

蝴蝶兰基因工程研究进展

孙汝斌¹, 余 纽², 孙佩光³

(1. 新乡学院 生命科学与技术系, 河南 新乡 453000; 2. 华南农业大学 林学院, 广东 广州 510642;

3. 北京林业大学 生物科学与技术学院, 北京 100083)

摘 要:蝴蝶兰是研究花的发育分化及着色机制的理想材料。蝴蝶兰查儿酮合成酶(CHS)基因、类黄酮 3',5'-羟甲基化酶基因和 ACC 合成酶基因的分离和克隆为蝴蝶兰的花色机理和子房发育研究提供了基础。该文对蝴蝶兰的基因分离与克隆、蝴蝶兰以原球茎为材料采用基因枪法或农杆菌侵染法转化获得转基因植株等研究进展进行了综述,指出了蝴蝶兰基因工程研究主要集中在花色改良和抗病害方面,以期对蝴蝶兰基因工程研究提供参考。

关键词:蝴蝶兰;花色基因;基因工程

中图分类号:S 682.31 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2014)12-0177-04

蝴蝶兰(*Phalaenopsis*)是我国乃至世界范围内产业化程度最高的兰科观赏植物。蝴蝶兰属原生种有 70 多个,主要通过种子无菌播种生产实生苗和通过花梗腋芽组织培养生产分生苗等途径繁殖种苗,从而实现规模化生产。商业栽培的蝴蝶兰品种多是人工杂交育成,品种繁多。随着蝴蝶兰产业的迅速发展,对品种的新、奇、特等观赏性状和抗病、抗逆等农艺性状的要求越来越高,与蝴蝶兰生长发育、色香形等品质相关的基因研究逐渐增加,同时蝴蝶兰的基因工程改良也取得了很大的进展。现对蝴蝶兰基因工程研究的进展作以介绍。

1 基因的分离与克隆

1.1 与花发育相关的基因

蝴蝶兰花形较大,具有与模式植物拟南芥相似的同心圆花结构,其萼片与花瓣相似,中间的花瓣高度特化形成与两侧花瓣形态完全不同的唇瓣,且其雄蕊和雌蕊融合形成兰科特有的合蕊柱,是研究花发育基因的理想材料。目前已在蝴蝶兰中发现与花发育相关的 B 类和 C 类基因。植物开花过程受同源异性基因 MADS 盒基因家族的控制,该家族成员编码的转录因子发生相互作用完成花形态建成的复杂调控。Tsai 等^[1]从蝴蝶兰 *Phalaenopsis equestris* 中分离鉴定了 4 个 B 族 MADS 盒基因,包括 *PeMADS2*, *PeMADS3*, *PeMADS4* 和 *PeMADS5*,这些基因在植物的不同花器官中表达,其中 *PeMADS4* 在唇瓣和合蕊柱中表达,*PeMADS5* 主要在

