

文章编号: 1003-8701(2001)01-0014-07

水稻与菰杂交后代稳定品系的酯酶同工酶分析

李云善¹, 朴世领¹, 朴亨茂², 蒋基建¹, 金江山¹

(1. 延边大学农学院农学系, 吉林 龙井 133400; 2. 通化市农科院, 吉林 梅河口 135007)

摘要:通过对水稻松前与菰的杂交后代 19 个稳定品系的株高和穗部性状的分析表明: 这些品系之间以及它们与母本之间在性状上都存在差异, 但性状表现仍是水稻的。通过对这些品系及其亲本的酯酶同工酶分析表明, 稳定品系的酯酶同工酶酶谱, 以母本酶带为基础, 主要表现为 5 种类型: 互补型、新增酶带型、互补兼新增酶带型、母本型和母本酶带缺失型。因此表明, 在高世代稳定品系中可能仍有菰的基因存在并表达。

关键词: 水稻; 菰; 性状; 酯酶同工酶

中图分类号: S 511.01

文献标识码: A

由于远缘杂交可以突破遗传物质仅在种内交流的局限性, 使遗传物质得到在种间交流和重组的机会, 扩大基因库, 从而获得具有经济价值的各种变异类型^[1]。因此, 远缘杂交育种是创造新物种、新类型、新品种的重要手段, 也是改良现有品种的重要途径之一^[2]。为了扩大水稻的基因库, 改良水稻品种, 通化农科院的朴亨茂于 1976 年采用复态导入法成功地将菰(紫花菰)的部分优良性状导入到水稻中, 并选育出了通 35、通 31 等大面积推广的优良水稻品种。本文仅就水稻松前与菰杂交组合的 19 个高世代稳定品系的主要性状和酯酶同工酶分析结果作一概要总结。

1 材料与方法

1.1 试验材料

母本为从日本引进的水稻品种松前, 父本为禾本科菰属中的紫花菰。取 19 个高世代的水稻品种松前与菰杂交后代的稳定品系(表 1)及母本松前, 于 1998 年播于延边大学农学院水稻试验田, 各品系均播 90 株, 随机抽取 5 株进行室内考种。

1.2 酯酶同工酶分析

1.2.1 样本提取

表 1 供试品系名称及来源

品系名称	来源	品系名称	来源
通育 210	通化农科院	通育 212	通化农科院
通育 213	通化农科院	通育 215	通化农科院
通育 220	通化农科院	通育 303	通化农科院
通育 311	通化农科院	通育 315	通化农科院
通育 316	通化农科院	通育 317	通化农科院
通育 318	通化农科院	通育 322	通化农科院
通育 323	通化农科院	通育 331	通化农科院
通育 332	通化农科院	通育 401	通化农科院
通育 404	通化农科院	通育 406	通化农科院
通育 412	通化农科院		

杂种后代、母本、父本分别取二叶期幼叶 0.5 g 加 2 mL 样品提取液(2-巯基乙醇 1.0 g+

收稿日期: 2000-07-20

作者简介: 李云善(1971-), 女(朝鲜族), 黑龙江萝北人, 延边大学农学院农学系助教, 硕士。

TEMED 0.01 mL+蔗糖 10.0 g,用 pH6.8 的 Tris-HCl 缓冲液定容至 100 mL)于冰浴中研磨,3 000 r/min,离心 5 min,取上清液贮于冰箱中作为酯酶同工酶的分析样品备用。

1.2.2 凝胶电泳

采用 DDY-III 型垂直平板电泳槽,电极缓冲液为 Tris-甘氨酸(pH 8.3),分离胶浓度为 7.5%,pH 8.9。丙烯酰胺凝胶的配制按胡能书介绍的方法^[3]。

