

基因工程改良亚麻品质的研究进展

陈秀娟¹, 陈光辉², 高艳¹, 谢丽琼¹

(1. 新疆大学 生命科学与技术学院, 新疆 乌鲁木齐 830046; 2. 喀什出入境检验检疫局, 新疆 喀什 844000)

摘要: 对近 10 a 来组织培养技术、基因转化技术和分子标记辅助选择技术在改善亚麻品质方面的研究以及将传统育种与现代基因工程技术相结合为培育高产、优质、抗逆的亚麻研究等进展进行了综述, 并对研究中存在的问题进行了讨论和展望。

关键词: 亚麻; 基因工程; 品质改良; 进展

中图分类号: S 563.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2013)15-0201-04

亚麻(*Linum usitatissimum* L)属亚麻科(Linaceae)亚麻属(*Linum*) 1 a 生草本植物, 亚麻科(族)包括 22 个属约 300 个物种, 分布在世界各地^[1], 目前全世界 60 多个国家都有种植。亚麻分为油用、纤用和油纤兼用 3 种类型, 是当今世界第三大纤维作物, 又是五大油料作物之一。油用亚麻是重要的油料作物, 含油量高, 部分品种含油量为 35%~45%^[2]。亚麻油中含有丰富的 α -亚麻酸(达 45%~66%)^[3], 是 ω -3 脂肪酸和具有生物活性的木脂素的主要来源^[4], 有很高的医疗保健价值。纤用亚麻是天然纤维的重要来源, 成熟的亚麻细胞壁含纤维素 70%~75%^[5]。在埃及和撒玛利亚有 1 万年之久的栽培历史, 最近发现距今约 3 万年来自旧石器时代的亚麻纤维, 说明亚麻在驯化之前就已经使用^[6]。除纺织外, 在造纸、汽车、建筑业都有应用, 含有转基因亚麻纤维的复合材料还可以应用到医学领域。具有吸湿散热、防污阻燃等优良性能, 使亚麻越来越受到人们的青睐。

国内外对纤用亚麻生物学性状的统计分析表明, 株高和工艺长度是与出麻率和原茎产量呈显著正相关的农艺性状, 尤其是由从子叶痕到分界点(Snap point)的长度决定, 也是纤用亚麻育种中着重考虑的目标性状^[7-8]。亚麻在纤维产量和品质、亚麻酸含量等方面都与国外同类较优产品存在较大差距。东欧国家亚麻长麻率大于 18%, 而我国亚麻长麻率低于 16%。研究者对国内和国外引入的代表性的 52 个亚麻品种的聚类分析表明, 这些品种无明显的生态地域类型, 种质来源于少数几个骨干品种^[9]。除栽培亚麻以外, 我国亚麻属仅有 8 个野生

种和 1 个变种, 已被收集、研究的有 4 个种, 野生资源还尚未被育种工作利用。国内外的亚麻遗传育种研究均表明栽培亚麻的遗传基础狭窄, 近源种少^[10-11]。在亚麻传统育种的基础上结合现代基因工程技术, 加强对重要基因资源, 决定麻类作物性状的功能基因组, 重要基因的分子标记及实用化技术, 建立转基因育种和其它新技术育种的体系的研究, 是亟待解决的问题。

1 亚麻传统育种的现状

近年来的实践证明, 反复选用现代亚麻品种作为亲本进行杂交, 使培育纤维品质佳、含油量高、具备目的抗性的亚麻新品种越来越困难。我国是世界四大亚麻起源地之一, 但纤用亚麻在我国并没有古老的地方品种。目前生产上广泛使用的品种主要来源于 20 世纪 50~60 年代从前苏联和 20 世纪 80~90 年代从欧洲等地引进的国外品种的引种和改良。罗素玉等^[12]认为 20 世纪 90 年代后, 常规育种在进一步提高产量、品质、抗性方面的局限性逐渐显现, 新育成品种在产量和品质上实现更大突破的空间较小, 难度增大。虽然也培育了一些具有优良性质的新品种如“云亚 1 号”、回交选育的“双亚 14 号”、杂交育种的“双亚 15 号”及进行一些耐盐碱品种的筛选, 但仍不能满足现在的市场需求。因此必须运用新的研究理论和技术, 创新亚麻的种质资源, 扩大亚麻遗传基础, 满足亚麻现代生产的需要。