花瓣中表达,在合蕊柱中有少量表达,进一步研究表明,这 4 个 MADS 基因在野生型和花形变异植株的花器官中的表达量有很大差异,它们可能在兰花的花形态建成中具有不同的作用。Tsai 等^[2]又从该蝴蝶兰品种中分离鉴定出 *GLOBOSA/PISTILLATA*-like 基因,该基因在花瓣、花萼、唇瓣和合蕊柱中均有表达其参与它们的发育。原位杂交表明授粉信号会抑制 *PeMADS6* 在子房中的表达,该基因在拟南芥中异源超表达后发现花的寿命比野生型的增加了 3~4 倍。B 族 *PeMADS6* 基因不仅是花器官发育中的特异基因,而且在兰花的寿命和子房发育中有着重要的作用。Tsai 等^[3]继而通过酵母双杂交系统和谷胱甘肽-S 转移酶沉降试验分析了 5 个 B 族 *PeMADS6* 转录因子的 DNA 结合域和蛋白质之间的相互作用,表明 4 个 DEF-like *PeMADS* 蛋白分别与 GLO-like *PeMADS* 蛋白形成不同的复合体来调节花的形态建成。郭滨等^[4]利用 RT-PCR 法从蝴蝶兰总 RNA 中分离出 834 bp 长的片段,该 cDNA 片段与拟南芥的 *PI* 基因有 60% 的同源性,推导的氨基酸序列的 N 端包含一个完整的 MADS 盒,C 端有明显的 *PI* 基序。进一步通过半定量 PCR 结果表明该基因只在生殖器官中表达,而在营养器官中不表达,推测其可能参与花形态建成过程的调节;Chen 等^[5]分离出 2 个蝴蝶兰的 *SOUA* 家族的蝴蝶兰 MADS 盒基因,该基因在花发育的早期在营养器官和花芽中都有大量表达,在发育后期,*ORAP11* 只在合蕊柱中表达,*ORAP13* 在花器官中没有表达。原位杂交表明这 2 个基因在花发育时期的花瓣、花萼、唇瓣的顶端和边缘以及合蕊柱和胚珠中都有表达。在烟草中过量表达 2 个基因导致花期提前和植株形态改变。表明这 2 个基因在蝴蝶兰的花器官的转变和形态建成中有重要的作用。

第一作者简介:孙汝斌(1983-),男,硕士研究生,助教,现主要从事园林植物和园林生态学的教学与科研工作。E-mail:sunrubin1@163.com.

基金项目:国家“十一五”科技支撑计划资助项目(2009BADB1B06)。

收稿日期:2014-03-03

1.2 与子房发育相关的基因

蝴蝶兰的子房中含有上万枚发育基本同步的胚珠,是研究胚珠发育的理想材料。王玲等^[6]从成熟的蝴蝶兰胚珠的 cDNA 文库中获得的 cDNA 克隆 OI38 的时空表达特性和序列进行了分析,Northern 分子杂交显示该基因的 mRNA 在成熟胚珠中和根中大量积累,但在大孢子母细胞时期的胚珠和子房组织中的积累水平很低。OI38 是一个与成熟胚珠发育有关的基因。在兰科植物中子房的发育是由授粉启动的,这是兰科植物的特性。兰花授粉后乙烯的含量显著增加,导致花被调亡、色素变化以及启动胚珠分化,因此对乙烯合成途径中的关键酶和调控因子的研究为阐明子房发育机制奠定了良好的基础,对蝴蝶兰的花期调控有重要的意义。

Do 等^[7]以授粉后 1~6 d 的花瓣为材料,从蝴蝶兰 cDNA 文库中筛选得到乙酰 CoA 氧化酶 cDNA,Southern 杂交分析发现该 POACO31 cDNA 为低拷贝,且仅在花瓣中表达。同源分析发现与人类过氧化物乙酰 CoA 氧化酶 ACOX 基因有 70% 的同源性,该基因可能与授粉导致的衰老有关。O'Neill 等^[8]研究了催化 ACC 转变成乙烯的 ACC 合酶基因在授粉诱导的衰老的兰花中的空间表达情况。授粉会导致花瓣和萼瓣的衰老,同时乙烯含量也增加,乙烯在授粉后的发育如子房的发育过程中起着重要的作用,以土豆的 ACC 合酶基因作为引物,分离并克隆出了蝴蝶兰的 ACC 合酶基因,通过原位杂交发现该基因至在授粉后被诱导,而且 ACC 合酶存在于授粉后的所有细胞中。Bui 等^[9]对克隆的 3 种 ACC 合酶基因的表达进行了研究,发现在授粉后添加一定的生长素能增加 ACC 合酶含量,而加入一定的乙烯抑制剂 NBD 后,*phal-ACS1* 基因在柱头和子房中的表达受到抑制,表明乙烯诱导 *phal-ACS1* mRNA 的增加。通过原位杂交发现 *phal-ACS2* 基因主要在授粉花的柱头上表达,而 *phal-ACS3* 基因主要在子房中表达,且与授粉后子房中的 ACC 合酶活性一致。添加外源生长素诱导 *phal-ACS2* 和 *phal-ACS3* 基因在柱头和子房中的表达。说明 *phal-ACS2* 和 *phal-ACS3* 的表达是授粉的初始信号,而 *phal-ACS1* 为次级信号。

