

刘海英,杨忠良,刘会,等.五优稻4号水稻香味的遗传分析与SSR分子标记筛选[J].黑龙江农业科学,2021(6):5-8,9.

五优稻4号水稻香味的遗传分析与SSR分子标记筛选

刘海英^{1,2},杨忠良²,刘会²,冷春旭²,吴立成²,徐振华²,于艳敏²,来永才³

(1. 黑龙江省农业科学院 博士后科研工作站,黑龙江 哈尔滨 150086;2. 黑龙江省农业科学院 生物技术研究所以,黑龙江 哈尔滨 150028;3. 黑龙江省农业科学院,黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为促进水稻香味分子标记辅助育种,以优质香稻品种五优稻4号为香味供体亲本,龙粳20为受体亲本进行杂交,根据杂交后代植株香味的表现,对五优稻4号水稻品种香味性状进行遗传分析,并利用SSR分子标记方法筛选与五优稻4号香味连锁的SSR分子标记。结果表明:水稻五优稻4号的香味性状是由单隐性基因控制;通过SSR分子标记引物的筛选,得到了49对能够在两亲本间稳定表现出多态性的引物,用这49对引物筛选由杂交后代构建的选香和无香基因池,得到1个SSR引物RM5647与香味基因紧密连锁,其遗传距离为25.7 cM。

关键词:水稻;香味;遗传分析;SSR分子标记

水稻(*Oryza sativa*)是重要的粮食作物^[1],我国有65%以上人口以水稻为主食^[2]。随着经济发展我国人民生活水平不断提高,人们对稻米营养和蒸煮食味品质的要求也逐渐变高,作为优质水稻品种香稻受到广泛关注^[3-4]。香稻是栽培稻的一种,香米富含大量蛋白质、各种氨基酸以及钙、磷、铁、硒等人体所需微量元素^[5]。香米具有较好的经济效益,育种者愈来愈重视培育高产优质的高档香米^[6]。国内外学者对香味性状的研究成为热点^[7]。有关水稻香味性状的遗传机理,研究者得出不同结论,有人认为香味性状受一对基因控制^[8],还有人认为受两对甚至多对基因控制^[9]。传统的杂交育种通过人工鉴定获得纯合的香味单株比较困难,香味杂合基因型个体籽粒性状呈分离状态,香粒远少于不香粒,因此可以通过分子标记辅助育种来弥补传统育种的不足。黑龙江省是我国重要的水稻生产基地,土壤肥沃,昼夜温差大,环境优良,是生产寒地优质粳稻的理想区域^[10]。五优稻4号2009年审定以来经过多年种植与推广,深受全国消费者喜爱。为了改良和提纯五优稻4号减少退化现象,本研究以五优稻4号和龙粳20为亲本,通过杂交获得F₂群体,通

过F₂群体对五优稻4号香味基因进行遗传分析,采用SSR分子标记方法来筛选与五优稻4号香味基因连锁的分子标记来快速鉴定基因,以期寒地水稻香味分子标记辅助育种提供科学理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

以佳木斯水稻研究所培育龙粳20和五常水稻研究所培育的五优稻4号为供试材料。

1.2 方法

1.2.1 F₂群体构建 本试验于2015年用五优稻4号作为母本,龙粳20作为父本进行杂交,得到杂交种子。2016年种植F₁,获得F₂种子,2017年种植F₂分离群体,插植规格为30 cm×10 cm,群体单株种植,常规水肥管理。本试验在黑龙江省农业科学院五常水稻研究所试验基地进行。

1.2.2 叶片及籽粒香味鉴定 叶片香味鉴定使用Sood等^[11]的KOH浸泡法,取2个亲本五优稻4号和龙粳20、杂交F₁及杂交F₂分离群体叶片,所有要鉴定材料取叶片2.0 g左右,剪成3~5 cm长的碎片,放到培养皿后,检测时每个样品中加入1.7% KOH溶液10 mL左右,然后用盖密封。叶片浸泡约10~15 min,开始鉴定香味有无。参照Berner等^[12]的咀嚼法来鉴定杂交F₁和F₂米粒是否有香味,由3个人组成米粒香味的鉴定小组,每人对同一F₂单株所收种子分别咀嚼

