



## Genetic Improvement of Rice Aroma in Africa

Réel Gael Fael HOUNGBELAGNON<sup>\*</sup>, Koffi David MONTCHO HAMBADA<sup>1</sup>, Chimène Nadège Mahoussi NANOUKON<sup>2</sup>, Lambert Gustave DJEDATIN<sup>2</sup>, Clément AGBANGLA<sup>3</sup>

<sup>1</sup> Laboratoire des Sciences Végétales, Horticoles et Forestières, Université Nationale d'Agriculture (UNA), BP 43, Kétou, République du Bénin.

<sup>2</sup> Laboratoire de Biologie Moléculaire et de Bioinformatique Appliquée à la Génétique, École Nationale des Biosciences et Biotechnologies Appliquées, Université Nationale des Sciences, Technologies, Ingénierie et Mathématiques, Dassa-Zoumè, République du Bénin.

<sup>3</sup> Faculté des Sciences et Techniques, Université d'Abomey-Calavi, 01 BP 526 Cotonou, Bénin

### RESUME

Le riz est une culture céréalière essentielle sur les plans alimentaire et économique. Parmi ses caractéristiques les plus valorisées, l'arôme joue un rôle clé en augmentant sa valeur marchande. Les riz aromatiques possèdent une odeur agréable et un goût apprécié par les consommateurs du monde entier, y compris en Afrique. Cependant, les programmes de sélection ciblant l'arôme restent peu développés en Afrique, et l'état des connaissances sur ce sujet demeure mal documenté. Le présent travail vise à faire le point sur les avancées et les défis liés à l'amélioration génétique de l'arôme du riz en Afrique, ainsi qu'à proposer des pistes pour renforcer les efforts de sélection. Il repose sur une analyse documentaire des travaux portant sur l'amélioration génétique de l'arôme dans le contexte africain. Après une sélection selon des critères d'inclusion et d'exclusion, 53 publications ont été retenues, analysées et synthétisées. L'exploitation des données montre que le principal gène responsable de l'arôme a été identifié, cartographié puis introgressé dans plusieurs variétés à l'échelle mondiale. Bien que les marqueurs moléculaires associés à l'arôme ont été largement développés, l'état de l'amélioration génétique de l'arôme en Afrique reste embryonnaire. Les futurs travaux devraient utiliser les accessions aromatiques comme Pusa basmati, Nerica 1 et Basmati 370 comme parents donneurs de gènes dans les programmes d'amélioration génétique.

**Mots clés :** Riz aromatique, Amélioration génétique, Sélection assistée par marqueurs, fragrance.

### ABSTRACT

Rice is a vital cereal crop, both nutritionally and economically. Among its most valued traits, aroma plays a key role in increasing its market value. Aromatic rice varieties possess a pleasant fragrance and flavor appreciated by consumers worldwide, including in Africa. However, breeding programs targeting aroma remain underdeveloped in Africa, and current knowledge on this subject is poorly documented. This work aims to provide an overview of the advances and challenges related to the genetic improvement of rice aroma in Africa, and to propose strategies to strengthen breeding efforts. It is based on a literature analysis of studies focusing on the genetic improvement of aroma in the African context. After applying inclusion and exclusion criteria, 53 publications were selected, analyzed, and synthesized. The data reveal that the main gene responsible for aroma has been identified, mapped, and introgressed into several varieties globally. Although molecular markers associated with aroma have been widely developed, the state of aroma genetic improvement in Africa remains at an early stage. Future work should consider aromatic accessions such as Pusa Basmati, NERICA 1, and Basmati 370 as donor parents in genetic improvement programs.

**Keywords :** Aromatic rice, Genetic improvement, Marker-assisted selection, Fragrance.

Corresponding author: Réel Gael Fael HOUNGBELAGNON,

Received in April 2025 and accepted in August 2025

E-mail address: [reel2houngbelagnon@gmail.com](mailto:reel2houngbelagnon@gmail.com)

### 1. INTRODUCTION

Le riz est une culture céréalière importante et est consommé par une grande majorité de la population mondiale (Bin Rahman et Zhang, 2023). En Afrique de l'Ouest, la production céréalière pour 2024 est estimée à environ 73,7 millions de tonnes, en légère baisse par rapport à l'année précédente en raison de conditions climatiques défavorables (FAO, 2024).

Depuis plusieurs années, les préférences en termes de qualités de riz des consommateurs se sont progressivement tournées vers le riz aromatique

(Dutta et al., 2022). Détenant désormais une part importante dans le commerce mondial de riz (Golam et al., 2011), ceux parfumés sont en effet considérés comme étant de meilleure qualité. Il en découle donc une demande croissante de riz aromatique tant sur les marchés nationaux qu'internationaux (Verma et Srivastav, 2020). La production totale de riz parfumé n'arrive cependant pas à combler les besoins des consommateurs dans le monde entier et encore moins en Afrique. Pour pallier ce problème, les avancées des technologies moléculaires ont renforcé l'arsenal des sélectionneurs, leur permettant de développer plus

rapidement de nouvelles variétés aromatiques (Mheni et al., 2024). Ces avancées technologiques réduisent considérablement le temps de sélection et améliorent la précision des programmes de sélection (Bhowmik et al., 2009 ; Mheni et al., 2024).

Les revues systématiques permettent de synthétiser de manière rigoureuse les résultats de recherches de plusieurs études (Nambiema et al., 2021). De plus, elles facilitent l'identification des lacunes dans la recherche et permettent d'orienter les futurs programmes de recherches en conséquence (Chérif et al., 2023). Plusieurs revues de littérature récentes (Hu et al., 2020 ; Ndikuryayo et al., 2022 ; Kongpun et al., 2024) ont été faites sur l'arôme du riz. Ces revues ont mis en évidence les avancées majeures dans la compréhension génétique de l'arôme du riz et ont identifié des cultivars aromatiques.

Cependant, ces études n'ont pas spécifiquement mis l'accent sur les recherches menées en Afrique. Cette revue systématique vise donc à combler cette lacune en synthétisant les connaissances et les avancées scientifiques sur le riz aromatique en Afrique.

L'objectif principal de cette étude est d'évaluer l'état actuel de la sélection du riz aromatique sur le continent africain pour identifier les avancées réalisées, les limites rencontrées et les perspectives d'amélioration génétique. Plus spécifiquement, elle vise à : (1) synthétiser les connaissances actuelles sur l'arôme du riz, notamment ses bases génétiques, biochimiques et les facteurs influençant son expression et (2) analyser l'état des recherches en Afrique, en mettant en évidence les défis, les avancées et les perspectives en matière d'amélioration du riz aromatique. La revue s'articule autour de quatre grands axes : (I) les préférences des consommateurs du continent africain ; (II) l'arôme du riz ; (III) la base génétique de l'arôme ; (IV) les approches moléculaires pour sélectionner les cultivars aromatiques et (V) l'état actuel des travaux de sélection en Afrique et les principaux défis rencontrés.

