

DIVERSITE DES RHIZOBACTERIES DE LA RHIZOSPHERE DES GENOTYPES D'ANACARDIER (*Anacardier occidentale* L.) TOP 24 DE LA STATION DE RECHERCHE DE LATAHA (CNRA) ET CARACTERISATION DE LEUR POTENTIEL DANS LA PROMOTION DE LA CROISSANCE DES PLANTES (PGPR)

Abstract

Rhizobacteria play a major role in the functioning of agricultural ecosystems by contributing to plant nutrition and growth. However, information regarding the diversity and functional properties of bacteria associated with cashew genotypes in plot Top 24 in Lataha remains limited. This study aimed to characterize these bacterial communities and assess their potential as plant growth-promoting bacteria (PGPR). Rhizosphere soil samples were collected from cashew genotypes in plot Top 24 and from citrus trees located on the periphery. The physicochemical properties of the soils were determined, and bacteria were isolated on LB and characterized by Gram staining and biochemical tests. The main PGPR traits evaluated included phosphate solubilization, the production of indole-3-acetic acid (IAA), ammonia (NH₃), and hydrocyanic acid (HCN), atmospheric nitrogen fixation, as well as nitrate reductase and urease activities. The soils studied were generally acidic (pH ranging from 3.71 to 5.24) with variations in moisture and electrical conductivity depending on the rhizosphere. Twenty-five bacterial isolates were obtained, including 21 from cashew genotypes and 4 from citrus. The majority of the strains were Gram-negative bacilli and exhibited catalase and oxidase activity. PGPR assays revealed no phosphate solubilization or HCN production, while several isolates produced AIA and a high proportion exhibited nitrogen-fixing ability and nitrate reductase activity. All isolates produced ammonia, whereas urease activity was detected in only a single isolate. The rhizospheres of the cashew genotypes studied harbor bacteria exhibiting physiological diversity and promising PGPR potential, particularly in relation to AIA production, nitrogen fixation, and ammonia production. These results provide a valuable basis for selecting candidate strains for the development of biofertilizers suited to the sustainable management of cashew cultivation.

Keywords: Rhizosphere, PGPR, Cashew, Biofertilization, Diversity

Introduction

Les rhizobactéries constituent un ensemble de bactéries qui vivent en étroite association avec les racines des plantes et jouent un rôle majeur dans le fonctionnement des écosystèmes pédoclimatiques (Mendes *et al.*, 2013). Dans la zone péri-racinaire, ces micro-organismes participent à la mobilisation des nutriments, à la régulation des interactions sol-plante, et influencent directement la croissance et la santé des végétaux. Leur diversité et leurs fonctions ont suscité un intérêt croissant dans les domaines de l'agriculture durable et de l'agroécologie, car certaines souches ont démontré un potentiel significatif comme promoteurs de croissance des plantes, souvent désignées sous l'acronyme PGPR (*Plant Growth-Promoting Rhizobacteria*) (Tardy, 2014 ; Shrivastava, 2017 ; Basu *et al.*, 2021 ; Hasan *et al.*, 2024 ; de Andrade *et al.*, 2023). Chez les cultures pérennes comme l'anacardier (*Anacardium occidentale* L.), la composition de la communauté rhizosphérique est façonnée par des facteurs multiples, incluant le type de sol, l'état physiologique de la plante, les pratiques culturales et les interactions microbiennes (Balogoun *et al.*, 2015). Une compréhension fine de cette diversité bactérienne est essentielle pour identifier les isolats possédant des propriétés fonctionnelles intéressantes, telles que la solubilisation du phosphore, la production d'hormones végétales ou la suppression de pathogènes (Çakmakçi, 2005 ; Herridge *et al.*, 2008 ; Sharma *et al.*, 2013 ; Fahad *et al.*, 2015). Ces traits biochimiques confèrent aux PGPR leur capacité à stimuler la croissance végétale et à renforcer la tolérance des plantes aux stress

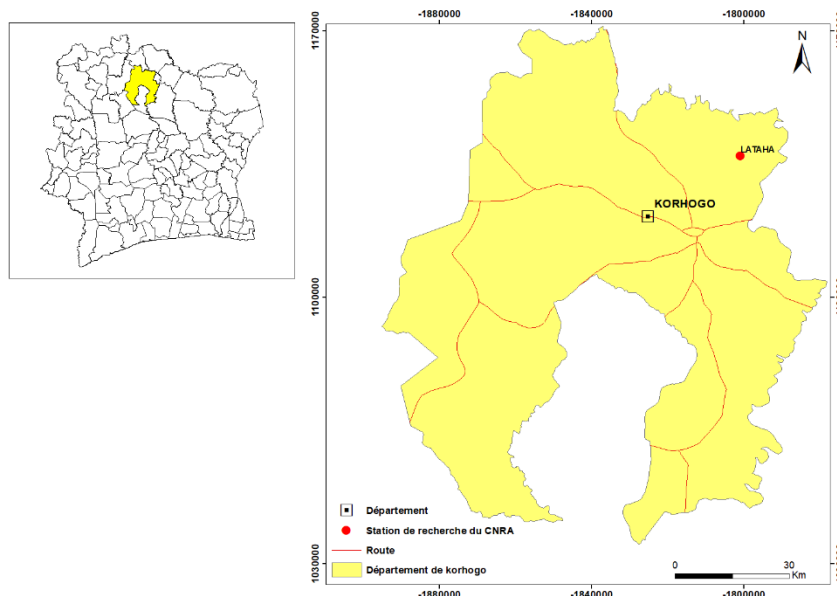
biotiques et abiotiques, ouvrant des perspectives pour la réduction des intrants chimiques et l'amélioration des systèmes de production (Kamle *et al.*, 2020). Bien que des recherches aient été conduites sur la diversité microbienne associée à d'autres cultures tropicales, les connaissances spécifiques sur les rhizobactéries de l'anacardier restent fragmentaires, en particulier dans les contextes pédoclimatiques de Côte d'Ivoire (Ouattara *et al.*, 2019 ; Aloo *et al.*, 2021 ; Jeanne *et al.*, 2023). De plus, à notre connaissance, aucune étude n'a caractérisé la diversité rhizobactérienne des génotypes d'anacardier top 24 du Centre National de Recherche Agronomique (CNRA) en cours de vulgarisation, ce qui constitue un manque important pour la compréhension des interactions plante-microorganismes et la mise en œuvre de pratiques agroécologiques. Dans cette perspective, l'analyse de la diversité rhizobactérienne à l'échelle de génotypes d'anacardier constitue un cadre d'étude pertinent pour mieux appréhender des approches de production agroécologique de l'anacardier. Ainsi, les génotypes d'anacardier top 24 influencent-ils la diversité et la structuration des communautés rhizobactériennes en conditions pédoclimatiques ivoiriennes ? Une exploration détaillée de ces communautés, couplée à l'évaluation de leur potentiel PGPR, est donc un préalable indispensable à l'identification de bio-inoculants locaux adaptés aux contraintes et opportunités des systèmes agricoles ivoiriens.

