# Diversité et partage des communautés mycorhiziennes au sein de bananeraies soumises à différentes pratiques agronomiques en Martinique

**JULAN Coralie (1), VINCENT Bryan (1), COULIS Mathieu (2), HANNIBAL Laure (3), BÂ Amadou (4), GALIANA Antoine (1)**

1. CIRAD, UMR LSTM, Campus Agro-Environnemental Caraïbe, Martinique, France - 2. CIRAD, UR GECO, Campus Agro-Environnemental Caraïbe, Martinique, France - 3. IRD, UMR LSTM, Campus Agro-Environnemental Caraïbe, Martinique, France - 4. Laboratoire de Biologie et Physiologie Végétales, Université des Antilles, Guadeloupe, France

antoine.galiana@cirad.fr

Dans le contexte actuel de transition agroécologique, l'intégration de légumineuses de service en jachère ou en association au sein des systèmes bananiers est l'un des outils majeurs permettant d'améliorer naturellement à la fois la fertilité des sols et le contrôle des plantes adventices et des bioagresseurs. Ces propriétés, qui permettent de réduire l'utilisation d'intrants chimiques polluants et coûteux, sont principalement dues à leur double association symbiotique avec les bactéries fixatrices d'azote (rhizobium) et les champignons mycorhiziens à arbuscules (CMAs) qui facilitent le transfert de nutriments entre plantes associées. Afin d'étudier le rôle et la contribution des CMAs dans la gestion durable des bananeraies, nous avons analysé l'effet de différentes pratiques agronomiques sur les taux de mycorhization, la diversité et le partage des communautés de CMAs associées aux bananiers et aux espèces de plantes compagnes.

Ces analyses ont été réalisées au sein d'un essai au champ du programme de recherche BANABIO (projet Ecophyto/UR GECO CIRAD) en Martinique. Dans ce dispositif en blocs, trois modes de gestion agronomique sont testés : Culture Conventionnelle avec intrants chimiques ; Culture Biologique avec fertilisation organique et Culture Agroforestière avec fertilisation organique et intégration de légumineuses ligneuses (Inga ingoides et Indigofera zollingeriana) et de cacaoyers. Des racines ont été échantillonnées et conditionnées pour évaluer les taux de mycorhization (F% et I%) et la diversité des CMAs par séquençage haut débit du gène ADNr 18S (Illumina Seq).

Le mode de gestion n'a pas eu d'effet significatif sur les taux de mycorhization qui restaient élevés dans tous les traitements et chez toutes les espèces analysées. L'analyse des séquences a montré une grande diversité de CMAs sur l'ensemble de l'essai avec environ 1600 OTUs identifiés dont une majorité appartenaient aux Glomeraceae et étaient répartis dans 7 genres où Rhizophagus dominait (28% des séquences). Les diversités alpha des communautés de CMAs des trois traitements n'étaient pas significativement différentes à l'inverse des diversités béta entre Cultures Agroforestières et Conventionnelles. Un faible partage des communautés de CMAs était également observé entre celles associées aux bananiers et celles des espèces accompagnatrices dans les différents traitements.

Une nouvelle analyse est nécessaire pour étudier un effet éventuel de la saison sur la diversité et le partage des communautés de CMAs au sein de ces systèmes bananiers.

***Mots clés*** : agroforesterie, champignons mycorhiziens à arbuscules, séquençage haut débit, transition agroécologique.