

Taxonomie numérique de 89 espèces européennes de la famille de Gnomoniaceae

Autor(en): **Monod, Michel / Ziegler, Pascal**

Objektyp: **Article**

Zeitschrift: **Mycologia Helvetica**

Band (Jahr): **1 (1983-1986)**

Heft 2

PDF erstellt am: **21.07.2024**

Persistenter Link: <https://doi.org/10.5169/seals-1036456>

Nutzungsbedingungen

Die ETH-Bibliothek ist Anbieterin der digitalisierten Zeitschriften. Sie besitzt keine Urheberrechte an den Inhalten der Zeitschriften. Die Rechte liegen in der Regel bei den Herausgebern.

Die auf der Plattform e-periodica veröffentlichten Dokumente stehen für nicht-kommerzielle Zwecke in Lehre und Forschung sowie für die private Nutzung frei zur Verfügung. Einzelne Dateien oder Ausdrucke aus diesem Angebot können zusammen mit diesen Nutzungsbedingungen und den korrekten Herkunftsbezeichnungen weitergegeben werden.

Das Veröffentlichen von Bildern in Print- und Online-Publikationen ist nur mit vorheriger Genehmigung der Rechteinhaber erlaubt. Die systematische Speicherung von Teilen des elektronischen Angebots auf anderen Servern bedarf ebenfalls des schriftlichen Einverständnisses der Rechteinhaber.

Haftungsausschluss

Alle Angaben erfolgen ohne Gewähr für Vollständigkeit oder Richtigkeit. Es wird keine Haftung übernommen für Schäden durch die Verwendung von Informationen aus diesem Online-Angebot oder durch das Fehlen von Informationen. Dies gilt auch für Inhalte Dritter, die über dieses Angebot zugänglich sind.

MYCOLOGIA HELVETICA

Vol. I No 2

1983

TAXONOMIE NUMERIQUE DE 89 ESPECES EUROPEENNES
DE LA FAMILLE DES GNOMONACEAE.

Michel Monod et Pascal Ziegler

Institut de Botanique Systématique et de Géobotanique
Université de Lausanne, Bâtiment de Biologie
CH-1015 Lausanne-Dorigny, Suisse

Résumé: Ce travail étudie comment 89 espèces européennes de la famille des Gnomoniacées (Ascomycotina) se regroupent par des méthodes numériques (analyse factorielle des correspondances et clusterings) qui intègrent un ensemble de caractères morphologiques des périthèces et des anamorphes, physiologiques et écologiques. Deux groupes d'espèces bien distincts ont été mis en évidence : le premier groupe comprend l'ensemble des espèces à ascospores filiformes et dont le bec des périthèces est latéral, qui appartiennent aux genres Linospora et Pleuroceras. Le 2ème groupe comprend l'ensemble des espèces à ascospores non filiformes, qui appartiennent aux genres Gnomoniella, Gnomonia, Apiognomonia, Plagiostoma, Apioplagiostoma, Mamiania et Hypospilina. Deux espèces du genre Ophiognomonia ont une position intermédiaire. Au sein du deuxième groupe les espèces tendent à se répartir suivant leur réaction en culture sur extrait de malt corrélée respectivement à leur parasitisme ou leur saprophytisme, la position latérale ou centrale du bec des périthèces, et la position de la cloison transversale des ascospores. La valeur phylogénétique des genres des Gnomoniacées est discutée.

Summary: Eighty-nine species of the Family of the Gnomoniaceae (Ascomycotina) have been subgrouped by numerical methods (factor analysis and clusterings) taking account of morphological,

physiological and ecological characters. Two distinct groups of species have been identified : the first included the whole of the species with filiform ascospores and of which the neck of the perithecia is lateral, thus including species of the genera Linospora and Pleuroceras. The second group includes all species whose ascospores are not filiform, thus including the species belonging to the genera Gnomoniella, Gnomonia, Apiognomonia, Plagiostoma, Apioplagiostoma, Mamiania and Hypospilina. Two species of the genus Ophiognomonia occupy an intermediate position. In the second group the species tend to be distributed according to their reaction on malt extract medium which is correlated respectively with parasitism or saprophytism, with a lateral or central position of the neck of the perithecia, and with the position of the transversal wall of the ascospore. The phylogenetic value of the genus of the Gnomoniaceae is discussed.

INTRODUCTION

Vingt genres de l'ordre des Diaporthales ont été regroupés par von Arx (1951) pour former la famille des Gnomoniacées. Cette famille est retrouvée, avec des changements, au sein de l'ordre des Diaporthales chez Chadefaud (1960), Wehmeyer (1975) et Barr (1978). Dans notre monographie récente (Monod, 1983), le concept de la famille est celui de von Arx : les espèces ont des périthèces isolées ou inclus tout au plus dans une capsule stromatique; les asques sont à différentes hauteurs dans la cavité périthéciale et deviennent libres à maturité par déliquescence de leur pécondule; le bec des périthèces est central ou latéral. L'unité taxonomique des Gnomoniacées ainsi définie est renforcée par les caractères suivants :

- Les espèces sont généralement follicoles ou sur tiges herbacées.
- Les genres de leurs anamorphes (formes conidiennes) sont généralement différents de ceux connus pour les autres Diaporthales.

Les genres généralement admis par les auteurs ont été distingués par:

1. la présence ou l'absence d'une capsule stromatique,
2. la forme et le cloisonnement des ascospores,
3. la position centrale ou latérale de l'ostiole des périthèces.

Ces genres sont à priori artificiels et n'ont jamais été discutés quant à leur valeur phylogénétique. Dans ce travail, nous étudions comment les espèces de la famille des Gnomoniacées se groupent par des méthodes numériques qui intègrent l'ensemble des caractères, aussi bien morphologiques des périthèces et des anamorphes, que physiologiques ou écologiques.

MATERIEL ET METHODES

Dans cette étude, les O.T.U. (Operational Taxonomic Units) sont des espèces. Elles n'appartiennent qu'à 10 genres sur les 20 que nous avons considérés dans la famille des Gnomoniacées, mais tous les genres importants (c'est-à-dire comprenant plus de 5 espèces) sont représentés. Pour 85 espèces, les observations ont été faites sur l'ensemble de nos récoltes dont on a essayé chaque fois d'isoler le champignon en culture. Nous n'avons ajouté que 4 espèces dont on ne disposait que de spécimens d'herbier. A l'exception de *Apiognomonia righetii* publié ultérieurement dans Sydowia 1984 (Monod 1984), chaque espèce considérée dans ce travail est décrite dans notre monographie (Monod, 1983).

Les caractères utilisés sont hétérogènes, c'est-à-dire soit qualitatifs (binaires ou composés de plusieurs états), soit quantitatifs. Finalement 26 caractères distincts, indépendants, subdivisés en 106 états binaires, ont été considérés. Les O.T.U. ont été numérotés en suivant l'ordre adopté dans Monod (1983), et les états de caractères de 1 à 106. Nous avons d'abord traité l'ensemble des données par une analyse factorielle des correspondances (Lebart & al., 1981; Programme Corres, Centre de calcul EPFL). Nous avons ensuite recherché des phénogrammes ou arbres de classification obtenus par les méthodes de "Minimum variance clustering" et "Complete linkage clustering" au Centre de calcul EPFL à Lausanne.

RESULTATS

INTERPRETATION DE L'ANALYSE FACTORIELLE DES CORRESPONDANCES.

