriaceae décrites. Espèces microscopiques, pathogènes ou saprophytes, mais aussi endophytes.	332 sp. Hypocreales ; espèces fréquentes sur les bois mort et feuilles mortes ; Espèces très fréquentes dans les communautés endophytes.	Christian Lechat (AscoFrance)
Hysteriales	169 espèces décrites. Nouvelles espèces fréquentes associées au bois mort	16 sp. Hysteriales ; espèces potentiellement nouvelles, peu étudiées en Guyane.	Alain Gardiennet (AscoFrance)
Basidiomycètes			
Agaricales	24 450 espèces décrites. Groupe rassemblant une grande partie des champignons visibles, souvent à lamelles.	113 sp. Agaricales ; espèces abondantes, visibles, notamment associée à la litière tropicale.	Régis Courtecuisse (Université Lille 1), Gilles Corriol (Conservatoire Botanique Midi-Pyrénées)
Polyporales	3 781 espèces décrites. Groupe rassemblant des champignons souvent à pores, à carpophores souvent pérennes associés aux bois mort.	611 sp. Polyporales ; espèces visibles, abondantes et parfois consommées en Guyane.	Stéphane Welti (Université Lille 1)
Russulales	3268 espèces de Russulales acceptées, famille des Russulaceae représentée par des champignons associés en symbiose avec des arbres (ectomycorhiziens).	13 sp. Russulales ; l'une des familles les plus riches en ectomycorhiziens en Amérique du Sud.	Bart Buyck (Muséum National d'Histoire Naturelle), Mélanie Roy (Université Paul Sabatier)
Cantharellales	851 espèces de Cantharellales.	19 sp. Cantharellales ; dont des espèces abondantes et ectomycorhiziennes	Bart Buyck (Muséum National d'Histoire Naturelle), Mélanie Roy (Université Paul Sabatier)

L'association AscoFrance (<http://www.ascofrance.com>) est ainsi connue pour ses congrès internationaux, ses bases de données, et son activité prolifique, notamment en terme de descriptions d'espèces. Ainsi trois experts d'AscoFrance ont été invités : Jacques Fournier, Christian Lechat, et Alain Gardiennet (Tableau 1). Leur expertise a permis d'inventorier, à la fois en saison sèche et en saison des pluies, des champignons souvent microscopiques, ou au moins discrets, mais essentiels et abondants en forêt guyanaise. En effet, les ascomycètes appartenant aux

ordres des Hysteriales, Xylariales et Hypocreales sont représentés par des espèces souvent associées aux bois morts, et visibles dans les chablis, sur les sentiers ou même aux abords des carbeta de Saül.

Pour ce qui concerne les champignons plus « visibles », appartenant souvent aux Basidiomycètes, des experts plus généralistes ont été invités, provenant de l'Université de Lille 1, de Toulouse 3, du Muséum National d'Histoire Naturelle et du Conservatoire Botanique Midi-Pyrénées. Pour ces champignons Basidiomycètes, la

stratégie n'a pas été de choisir des experts plus spécialisés, mais plutôt de s'adapter aux récoltes et aux observations, puis de partager les observations avec les collègues spécialisés, a posteriori.

En terme de méthodologie d'inventaire, chaque expert a été libre de choisir son échelle d'étude, le long des sentiers de Saül. L'échelle dépend avant tout du groupe étudié, et pour des champignons microscopiques, les observations peuvent être déjà nombreuses sur un seul tronc d'arbre, tandis qu'il faudrait des journées d'exploration pour trouver un spécimen de Russulales par exemple. Pour tous, l'objectif a été d'observer, et de récolter des exemplaires en bon état, identifiables, d'espèces communes mais aussi de potentielles nouvelles espèces. Comme l'objectif pour la partie taxonomie n'était pas de préciser l'abondance, l'inventaire s'est surtout focalisé sur les présences, à une saison données des espèces.

Un point commun aux inventaires a été de s'intéresser aux carpophores, c'est à dire à la partie reproductrice des champignons. Ce choix est critiquable – dans la mesure où de nombreux champignons n'ont pas de reproduction sexuée, et où la fructification peut être plus ponctuelle que le mycélium. Néanmoins, cette méthodologie se justifie pour l'ABC, qui cherche à identifier des champignons visibles par les habitants. En complément, une expérience d'inventaire à partir d'ADN environnemental a été menée sur le Mont Galbao, et pourrait révéler potentiellement d'autres espèces, moins visibles.

Chaque expert a ainsi récolté, observé sur le terrain et conservé ses spécimens, pour ensuite les observer de nouveau, et les étudier dans son propre laboratoire. Les observations a posteriori ont ainsi permis de vérifier des identifications suggérées sur le terrain, les confronter à la littérature, à d'autres experts, et à la biologie moléculaire.