电泳在冰箱中进行,电压 200V,电流 28 mA,电泳时间为 120 min。

1.2.3 染色

染色法参考胡能书等编写的《同工酶技术及其应用》一书的方法,并略作改进,将染色液中的坚牢兰 R 盐改用坚牢兰 B 盐。

1.2.4 记录

用坐标纸测出指示剂的迁移距离(X_1)和凝胶中蛋白质酶带的迁移距离(X_2),求出迁移率 $Rf = X_2/X_1$,绘制模式图。

2 结果与分析

2.1 农艺性状分析

水稻品种松前与菰的杂交后代 19 个稳定品系及其亲本室内考种所获得的各性状调查结果见表 2。

表 2 水稻松前与菰杂交后代稳定品系及其亲本性状调查结果

材 料	株高 (cm)	有效穗数 (个/株)	主穗长 (cm)	每穗粒数 (粒)	千粒重 (g)	结实率 (%)	单株粒重 (g)
通育 210	79.0	5	20.89	111	25.27	69.09	10.07
通育 212	94.3	6	20.76	85	24.10	82.32	9.98
通育 213	81.0	6	18.75	90	23.67	86.42	10.98
通育 215	76.3	7	19.00	86	30.55	75.46	12.84
通育 220	84.0	7	19.25	113	21.97	76.54	14.71
通育 303	88.0	5	17.86	81	23.04	84.33	7.99
通育 311	81.7	5	18.73	92	26.19	86.69	9.69
通育 315	91.3	5	18.71	76	28.80	90.07	10.96
通育 316	80.7	5	23.28	130	25.30	67.82	10.76
通育 317	97.3	6	19.02	94	25.50	94.07	13.06
通育 318	89.7	6	20.75	138	24.67	74.85	15.47
通育 322	82.0	5	15.82	90	27.33	86.29	10.33
通育 323	88.3	5	20.62	137	26.45	67.39	12.10
通育 331	78.2	6	22.05	140	25.13	50.44	10.97
通育 332	81.7	7	23.00	151	25.00	70.39	17.68
通育 401	83.7	6	19.26	95	25.17	91.46	11.91
通育 404	86.0	10	19.92	87	26.20	87.46	19.67
通育 406	93.3	7	18.19	92	29.47	81.56	13.77
通育 412	90.7	7	18.64	91	24.40	89.92	13.70
松前	85.9	6	17.00	77	26.10	85.10	12.60

株高:杂交后代稳定品系的株高在 76.3~97.3 cm 之间,最高和最矮的品系之间相差 21.0 cm,母本松前的株高为 85.9 cm。可见,松前与菰杂交后代稳定品系及其亲本松前在株高上存在差异,但仍倾向于母本松前。

单株有效穗数:除了通育 404 品系的有效穗数为 10 外,其它品系的单株有效穗数均介于 5~7 之间,而母本松前的单株有效穗数为 6。

主穗长:分布在 15.82~23.28 cm 之间,除了通育 322 品系比母本松前短了 7%外,其它品系均比母本松前长,最长的通育 316 比松前长出了 37%,19 个品系平均比母本松前长出了 16%。

每穗粒数:分布在 75~151 粒/穗之间,除通育 315 品系比母本松前少 1%外,其它品系均多于母本,最多的通育 332 比母本松前多出 96%,19 个品系平均比母本松前多出 35%。

千粒重:分布在 21.97~30.55 g 之间,最低的通育 220 比母本松前低 16%,最高的比母本松前高 17%,19 个品系平均比母本松前低 2%。

结实率:分布在 50.44%~94.07%之间,最低的通育 331 比母本松前低 41%,最高的通育 317 比母本松前高出 11%,19 个品系平均比母本低 6%。

单株粒重:分布在 7.99~19.67 g 之间,最低的通育 303 比母本松前低 37%,最高的通育 404 比母本松前高出 56%,19 个品系平均比母本低 1%。

从以上 7 个性状的分析可见,除了在单株有效穗数这个性状上,各品系之间以及各品系与母本之间没有太大差异外,在其它性状上各品系间以及各品系与母本松前之间均存在差异。但并没有表现出明显的菰的性状,仍表现为水稻的特性。