2 现代基因工程技术在亚麻中的利用

20 世纪 80 年代后期开始了基因工程早期的基础性工作。1986 年, 亚麻的遗传转化工作就已经展开, 较早的研究主要集中在亚麻抗锈病、抗除草剂和种子不饱和脂肪酸含量方面, 国际上对亚麻纤维的遗传学研究和纤维品质特性改良方面研究极少。随着生物技术的快速发展, 将生物技术应用用于育种越来越受到重视。

2.1 遗传转化技术

2.1.1 组织培养 组织培养技术是植物基因工程研究的基础。亚麻很容易诱导出再生芽和根, 但受基因型影

第一作者简介: 陈秀娟(1986-), 女, 硕士研究生, 研究方向为生化与分子。E-mail: 313882327@qq.com.

责任作者: 谢丽琼(1972-), 女, 副教授, 研究方向为特殊植物资源学。E-mail: xieliqiong@gmail.com.

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(31160056/C020408); 新疆自然科学基金资助项目(2011211A014)。

收稿日期: 2013-04-16

响,亚麻再生频率低,约为2%。第1个报道亚麻下胚轴切段有再生芽能力是在1946年;2003年,Rutkowska-krause等^[13]对亚麻再生体系中碳源的影响进行研究,记录了诱导愈伤的最佳碳源为2.5%的蔗糖和2.5%的葡萄糖,最有效的芽诱导需2%的蔗糖,诱导根仅需1%的蔗糖。亚麻花粉、小孢子培养在育种方面有较高的优势,2002年报道了第1株来自花药愈伤的再生植株^[14],2004年成功诱导未受精的子房培养成亚麻双单倍体^[15],亚麻花药培养的相关参数研究,蔗糖浓度对花药培养再生芽伸长的影响也均有报道^[16]。花药培养的应用,子房愈伤组织和植物细胞无性系的变异程度,再生亚麻对 *Fusarium oxysporum* 的抗性增强等相继报道^[17]。此外,栽培亚麻和野生亚麻种间杂交胚胎发育的研究也有研究。贾婉琪等^[18]总结了亚麻高效再生体系的建立和遗传转化过程中的主要影响因素,并讨论了亚麻遗传转化中存在的问题,适宜于遗传转化的高效再生体系有待进一步的研究。

2.1.2 遗传转化方法 目前,农杆菌介导的转化体系已经建立,聚乙二醇(PEG)转化法、粒子轰击法在亚麻研究中都有应用。Ling等^[19]通过聚乙二醇(PEG)直接转化亚麻原生质体获得再生植株,Beranova等^[20]用T-DNA插入法获得了亚麻突变体,Wijayanto等^[21]也曾用粒子轰击法转化亚麻。王玉富等^[22-23]通过花粉管通道法获得转基因植株,并对亚麻外源DNA导入后代的遗传和变异进行了研究,发现亚麻外源DNA导入后代在株高、工艺长度、麻率、抗倒伏性、花色、种皮色等性状上有变异。

2.2 目的基因的筛选和转化

寻找决定亚麻品质的功能基因是现代分子育种的关键。将这些目的基因转到亚麻中,是获得高品质亚麻的重要方法。cDNA的总ESTs分析表明,亚麻纤维的外层和内层组织基因表达非常不同,外层组织总ESTs中4.4%是与细胞壁形成密切相关的。Roach等^[24]用基因芯片分析了4周大的亚麻上、中、下茎段表皮组织的9600个cDNA的表达差异性,为筛选出与纤维发育有关的基因奠定了基础。Kostyn等^[25]用消减cDNA的方法鉴定了47个响应镰刀菌病原体感染的基因,可进一步用于亚麻抗病研究。

在亚麻抗病研究中,亚麻中病原菌的侵染常常伴随着氧化损伤。转化茄属的糖基转移酶基因 *SsGT1* 能够使亚麻中抗氧化物质黄酮类糖苷含量升高,并增强对病原体的抵抗力,酚类复合物的提高也有相似的作用^[26-27]。玉米葡聚糖酶活性升高可增强对黄曲霉感染的抵抗,用携带马铃薯β-1,3葡聚糖酶基因的农杆菌LBA4404浸染转化亚麻子叶和下胚轴,可提高对 *Fusarium* 病原体的抗性。Boba等^[28]通过转化细菌基因 *crtB* 抑制亚麻编码番茄红素β-环化酶的内源基因,使类

