

【生物技术】

DNA 分子标记技术在苜蓿研究中的应用

杨青川¹, 刘志鹏², 呼天明², 胡晓艳²

(1. 中国农业科学院畜牧研究所, 北京 100094; 2. 西北农林科技大学动物科技学院, 陕西 杨凌 712100)

摘要: 本文概述了 DNA 分子标记技术在苜蓿种质鉴定、连锁图谱构建、种质渐渗、基因定位和杂种优势五方面的研究进展。

关键词: 分子标记; 苜蓿; 牧草

中图分类号: Q819 **文献标识码:** A

文章编号: 1008-0864(2004)02-0030-05

以往的苜蓿遗传标记主要有 3 种, 即形态学标记、细胞学标记和生化标记(同功酶和种子蛋白)。与新兴的 DNA 分子标记相比, 传统标记方法有以下缺点, 即费时长、标记位点少、不能有效鉴别优异材料、易受环境和植株发育影响及遗传图谱饱和度低等; 而分子标记则具有标记分布广、多态性高、不受环境、季节和发育期影响等优点。目前, 苜蓿研究中应用最广泛的 DNA 分子标记是 RFLP(Restriction fragment length polymorphism, 限制性片段长度多态性)、RAPD(Random amplified polymorphism DNA, 随机扩增生态性 DNA)、AFLP(Amplified fragment length polymorphism, 扩增片段长度多态性)和 SSR(Simple sequence repeat, 简单序列重复; 又称 Microsatellite DNA, 微卫星 DNA)等。本文就这几种分子标记在苜蓿中的应用做一综述。

1 种质鉴定

种质遗传多样性和确定优异育种材料的遗传背景是植物育种工作的基础, 而对于苜蓿这种异花受粉物种(异交率 72%—87%), 此项工作的意义更加重要。苜蓿基因组上存在着大量的分子标记位点, 据 RFLP 和 RAPD 标记研究显示苜蓿具有非常强的杂合性, 以单株为研究对象, 品种内差异大于品种间差异^[1]。Kidwell 等^[2]用 RFLP 标记研究了构成北美苜蓿品种遗传背景的 9 个引进品种间的遗传关系, 发现品种内多态性非常大, 但品种间总体差别不大, 只有从前苏联和秘鲁引进的两个苜蓿种质间具有明显的

差异。之后, 我国学者李拥军等^[3]利用 RAPD 技术对 18 个中国苜蓿地方品种进行了遗传多样性分析, 结果表明, 我国苜蓿地方品种间的遗传差异较小, 原因是我国苜蓿地方品种的地理分布相对较窄, 品种间基因交流的机会多, 故品种间遗传组成趋于一致。

另外, Barcaccia 等^[4]利用 RAPD 技术标记了减数分裂中苜蓿的突变植株, 在突变植株中发现了大量特异性标记, 他们指出可以用这些特异性标记研究突变植株的 2n 配子形成机制。Pupilli 等^[5]用 16 个 RFLP 探针和 3 种限制性酶研究了 7 个常用栽培品种和 3 个适合于意大利中部地区生态的苜蓿材料, 发现 7 个栽培种间的多态性小于 3 个生态型材料间的多态性。Gjuric 等^[6]用 RAPD 无显性组合分析法对四倍体苜蓿 F₁ 和 S₁ 代个体进行分析, 指出用在亲本中发现的 5 个特异性标记可有效区分 F₁ 和 S₁ 后代, 并可估计其亲本的杂交率。

与其它分子标记相比, SSR 用于苜蓿的研究起步较晚。Diwan 等^[7]发现四倍体苜蓿基因组中约有 19 000 个 (AT)_n + (CT)_n + (CA)_n + (ATT)_n SSRs, 且 4 个用于试验的 SSR 位点的分离符合孟德尔分离规律。Mengoni 等^[8]研究了 10 个苜蓿材料中 4 个 cpSSR(叶绿体 SSR)位点上等位基因的变异情况, 结果共发现了 24 个等位基因, 其中 4 个等位基因对 Iside 品种具有专一性。