收稿日期:2021-01-30

基金项目:黑龙江省自然科学基金面上项目(C2015029);国家重点研发计划(2016YFD0300900);黑龙江省科技厅重点研发项目(GA18B101)。

第一作者:刘海英(1978—),女,博士,助理研究员,从事水稻育种栽培研究。E-mail:liuhaiying0906@126.com。

定,如连续 5 粒都有香味,则认为该 F_2 单株是有香味单株;否则要咀嚼 12 粒来判断,如果 12 粒都不香则认为单株不香,如有 F_2 单株籽粒有香和不香同时存在则认为香味性状有分离,用叶片和籽粒香味结果相互印证。

1.2.3 标记引物设计 SSR 分子标记引物序列是在水稻基因组数据库中搜索得到,选择与水稻香味基因连锁的水稻 SSR 标记引物,对亲本进行多态性筛选,筛选亲本间多态性引物;利用亲本间有多态性引物对 F_2 群体单株验证并对五优稻 4 号香味基因连锁性进行分析。

1.2.4 引物筛选与标记验证 所有供试材料的 DNA 提取按徐振华等^[13]的 CTAB 简易法进行操作。随机选取龙粳 20 和五优稻 4 号的杂交 F_2 分离群体中有香味和无香味单株各 10 株,提取基因组 DNA 后等量混合构建有香味和无香味两个近等基因池;用筛选出的在亲本间有差异的多态性 SSR 分子标记引物对 DNA 基因池进行筛选。用在亲本间和有香、无香 DNA 基因池中表现具有相同差异的引物再对 270 株 F_2 单株进行验证并确定标记。PCR 反应体系为 10 μ L,含 10 $\times$ Buffer 1.0 μ L, 2.5 mmol $\cdot$ L⁻¹ dNTPs 0.6 μ L, 10 μ mol $\cdot$ L⁻¹ 正、反向 SSR 引物各 0.6 μ L, Taq 聚合酶 (5 U $\cdot$ μ L⁻¹) 0.2 μ L, 20 ng 模板 DNA 1.0 μ L, ddH₂O 6.0 μ L。应用 Bio-RAD 公司 PTC0200 进行扩增,反应程序为:95 $^{\circ}$ C 预变性 3 min 后,95 $^{\circ}$ C 变性 30 s, 50~60 $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72 $^{\circ}$ C 下延伸 1 min, 35 个循环,最后 72 $^{\circ}$ C 下延伸 5 min。4 $^{\circ}$ C 保存。扩增产物用 BIO-RAD 电泳仪在 6% 聚丙烯酰胺变性测序胶上电泳。

1.2.5 数据分析 香味性状的遗传分析采用卡平方测验。亲本五优稻 4 号的带型记为 3, 龙粳 20 的带型记为 1, 杂合带型记为 2, 缺失记为 0, 然后结合个体表型性状鉴定, 与分子标记相结合, 使用 Jinmap V4.0 计算遗传距离。

2 结果与分析

2.1 亲本及杂交后代叶片和籽粒香味性状遗传分析

水稻分蘖期,选取田间亲本及杂交 F_1 、 F_2 单株叶片,利用 Sood 等^[11]的 KOH 法对取样单株叶片进行香味性状有无的鉴定,其鉴定结果如表 1 所示,其中五优稻 4 号水稻品种的叶片有香味,而五优稻 4 号水稻品种与龙粳 20 水稻品种杂交后代 F_1 以及龙粳 20 本身植株的叶片均没有香

