

· 研究报告 ·

水稻窄卷叶突变体*nrl7*的鉴定与基因定位

王伟, 王嘉宇*, 杨生龙, 刘进, 董晓雁, 王国骄, 陈温福

沈阳农业大学水稻研究所, 东北粳稻遗传改良与优质高效生产协同创新中心, 沈阳 110866

摘要 叶片的形态是理想株型的重要性状, 叶片适度卷曲能提高水稻(*Oryza sativa*)群体的光能利用率, 研究控制水稻叶片形态的相关基因能够进一步丰富株型理论。该研究在粳稻品系C275的群体中发现了1株自然变异的窄卷叶突变体*nrl7* (*narrow rolled leaf 7*)。与野生型相比, 突变体的叶片变窄且向内卷曲; 该突变体叶片连接中脉的泡状细胞严重变形, 中脉与小叶脉之间的维管束数量均减少至1个。此外, 突变体*nrl7*的株高、实粒数和实粒重均降低或减少, 分别为野生型的88.46%、69.77%和68.98%, 差异达极显著水平。叶片卷曲导致单叶光合速率减弱, 与野生型相比, 突变体的光合速率降低了17%, 达极显著水平。突变体*nrl7*叶片的气孔导度、胞间CO₂浓度和蒸腾速率则与野生型相比无明显变化。利用图位克隆的方法将目的基因定位于水稻第3染色体短臂上的分子标记RM5444和MM1300之间, 物理距离约为185.14 kb。研究结果为该基因的克隆和进一步的功能分析奠定了基础。

关键词 水稻, 窄卷叶突变体, 基因定位

王伟, 王嘉宇, 杨生龙, 刘进, 董晓雁, 王国骄, 陈温福 (2016). 水稻窄卷叶突变体*nrl7*的鉴定与基因定位. 植物学报 51, 290–295.

叶片是水稻(*Oryza sativa*)进行光合作用的主要器官, 叶片的形态直接影响光合作用的强弱。叶片的大小及卷曲程度也是叶片形态的重要构成因素, 适度的卷曲使叶片保持直立、株型紧凑, 改良群体通风和透光条件, 进而提高光能利用率(郎有忠等, 2004; 陆江锋等, 2005)。改良叶片形态是育种学家培育理想株型的重要目标, 也是水稻高产株型育种的重要参考指标之一(沈福成, 1983; 陈宗祥等, 2001)。因此, 进一步揭示水稻叶片形态的分子调控机制, 对水稻产量的提高具有重要意义(陈代波等, 2010)。

水稻叶片发育包括叶原基起始和轴性发育2个过程, 轴性发育沿3个方向分化发育成一个成熟叶片, 即基-顶轴、近-远轴和中-边轴。轴性发育不平衡会导致叶片形态不规则, 其中近-远轴发育不正常会导致叶片发生卷曲。随着分子生物学的发展, 叶片形成机理的研究日益深入, 已成功克隆了一些控制叶片形态建成的基因。到目前为止, 就水稻窄卷叶性状而言, 已有报道的基因大约有20多个, 其中11个被成功克隆。*RL9(t)/SLL1*基因编码与拟南芥*KANADIS*基因家族同源的MYB转录因子, 其功能缺失会导致远轴面

叶肉细胞的程序性死亡受阻, 抑制了远轴面的细胞分化, 从而引起叶片高度内卷(Yan et al., 2006; Zhang et al., 2009)。*ROC5*编码亮氨酸拉链结构转录因子, 该基因被敲除后, 叶片的泡状细胞体积增大, 叶片反卷(Zou et al., 2011)。*RL14*基因编码2OG-Fe(II)氧化酶蛋白, 属2OG-Fe(II)氧化酶基因家族, 突变体叶片的纤维素含量显著上升, 木质素含量则显著下降, 影响厚壁细胞及叶肉细胞次生壁的形成, 进而影响叶片维管束到泡状细胞的水分运输, 从而导致叶片卷曲(Fang et al., 2012)。*SRL1*编码1个糖基磷脂酰肌醇蛋白, 它的表达能够阻碍泡状细胞的形成, 从而使叶片半卷(Xiang et al., 2012)。*Na12*和*Na13*是1对等位基因, 编码OsWOX3A转录激活因子。该基因的表达改变了叶片发育以及生长素运输相关基因的表达水平, 使维管束数目减少, 泡状细胞数目增多且面积变大, 导致叶片卷曲变窄(Cho et al., 2013)。*OsZHD1*编码1个具有锌指结构的转录因子, 该基因发生突变会引起叶片的反卷(Xu et al., 2013)。*NAL1*基因编码植物形成细胞壁的一类纤维素合成酶D4, 通过影响叶片小维管束数量和泡状细胞的发育导致叶片变窄及卷曲(Hu