2.2 酯酶同工酶分析

表 3 水稻松前与菰及其杂交后代稳定品系的酯酶同工酶酶谱分布

材 料	酶带数(迁移率 Rf)				酶带总数
	A(0~0.30)	B(0.31~0.50)	C(0.51~0.80)	D(0.80~1)	
通育 210	1(0.08)	1(0.31)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		7
通育 212	2(0.08,0.20)	1(0.31)	4(0.57,0.60,0.65,0.77)		7
通育 213	2(0.08,0.20)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		9
通育 215	1(0.08)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		8
通育 220	2(0.08,0.20)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		9
通育 303	2(0.08,0.20)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		9
通育 311	2(0.08,0.20)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		9
通育 315	1(0.08)	1(0.31)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		7
通育 316	1(0.08)	1(0.31)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		7
通育 317	1(0.08)	1(0.31)	6(0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		8
通育 318	1(0.08)	2(0.31,0.41)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	9
通育 322	1(0.08)	1(0.31)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	8
通育 323	1(0.08)	1(0.31)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)		7
通育 331	1(0.08)	1(0.41)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	8
通育 332	1(0.08)	3(0.31,0.41,0.46)	8(0.51,0.53,0.55,0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	13
通育 401	1(0.08)	3(0.31,0.41,0.46)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	10
通育 404	1(0.08)	3(0.31,0.41,0.46)	5(0.51,0.57,0.60,0.65,0.77)	1(0.83)	10
通育 406	1(0.08)	3(0.31,0.41,0.46)	4(0.57,0.60,0.65,0.77)	1(0.83)	9
通育 412	1(0.08)	3(0.31,0.41,0.46)	5(0.51,0.57,0.60,0.65,0.77)	1(0.83)	10
松前	1(0.08)	2(0.31,0.41)	5(0.57,0.60,0.63,0.65,0.77)	1(0.83)	9
菰	2(0.08,0.20)		5(0.57,0.60,0.65,0.73,0.77)	1(0.83)	8

在酯酶同工酶的酶谱(图 1、表 3)中,松前的酯酶同工酶有 9 条酶带,按迁移率由小到大的顺序依次编号为 E1(Rf=0.08)、E2(Rf=0.31)、E3(Rf=0.41)、E4(Rf=0.57)、E5(Rf=0.60)、E6(Rf=0.63)、E7(Rf=0.65)、E8(Rf=0.77)、E9(Rf=0.83);菰的酯酶同工酶酶谱有 8 条酶带,按迁移率由小到大依次编号为 E'1(Rf=0.08)、E'2(Rf=0.20)、E'3(Rf=0.57)、E'4(Rf=0.60)、E'5(Rf=0.65)、E'6(Rf=0.73)、E'7(Rf=0.77)、E'8(Rf=0.83)(图 1)。松前与

菰之间的酯酶同工酶有较大差异,除了松前酯酶的 E1、E4、E5、E7、E8 酶带与菰酯酶的 E'1、E'3、E'4、E'5、E'7 酶带的迁移率相同外,其余酶带的迁移率各不相同,表现出各自的特性。