Les diagrammes d'axes 1,2 et 1,3 sont représentés par les figures 1 et 2. Les axes 1, 2 et 3 n'expriment que 20% de la variance totale des O.T.U. Pour expliquer 50% de la variance totale, il est nécessaire de considérer les 13 premières valeurs propres correspondant aux 13 premiers axes factoriels. Ceci traduit une grande homogénéité de la famille. Sur les 2 diagrammes, les O.T.U. se répartissent en 2

groupes inégaux, un grand et un petit satellite : - Le petit groupe s'avère être formé par l'ensemble des espèces classées habituellement dans les genres Linospora et Pleuroceras (Barr 1978; Monod 1983) et une espèce d'Ophiognomonia. Ces espèces diffèrent des autres Gnomoniacées par des spores filiformes, un bec latéral (à l'exception de l'espèce du genre Ophiognomonia), ainsi que par une forte dépendance des Salicacées (100% des espèces chez Linospora, 80% des espèces chez Pleuroceras). - Le grand groupe est formé par l'ensemble des espèces à spores unicellulaires (genre Gnomoniella) ou bicellulaires dont la longueur n'excède pas 30 µm. La position du bec des périthèces et la position de la cloison transversale des spores sont variables. Des coupures dans ce grand groupe ne sont pas établies par les axes ultérieurs.

Les deux groupes comprennent des espèces dont les périthèces sont inclus dans une capsule stromatique.

L'isolement des espèces 30, 54, 14, 15, et 63, 76, 77, à la périphérie du grand nuage peut être facilement expliqué: 1.- Les espèces 76 et 77 font un trait d'union entre les deux nuages. Comme les espèces des genres Linospora et Pleuroceras, elles ont des spores filiformes, alors qu'elles se rapprochent d'un grand nombre d'autres Gnomoniacées par un bec central, par des plantes hôtes qui ne sont pas des Salicacées et par le fait qu'elles se développent relativement bien en culture en formant des fructifications. 2.- Les espèces 30 et 54 sont les seules qui ont plus de 8 spores par asque. De plus la présence d'une assise stromatique et l'absence de l'anneau apical de l'asque expliquent la position extrême de Gnomonia alpina (54). 3. Les espèces 14, 15 et 63 diffèrent des autres Gnomoniacées en ayant plusieurs anamorphes. D'autre part les espèces 14 et 63 sont les seules Gnomoniacées qui à notre connaissance se développent sur un grand nombre de plantes hôtes appartenant à des familles différentes (cf. Monod 1983). Sur les deux diagrammes représentés par les figures 1 et 2, les espèces que nous avons placées dans les genres Gnomoniella (nos 1-9), Apiognomonia (nos 10-22), Gnomonia (nos 24-66) et Plagiostoma (nos 67-74) sont dispersées, de même que les espèces des genres Apioplagiostoma, Hyospilina, et Mamiania (4 espèces au total) ne ressortent pas du nuage. Tous ces genres apparaissant comme indistincts en analyse factorielle doivent être pris a priori plus pour des genres pratiques que pour des taxons naturels. Toutefois, les 4 dernières espèces, 5 espèces du genre Plagiostoma, 10 du genre Apiognomonia ainsi que les 4 espèces parasites des genres Gnomoniella et Gnomonia se trouvent à droite ou à proximité de la ligne trai-

taille que nous avons tracée d'après le phénogramme numéro II (voir ci-dessous) alors que les espèces du genre *Gnomonia* et les espèces saprophytes du genre *Gnomoniella* se regroupent de l'autre côté. En somme l'ensemble des espèces ayant un bec latéral, des spores cloisonnées à une fraction plus petite que le quart de la longueur, ayant un stroma, qui sont parasites, ou ayant l'une des combinaisons de ces 4 caractères tendent à se dégager des espèces saprophytes des genres *Gnomonia* et *Gnomoniella*, mais sans qu'il n'apparaisse un clivage au sein du grand nuage. Ceci met en évidence les liens étroits et nombreux entre les espèces du genre *Gnomonia* et celles des autres genres des Gnomoniacées.

INTERPRETATION DU PHENOGRAMME OBTENU PAR LA METHODE DE "MINIMUM VARIANCE CLUSTERING"

Ce phénogramme est représenté par la figure 3. Nous désignons par A, B, C, D, E, F, les 6 groupes d'espèces qui y apparaissent de manière bien dégagée. A un premier niveau cette analyse confirme les deux nuages qui ressortaient avec l'analyse factorielle des correspondances. Le grand nuage comprend l'ensemble des groupes B, C, D, E, F, alors que le groupe A peut être identifié au petit nuage satellite. A un second niveau les espèces de Gnomoniacées à spores non filiformes se divisent en deux parties, respectivement formées par les groupes B, C et D, E, F.

La partie B, C rassemble 40 espèces généralement saprophytes à bec central dont les spores sont cloisonnées au milieu ou près du milieu de la longueur, et se développent bien en culture, appartenant donc pour la plupart au genre *Gnomonia*. Nous notons comme exception à cet ensemble de caractères *Gnomonia comari* et *G. cerastis*, parasites facultatifs, et *Apiognomonia acerina* et *A. righetii* qui sont apio-sporés. Le groupe B comprend deux espèces du genre *Ophiognomonia* et un ensemble homogène d'espèces se singularisant par des périthèces avec un bec allongé (états nos 19, 20), des spores effilées dont le coefficient L/l (Longueur/largeur) est plus grand que 6 (états 55, 56), des asques contenant 8 spores en faisceau munis d'un petit anneau apical de 1 à 2 μm . et formant de nombreux périthèces fertiles en cultures sur extrait de malt avec tout au plus quelques microconidies. Le groupe C comprend un ensemble d'espèces plus hétérogènes dont les périthèces ont un bec plus court, dont les spores de dimensions variables sont moins effilées, et dont les caractères en culture sur extrait de malt sont variables.

La partie D E F rassemble les espèces parasites, ne se développant

pas en culture sur extrait de malt, ayant un bec latéral et des spores cloisonnées près d'une extrémité, ou ayant l'une des combinaisons de cet ensemble de caractères. Seuls font exception Gnomoniella vasarii et G. microspora (apparentés à Apiognomonina borealis (les 3 espèces se développant sur Geranium), Gnomonia euphorbiacea qui est apparenté à G. euphorbiae (les 2 espèces se développant sur Euphorbia). Le groupe D est formé par l'ensemble des espèces parasites du feuillage des arbres. 10 espèces forment des acervules sur le limbe alors que 2 espèces (10, 83), ne forment que des périthèces sur feuilles vertes. 3 espèces (1, 2, 4) appartiennent au genre Gnomoniella, 7 - (10, 11, 12, 13, 14, 15, 16) au genre Apiognomonina, 1 (25) au genre Gnomonia, et 1 (83) au genre Mamiania.

Le groupe E comprend 7 espèces du genre Plagiostoma auxquelles se joignent les 4 espèces de Gnomonia mentionnées ci-dessus, ainsi que 3 espèces d'Apiognomonina. Le groupe F comprend un ensemble d'espèces à spores de grandes dimensions pour des Gnomoniacées ne se développant pas sur extrait de malt et n'étant pas connues pour leurs effets parasites. 8 espèces appartiennent au genre Gnomonia, 2 au genre Plagiostoma, 1 au genre Apioplagiostoma et 1 au genre Hypospilina.

Nous avons résumé ci-dessous par le tableau 1 comment les genres usuels des Gnomoniacées sont distribués au sein des groupes A-F. Nous avons séparé les espèces du genre Gnomonia se développant sur extrait de malt de celles qui ne se développent pas sur ce milieu de culture.