Pour les spécimens potentiellement nouveaux, des échantillons ont été prélevés en vue d'un séquençage des marqueurs ITS et 28S, deux « codes barres » fréquemment utilisés pour les champignons. La biologie moléculaire a été réalisée au laboratoire Evolution et Diversité Biologique de l'Université Toulouse 3 et parfois sur la plateforme de biologie moléculaire de l'observatoire de Banyuls. Le séquençage a permis de préciser certaines observations, mais les limites ont été nombreuses, tant les données sont lacunaires pour certains groupes en Guyane. À défaut de conclusion parfois, les séquences produites serviront à enrichir les bases de données publiques sur les séquences, et serviront à de futurs inventaires, ou analyses de diversité génétique.

Résultats généraux

Les résultats de chaque inventaire ont fait l'objet de listes, par chaque expert, indiquant le nombre d'observations, les espèces délimitées à partir des observations, les espèces confirmées à partir des

observations, et les potentielles espèces nouvelles, pour la Guyane ou pour la science. Les tableaux spécifiques à chaque récolte sont reportés dans les rapports de chaque expert.

À l'échelle de l'ensemble des récoltes (1630 observations au total), et après tri des espèces observées par plusieurs experts, ce sont au moins 490 espèces qui ont pu être délimitées à partir de caractères morphologiques et parfois moléculaires. Il s'agit de la limite basse dans la mesure où des espèces non déterminées au niveau du genre, et non identifiées comme nouvelles, ont été agrégées sur la base de leur assignation au genre, mais pourraient révéler des différences ultérieurement.

Parmi ces espèces, 307 ont pu être déterminées et identifiées comme des espèces déjà connues pour la science. De plus, 60 espèces restent décrites comme potentiellement nouvelles, mais sans avoir été comparées à d'autres spécimens. Enfin, 123 espèces sont potentiellement nouvelles pour la science, et la comparaison aux spécimens de même espèce, ou aux séquences publiques semble confirmer ce chiffre particulièrement élevé. Au final, ce sont donc 37% des espèces qui semblent nouvelles pour la science, et demanderont encore un travail considérable pour être formellement décrites. Certaines le sont déjà, et les espèces d'ascomycètes font déjà l'objet de publications (Gardiennet *et al.*, 2019).

L'inventaire s'était au départ focalisé sur certains ordres (Tableau 1), pour lesquels 1376 espèces étaient au préalable décrites en Guyane. Toutes les espèces n'ont pas été observées en 3 missions, et par ailleurs les espèces recensées appartenaient à des ordres parfois non ciblés au préalable.

Au final les récoltes appartiennent à 20 ordres distincts (Tableau II), et soulignent aussi le potentiel « de découverte » dans certains ordres en particulier, sans doute biaisé par nos expertises. Parmi les ordres ciblés, les Xylariales, Hypocreales, Agaricales et Polyporales ont révélé une large proportion (entre 31 et 47% ; Tableau 2) d'espèces nouvelles, tandis que les Russulales et Cantharellales n'ont pas ou peu révélé d'espèce potentiellement nouvelle. Ce résultat n'est pas étonnant pour la Guyane, dans la mesure où les champignons ectomycorhiziens comme les Russules y sont rares, mais illustre aussi l'importance de cibler des expertises en relation avec la fonge locale.

Ces résultats généraux présentent des chiffres cumulés au bout de trois missions, sans distinguer l'accumulation, année après année. Les rapports sur les ascomycètes, étudiés au cours de trois missions présentent ainsi la progression d'année en année, des comptages et des inventaires (cf rapport J. Fournier). L'observation des Xylariales a par exemple rélévé entre 22 et 25% d'espèces nouvelles, quelle que soit la mission.



Tableau 2 : Nombre d'espèces reconnues (*det*), non reconnues mais à comparer (*sp*), et identifiées comme possiblement inédites pour la science (*ined*).

Ordre	det	sp	ined
Ascomycota			
Ascomycota incertae sedis	4	1	1
Geoglossales	2	0	2
Hypocreales	65	16	21
Patellariales	1	0	0
Pezizales	6	1	1
Pleosporales	1	0	0
Xylariales	131	0	61
Basidiomycota			
Agaricales	56	19	29
Auriculariales	2	0	0
Boletales	1	1	0
Cantharellales	3	0	1
Dacrymycetales	1	0	0
Geastrales	4	1	0
Hymenochaetales	2	2	0
Phallales	1	0	2
Polyporales	23	16	5
Russulales	1	1	0
Stereopsidales	1	0	0
Thelephorales	0	1	0
Trechisporales	0	1	0
Tremellales	2	0	0
Somme	307	60	123

Ces comptages rappellent les conclusions de précédentes missions, dans le cadre des projets du CEBA, où la moitié des spécimens étaient inconnus à l'issue du terrain, et 25% restaient inconnus (et possiblement nouveaux) à l'issue du séquençage (Jaouen *et al.*, 2019).

Nous n'avons pas discuté ici du séquençage, mené de façon hétérogène selon les groupes. Les résultats ont par ailleurs été assez contestés, et n'ont pas toujours aidé à identifier les spécimens. En effet, pour les Agaricales au moins, les séquences produites n'ont, dans l'ensemble, pas révélé de similarité forte avec des séquences connues. Par exemple, sur 222 séquences produites pour les Agaricales, seules 6 ont révélé une identification sur

la base de similarité génétique, et la similarité en moyenne était de l'ordre de 87%.