味,鉴定结果说明五优稻 4 号水稻品种的香味性状是隐性性状,由 1 对隐性基因控制。

表 1 亲本及杂交 F_1 植株叶片香味鉴定

品种(组合)名称	总株数	香	非香
五优稻 4 号	10	10	0
龙粳 20	12	0	12
五优稻 4 号 $\times$ 龙粳 20	15	0	15

由表 2 五优稻 4 号 $\times$ 龙粳 20 的杂交后代 F_2 叶片香味分离情况可知,杂交后代 F_2 单株叶片香味有带香味和无香的分离两种结果,其中无香的单株共有 212 株,有香味的单株共有 58 株,经卡平方检验, $\chi^2=1.60<\chi_{0.05}^2=3.84$,无香和有香单株的香味性状分离比例符合 3:1,说明五优稻 4 号的香味为单基因控制独立遗传模式,五优稻 4 号的香味是由 1 对基因控制的隐性性状。

表 2 五优稻 4 号 $\times$ 龙粳 20 杂交 F_2 叶片香味分离情况及卡平方测验

表现型	F_2 实际株数(O)	F_2 理论株数(E)	O-E	$ O-E -1/2$	$(O-E -1/2)^2/E$
香	58.0	67.5	-9.5	9	1.2
无香	212.0	202.5	9.5	9	0.4
总数	270.0	270.0	0		1.6

表 3 F_2 分离群体中单株籽粒香味的分离情况

表现型	F_2 实际株数(O)	F_2 理论株数(E)	O-E	$(O-E)^2/E$
香	58.0	67.5	-9.5	1.3370
杂合	147.0	135.0	12.0	1.0667
无香	65.0	67.5	-2.5	0.0925
总数	270.0	270.0	0	2.4963

关于五优稻 4 号 $\times$ 龙粳 20 的杂交 F_2 分离群体中所有单株籽粒香味分析结果列于表 3,可见 χ^2 测验结果为 $\chi^2=2.49<\chi_{0.05}^2=5.99$,杂交 F_2 分离群体籽粒香味单株分离比例符合 1:2:1。五优稻 4 号 $\times$ 龙粳 20 杂交 F_2 世代所有群体叶片和籽粒香味有无的鉴定结果表明,其中叶片带有香味的单株有 58 株,这 58 个单株的籽粒也都带有香味,呈现出香味有无表现一致性。在杂交 F_2 分离群体中叶片没有香味的 212 株中,籽粒完全没有香味的有 65 株,而余下 147 株的籽粒表现出两种情况分别是有香与无香单株。由于 F_2 所有群体叶片香味性状是 1 对基因控制的隐性性状,所以 F_2 叶片不香的杂合型植株上可结出两种种子即香与不香。因此,叶片表现出不香的单株中即有杂合基因型也有纯合基因型。本试验结果说明,

五优稻 4 号水稻品种的香味性状是受 1 对隐性基因控制与王晓焰^[14]研究结果一致。由此可知,如果香稻品种是基因纯合稳定的品种,叶片的香味与其籽粒香味一致,但对于香稻品种是杂合基因型材料而言,叶片香味与籽粒香味结果则并不完全一致^[15]。

2.2 DNA 提取及 SSR 分子标记引物的筛选

2.2.1 水稻基因组 DNA 质量检测

提取的供试材料基因组 DNA 溶解至 TE 缓冲液,然后基因组 DNA 经琼脂糖凝胶电泳检测,检测结果样品基本无降解,呈一条主带,所有基因组 DNA 浓度调整为 $20 \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$,用于 PCR 扩增(图 1)。

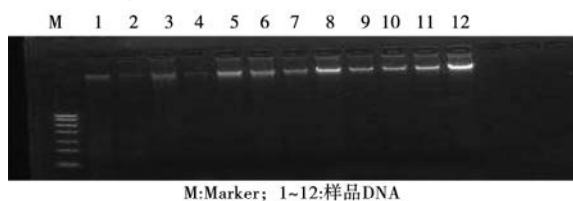


图 1 基因组 DNA 样品检测

2.2.2 亲本间多态性引物的筛选

亲本间多态性 SSR 标记引物筛选结果如图 2 所示。本试验选用了 145 对 SSR 分子标记引物,这些标记均匀分布于水稻 12 条染色体上,根据 Gramene 网站查找到公布的 SSR 分子标记引物序列,由上海生工生物工程技术服务有限公司合成标记引物。通过标记筛选检测到亲本五优稻 4 号与龙粳 20 基因组 DNA 的扩增图谱存在差异,说明存在多态性,145 对引物中筛选出 49 对 SSR 分子标记在亲本间有多态性,多态性率达到 34%。