Sur les diagrammes d'analyse des correspondances, les ensembles de points auxquels correspondent les groupes A,B,C,D,E,F ne sont pas dispersés, mais sont enchevêtrés sans que l'on puisse les circonscrire au sein d'une frontière nette. Autrement dit, nous n'y voyons pas se dessiner les groupes mis en évidence par ce phénogramme. Les espèces 30, 54, 14, 15, 63 qui apparaissaient comme extrêmes à la périphérie du grand nuage de l'analyse factorielle des correspondances ne sont pas isolées mais sont en revanche bien intégrées dans les sous-groupes C et D. Seules les espèces 76 et 77 se trouvent quelque peu à l'écart dans le groupe B.

En conclusion, comme sur les diagrammes d'analyse factorielle des correspondances, il ressort que les genres des Gnomoniacées sont de manière générale dispersés et ne doivent pas être pris comme des taxons naturels. Cependant, la plupart des espèces des genres Apiognomonina et Plagiostoma ainsi que les 4 espèces des genres Apioplagiostoma, Mamiania, Hypospilina et les espèces parasites du genre Gnomoniella sont regroupées dans la partie D E F avec un ensemble de

Gnomonia à grosses spores et ne se développant pas en culture sur extrait de malt. L'ensemble des espèces figurant à droite de la ligne en traitillé des 2 diagrammes d'analyse factorielle se retrouve dans la partie D E F. Les tendances suivant lesquelles les espèces se répartissent en analyse factorielle sont donc confirmées par ce phéno-gramme.

TABLEAU 1

	A	B	C	D	E	F	
PLEUROCERAS	5	-	-	-	-	-	5
LINOSPORA	5	-	-	-	-	-	5
OPHIOGNOMONIA	1	2	-	-	-	-	3
GNOMONIA I *)	-	9	20	1	3	-	33
PHRAGMOPORTHE	-	-	1	-	-	-	1
GNOMONIELLA	-	-	4	3	2	-	9
APIOGNOMONIA	-	-	2	7	4	-	13
PLAGIOSTOMA	-	-	2	-	4	2	8
MAMIANIA	-	-	-	1	-	-	1
APIOPLAGIOSTOMA	-	-	-	-	1	1	2
HYPOSPILINA	-	-	-	-	-	1	1
GNOMONIA II **)	-	-	-	-	-	8	8
	11	11	29	12	14	12	89

*) se développant sur extrait de malt

***) ne se développant pas sur extrait de malt

INTERPRETATION DU PHENOGRAMME OBTENU PAR LA METHODE DE "COMPLETE LINKAGE CLUSTERING".

Ce phéno-gramme est représenté par la figure 4. Les groupes que nous avons désignés dans le phéno-gramme 1 par A,B et D apparaissent intégralement. 2 espèces du groupe F se joignent aux espèces de B et D. Les groupes C,E,F sont divisés en 2 ou 3 parties, mais les espèces des sous-groupes de 4ème ordre ne sont généralement pas dispersées. Le groupe A n'est pas séparé de l'ensemble des espèces des Gnomoniacées à un 1er niveau, mais est contenu dans l'une des 2 divisions principales et à peu près équivalentes du phéno-gramme. La 1ère division contient l'ensemble des Gnomoniacées qui ont un bec central et ne sont pas parasites du feuillage des arbres. Nous y trouvons le groupe B. Les autres groupes de cette division sont assez hétérogènes

et difficiles à caractériser. La 2ème division contient l'ensemble des Gnomoniacées à bec latéral, contenues dans une capsule stromatique ou qui sont parasites du feuillage. Les groupes de cette division sont assez hétérogènes et difficiles à caractériser. La 2ème division contient l'ensemble des Gnomoniacées à bec latéral contenues dans une capsule stromatique ou qui sont parasites du feuillage des arbres (groupe D). Seules font exception 2 espèces à bec central, *Gnomonia amoena* (28) et *G. pseudoamoena* (29), qui se joignent à ce dernier groupe. Trente-neuf espèces du genre *Gnomonia* sur 42 que nous avons considérées dans ce travail se retrouvent dans la première division avec 6 espèces d'*Apiognomonina*, 2 de *Plagiostoma* et *Ophiognomonina* et l'ensemble des espèces (6) de *Gnomoniella* dont les effets parasites ne sont pas connus. En revanche, 7 espèces sur 13 d'*Apiognomonina*, 6 espèces sur 8 de *Plagiostoma* ainsi que les 4 espèces des genres *Apioplagiostoma*, *Mamiania* et *Hypospilina* et les 3 espèces parasites de *Gnomoniella* se retrouvent dans la deuxième division avec les espèces de *Linospora* et *Pleuroceras*. A l'exception des espèces 28, 29 et 69, l'ensemble des Gnomoniacées à spores non filiformes de la 2ème division se trouve à droite de la ligne en traitillé que nous avons dessinée sur les 2 diagrammes d'analyse des correspondances. En définitive, ce clustering confirme la répartition des Gnomoniacées à spores non filiformes que nous avait présentée l'analyse factorielle des correspondances.

CONCLUSION DES ANALYSES NUMERIQUES

Deux groupes bien distincts apparaissent au sein de la famille des Gnomoniacées: Le premier comprend les espèces à spores filiformes et dont le bec des périthèces est latéral (ensemble des espèces des genres *Linospora* et *Pleuroceras*) ainsi qu'une espèce à spores filiformes dont le bec est central (*Ophiognomonina Langii*). Le deuxième comprend l'ensemble des espèces dont les spores sont tout au plus allongées, c'est-à-dire dont la longueur n'excède pas 30 µm. Deux espèces du genre *Ophiognomonina* ont une position intermédiaire. Au sein des Gnomoniacées à spores non filiformes, les espèces du genre *Gnomonia* rassemblées dans le groupe B forment un taxon homogène dont les caractères différentiels sont un bec central allongé et des spores 6 à 20 fois plus longues que larges. Ce groupe comprend la plupart des espèces qu'Auerswald (1869) a réuni sous *G. setacea* et qui comprend l'espèce type du genre *Gnomonia*, *Gnomonia gnomon*. Il nous semble difficile de définir pour les autres espèces des genres bien délimités.

Toutefois les espèces tendent à se répartir suivant leur réaction sur milieu d'extrait de malt corrélée respectivement à leur parasitisme ou leur saprophytisme, la position latérale ou centrale du bec des périthèces ainsi que dans une moindre mesure la position de la cloison transversale de la spore. Or les genres usuels des Gnomoniacées sont basés sur ces deux derniers caractères. Aussi, la plupart des espèces des genres Apiognomonina et Plagiostoma avec les espèces des genres Apioplagiostoma, Mamiania et Hypospilina tendent à se regrouper mélangées d'un côté, alors que les espèces du genre Gnomonia tendent à se regrouper d'un autre côté. Les espèces du genre Gnomoniella sont en revanche dispersées des deux côtés.

Les genres actuels des Gnomoniacées ne sont pas des taxa naturels. Ils doivent davantage être considérés comme des groupes d'espèces fondés sur un ou deux caractères morphologiques faciles à reconnaître, et présentant un côté éminemment pratique pour l'identification des espèces. Dans cette optique il est utile de conserver un système de genres qui nous permettent de ranger les espèces au sein de ce grand groupe des Gnomoniacées à spores non filiformes. Les analyses numériques mettent néanmoins en évidence qu'il est vain de vouloir multiplier ou conserver des genres pour des espèces ayant un caractère particulier, comme c'est le cas pour les genres Rehmiella, Sphaerognomonina, Melanopelta, et Ditopella, que nous nous étions empressés de supprimer (Monod 1983).

DISCUSSION

L'étroite dépendance des espèces des genres Linospora et Pleuroceras par rapport aux Salicacées, la grande ressemblance de leurs espèces quant à la morphologie de leur périthèces, des asques, des ascospores, ainsi que leur difficulté à se développer sur MA est frappante. Nous ne sommes pas étonnés que ces deux genres soient isolés par les analyses numériques.