Ce résultat reflète le manque de séquences de références pour les champignons en Guyane, pourtant passé de 4 séquences en 2011 à 1985 séquences aujourd'hui (recherche sur Genbank, <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Par ailleurs, la faible similarité reflète sans doute les divergences profondes avec des champignons connus des mêmes genres, mais séquencés en provenance d'autres régions. Ce résultat a aussi été commenté en Patagonie (Truong *et al.*, 2017), où les bases de références restent lacunaires, et où l'histoire évolutive et biogéographique des champignons suggère un isolement de longue date.

Conclusions taxonomiques

De ces inventaires, on retiendra avant tout la prévalence d'espèces potentiellement nouvelles, la diversité des ordres et espèces observées, et enfin le besoin d'expertise pour identifier ces nouveautés. Cependant la question se pose du futur de ces nouveautés, et du travail à poursuivre. Chaque espèce demande encore ses vérifications, et même un expert dédié à ce travail ne pourrait publier plus de quelques espèces à l'année. Cette limitation, par le nombre d'expert, et le temps dédié à décrire et publier des espèces est un frein majeur, pour aboutir à une liste d'espèces décrites, dans le cadre d'un ABC.

L'ABC de Saül cherchait à établir un inventaire des champignons visibles par les habitants. Les champignons recensés sont ici à la fois visibles, et plus discrets, comme des Xylariales ou des Hypocreales. Cependant, les nouveautés observées, et l'enthousiasme lors des sorties et des observations au microscope confirme que les champignons les plus discrets peuvent aussi intéresser les habitants. L'autre objectif était d'inventorier les sentiers de Saül. Ce rapport ne présente pas la localisation des espèces, mais les sorties réalisées ont révélé des nouveautés tant sur les sentiers que sur les tas de bois de Saül. Les observations des Ascomycètes invite ainsi à considérer de multiples habitats, y compris secondarisés, pour de futurs inventaires sur les champignons.

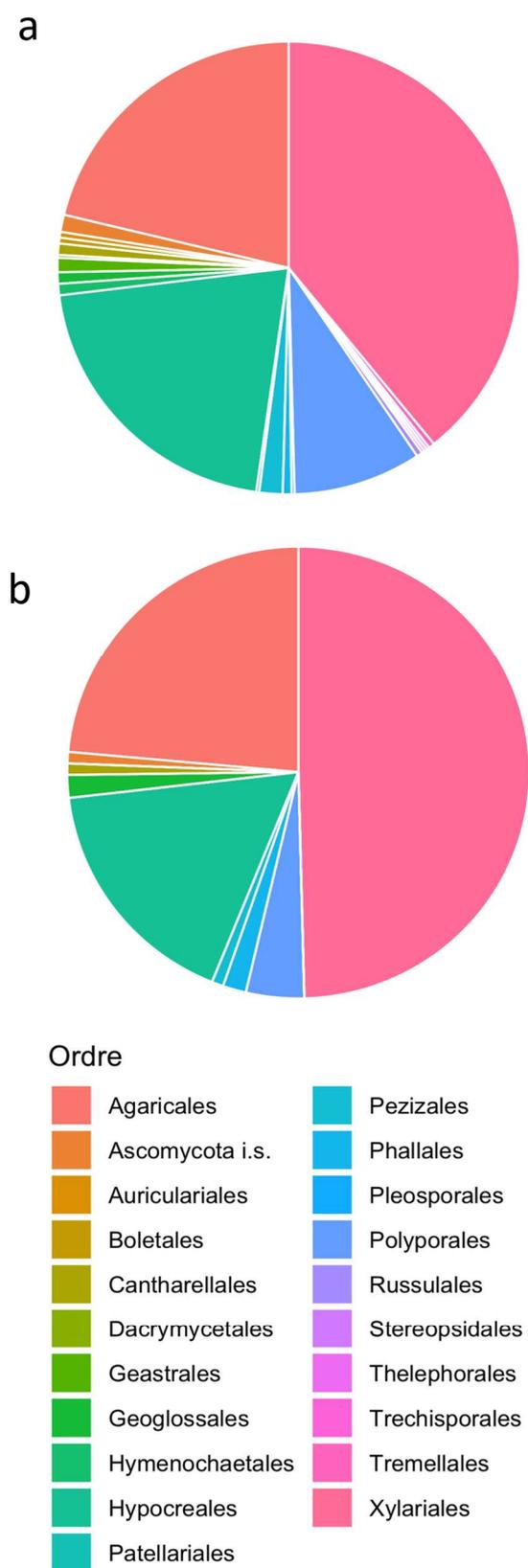


Figure 1: Synthèse des espèces observées (a) et inédites (b) par ordre taxonomique, et illustrations de Xylariales (*Camillea mucronata*, c), Polyporales (*Ganoderma cf. applanatum*, d) et Agaricales (*Pleurotus djamor*, e), et de la diversité des observations sur les sentiers de Saül, telle que présentée lors de l'exposition champignons en 2018 (f).