Wang 等^[10]用 1 型或 2 型丝氨酸/苏氨酸蛋白磷酸酶特异性抑制剂冈田酸 OA 和抑制剂 STA 研究了蛋白质磷酸化/去磷酸化在 ACC 合成酶多基因家族表达调控中的作用。结果表明,OA 能够诱导 ACC 合成酶的表达。OA 诱导后,*phal-ACS1* 在柱头、唇瓣和子房中的表达比授粉诱导的高;相反,OA 诱导 *phal-ACS2* 和 *phal-ACS3* 的表达则比授粉诱导的低。而用蛋白激酶的抑制剂星形孢菌素处理可抑制柱头中 OA 诱导的 *phal-ACS1* 的表达并延缓衰老。这些结果表明,一种未知蛋白的高度磷酸化能够使 *Phal-ACS1* 的表达增强,从而促进乙烯的合成,加速花的衰老。Tsai 等^[3]研究表明乙烯

合成过程中的蛋白质磷酸化与胚珠发育有关,添加生长素 NAA 2 d 后会降低子房中 *PeMADS6* 基因的表达,授粉抑制了 GLOBOSA-like *PeMADS* 基因在由生长素/乙烯信号诱导的胚珠发育过程中的表达。

1.3 与花色相关的基因

蝴蝶兰花色丰富,有红色、白色和黄色等单色花,还有白花红唇和黄化红唇等复色花、网纹花、线条花和斑点花等,是研究花着色机制的理想材料。目前对蝴蝶兰花色基因的研究主要集中于花色素苷合成途径中的关键酶的分离与鉴定方面,特别是关于多基因家族查儿酮合酶 *CHS* 基因的研究报道较多。许华欣等^[11]发现白花红唇蝴蝶兰约有 11 个 *CHS* 基因,而红花朵丽蝶兰约含有 7 个 *CHS* 基因,蝴蝶兰 *CHS* 基因为多基因家族。韩颖等^[12]根据已报道的 *CHS* 中高度保守的序列设计引物,利用同源探针法获得蝴蝶兰中的长约 1.1 kb 的 cDNA 片段,Blast 比对有 80% 以上的同源性。Han 等^[1,3]利用反式和巢式 PCR 获得了 *pchs-1* 全长基因,发现该基因含 103 个内含子,全长 2 499 bp,与拟南芥等 *CHS* 相比有 61.5%~65.9% 的同源性。Southern 杂交发现至少 4 个 *pchs-like* 基因,表明多基因家族性,半定量 PCR 发现该基因在花发育的不同时期表达量均不同,将基因转化到烟草中发现颜色变红以及花粉管异常,从而进一步证明了 *pchs* 基因的功能。

Su 等^[14]从蝴蝶兰品种中分离出了与蓝色和紫红色花色素苷合成有关的细胞色素 P450 家族中的类黄酮 3',5'-羟基化酶基因,通过基因枪法将基因转入到红花蝴蝶兰的花瓣中,发现在 48 h 内花瓣从红色变为紫红色,表明所推测到的类黄酮 3',5'-羟基化酶基因能影响花青素的合成。Wang 等^[15]分离得到一个新的类黄酮 3',5'-羟基化酶基因,Southern 杂交发现仅一个基因拷贝,RT-PCR 表明 *Phf35h* mRNA 在花瓣发育后期出现,这与花色素苷在花瓣组织中出现时期一致,且该转录子只存在于紫红色花瓣中,叶片和根中不出现。

