

Note d'application Mycoclé : comparaison des dichotomies

Historique .

Lors du congrès de Lourdes, la récolte d'un conocybe a posé problème : Quelques mesures rapide et l'utilisation de la clé de Hausknecht semblait nous amener à *C.Rickenii*.

Cependant les quelques mesures complémentaires (effectuées avec notre microscope Eduval Zeiss de terrain puis par H Noguère) faisaient apparaître une distribution bimodale des mesures des dimensions, hypothèse confirmée par l'observation de basides bi et quadri sporées.

L'hypothèse selon la clé de Hausknecht ne convenait donc pas.

Un échantillon a alors été analysé par MycoSeq

” L'arbre généré à partir des 100 séquences les plus similaires sur GenBank positionne la séquence obtenue dans un clade incluant 5 autres séquences identiques ou quasi-identiques. L'une d'elle est identifiée *C. pseudocrispa* par A. Hausknecht, une autre *C. siliginea* par L. Nagy et une troisième *C. rickenii* par R. Watling.” (Observations de PA Moreau), *C Rickenii* se trouvant largement mentionné dans un autre clade plus important.

Nous nous sommes donc posé la question de savoir « à quel moment, lors de l'étude, l'observation et le choix de la dichotomie ont été mal interprétés »

Pour cela nous avons envisagé de comparer 2 à 2 les résultats de la clé de Hausknecht, afin de trouver l'entité divergente. Si la recherche de cette divergence est facile lorsque le résultat se trouve tout au début ou tout à la fin de la clé, cette recherche est assez pénible « à la main » si l'on n'a aucune idée de l'endroit où elle se trouve dans la clé.

Une nouvelle fonction a donc été ajoutée à Mycoclé.

Principe : une clé étant chargée, on repère le nom de deux espèces à comparer dans la liste des espèces et on lance le processus de comparaison.

Mycoclé retourne l'entité qui peut avoir été mal interprétée et devant être confirmée.

Il reste toutes fois la possibilité du cas d'une espèce non décrite dans la clé !

En pratique

Ouvrir la clé à étudier

Afficher la liste des espèces disponibles (RAZ)

Cocher l'option « comparer » (en haut à droite) : 4 nouveaux boutons apparaissent en dessous.

Pointer une première espèce dans la liste et cliquer sur L1

Pointer une seconde espèce dans la liste et cliquer sur L2

Cliquer sur « compare »

Un fenêtre s'ouvre qui affiche le nom des espèces comparées ainsi que la partie de la clé commune aux deux espèces.

Fermer la fenêtre : Mycoclé reprend la séquence de la clé au choix séparant les deux espèces.

Clic sur « reprise » affiche le dernier choix commun.0