胡萝卜素含量升高,意外的提高了对黄色镰刀菌和尖孢镰刀菌的抗性。以上结果说明亚麻的内抗氧化物质的积累可以增强对病原体的抵抗能力。另外,对非基因转化的抗病性也有研究。Ashry等^[29]测定了9个不同程度感染白粉病的亚麻品种的生理指标,并对感染白粉病的严重程度与生化成分间的关联度进行了分析。随后,Lawrence等^[30]通过转座子标签法和候选基因的方法克隆了具有抗锈病的基因在M1和M3,并通过重组分析研究了M、M1、M3和M4之间的重组关系。Rashid等^[31]还对亚麻进行了抗褐斑病的筛选。

木质素和果胶的含量影响亚麻纤维品质。烟草中调控木质素生物合成中的2个关键酶基因肉桂酰辅酶A还原酶CCR和肉桂醇还原酶CAD,可以降低纤维中木质素的量,亚麻纤维中木质素含量的下降可以降低纤维的刚性。Lamblin等^[32]将拟南芥木质素生物合成中的腺苷甲硫氨酸合成酶基因SAM1导入亚麻影响了纤维束间的联结。Wrobel-Kwiatkowska等^[33]用RNAi干扰法沉默亚麻CAD基因降低了麻茎中木质素含量,而纤维素水平不变,提高了转基因亚麻的纺织性能,但对亚麻锈病的抗性下降20%。2001年,发现了3个果胶甲酯酶PME基因(Lupme1,3,5)催化细胞壁果胶甲酯化。Lacoux反义表达果胶甲酯酶PME基因(LuPME3)降低了细胞壁中的果胶水平。曲霉属编码的聚半乳糖醛酸酶PGI或RHA基因转化亚麻,可使转基因亚麻中果胶下降达56%~68%^[34]。Wrobel等^[35]将细菌来源的聚羟基丁酸PHB基因用茎特异启动子导入亚麻,改变了亚麻纤维的工艺参数强度,并使其弹性成倍增强;随后,又对该生物复合材料进行生化和机械性质的分析,结果表明其具有很好的生物相容性和抗凝集作用,增强了茎组织抗拉伸负荷,杨氏模数值增加24.1~54.4MPa。

在改善亚麻油品质方面,黄酮类化合物通路中苯丙烷类化合物的抗氧化能力最差,Zuk等^[36]通过抑制查尔酮合成酶基因,改变其它通路中黄酮类化合物合成的底物,提高其它通路中抗氧化物质的积累,转基因亚麻中多不饱和脂肪酸的量增加20%~45%,并提高了亚麻油的稳定性。

3 分子标记在亚麻中的发展和应用

分子标记可用于物种演化和亲缘关系、遗传多样性、标记辅助选择、遗传图谱构建研究。亚麻中分子标记的研究与其它作物相比起步较晚,但发展迅速。1998年,在亚麻花药培养中用ISSR和RAPD技术鉴定了小孢子材料的来源^[37]。Wiesnerová等^[38]应用9个ISSR引物,获得53个亚麻品种的指纹图谱,53个亚麻品种分成4个群体和8个亚群。IRAP(逆转录转座子插入位点扩增多态性)方法形成,2006年,第1次应用到亚麻分析中,2011年Smýkal等^[39]利用IRAP技术对708个栽培亚麻遗传多样性进行了研究,分析了亚麻10个cDNA

文库,找到了 851 个可能的 SSR 位点,大约每 16.5 kb 长度有 1 个 EST-SSR,并鉴定了其中 83 个 SSR 位点。2012 年 Cloutier 等^[40-41]又开发了 818 个 SSR,多态性丰富。Cloutier 等^[42]以高油棕色种子和低油黄色种子为亲本,利用 114 个 SSR 标记定位了亚油酸等 4 个与油种类相关的 QTL 位点和 1 个种皮颜色性状,这是亚麻研究中第 1 个利用 SSR 标记的遗传作图。康庆华等^[43]用 RAPD 和 ISSR 对 24 个亚麻进行亲缘关系和分类分析,确定了多胚亚麻分类的地位。

标记基因与目的基因紧密连锁或共分离,可以作为分子育种的选择标记。目前,已将抗锈病基因的标记成功的运用到育种工作中。杨学等^[44]报道了 OPP02792 可以作为与亚麻抗白粉病基因连锁的 RAPD 分子标记,为转化成稳定的 SCAR 标记打下基础。