Ma 等^[16]利用 RT-PCR 法研究了花青素合成途径中的结构基因 *Chs* 和 *Dfr* 以及调节基因 *Myc*、*Myb*、*Wd* 在花青素苷缺乏型品种 *Phalaenopsis amabilis* 和野生型品种 *Phalaenopsis schilleriana* 的花瓣和花萼中的表达。结果表明,转录因子 *Myb* 的表达影响二氢黄酮还原酶的表达,在花青素苷缺乏的 *Phalaenopsis amabilis* 的花瓣和萼瓣中未检测到 *Myb* 的表达。*Phalaenopsis* 'Everspring Fairy' 含有紫色和白色的花瓣和萼瓣,研究发现与花色素苷表达相关的转录因子 *Myb* 和 *Dfr* 转录子在该品种的紫红色花瓣中大量表达,而在白色花瓣中没有表达。*Chs*、*Wd* 和 *Myc* 在紫红色和白色区域的表达无差异。这为研究花色素苷合成的调控机制以及花色改良奠定了重要的基础。

1.4 与花香味相关基因的研究

蝴蝶兰品种大多数没有香味,目前关于蝴蝶兰香味

基因的研究很少有报道。Hsiao 等^[17]比较了香味品种 *Phalaenopsis bellina* 和无香味品种 *Phalaenopsis equestris* 的花朵的 EST 数据库,主要利用化学分析、基因组学和生物信息学手段阐明了从甘油醛-3-磷酸盐(G3P)到香叶醇、沉香醇及其衍生物等一系列的香味合成途径并鉴定出相关的基因。

2 蝴蝶兰的转基因

市场上畅销的蝴蝶兰品种多是通过传统的杂交育种培育而成,但杂交育种存在育种周期长、盲目性等缺点,随着蝴蝶兰产业的迅速发展,利用基因工程手段改良蝴蝶兰品种已迫在眉睫。国外对于蝴蝶兰转基因的研究报道比较多,已基本建立了稳定的遗传转化体系。

Anzai 等^[18]首次通过基因枪轰击由叶片诱导产生的 PLBs,以抗除草剂双丙氨磷基因作为选择标记基因,获得 1 株含 *GUS* 和 *bar* 基因的再生植株。Belarmino 等^[19]以松脆的愈伤组织为受体材料,通过农杆菌介导法,获得了 100 多株含 *GUS* 基因和具有潮霉素抗性的再生植株。并表明在农杆菌侵染液中加入 200 μ M 的乙酰丁香酮,侵染细胞团 10 h,并在共培养基中添加 500 μ M 的乙酰丁香酮可显著提高侵染效率,适宜的潮霉素筛选浓度是 50 mg/L,头孢噻肟抑菌浓度为 300 mg/L。Chai 等^[20]利用由花梗芽诱导产生的 PLBs 为材料,与农杆菌共培养后,先恢复培养 6 周后,在含 3 mg/L 的潮霉素选择培养基上培养 2 个月,经低浓度的潮霉素选择后获得再生植株,*GUS*、PCR 和 Southern 杂交证实了基因的稳定转化,这是第 1 次农杆菌介导蝴蝶兰 PLBs 转化成功报道。Mishiba 等^[21]以蝴蝶兰种子萌发后产生的原球茎为材料,与农杆菌共培养后,在含潮霉素的选择性培养基上经多代选择,获得了 88 株经 *GUS* 染色和 Southern 印迹检测的具潮霉素抗性的转 *GUS* 基因的蝴蝶兰植株。兰花是建兰花叶病毒的天然宿主,利用基因工程手段获得抗病害植株已引起育种家的重视。Liao 等^[22]通过粒子轰击法将带有 CymMV 外壳蛋白 cDNA 的载体转入到蝴蝶兰中,出现 RNA 介导的转基因沉默,转基因植株和植株后代经 RT-PCR 和 ELISA 检测抗性增加。Chan 等^[23]采用 UBI 启动子,通过农杆菌介导将 CymMV 的 CP 基因和 *Erwinia carotovora* 的 *Pflp* 基因相继转入蝴蝶兰中,第 1 次获得同时抗花叶病毒和抗软腐病的转基因蝴蝶兰。Rinaldi 等^[24]以 CaMV35S 为启动子,用含有抗病 *Wasabi* 基因的农杆菌 EHA101 侵染 '*Phalaenopsis Wataboushi*' 胚性悬浮细胞,获得抗软腐病等多种细菌性病害的转基因植株。该研究对 Belarmino 所用方法进行了改进,将侵染时间由 10 h 缩短为 2 h,用 10 mg/L 浓度的美洛培南代替 500 mg/L 浓度的头孢噻肟抑菌。