L'objectif de ce travail est de caractériser la diversité des rhizobactéries des génotypes d'anacardier top 24 de la station de recherche du CNRA de Lataha. L'étude met également en exergue le potentiel fonctionnel de ces isolats en tant qu'agents promoteurs de croissance des plantes, en tenant compte de leurs traits biochimiques et physiologiques.

Matériel et méthodes

Collecte d'échantillons de sols

La présente étude a lieu à la Station de Recherche du CNRA de Lataha, située dans le nord à 22 km de la ville Korhogo, dans la région des Savanes, au nord de la Côte d'Ivoire (Figure 1). Les échantillons de sol rhizosphérique ont été prélevés selon une disposition régulière, en fonction de chaque pied d'anacardier, permettant une couverture homogène de la parcelle et une bonne représentativité du sol de la rhizosphère. Par ailleurs, un échantillonnage complémentaire a été réalisé en périphéries de ladite parcelle, précisément à 500 m, aux pieds de quelques arbres d'agrumes situés à proximité immédiate. Au total, 75 échantillons de sol rhizosphérique ont été prélevés à des profondeurs de 5, 10 et 15 cm, puis emballés dans des sacs en polyéthylène et correctement étiquetés afin de constituer des échantillons composites représentatifs (Sébastien et Richard, 2013).



Analyses physicochimiques des sols rhizosphériques

Les caractéristiques physicochimiques des sols étudiés ont été déterminées à l'aide des techniques suivantes (Tellen et Yerima, 2018) :

- Le pH : mesuré au pH-mètre à lecture directe sur une suspension sol/eau de 1/2,5.
- L'humidité (H) : déterminée par la différence entre 5 g de sol humide et séchés à 105 °C.
- La conductivité électrique (CE) : mesurée au salinomètre à partir d'extrait de sol dilué au 1/5.

Isolement et identification de rhizobactéries

Les bactéries rhizosphériques ont été isolées à partir des échantillons de sol selon la méthode décrite de Kumar *et al.* (2016). 10 g de chaque échantillon ont été prélevés dans un Erlenmeyer contenant 90 ml d'eau peptonée stérile à 0,1 %. Après agitation vigoureuse pendant 10 à 15 min afin d'homogénéiser la suspension et de libérer les bactéries présentes dans le sol, une aliquote de 0,1 ml de la dilution appropriée (10^{-4} à 10^{-7}) a été étalée sur les boîtes de Pétri contenant le milieu LB agar. Les boîtes de Pétri ont ensuite été incubées à 37 °C pendant 24 à 48 h selon la croissance des bactéries rhizogènes. À l'issue de l'incubation, les colonies distinctes ont été repiquées sur un milieu LB agar frais afin d'obtenir des cultures pures, puis une partie de celles-ci ont été conservées à long terme dans une solution de glycérol à 40 % à -80 °C. Un examen microscopique des isolats bactériens a été réalisé après la coloration de Gram afin de distinguer les bactéries Gram positif et Gram négatif. Par la suite, plusieurs tests biochimiques et enzymatiques ont été réalisés afin de mieux caractériser les isolats, en particulier les tests de catalase, d'oxydase, de fermentation du mannitol et de mobilité bactérienne (Benkahoul *et al.*, 2017).

Évaluation des traits promoteurs de la croissance des plantes (PGPR) des bactéries

Les traits PGPR des isolats bactériens ont été évalués à travers leur capacité à solubiliser le phosphate inorganique, fixer l'azote atmosphérique, produire l'acide indole-3-acétique (AIA), l'ammoniac (NH_3) et l'acide cyanhydrique (HCN), ainsi qu'à exprimer les activités nitrate réductase et uréase, selon des méthodes standard décrites dans la littérature.

La solubilisation du phosphate a été testée sur milieu Pikovskaya supplémenté en phosphate tricalcique insoluble. Après incubation à 30 °C pendant 7 jrs, les isolats présentant un halo clair autour des colonies ont été considérés comme positifs. L'indice de solubilisation a été calculé à partir du diamètre de la colonie et de la zone de clarification (Ahmad *et al.*, 2016).

La production d'AIA a été mise en évidence sur milieu LB additionné de tryptophane, suivie d'une révélation au réactif de Salkowski. L'apparition d'une coloration rose à rouge a traduit une production positive d'AIA (Gusmiaty *et al.*, 2019).

La capacité de fixation de l'azote a été déterminée par la croissance des isolats sur un milieu dépourvu de source azotée après incubation à 30 °C pendant 72 h (Slimani *et al.*, 2022).