## 2. Méthologie

Pour comprendre l'état actuel de la recherche sur l'amélioration du riz pour l'arôme en Afrique, il a été opté pour une revue systématique. Cette approche permet de collecter, d'évaluer et de synthétiser de manière exhaustive les données disponibles sur un sujet donné, en minimisant les biais de sélection. Elle a été privilégiée dans ce travail afin de fournir une vue d'ensemble fiable et représentative des connaissances actuelles, des lacunes et des avancées scientifiques en lien avec la sélection du riz aromatique sur le continent.

La recherche a été ainsi effectuée en utilisant le moteur de recherche "Google scholar" et la base "AGORA" par le biais du code institutionnel de l'Université d'Abomey-Calavi. La base de données du centre de riz pour l'Afrique (<https://www.africanrice-fr.org>) a également été consultée.

Cette recherche a pris en compte tous les articles évalués par les pairs, les chapitres de livres et les communications de conférences disponibles dans ces moteurs de recherche au moment de la requête, sans restriction de période. Un ensemble de mots clés, en anglais et en français, a été utilisé pour une première recherche dans ces différents moteurs. Il s'agit de : amélioration pour l'arôme, sélection assistée par marqueurs, rétrocroisement assisté par marqueurs, riz aromatique, arôme, gène Fgr, amélioration génétique moléculaire et cartographie des QTL. Certains équivalents anglais de ces termes ont été utilisés afin d'élargir la portée de la recherche. Pour optimiser la recherche et obtenir des résultats

pertinents, les mots-clés ont été combinés à l'aide des opérateurs booléens "OR" et "AND", ce qui a permis d'élargir ou de restreindre les résultats.

Cette première recherche bibliographique a permis d'identifier 288 documents. Les doublons ont d'abord été supprimés. Ensuite, une sélection manuelle a été effectuée à l'aide des critères d'inclusion et d'exclusion définis dans le Tableau 1.

Tableau1 : Critères d'inclusion et d'exclusion

CRITÈRES D'INCLUSION	CRITÈRES D'EXCLUSION
Articles scientifiques, revues de littérature, chapitres de livres et thèses de doctorat évalués par des pairs.	Résumés de conférences, Articles de synthèse sans nouvelles données et documents non évalués par des pairs.
Études portant sur l'amélioration génétique du riz pour l'arôme, y compris la sélection assistée par marqueurs ( <i>Marker-Assisted Selection</i> ), le gène <i>fgr</i> , le gène <i>badh2</i> , le <i>QTL mapping</i> et d'autres approches de sélection.	Études non pertinentes ou hors sujet
La méthodologie est claire et reproductible	La méthodologie n'est pas claire
Publications en anglais et en français.	Publications dans des langues autres que l'anglais et le français.

Cette procédure a abouti à une sélection finale de 53 documents, jugés pertinents pour l'analyse bibliographique. Les 53 articles retenus ont été lus intégralement et analysés. Leur contenu a ensuite été organisé en thématiques principales correspondant aux grands axes de la revue : (I) les préférences des consommateurs du continent africain ; (II) l'arôme du riz ; (III) la base génétique de l'arôme ; (IV) les approches moléculaires pour sélectionner les cultivars aromatiques et (V) l'état actuel des travaux de sélection en Afrique et les principaux défis rencontrés.

## 3. Résultats

### 3.1. Préférences des consommateurs du continent africain

Plusieurs facteurs influencent le choix des variétés de riz par les consommateurs. Aujourd'hui, les préférences et exigences des consommateurs africains ont évolué et se sont tournées vers le riz aromatique (Fatondji et al., 2020). L'arôme du riz est devenu une caractéristique d'une grande importance économique (Verma et Srivastav, 2020). Très appréciée par les consommateurs, la présence de l'arôme augmente la valeur marchande du riz. De plus, d'après Ndikuryayo et al. (2023), l'arôme et le goût seraient corrélés positivement.

Du fait de la préférence accrue des consommateurs pour ce caractère, la demande en riz aromatique ne cesse de croître tant sur les marchés nationaux qu'internationaux (Verma et Srivastav, 2020). Ainsi, de nombreuses études, menées dans plusieurs pays d'Afrique, se sont intéressées aux préférences des consommateurs du continent en termes de qualité de riz. Au Bénin, une étude sur les préférences variétales des producteurs de riz a montré que le goût et le rendement élevé étaient les critères les plus recherchés (chacun cité par 28 % des répondants), suivis de l'arôme (mentionné par 24 % d'entre eux) (Fatondji et al., 2020). De plus, plus de 75 % des producteurs ghanéens (Asante et al., 2013) et

34 % des producteurs Kenyans (Kimani et al., 2011) ont préféré cultiver respectivement les variétés Jasmine 85 et Basmati 370, appréciées pour leur bon goût, leur arôme agréable et leur excellente qualité culinaire (Fatondji et al., 2020). Ce choix leur assure de meilleurs débouchés commerciaux par rapport à d'autres variétés. Au Soudan du Sud, des tests ont également été réalisés sur les variétés importées et locales (Mogga et al., 2019) afin d'évaluer la perception des consommateurs concernant les qualités de cuisson et de consommation de riz. Les variétés les mieux classées étaient les riz importés, principalement appréciés pour leur goût sucré, leur capacité de gonflement, la forme et la taille des grains, leur texture non collante et surtout leur arôme agréable. Pour ce qui es des variétés locales, Mogga et al. (2019) rapportent que NERICA 1 a été préféré en grande partie grâce à son arôme distinctif, sa couleur attrayante et sa faible consommation d'eau à la cuisson. Le même constat a été établi au Ghana par Frimpong et al. (2023), qui ont identifié l'arôme comme le deuxième caractère le plus recherché pour la valorisation commerciale du riz, juste après la longueur et la finesse des grains.

L'ensemble des éléments présentés ci-dessus met en évidence l'importance croissante accordée à l'arôme du riz en Afrique. Cependant, en dépit de leur potentiel tant adulé, les variétés aromatiques mondialement connues (Basmati d'origine indienne et pakistanaise) n'ont pas pu être adoptées dans certains pays d'Afrique. Ces dernières ne sont en effet pas adaptées aux conditions africaines et succombent assez facilement aux stress biotique et abiotique (Lamo et al., 2021). Ce défaut pousse par conséquent les consommateurs africains en quête de riz aromatique à s'orienter vers ceux importés et jugés de qualité supérieure (propreté, blancheur et arôme) (Asante et al., 2013).