花色是蝴蝶兰最重要的品质之一,利用基因工程法对蝴蝶兰花色基因的研究对于改良蝴蝶兰及兰科植物

的花色品质、增加其品种的多样性具有着重要的意义。Su 等^[25]将类黄酮 3',5'-羟基化酶基因通过基因枪轰击法转入到红花蝴蝶兰的花瓣中,发现在 48 h 内花瓣从红色变为紫红色,表明所推测到的类黄酮 3',5'-羟基化酶基因能影响花青素的合成。Su 等^[26]还进一步验证了该细胞色素 P450 基因能够增加转基因蝴蝶兰花瓣中的花色素苷的含量,并表明该基因只在花发育的特定时期表达。国内对蝴蝶兰转基因的研究近年来也较多,但多停留在建立遗传转化体系的水平上。柴明良等^[27]以针刺后的蝴蝶兰的 PLBs 与含绿色荧光蛋白基因(*gfp*)和潮霉素磷酸转移酶基因(*hpt*)的 pCambia 1300-SmGFP 的根瘤农杆菌 LBA4404 共培养,培育出了转基因的蝴蝶兰。经绿色荧光蛋白检测和 Southern 印迹,证实了再生植株中含 *gfp* 基因和 *hpt* 基因。满若君等^[28]以培养 3 周的蝴蝶兰原球茎为试材,研究了农杆菌的侵染力,以及菌液浓度、侵染时间、酚类诱导物(AS)和共培养时间对转化的影响,优化的蝴蝶兰遗传转化条件为:预培养时间 3 d,菌液侵染浓度 OD₆₀₀=0.3,菌液侵染时间 10 min,pH 5.4,菌液侵染后,与农杆菌共培养 5 d 并添加 100 μ mol/L AS,此条件下的瞬间表达率最高。

3 前景与展望

随着蝴蝶兰产业化进程的加快,其分子生物学的研究已取得了一定的进展,但与水稻、玉米等农作物相比,还有很大的差距。目前国内的研究还集中于蝴蝶兰的组织培养方面,对花发育、子房发育、花色基因及香味基因等基础研究的报道较少。利用现代分子生物学技术培育具有自主知识产权的蝴蝶兰品种及推进蝴蝶兰产业化进程具有广阔的前景。一是蝴蝶兰品种繁多,由于不同地域间相互引种栽培造成许多同物异名或同名异物的现象,利用分子标记技术进行蝴蝶兰亲缘关系鉴定的研究获得了一定的成功,但关于蝴蝶兰遗传图谱构建和分子标记辅助育种等应用领域的研究尚鲜见报道,应加强研究;二是兰花特有的唇瓣及合蕊柱是研究花型态建成的理想材料,分离与克隆出与唇瓣发育等相关的基因对阐明兰花的花器官形成机制有重要的意义;三是兰花子房发育是由授粉启动的,对其子房发育与调控及花衰老相关基因的研究为蝴蝶兰花期调控提供依据;四是色、香、型是观赏植物最重要的品质,对花色素苷合成途径中的调控因子和与香味相关基因及其代谢途径的研究应加强;五是目前国内外已基本建立蝴蝶兰基因遗传转化体系,并获得部分抗病害的转基因植株,这为改良花色、花香、花型及抗病虫害的高品质蝴蝶兰品种奠定了坚实的基础。今后应重点解决转化植株生长缓慢、周期长和易产生嵌合体等问题,研究基因功能及创造蝴蝶兰新品系。