Nous avons également observé que les espèces d'Apiognomonina étaient souvent parasites et se développaient mal sur MA (Monod 1983). Les analyses numériques ont mis en évidence que ces espèces tendaient à se regrouper avec l'ensemble des espèces apiosporées, à bec latéral, ayant une capsule stromatique ou ayant l'une des combinaisons de ces trois caractères.

Dans notre monographie, nous avons traité des espèces dont les périthèces étaient enfouis dans une capsule stromatique, car nous avons pensé intuitivement que ces espèces ne formaient pas un groupe

homogène, mais se rapprochaient indépendamment de l'un ou l'autre des genres sans stroma. Les analyses numériques le confirment: sur les diagrammes d'analyse factorielle, comme sur les phénogrammes, les espèces dont les périthèces sont inclus dans une capsule stromatique sont dispersées au sein de l'ensemble des espèces sans stroma. Il n'est donc pas judicieux de séparer des espèces (tout au moins au niveau de la famille) sur la base de ce caractère (cf. Wehmeyer 1975).

En définitive, malgré l'imperfection d'un tel travail due aux difficultés inhérentes au codage des caractères, les images de la famille des Gnomoniacées nous semblent cohérentes. Elles confirment dans les grandes lignes ce que nous avons perçu intuitivement. Les techniques de taxonomie numérique donnent des images d'un groupe qu'un spécialiste ayant longtemps travaillé sur le sujet pour récolter les caractères, et est de ce fait bien imprégné de sa matière, est mieux à même que quiconque de juger. Il ne faut pas attendre de ces techniques des miracles qui puissent d'un seul coup faire apparaître des taxa au sein d'un groupe très emmêlé, c'est-à-dire où un ensemble de caractères différentiels ne peut être trouvé pour un ensemble d'espèces. Cependant elles nous permettent, en pouvant intégrer l'ensemble des caractères des espèces (aussi bien morphologiques que physiologiques), d'être plus à l'aise pour porter un jugement sur les points suivants:

- La confirmation de taxa apparus intuitivement au spécialiste ou la confirmation de certaines tendances suivant lesquelles les espèces se répartissent.
- La non-valeur phylogénétique de genres "pratiques" basés sur un ou deux caractères faciles à reconnaître.
- Le bien-fondé d'inclure un ensemble d'espèces dans une famille ou de l'en écarter (cf. le problème des espèces dont les périthèces sont inclus dans une capsule stromatique).
- Le bien-fondé de conserver ou de supprimer tel ou tel genre basé sur un caractère particulier.

BIBLIOGRAPHIE

- ARX, v., J.A. (1951). Ueber die Gattung Laestadia und die Gnomoniaceen. - Antonie van Leeuwenhoek. 17 : 259-272.
- BARR, M.E. (1978). The Diaporthales in North America with emphasis on Gnomonia and its segregates. - Mycologia Memoir 7 : 1-232.
- CHADEFAUD, M. (1960). Traité de botanique systématique. -vol. I. Les végétaux non vasculaires. Ed. Masson, Paris: 1-1010.

- LEBART L., MORINEAU A., FENELON J. P. (1979). Traitement des données statistiques. Méthodes et programmes. -Ed. Bordas, Paris 1-510.
 MONOD M. (1983). Monographie taxonomique des Gnomoniaceae, Ascomycètes de l'ordre des Diaporthales.- Beihefte zur Sydowia IX.
 WEHMEYER, L.E. (1975). The pyromycetous fungi. - Mycologia Memoir 6: 1-250.

LISTE DES ESPECES (par genres)

1	Gnomoniella	tubaeformis	33	Gnomonia	trientensis
2	-	alnobetulae	34	-	intermedia
3	-	nana	35	-	emarginata
4	-	carpinea	36	-	betulina
5	-	ammanii	37	-	betulae-pubescentis
6	-	abortiva	38	-	setacea
7	-	vasarii	39	-	kisslingii
8	-	microspora	40	-	pruni
9	-	euphorbiae-verucosae	41	-	rosae
10	Apiognomonina	alniella	42	-	rubi
11	-	ostryae var. 1	43	-	rubi-idaei
12	-	- - 3	44	-	chamaemori
13	-	- - 4	45	-	norvegica
14	-	errabunda	46	-	fragariae
15	-	veneta	47	-	vesca
16	-	erythrostroma	48	-	comari
17	-	borealis	49	-	sentierensis
18	-	acerina	50	-	gei
19	-	petiolicola	51	-	skiftei
20	-	rigniacensis	52	-	gei-montani
21	-	rhododendri	53	-	sieversiae
22	-	righettii	54	-	alpina
23	Apioplagiostoma	carpinicolum	55	-	sanguisorbae
24	-	acerophyllum	56	-	geranii
25	Gnomonia	leptostyla	57	-	nantensis
26	-	nervisequa	58	-	euphorbiae
27	-	gnomon	59	-	euphorbiacea
28	-	amoena	60	-	tetraspora
29	-	pseudoamoena	61	-	palustris
30	-	ditopa	62	-	amygdalinae
31	Phragmoporte	conformis	63	-	cerastis
32	Gnomonia	alni-viridis	64	-	vallesiaca

65	Gnomonia	linaeae	77	Ophiognomonia	melanostyla
66	-	lonicerae	78	Pleuroceras	pleurosylum
67	Plagiostoma	alneum	79	-	rousseauii
68	-	arnstadtense	80	-	pseudoplatani
69	-	devexum	81	-	propinquum
70	-	tormentillae	82	-	groenlandicum
71	-	lugubre	83	Mamiania	fimbriata
72	-	robertiani	84	Hypospilina	pustula
73	-	bavaricum	85	Linospora	capreae
74	-	inclinatum	86	-	salicis-helveticae
75	Ophiognomonia	langii	87	-	salicis-reticulatae
76	-	padicola	88	-	arctica
			89	-	ceuthocarpa

LISTE DES CARACTERES ET DES ETATS DE CARACTERES

(abréviations: P.= périthèces A.= asques Asp.= ascospores)

A partir du caractère 5 y compris: seul l'état réalisé prendra la valeur 1, les autres prenant la valeur 0.

Caractère	Etat
1	1 P. sans stroma 2 P. munis d'un clypeus 3 P. sur une assise stromatique 4 P. inclus dans une capsule stromatique
2	5 P. enfoncés dans le substrat = 1; P. se dégageant du substrat = 0
3	6 P. convexes = 1; P. concaves = 0
4	7 P. sphériques = 1; P. elliptiques = 0
5	8 P. mesurant moins de 250 µm de diam. 9 Diamètre des P. mesurant 250-350 µm. 10 Diamètre des P. mesurant 350-450 µm. 11 Diamètre des P. mesurant 450-550 µm. 12 Diamètre des P. mesurant plus de 550 µm.
6	13 Ostiole des P. centrale

- 14 Ostiole des P. excentrique
- 15 Ostiole des P. latérale

- 7
 - 16 Hauteur du bec des P. inférieure à 150 μm .
 - 17 Hauteur du bec des P. mesurant 150-300 μm .
 - 18 Hauteur du bec des P. mesurant 300-600 μm .
 - 19 Hauteur du bec des P. mesurant 300-1000 μm .
 - 20 Hauteur du bec des P. supérieure à 1000 μm .
 - 21 Bec cylindrique = 1; Bec aplati transversalement à l'état sec = 0

- 9
 - 22 Epaisseur de la paroi périthéciale inférieure à 10 μm .
 - 23 Epaisseur de la paroi périthéciale mesurant 10-25 μm .
 - 24 Epaisseur de la paroi périthéciale supérieure à 25 μm .

