

## Caractérisation et analyse génétique de l'arôme du riz

Lorieux M., Petrov M., Faure J., Ghesquière A.

*in*

Mourzelas M. (ed.).  
Qualité et compétitivité des riz européens

Montpellier : CIHEAM  
Cahiers Options Méditerranéennes; n. 15(4)

1995  
pages 69-71

Article available on line / Article disponible en ligne à l'adresse :

<http://om.ciheam.org/article.php?IDPDF=CI01.09.39>

To cite this article / Pour citer cet article

Lorieux M., Petrov M., Faure J., Ghesquière A. **Caractérisation et analyse génétique de l'arôme du riz**. In : Mourzelas M. (ed.). *Qualité et compétitivité des riz européens*. Montpellier : CIHEAM, 1995. p. 69-71 (Cahiers Options Méditerranéennes; n. 15(4))



<http://www.ciheam.org/>  
<http://om.ciheam.org/>

# Caractérisation et analyse génétique de l'arôme du riz

M. Lorieux<sup>1</sup>, M. Petrov<sup>2</sup>, J. Faure<sup>3</sup> et A. Ghesquière<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ORSTOM-LRGAPT, Montpellier (France)

<sup>2</sup>ENSIAA, Massy (France)

<sup>3</sup>CIRAD-CA, Montpellier (France)

**Title:** *Characterization and genetic analysis of aroma in rice*

**Abstract.** *Market development is favorable to aroma in rice. Several research undertakings are actually trying to associate this character with high yield, yet without much success. New means, using molecular markers, are being used for identifying the different varieties.*

## I – Situation du sujet

Le marché du riz aromatique en Europe est en essor constant depuis plusieurs années, à tel point que les ventes sont en passe de supplanter celles du riz rond. Or, le caractère aromatique est souvent associé à des qualités agronomiques faibles (par exemple, les riz de type Basmati présentent systématiquement un caractère de panicules peu compactes conférant un très faible rendement à ce groupe de variétés). De plus, ces variétés ne sont pas adaptées à la culture en climat méditerranéen. Il serait intéressant au point de vue socio-économique de pouvoir introgresser le caractère aromatique dans des variétés locales ou potentiellement cultivables dans nos régions. On obtiendrait ainsi des riz méditerranéens aromatiques à haut rendement. Pour atteindre cet objectif, il est nécessaire d'essayer de comprendre les mécanismes de l'hérédité de ce caractère. De nombreuses études ont été réalisées dans ce but (Ali *et al.*, 1993 ; Berner et Hoff, 1986 ; Dhulappanavar, 1976 ; Ghose et Butany, 1952 ; Jodon, 1944 ; Kadam et Patankar, 1938 ; Lin, 1990 ; Misro *et al.*, 1966 ; Nagaraju *et al.*, 1975 ; Raghuram Reddy et Sathyanarayanaiah, 1980 ; Sood et Siddiq, 1978 ; Tripathi et Rao, 1979). Ces travaux, qui portent tous sur l'analyse de la distribution du caractère dans des populations en ségrégation, n'aboutissent pas aux mêmes conclusions, pour plusieurs raisons (difficulté pour évaluer le caractère par tests sensitifs, origine génétique des parents utilisés pour les croisements, problèmes de distorsions de ségrégations...). Il apparaissait nécessaire de conduire une étude plus approfondie intégrant d'une part l'analyse du caractère par une méthode objective et d'autre part une étude par marqueurs moléculaires. Dans cette optique, une collaboration CIRAD-ENSIAA-IRRI-ORSTOM a permis de mettre au point une telle approche intégrée.

## II – Méthodes

Les moyens mis en œuvre pour cette recherche sont les suivants :

- d'une part, l'analyse par chromatographie en phase gazeuse (CPG) de composés volatils d'eaux de cuisson des graines issues de différentes variétés ou lignées. La méthode d'extraction a été mise au point à l'ENSIAA. Cette méthode présente trois avantages par rapport aux analyses sensorielles classiques, qui consistent à mâcher le grain de riz cru ou à sentir les feuilles après traitement à la potasse : le premier intérêt est que le résultat est absolument objectif, le second est que l'on obtient une mesure quantitative, le troisième est que l'on peut identifier l'ensemble des composés appartenant à la fraction volatile.
- d'autre part, la cartographie du génome par marqueurs moléculaires. Ces travaux, commencés à l'IRRI, se poursuivent actuellement au laboratoire LRGAPT de l'ORSTOM. Différents types de marqueurs sont utilisés : RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), STS (*Sequence-Tagged Sites*).

Le matériel génétique utilisé est une population de 180 lignées HD, issues du croisement *IR 64* (non parfumé) x *Azucena* (parfumé). Ces plantes sont cultivées en serre à Montpellier et multipliées en Guadeloupe. L'intérêt des HD est : 1) de pouvoir obtenir un nombre non limitant de plantes de même génotype, et donc une quantité suffisante de graines pour une analyse fiable de l'arôme ; 2) d'avoir la possibilité pour différentes équipes disciplinaires de travailler sur la même population en même temps.

### III – Résultats

Les analyses de CPG ont permis d'identifier plusieurs composés volatils qui différencient de manière significative le parent non parfumé du parent parfumé. Parmi eux, la 2-acétyl-1-pyrroline (AcPy) est de loin la plus discriminante. Elle est de plus le seul composé qui soit : 1) identifié comme ayant une odeur rappelant directement celle du riz aromatique ; et 2) systématiquement présente dans les variétés aromatiques (Basmati, riz Thaï, etc.). Ce composé avait déjà été identifié comme facteur principal de l'arôme (Buttery et al., 1983 ; Buttery et al., 1988).