Des observations aux conclusions écologiques

Objectif

Les inventaires taxonomiques ont permis de révéler des espèces nouvelles, confirmer des observations, mais ne représentent pas nécessairement les espèces les plus fréquentes sur les sentiers de Saül. En effet, pour dresser un inventaire taxonomique, seuls quelques spécimens de chaque espèce sont prélevés, et nécessitent déjà de longues heures d'étude. Par ailleurs, les visites des experts restent ponctuelles, et peuvent ne pas refléter l'abondance observée tout au long de l'année.

Cependant, l'abondance des espèces est une donnée utile, non seulement pour construire un guide à l'issue de l'ABC, mais aussi pour déterminer la capacité des sentiers à révéler d'autres espèces. De telles données permettent d'aborder l'écologie des communautés de champignons, et s'appuient sur des observations à l'échelle des sentiers par exemple. Il reste délicat de parler d'écologie des communautés à partir des seuls carpophores (Mueller, 2011), mais cette approche permet toutefois de révéler certaines tendances écologiques. Par exemple, dans le cadre du projet DIADEMA, des inventaires sur des parcelles de 1 ha ont été réalisés, et ont permis de détecter à la fois des différences propres aux habitats tels que définis par l'ONF (forêt de plateau, forêt de pente, bas-fond, (Guitet *et al.*, 2015)) ; et à la fois des corrélations fortes avec la composition d'autres groupes taxonomiques, incluant les plantes (Schimann *et al.*, 2020) mais aussi les fourmis et vers de terre (Vleminckx *et al.*, 2019).

Méthodologie

Pour obtenir des données d'abondance, lors de la première mission en 2018, les observations des espèces – au moins déterminées sur le terrain – ont été reportées par sentier. Ces observations ont donc été plus nombreuses que le nombre de spécimens observés au laboratoire, et ont porté sur des espèces déjà identifiées. Parmi ces observations, les récoltes proprement dites correspondent uniquement à des spécimens impossibles à identifier sur le terrain, et pour lesquels une analyse moléculaire se révélait nécessaire.

Ces observations sur une semaine, en saison sèche permettent déjà de dresser une courbe d'accumulation d'espèces, en fonction de l'abondance observée. Ces courbes ont été tracées sur R (package vegan et iNext, (Hsieh *et al.*, 2016; Oksanen *et al.*, 2019). De plus, ces données permettent de calculer des indices de diversité projetée (comme le Chao), et d'obtenir une autre estimation des nouvelles observations à attendre, si l'échantillonnage se poursuivait. Enfin, l'utilisation des nombres de Hill (Hill, 1973) permet de

relativiser le poids des espèces rares dans le profil d'accumulation d'espèces. L'ensemble de ces tests a permis de comparer la diversité observée dans différents habitats et sentiers, au cours de la mission.

Enfin, pour compléter ce profil écologique des communautés de champignons, le mode trophique connu pour chaque espèce a été reporté, de façon à comparer leur proportion aux données déjà acquises sur d'autres forêts à l'échelle de la Guyane. Pour ce faire, les données sur le mode trophique ont été rassemblées à l'aide de la base de données Funguild (Nguyen *et al.*, 2016), Fungal Traits (Pölme *et al.*, 2020), et à dire d'experts.

Résultats

Les comptages sur 7 jours de mission ont permis de rassembler 254 observations, complétées par la collecte de 107 spécimens identifiés ultérieurement. L'ensemble de ces observations a conduit à la délimitation de 139 espèces, essentiellement d'Agaricales, plus proches de l'expertise de MR.

Les courbes d'accumulation (Figure 2, a, b, c) soulignent une tendance à l'accumulation de nouvelles observations, à chaque nouvelle sortie. Cette tendance serait surtout marquée par des espèces rares, dans la mesure où le nombre d'espèces observées (« species diversity ») augmente plus lorsque les espèces rares sont prises en compte ($q=0$), que lorsque leur importance est relativisée ($q=1$ et $q=2$).

Le calcul du Chao suggère par ailleurs que 236 espèces pourraient être observées au total, et que 41% de nouvelles espèces observées seraient attendues, sans pour autant les identifier.

Enfin, ces courbes d'accumulation ont pu être dressées par habitat et par sentier (Figure 2, d et e). L'échantillonnage n'a certainement pas été comparable, mais indique que les observations sont déjà redondantes pour les forêts de plateau, un habitat largement représenté à Saül. Par ailleurs, les forêts de pente (ou forêts basses) pourraient révéler d'autres nouveautés, et présentent une accumulation d'espèces plus rapide que les forêts de plateaux. Enfin, on notera que seul le sentier de Gros Arbre a été suffisamment inventorié, et que les autres sentiers seront à explorer – sans doute avec l'aide des habitants.

Du point de vue du mode trophique, les observations en termes d'abondance ont pu être assignées à des groupes trophiques connus ; et cette analyse a aussi pu être réalisée pour l'inventaire taxonomique. Les résultats sont très similaires, dans la mesure où les communautés, comme l'inventaire, sont associées aux bois morts (Figure 2, f et g). On retrouve des résultats déjà évoqués au sujet des inventaires, et par exemple les champignons ectomycorhiziens, éventuellement attendus sur les forêts de pente, étaient quasi absents des inventaires comme des communautés.