收稿日期: 2015-11-16; 接受日期: 2016-01-25

基金项目: 教育部长江学者和创新团队发展计划(No.IRT13079)与国家自然科学基金(No.31201140)

* 通讯作者。E-mail: ricewjy@126.com

et al., 2010)。生长素是一种极其重要的植物内源激素, 它对叶肉细胞的生长以及维管束的发育起着决定性作用(Dettmer et al., 2009)。生长素含量及极性运输的改变也会影响叶片的形态发育(Scarpella et al., 2010)。*NAL1*编码一种植物特有的未知功能蛋白, 该基因的突变影响水稻生长素的极性运输和维管束排列模式, 导致叶片纵脉数量明显减少, 表现为植株矮化和叶片变窄等性状(Qi et al., 2008)。

近年来, 虽然在叶片形态建成分子机理方面的研究取得了一系列进展, 但有关叶片卷曲的分子机制研究还不够深入。本研究以粳稻品系C275群体中自然变异的窄卷叶突变体*nrl7*为实验材料, 对其进行表型分析及基因鉴定, 以期为该基因的克隆和分子调控机理研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 植物材料

实验材料为粳稻(*Oryza sativa* L. subsp. *japonica* Kato)品种C275及其自然突变产生的窄卷叶突变体*nrl7* (*narrow rolled leaf 7*)和籼稻(*Oryza sativa* L. subsp. *indica* Kato)品种IR36。

1.2 实验方法

1.2.1 突变体表型鉴定

在水稻拔节期和灌浆期分别选取野生型C275和突变体*nrl7*各15株, 参照高艳红等(2007)的方法测定剑叶的叶片卷曲指数(leaf rolling index, LRI)。于成熟期测定株高和分蘖数, 成熟后测定每穗粒数、每穗实粒数和千粒重等主要农艺性状。

1.2.2 定位群体的构建

以窄卷叶突变体*nrl7*为母本、IR36为父本配制杂交组合。于2014年在沈阳农业大学水稻研究所实验田种植亲本和F₂群体, 对F₂群体中各单株的叶片表型进行观察, 选取窄卷叶单株作为定位群体。

1.2.3 光合速率与蒸腾速率的测定

在抽穗期(插秧后68天)选取长势相对一致的突变体*nrl7*和野生型植株各10株, 利用便携式光合仪(Li-6400)测定剑叶光合速率、蒸腾速率、胞间CO₂浓度

和气孔导度。

1.2.4 叶片组织结构观察

在拔节期(插秧后43天)取野生型C275和突变体*nrl7*发育成熟的叶片1 cm (第2叶的中部叶片), 参照李和平(2009)的方法制作石蜡切片, 利用切片机(KD-2508)将其切成厚度为8 μm的薄片, 用番红固绿染色。选取染色效果较好的完整切片在高级生物显微镜(Leica DM 1000)下进行显微观察并拍照。

1.2.5 水稻叶片DNA的提取与基因定位

采用CTAB法(Rogers and Bendich, 1988)提取亲本及F₂群体的DNA。选取F₂群体中野生型和突变体单株各15株构建正常基因池和突变体基因池。利用均匀覆盖水稻12条染色体的200对SSR标记对亲本及2个混池进行多态性分析, 利用有多态性的标记对F₂群体隐性单株进行连锁分析。根据Zhang等(2007)公布的SSR分子标记在初定位区域内筛选新的引物(表2), 扩大F₂群体至96株, 对目标基因进行精细定位。PCR产物在4%–5%的琼脂糖凝胶上电泳, 并经溴化乙锭染色, 使用凝胶成像仪观察和分析结果。