与此同时, 学者们对采用群体标记法和单株标记法进行了比较研究。在每份样品中取等量 DNA 混合, Yu 和 Paul^[9]用 RAPD 群体标记法鉴别了 3 个苜蓿品种 (*Dupuits*、*Peace* 和 *Anik*) 和 4 个育种材料的遗传关系, 结果与传统分类关系相符。他们还建议在利用分子标记研究苜蓿系谱发育关系和选择亲本挖掘最大杂交潜力时, 应采用群体标记法。用筛选出的 10 条特异性引物, 在每个品种或材料中取 10 个单株, 就可以区分 18—72 个苜蓿品种或材料。相反, Kidwell 等^[2]用 RFLP 比较了单株标记和群体标记鉴定苜蓿种质的异同, 指出采用群体标记法低估了品

收稿日期: 2003-09-29

作者简介: 杨青川, 1966 年生, 男, 博士, 副研究员; 主要研究方向: 牧草育种与生物技术。

研究项目: “十五”国家高技术发展计划(863 计划)(2002AA211101)。

种内的变异,从而影响了品种间遗传距离的准确估计。在放射自显影条件下,一个片段能否被发觉的可能性依赖于引物与杂交片段间的同源性和模板 DNA 的浓度。用 RFLP 标记研究四倍体苜蓿时,假如 A 是一个与杂交探针相对应的等位基因,则会存在四种不同的基因型 Aaaa、AAaa、AAAa 和 AAAA,杂交片段的强度取决于 A 的剂量。因而在一个数目较小的群体内,A 数量的不可知性会增加杂交片段被发觉的不确定性,所以研究重点应放在增加群体内植株的数量上^[5],他们还根据初步的研究结果认为用 200 株个体建池易于鉴别品种间差异。但是,Labombarda 等^[10]用个体数分别为 20、50 和 100 的群体 RFLP 标记法鉴定了两个苜蓿品种之间的遗传关系,发现 3 种方法之间的特异带出现频率无显著差异。目前,关于群体标记法的主要争议是群体内个体数目的大小,数目过大,使发现低频率特异带的可能性降低;数目过小,则缺乏代表性。不同分子标记方法中,适宜群体数目的确定有待进一步研究。

2 连锁图谱构建

苜蓿分子连锁图谱的构建现在主要基于 RFLP、RAPD、AFLP 和 SSR 四种分子标记技术以及传统的形态学、细胞学和同功酶等方法。四倍体的遗传特性使四倍体苜蓿各种性状的分离复杂化,而且由于缺乏相应的四倍体遗传分析软件,以及在杂合双亲的 F_2 自交后代或在回交后代中不易获得等位基因无偏分离的个体,所以第一个苜蓿的连锁图谱是根据二倍体苜蓿绘制的。由 Brummer^[11]、Echt^[12]和 Kiss^[13]各自领导的 3 个研究小组分别于 1993 年先后发表了他们构建的二倍体苜蓿连锁图谱,但由于采用的材料和选用的标记方法各不相同,目前三个图谱还不能融为一体。而且研究人员发现上述三个连锁图谱中有 1/3 到 1/2 的标记位点的分离与传统分离定律不一致(Brummer 等,48%;Echt 等,34%;Kiss 等,55%),这种现象是由于 F_1 代近交产生的有害隐性等位基因造成的。然而,Tavoletti^[14]等指出利用非自交方法可以解决此问题,他们利用非自交的 F_1 代构建了一个二倍体苜蓿遗传图谱,其中只有 8.8%的位点不符合传统分离定律。

除此之外,Kalo 等^[15]在二倍体苜蓿 F_2 代的 8 个连锁群中发现了 868 个遗传标记(4 个形态学标记、12 个同功酶标记、26 个种子蛋白标记、216 个 RFLP 标记、608 个 RAPD 标记和 2 个特殊 PCR 标记)。所有标记总共覆盖了 754cM 的遗传距离,标记间的平