参考文献

- [1] Tsai W C, Kuoh C S, Chuang M H, et al. Four DEF-Like MADS Box

- genes displayed distinct floral morphogenetic roles in *Phalaenopsis* orchid[J]. Plant Cell Physiol, 2004, 45(7): 831-844.
- [2] Tsai W C, Lee P F, Chen H I, et al. *PeMADS6*, a *GLOBOSA/PIS-TILLATA*-like gene in *Phalaenopsis equestris* involved in petaloid formation, and correlated with flower longevity and ovary development[J]. Plant Cell Physiol, 2005, 46(7): 1125-1139.
- [3] Tsai W C, Pan Z J, Hsiao Y Y, et al. Interactions of B-class complex proteins involved in tepal development in *Phalaenopsis* orchid[J]. Plant Cell Physiol, 2008, 49(5): 814-824.
- [4] 郭滨, 陈东红, 戴薇, 等. 蝴蝶兰花发育相关基因 pPI9 的克隆与表达分析[J]. 复旦学报(自然科学版), 2006(3): 5-10.
- [5] Chen D H, Bin G, Hexige S, et al. SQUA-like genes in the orchid *Phalaenopsis* are expressed in both vegetative and reproductive tissues[J]. Planta, 2007, 226: 369-380.
- [6] 王玲, 张宪省, 钟海文, 等. 蝶兰胚珠发育基因的表达式及序列分析[J]. 植物学报, 1999, 41: 276-279.
- [7] Do Y Y, Huang P L. Characterization of a pollination-related cDNA from *Phalaenopsis* encoding a protein which is homologous to human peroxisomal acyl-CoA oxidase[J]. Arch Biochem Biophys, 1997, 344(2): 295-300.
- [8] O'Neill S D, Nadeau J A, Zhang X S, et al. Interorgan regulation of ethylene biosynthetic genes by pollination[J]. Plant Cell, 1993(5): 419-432.
- [9] Bui A Q, O'Neill S D. Three 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase genes regulated by primary and secondary pollination signals in orchid flowers[J]. Plant Physiol, 1998, 116: 419-428.
- [10] Wang N N, Chang Y Y. Differential expression of 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase genes during orchid flower senescence induced by the protein phosphatase inhibitor okadaic acid[J]. Plant Physiol, 2001, 126: 253-260.
- [11] 许华欣, 黄鹏林. 蝴蝶兰苯基苯乙烯酮合成酶 cDNA 之选殖及分析[J]. 中国园艺, 1999, 45: 19-35.
- [12] 韩颖颖, 明凤, 王敬文, 等. 蝴蝶兰查儿酮合酶 cDNA 的克隆、鉴定及其原核表达[J]. 复旦学报(自然科学版), 2004, 43(2): 235-239.
- [13] Han Y Y, Ming F, Wang J W, et al. A novel chalcone synthase gene from *Phalaenopsis* orchid that alters floral morphology in transgenic tobacco plants[J]. Plant Molecular Biology Reporter, 2005, 23: 193.
- [14] Su V, Hsu B D. Cloning and expression of a putative cytochrome P450 gene that influences the colour of *Phalaenopsis* flowers[J]. Biotechnol Lett, 2003, 25(22): 1933-1939.
- [15] Wang J W, Ming F, Han Y Y, et al. Flavonoid-3', 5'-hydroxylase from *Phalaenopsis*: a novel member of cytochrome P450s, its cDNA cloning, endogenous expression and molecular modeling[J]. Biotechnology Letters, 2006, 28: 327-334.
- [16] Ma H M, Pooler M. Anthocyanin regulatory/structural gene expression in *Phalaenopsis*[J]. J Amer Soc Hort Sci, 2009, 134(1): 88-96.
- [17] Hsiao Y Y, Tsai W C, Kuoh C S, et al. Comparison of transcripts in *Phalaenopsis bellina* and *Phalaenopsis equestris* (Orchidaceae) flowers to deduce monoterpene biosynthesis pathway[J]. BMC Plant Biology, 2006(10): 6-14.