2 结果与讨论

2.1 表型分析

与野生型C275相比, 突变体*nrl7*的株高降低11.54% (图1A), 实粒数减少30.23%, 实粒重减少31.02%, 二次枝梗数减少33.04%, 均达极显著水平(表1)。突变体*nrl7*最明显的表型是叶片宽度显著减小, 内卷成筒状(图1B)。突变体*nrl7*拔节期的叶片卷曲指数为0.40, 而野生型C275的叶片卷曲指数为0.02 (图1D)。突变体*nrl7*灌浆期的叶片卷曲指数为0.70, 而野生型C275为0.09 (图1D), 均达极显著水平, 表明突变体*nrl7*的叶片卷曲程度随生育进程逐渐增大(图1A, D)。与野生型C275相比, 突变体*nrl7*的穗长、穗重和一次枝梗数均显著减少(表1)。

叶片的组织结构观察结果显示, 野生型在叶片中脉与相邻的小叶脉之间有4个维管束, 突变体仅有1个(图1C), 维管束数目的减少导致*nrl7*叶片宽度减小。野生型中脉相邻的泡状细胞成扇形排列, 中央的薄壁细胞最大; 突变体*nrl7*中脉相邻的泡状细胞数目

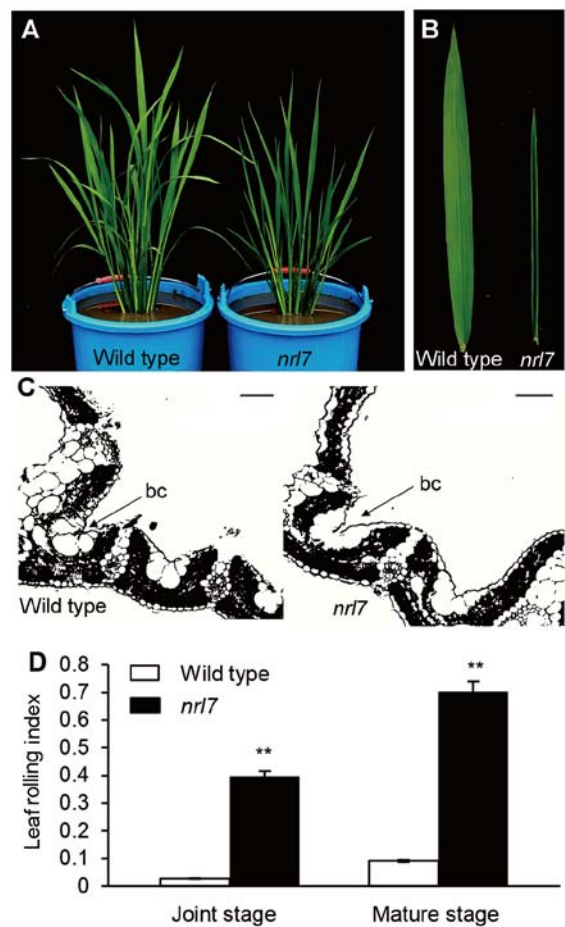


图1 水稻窄卷叶突变体*nrl7*与野生型C275的叶片形态、解剖结构及卷曲指数的比较
(A) 拔节期株型; (B) 抽穗期剑叶(自然状态); (C) 剑叶横切图(箭头示泡状细胞, bc: 泡状细胞, Bar=50 μm); (D) 拔节期和灌浆期叶片卷曲指数($n=15$)

Figure 1 Morphology and comparison of anatomical structures and leaf rolling index between the *nrl7* mutant and wild type C275 of *Oryza sativa*
(A) Plant architecture at joint stage; (B) Flag leaf at heading stage (natural state); (C) Cross section of flag leaf (bc: Bulliform cells (arrows), Bar=50 μm); (D) Leaf rolling index of joint and mature stage ($n=15$)

基本不变,但中央的薄壁细胞严重变形,排列不规则,从而导致叶片近-远轴发育不平衡,叶片内卷。

2.2 光合特性

灌浆期野生型C275的光合速率平均值为 $11.96 \mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$,突变体*nrl7*则为 $9.23 \mu\text{mol CO}_2 \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{s}^{-1}$,与野生型相比降低了17%,达极显著水平(图2A)。突变