D'autre part, les résultats obtenus par la méthode classique de révélation à la potasse sont très bien corrélés à ceux de la 2-acétyl-1-pyrroline obtenus par chromatographie en phase gazeuse. Toutefois, la méthode CPG a permis d'aboutir à une conclusion sans ambiguïté pour des lignées difficiles à évaluer en tests classiques.

L'étude de la population HD par CPG pour le composé AcPy montre que les lignées se répartissent en deux catégories bien distinctes, les lignées ne possédant pas du tout d'AcPy, et celles qui en possèdent. Cette distribution bimodale, bien que disproportionnée en faveur des individus dépourvus d'AcPy, a conduit à analyser ce caractère comme étant dû à un seul gène. Les données ont ainsi été analysées conjointement aux données de cartographie par marqueurs moléculaires. Les travaux en cours ont déjà permis d'identifier une zone du chromosome 8 qui intervient de façon déterminante pour la présence d'AcPy. Cette zone se situe à proximité de plusieurs marqueurs RFLP. Ce résultat confirme et précise les conclusions de travaux antérieurs (Ahn et al., 1992 ; Yano et al., 1992).

### IV – Discussion

Ce travail en cours a déjà permis de cartographier précisément un gène déterminant pour l'arôme du riz, grâce à une méthode fine de CPG et aux marqueurs moléculaires. Il a aussi confirmé le rôle prépondérant de la 2-acétyl-1-pyrroline dans ce caractère. Un article consignant plus en détail les résultats obtenus a été soumis pour publication (Lorieux et al., 1996). Certains autres composés identifiés pourraient jouer un rôle non négligeable en modifiant ou en enrichissant l'arôme de base conféré par la présence d'AcPy.

D'autres croisements seront étudiés afin de pouvoir comparer les résultats obtenus avec d'autres parents susceptibles de porter des gènes différents et complémentaires. Les marqueurs déjà identifiés comme liés au caractère peuvent directement être utilisés en combinaison avec des marqueurs liés à des caractères agronomiques intéressants, afin d'opérer une sélection rapide de nouvelles lignées européennes aromatiques performantes et compétitives.

Le travail se poursuit dans le but de rechercher de nouveaux marqueurs plus proches du gène-cible, au moyen de plusieurs méthodes complémentaires : 1) recherche de polymorphisme pour des marqueurs RFLP ou STS (*Sequence-Tagged Sites*) déjà cartographiés sur le chromosome 8 mais dans d'autres descendance et cartographie de ces marqueurs ; 2) saturation avec des marqueurs RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) et AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) de la zone chromosomique par la méthode de *Bulked Segregant Analysis*.

## Références

- Ahn S.N., C.N. Bollich et S.D. Tanksley (1992). RFLP tagging of a gene for aroma in rice. *Theor. Appl. Genet.* 84:825-828.
- Ali S.S., S.J.H. Jafri, M.G. Khan et M.A. Butt (1993). Inheritance studies for aroma in two aromatic varieties of Pakistan. *IRRN* 18:6.
- Berner D.K. et B.J. Hoff (1986). Inheritance of scent in American long grain rice. *Crop Sci.* 26:876-878.
- Buttery R.G., L.C. Ling, O.B. Juliano et J.G. Turnbaugh (1983). Cooked rice aroma and 2-acetyl-1-pyrroline. *J. Agric. Food Chem.* 31:823-826.
- Buttery R.G., J.G. Turnbaugh et L.C. Ling (1988). Contribution of volatiles to rice aroma. *J. Agric Food Chem.* 36:1006-1009.
- Dhulappanavar C.V. (1976). Inheritance of scent in rice. *Euphytica* 25:659-662.
- Ghose R. et W. Butany (1952). Studies on the inheritance of some characters in rice (*Oryza sativa* L.). *Indian J. Genet. Plant Breed* 12:26-30.
- Jodon N. (1944). The inheritance of flower fragrance and other characters in rice. *J. Amer. Soc. Agron.* 36:844-848.
- Kadam B. et V. Patankar (1938). Inheritance of aroma in rice. *Chron. Bot.* 4:32.
- Lin S.-C. (1990). Rice aroma: methods of evaluation and genetics. Poster présenté à : *Second International Rice Genetics Symposium*, IRRI, Philippines, 14-18/5/90 783-784.
- Lorieux M., M. Petrov, J. Faure, N. Huang, E. Guiderdoni et A. Ghesquière (1996). Genetic mapping of aroma in rice. Soumis pour publication.
- Misro B., R. Richharia et R. Thakur (1966). Linkage studies in rice (*Oryza sativa* L.). *Oryza* 3:96-105.
- Nagaraju M., D. Chaudhary et M.J. Balakrishna Rao (1975). A simple technique to identify scent in rice and inheritance pattern of scent. *Current Science* 44:599.
- Raghuram Reddy P. et K. Sathyanarayanaiah (1980). Inheritance of aroma in rice. *Indian J Genet Plant Breed* 40:327-329.
- Sood B.C. et E.A. Siddiq (1978). A rapid technique for scent determination in rice. *Indian J Genet Plant Breed* 38: 268-271.
- Tripathi R.S. et M.J.B.K. Rao (1979). Inheritance and linkage relationship of scent in rice. *Euphytica* 28: 319-323.
- Yano M., E. Shimosaka A. Saito et M. Nagahra (1992). Linkage analysis of a gene for scent in indica rice variety, Surjamkhi, using restriction fragment length polymorphism markers. *Jap J Breed* 41 (suppl. 1): 338-339.