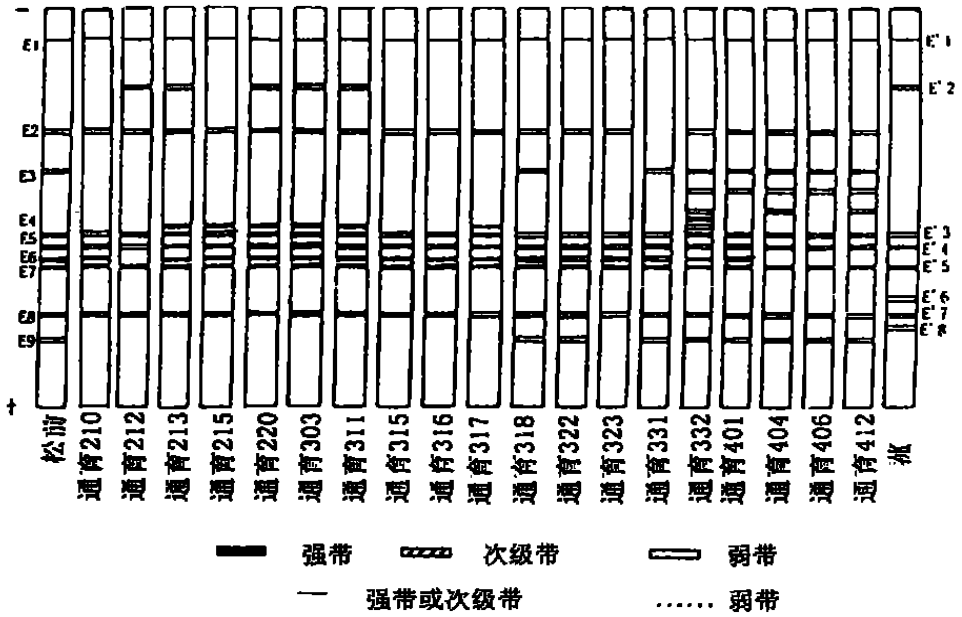


图1 酯酶同工酶酶谱

表4 水稻松前与菰的杂交后代稳定品系及其亲本的酯酶同工酶比较

材料	酶带顺序号															酶带总数
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	12	14	15	
	Rf 值															
	0.08	0.20	0.31	0.41	0.46	0.51	0.53	0.55	0.57	0.60	0.63	0.65	0.73	0.77	0.83	
通育 210	++		+						+	+	+++	+++		+		7
通育 212	++	+	+							+	+	+++		++		7
通育 213	++	+	+					++	+++	+++	+++	+++	+++	++		9
通育 215	++		+					+++	++	+++	+++	+++	+++	++		8
通育 220	++	+	+					+++	++	++	++	+++	+++	++		9
通育 303	++	+	+					+++	++	++	+++	+++	+++	++		9
通育 311	++	+	+					+++	+	+	++	+++	+++			9
通育 315	++		+						++	++	+++	+++	+++	++		7
通育 316	++		+						+	++	+++	+++	+++	++		7
通育 317	++		+					+++	+++	+++	+++	+++	+++	+		8
通育 318	++		+	+					+	++	++	+++	+++	++	+	9
通育 322	++		+						+	++	++	+++	+++	++	+	8
通育 323	++		+						+	+	++	+++	+++	+		7
通育 331	++			+					+	+	+	+++	+++	+	+	8
通育 332	++		+	++	+	+	+	+	++	++	+++	+++	+++	+	+	13
通育 401	++		+	++	+				++	++	+	+++	+++	+	+	10
通育 404	++		+	++	+	+			++	++	++	+++	+++	+	++	10
通育 406	++		+	++	+				++	++		+++	+++	+	+	9
通育 412	++		+	++	+	+			++	++		+++	+++	+	+	10
松前	++		+	++					++	++	++	+++	+++	+	+	9
菰	++	++							+	+++		+++	+	++	+	8

+++强带; ++次级带; +弱带

同工酶的谱带以其迁移速度为依据可划分为 4 个区: A 区为近阴极端的慢速迁移区, $Rf=0.03$; B 区为中速迁移区, $Rf=0.30\sim 0.50$; C 区为快速迁移区, $Rf=0.50\sim 0.80$; D 区为近阳极端的极快速迁移区, $Rf=0.80\sim 1$ ^[4]。由表 3 可见, 各品系及其亲本的酯酶同工酶酶带多集中在 C 区, 有 4~6 条酶带; 其次是 B 区, 有 1~3 条; 再次是 A 区, 有 1~2 条; 最少的是 D 区, 只有部分品系有 1 条酶带分布。