均密度为 0.8 个/cM,遗传标记距离与碱基间的换算关系为 1 000—1 300 kb/cM。他们还发现连锁群 6、7 和 8 中的有些标记与以前公布的有所不同,原因可能是以前的研究未能正确估算连锁标记间的分离关系。

二倍体苜蓿分子标记研究可以为四倍体苜蓿连锁图谱的构建提供有价值的信息,但二倍体苜蓿基因间的遗传距离不等于四倍体苜蓿基因间的遗传距离,而且,以二倍体苜蓿为研究对象不可能发现四倍体苜蓿的所有性状,特别是数量性状。Yu—KF 和 Pauls^[16]利用 RAPD 标记了苜蓿 A70—34(母本)和 Arrow36(父本)杂交产生的 F_1 代,建立了第一个四倍体苜蓿的分子连锁图谱。他们共发现的 9 个连锁组归属于四个连锁群,连锁群中 RAPD 标记间的重组率最大可达 37%。此外,在 F_1 代筛出的 32 个 RAPD 标记中,其中有 27 个符合减数分裂中同源染色体随机分离、染色单体随机分离的规律。因此,他们指出四倍体苜蓿中染色体随机分配在减数分裂中虽然占优势(120/121),但并非唯一模式。同时 Yu 和 Pauls^[16]提出了通过建立回交群,利用 RAPD 技术构建四倍体苜蓿遗传图谱的设想。具体过程如下:①选取遗传基因型相反的双亲,通过杂交产生 100 株 F_1 后代;②在双亲间筛选特异性 RAPD 引物;③用能正常分离的特异性标记逐一分析 F_1 代植株,并判断该植株在此位点属于单显性组合或双显性组合;④从 F_1 代中选出一株苜蓿,它必须同时具有单显性组合和双显性组合且这两个基因都来自双亲一方的特异性标记,将此植株与另一亲本回交,建立回交群;⑤从回交群中选出 150—200 个单株,用特异性引物分析其分离规律;⑥分析回交后代中成对标记间的双分离频率并确定连锁关系;⑦用最大可能性方程分析连锁标记间的重组关系。

Wu 等^[17]提出了 SDRFs(Single dose restriction fragments,单剂量限制性片段)标记方法可简化多倍体物种连锁图谱的绘制。Brouwer 等^[18]利用 SDRFs 标记方法绘制了同源四倍体苜蓿的连锁图谱,该图谱包括 7 个连锁群和 88 个标记位点,覆盖了 443cM 的遗传距离。此外,Diwan 等^[19]用 10 个 SSR 特异性位点对现有二倍体苜蓿的 RFLP 连锁图谱进行了补充,并利用 F_2 代绘制了四倍体苜蓿的连锁图谱,在四倍体苜蓿中每个 SSR 标记可检测到 2—4 个等位基因。

3 种质渐渗

苜蓿属包括 56 个种,其中 22 个种为多年生异花

受粉,34个种为一年生自花受粉。除人工种植紫花苜蓿 (*Medicago sativa* L.) 外,苜蓿属中其余绝大部分为野生种。这些野生种是经长期的自然选择保存下来的,具有一些特殊优点,如适应性好、抗逆性强,能够在风土较差的条件生存生长。通过种质渐渗,将苜蓿野生种中有利基因转移到苜蓿栽培种内,提高栽培种的抗逆能力,并改善其有关经济性状,这是苜蓿改良工作的重要内容之一。McCoy 等^[20]在抗寒抗病性强的同源四倍体苜蓿 *M. dzhawakhetica* 中发现了 70 个 RAPD 标记和 15 个 RFLP 标记。利用这些特异性标记进行分子标记辅助选择 (MAS) 有利于 *M. dzhawakhetica* 中优良基因向栽培苜蓿品种内的转移。