表1 水稻野生型C275与突变体*nrl7*的农艺性状

Table 1 Agronomic traits of wild type C275 and mutant *nrl7* of *Oryza sativa*

Traits	Wild type (C275)	<i>nrl7</i>
Plant height (cm)	90.37±2.36	79.94±2.99**
Tillers	22.92±4.23	24.75±3.39
Panicle length (cm)	17.68±0.72	17.12±0.10*
Panicle weight (g)	2.01±0.20	1.44±0.03*
Number of spikelets per panicle	115.01±10.88	90.52±12.00**
Number of filled grains per panicle	95.58±14.09	66.69±10.40**
Weight of filled grains per panicle (g)	1.87±0.30	1.29±0.20**
Number of primary branches	11.69±1.90	10.19±0.66*
Number of secondary branches	15.74±2.11	10.54±2.27**
1000-grain weight (g)	20.06±0.83	19.20±0.86

* 表示在0.05水平差异显著; ** 表示在0.01水平差异显著。
* Significant difference at $P<0.05$; ** Significant difference at $P<0.01$.

体的气孔导度、胞间 CO_2 浓度和蒸腾速率与野生型C275相比无显著差异(图2B–D)。

2.3 遗传分析

以*nrl7*与野生型C275配制杂交组合, F_1 叶片均表现为正常平展; F_2 群体中,叶片正常植株422株,窄卷叶植株126株,经 χ^2 检测($\chi^2=1.0792<3.84 [\chi^2_{(0.05,1)}]$)分离比符合3:1,表明该性状受1对隐性核基因控制。

2.4 基因定位

采用混合分离分析法(bulked segregant analysis, BSA)对窄卷叶基因*NRL7*进行初步定位,多态性分析显示,位于第3号染色体上的RM523和RM5480标记与目标基因存在紧密连锁现象;采用 F_2 群体中的48个突变单株进行连锁验证,该基因初步被定位在RM523和RM5480之间,遗传距离分别为7.1 cM和3.5 cM (图3A)。进一步在目标区域内寻找了21对SSR标记,利用其中5对(表2)在亲本间有多态性的标记进行精细定位,最终将*NRL7*定位在SSR标记RM5444和MM1300之间,物理距离为185.14 kb (图3B)。

2.5 讨论

叶片是植物光合作用的主要器官,其卷曲程度显著影响植物的光合性能。叶片形态主要表现为叶片大小、集散程度和卷曲程度,当叶片处于最佳形态时,能充分利用特定生态条件下的光能,从而使生物学产量和

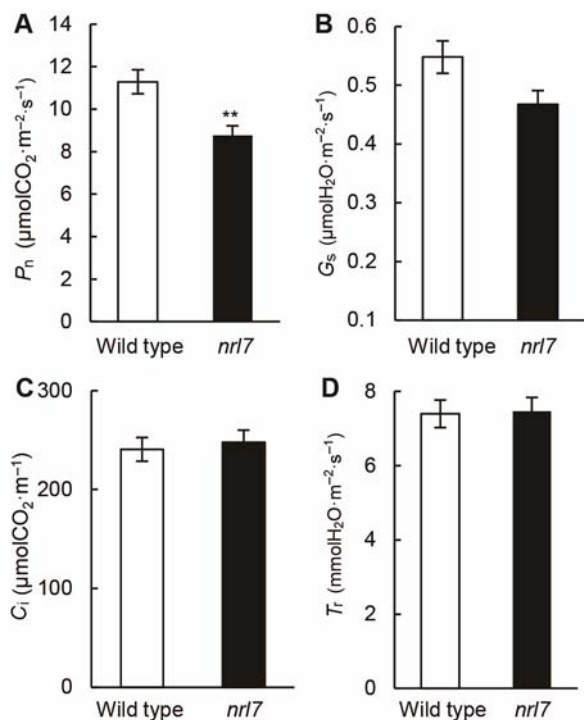


图2 水稻窄卷叶突变体 *nrl7* 与野生型 C275 的叶片生理指标
(A) 光合速率 (P_n); (B) 气孔导度 (G_s); (C) 胞间 CO_2 浓度 (C_i); (D) 蒸腾速率 (T_r)。数值=平均值 \pm 标准误; $n=10$; ** 表示 $P<0.01$ 水平差异显著。

Figure 2 Leaf physiological parameters of the mutant *nrl7* and wild type C275 of *Oryza sativa*

(A) Photosynthetic traits (P_n); (B) Stomatal conductance (G_s); (C) Intercellular CO_2 concentration (C_i); (D) Transpiration rate (T_r). Value=means \pm SD; $n=10$; ** Represents significant difference at $P<0.01$.