在酯酶同工酶谱(表 3、表 4、图 1)中, 供试品系出现的与父本菰相应的酶带只有 $Rf=0.20$ 一条酶带, 该酶带与菰的 E² 酶带相对应, 且较菰的 E² 酶带色浅。出现的新酶带有 $Rf=0.46$ 、 $Rf=0.51$ 、 $Rf=0.53$ 、 $Rf=0.55$ 四条酶带, 凡出现的 $Rf=0.46$ 、 $Rf=0.51$ 、 $Rf=0.53$ 酶带均为弱带; 除了通育 332 中出现的 $Rf=0.55$ 的酶带为弱带外, 该酶带在其它出现的品系中均表现为强带或次级带。通育 318 的酯酶同工酶酶带虽然与母本的酶谱相同, 但酶带的强弱不同, $Rf=0.41$ 和 $Rf=0.57$ 两条酶带较母本松前相对应的 E³ 和 E⁴ 酶带颜色浅; 而 $Rf=0.77$ 酶带较母本松前相对应的 E⁸ 酶带颜色深。

从各品系的酯酶同工酶酶带显示情况看, 主要表现以下 5 种类型(表 5): ①互补型, 杂种酶谱在具有母本酶带(有的有酶带缺失)的基础上, 还具有父本酶带(互补酶带); ②新增酶带型, 杂种酶谱在具有母本酶带(有的有酶带缺失)的基础上, 还具有父母本均没有的新酶带; ③互补兼新增酶带型, 杂种酶谱在具有母本酶带(有的有酶带缺失)的基础上, 还同时具有父本酶带和新酶带; ④母本型, 杂种的酶谱与母本的酶谱基本相同; ⑤母本酶带缺失型, 杂种酶谱与母本酶谱相比, 母本的个别酶带有缺失。19 个品系中多数品系的酶谱属于互补型、新增酶带型和互补兼新增酶带型 3 种类型, 属于母本酶带缺失型的品系较少, 只有 2 个品系, 表现为母本型酶谱的品系只有通育 318 品系。

从酯酶同工酶的分析来看, 各稳定品系的同工酶酶谱与母本松前相比均有差异。这表明, 在各稳定品系中可能仍有菰的基因存在, 只是在各品系中存在的基因和基因表达的方式不同。

3 讨论

对各供试品系及水稻松前成熟后的株高和穗部性状的分析结果表明, 松前与菰杂交后代的稳定品系与松前之间在这些性状上确实存在着差异。特别是在主穗长这一性状上表现最为明显。由于这些品系的性状已基本稳定, 是可以遗传的。因此, 这些性状上的差异也是可以遗传的。尽管如此, 我们在供试品系中很难找到父本菰的明显特性, 它们的性状基本上都是水稻的。但它们与母本之间确实又存在差异。根据周光宇^[5]提出的关于远缘杂交 DNA 片段杂交的假说, 这种差异的产生可能是由于菰的 DNA 片段加入到了受体基因组中, 从而影响了多基因表达体系的结果。由此产生的性状差异是少数的, 大部分性状仍是水稻的性状。李贞生培育的玉米稻和祖得明等培育的高粱稻^[5], 其主要形态特征仍是水稻的, 只是在个别性状上产生了差异。这与本研究结果相似。

本研究所作的水稻松前与菰的杂交后代稳定品系及其亲本幼叶的酯酶同工酶的电泳结

表 5 供试品系的酯酶同工酶酶谱类型

酶谱类型	酯 酶
互补型	通育 215、通育 317、通育 332、通育 401 通育 404、通育 406、通育 412 (7)
新增酶带型	通育 212 (1)
互补兼新增酶带型	通育 213、通育 220、通育 303、 通育 311 (4)
母本型	通育 318 (1)
母本酶带缺失型	通育 210、通育 315、通育 316、 通育 322、通育 323、通育 331 (6)