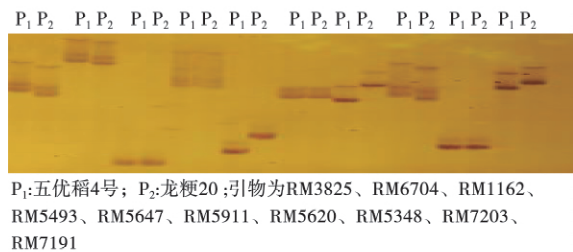


图 2 筛选亲本间多态性 SSR 标记引物

2.2.3 香味基因连锁的分子标记筛选

利用 F_2 分离群体叶片香味有无鉴定结果构建了两个基因池,有香味基因池与非香味基因池。在两亲本间多态性引物筛选得到了 49 对亲本间有差异的 SSR 分子标记引物,利用这 49 对 SSR 分子标记引物对香味基因池和非香基因池进行检测。检测结果如图 3 所示,初步筛选到 5 个与五优稻 4 号的香味基因存在连锁关系 SSR 分子标记引物,分别是 RM3351、RM3367、RM5348、RM5647 和 RM339。

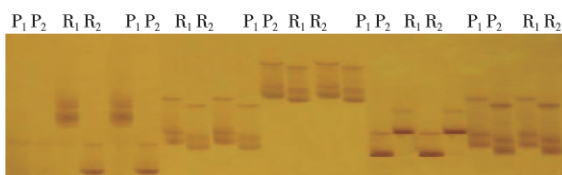


图 3 五优稻 4 号连锁标记筛选香味基因

随机在杂交后代 F_2 群体单株中选取 15 个有香味单株和 15 个无香味单株,利用 RM3351、RM3367、RM5348、RM5647 和 RM339 这 5 对具有多态性 SSR 分子标记引物对无香与有香单株进行扩增。结果表明,只有引物 RM5647 能在 15 个有香味单株和 15 个无香味单株中扩增出特异性条带,因此初步确定引物 RM5647 扩增出的多态性片段可能与五优稻 4 号香味基因连锁。

为了确定 SSR 分子标记引物 RM5647 扩增特异片段与五优稻 4 号香味基因的遗传距离,用 SSR 分子标记引物 RM5647 对杂交后代 F_2 分离群体 270 个单株进行扩增,扩增结果共有 3 种带型,香、无香和杂合带型如图 4 所示,所得单株带型结果用软件 Jinmap V4.0 进行分析,SSR 分子标记引物 RM5647 与香味基因连锁,连锁距离 25.7 cM。

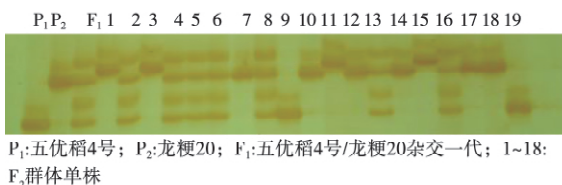


图 4 引物 RM5647 分子标记在 F_2 中部分单株的分离情况

3 结论与讨论

从以往对植物香味的研究结果可以看出香味基因的遗传比较复杂,对于香味基因的遗传由于材料与测定方法得出不同说法,报道香稻香味主要有 1~3 对显性或隐性基因控制^[16-17]。本研究结果表明, F_2 单株叶片无香单株是 212 株,有香味单株是 58 株,无香和有香单株的比例符合 3:1,说明五优稻 4 号水稻品种的香味基因为单隐性基因控制独立遗传模式,这与多数研究者研究结果一致^[18-20]。