4 亚麻其它非生物胁迫的研究

亚麻的产量和品质除受种质资源决定外,还受到多种环境因子的影响。病害、盐渍化等是限制亚麻产量和品质的重要因素,可以使亚麻产量急剧下降,甚至绝收。目前,科研工作者在这些方面做了大量的研究。Chemi-kosova 等^[45]研究了土壤干旱对长纤维亚麻韧皮纤维发育的影响,结果表明干旱使次生壁发育迟缓,茎的横截面积减少 16%,严重影响了纤维产量。国内也做了大量提高亚麻对环境适应性的研究。康庆华等^[46]用农杆菌介导法将抗盐和低温胁迫基因 *HY15CS* 导入单倍体亚麻,15 株健壮的再生转化苗中,3 株为阳性,阳性率为 20%。随后,石仓吉等^[47]利用水、旱地分组亚麻品种比较试验中对 15 个品种的 11 个性状测定,得出的结果与多年亚麻育种实践十分吻合,为抗旱能力研究提供了一种新方法。赵东升^[48]对 200 个亚麻品种进行了盐碱胁迫下的萌发试验,筛选出 11 份耐盐碱品系,为耐盐碱的精细定位和分子辅助标记。

5 问题及展望

纵观最近几年基因工程亚麻品质改良方面的研究,虽取得了一定的进步,但是相对于水稻、小麦研究仍存在较大的不足。如组织培养体系诱导率低、可重复性差;虽然已建立比较稳定的农杆菌转化体系,但是转化率低、脱菌时间长、材料损失严重、目标基因‘逃逸’等限制了转化率。亚麻作物的许多性状是数量性状,所用的分子标记要与目标性状共分离或紧密连锁才能满足辅助育种的要求。现有的遗传图谱多态性少,饱和度低,可利用的目标基因不多,分子标记仅用来定位基因,与育种结合应用的不多。干旱、盐碱、病害等仍然制约着亚麻的发展,非生物胁迫的耐受性与多个基因有关,只是在单基因水平上研究植物的抗胁迫能力在未来的发展空间有限。并且大多数的耐胁迫研究仅停留在试验层面,实际利用度不高,亚麻耐盐胁迫的研究几乎还是

空白。因此,随着现代生物技术水平的不断提高,在亚麻研究中将会有很大的发展空间。

参考文献

- [1] McDill J, Repplinger M, Simpson B B W. et al. The phylogeny of *Linum* and *Linaceae* subfamily Linoideae, with implications for their systematics, biogeography, and evolution of heterostyly[J]. Syst Bot, 2009, 34(2): 386-405.
- [2] Gutierrez L, Conejero G, Castelain M, et al. Identification of new gene expression regulators specifically expressed during plant seed maturation[J]. Journal of Experimental Botany, 2006, 57(9): 1919-1932.
- [3] Ranbotar G S. Lipidemic response in rats of flaxseed oil and meal[J]. Cereal Chemistry, 1993, 70(3): 364-366.
- [4] Felmlee M A, Woo G, Simko E, et al. Effects of the flaxseed lignans secoisolariciresinol diglucoside and its aglycone on serum and hepatic lipids in hyperlipidaemic rats[J]. The British Journal of Nutrition, 2009, 102(3): 361-369.
- [5] Mooney C, Stolle-Smits T, Sehols H, et al. Analysis of retted and non retted flax fibres by chemical and enzymatic means [J]. Journal of Biotechnology, 2001, 89(2-3): 205-216.
- [6] Kvavadze E, Bar-Yosef O, Belfer-Cohen A, et al. 30,000-year-old wild flax fibres[J]. Science (Washington DC), 2009, 325(5946): 1359.
- [7] Du G, Liu Q, Zhao Z, et al. An analysis of grey related degree for main character with stem yield of flax[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2006, 19(4): 568-572.
- [8] Diederichsen A, Ulrich A. Variability in stem fibre content and its association with other characteristics in 1177 flax (*Linum usitatissimum* L.) genebank accessions[J]. Industrial Crops and Products, 2009, 30(1): 33-39.
- [9] 张建平, 王斌, 赵丽娟, 等. 亚麻 EST 序列中 SSR 标记的筛选[J]. 西北植物学报, 2009, 29(5): 910-915.
- [10] 路颖. 我国亚麻种质资源的研究与评价利用[J]. 黑龙江农业科学, 2004, 26(5): 212-216.
- [11] Caillot S, Rosiau E, Laplace C, et al. Influence of light intensity and selection scheme on regeneration time of transgenic flax plants[J]. Plant Cell Reports, 2009, 28(3): 359-371.
- [12] 罗素玉, 李德芳, 龚友才, 等. 麻类所麻类育种五十年[J]. 中国麻业科学, 2009, 31(z1): 82-92.
- [13] Rutkowska-Krause I, Mankowska G, Lukaszewicz M, et al. Regeneration of flax (*Linum usitatissimum* L.) plants from anther culture and somatic tissue with increased resistance to *Fusarium oxysporum* [J]. Plant Cell Reports, 2003, 22(2): 110-116.
- [14] Chen Y, Dribnenki P. Effect of genotype and medium composition on flax *Linum usitatissimum* L. anther culture[J]. Plant Cell Rep, 2002, 21(3): 204-207.
- [15] Obert B, Bartosova Z, Pretova A. Dihaploid production in flax by anther and ovary cultures[J]. Nat Fibres, 2004, 1(3): 1-14.
- [16] Chen Y R, Lin S, Duguid S, et al. Effect of sucrose concentration on elongation of shoots from flax anther culture[J]. Plant Cell Tiss Org, 2003, 72(2): 181-183.
- [17] Rutkowska-Krause I, Mankowska G, Lukaszewicz M, et al. Regeneration of flax (*Linum usitatissimum* L.) plants from anther culture and somatic tissue with increased resistance to *Fusarium oxysporum* [J]. Plant Cell Rep, 2003, 22(2): 110-116.
- [18] 贾婉琪, 王玉富, 郝冬梅, 等. 亚麻再生体系建立与遗传转化的研究进展[J]. 中国麻业科学, 2011, 33(3): 147-153.
- [19] Ling H Q, Binding H. Transformation in protoplast cultures of *Linum usitatissimum* and *L. suffruticosum* mediated with PEG and with *Agrobacteri-*