- 10
 - 25 Paroi périthéciale de même épaisseur = 1; Paroi périthéciale plus épaisse sur les côtés des P. = 0

- 11
 - 26 A. contenant 2 spores
 - 27 A. contenant 4 spores
 - 28 A. contenant 4 grandes spores et 4 spores plus petites
 - 29 A. contenant 8 spores
 - 30 A. contenant plus de 8 spores

- 12
 - 31 A. dépourvus d'anneau apical
 - 32 Anneau apical mesurant 1 μm .
 - 33 Anneau apical mesurant 2 μm .
 - 34 Anneau apical mesurant 3 μm .
 - 35 Anneau apical mesurant 4-5 μm .

- 13
 - 36 Asp. sur 1 rang
 - 37 Asp. sur 2 rangs
 - 38 Asp. en faisceau
 - 39 Asp. désordonnées

- 14
 - 40 Asp. unicellulaires
 - 41 Asp. cloisonnées à une fraction plus petite que 1/4 de la longueur
 - 42 Asp. cloisonnées entre 1/4 et 1/2 de la longueur
 - 43 Asp. cloisonnées au milieu de la longueur
 - 44 Asp. formées de 3 cellules
 - 45 Asp. formées de 4 cellules

- 46 Asp. formées de plus de 4 cellules
- 15 47 Longueur moyenne des Asp. inférieure à 11 μm .
 48 Longueur moyenne des Asp. comprise entre 11 et 16 μm .
 49 Longueur moyenne des Asp. comprise entre 16 et 21 μm .
 50 Longueur moyenne des Asp. comprise entre 21 et 30 μm .
 51 Longueur moyenne des Asp. supérieure à 30 μm .
- 16 52 Asp. moins de 3.5 fois plus longues que larges
 53 Asp. 3.5-4.5 fois plus longues que larges
 54 Asp. 4.5-5.5 fois plus longues que larges
 55 Asp. 5.5-8 fois plus longues que larges
 56 Asp. 8-12 fois plus longues que large
 57 Asp. plus de 12 fois plus longues que larges
- 17 58 Asp. ne contenant pas de lipides
 59 Asp. contenant des petites gouttelettes lipidiques
 60 Asp. contenant de grosses gouttelettes lipidiques
- 18 61 Asp. munies d'appendices = 1
 Asp. sans appendices = 0
- 19 62 P. sur limbe
 63 P. sur pétiole
 64 P. sur nervures
 65 P. sur tiges
- 20 66 Substrat formant une collerette autour du bec des P.= 1
- 21 67 Famille des plantes hôtes: Aceraceae
 68 Anacardiaceae
 69 Betulae
 70 Corylae
 71 Caprifoliaceae
 72 Ericaceae
 73 Euphorbiaceae
 74 Fagaceae
 75 Geraniaceae
 76 Hippocastanaceae
 77 Juglandaceae
 78 Onagraceae

- | | | |
|----|-----|---|
| | 79 | Platanaceae |
| | 80 | Polygonaceae |
| | 81 | Rosaceae |
| | 82 | Salicaceae |
| | 83 | Tiliaceae |
| | 84 | Ulmaceae |
| 22 | 85 | Espèces saprophytes (ou dont les effets parasites ne sont pas connus) |
| | 86 | Espèces parasites dont les acervules se développent sur feuilles vivantes et les P. se forment et mûrissent sur feuilles mortes. |
| | 87 | Espèces parasites dont les P. se forment sur feuilles vivantes et mûrissent sur feuilles mortes. |
| | 88 | Espèces parasites du feuillage ne formant que des P. sur feuilles mortes. |
| | 89 | Espèces parasites sur tiges. |
| 23 | 90 | Anamorphes des genres <i>Cylindrosporella</i> , <i>Monostichella</i> , <i>Marssonina</i> , <i>Septogloeum</i> (acervules se trouvant entre l'épiderme et la cuticule des feuilles). |
| | 91 | Anamorphes du genre <i>Gloeosporidium</i> (acervules enfoncées dans l'épiderme). |
| | 92 | Anamorphes du genre <i>Septomyxa</i> . |
| | 93 | Anamorphes du genre <i>Sporonema</i> ou <i>Diplodina</i> |
| | 94 | Anamorphes du genre <i>Discula</i> . |
| | 95 | Anamorphes du genre <i>Libertina</i> . |
| 24 | 96 | Conidies unicellulaires |
| | 97 | Conidies cloisonnées à mi-longueur |
| | 98 | Conidies pluricellulaires |
| 25 | 99 | Espèces ne se développant pas en culture à 20°C. |
| | 100 | Espèces ne formant pas de fructification à 20°C. |
| | 101 | Espèce formant des P. à 20°C. |
| | 102 | Espèce formant des conidies à 20°C. |
| 26 | 103 | Espèce ne se développant pas en culture à 5°C. |
| | 104 | Espèce ne formant pas de fructification à 5°C. |
| | 105 | Espèce formant des P. à 5°C. |
| | 106 | Espèce formant des conidies à 5°C. |

LEGENDES DES FIGURES 1-4

Fig.1: Diagramme d'analyse factorielle des correspondances des O.T.U., axes 1 et 2.

○ = Gnomoniella

▲ = Apiognomonina

■ = Apioplagiostoma, Hypospilina ou Mamiania

→ = Plagiostoma

— = Ophiognomonina, Pleuroceras ou Linospora

Les espèces non accompagnées de symboles appartiennent au genre Gnomonia

Fig. 2 : Diagramme d'analyse factorielle des correspondances des O.T.U., axes 1 et 3.

Fig. 3 : Phénogramme dessiné par la méthode de "minimum variance clustering" utilisant les distances euclidiennes entre les O.T.U.

Fig. 4 : Phénogramme dessiné par la méthode de "complete linkage clustering" utilisant les distances euclidiennes entre les O.T.U.