- [18] Anzai H, Ishii Y, Shichinohe M, et al. Transformation of *Phalaenopsis* by particle bombardment[J]. Plant Tissue Culture Letters, 1996, 13(3): 265-272.
- [19] Belarmino M M, Mii M. Agrobacterium-mediated genetic transformation of a *Phalaenopsis* orchid[J]. Plant Cell Reports, 2000, 19: 435-442.
- [20] Chai M L, Xu C J, Senthil K K, et al. Stable transformation of protocorm-like bodies in *Phalaenopsis* orchid mediated by *Agrobacterium tumefaciens*[J]. Scientia Horticulturae, 2002, 96: 213-224.
- [21] Mishiba K I, Chin D P, Mii M. Agrobacterium-mediated transformation of *Phalaenopsis* by targeting protocorms at early stage after germination[J]. Plant Cell Rep, 2005, 24: 297-303.
- [22] Liao L J, Pan I C, Chan Y L, et al. Transgene silencing in *Phalaenopsis* expressing the coat protein of Cymbidium Mosaic Virus is a manifestation of RNA-mediated resistance[J]. Molecular Breeding, 2004, 13: 229-242.
- [23] Chan Y L, Lin K H, Liao L J, et al. Gene stacking in *Phalaenopsis* orchid enhances dual tolerance to pathogen attack[J]. Transgenic Research, 2005, 14: 279-288.
- [24] Rinaldi S, Dong P C, Raham S K, et al. Transgenic *Phalaenopsis* plants with resistance to *Erwinia carotovora* produced by introducing [1] wasabi defensin gene using *Agrobacterium* method[J]. Plant Biotechnology, 2006, 23: 191-194.
- [25] Su V, Hsu B D. Cloning and expression of a putative cytochrome P450 gene that influences the colour of *Phalaenopsis* flowers[J]. Biotechnology Letters, 2003, 25: 1933-1939.
- [26] Su V, Hsu B D. Transient expression of the cytochrome P450 CYP78A2 enhances anthocyanin production in flowers[J]. Plant Mol Biol Rep, 2010, 28: 302-308.
- [27] 柴明良, 金斗焕. 农杆菌介导的蝴蝶兰基因转化系统的建立[J]. 园艺学报, 2004, 31(4): 537-539.
- [28] 满若君, 卜朝阳, 李杨瑞. 蝴蝶兰·文心兰遗传转化体系的初步研究[J]. 安徽农业科学, 2008, 36(8): 3129-3131.

Research Progress on Gene Engineering of *Phalaenopsis* Plants

SUN Ru-bin¹, YU Niu², SUN Pei-guang³

(1. Department of Life Science and Technology, Xinxiang College, Xinxiang, Henan 453000; 2. College of Forestry, South China Agricultural University, Guangzhou, Guangdong 510642; 3. School of Biological Science and Technology, Beijing Forestry University, Beijing 100083)

Abstract: *Phalaenopsis* is ideal for research on flower development and pigmentation. Chalcone synthase (CHS), Flavonoid-3', 5'-hydroxylase and ACC synthase gene have been identified. In this paper, *Phalaenopsis* gene isolation and cloning, *Phalaenopsis* bulbs for the materials used in the original research progress transforming gene transgenic plants such as particle bombardment or *Agrobacterium* infection method to get reviewed, improved color *Phalaenopsis* pointed out by engineering studies focused on and disease resistance, with a view to *Phalaenopsis* because engineering studies for reference.

Key words: *Phalaenopsis*; color gene; genetic engineering