### 3.2. L'arôme du riz

Les riz aromatiques contiennent un composé olfactif appelé le 2-acetyl-1-pyrroline (2AP) (Laguerre et al., 2007) responsable de l'odeur. Les premières recherches sur l'arôme du riz remontent à 30 ans (Buttery et al., 1983). Mais, c'est avec le développement et l'application de la chromatographie en phase gazeuse que les composés volatils du riz ont été identifiés et quantifiés. Il a été découvert que le riz est constitué d'un mélange de plusieurs composés volatils qui lui confère sa saveur caractéristique. Plus de 500 composés volatils ont en effet été identifiés chez le riz (Verma et Srivastav., 2018). Au nombre de ces composés, il est très vite ressorti que la 2AP découverte par Buttery et al. (1983) constitue le composé aromatique le plus important du riz cuit.

Les génotypes de riz non parfumés ont une très faible teneur en 2AP (moins de 8 parties par milliard) alors que la teneur en 2AP dans les variétés parfumées était de l'ordre de 40 à 900 parties par milliard (Buttery et al., 1983). Gaur et Wani (2016) ont montré que le 2AP est produit dans toutes les sections de la plante, sauf dans les racines où son niveau d'expression est très faible. Cependant, le composé est présent en grande quantité dans les feuilles au début de la croissance. Sa concentration atteint un pic au stade d'épiaison, puis diminue au stade reproductif. Il a été rapporté que l'arôme est transféré des feuilles et de la gaine des tiges vers les grains, où il s'accumule (Kongchum et al., 2022). Bien que la qualité du riz parfumé soit principalement déterminée par des facteurs génétiques, elle peut être fortement influencée par l'environnement et les pratiques culturales (Pinson,

1994). Des éléments, tels que la température durant le remplissage et la maturation des grains (Itani et al., 2004), ainsi que le moment du séchage au champ et de la récolte (Champagne et al., 2005), jouent un rôle essentiel dans la qualité finale du produit. Les facteurs génétiques restent toutefois les plus déterminants dans la présence d'arôme.

La préférence des consommateurs pour le riz parfumé a fait que les chercheurs s'intéressent de plus en plus à l'arôme du riz. Des tests sensoriels ont dès lors été effectués dans le but d'identifier et de caractériser le parfum du riz. D'après Hien et al. (2006), le test sensoriel est une méthode simple et fiable pour l'identification rapide du riz aromatique. Ce type de test est réalisé en utilisant une solution de KOH d'après la méthode décrite par Sood et al. (1983) ou celle modifiée par Golam et al. (2010). Pour ce qui es de la quantification de la teneur en 2AP, La chromatographie en phase gazeuse et la spectrométrie de masse (SM) sont deux méthodes utilisées par les sélectionneurs. La chromatographie en phase gazeuse permet l'analyse quantitative de la 2-acétyl-1-pyrroline (Sriseadka et al., 2006) en séparant les composants chimiques d'un échantillon, qui sont ensuite détectés et quantifiés (Ramtekey et al., 2021). L'échantillon est vaporisé et injecté dans une colonne chromatographique, où les différents composants sont séparés selon leurs propriétés physiques et chimiques, avec un gaz inerte servant de milieu porteur (Ramtekey et al., 2021). La spectrométrie de masse (SM) quant à elle, mesure le rapport masse/charge des ions et donc produit un spectre de masse (Laguerre et al., 2007). L'association de la GC et de la MS permet par conséquent la séparation et la quantification simultanées des composés volatils et est couramment utilisée pour l'analyse de la teneur en arômes du riz (Ramtekey et al., 2021). À titre illustratif, le tableau 2 présente les teneurs en 2AP détectées dans quelques génotypes de riz.

Tableau 2 : Teneurs en 2ap détectées dans quelques génotypes de riz

GÉNOTYPE	ORIGINE	MOYENNE 2AP EN %	SOURCE
Agra 41	AfricaRice, Benin	0.1520 ± 0.0370	Ocan et al. (2021)
Agra 55	CRI, Ghana	0.1595f ± 0.0159	Ocan et al. (2021)
Ambemohar 157	Inde	0.0662 ± 0.0000	Hinge et al., 2015
Basmati 370	Inde	0.0451 ± 0.0000	Hinge et al., 2015
Komboka	IRRI, Philippines	0.0957 ± 0.0354	Ocan et al. (2021)
Supa 1052	AfricaRice, Nigeria	0.3217 ± 0.0329	Ocan et al. (2021)
Supa 5	IRRI, Philippines	0.2445 ± 0.0268	Ocan et al. (2021)
Yasmin	Egypte	0.3195 ± 0.0576	Ocan et al. (2021)

Les contreforts de l'Himalaya, couvrant l'Uttar Pradesh, le Bihar et la région du Terai au Népal, sont considérés comme le centre de la diversité du riz aromatique (Khush, 2000). En effet, les allèles du gène de l'arôme semblent tous provenir du même groupe de génotypes aromatiques originaires de ces régions (Pachauri et al., 2010). Par ailleurs, des études utilisant des marqueurs SSR ont révélé une variabilité importante parmi les génotypes de riz aromatiques. Par

exemple, 32 paires d'amorces ont été utilisées par Jasim et al. (2018) afin d'analyser la diversité génétique de 50 génotypes de riz aromatiques. Les résultats ont montré un haut niveau de polymorphisme, confirmant la richesse génétique des variétés aromatiques.

### 3.3. Base génétique de l'arôme

Le 2AP étant reconnu comme l'élément principal conférant le parfum au riz, les scientifiques ont orienté leurs recherches vers l'analyse de sa régulation et de sa base génétique. Plusieurs efforts ont été entrepris pour identifier et cartographier le gène responsable de la production de 2AP dans diverses variétés de riz aromatique (Daygon et al. (2016) ; Ding et al. (2009) ; Veerabhadraswamy et al. (2022)). Le gène récessif *fgr* (fragrance) localisé sur le chromosome 8 a ainsi été identifié comme celui principal régissant l'arôme du riz (Ahn et al., 1992). Une analyse plus approfondie a permis d'identifier deux marqueurs moléculaires localisés sur le gène codant pour la bêtaïne déshydrogénase (*BADH2*) (Bradbury et al., 2005). Ce résultat montre l'implication du gène *BADH2* dans le contrôle de l'arôme. Ensuite, le séquençage des variétés de riz par Veerabhadraswamy et al. (2022), ont révélé la présence d'une mutation de 8 paires de bases dans l'exon 7 chez le riz aromatique alors que cette mutation était absente chez la variété non aromatique. La différence entre les riz aromatiques et non aromatiques est donc due à une variation de séquence dans le gène *BADH2*.