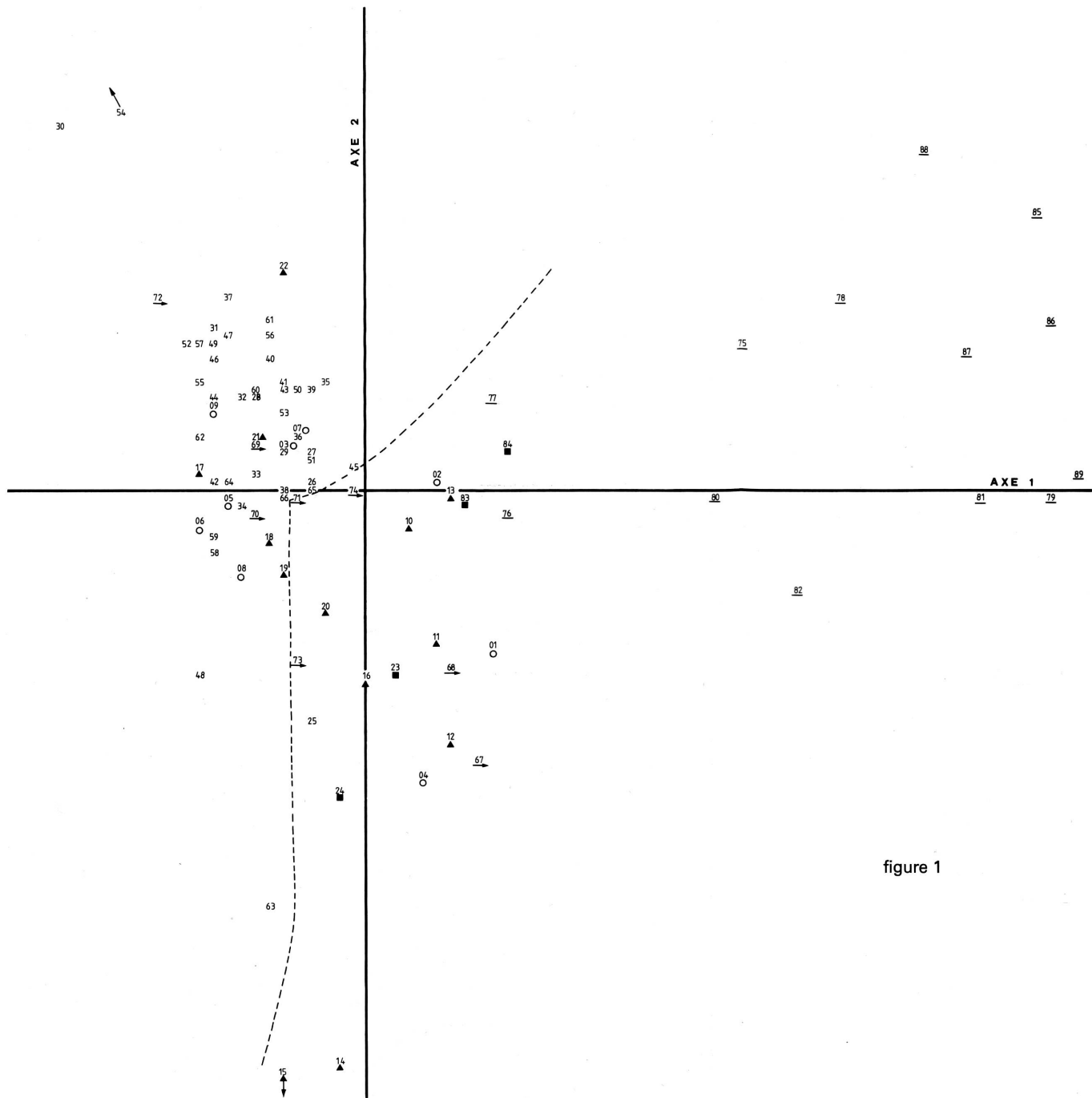


figure 1

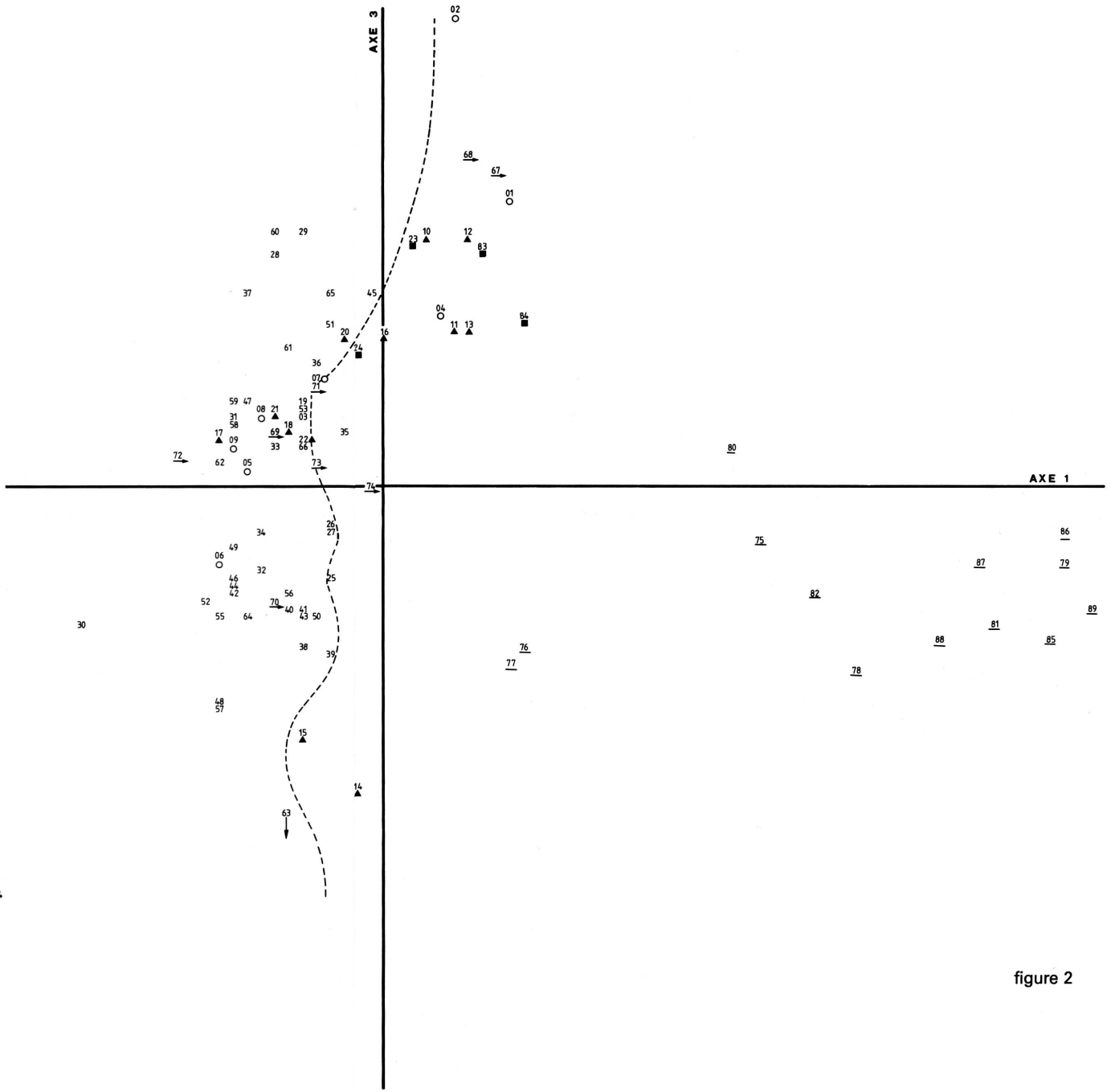


figure 2

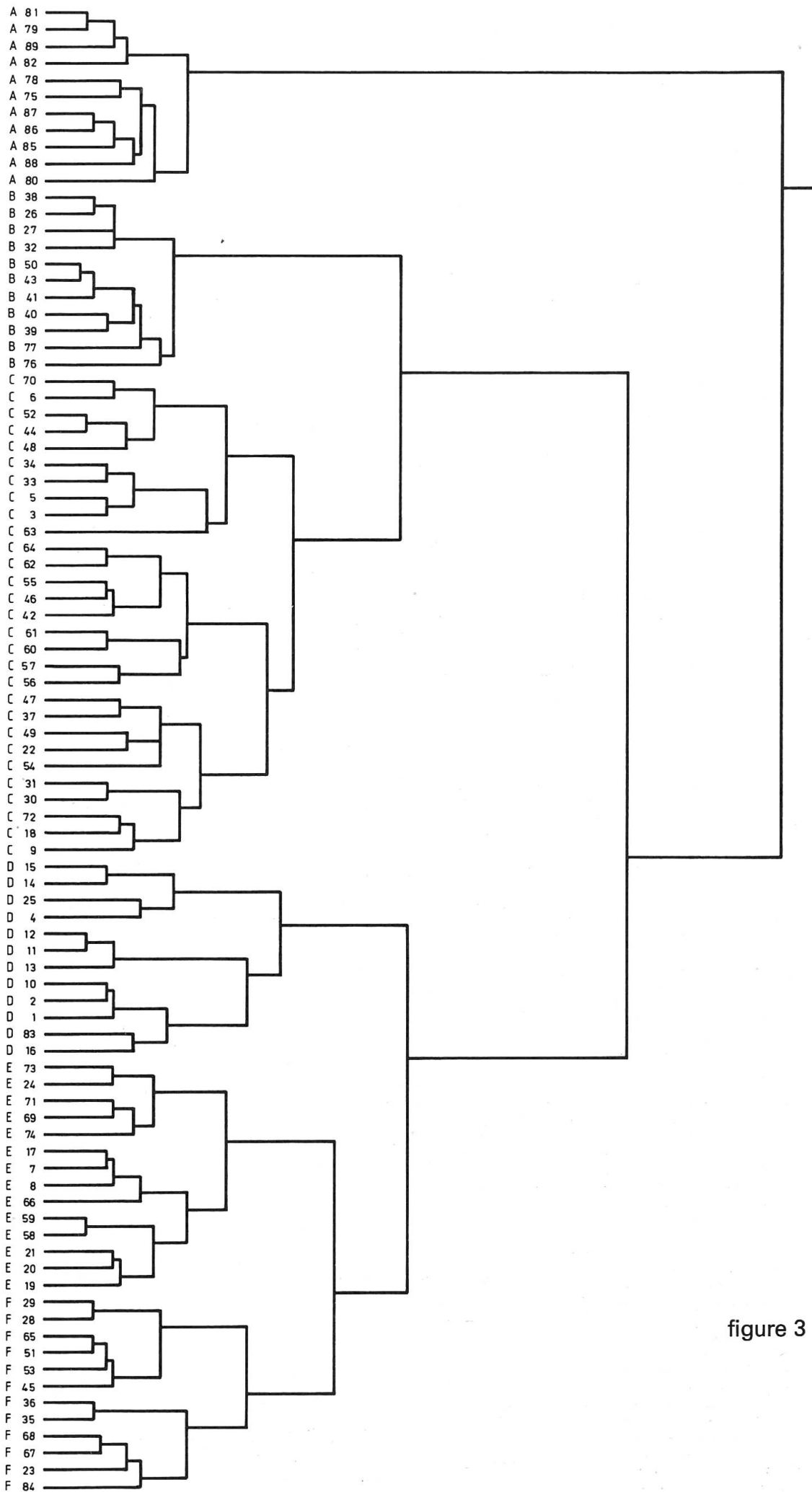


figure 3

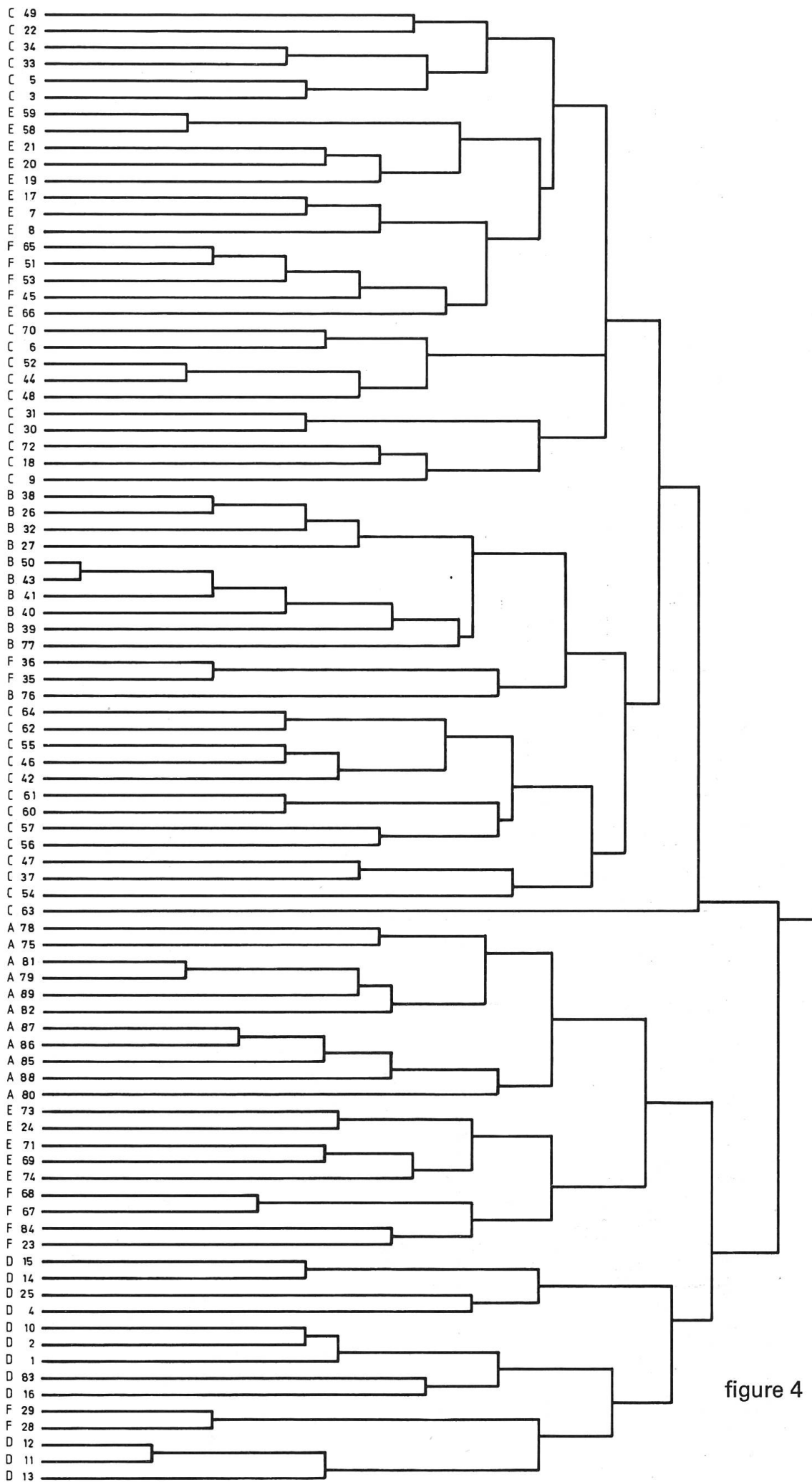


figure 4

MATRICE DES DONNEES

	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	1234567890	123456789	
1	1110111101	1111111111	1111111111	1111111111	1111111111	1110111111	1111111111	1111111111	1100000000
2	0001000010	0000000000	0000000001	1000000000	0000000000	0100010000	0000000000	0010000000	0000000000
3	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000
4	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0011111111
5	1111111111	0001111111	1111110111	1111111111	1111111101	1110111111	1111111111	1111111111	1111111111
6	1111111111	0001111111	1111110001	1111111111	1111111111	1111111111	1111111111	1011111111	1111111111
7	1111111111	1111110111	1100111111	1111001111	1111111111	1111101111	0111110000	1000101000	0010000000
8	0001100100	0001100010	0011111000	0100000100	0000000000	0000000000	0000011100	1010000001	0000000000
9	0110001001	1110011001	1100000000	0011000001	1100001010	0000000111	0111100011	0001101100	110100001
10	1000010010	0000000100	0000000000	0000010000	0011110101	0110110000	1000000000	0100000010	0010111000
11	0000000000	0000000000	0000000110	0000001010	0000000000	1001000000	0000000000	0000010000	0000000010
12	0000000000	0000000000	0000000001	1000100000	0000000000	0000001000	0000000000	0000000000	0000000000
13	1111111111	0001111111	1100111111	1111001111	1111111111	1111111111	1111110000	0000111000	0010000000
14	0000000000	1110000100	0000000000	0000110100	0000000000	0000000100	0000000000	0100000000	0000000000