um tune faciens [J]. Plant Physiol, 1997, 151: 479-488.

[20] Beranová M, Rakouský S, Vávrová Z, et al. Sonication assisted *Agrobacterium*-mediated transformation enhances the transformation efficiency in flax (*Linum usitatissimum* L.) [J]. Plant Cell, Tissue and Organ Culture, 2008, 94(3): 253-259.

[21] Wijayanto T, McHughen A. Genetic transformation of *Linum* by particle bombardment [J]. In Vitro Cell Dev Biol-Plant, 1999, 35: 456-465.

[22] 王玉富, 刘燕, 杨学, 等. 亚麻外源 DNA 导入后代的遗传与变异研究 [J]. 中国麻作, 1999, 21(3): 7-11.

[23] 王玉富, 周思君, 刘燕, 等. 利用农杆菌介导法进行亚麻转基因培养的研究 [J]. 中国麻作, 2000, 22(1): 14-16.

[24] Roach M J, Deyholos M K. Microarray analysis of flax (*Linum usitatissimum* L.) stems identifies transcripts enriched in fibre-bearing phloem tissues [J]. Molecular Genetics & Genomics, 2007, 278(2): 149-165.

[25] Kostyn K, Czemplik M, Kulma A, et al. Genes of phenylpropanoid pathway are activated in early response to *Fusarium* attack in flax plants [J]. Plant Science, 2012, 190: 103-115.

[26] Lorenc-Kukuła K, Zuk M, Kulma A, et al. Engineering flax with the GT family 1 *Solanum soganandinum* glycosyltransferase SsGT1 confers increased resistance to *Fusarium infection* [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2009, 57(15): 6698-6705.

[27] Lorenc-Kukuła K, Amarowicz R, Oszmianski J, et al. Pleiotropic effect of phenolic compounds content increases in transgenic flax plant [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2005, 53(9): 3685-3692.

[28] Boba A, Kulma A, Kostyn K, et al. The influence of carotenoid biosynthesis modification on the *Fusarium culmorum* and *Fusarium oxysporum* resistance in flax [J]. Physiological and Molecular Plant Pathology, 2011, 76(1): 39-47.

[29] Ashry N A, Mohamed H I. Impact of secondary metabolites and related enzymes in flax resistance and or susceptibility to powdery mildew [J]. World J Agric Sci, 2011, 7(1): 78-85.

[30] Lawrence, Gergory J G, Lawrence A, et al. Relationships between rust resistance genes at the M locus in flax [J]. Molecular Plant Pathology, 2010, 11(1): 19-32.