注: 括号内为品系总数

果表明:各品系的同工酶谱主要倾向于母本水稻,同时也出现了一些变异,在一些品系中出现了母本没有的菰的酶带,这可能是由于菰的 DNA 中的某一完整的同工酶结构基因整合到水稻松前的基因组中,从而导致控制该同工酶的基因得以表达;有的品系出现了双亲所没有的新酶带,这可能是由于菰的外源 DNA 的一段调控序列整合到了水稻松前的基因组中,打破了水稻基因组原有的同工酶的表达类型而产生的。段晓岚^[6]等在对水稻与高粱的杂交后代以及陈芳远^[7]等在对水稻与菅草的远缘杂交后代的同工酶分析中也分别得到了高粱和菅草的酶带以及父母本均没有的新酶带。这与本研究的结果相似。因而我们可以得出,在具有菰的酶带或新酶带的品系中,可能有菰的基因存在并表达。同时,还发现有一些品系中并没有菰的酶带或新酶带出现,但个别酶带同母本酶带相比颜色浅,有的品系甚至同母本松前相比出现了酶带的缺失。这可能是由于菰的 DNA 片段整合到水稻的基因组中,引起水稻的基因结构顺序的改变,导致控制该酶带的基因表达衰减或不表达。段晓岚等在对高粱稻进行酯酶同工酶遗传研究时也发现,在远缘杂交后代中出现母本酶带缺失现象,这与本研究的结果相似。

在对杂交后代稳定品系的酯酶同工酶分析中获得了 5 种同工酶的酶谱类型:即互补型、新增酶带型、互补兼新增酶带型、母本型和母本酶带缺失型,这些酶谱类型都是以母本的酶谱为基础的。这与陈芳远等获得的水稻与菅草远缘杂交水稻的稳定株系的酯酶同工酶只有新增酶带一种类型有所不同,与富威力^[5]等对水稻与菰杂交的早期世代的过氧化物酶同工酶分析所获得的互补带型也不同,却与郑稚莺^[8]等在研究杂交水稻的杂种优势与同工酶的相关性时所获得的品种间杂种一代的酯酶同工酶酶谱类型(完全互补型、偏父型、偏母型、增带型、减带型和一些无规律型酶谱类型)较相似。这可能是由于杂种所获得菰的遗传物质,在不断的自交过程中异源 DNA 在后代中不断地被排斥、分离、重组和最后稳定的过程中^[6]产生了丰富的同工酶变异类型。但是,具体有哪些菰的基因存在于稳定品系中,还有待于进一步研究。

显然,以上分析基本上还是推论性的,但有一点是可以肯定的,即本项研究结果和其它一些前人的报道^[9]表明,通过远缘杂交确实能够得到一些不同于母本,且能达到育种目标所要求的品系或品种。因此,这类远缘杂交作为一种育种方法是具有重大意义的。

参考文献:

- [1] 周光宇,等·远缘杂交的分子基础[J]·遗传学报,1980,7(2):119—122.
- [2] 北京农业大学作物育种教研室·植物育种学[M]·北京:北京农业大学出版社,1988.
- [3] 胡能书,万国贤·同工酶技术及其应用[M]·长沙:湖南科学技术出版社,1985.
- [4] 周永江,等·鹅观草和大麦及其属间杂种 F₁ 酯酶同工酶分析[J]·四川农业大学学报,1992,10(4):623—634.
- [5] 周光宇,等·农业分子育种研究进展[M]·北京:中国农业科技出版社,1993.
- [6] 段晓岚,等·水稻与高粱杂交后代酯酶同工酶遗传研究[J]·作物学报,1985,11(3):173—179.
- [7] 陈芳远,等·水稻和菅草杂交后代稳定株系的表型及同工酶分析[J]·广西农学院学报,1988,7(4):13—19.
- [8] 郑稚莺·酯酶同工酶与杂交水稻杂种优势的相关性[J]·东北农学院学报,1987,18(2):98—104.
- [9] 万文学,等·遗传工程水稻的研究——GRR-1 同工酶分析[J]·湖南农业科学,1993,(3):10—11.