香味是稻米重要的食味品质性状,鉴别是否具有香味水稻籽粒用咀嚼法和叶片用 KOH 浸泡法相结合的传统方法^[21]时,由于人为鉴定误差,这种表型鉴定的结果并不准确可靠。香味性状大部分为单隐性基因控制,在杂交后分离后代中,传

统的育种方法不利于选出纯合的香型单株^[22]。SSR 分子标记辅助检测具有比表型性状鉴定快速准确的特点,能更加准确检测水稻香味基因,已被广泛应用于鉴定和分析水稻香味性状的研究中。已有研究表明,多数香稻品种的香味产生是由于 *Badh2* 基因第 2 外显子和第 7 外显子处发生碱基缺失而产生^[23],根据 *Badh2* 基因设计香味特异分子标记有利于大量香味材料检测,提高香稻分子育种效率^[24]。五优稻 4 号是黑龙江省第一积温区主栽的香稻品种,由于多年种植香味退化五优稻 4 号香味变淡。本研究利用五优稻 4 号(香)和龙粳 20(无香)为杂交组合亲本,通过杂交籽粒世代种植构建了 F₂ 分离群体,利用 SSR 分子标记引物在 2 个亲本间进行多态性筛选,筛选到 49 个多态性标记,利用筛选到的 49 对具有多态性 SSR 分子标记引物对 F₂ 分离群体构建的有香味基因池和非香基因池间进行分子标记检测。检测结果表明从 49 对中具有多态性的引物初步筛选到 5 个 SSR 分子标记与五优稻 4 号品种的香味基因存在连锁关系,通过 F₂ 群体筛选找到了第 8 号染色体与香味基因连锁标记 RM5647,连锁距离 25.7 cM。通过已找到的标记可以快速筛选出带香味的五优稻 4 号杂交后代,五优稻 4 号香味基因受一对隐性基因控制,杂合株有香粒也有不香粒,利用分子标记检测有利于避免有香味基因单株被淘汰^[24],在利于五优稻 4 号进行香味基因改良时,应在低世代时对单株进行香味性状鉴定^[25]。

香味基因多数由隐性单基因控制,还主要由主效基因控制,还存在多基因间的互作,这其中包括结构基因和转录因子^[26]。张现伟等^[27]指出香味性状可能存在一些其他数量性状方面的特征,例如香味的类型以及香味的强弱等特征。香味基因是水稻香味产生的主要控制因素,香味基因表达还与土壤中矿物质、水分和有机质含量,气候环境中气候冷凉、昼夜温差、籽粒成熟度等因素密切相关^[28]。因此,要结合香味基因类型和生长环境因素开展香味机理研究。

参考文献:

- [1] 赵凤民,李修平,薛菁芳,等. 黑龙江省香稻资源遗传多样性分析[J]. 分子植物育种,2020,18(12): 4120-4127.
- [2] 赵一洲,倪善君,张战,等. 基于 SNP 标记的粳型香稻品种品质性状差异及遗传多样性分析[J]. 辽宁农业科学,2020(1):1-6.
- [3] 程灿,杨佳,周继华,等. 基于功能性分子标记鉴定香味杂交粳稻亲本[J]. 分子植物育种,2018,16(17):5653-5659.
- [4] 孔雷蕾. 灌浆成熟期温度及其调控措施对香稻香气和品质的影响[D]. 广州:华南农业大学,2018.
- [5] 王国峰,黄金龙,刘兰芳,等. 优质白香稻新品种古榆香稻 1 号的选育与应用[J]. 现代农业,2004(11):14.
- [6] 刘玉芹. 利用分子标记辅助选择改良两系不育系 SE21S 的香味[J]. 福建稻麦科技,2018,36(3):13-16.
- [7] 李欣,陈宗祥,顾兴友,等. 水稻香味基因的染色体定位研究[J]. 江苏农学院学报,1995,16(2):31-38.
- [8] 宋文昌,陈志勇,张玉华,等. 同源四倍体和二倍体水稻香味的遗传分析[J]. 作物学报,1989,15(3):273-277.
- [9] 任光俊,陆贤军,张翅,等. 杂交香稻的香味遗传模式及育种研究[J]. 中国水稻科学,1999,13(1):51-53.
- [10] 贺梅,宋冬明,黄少锋. 黑龙江省香型水稻育种研究现状与展望[J]. 中国稻米,2018,24(5):45-47.
- [11] SOOD B C, SIDDIQ E A. A rapid technique for scent determination in rice[J]. Genetics & Plant Breed, 1978, 38: 268-271.
- [12] BERNER D K, HOFF B J. Inheritance of scent in American long grain rice[J]. Crop Science, 1986, 26: 876-878.
- [13] 徐振华,金正勋,张忠臣,等. 黑龙江省粳稻种质资源遗传结构分析[J]. 作物杂志,2014,1(16):38-44.
- [14] 王晓焰. 水稻香味基因的遗传分析及初步定位[D]. 北京:中国农业科学院,2007.
- [15] 李金华,王丰,柳武革,等. 水稻粤丰 B 的香味遗传分析与 SSR 标记定位[J]. 分子植物育种,2006,4(1):54-58.
- [16] PINSON S. Inheritance of aroma in six rice cultivars[J]. Crop Science, 1994, 34: 1151-1157.
- [17] SAKTHIVEL K, SUNDARAM R M, SHOBHA R N, et al. Genetic and molecular basis of fragrance in rice[J]. Biotechnology Advances, 2009, 27: 468-473.
- [18] BRADBURY L M T, FITZGERALD T L, HENRY R J, et al. The gene for fragrance in rice[J]. Plant Biotechnology Journal, 2005, 3(3): 363-370.
- [19] HE Q, PARK Y J. Discovery of a novel fragrant allele and development of functional markers for fragrance in rice[J]. Molecular Breeding, 2015, 35(11): 217.
- [20] SHAO G N, TANG S Q, CHEN M L, et al. Haplotype variation at *Badh2*, the gene determining fragrance in rice[J]. Genomics, 2013, 101(2): 157-162.
- [21] 杨扬,谢震泽,王珂,等. 水稻香味的遗传研究进展[J]. 首都师范大学学报(自然科学版),2010,31(3):24-29.
- [22] 任鄧胜,肖培村,陈勇,等. 几个香稻保持系香味的遗传研究[J]. 种子,2004(12):24-28.
- [23] 徐小龙,赵国超,李建粤,等. 24 种香稻品种甜菜碱醛脱氢酶 2 基因突变位点的分析及分子标记开发[J]. 植物分类与资源学报,2011(6):667-673.
- [24] 闫影,诸光明,张丽霞,等. 水稻香味基因分子标记的开发及应用[J]. 西北植物学报,2017,35(2):269-274.
- [25] 张江丽,李娟,张春龙,等. 云南优质软米品种“滇屯 502”香味性状的遗传分析[J]. 分子植物育种,2018,16(16): 5397-5406.
- [26] 王春萍,张现伟,白文钦,等. 新型香稻渝恢 2103 香味分子遗传特性分析[J]. 作物学报,2017,43(10):1499-1506.
- [27] 张现伟,王静,唐永群,等. 香稻香味遗传育种及其保香栽培[J]. 基因组学与应用生物学,2010(3):550-555.
- [28] 顾海华. 水稻香味遗传研究与育种利用[D]. 北京:中国农业科学院,2006.

解国庆,董清山,范书华,等. 八个不同基因型工业大麻(药用)在黑龙江省东南部的适应性评价[J]. 黑龙江农业科学,2021(6):9-12.