多年生异花受粉的二倍体苜蓿 *M. ruthenica* 起源于西伯利亚、外蒙古和我国的东北,具有抗寒耐瘠薄的特性。Campbell^[21]对 *M. ruthenica* 的 17 个无性系和紫花苜蓿 $W_{10}-AC_3$ 的 17 个无性系进行了种内和种间遗传距离分析,研究应用了 4 条 AMCP (Anchored microsatellite prime, 锚定微卫星引物),测得 *M. ruthenica* 和 $W_{10}-AC_3$ 种内的平均遗传距离分别为 0.50 和 0.56,两个种质间的遗传距离为 0.73; 而用 9 条 SSR 特异性引物测得两者种内的平均遗传距离分别为 0.29 和 0.40。另外 McCoy 等^[22]将 CADL (Cultivated alfalfa at the diploid level, 二倍体苜蓿栽培种) 和二倍体苜蓿野生种 *M. daghestanica*、*M. pironae* 三者进行三体杂交,发现所有的 F_1 代杂种都是二倍体,并且可以观察到 F_1 代植株减数分裂中期二价染色体的配对现象,但所有的 F_1 代雄性、雌性都不育。他们还指出 RAPD 技术在分析种质渐渗方面有很大的潜力。Pupilli 等^[23]利用原生质融合技术,使四倍体苜蓿和二倍体苜蓿产生体细胞杂交植株。用 RFLP 技术分析其核型组成,结果发现在杂交植株中来自双亲的染色体都存在,但来自二倍体亲本的等位基因发生不完全合并。

4 基因定位

与苜蓿重要农艺性状相关的基因定位还处于起步阶段,育种工作者们只做了初步的研究。Kiss 等^[24]发现苜蓿叶型改变为粘连状的突变体基因位于 6 号连锁群上,在 RFLP 标记 UO533 和 TMS32 两者之间;接种根瘤菌后,形成白色无效根瘤的基因在 7 号连锁群上,与 RAPD 标记 OEP7X 相连锁。除此之外,苜蓿中的周期素 (cyclins) 与蛋白激酶 p34cdc2 和周期素依赖性蛋白激酶有关,后两者是控制细胞分裂的基本调控物质。Savoure^[25]等发现紫花苜蓿的周期素合

成基因在 5 号连锁群上,位于 RFLP 标记 UO89A 和 CG13 之间。Barcaccia 等^[26]发现了一个 AFLP 标记,它与控制苜蓿卵子不完全减数分裂的其中一个基因距离 10.1 cm。此外,育种家已初步发现了苜蓿的一些重要数量性状位点,如与耐铝、抗寒和产量等有关的基因^[18,27]。

5 杂种优势

合理地选择亲本,充分挖掘亲本间的杂交优势潜力对苜蓿新品种的选育具有重要意义。Yu 和 Pauls^[16]指出 RAPD 技术可为杂交育种获得最大杂交优势而合理选择亲本提供大量有效的遗传信息。但是,自交衰退而缺乏纯合基因型和四倍体遗传的复杂性妨碍了苜蓿遗传中杂交优势的利用和近交问题的研究,其中自交衰退表现在四倍体苜蓿^[28]和 CADL 的生活力和育性的强烈减弱上。Bingham 等^[29]指出,紫花苜蓿的近交衰退和杂种优势的表现与显性连锁位点上互补基因的相互作用有关。在近交情况下,这种互补基因的相互作用迅速消失,导致近交衰退;杂种优势的表现是由于最大化连锁失衡和互补基因作用的最大化引起的。与二倍体苜蓿相比,四倍体苜蓿的互补基因作用更强。