15	0000000000	0000000000	0011000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000001111	1011000111	1101111111
16	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000100	0000000000	0000000000
17	0000110000	0001100011	1010000000	0000000000	0001000010	0000100111	1000000001	0010000000	0001001111
18	1100001101	1110011100	0001101001	1000001000	0100101100	1000010000	0101000010	1001000011	1100010000
19	0000000010	0000000000	0100010110	0011000100	0000010000	0111001000	0010110000	0100100100	0000100000
20	0010000000	0000000000	0000000000	0100110011	1010000001	0000000000	0000000000	0000011000	0010000000
21	1111111101	0001111011	1011110001	1111111111	1111111111	1111100111	1100111111	1011011000	0011001111
22	0000000000	0000000001	1001000000	0010000000	0000001000	0000000000	0000000000	0011000001	0000000000
23	1111001101	1111100000	0010111000	0101000110	1110110001	0010100001	1001011100	0000101110	1101111111
24	0000110010	0000011110	0100000111	1000111001	0001000110	1101011110	0110100011	1100010000	0010000000
25	1111111111	1111111011	1101111111	1111001111	0111111110	1111101111	1111110010	1011100111	1111111111
26	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000010
27	0100000000	0000000000	0000000000	0000001000	0000001000	0000000001	0000000000	0000000000	0000000000
28	0000010000	0000000000	0000000000	0000000000	0100000000	0000100000	0000000000	0000000000	0000000000
29	1011101111	1111111111	1111111110	1111110111	1011110111	1110011110	1111111111	1111111111	1111111101
30	0000000000	0000000000	0000000001	0000000000	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000