经济产量均达到较高水平。叶片卷曲特性最为直观的效应就是植株叶片保持直立状态, 优化群体受光结构, 改善群体基部的光照条件, 并对其群体光合速率和产量产生一定的影响。因此, 叶片适度卷曲的性状, 有助于形成理想的株型进而实现超高产(朱德峰等, 2001)。沈福成(1983)研究表明, 卷叶指数在0.1–0.45之间的叶片, 净光合速率差异很小; 当卷曲指数大于0.45时, 光合速率将会大幅度下降。陈宗祥等(2004)认为, 叶片具有一定卷曲度的群体, 前期干物质的积累会受到影响, 但后期群体消光系数小于平展叶群体, 干物质积累急剧增加, 对提高经济系数很有利。张永等(2013)分析了不同种植密度下6个卷曲程度不同的卷叶突变材料对产量和重要农艺性状的影响, 结果表明中度卷

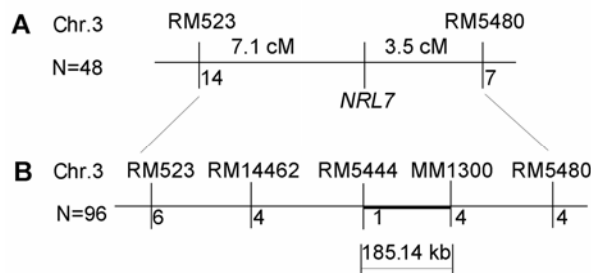


图3 水稻窄卷叶基因 *NRL7* 的定位图谱

(A) 初步定位结果; (B) 精细定位和物理距离

Figure 3 Mapping of the *NRL7* gene in *Oryza sativa*

(A) Primary molecular mapping result; (B) Fine mapping and physical distance

叶在高密度下具有重要的利用价值。本研究中, 窄卷叶突变体 *nrl7* 的叶片卷曲程度随着生育进程逐渐增大, 光合速率和产量构成因素均受到显著影响。

从表面上看, 叶片仅由几种不同类型的细胞构成, 然而它的生长发育受到多个网络调控, 涉及众多的转录因子、microRNA和IAA等的作用(严松等, 2008), 这些因素的互作十分复杂。*OsAGO7*是控制窄卷叶的显性基因, 该基因与拟南芥(*Arabidopsis thaliana*) *ZIP/Ago7*基因同源, 编码1个AGO家族蛋白, 过表达该基因将导致水稻叶片泡状细胞数目变少, 且细胞体积变小, 显著改变泡状细胞的面积和数量(Shi et al., 2007)。*NRL2(t)*突变体表现为叶片卷曲、变细、伸长及茎秆变细, 孕穗期剑叶生长素含量降低(王德仲等, 2011)。*nal7*突变体叶片变细且略微卷曲, *NAL7*编码黄素单氧化酶, 该酶与YUCCA具有序列同源性, 参与生长素的合成代谢, 突变体叶片中的IAA浓度显著低于野生型, 泡状细胞的数目增多且面积变小(Fujino et al., 2008)。本研究中, *nrl7*被定位到第3染色体短臂, 物理距离为185.14 kb的区间内, 叶片中脉与相邻叶脉之间的小维管束数量显著减少, 从而导致叶片变窄; 泡状细胞排列不规则且严重变形, 导致其与维管束之间夹角变小, 影响近-远轴发育的平衡性, 最终表现为叶片向内卷曲。*nrl7*的位置与*nal7*临近, 与*nal7*不同的是, *nrl7*临近中脉的泡状细胞中最大的薄壁细胞严重变形但数量基本不变。其分子调控机理还有待于更深入的基因克隆及功能分析。因此

表2 用于精细定位的分子标记

Table 2 Molecular markers for fine mapping

Marker	Forward primer (5'–3')	Reverse primer (5'–3')
RM523	AAGGCATTGCAGCTAGAAGC	GCACTTGGGAGGTTTGCTAG
RM5480	AAGAAGAGGATTTCTCGCC	GTCCAAGATTTGCAACGG
RM5444	AGTCGCTGGTTTCGCTTCATCG	ACTCACTGCACCCGTGATTTC
RM14462	TCTGTATTCAAGGAGGGCTAGATGC	GCTGGAGAGATGCATTGACTGG
MM1300	TTTCTGCAGTACATGCTGGC	GCGATCGAGATTCGAGAGAG

推测NRL7是1个新的窄卷叶基因，可为水稻株型改良提供新的基因资源。

参考文献

陈代波, 程式华, 曹立勇 (2010). 水稻窄叶性状的研究进展. 中国稻米 16, 1–4.