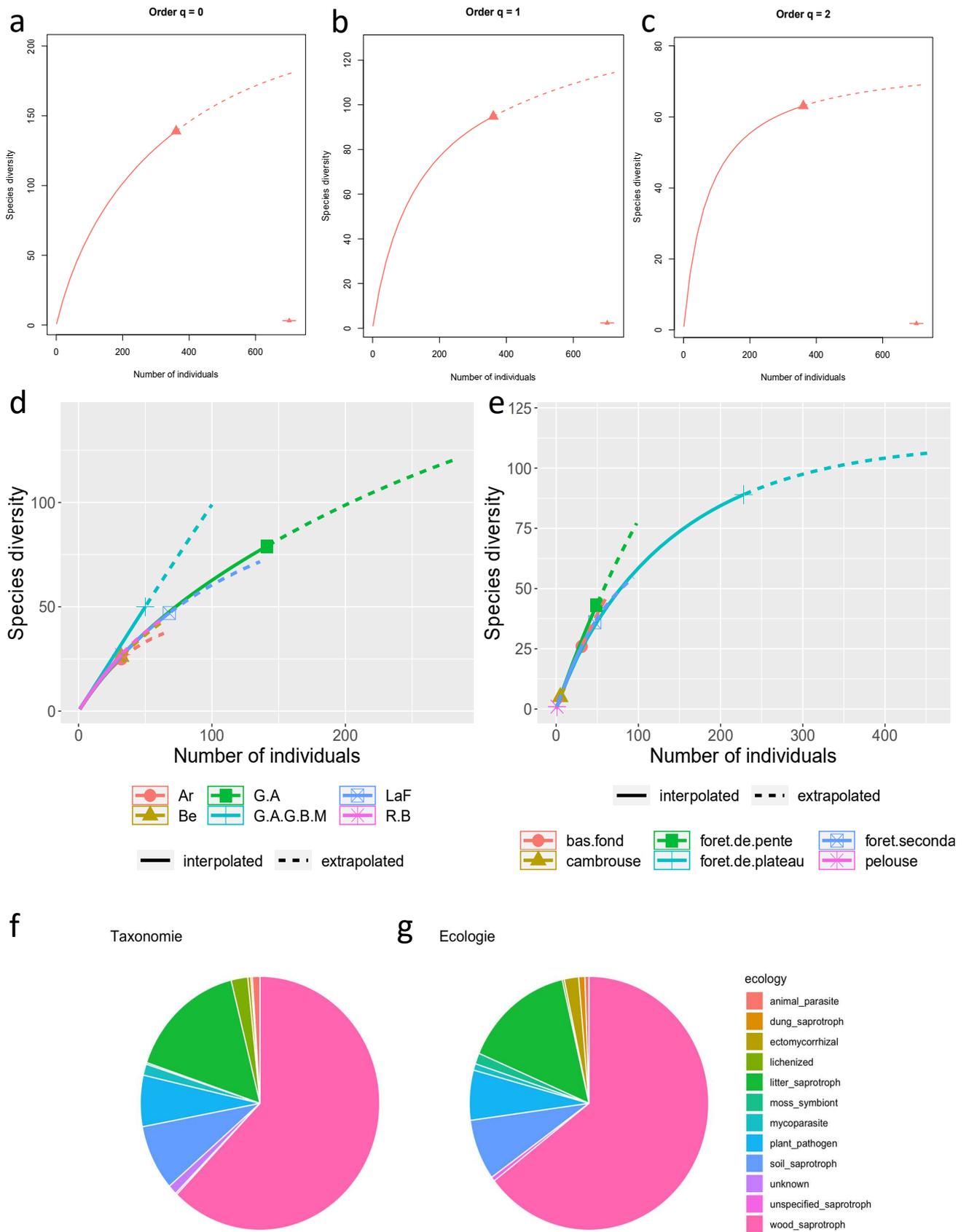


Figure 2: Courbes d'accumulation d'espèces en fonction du nombre d'observations et de la prise en compte décroissante des espèces rares (a, $q = 0$ où toutes les espèces ont la même importance, $q = 1$ et $q = 2$, les espèces rares ont de moins en moins d'importance ; Courbes d'accumulation d'espèces par sentier (d) et par habitat (e) tels que définis par les rapports ONF ; et enfin distribution écologique des taxons et des observations à l'échelle du projet ABC.



Conclusions écologiques

Limites de l'approche

Ces observations plus écologiques ont permis de confirmer l'intérêt d'accumuler des observations, et invitent à cibler les prochaines observations, à la fois sur des milieux où les fructifications de champignons sont abondantes, comme dans les forêts de plateaux riches en bois morts, mais aussi à ne pas négliger des habitats moins fréquents, et propices à de nouvelles observations, comme les forêts de pentes ou forêts basses. Ces conclusions mériteraient d'être confrontées à des observations plus continues le long des sentiers, dans la mesure où seul celui des gros Arbres a vraiment été inventorié de façon satisfaisante – d'après les courbes d'accumulation.