En effet, lorsque *BADH2* est actif, il inhibe la biosynthèse de la 2AP dans le riz non parfumé en convertissant le  $\gamma$ -aminobutyraldéhyde (GAB-ald) en acide  $\gamma$ -aminobutyrique (GABA) (Kamaraj et al., 2013). Cette mutation empêche donc l'inhibition de la 2AP en perturbant la fonction de la protéine (*BADH2*) (Chen et al., 2006).

**codon d'initiation (ATG)** situé dans le premier exon et un **codon-stop (ATT)** dans le quinzième exon (Shan et al., 2015).

### 3.4. Approches moléculaires pour sélectionner les cultivars de riz aromatiques

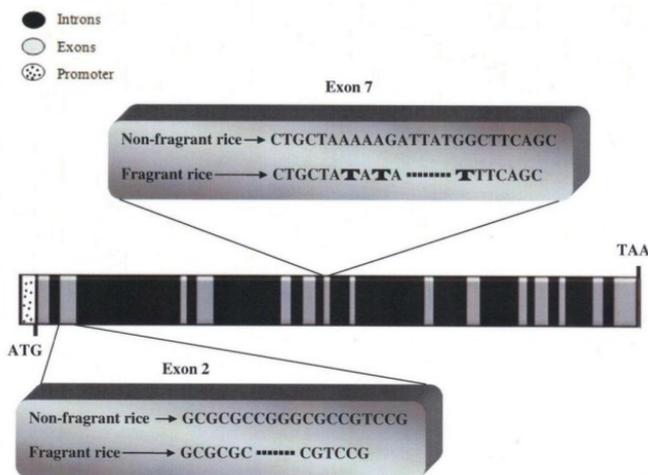
#### 3.4.1. Sélection assistée par marqueur (*sam*)

Les génotypes de riz aromatiques peuvent être discriminés des riz non aromatiques par des approches moléculaires. Ces méthodes consistent à extraire l'ADN des plantes, puis à identifier sur la base de marqueurs moléculaires les génotypes du riz qui possèdent des QTLs ou des gènes associés au caractère aromatique. Pour rappel, les marqueurs moléculaires sont des séquences nucléotidiques qui permettent une forte précision de sélection en un temps relativement court. Ils permettent de combiner plusieurs caractères cibles dans un seul cultivar (Afiukwa et al., 2016 ; Ndikuryayo et al., 2022). Les principaux marqueurs moléculaires utilisés incluent le polymorphisme de longueur des fragments de restriction (RFLP), le polymorphisme de longueur des fragments amplifiés (AFLP), l'ADN polymorphe amplifié au hasard (RAPD), les répétitions interséquences simples (ISSR), les répétitions de séquences simples (SSR), le polymorphisme d'un seul nucléotide (SNP), les rétrotransposons ainsi que les marqueurs issus de la technologie des matrices de diversité (DArT) (Nadeem et al., 2018 ; Ndikuryayo et al., 2022).

Dans le cadre du développement de marqueurs pour le gène *BADH2*, un système de marqueurs ciblant la délétion de 8 paires de bases a été développé pour le génotypage de l'arôme (Bradbury et al., 2005). Bien que ce système soit précis, il reste complexe à appliquer en sélection assistée par marqueur (SAM) à cause du nombre d'amorces nécessaires, de l'amplification faible de certains fragments et des compétitions entre amorces (Perween, 2017).

Par la suite, des marqueurs étroitement liés au gène *fgr* ont été développés par Sun et al. (2008). Il s'agit par exemple de RM515 (à 2 cM); RM8264 (à 1,3 cM); RM7049, RM7356 et RM7556 (Perween, 2017). Chen et al. (2006) ont initialement localisé *fgr* entre RM8264 et RM3459 à une distance d'environ 800 kb, avant de le restreindre à un intervalle de 69 kb délimité par les marqueurs L02 et L06. Des marqueurs SNP associés à *fgr* ont également été validés pour des programmes d'introgression (Cheng et al., 2017).

Golestan et al. (2015), via une cartographie sur une population  $F_2$  obtenue par croisement entre variétés aromatique et non aromatique, ont localisé sur le chromosome 8 des marqueurs. Il s'agit notamment de RM223, L06, Aro7, SCUO15RM et RM515, fortement liés à l'arôme et par conséquent utiles aux programmes de SAM (Figure 2). Certains de ces marqueurs ont leurs séquences listées dans le tableau 3.



Source : (Bigyan et al. (2021)

Figure 1 : Structure du gène *fgr* (*BADH2*)

La structure du gène *BADH2* (Figure 1) présente deux allèles non fonctionnels identifiés chez les variétés de riz aromatique. L'allèle *badh2-E7* est caractérisé par trois mutations ponctuelles (SNPs) et une délétion de 8 paires de bases dans le 7<sup>e</sup> exon, tandis que l'allèle *badh2-E2* comporte une délétion de 7 paires de bases dans le 2<sup>e</sup> exon (Bigyan et al., 2021).

En revanche, les variétés non aromatiques possèdent un allèle fonctionnel de *BADH2*, structuré en **15 exons et 14 introns**, avec un

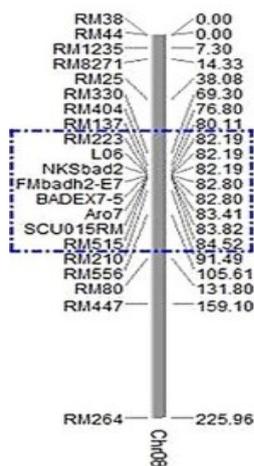


Figure 2 : Cartographie des marqueurs liés à l'arôme sur le chromosome 8, basée sur une population F<sub>2</sub> issue du croisement entre une variété de riz aromatique et une non aromatique adapté de Golestan et al. (2015). Les marqueurs situés dans les cadres bleus sont ceux fortement liés à l'arôme.