[31] Rashid K Y. Screening for resistance to pasmo (*Septoria linicola*) in flax [J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2012, 34(2): 343.

[32] Lamblin F, Saladin G, Dehorter B, et al. Overexpression of a heterologous sam gene encoding S-adenosylmethionine synthetase in flax (*Linum usitatissimum*) cells: Consequences on methylation of lignin precursors and pectins [J]. Physiologia Plantarum, 2001, 112(2): 223-232.

[33] Wrobel-Kwiatkowska M, Starzycki M, Zebrowski J, et al. Lignin deficiency in transgenic flax resulted in plants with improved mechanical

properties [J]. Journal of Biotechnology, 2007, 128(4): 919-934.

[34] Musialak M, Wrobel-Kwiatkowska M, Kulma A, et al. Improving retting of fibre through genetic modification of flax to express pectinases [J]. Transgenic Research, 2008, 17(1): 133-147.

[35] Wrobel, Magdalena Zebrowski, Jacek Szopa, et al. Polyhydroxybutyrate synthesis in transgenic flax [J]. Journal of Biotechnology, 2004, 107(1): 41-54.

[36] Zuk M M, Prescha A, Stryczewska M, et al. Engineering flax plants to increase their antioxidant capacity and improve oil composition and stability [J]. Journal of Agricultural and Food Chemistry, 2012, 60(19): 5003-5012.

[37] Chen Y G, Hausner E, Kenaschuk D, et al. Identification of microspore-derived plants in anther culture of flax (*Linum usitatissimum* L.) using molecular markers [J]. Plant Cell Reports, 1988, 18: 44-48.

[38] Wiesnerová D, Wiesner I. ISSR-based clustering of cultivated flax germplasm is statistically correlated to thousand seed mass [J]. Molecular Biotechnology, 2004, 26(3): 207-214.

[39] Smýkal P, Bačová-Kertessová N, Kalendar R, et al. Genetic diversity of cultivated flax (*Linum usitatissimum* L.) germplasm assessed by retrotransposon-based markers [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 122(7): 1385-1397.

[40] Cloutier S, Niu Z, Datla R, et al. Development and analysis of EST-SSRs for flax (*Linum usitatissimum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2009, 119(1): 53-63.

[41] Cloutier S, Miranda E, Ward K, et al. Simple sequence repeat marker development from bacterial artificial chromosome end sequences and expressed sequence tags of flax (*Linum usitatissimum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 125(4): 685-694.

[42] Cloutier S, Ragupathy R, Niu Z, et al. SSR-based linkage map of flax (*Linum usitatissimum* L.) and mapping of QTLs underlying fatty acid composition traits [J]. Mol Breed, 2011, 28(4): 437-451.

[43] 康庆华, 黄文功, 刘岩, 等. 应用分子标记探讨多胚亚麻的分类地位 [J]. 中国麻业科学, 2010, 32(2): 84-88.

[44] 杨学, 关凤芝, 李柱刚, 等. 亚麻品系 9801-1 抗白粉病基因的 RAPD 标记 [J]. 植物病理学报, 2011, 41(2): 215-218.

[45] Chemikosova S B, Gur' Yanov O P. The effect of soil drought on the phloem fiber development in long-fiber flax [J]. Russian Journal of Plant Physiology, 2006, 53(5): 656-662.

[46] 康庆华, 许修宏, 李柱钢, 等. 亚麻单倍体抗逆基因的转化 [J]. 中国麻业科学, 2006, 28(6): 291-296.

[47] 石仓吉, 吕建刚. 亚麻品种抗旱性评价研究 [J]. 干旱地区农业研究, 2008, 26(5): 1-5.

[48] 赵东升. 亚麻耐盐碱品种筛选的研究 [J]. 黑龙江农业科学, 2011(7): 6.

Research Progress in Flax Quality Improvement by Genetic Engineering

CHEN Xiu-juan¹, CHEN Guang-hui², GAO Yan¹, XIE Li-qiong¹

(1. College of Life Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi, Xinjiang 830046; 2. Inspection and Quarantine Service Center, CIQ Kashgar Branch, Kashgar, Xinjiang 844000)

Abstract: The research progress of flax quality improvement by the technique of tissue culture, genetic transformation and molecular marker assistant selection in the recent decades were reviewed. The technology of conventional breeding combined with modern genetic engineering to breed flax with high yield, high quality, resistance was summarized, and the problems existed in the research were discussed and prospected.

Key words: flax; genetic engineering; quality improvement; progress