Les activités nitrate réductase et uréase ont été évaluées respectivement sur bouillon nitraté et milieu enrichi en urée, puis interprétées à partir des changements de coloration observés après ajout des réactifs appropriés (Delarras, 2007 ; Goswami *et al.*, 2014).

La production de HCN a été détectée sur gélose TSA supplémentée en glycine à l'aide d'un papier filtre imprégné d'acide picrique et de carbonate de sodium. Le changement de coloration du jaune au brun-orange a indiqué une production positive de HCN (Rfaki *et al.*, 2020).

La production de NH_3 a été évaluée dans un bouillon peptoné après ajout du réactif de Nessler. La formation d'une coloration jaune à brun a révélé une production positive de NH_3 (Dinesh *et al.*, 2015).

Analyses statistiques

Les données obtenues ont été analysées à l'aide du logiciel R version 4.5.1. Les paramètres physicochimiques des sols ont été comparés entre rhizosphères par une analyse de variance (ANOVA) ou un test de Kruskal-Wallis lorsque les conditions d'application de l'ANOVA n'étaient pas respectées, au seuil de 5 %.

Résultats

Caractéristiques physicochimiques des sols échantillonnés

Les résultats des valeurs de pH, de l'humidité et de la conductivité électrique de la rhizosphère des géotypes top 24 sont présentés par le tableau 1. Les caractéristiques physicochimiques des sols rhizosphériques des géotypes top 24 ont révélé une acidité globale des sols, avec des valeurs de pH variant de fortement à modérément acides (3,71 à 5,24). L'humidité relative et la conductivité électrique ont également présenté des variations selon les rhizosphères étudiées. Les teneurs en humidité les plus élevées ont été observées dans certaines rhizosphères de géotypes top 24, notamment BTNYD1 (13,7 %) et KK38 (13,5 %) tandis que la conductivité électrique est restée globalement faible à modérée dans l'ensemble des échantillons.

Tableau I : Paramètres physico-chimiques des rhizosphères

Echantillon	Origine	pH	H (%)	CE (µS/cm)
A1	RGA	3,75 ± 0,17fg	4,92 ± 0,40jk	10,4 ± 1,06ab
A2KONI	RGA	3,86 ± 0,11defg	7,78 ± 0,40fghi	17,2 ± 0,16ab
BTNYD1	RGA	4,04 ± 0,11cdefg	13,7 ± 0,57a	14,6 ± 0,40ab
BTNYD2	RGA	4,18 ± 0,09cdefg	12,3 ± 0,21ab	44,8 ± 0,90a
KK33	RGA	4,28 ± 0,11cdef	6,93 ± 0,07hi	10,4 ± 0,31ab
KK36	RGA	4,12 ± 0,14cdefg	9,40 ± 0,33cdefg	5,75 ± 0,29b
KK37	RGA	4,42 ± 0,18bc	10,9 ± 0,37bc	10,0 ± 0,38ab
KK38	RGA	3,71 ± 0,20g	13,5 ± 1,14a	6,76 ± 0,51ab
N1KONI	RGA	4,03 ± 0,26cdefg	12,8 ± 0,90ab	15,8 ± 0,70ab
N 40	RGA	5,06 ± 0,06a	6,73 ± 0,17hij	8,85 ± 0,28ab
PK18	RGA	3,88 ± 0,15cdefg	10,0 ± 0,57cde	11,8 ± 0,43ab
PK19	RGA	4,32 ± 0,05bcde	4,04 ± 0,18k	9,03 ± 0,53ab
PK20	RGA	3,84 ± 0,28efg	9,98 ± 0,65cde	11,2 ± 0,53ab
PK21	RGA	4,26 ± 0,04cdefg	8,11 ± 0,25efghi	7,12 ± 0,35ab
PK23	RGA	3,87 ± 0,29cdefg	6,55 ± 0,10ij	8,96 ± 0,54ab
POK24	RGA	4,03 ± 0,347cdefg	7,83 ± 0,50fghi	8,42 ± 0,51ab
POK25	RGA	4,33 ± 0,12bcde	6,43 ± 0,29ij	5,69 ± 0,14b
TPTO1	RGA	4,18 ± 0,09cdefg	8,62 ± 0,39defgh	14,1 ± 0,39ab
TPTO2	RGA	4,86 ± 0,14ab	7,82 ± 0,36fghi	8,8 ± 0,58ab
W12	RGA	4,40 ± 0,08bcd	9,77 ± 0,24cdef	12,7 ± 0,57ab
W9	RGA	4,08 ± 0,14cdefg	9,38 ± 0,53cdefg	7,67 ± 0,15ab
YKKF1RF	RGA	3,84 ± 0,32defg	9,59 ± 0,64cdef	13,4 ± 0,50ab
YKKF2RF	RGA	5,24 ± 0,17a	10,2 ± 0,40cd	17,1 ± 0,51ab
ZF34	RGA	3,89 ± 0,05cdefg	6,57 ± 0,26ij	8,17 ± 0,88ab
PA	RPA	5,02 ± 0,20a	7,46 ± 2,13ghi	40,5 ± 14,0a
<i>p-value</i>		0,000		

pH : potentiel hydrogène ; H : humidité relative ; CE : conductivité électrique ; RGA : rhizosphère de géotypes d'anacardier ; RPA : rhizosphère de pieds d'agrumes

Distribution des isolats bactériens en fonction des rhizosphères

Les données relatives à la répartition des isolats bactériens par rhizosphère des différents génotypes sont regroupées dans le tableau 2. Au total, 25 isolats bactériens ont été obtenus à partir des sols rhizosphériques échantillonnés, dont 21 issus des génotypes d'anacardier de la parcelle top 24 et 4 provenant des rhizosphères des agrumes situés en périphérie de ladite parcelle (Tableau II). La distribution des isolats a varié selon les génotypes étudiés. Certaines rhizosphères n'ont fourni aucun isolat bactérien, tandis que d'autres ont présenté une diversité plus importante, notamment le génotype KK33 qui a enregistré le nombre le plus élevé d'isolats (4 isolats). Les souches isolées ont été codifiées en fonction de leur origine rhizosphérique afin de permettre leur identification individuelle.