Tableau3 : Séquences de quelques amorces étroitement associées au gène *fgl*

Amorces	Séquences	Références
RM 223	R: GAAGGCAAGTCTTGGCACTG F: GAGTGAGCTTGGGCTGAAAC	Temnykhet al., 2000
RM 515	R: TGGCCTGCTCTCTCTCTC F: TAGGACGACCAAAGGGTGAG	Temnykhet al., 2000
Aro 7	R: GAGATGGGGAAGATAAA F: ATTTGCTCTGAGTCTG	Sun et al.,2008
SCU015RM	R TTTTCCACGACGCAACAT F: GGTTCAATCAAGCTCCAGC	Cordeiro et al., 2002
L06	R: GCTAACTTCGGCTCAGCAA F: GCAAGTGACGGAGTACGCCT	Chen et al., 2006

3.4.2. Le rétrocroisement assiste par marqueurs

Il s'agit d'une méthode efficace utilisée en sélection végétale qui consiste à introduire le gène *fgl* dans le fond génétique d'une variété élite non aromatique tout en conservant ses qualités agronomiques. Contrairement à la sélection conventionnelle, qui est plus longue, le rétrocroisement assisté par marqueurs permet de gagner du temps en identifiant, grâce aux marqueurs moléculaires, les génotypes souhaités à chaque génération de croisement. En effet, l'utilisation de marqueurs moléculaires flanquant et étroitement liés au gène *fgl*, comme RM223 et RM515 (Golestan et al., 2015), permet un suivi précis du locus d'arôme au cours des générations de croisement. De telles approches ont déjà été utilisées avec succès en Asie, et leur adoption en Afrique pourrait accélérer la mise au point de variétés locales aromatiques.

Par exemple, Cheng et al. (2017) ont réussi à introgresser le gène *fgl* dans deux variétés malaisiennes MR84 et MR219 en utilisant le marqueur SNP lié au gène *fgl* (*fgl*-SNP). La MABC leur a ainsi permis de réussir l'introgression du gène *fgl* en seulement 2 ans de croisement ; là où la sélection conventionnelle sans marqueur moléculaire prendrait beaucoup plus de temps. D'autres études, comme celle de Zhao et al. (2017) ou encore plus récemment Chen et al. (2024) ont réussi l'introgression du gène *fgl* par la méthode du backcross assisté par marqueur.

3.4.5. États actuels et défis de la sélection du riz aromatique en Afrique

L'état actuel de la sélection du riz aromatique en Afrique est marqué par des progrès limités. La littérature montre que l'intérêt pour le riz aromatique sur le continent n'a véritablement émergé qu'à partir des années 2010, avec une intensification des recherches après 2015. En effet, sur les 53 documents pris en compte dans cette revue systématique, seulement 18 ont été réalisés en Afrique. Ce constat souligne l'insuffisance de littérature disponible sur l'amélioration du riz aromatique en Afrique. De plus, la majorité de ces 18 études traitent soit de préférences des consommateurs en matière d'arôme, soit de sélection phénotypique et moléculaire de germoplasme aromatique (Kioko et al., 2015 ; Moshi et al., 2016 ; Palanga et al., 2016 ; Yuga et al., 2018 ; Dansou et al., 2023 ; Nanoukon et al., 2024). Les résultats de ces différentes études montrent que le continent africain dispose de germoplasmes de riz aromatique qui pourraient être utilisés comment parent donneur lors de programmes d'amélioration génétique pour l'arôme. Par exemple, en combinant les marqueurs moléculaires à l'évaluation sensorielle, Ndikuryayo et al. (2023) ont effectué des sélections précises de riz aromatiques destinées aux programmes de sélection.

Toutefois, des cas d'introgression assistée par marqueur du gène de l'arôme réalisé en Afrique sont quasi inexistantes. Le centre de riz pour l'Afrique avait lancé la première génération des variétés NERICA, parmi lesquelles certaines, comme NERICA 1, présentaient un arôme léger (Odhambo et al., 2020). Toutefois, ces variétés ont été largement abandonnées par les producteurs, et la majorité d'entre elles (comme Nerica 4 et Nerica 10) ne contenaient que peu de composés aromatiques, voire étaient dépourvues de 2-AP (Odhambo et al., 2017). En réponse à cette limitation, AfricaRice, en partenariat avec ses collaborateurs, a mis en œuvre le programme ORYLUX dès 2020 afin de développer des variétés de riz hautement valorisées, notamment aromatiques (AfricaRice, 2020). La série aromatique ORYLUX (1 à 6) a ainsi vu le jour et est issue de croisement entre la variété locale WITA 1 et la variété aromatique Pusa Basmati (AfricaRice, 2020). En revanche, à l'exception du Centre du riz pour l'Afrique (AfricaRice), nous n'avons trouvé dans la littérature aucun rapport ou résultat de recherche mentionnant une introgression réussie du gène de l'arôme en Afrique.

La sélection de l'arôme du riz est complexe en raison de son faible taux d'efficacité, de la contribution limitée des QTL individuels et de l'influence marquée de l'environnement (Pachauri et al., 2010). Étant un caractère fortement influencé par l'environnement, l'arôme peut donc varier considérablement selon le milieu de culture, même pour une même variété (Ndikuryayo et al., 2022). L'adaptation de nouveaux

cultivars de riz aromatiques aux conditions locales représente donc un défi de taille. Les variétés développées pour une expression optimale de l'arôme dans une région peuvent ne pas produire les mêmes résultats dans différentes zones agroécologiques d'Afrique. Par exemple, Itani et al. (2004) et Champagne et al. (2005) ont montré que la teneur en 2AP varie significativement selon les conditions de culture, même pour un même génotype. Les programmes de sélection doivent ainsi tenir compte des conditions environnementales spécifiques (Mheni et al., 2024) afin de garantir une expression stable et uniforme de l'arôme dans divers environnements. L'idéal serait de développer les nouvelles variétés aromatiques à partir des variétés qui se sont déjà adaptées aux conditions locales des pays d'Afrique.

L'acceptation des variétés de riz aromatiques et leur adoption par les agriculteurs constituent de notables enjeux. Le développement de ces variétés aromatiques doit être en adéquation avec les exigences du marché et les préférences des consommateurs afin de favoriser leur intégration dans les systèmes de production existants. Les programmes de sélection doivent ainsi être faits de manière participative en faisant intervenir les communautés et autres acteurs intervenant dans la filière riz. Cette approche faciliterait la prise en main et l'adoption de ces nouvelles variétés.

#### 4. Conclusion et perspectives

L'arôme du riz, principalement déterminé par l'accumulation de 2-acétyl-1-pyrroline (2AP), est aujourd'hui reconnu comme un caractère de qualité hautement valorisé tant par les producteurs que par les consommateurs. Les avancées scientifiques ont permis de mieux comprendre la base génétique de ce caractère par l'identification du gène *fgr* (*BADH2*) et le développement de marqueurs moléculaires liés à l'arôme. Le développement de ces marqueurs moléculaires ouvre ainsi la voie aux programmes de sélection assistée par marqueur. L'analyse de la littérature montre que l'amélioration de l'arôme chez le riz en Afrique reste limitée, avec peu de programmes de sélection ayant abouti à des variétés aromatiques. Il importe que les variétés locales africaines soient améliorées à partir de génotypes aromatiques comme Nerica 1, Pusa basmati et Basmati 370 en utilisant la sélection assistée par marqueur.