31	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0011000000	0000000000	0000000000	0000000000
32	0010110101	0000000000	0100011000	0111000101	1110111111	0100101000	1101000011	0000011001	0000000010
33	0001001000	0010000011	1000000010	0000000010	0000100000	1000010111	0010110000	1001100110	1000110011
34	0000000010	1001111100	0010100101	1000111000	0000000000	0000000000	0000000000	0110000000	0111001000
35	1100000000	0100000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000001100	0000000000	0000000000
36	0100000000	0000000000	0000000000	0000001000	0000001000	0000000001	1000000000	0000000000	0000000000
37	1011111111	1111111111	1111100110	1011010000	0101110110	1110100110	0111111111	1111000000	0111000000
38	0000000000	0010000000	0000011000	0100100111	1010000001	0000011000	0000000000	0000111111	1000111111
39	0000000000	0000000000	0000000001	0000000000	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000
40	1111111110	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000010
41	0000000001	0101110100	0011000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000
42	0000000000	1010001011	1100000000	0000000011	0001000100	0101100000	0000000001	0100001001	0000000000
43	0000000000	0000000000	0000111111	0111111100	1110111011	1010011111	1111111110	1011010000	0001000000
44	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000001000	0100000000
45	0000000000	0000000000	0000000000	1000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000100000	0000000000
46	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000010	1000111011
47	0010110100	0000000000	0000000000	0010000000	0000001100	0000000000	0000000011	0000000000	0010000000
48	0000000001	0000000010	0000000000	0101000100	0001000010	0101000100	0001000000	0010000000	0000000000
49	1101001000	1111111001	1011010010	0000000011	0110000001	1010111011	1110111000	0001000000	0000000000
50	0000000010	0000000100	0100101101	1000111000	1000110000	0000000000	0000000100	1100000000	0001000000
51	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000111111	1100111111
52	1110000001	0001000000	0000000000	1010001000	0000100000	0000000001	1000000000	0000000000	0010000000
53	0001101110	0000111111	1111000010	0000000000	0000000000	1010000110	0000101010	1010000000	0000000000
54	0000010000	1100000000	0000000000	0001010000	0001001110	0101000000	0000000101	0100000000	0000000000
55	0000000000	0000000000	0000100101	0100000000	0100010000	0000100000	0101000000	0001000000	0001000000
56	0000000000	0010000000	0000011000	0000100111	1010000001	0000011000	0010010000	0000000000	0100000000
57	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000111111	1000111111
58	1111100011	0000000000	0100000000	1011000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000001101	0000010111
59	0000010000	1111110100	0000111001	0100111111	1111011111	1010111000	0011000001	0001110010	1110101000
60	0000001100	0000001011	1011000110	0000000000	0000100000	1010000111	1100111110	1110000000	0001000000

61	0000000000	1110010000	0000011110	0100110101	1111011101	1111111001	1111111111	0011011111	1001111110
62	1111101101	1111111101	0111111000	0111111101	1111101101	1110000000	0010111110	1011111111	1111111111
63	0010101100	1111101011	0011011111	1111101111	1011010101	0011000000	0010001110	0001011000	0000000000
64	0010101100	1111101001	0011111111	1111101111	1111100111	1110000000	0010111110	1001011000	0000000000
65	0000011110	0000001001	1000000001	1100000000	0110010100	0101111111	1111000011	0100000000	0000000000
66	0000000000	0000000000	0000000110	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
67	0000000000	0001000100	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0011000001	0000000000
68	0000000000	0000000000	0100000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
69	1110000001	0000000000	0010010001	1111111000	0000000000	0000000000	0000001000	0000000000	0000000000
70	0001000000	1110000000	0000011110	0000000000	0000000000	0000000000	0010000100	0000000000	0010000000
71	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000110000	0000000000	0000000000
72	0000000000	0000000000	1000000000	0100000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
73	0000000010	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000111	1100000000	0000000000	0000000000
74	0000000000	0001000000	0000000000	0000000110	0000000000	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
75	0000001100	0000001000	0000000000	0000000000	0000000000	0000011000	0000000000	0100000000	0000000000
76	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
77	0000000000	0000000000	0000100000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
78	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000100	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000
79	0000000000	0000100000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
80	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000010	0000000000	0000000000
81	0000110000	0001010000	0000000000	0000000001	1111111111	1111100000	0010000001	0000010000	0000000000
82	0000000000	0001000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000100110	1100111111
83	0000000000	0001000010	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000001000	0000000000
84	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
85	0010111110	0000001110	1111011111	1111111111	1111111111	1111111111	1111100111	1111101100	000101110
86	1001000000	1101110000	0000100000	0000000000	0000000100	0000000000	0010001000	0000010010	110000001
87	0100000001	0010000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	001010000
88	0000000000	0000000001	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000001	0000000000
89	0000000000	0001100001	0000000000	0000000000	0100000100	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
90	1001000000	1100000000	0000100000	0000000000	0000000000	0000000000	0000001100	0000010010	110000001

91	0000000000	0001100000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
92	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
93	0000000000	0001100000	0000000000	0000000000	0000000100	0000000000	0010000000	0000000000	0000000000
94	0000000000	0001100000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
95	0000000000	0000010000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000
96	1001010110	1101110000	0001110000	0011000100	0000000100	0000000110	0111001101	0010010010	1100000001
97	0000000000	0000000000	0000100000	0000000000	0000000000	0000001000	0010000000	0000000000	0000000000
98	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000000	0000000010	1000000000
99	1100000001	1110010011	0010000110	0000110000	0000100000	1010000000	0000101100	0000100011	--110110-
100	0000001010	0000000100	0100000001	1010001011	0000001010	0001001000	1101000000	0101000100	--001001-
101	0010100000	0000001000	1000111000	0101000100	1111010101	0100110000	0010010010	1000001000	--000000-
102	0001010000	0001100000	0001100000	0001000000	0000000100	0000000110	0000000001	0010010000	--000000-
103	1100000001	1110010011	0010000110	0000110000	0000100000	1010000000	0000101100	0000100011	--110110-
104	0000001000	0000000000	1100000000	0000000000	0000000010	0000000000	1000000000	0000000000	--001001-
105	0010100010	0000001100	0001111001	1111001111	1111011101	0101110010	0111010011	1111001100	--000000-
106	0001010110	0001100000	0001100000	0011000000	0000000100	0000000110	0111000001	0010010000	--000000-