Tableau II : Effectif des souches bactériennes par rhizosphère

Échantillons	Sources	Nombre d'isolats (n)	Codes d'isolats
A1	RGA	1	A1-1
A2KONI	RGA	0	-
BTNYD1	RGA	1	BTNYD1-1
BTNYD2	RGA	0	-
KK33	RGA	4	KK33-1, KK33-2, KK33-3, KK33-4
KK36	RGA	0	-
KK37	RGA	0	-
KK38	RGA	1	KK38-1
N1KONI	RGA	1	N1KONI-1
N°40	RGA	0	-
PK18	RGA	1	PK18-1
PK19	RGA	1	PK19-1
PK20	RGA	1	PK20-1
PK21	RGA	0	-
PK23	RGA	1	PK23-1
POK24	RGA	2	POK24-1, POK24-2
POK25	RGA	2	POK25-1, POK25-2
TPTO1	RGA	1	TPTO1-1
TPTO2	RGA	0	-
W12	RGA	2	W12-1, W12-2
W9	RGA	0	-
YKKF1RF	RGA	1	YKKF1RF-1
YKKF2RF	RGA	0	-
ZF34	RGA	1	ZF34-1
PA	RPA	4	PA-1, PA-2, PA-3, PA-4

RGA : rhizosphère de génotypes d'anacardier ; RPA : rhizosphère de pieds d'agrumes

N = 25 isolats bactériens

Caractéristiques microscopiques des isolats bactériens

Les observations microscopiques après coloration de Gram des isolats bactériens ont révélé une prédominance de formes bacilles (allongées en bâtonnet), représentant 23 des 25 souches étudiées, tandis que les isolats KK33-3 et KK33-4 ont présenté une morphologie cocci (Tableau III). La majorité des bactéries ont été observées sous forme isolée. Seuls les isolats KK33-1, N1KONI-1 et PA-2 ont été disposés en chaînettes, alors que l'isolat PA-4 a affiché un regroupement en amas. En ce qui concerne la réaction de Gram, 18 isolats ont été Gram négatif et 7 Gram positif, ces derniers correspondant aux isolats BTNYD1-1, N1KONI-1, POK24-2, W12-2, YKKF1RF-1, ZF34-1, PA-2 et PA-3.

171 **Tableau III : Coloration de Gram des isolats bactériens au microscope électronique (G×100)**

Isolat	Rhizosphère	Forme	Regroupement	Gram
A1-1	GA	Bacille	Isolé	–
BTNYD1-1	GA	Bacille	Isolé	–
KK33-1	GA	Bacille	Chainette	–
KK33-2	GA	Bacille	Isolé	–
KK33-3	GA	Cocci	Isolé	–
KK33-4	GA	Cocci	Isolé	–
KK38-1	GA	Bacille	Isolé	–
N1KONI-1	GA	Bacille	Chainette	+
PK18-1	GA	Bacille	Isolé	–
PK19-1	GA	Bacille	Isolé	–
PK20-1	GA	Bacille	Isolé	–
PK23-1	GA	Bacille	Isolé	–
POK24-1	GA	Bacille	Isolé	–
POK24-2	GA	Bacille	Isolé	+
POK25-1	GA	Bacille	Isolé	–
POK25-2	GA	Bacille	Isolé	–
TPTO1-1	GA	Bacille	Isolé	–
W12-1	GA	Bacille	Isolé	+
W12-2	GA	Bacille	Isolé	–
YKKF1RF-1	GA	Bacille	Isolé	+
ZF34-1	GA	Bacille	Isolé	+
PA-1	PA	Bacille	Isolé	–
PA-2	PA	Bacille	Chainette	+
PA-3	PA	Bacille	Isolé	+
PA-4	PA	Bacille	Amas	–

172 GA : Génotypes d'anacardier ; PA : Pieds d'agrumes

173 N = 25 isolats bactériens

174 **Caractéristiques biochimiques des isolats bactériens**

175 Les analyses biochimiques des isolats issus de différentes rhizosphères sont présentées dans le
176 tableau 4. La majorité des isolats bactériens ont présenté une activité catalase positive, avec
177 une proportion de 23 sur 25 des isolats testés tandis que l'activité oxydase a été observée chez
178 l'ensemble des souches étudiées. Une partie minoritaire des isolats a également montré une
179 capacité de fermentation du mannitol ainsi qu'une mobilité variable dans le milieu semi-
180 solide. L'analyse combinée de ces caractères a mis en évidence une diversité physiologique
181 entre les isolats issus des différentes rhizosphères étudiées.

182 **Tableau IV : Analyse biochimique des bactéries isolées**

Tests biochimique	A1-1	BTNYD1-1	KK33-1	KK33-2	KK33-3	KK33-4	KK38-1	N1KONI-1	PA-1	PA-2	PA-3	PA-4	PK18-1	PK19-1	PK20-1	PK23-1	POK24-1	POK24-2	POK25-1	POK25-2	TPTO1-1	W12-1	W12-2	YKKF1RF-1	ZF34-1
CAT	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	–	+	+	+	+	+	–	+	+	+	+
OXY	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	–	+	+	+	+
MAN	+	+	–	–	–	–	–	–	+	+	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–
MOB	+	–	–	–	–	–	–	–	+	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–	–

183 N = 25 isolats bactériens

184 CAT : Catalase ; OXY : Oxydase ; MAN : Mannitol ; MOB : Mobilité ; + : Positive ; – : Négative

Caractéristiques PGPR des isolats bactériens

Les essais phénotypiques présentés dans le tableau 5, ont révélé une variabilité des traits PGPR chez les isolats bactériens étudiés. Aucun isolat n'a présenté de capacité visible de solubilisation du phosphate tricalcique ni de production d'acide cyanhydrique (HCN). En revanche, la production d'acide indole-3-acétique (AIA) a été observée chez plusieurs isolats issus aussi bien des rhizosphères d'anacardier que des agrumes périphériques (11 isolats positifs).