#### Conflits d'intérêts

Les auteurs déclarent que cette étude a été réalisée en l'absence de tout conflit d'intérêts.

#### References bibliographiques

- Afiukwa, C. A. A., Faluyi, J. O., Atkinson, C. J., Ubi, B. E. U., Igwe, D. O., & Akinwale, R. O. (2016). Screening of some rice varieties and landraces cultivated in Nigeria for drought tolerance based on phenotypic traits and their association with SSR polymorphisms. *African Journal of Agricultural Research*, 11(29): 2599-2615. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11239>
- AfricaRice. (2020). Variétés ORYLUX : Riz aromatique pour l'Afrique. <https://www.africarice-fr.org/orylux>.
- Ahn, S. N., Bollich, C. N., & Tanksley, S. D. (1992). RFLP tagging of a gene for aroma in rice. *Theoretical and Applied Genetics*, 84: 825-828. <https://doi.org/10.1007/BF00227391>
- Asante, M. D., Asante, B. O., Acheampong, G. K., Offei, S. K., Gracen, V., Adu-Dapaah, H., & Danquah, E. Y. (2013). Farmer and consumer preferences for rice in the Ashanti region of Ghana: Implications for rice breeding in West Africa. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 5(12): 229-238. <https://doi.org/10.5897/JPBCS13.0409>
- Bigyan, K. C., Pandit, R., Regmi, R., Bhusal, B., Neupane, P., Bhattarai, K. et al. (2021). Genetic Basis Of Rice Aroma Gene And Its Application In Rice Genetics And Breeding: A Review. *Russian Journal of Agricultural and Socio-Economic Sciences*, 111(3):170-175. <https://doi.org/10.18551/rjoas.2021-03.20>
- Bhowmik, S. K., Titov, S., Islam, M. M., Siddika, A., Sultana, S., & Haque, M. S. (2009). Phenotypic and genotypic screening of rice genotypes at seedling stage for salt tolerance. *African Journal of Biotechnology*, 8(23): 6490-6494.
- Bin Rahman, A. R., & Zhang, J. (2023). Trends in rice research: 2030 and beyond. *Food and Energy Security*, 12(2) : e390. <https://doi.org/10.1002/fes3.390>
- Bradbury, L. M., Fitzgerald, T. L., Henry, R. J., Jin, Q., & Waters, D. L. (2005). The gene for fragrance in rice. *Plant biotechnology journal*, 3(3): 363-370. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2005.00131.x>
- Buttery, R. G., Ling, L. C., Juliano, B. O., & Turnbaugh, J. G. (1983). Cooked rice aroma and 2-acetyl-1-pyrroline. *Journal of agricultural and food chemistry*, 31(4): 823-826. <https://doi.org/10.1021/jf00118a036>
- Champagne, E. T., Bett-Garber, K. L., Thompson, J., Mutters, R., Grimm, C. C., & McClung, A. M. (2005). Effects of drain and harvest dates on rice sensory and physicochemical properties. *Cereal chemistry*, 82(4) : 369-374. <https://doi.org/10.1094/CC-82-0369>
- Chen, J., Li, S., Zhou, L., Zha, W., Xu, H., & Liu, K. (2024). Rapid breeding of an early maturing, high-quality, and high-yielding rice cultivar using marker-assisted selection coupled with optimized anther culture. *Molecular Breeding*, 44(9) : 58. <https://doi.org/10.1007/s11032-024-01495-4>
- Chen, S., Wu, J., Yang, Y., Shi, W., & Xu, M. (2006). The *fgr* gene responsible for rice fragrance was restricted within 69 kb. *Plant Science*, 171(4): 505-514. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2006.05.013>