八个不同基因型工业大麻(药用)在黑龙江省东南部的适应性评价

解国庆¹,董清山¹,范书华¹,王 艳¹,赵云彤¹,侯文秀²,宋宪友³

(1. 黑龙江省农业科学院 牡丹江分院,黑龙江 牡丹江 157000;2. 北大荒垦丰种业股份有限公司,黑龙江 哈尔滨 150090;3. 黑龙江省农业科学院 经济作物研究所,黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为筛选适合牡丹江地区种植的工业大麻(药用)材料,本试验对搜集引进的 8 个工业大麻为材料(编号为 D1、D2、D3、D4、D5、D6、D7、D8),比较各材料的适应性、抗逆性、大麻二酚(CBD)含量、四氢大麻酚(THC)含量及花叶产量。结果表明:D2、D6、D7 的花叶产量显著高于其他材料,株高适宜,D2、D6 高抗倒伏,D7 中抗倒伏,8 份材料的 THC 含量均低于 0.3%,D2(3.5%)和 D7(3.2%)的 CBD 含量在 8 份材料中相对较高。综合评价认为 D2、D6、D7 属于优系资源,建议对这 3 份材料进一步深入研究并进行小面积示范。

关键词:基因型;工业大麻;适应性;评价

大麻(*Cannabis sativa* L.)是大麻科(Cannabaceae)大麻属(*Cannabis*)一年生草本植物,是一种传统经济作物,浑身是宝,植株全部可利用,从农业种植延伸到纺织、军需、服装、造纸、化工、粘胶、木塑、汽车内饰、新型建材、复合材料、食品保健、医药、生物柴油等诸多领域^[1-2]。在我国

不同地区有各种别称,又名汉麻、线麻、寒麻、云麻、火麻、小麻等^[3]。因大麻含有的 THC 是致幻物质的主要成分,从而导致许多国家禁种大麻。而其花和叶中提取的大麻二酚(CBD)则具有抗炎、抗惊厥、免疫调节、抗氧化、抗凋亡和抗癌作用,是近年来的研究热点。工业大麻是指种子、茎、花梢(开花结果的梢)、花、叶及根部中的四氢大麻酚(THC)含量低于 0.3%的大麻属植物^[4-5]。

中国种植大麻距今至少有 6 000 多年的历史,大麻对土壤要求不严格,从高纬度寒带地区到低纬度热带地区、从海拔 3 000 m 以上到海拔几十米的地区均适合种植。世界上最佳种植大麻的

收稿日期:2021-02-06

基金项目:黑龙江省农业科学院“农业科技创新跨越工程”专项(MLCX-23)。

第一作者:解国庆(1983—),男,硕士,副研究员,从事工业大麻新品种选育及高产高效栽培技术研究。E-mail: xgq_8@163.com。

通信作者:宋宪友(1965—),男,研究员,从事大麻、亚麻遗传育种和栽培研究。E-mail: sxianyou@163.com。

Genetic Analysis and SSR Molecular Marker Screening for Fragrance Gene in Rice Wuyoudao 4

LIU Hai-ying^{1,2}, YANG Zhong-liang², LIU Hui², LENG Cun-xu², WU Li-cheng², XU Zhen-hua², YU Yan-min², LAI Yong-cai¹

(1. Postdoctoral Programme, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 2. Institute of Biotechnology, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150028, China; 3. Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: In order to promote molecular marker assisted breeding of rice aroma, in this paper, F₁ and F₂ segregation population derived from a cross between fragrant rice variety Wuyoudao 4 and non-fragrant rice variety Longjing 20 were used to study the inheritance of fragrance trait and initial mapping the fragrance gene by SSR molecular marks in rice. The results showed that the fragrance trait of rice variety Wuyoudao 4 was controlled by one recessive gene and fragrance was recessive and non-fragrance was dominant. Through primer screening, forty-nine pairs of primers showing steady polymorphism in parents were selected. By screening the fragrance and non-fragrance bulked using these primers, one SSR markers RM5647 linked distance of 25.7 cM.

Keywords: rice; fragrance genetic analysis; SSR molecular marker