La capacité de fixation de l'azote atmosphérique a été mise en évidence chez un nombre important d'isolats, tandis que l'activité nitrate réductase a également été fréquemment observée, avec des proportions respectives de 16 et 18 isolats positifs. En revanche, l'activité uréase est demeurée faiblement représentée, avec un seul isolat positif, notamment N1KONI-1. Par ailleurs, l'ensemble des isolats a présenté une capacité de production d'ammoniac dans le milieu de culture.

Tableau V : Résultats des caractères étudiés en *in vitro*

Tests PGP	AI-1	BTNYD1-1	KK33-1	KK33-2	KK33-3	KK33-4	KK38-1	N1KONI-1	PA-1	PA-2	PA-3	PA-4	PK18-1	PK19-1	PK20-1	PK23-1	POK24-1	POK24-2	POK25-1	POK25-2	TP101-1	W12-1	W12-2	YKKFIRF-1	ZF34-1
SOP	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
HCN	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
AIA	-	+	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	+	-
AUR	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
FAZ	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	-	+	+	-	-	+	-	+	+	-
NIR	+	-	+	-	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	-	+	+	-	+	+	+	+	+	+
AMM	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

N = 25 isolats bactériens

SOP :Solubilisation du phosphore ; HCN : Acide cyanhydrique ; AIA :Acide indole-3-acétique ; AUR : Activité uréase ; FAZ :Fixation d'azote ; NIR :Nitrate réductase ; AMM : Ammoniac ; + :Positive ; - :Négative

Discussion

Le caractère globalement acide des rhizosphères étudiées (pH de 3,71 à 5,24) est cohérent avec les conditions pédologiques des zones tropicales humides, où les processus de lixiviation et de décomposition organique favorisent l'acidification des horizons superficiels. Ce type d'environnement influence fortement la structure des communautés microbiennes en ne sélectionnant que des bactéries tolérantes à ces contraintes (Lauber *et al.*, 2009 ; Rousk *et al.*, 2010). Toutefois, d'autres paramètres tels que le type de sol, la température, la végétation ou la position géographique peuvent également moduler cette structuration microbienne (Khirennas, 2024). Les variations observées de l'humidité et de la conductivité électrique entre les rhizosphères traduiraient ainsi des différences locales susceptibles d'influencer la disponibilité des nutriments et l'activité bactérienne (Nangah, 2014).

La répartition inégale des isolats bactériens entre génotypes d'anacardier pourrait être liée à l'effet rhizosphérique. Les exsudats racinaires, composés notamment de sucres, d'acides aminés et d'acides organiques, favorisent le recrutement sélectif des microorganismes du sol (Bais *et al.*, 2006 ; Philippot *et al.*, 2013). Les différences observées entre génotypes pourraient ainsi traduire une variabilité de composition des exsudats racinaires dépendante du génotype végétal (Badri et Vivanco, 2009).

Les observations microscopiques réalisées après coloration de Gram ont montré une nette prédominance des isolats de fromes bacilles, accompagnée d'une faible proportion de cocci. Cette distribution est cohérente avec les caractéristiques des communautés bactériennes

fréquemment rencontrées dans les sols agricoles et les rhizosphères, où les bacilles constituent un groupe largement représenté en raison de leur grande diversité taxonomique et leur capacité d'adaptation à des environnements contrastés (Apastambh *et al.*, 2016 ; Ein et Sen, 2024). De nombreux genres de rhizobactéries d'intérêt agronomique, notamment *Bacillus*, *Burkholderia*, *Enterobacter* ou encore *Lysinibacillus*, présentent en effet une morphologie bacillaire et sont régulièrement isolés dans les sols cultivés et les systèmes forestiers (Abdelazeem *et al.*, 2022). Par ailleurs, les résultats obtenus ont également mis en évidence une majorité d'isolats Gram négatif par rapport aux Gram positif. Cette tendance a été déjà rapportée dans plusieurs études consacrées aux microbiotes rhizosphériques, où les Proteobacteria représentent souvent l'un des groupes dominants des communautés bactériennes associées aux racines (Amon *et al.*, 2023). Ces bactéries possèdent une remarquable capacité à coloniser la rhizosphère grâce à leur aptitude à utiliser efficacement les exsudats racinaires et à s'adapter aux fluctuations physico-chimiques du sol (Compant *et al.*, 2019). A l'inverse, les bactéries Gram positif, bien que moins nombreuses dans cette étude, demeurent des composantes importantes des microbiomes du sol. Ces bactéries présentent des caractéristiques écologiques favorables, notamment une forte résistance aux contraintes environnementales et une aptitude à la sporulation, facilitant ainsi leur utilisation potentielle dans des formulations microbiologiques (Emmert et Handelsman, 1999). Les traits PGPR mis en évidence traduisent un potentiel agronomique intéressant des isolats. L'absence de solubilisation du phosphore pourrait être liée à une faible expression des mécanismes impliqués dans la production d'acides organiques nécessaires à ce processus (Glick, 2012 ; Gupta *et al.*, 2022). En revanche, la production d'acide indole-3-acétique par près de la moitié des isolats traduirait une capacité de stimulation de la croissance végétale, comme rapporté dans plusieurs études sur les bactéries rhizosphériques (Tsegaye *et al.*, 2019 ; Nagalingam *et al.*, 2020). La forte proportion d'isolats capables de fixer l'azote et la production généralisée de NH_3 indiquent également un potentiel de contribution à la nutrition azotée des plantes. Ces résultats suggèrent que la rhizosphère des génotypes d'anacardier étudiés abriterait des microorganismes susceptibles d'améliorer la disponibilité de l'azote dans des sols relativement pauvres (Woźniak *et al.*, 2019). L'absence de production de HCN observée chez les isolats pourrait par ailleurs constituer un avantage, ce composé pouvant présenter des effets phytotoxiques selon les conditions environnementales et les concentrations (Rana *et al.*, 2011). Enfin, la capacité de certaines souches à croître sur l'urée met en évidence leur intérêt potentiel dans l'amélioration de l'efficacité des fertilisants azotés. Des bactéries possédant une activité uréase comme l'isolat N1KONI-1, peuvent en effet contribuer à la transformation de l'urée en formes assimilables par les plantes (Değirmenci *et al.*, 2024). Ces résultats ouvrent des perspectives intéressantes pour le développement de consortiums microbiens adaptés à une gestion plus durable de la fertilisation azotée de l'anacardier voire d'autres cultures.