陈宗祥, 胡俊, 陈刚, 潘学彪 (2004). *RL_(n)*卷叶基因对杂交稻经济性状的影响. 作物学报 30, 465–469.

陈宗祥, 潘学彪, 胡俊 (2001). 水稻卷叶性状与理想株型的关系. 江苏农业研究 22, 88–91.

高艳红, 吕川根, 王茂青, 王澎, 闫晓燕, 谢坤, 万建民 (2007). 水稻卷叶性状QTL的初步定位. 江苏农业学报 23, 5–10.

郎有忠, 张祖建, 顾兴友, 杨建昌, 朱庆森 (2004). 水稻卷叶性状生理生态效应的研究I. 姿态、群体构成及广分布特征. 作物学报 30, 806–810.

李和平 (2009). 植物显微技术(第2版). 北京: 科学出版社. pp. 9–48.

陆江锋, 郎有忠, 张祖建, 朱庆森 (2005). 水稻一组卷叶近等基因系的株形、群体结构和光合特性比较. 扬州大学学报(农业与生命科学版) 6, 56–60.

沈福成 (1983). 关于水稻卷叶性状在育种中利用的几点看法. 贵州农业科学 5, 6–8.

王德仲, 桑贤春, 游小庆, 王增, 王秋实, 赵方明, 凌英华, 李云峰, 何光华 (2011). 水稻细卷叶突变体nrl2_(n)的遗传分析和基因定位. 作物学报 37, 1159–1166.

严松, 严长杰, 顾铭洪 (2008). 植物叶发育的分子机理. 遗传 30, 1127–1135.

张永, 王炜, 杨正林, 凌英华, 桑贤春, 李云峰, 何光华, 王贵学, 赵芳明 (2013). 不同类型卷叶对水稻产量及农艺性状的影响. 西南大学学报 35, 14–19.

朱德峰, 林贤青, 曹卫星 (2001). 不同叶片卷曲度杂交水稻的光合特性比较. 作物学报 27, 329–333.

Cho SH, Yoo SC, Zhang HT, Pandeya D, Koh HJ, Hwang JY, Kim GT, Paek CI (2013). The rice *narrow leaf2* and *narrow leaf3* loci encode WUSCHEL-related homeobox 3A (OsWOX3A) and function in leaf, spikelet, tiller and lateral root development. *New Phytol* 198, 1071–1084.

Dettmer J, Elo A, Helariutta Y (2009). Hormone interactions during vascular development. *Plant Mol Biol* 69, 347–360.

Fang LK, Zhao FM, Cong YF, Sang XC, Du Q, Wang DZ, Li YF, Ling YH, Yang ZL, He GH (2012). Rolling-leaf14 is a 2OG-Fe (II) oxygenase family protein that modulates rice leaf rolling by affecting secondary cell wall formation in leaves. *Plant Biotechnol J* 10, 524–532.

Fujino K, Matsuda Y, Ozawa K, Nishimura T, Koshiba T, Fraaije MW, Sekiguchi H (2008). *NARROW LEAF 7* controls leaf shape mediated by auxin in rice. *Mol Genet Genomics* 279, 499–507.

Hu J, Zhu L, Zeng DL, Gao ZY, Guo LB, Fang YX, Zhang GH, Dong GJ, Yan MX, Liu J, Qian Q (2010). Identification and characterization of *NARROW and ROLLED LEAF1*, a novel gene regulating leaf morphology and plant architecture in rice. *Plant Mol Biol* 73, 283–292.