6 结语

分子标记技术的兴起和发展有力地推动了苜蓿研究的进程,而同时这项技术本身还处于一个自我完善的过程中,各种标记方法都存在一些弊端需要解决。另一方面,与其它主要农作物相比,由于苜蓿研究得不到应有的重视以及其遗传的复杂性,所以明显滞后。目前以下两方面的工作应得到苜蓿育种者的重视:①四倍体苜蓿连锁图谱的绘制 连锁图谱无论在理论上或实践上都具有十分重要的价值,它使人们对遗传物质的观察进入了一个更深的层次,从而使某些性状的分析更加详实准确,亲本选配更加合理。研究人员应结合新的标记手段,并对苜蓿中现有的遗传标记和二倍体(或四倍体)连锁图谱的研究数据进行整理分析,绘制出一个饱和度较高的四倍体苜蓿连锁图谱。②分子标记辅助育种 分子标记技术目前最有价值的实际应用就是分子标记辅助育种,分子标记使苜蓿育种中的早期选择和预测成为可能,同时一些不易

区分的性状通过分子标记的间接选择可以达到目的。另外,对某些不期望的性状也能够及时地发现和淘汰。但分子标记辅助育种的前提是标记出与苜蓿重要农艺性状紧密连锁的基因,如抗旱、抗涝、抗寒、抗热、抗盐碱、抗病虫、耐践踏等抗性基因。目前,国内已经开始了这方面的研究。