Conclusion

Les rhizosphères étudiées ont révélé une diversité bactérienne influencée par les caractéristiques édaphiques et les génotypes d'anacardier. Plusieurs isolats ont présenté des traits PGPR d'intérêt, notamment la production d'acide indole-3-acétique, la fixation de l'azote, l'activité nitratre réductase et la production d'ammoniac, confirmant ainsi leur potentiel pour des applications en biofertilisation. Malgré l'absence de certaines activités, telles que la solubilisation du phosphate et la production de HCN, les rhizosphères des génotypes d'anacardier apparaissent comme un réservoir prometteur de souches bactériennes d'intérêt agroécologique. Des études complémentaires permettront de mieux préciser leur identité taxonomique et leur efficacité en conditions réelles.

Remerciements

Nous exprimons notre gratitude au Centre National de Recherche Agronomique (CNRA) pour son appui dans la conduite de cette étude. Nous remercions particulièrement Monsieur Kouakou Charles-Konan, Docteur et Chef du personnel de la Direction Région du CNRA de Korhogo, pour avoir rendu possible les opérations d'échantillonnage sur le terrain, ainsi qu'à Madame Kouadjo Claude Ghislaine, Docteur et Directrice du Laboratoire Central de Biotechnologies du CNRA d'Adiopodoumé, pour l'accompagnement technique apporté lors de la réalisation des essais *in vitro* sur les isolats bactériens.

CONFLIT D'INTERETS

Les auteurs déclarent ne faire état d'aucun conflit d'intérêts en lien avec cette étude.

CONTRIBUTIONS DES AUTEURS

Sekongo D. A. : conception, méthodologie, analyses microbiologiques et statistiques, rédaction du manuscrit.

Brou K. G. : conception, supervision, révision du manuscrit, validation.

Kouakou C.-K. : conception, méthodologie, validation.

Yoro D. T. : conception, révision du manuscrit.

Kouadjo C. G. : conception, méthodologie, analyses microbiologiques.

Diarrassouba N. : supervision, validation.

Références:-

1. Abdelazeem, S. A. E. M., Al-Werwary, S. M., Mehana, T. A. E., El-Hamahmy, M. A., Kalaji, H. M., Rastogi, A. & Elsheery, N. I. (2022). Use of plant growth-promoting rhizobacteria isolates as a potential biofertiliser for wheat. *Journal of Water and Land Development* 55: 99-111. <https://doi.org/10.24425/jwld.2022.143725>.
2. Ahmad, I., Akhtar, M. J., Asghar, H. N., Ghafoor, U. & Shahid, M. (2016). Differential effects of plant growth-promoting rhizobacteria on maize growth and cadmium uptake. *Journal of Plant Growth Regulation*, 35, 303-315.
3. Aloo, B. N., Mbega, E. R., Tumuhairwe, J. B. & Makumba, B. A. (2021). Advancement and practical applications of rhizobacterial biofertilizers for sustainable crop production in sub-Saharan Africa. *Agriculture & Food Security* 10, 57. <https://doi.org/10.1186/s40066-021-00333-6>.
4. Amon, C. E. R., Fossou, R. K., Ebou, A. E. T., Koua, D. K., Kouadjo, C. G., Brou, Y. C., Voko Bi, D. R. R., Cowan, D. A. & Zézé, A. (2023). The core bacteriobiome of Côte d'Ivoire soils across three vegetation zones. *Front. Microbiol.*, 14, 1220655. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2023.1220655>.
5. Apastambh, A. R., Tanveer K. & Bai, M. M. V. (2016). Isolation and Characterization of Plant Growth Promoting Rhizobacteria from Banana Rhizosphere. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 5(2), pp. 59-65. <http://dx.doi.org/10.20546/ijcmas.2016.502.006>
6. Badri, D. V. & Vivanco, J. M. (2009). Regulation and function of root exudates. *Plant, Cell and Environment*, 32, 666-681. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2009.01926.x>.
7. Bais, H. P., Weir, T. L., Perry, L.G., Gilroy, S. & Vivanco, J.M. (2006). The role of root exudates in rhizosphere interactions with plants and other organisms. *Annual Review of Plant Biology*, 57, 233-266.
8. Balogoun, I., Saïdou, A., Kindohoundé, N. S., Ahoton, L. E., Amadji, G. L., Ahohuendo, B. C., Babatoundé, S., Chougourou, D. & Ahanchédé, A. (2015). Efficiency of different