Les observations participatives pourraient en ce sens compléter ce tableau, et apporter d'autres données sur l'abondance. On remarquera néanmoins que les observations convergent : les ectomycorhiziens restent rares dans les forêts de plateaux (Roy *et al.*, 2016; Jaouen *et al.*, 2019; Schimann *et al.*, 2020), et le bois mort reste l'habitat favoris des champignons. Cette conclusion n'est pas nouvelle pour la Guyane, et correspond bien aux forêts de plateaux de Guyane, où le sol – pauvre et lessivé - ne représente pas nécessairement l'habitat de prédilection des champignons (Braga-Neto *et al.*, 2008). Au contraire, le bois mort est essentiel aux champignons (entre autres), et fournit matière organique, support et potentielle réserve d'eau en saison sèche, aux champignons.

Importance des approches basées sur le sol et l'ADN environnemental

Pour apporter des éléments de gestion à l'issue de l'ABC, ces observations écologiques devraient être complétées par un diagnostic plus « aveugle » à partir du sol. Aujourd'hui, les communautés de champignons peuvent être diagnostiquées à partir de l'ADN environnemental, et le séquençage de l'ITS. L'identification des champignons à partir du sol reste limitée, surtout en Guyane où les bases de données publiques sont lacunaires. Néanmoins, le projet ABC aura permis de produire des séquences de références pour une partie des spécimens, et pourra ainsi ouvrir la voie à des diagnostics écologiques à partir du sol. Cette approche a été mise en œuvre pour le Mont Galbao, et pourra compléter l'inventaire produit sur les sentiers.

Conclusions générales

Cette synthèse sur le projet ABC aura permis de rassembler les chiffres : 490 espèces délimitées – au moins – dont 123 potentiellement nouvelles pour la science d'après les taxonomiques ; 139 espèces fréquentes observées, et 236 potentiellement attendues d'après l'analyse des communautés. Ces deux approches illustrent que circa 40% de

nouveautés sont attendues, tant par les taxonomistes que par les écologues.

En terme d'approche, taxonomie et écologie sont complémentaires : de futures études écologiques devront s'appuyer sur l'usage de l'ADN environnemental (Taberlet *et al.*, 2018), et les taxonomistes pourraient s'appuyer sur l'ADN environnemental pour estimer l'abondance de leurs espèces, ou préciser leur distribution. L'usage récent de l'ADN environnemental sur la station des Nouragues a ainsi permis d'identifier des espèces possiblement liées aux usages passés (Gazal *et al.*, 2020), et permet en effet de tester statistiquement la présence d'espèces indicatrices. Par ailleurs les mêmes techniques peuvent permettre de détecter la présence des espèces de champignons, sans leurs carpophores, comme dans les feuilles des arbres vivants (Donald *et al.*, 2019, 2020). De telles approches relativiseraient les conclusions écologiques : nos observations confirment que le bois est un habitat pour observer les champignons, ou au moins leurs carpophores, mais l'ADN environnemental pourrait révéler d'autres compartiments, en lien avec les organismes vivants.

Le dialogue entre ces deux disciplines est parfois délicat, mais nécessite l'usage de la biologie moléculaire, malgré toutes les limitations à dépasser dans le cas d'espèces nouvelles. Les données produites par l'ABC permettront sans doute de faciliter l'usage de l'ADN environnemental à Saül.

Enfin, l'essentiel sera de maintenir sans doute des forces vives pour continuer un tel inventaire : tant en formant localement à l'observation, qu'en continuant à transmettre la mycologie aux étudiants. Le dialogue avec les sciences participatives a ses limitations aussi, mais pourrait au moins permettre de continuer les observations, et la construction de la connaissance en attendant les visites des experts.

Ce chapitre n'est pas clos, de nombreuses espèces sont à décrire, et le travail moléculaire a révélé plus de questions que de réponse. Néanmoins les objectifs en termes d'inventaire ont été acquis : Saül dispose d'un inventaire unique - largement à la hauteur des *checklist* à l'échelle de la Guyane, et l'ABC a permis d'ajouter de nouvelles espèces pour la Guyane. Au moins 123 espèces sont potentiellement nouvelles, et une simple comparaison à TAXREF v14.0 suggère que 220 des 307 espèces identifiées seraient nouvelles pour la Guyane, ou au moins pour le référentiel taxonomique.

Les abondances sont un point faible, mais des photos d'espèces rares passionneront tout autant les mycologues en herbe – et prédire les espèces les plus abondantes pour un guide est sans doute encore trop préliminaire, vue notre méconnaissance des champignons. La lecture des rapports détaillés en dira plus sur les espèces, et l'expertise de chaque mycologue est ici à souligner : tous ont une connaissance tant de l'écologie que de la distribution des espèces, en Guyane et aux Antilles et ont malgré

tout décrit de nouvelles espèces, et souligné l'intérêt des inventaires dans les forêts, remarquablement préservées, autour des sentiers de la commune de Saül.