- Cheng, A., Ismail, I., Osman, M., Hashim, H., & Mohd Zainual, N. S. (2017). Rapid and targeted introgression of *fgr* gene through marker-assisted backcrossing in rice (*Oryza sativa* L.). *Genome*, *60*(12): 1045-1050. <https://doi.org/10.1139/gen-2017-0100>
- Chérif, A. A., Houndonougbo, J. S., Idohou, R., Mensah, S., Azihou, A. F., Avocèvou-Ayisso, C. et al. (2023). Towards sustainable conservation and domestication of *Balanites aegyptiaca* L. (Zygophyllaceae) in Africa: progress and challenges. *Journal of Arid Environments*, *218*: 105053. <https://doi.org/10.1016/j.jaridenv.2023.105053>
- Cordeiro, G. M., Christopher, M. J., Henry, R. J., & Reinke, R. F. (2002). Identification of microsatellite markers for fragrance in rice by analysis of the rice genome sequence. *Molecular Breeding*, *9*: 245-250. <https://doi.org/10.1023/a:1020350725667>
- Dansou, V., Houssou, P. A. F., Kouke, Y. S. R., Hotegni, A. B., Sagui, W. A. C., Aboudou, K., & Zannou, H. (2023). Physicochemical and sensory characterization of five promising aromatic rice accessions in Benin. *Food and Environment Safety Journal*, *22*(1). <http://dx.doi.org/10.4316/fens.2023.004>
- Daygon, V. D., Prakash, S., Calingacion, M., Riedel, A., Ovenden, B., Snell, P. et al. (2016). Understanding the Jasmine phenotype of rice through metabolite profiling and sensory evaluation. *Metabolomics*, *12*: 1-15. <https://doi.org/10.1007/s11306-016-0989-6>
- Ding, H. F., Yao, F. Y., Li, G. X., Jiang, M. S., Li, R. F., Zhang, X. D., ... & Zhang, Y. (2009). Delimitation of the *fgr* gene for rice fragrance to a 28-kb DNA fragment. *Russian Journal of Plant Physiology*, *56* (4) : 532-539. <https://doi.org/10.1134/s102144370904013x>
- Dutta, C., Nath, D. J., & Phyllei, D. (2022). Aromatic Rice and Factors Affecting Aroma in Rice. *International Journal of Environment and Climate Change*: 1773-1779. <https://doi.org/10.9734/ijecc/2022/v12i1131162> FAO (FAOSTAT 2024). <https://www.fao.org/faostat>
- Fatondji, B. Y., Adoukonou-Sagbadja, H., Sognigbe, N., Gandonou, C., & Vodouhè, R. S. (2020). Farmers' preferences for varietal traits, their knowledge and perceptions in traditional management of drought constraints in rice cropping in Benin: Implications for rice breeding. *Journal of Agricultural Science*, *122*(11): 56-77. <https://doi.org/10.5539/jas.v12n11p56>
- Frimpong, B. N., Asante, B. O., Asante, M. D., Ayeh, S. J., Sakyiamah, B., Nchanji, E., ... & Tufan, H. (2023). Identification of gendered trait preferences among Rice producers using the G+ breeding tools: implications for Rice improvement in Ghana. *Sustainability*, *15*(11), 8462. <https://doi.org/10.3390/su15118462>
- Golam F., Norzuaiani, K., Jennifer, A. H., Subha, B., Zulqarnain, M., Osman, M. et al. (2010). Evaluation of kernel elongation ratio and aroma association in global popular aromatic rice cultivars in tropical environment. *African Journal of Agricultural Research*, *5*(12) : 1515-1522. <https://doi.org/10.5897/AJAR.9000368>
- Gaur, A., & Wani H, S. (2016). Understanding the Fragrance in Rice. *Rice Research*, *4*(1). <https://doi.org/10.4172/2375-4338.1000e125>
- Golam, F., Yin, Y. H., Masitah, A., Afnierna, N., Majid, N. A., Khalid, N., & Osman, M. (2011). Analysis of aroma and yield components of aromatic rice in Malaysian tropical environment. *Australian Journal of Crop Science*, *5*(11): 1318-1324.
- Golestan Hashemi, F. S., Rafii, M. Y., Razi Ismail, M., Mohamed, M. T. M., Rahim, H. A., Latif, M. A., & Aslani, F. (2015). Opportunities of marker-assisted selection for rice fragrance through marker-trait association analysis of microsatellites and gene-based markers. *Plant Biology*, *17*(5) : 953-961. <https://doi.org/10.1111/plb.12335>
- Hien, N. L., Yoshihashi, T., Sarhadi, W. A., Thanh, V. C., Oikawa, Y., & Hirata, Y. (2006). Evaluation of aroma in rice (*Oryza sativa* L.) using KOH method, molecular markers and measurement of 2-acetyl-1-pyrroline concentration. *Japanese Journal of Tropical Agriculture*, *50*(4) : 190-198. <https://doi.org/10.11248/jsta1957.50.190>
- Hinge, V., Patil, H., & Nadaf, A. (2015). Comparative characterization of aroma volatiles and related gene expression analysis at vegetative and mature stages in basmati and non-basmati rice (*Oryza sativa* L.) cultivars. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, *178*(4) : 619-639. <https://doi.org/10.1007/s12010-015-1898-2>
- Hu, X., Lu, L., Guo, Z., & Zhu, Z. (2020). Volatile compounds, affecting factors and evaluation methods for rice aroma: A review. *Trends in Food Science & Technology*, *97*: 136-146. <https://doi.org/10.1016/j.tifs.2020.01.003>
- Itani, T., Tamaki, M., Hayata, Y., Fushimi, T., & Hashizume, K. (2004). Variation of 2-acetyl-1-pyrroline concentration in aromatic rice grains collected in the same region in Japan and factors affecting its concentration. *Plant production science*, *7*(2): 178-183. <https://doi.org/10.1626/pps.7.178>
- Jasim Aljumaili, S., Rafii, M. Y., Latif, M. A., Sakimin, S. Z., Arolu, I. W., & Miah, G. (2018).

- Genetic diversity of aromatic rice germplasm revealed by SSR markers. *BioMed research international*, 2018(1): 7658032.
- Kimani, J. M., Tongoona, P., Derera, J., & Nyende, A. B. (2011). Upland rice varieties development through participatory plant breeding. *ARPN Journal of agricultural and biological science*, 6(9): 39-49.
- Kioko, W. F., Musyoki, M. A., Piero, N. M., Muriira, K. G., Wavinya, N. D., Rose, L. et al. (2015). Genetic diversity studies on selected rice (*Oryza sativa* L) populations based on aroma and cooked kernel elongation. *Journal of Phylogenetics & Evolutionary Biology*, 3(158): 2. <https://doi.org/10.4172/2329-9002.1000158>
- Kongchum, M., Harrell, D. L., & Linscombe, S. D. (2022). Comparison of 2-acetyl-1-pyrroline (2AP) in rice leaf at different growth stages using gas chromatography. *Agricultural Sciences*, 13(2): 165-176. <https://doi.org/10.4236/as.2022.132013>
- Kongpun, A., Pusadee, T., Jaksomsak, P., Chinachanta, K., Tuiwong, P., Chan-In, P., ... & Prom-U-Thai, C. (2024). Abiotic and biotic factors controlling grain aroma along value chain of fragrant rice: a review. *Rice Science*, 31(2): 142-158. <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2023.11.004>
- Khush, G.S. (2000). Taxonomy and origin of rice. In: Singh, R.K., Singh, US, Khush, G.S. (eds). *Aromatic rices*. Oxford and IBH, New Delhi, pp. 5-13
- Laguerre, M., Mestres, C., Davrieux, F., Ringuet, J., & Boulanger, R. (2007). Rapid discrimination of scented rice by solid-phase microextraction, mass spectrometry, and multivariate analysis used as a mass sensor. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 55(4): 1077-1083. <https://doi.org/10.1021/jf0623992>
- Lamo, J., Ochan, D., Abebe, D., Ayalew, Z. Z., Mlaki, A., & Ndikuryayo, C. (2021). Irrigated and Rain-Fed Lowland Rice Breeding in Uganda: A. *Cereal grains*, 2, 137. <https://doi.org/10.5772/intechopen.97157>
- Mheni, N. T., Kilasi, N., Quiloy, F. A., Heredia, M. C., Bilaro, A., Meliyo, J., ... & Nchimbi Msolla, S. (2024). Breeding rice for salinity tolerance and salt-affected soils in Africa: a review. *Cogent Food & Agriculture*, 10(1): 2327666. <https://doi.org/10.1080/23311932.2024.2327666>
- Mogga, M., Sibiya, J., Shimelis, H., Lamo, J., & Ochanda, N. (2019). Appraisal of major determinants of rice production and farmers' choice of rice ideotypes in south sudan: implications for breeding and policy interventions. *Experimental Agriculture*, 55(1):143-156. <https://doi.org/10.1017/S0014479718000017>
- Moshi, W. E. (2016). Association of Betaine Aldehyde Dehydrogenase 2.1 (Badh2. 1) Gene Allele with aroma in popular traditional rice varieties in Tanzania. Doctoral dissertation, Sokoine University of Agriculture, Morogoro, Tanzania.82p.
- Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., ... & Baloch, F. S. (2018). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2): 261-285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>
- Nambiema, A., Fouquet, J., Guilloteau, J., & Descatha, A. (2021). La revue systématique et autres types de revue de la littérature : qu'est-ce que c'est, quand, comment, pourquoi ? *Archives des Maladies Professionnelles et de l'Environnement*, 82(5) : 539-552. <https://doi.org/10.1016/j.admp.2021.03.004>
- Nanoukon, C. N. M., Hambada, K. D. M., Thiémélé, D. E. F., Loumedjinon, B. M. P. F., Affolabi, B. F. C. W., Havivi, A. S., ... & Djedatin, L. G. (2024). Sensory Phenotypic and Molecular Identification of Aromatic Rice Accessions Cultivated in Benin. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 15(3):195-206. <https://doi.org/10.4236/abb.2024.153014>
- Ndikuryayo, C., Ndayiragije, A., Kilasi, N., & Kusolwa, P. (2022). Breeding for rice aroma and drought tolerance: A review. *Agronomy*, 12(7):1726. <https://doi.org/10.3390/agronomy12071726>
- Ndikuryayo, C., Ndayiragije, A., Kilasi, N., & Kusolwa, P. (2023). Screening for aroma in rice genotypes with African and Asian backgrounds. *Urban Agriculture & Regional Food Systems*,8(1): e20045. <https://doi.org/10.1002/uar2.20045>
- Ocan, D., Tusiime, R., Khizzah, B. W., Lamo, J., Chiteka, A., & Rubaihayo, P. R. (2021). Inheritance studies of grain shape and aroma traits of rice genotypes in Uganda rice germplasm. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 13(3): 77-86. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2021.0953>
- Odhiambo BA, Owuor PO, Onyango JC, Okora JO (2020) Volatile Flavour Compounds of New Rice for Africa (NERICA) Varieties and the Effect of Nitrogen Fertilizer Rates in their Production in Lake Victoria Basin, Western Kenya. *Journal of Rice Research* 8: 223.
- Pachauri, V., Singh, M. K., Singh, A. K., Singh, S., Shakeel, N. A., Singh, V. P., & Singh, N. K. (2010). Origin and genetic diversity of aromatic rice varieties, molecular breeding and chemical and genetic basis of rice