- genera of arbuscular mycorrhiza fungi associated with cashew cultivars on maize growth and nutrient uptake. *African Journal of Agricultural Science and Technology*, 3(7), 364-371.
9. Basu, A., Prasad, P., Das, S. N., Kalam, S., Sayyed, R. Z., Reddy, M. S. & El Enshasy, H. (2021). Plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) as green bioinoculants: recent developments, constraints, and prospects. *Sustainability*, 13, 1140. <https://doi.org/10.3390/su13031140>.
 10. Benkahoul, M., Talhi, A. & Boulefkhad, N. (2017). Bactéries des environnements chauds algériens : isolement et mise en évidence de la production d'hydrolases. *Sciences & Technologie C*, 45, 25-35.
 11. Çakmakçı, R. (2005). Bitki gelişiminde fosfat çözücü bakterilerin önemi. *S.Ü. Ziraat Fakültesi Dergisi*, 19(35), 93-108.
 12. Compant, S., Samad, A., Faist, H. & Sessitsch, A. (2019). A review on the plant microbiome: Ecology, functions, and emerging trends in microbial application. *Journal of Advanced Research*, 19 (2019), 29-37. <https://doi.org/10.1016/j.jare.2019.03.004>.
 13. de Andrade, L. A., Santos, C. H. B., Frezarín, E. T., Sales, L.R. & Rigobelo, E. C. (2023). Plant growth-promoting rhizobacteria for sustainable agricultural production. *Microorganisms*, 11, 1088. <https://doi.org/10.3390/microorganisms11041088>.
 14. Değirmenci, L., İzgördü, O. K. & Darcan, C. (2024). Isolation and characterization of microorganisms for potential use with manure and chemical fertilizers. *Biological Diversity and Conservation*, 17(1), 91-98. <https://doi.org/10.46309/biodicon.2023.1226337>.
 15. Delarras, C. (2007). Microbiologie pratique pour le laboratoire d'analyses ou de contrôle sanitaire : aliments, produits cosmétiques, eaux, produits pharmaceutiques. Paris : Lavoisier, 476 p.
 16. Dinesh, R., Anandaraj, M., Kumar, A., Bini, Y. K., Subilaa, K. P. & Aravind, R. (2015). Isolation, characterization, and evaluation of multi-trait plant growth promoting rhizobacteria for their growth promoting and disease suppressing effects on ginger. *Microbiological Research*, 173, 34-43.
 17. Ein, C. T. K. & Sen, T. S. (2024). Isolation and Characterization of Rhizobacteria Screened from Roots of *Limnolobium laevigatum*. *Applied Microbiology: Theory & Technology*, 5(2), pp 152-167. <https://doi.org/10.37256/amtt.5220244846>.
 18. Emmert, E. A. B. & Handelsman, J. (1999). Lutte biologique contre les maladies des plantes : une perspective (Gram-)positive. *FEMS Microbiology Letters*, 171(1), 1-9. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6968.1999.tb13405.x>.
 19. Fahad, S., Hussain, S., Bano, A., Saud, S., Hassan, S., Shan, D., Khan, F. A., Khan, F., Chen, Y., Wu, C., Tabassum, M. A., Chun, M. X., Afzal, M., Jan, A., Jan, M. T. & Huang, J. (2015). Potential role of phytohormones and plant growth-promoting rhizobacteria in abiotic stresses: consequences for changing environment. *Environmental Science and Pollution Research*, 22, 4907-4921. <https://doi.org/10.1007/s11356-014-3754-2>.
 20. Glick, B. R. (2012). Plant growth-promoting bacteria: mechanisms and applications. *Scientifica*, 2012, 1-15. <https://doi.org/10.6064/2012/963401>.
 21. Goswami, D., Patel, K., Parmar, S., Vaghela, H., Muley, N., Dhandhukia, P. & Thakker, J. N. (2014). Elucidating multifaceted urease producing marine *Pseudomonas aeruginosa* BG as a cogent PGPR and bio-control agent. *Plant Growth Regulation*, 75, 253-263. <https://doi.org/10.1007/s10725-014-9949-1>.
 22. Gupta, R., Kumari, A., Sharma, S., Alzahrani, O. M., Noureldeen, A. & Darwish, H. (2022). Identification, characterization and optimization of phosphate solubilizing rhizobacteria (PSRB) from rice rhizosphere. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 29, 35-42.