En conclusion, pour dresser de futurs inventaires, ou recommandations de gestion, les champignons constituent un groupe délicat en termes d'identification – mais riche en espèces, en modes trophiques, en histoires évolutives, et peut à lui seul fournir des éclairages sur l'écologie des forêts guyanaises et leur diversité. La question des espèces indicatrices n'a pu être traitée, et demanderait une analyse par l'ADN environnemental pour être objective et robuste statistiquement – éclairée par les séquences déjà décrites pour Saül. Par ailleurs, les listes d'espèces nouvelles ne constituent pas d'arguments pour protéger un espace aux yeux de l'IUCN, mais les champignons commencent à être plus sérieusement pris en compte (Gonçalves *et al.*, 2021), notamment en Amérique du Sud, et ce type d'inventaire servira sans doute par la suite, à soutenir d'autres projets de conservation, incluant les champignons.

Littérature citée

ALTSCHUL SF, GISH W, MILLER W, MYERS EW, LIPMAN DJ. 1990. Basic local alignment search tool. *Journal of molecular biology* 215: 403–410.

AMALFI M, DECOCK C. 2014. Fomitiporia expansa, an undescribed species from French Guiana. *Cryptogamie, Mycologie* 35: 73–86.

BRAGA-NETO R, LUIZÃO RCC, MAGNUSSON WE, ZUQUIM G, DE CASTILHO CV. 2008. Leaf litter fungi in a Central Amazonian forest: the influence of rainfall, soil and topography on the distribution of fruiting bodies. *Biodiversity and Conservation* 17: 2701–2712.

COURTECUISSÉ R, SAMUELS GJ, HOFF M, ROSSMAN AY, CREMERS G, HUHDORF SM, STEPHENSON SL. 1996. Check-list of fungi from French Guiana. *MYCOTAXON-ITHACA NY*- 57: 1–86.

CROUS PW, WINGFIELD MJ, BURGESS TI, CARNEGIE AJ, HARDY GSJ, SMITH D, SUMMERELL BA, CANO-LIRA JF, GUARRO J, HOUBRAKEN J. 2017. Fungal Planet description sheets: 625–715. *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* 39: 270.

DECOCK C. 2016. The Neotropical Perenniporia s. lat.(Basidiomycota): Perenniporia nouraguensis sp. nov. and a note on Perenniporia sinuosa, from the rainforest in French Guiana. *Plant Ecology and Evolution* 149: 233–240.

DECOCK C, AMALFI M, ROBLEDO G, CASTILLO G. 2013. Phylloporia nouraguensis, an undescribed species on Myrtaceae from French Guiana. *Cryptogamie, Mycologie* 34: 15–28.

DONALD J, BARTHÉLEMY M, GAZAL N, EVENO Y, MANZI S, EPARVIER V, STIEN D, ROY M. 2019. Tropical palm endophytes exhibit low competitive structuring when assessed using co-occurrence and antipathogen activity analysis. *Frontiers in Forests and Global Change* 2: 86.

DONALD J, ROY M, SUESCUN U, IRIBAR A, MANZI S, PÉLLESIER L, GAUCHER P, CHAVE J. 2020. A test of community assembly rules using foliar endophytes from a tropical forest canopy. *Journal of Ecology*.

FOURNIER J, LECHAT C. 2015. Phylacia korffii sp. nov., a new species of Phylacia (Xylariaceae) From French Guiana, with notes on three other Phylacia spp. *Ascomycete. org* 7: 315–319.

FOURNIER J, LECHAT C. 2016. Some Annulohypoxyton spp.(Xylariaceae) from French Guiana, including three new species. *Ascomycete. org* 8: 33–53.

GARDES M, BRUNS TD. 1993. ITS primers with enhanced specificity for basidiomycetes-application to the identification of mycorrhizae and rusts. *Molecular ecology* 2: 113–118.

GARDIENNET A, LECHAT C, FOURNIER J. 2019. Ericboehmia, a new genus segregated from Ostreichnion in the Hysteriaceae, with the new species E. saulensis.

GARGOMINY O, TERCERIE S, RÉGNIER C, DUPONT P, DASZKIEWICZ P, LÉOTARD G, ANTONETTI P, RAMAGE T, VANDEL E, PETITTEVILLE M. 2020. *TAXREF v14. 0, référentiel taxonomique pour la France. UMS PatriNat, Muséum national d'Histoire naturelle, Paris. Archive de téléchargement contenant 8 fichiers.*

GAZAL N, BRIN A, MANZI S, HOUËL E, LAPIED E, DECAËNS T, ROY M. 2020. Landscape-Scale Study of Soil Communities. In: *Methods in Historical Ecology*. Routledge, 112–120.

GONÇALVES SC, HAELEWATERS D, FURCI G, MUELLER GM. 2021. Include all fungi in biodiversity goals. *Science* 373: 403–403.

GRUHN G, ALVARADO P, HALLENBERG N, ROY M, COURTECUISSÉ R. 2018a. Contribution to the taxonomy of Sistotremastrum (Trechisporales, Basidiomycota) and the description of two new species, S. fibrillosum and S. aculeocreptans. *Phytotaxa* 379: 27–38.