参 考 文 献

- [1] Brummer EC, Kochert G, Bouton JH. RFLP variation in diploid and tetraploid alfalfa[J]. Theoretical Applied Genetics, 1991, 83: 89-96
- [2] Kidwell KK, Austin DF, Osborn TC. RFLP evaluation of nine *Medicago* accesss representing the original germplasm sources for north American alfalfa cultivars[J]. Crop Science, 1994(a), 34: 230-236
- [3] 李拥军, 苏加楷. 苜蓿地方品种遗传多样性的研究——RAPD 标记[J]. 草地学报, 1998, 2(6): 106-113
- [4] Barcaccia G, Tavoletti S, Pezzotti M, et al. Fingerprinting of alfalfa meiotic mutants using RAPD markers [J]. Euphytica 1994, 80: 19-25
- [5] Pupilli F, Businelli S, Paolucci F, et al. Extent of RFLP variability in tetraploid populations of alfalfa, *Medicago sativa*[J]. Plant Breeding, 1996, 115: 106-112
- [6] Gjuric R, Smith SR. Identification of cross-pollinated and self-pollinated progeny in alfalfa through RAPD nulliplex loci analysis[J]. Crop Science, 1996, 36(2): 389-393
- [7] Diwan N, Bhagwat AA, Bauchan GR, et al. Simple sequence repeat (SSR) DNA markers in alfalfa and perennial and annual *Medicago* species, Genome[J], 1997, 40: 887-895
- [8] Mengoni A, Rugging C, Vendramin GG, et al. Chloroplast microsatellite variation in tetraploid alfalfa[J]. Plant Breeding, 2000, 119: 509-512
- [9] Yu KF, Pauls KP. Rapid estimation of genetic relatedness among heterogeneous populations of alfalfa by random amplification of bulked genomic DNA samples[J]. Theoretical Applied Genetics, 1993, 86:788-794
- [10] Labombarda P, Pupilli F, Arcioni S. Optional population size for RFLP-assisted cultivar identification in alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. Agronomie, 2000, 20: 233-240
- [11] Brummer EC, Bouton JH, Kochert G. Development of an RFLP map in diploid alfalfa [J]. Theoretical Applied Genetics, 1993, 86:329-332
- [12] Echt CS, Kidwell KK, Knapp SJ, Osborn TC. Linkage mapping in diploid alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. Genome, 1993, 37: 61-71
- [13] Kiss BG, Csandadi G, Kalmam K, et al. Construction of a basic genetic map for alfalfa using RFLP, RAPD, isozyme and morphological markers[J]. Molecular and general genetics, 1993, 238:129-137
- [14] Tavoletti S, Veronesi F, Osborn TC. RFLP linkage map of an alfalfa meiotic mutant based on an F₁ population[J]. Journal of Heredity. 1996, 87: 167-170
- [15] Kalo P, Endre G, Zimany L, et al. Construction of an improved linkage map of diploid alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. Theoretical Applied Genetics, 2000, 100:641-657
- [16] Yu KF, Pauls KP. Segregation of random amplified polymorphic DNA markers and strategies for molecular mapping in tetraploid alfalfa[J]. Genome. 1993,36(5): 844-851
- [17] Wu KK, Burnquist W, Sorrells ME, et al. The detection and estimation of linkage in polyploids using single-dose restriction fragments[J]. Theoretical Applied Genetics, 1992, 83:294-300
- [18] Brouwer DJ, Osborn TC. A molecular marker linkage map of tetraploid alfalfa (*Medicago sativa* L.) [J]. Theoretical Applied Genetics, 1999, 99: 1194-1200
- [19] Diwan N, Bouton JH, Kochert G, et al. Mapping of simple sequence repeat (SSR) DNA markers in diploid and tetraploid alfalfa[J]. Theoretical Applied Genetics, 2000, 101: 165-172
- [20] McCoy TJ, Bingham ET. Cytology and cytogenetics of alfalfa [A]. Hanson AA, Barnes DK. Alfalfa and alfalfa improvement[C]. Madison, Wisconsin, USA; Agronomy Monograph No. 29, ASACSSA-SSSA, 1998, 737-776
- [21] Campbell TA. Molecular analysis of genetic variation among alfalfa (*Medicago sativa* L.) and *Medicago ruthenica* clones [J]. Canadian Journal of Plant Science, 2000, 80: 773-779
- [22] McCoy TJ, Echt CS. Potential of trispecies bridge crosses and random amplified polymorphic DNA markers for introgression of *Medicago daghestanica* and *M. pironae* germplasm into alfalfa (*M. sativa*) [J]. Genome, 1993, 36: 594-601
- [23] Pupilli F, Businelli S, Caceres ME, et al. Molecular, cytological and morpho-agronomical characterization of hexaploid somatic hybrids in *Medicago* [J]. Theoretical Applied Genetics, 1995, 90:347-355
- [24] Kiss GB, Kalo P, Felfoili K, et al. Genetic linkage map of alfalfa (*Medicago sativa* L.) and its use to map seed protein genes as well as genes involved in leaf morphogenesis and symbiotic nitrogen fixation[J]. Biological fixation of nitrogen for ecology and sustainable agriculture. 1997, 279-283
- [25] Savoure A, Feher A, Kalo P, et al. Isolation of a full-length mitotic cyclin cDNA clone CycIIIMs from *Medicago sativa*; chromosomal mapping and expression[J]. Plant Molecular Biology, 1995, 27:1059-1070
- [26] Barcaccia G, Tavoletti S, Mazzucato A, et al. "Mapping of amplified fragment length polymorphisms linked to apomeiosis in *Medicago* spp. and parthenogenesis in *Poa pratensis* L. by bulked segregant analysis Proc. of the 21st Meeting of the Fodder Crops and Amenity Grasses Section of Eucarpia Kartause" [C]. Ittingen, Switzerland, 1998, 9-12/9/1997: 149-153
- [27] Shah MM, Luth D, Brummer EC, et al. "Molecular mapping of QTLs for yield heterosis in tetraploid alfalfa" [C]. Proc. VII Plant and Animal Genome Conference. 17-21 January

1999. Sherago International, NY. 1999
- [28] El-Nahrawy MA, Bingham ET. Performance of S1 alfalfa lines from original and improved populations [J]. Crop Science, 1989, 29:920-923
- [29] Bingham ET, Groose RW, Woodfield DR, et al. Complementary gene interactions in alfalfa are greater in autotetraploids than diploids [J]. Crop Science, 1994, 34: 823-829
- [30] Barker RE, Warnke SE. Molecular Breeding of Forage Crops [M]. Printed in the Netherlands; Kluwer Academic Publishers. 2001. 135-148
- [31] 桂枝, 袁庆华等. RAPD 标记及其在牧草研究中的应用 [J]. 草业科学, 2001(18), 2: 50-56