23. Gusmiaty, Restu, M., Bachtiar, B. & Larekeng, S. H. (2019). Gibberellin and IAA production by rhizobacteria from various private forest. *IOP Conference Series:Earth and Environmental Science*, 270, 012018. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/270/1/012018>.
24. Hasan, A., Tabassum, B., Hashim, M. & Khan, N. (2024). Role of plant growth promoting rhizobacteria (PGPR) as a plant growth enhancer for sustainable agriculture: a review. *Bacteria*, 3, 59-75. <https://doi.org/10.3390/bacteria3020005>.
25. Herridge, D. F., Peoples, M. B. & Boddey, R. M. (2008). Global inputs of biological nitrogen fixation in agricultural systems. *Plant and Soil*, 311, 1-18. <https://doi.org/10.1007/s11104-008-9668-3>.
26. Jeanne, B. D. A., Edith, K. S. A. A., Paule, H. M., Fatou, N., Thierry, G. & Diégane, D. (2023). Combined effects of earthworms and plant growth-promoting rhizobacteria (PGPR) on the phytoremediation efficiency of *Acacia mangium* in polluted dumpsite soil in Bonoua, Côte d'Ivoire. *IntechOpen*, 1-23. <https://doi.org/10.5772/intechopen.108825>.
27. Kamle, M., Borah, R., Bora, H. & Kumar, P. (2020). Systemic acquired resistance (SAR) and induced systemic resistance (ISR): role and mechanism of action against phytopathogens. In : Singh, H. B., Keswani, C. & Reddy, M. S. (eds), *Fungal biotechnology and bioengineering*. Cham (Suisse): Springer Nature, pp. 457-470. https://doi.org/10.1007/978-3-030-41870-0_20.
28. Khirennas, O. (2024). Recherche de substances antimicrobiennes à intérêt médicinal à partir de plusieurs biotopes environnementaux. Thèse de doctorat. Université Mustapha Stambouli Mascara, Algérie, 111p.
29. Kumar, A., Vandana, Singh, M., Singh, P. P., Singh, S. K., Singh, P. K. & Pandey, K. D. (2016). Isolation of plant growth promoting rhizobacteria and their impact on growth and curcumin content in *Curcuma longa* L. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*, 8, 1-7. <https://doi.org/10.1016/j.bcab.2016.07.002>.
30. Lauber, C. L., Hamady, M., Knight, R. & Fierer, N. (2009). Pyrosequencing-based assessment of soil pH as a predictor of soil bacterial community structure at the continental scale. *Applied and Environmental Microbiology*, 75(15), 5111-5120. <https://doi.org/10.1128/AEM.00335-09>.
31. Mendes, R., Garbeva, P. & Raaijmakers, J. M. (2013). The rhizosphere microbiome: significance of plant beneficial, plant pathogenic, and human pathogenic microorganisms. *FEMS Microbiology Reviews*, 37, 634-663.
32. Nagalingam, S., Nithya, T. V., Gayathri, D., Sagarika, A. S., Supriya, G., Vidya, D., Kumar, B. K., Rasool, A. & Mir, M. I. (2020). Morphological, biochemical and plant growth promoting characterization of rhizobia isolated from root nodule of *Cajanus cajan* L. *Plant Archives*, 20(2), 1293-1299.
33. Nangah, K. Y. (2014). Caractérisation pédologique et distribution des éléments traces métalliques dans les sols manganésifères dérivés de matériaux volcano-sédimentaires en Côte d'Ivoire. Thèse de doctorat en sciences et gestion de l'environnement. Université Nangui Abrogoua, Abidjan, Côte d'Ivoire, 137p.
34. Ouattara, A., Coulibaly, K., Konate, I., Kebe, B. I., Tidou, A. S. & Filali-Maltouf, A. (2019). Selection of cocoa tree (*Theobroma cacao* Linn.) endophytic bacteria solubilizing tri-calcium phosphate, isolated from seedlings grown on soils of six producing regions of Côte d'Ivoire. *Advances in Microbiology*, 9, 842-852. <https://doi.org/10.4236/aim.2019.99051>.
35. Philippot, L., Raaijmakers, J. M., Lemanceau, P. & Van Der Putten, W. H. (2013). Going back to the roots: the microbial ecology of the rhizosphere. *Nature Reviews Microbiology*, 11, 789-799. <https://doi.org/10.1038/nrmicro3109>.

36. Rana, A., Saharan, B., Joshi, M., Prasanna, R., Kumar, K. & Nain, L. (2011). Identification of multi-trait PGPR isolates and evaluating their potential as inoculants for wheat. *Annals of Microbiology*, 61, 893-900. <https://doi.org/10.1007/s13213-011-0211-z>.
37. Rfaki, A., Zennouhi, O., Aliyat, F. Z., Nassiri, L. & Ibijbjen, J. (2020). Isolation, selection and characterization of root-associated rock phosphate solubilizing bacteria in Moroccan wheat (*Triticum aestivum* L.). *Geomicrobiology Journal*, 37, 230-241. <https://doi.org/10.1080/01490451.2019.1694106>.
38. Rousk, J., Brookes, P. C., Bååth, E. (2010). The microbial PLFA composition as affected by pH in an arable soil. *Soil Biology and Biochemistry*, 42(3), 516-520. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2009.11.026>.
39. Sébastien, C. & Richard, L. (2013). L'échantillonnage des sols en agriculture. Fourrages Mieux asbl, 6 p.
40. Sharma, S. B., Sayyed, R. Z., Trivedi, M. H. & Gobi, T. A. (2013). Phosphate solubilizing microbes: sustainable approach for managing phosphorus deficiency in agricultural soils. *SpringerPlus*, 2, 587.
41. Shrivastava, U. P. (2017). Molecular diversity assessment of plant growth promoting rhizobacteria using denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE) of 16S rRNA gene. *International Journal of Applied Sciences and Biotechnology*, 5(1), 72-80. <https://doi.org/10.3126/ijasbt.v5i1.17029>.
42. Slimani, A., Raklami, A., Oufdou, K. & Meddich, A. (2022). Isolation and characterization of PGPR and their potential for drought alleviation in barley plants. *Gesunde Pflanzen*, 75, 377-391. <https://doi.org/10.1007/s10343-022-00709-z>.
43. Tardy, V. (2014). Lien entre la diversité microbienne, la stabilité des communautés microbiennes et le turnover des matières organiques du sol. Thèse de doctorat. Université de Bourgogne, France, 142p.
44. Tellen, V. A. & Yerima, B. P. K. (2018). Effects of land use change on soil physicochemical properties in selected areas in the North West region of Cameroon. *Environmental Systems Research*, 7(3), 1-29. <https://doi.org/10.1186/s40068-018-0106-0>.
45. Tsegaye, Z., Gizaw, B., Tefera, G., Feleke, A. & Chaniyalew, S. (2019). Isolation and biochemical characterization of plant growth promoting bacteria colonizing the rhizosphere of tef crop during the seedling stage. *Journal of Plant Science and Phytopathology*, 3, 013-027. <https://doi.org/10.29328/journal.jpssp.1001027>.
46. Woźniak, M., Gałazka, A., Tyśkiewicz, R. & Jaroszuć-Ścisł, J. (2019). Endophytic bacteria potentially promote plant growth by synthesizing different metabolites and their phenotypic/physiological profiles in the Biolog GEN III MicroPlate test. *International Journal of Molecular Sciences*, 20, 5283. <https://doi.org/10.3390/ijms20215283>.