GRUHN G, DUMEZ S, MOREAU P-A, ROY M, MORREALE O, SCHIMANN H, COURTECUISSÉ R. 2018b. The Genus Resinicium in French Guiana and the West Indies: a Morphological and Molecular Survey, Revealing Resinicium grandisporum sp. nov. *Cryptogamie, Mycologie*.

GUITET S, BRUNAUX O, DE GRANVILLE JJ, GONZALEZ S, RICHARD-HANSEN C,



- SABATIER D. 2015. Catalogue des habitats forestiers de Guyane.
- HENKEL TW, WILSON AW, AIME MC, DIERKS J, UEHLING JK, ROY M, SCHIMANN H, WARTCHOW F, MUELLER GM. 2014. Cantharellaceae of Guyana II: New species of *Craterellus*, new South American distribution records for *Cantharellus guyanensis* and *Craterellus excelsus*, and a key to the Neotropical taxa. *Mycologia* 106: 307–324.
- HILL MO. 1973. Diversity and Evenness: A Unifying Notation and Its Consequences. *Ecology* 54: 427–432.
- HSIEH TC, MA KH, CHAO A. 2016. iNEXT: an R package for rarefaction and extrapolation of species diversity (Hill numbers). *Methods in Ecology and Evolution* 7: 1451–1456.
- JAOUEN G, SAGNE A, BUYCK B, DECOCK C, LOUISANNA E, MANZI S, BARALOTO C, ROY M, SCHIMANN H. 2019. Fungi of French Guiana gathered in a taxonomic, environmental and molecular dataset. *Scientific data* 6: 1–6.
- KÖLJALG U, LARSSON K-H, ABARENKOV K, NILSSON RH, ALEXANDER IJ, EBERHARDT U, ERLAND S, HØILAND K, KJØLLER R, LARSSON E. 2005. UNITE: a database providing web-based methods for the molecular identification of ectomycorrhizal fungi. *New Phytologist* 166: 1063–1068.
- LECHAT C, FOURNIER J, CHADULI D, LESAGE-MEESSEN L, FAVEL A. 2019. *Clonostachys saulensis* (Bionectriaceae, Hypocreales), a new species from French Guiana. *Ascomycete.org* 11: 65–68.
- MONTAGNE JFC. 1840. Seconde centurie de plantes cellulaires exotiques nouvelles. Décades III, IV et V. *Ann Sci Nat Bot Sér II* 13: 339–359.
- Montagne C. 1850. *Cryptogamia Guyanensis seu Plantarum cellularium in Guyana gallica annis 1835-1849 a cl. Leprieur collectarum enumerato universalis*. *Ann. Sc. Nat. Bot. ser.* 3 14: 283–309.
- Mueller GM. 2011. *Biodiversity of fungi: inventory and monitoring methods*. Elsevier.
- NGUYEN NH, SONG Z, BATES ST, BRANCO S, TEDERSOO L, MENKE J, SCHILLING JS, KENNEDY PG. 2016. FUNGuild: an open annotation tool for parsing fungal community datasets by ecological guild. *Fungal Ecology* 20: 241–248.
- OKSANEN J, BLANCHET FG, KINDT R, LEGENDRE P, MINCHIN PR, O'HARA RB, SIMPSON GL, SOLYMOS P, STEVENS MHH, WAGNER H. 2019. vegan: community ecology package. R package version 2.5–6. URL <http://CRAN.R-project.org/package=vegan>.
- PÖLME S, ABARENKOV K, NILSSON RH, LINDAHL BD, CLEMMENSEN KE, KAUSERUD H, NGUYEN N, KJØLLER R, BATES ST, BALDRIAN P. 2020. FungalTraits: a user-friendly traits database of fungi and fungus-like stramenopiles. *Fungal diversity* 105: 1–16.
- ROY M, SCHIMANN H, BRAGA-NETO R, DA SILVA RA, DUQUE J, FRAME D, WARTCHOW F, NEVES MA. 2016. Diversity and distribution of ectomycorrhizal fungi from Amazonian lowland white-sand forests in Brazil and French Guiana. *Biotropica* 48: 90–100.
- SCHIMANN H, VLEMINCKX J, BARALOTO C, ENGEL J, JAOUEN G, LOUISANNA E, MANZI S, SAGNE A, ROY M. 2020. Tree communities and soil properties influence fungal community assembly in neotropical forests. *Biotropica*.
- TABERLET P, BONIN A, ZINGER L, COISSAC E. 2018. *Environmental DNA: For Biodiversity Research and Monitoring*. Oxford University Press.
- TRUONG C, MUJIC AB, HEALY R, KUCHAR F, FURCI G, TORRES D, NISKANEN T, SANDOVAL-LEIVA PA, FERNÁNDEZ N, ESCOBAR JM. 2017. How to know the fungi: combining field inventories and DNA-barcoding to document fungal diversity. *New Phytologist* 214: 913–919.
- VLEMINCKX J, SCHIMANN H, DECAËNS T, FICHAUX M, VEDEL V, JAOUEN G, ROY M, LAPIED E, ENGEL J, DOURDAIN A. 2019. Coordinated community structure among trees, fungi and invertebrate groups in Amazonian rainforests. *Scientific reports* 9: 1–10.