Qi J, Qian Q, Bu QY, Chen Q, Sun JQ, Liang WX, Zhou YH, Chu CC, Li XG, Ren FG, Palme K, Zhao BR, Chen JF, Chen MS, Li CY (2008). Mutation of the rice *Narrow leaf1* gene, which encodes a novel protein, affects vein patterning and polar auxin transport. *Plant Physiol* 147, 1947–1959.

Rogers SO, Bendich AJ (1988). Extraction of DNA from plant tissues. In: Gelvin SB, ed. *Plant Molecular Biology Manual*. Dordrecht: Springer. pp. 73–83.

Scarpella E, Barkoulas M, Tsiantis M (2010). Control of leaf and vein development by auxin. *Cold Spring Harb Perspect Biol* 2, a001511.

Shi ZY, Wang J, Wan XS, Shen GZ, Wang XQ, Zhang JL (2007). Over-expression of rice OsAGO7 gene induces upward curling of the leaf blade that enhanced erect-leaf habit. *Planta* 226, 99–108.

- Xiang JJ, Zhang GH, Qian Q, Xue HW (2012). *SEMI-ROLLED LEAF1* encodes a putative glycosyl phosphatidylinositol-anchored protein and modulates rice leaf rolling by regulating the formation of bulliform cells. *Plant Physiol* **159**, 1488–1500.
- Xu Y, Wang YH, Long QZ, Wang YL, Wan JM (2013). Overexpression of *OsZHD1*, a zinc finger homeodomain class homeobox transcription factor, induces abaxially curled and drooping leaf in rice. *Planta* **239**, 803–816.
- Yan CJ, Yan S, Zhang ZQ, Liang GH, Lu JF, Gu MH (2006). Genetic analysis and gene fine mapping for a rice novel mutant (*rl_{9(t)}*) with rolling leaf character. *Chinese Sci Bull* **51**, 63–69.
- Zhang GH, Xu Q, Zhu XD, Qian Q, Xue HW (2009). *SHALLOTLIKE1* is a KANADI transcription factor that modulates rice leaf rolling by regulating leaf abaxial cell development. *Plant Cell* **21**, 719–735.
- Zhang ZH, Deng YJ, Tan J, Hu SN, Yu J, Xue QZ (2007). A genome-wide microsatellite polymorphism database for the Indica and Japonica rice. *DNA Res* **14**, 37–45.
- Zou LP, Sun XH, hang ZG, Liu P, Wu JX, Tian CJ, Qiu JL, Lu TG (2011). Leaf rolling controlled by the homeodomain leucine zipper class IV gene *Roc5* in rice. *Plant Physiol* **156**, 1589–1602.

Identification and Gene Mapping of the *nrl7* Mutant in Rice

Wei Wang, Jiayu Wang*, Shenglong Yang, Jin Liu, Xiaoyan Dong, Guojiao Wang, Wenfu Chen

Collaborative Innovation Center for Genetic Improvement and Quality and Efficient Production of Japonica Rice in the North-east of China, Rice Research Institute, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China

Abstract Leaf morphology is an important trait of ideotype breeding; moderate rolling of leaves can enhance light-use efficiency. Study of genes that control leaf morphology can enrich the theory of ideal plant architecture in rice. We found a novel spontaneous mutant *nrl7* with narrow rolled leaves in the japonica C275 population that can be stably inherited. Compared to the wild type, the leaves of *nrl7* narrowed and rolled inward, the number of vascular bundles between the leaf midrib and the adjacent vein was reduced to one, and the bulliform cells showed significant morphological change. Nevertheless, the plant height, filled grains per panicle, and filled grain weight per panicle in the mutant were 88.46%, 69.77%, 68.98%, respectively, of that in the wild type. Photosynthetic rate was significantly higher in the mutant than the wild type and accounted for 17% of that in C275. Transpiration rate did not differ. Map-based cloning revealed *NRL7* on chromosome 3 between markers RM5444 and MM1300, delimited to a 185.14 kb region. These results will lay a good foundation for molecular cloning and functional analysis of *NRL7*.

Key words rice, narrow rolled leaf mutant, gene mapping

Wang W, Wang JY, Yang SL, Liu J, Dong XY, Wang GJ, Chen WF (2016). Identification and gene mapping of the *nrl7* mutant in rice. *Chin Bull Bot* **51**, 290–295.

* Author for correspondence. E-mail: ricewjy@126.com