Esterase Isozymic Electrophoregrams of Rice Stabilizing Lines from Final Generation between Rice and Water Rice

LI Yun-shan, PIAO Shi-ling, et al.

(Agronomy Department, Agricultural College of Yanbian University, Jilin Longjing 133400, China)

Abstract: The studies for plant height, panicle characters, esterase isozymic electrophoregrams of 19 rice lines isolated from offspring of rice cultivar Mastumue and water rice were conducted. The results showed that the characters were different among the lines and their female parent. However, phenotypical characters of these lines were the same as those of rice. Most isozymic electrophoregrams of these lines were the same as those of female parent Matsumae, and showed 5 isozyme band patterns: complementary band, new band, complementary and new band, female parental band and female parent band lackage patterns. Furthermore, the results also indicated that high generation progenies acquired some genes of male parent water rice, and in which the genes were expressed.

Key words: Rice; Water rice; Characters; Esterase isozyme

玉米品种简介

吉单 159: 1993 年经吉林省品种审定委员会审定推广。属偏晚熟单交种, 生育期 129 d 左右, 需 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 活动积温 2 750 $^{\circ}\text{C}$ 左右。株高 280 cm, 穗位高 110 cm。果穗长筒形, 穗长 22 cm, 16~18 行, 白轴黄粒, 呈马齿型, 百粒重 36~40 g。高抗丝黑穗病, 抗大斑病, 中抗茎腐病。

该品种喜光、喜肥水, 适宜密度为每公顷 4.2 万~4.5 万株。施肥时应前轻后重, 追肥应适当晚, 以控制前期生长过盛。

适于吉林省的中晚熟和晚熟区、黑龙江省第一、第二积温带玉米覆膜地区及山东、贵州、湖北等地区种植。一般公顷产量 10 000~12 000 kg。

吉单 180: 1994 年经吉林省品种审定委员会审定推广。属中晚熟单交种, 生育期 127 d 左右, 需 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 活动积温 2 700 $^{\circ}\text{C}$ 左右。株高 280 cm, 穗位高 105 cm。果穗筒形, 穗长 21 cm, 14~16 行, 粉轴黄粒, 呈马齿型, 百粒重 40 g。抗玉米丝黑穗病、大斑病和茎腐病。

该品种株型收敛, 种植密度适宜范围广, 建议种植密度每公顷 4.5 万~5.5 万株, 施肥量应随密度增加而增加。

适于吉林省的中晚熟区、内蒙古的通辽、黑龙江省第一积温带及第二积温带的部分地区种植。平均公顷产量 10 074 kg, 高产田块可达 11 500 kg。

吉单 209: 1996 年经吉林省品种审定委员会审定推广。属中熟偏晚单交种, 生育期 126 d 左右, 需 $\geq 10^{\circ}\text{C}$ 活动积温 2 650 $^{\circ}\text{C}$ 左右。株高 280 cm, 穗位高 110 cm。果穗筒形, 穗长 20 cm, 14~16 行, 红轴黄粒, 呈马齿型, 百粒重 39 g, 粒大质优。高抗茎腐病、玉米大斑病和玉米螟, 中感丝黑穗病。

适于我国北方夏玉米早熟区种植。在吉林省中熟和中晚熟区、黑龙江省第一积温带部分地区种植, 可获得较高产量, 公顷产量为 10 000~11 000 kg。

该品种株高、穗位适中, 株型半收敛, 茎秆坚韧抗倒, 适于密植。建议种植密度为平岗地每公顷 5.0 万株, 条件较好地块每公顷 6.0 万株。东北春玉米区春季气温低, 播种到出苗时间较长, 种子易受丝黑穗病侵染。因此, 应在气温高出苗快的最佳时期播种, 并进行种子包衣, 以防止或减轻丝黑穗病发生。