- aroma. *Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology*, *19*:127-143. <https://doi.org/10.1007/BF03263333>
- Palanga, K. K., Traore, K., Bimpong, K., Jamshed, M., & Mkulama, M. A. (2016). Genetic diversity studies on selected rice varieties grown in Africa based on aroma, cooking and eating quality. *African Journal of Biotechnology*, *15*(23): 1136-1146.
- Perween, S. (2017). Molecular characterisation of genetic diversity in aromatic rice genotypes of chhattisgarh region. *Journal of Crop and Weed*, *14*: 94-99.
- Pinson, S. R. M. (1994). Inheritance of aroma in six rice cultivars. *Crop Science*, *34*(5): 1151-1157. <https://doi.org/10.2135/cropsci1994.0011183x003400050002x>
- Ramtekey, V., Cherukuri, S., Modha, K. G., Kumar, A., Kethineni, U. B., Pal, G., Singh, A. N., & Kumar, S. (2021). Extraction, characterization, quantification, and application of volatile aromatic compounds from Asian rice cultivars. *Reviews in Analytical Chemistry*: 2021(1), 272–292. <https://doi.org/10.1515/revac-2021-0137>
- Shan, Q., Zhang, Y., Chen, K., Zhang, K., & Gao, C. (2015). Creation of fragrant rice by targeted knockout of the Os BADH2 gene using TALEN technology. *Plant biotechnology journal*, *13*(6): 791-800. <https://doi.org/10.1111/pbi.12312>
- Sood, B. C., Siddiq, E. A., & Zaman, F. U. (1983). Genetic analysis of kernel elongation in rice. *Indian Journal of Genetics & Plant Breeding*, *43*(1): 40–43.
- Srisedadka, T., Wongpornchai, S., & Kitsawatpaiboon, P. (2006). Rapid method for quantitative analysis of the aroma impact compound, 2-acetyl-1-pyrroline, in fragrant rice using automated headspace gas chromatography. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *54*(21): 8183-8189. <https://doi.org/10.1021/jf0614490>
- Sun, S. X., Gao, F. Y., Lu, X. J., Wu, X. J., Wang, X. D., Ren, G. J., & Luo, H. (2008). Genetic analysis and gene fine mapping of aroma in rice (*Oryza sativa* L. Cyperales, Poaceae). *Genetics and Molecular Biology*, *31*, 532-538. <https://doi.org/10.1590/s1415-47572008000300021>
- Temnykh, S., Park, W. D., Ayres, N., Cartinhour, S., Hauck, N., Lipovich, L., Cho, Y. G., Ishii, T., & McCouch, S. R. (2000). Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, *100*(5): 697–712. <https://doi.org/10.1007/s001220051342>
- Veerabhadraswamy, M., Sindhumole, P., Mathew, D., Shylaja, M. R., Joseph, J., Augustine, R., & James, D. (2022). Molecular analysis of aroma gene (BADH2) in Biriyanicheera: a tropical aromatic rice genotype from Kerala, India. *Molecular Biology Reports*, *49*(4): 3149–3155. <https://doi.org/10.1007/s11033-022-07146-1>
- Verma, D. K., & Srivastav, P. P. (2020). A paradigm of volatile aroma compounds in rice and their product with extraction and identification methods: A comprehensive review. *Food Research International*, *130*, 108924. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2019.108924>
- Verma, D. K., & Srivastav, P. P. (2018). Introduction to rice aroma, flavor, and fragrance. *Science and technology of Aroma, Flavour and Fragrance in Rice*. In: Verma, D.K., Srivastav, P.P. (eds). Apple Academic Press, USA, pp 3-34. <https://doi.org/10.1201/b22468-10>
- Yuga, M. E., Kimani, P. M., Kimani, J. M., & Muthomi, J. W. (2018). Screening upland rice genotypes for grain yield and grain quality in Kenya. *Journal of Agriculture*, *5*(7): 1–15.
- Zhao, G. C., Xie, M. X., Yu, F. Y., Hu, D. M., Zhang, T., & Li, J. Y. (2017). Development of a new fragrant and good eating quality rice variety with stripe virus disease resistance by molecular marker-assisted gene pyramiding. *Indian journal of genetics and plant breeding*, *77*(02): 221-227. <https://doi.org/10.5958/0975-6906.2017.00029.3>