Application of DNA Molecular Markers in Alfalfa (*Medicago Sativa L.*) Research

YANG Qing-chuan¹, LIU Zhi-peng², HU Tian-ming², HU Xiao-yan²

(1. Institute of Animal Science, CAAS, Beijing 100094, China; 2. Animal Science and Technology College, Northwest Science and Technology University Of Agriculture and Forestry, Yangling Shanxi 712100, China)

Abstract: This paper summarizes the research progress of applying DNA molecular markers to alfalfa research (*Medicago sativa L.*), including germplasm characterization, construction of linkage map, germplasm introgression, gene localization and heterosis.

Key words: molecular markers; alfalfa; forage

【“十五”科技攻关成果】

丰花 1 号

丰花 1 号是山东农业大学花生研究所以蓬莱一窝猴作母本, 海花 1 号作父本杂交, F_1 种子经 $^{60}\text{Co}\gamma$ 射线 174 Gy 辐射选育而成。2001 年通过山东省农作物品种审定委员会审定。

该品种属连续开花型, 单株分枝 9 条, 主茎高 46cm, 侧枝长 48cm, 株型直立紧凑。叶片倒卵形, 叶形较小, 叶色深绿, 叶片较厚。荚果普通型。百果重 240 克。百仁重 102 克, 果壳薄, 出米率 72.6%。种子休眠期长, 收获期不发芽。开花早、开花集中, 花量大, 结果性能好, 结果集中, 双仁果率 90% 以上, 单株结果数 20-36 个, 荚果整齐。经济系数 0.48。中熟品种, 春播生育期 133 天左右, 夏直播地膜栽培生育期 110 天。麦行套种生育期 125-130 天。比鲁花 11 早熟 3-5 天。该品种具有如下特点: 产量潜力高, 增产幅度大。该品种耐肥水, 耐密植, 地上生长与地下生长协调, 特别抗倒伏。最大叶面积系数可达 7 以上, 全生育期平均 3.72, 后期保叶性能好, 收获期叶面积系数可保持 3 以上。光合能力强, 结果性能好, 大田常规密度栽培, 单墩结果数量最高达到 110 个。1 千克果数 450-550。高产潜力 667 m^2 产 700 千克以上, 高产示范田 667 m^2 产达到 662 千克, 在日照(夏直播)、滕州(麦套)、宁阳(春播)、泰安(春播)等 9 个点次的品比试验中比鲁花 11 增产 15.75%。在 1998 至 1999 年山东省花生新品种区域试验中, 22 个点次平均比对照品种鲁花 11 增产 12.9%, 居大花生组第一位。在 2000 年山东省花生新品种生产试验中, 比鲁花 11 增产 16.8%, 居第一位。该品种抗病性强, 适应性广, 高抗叶斑病和锈病, 后期叶片不早衰, 落叶晚, 保持青枝绿叶成熟。耐重茬性能好。抗旱、耐瘠、耐肥、耐涝。对缺铁、缺锌反应不敏感, 耐盐碱。收获期一般不烂果。根系和根瘤发达。适宜高肥地、丘陵旱地、瘠薄地、微碱地栽培。适宜春播和夏播盖膜、麦田套种等多种种植方式, 尤其适合高产栽培。质地香脆, 有甜味, 口感好, 耐贮藏。

经农业部油料及制品质量检测中心分析, 丰花 1 号籽仁粗蛋白含量 28.46%, 粗脂肪含量 51.09%, 油酸、亚油酸比率 1.6。经中华人民共和国山东进出口商品检验局检验, 丰花 1 号果型属传统出口大花生。规格可加工 7/9 出口花生果, 并可加工 24/28 出口花生仁, 符合目前大花生果、仁出口要求。品质符合出口各项指标。通过加工试验, 果适合制烤果, 仁适合炸制、煮制、脱皮花生制品的加工。适宜在黄淮海地区及长江流域大花生区推广。适宜高肥地、丘陵旱地、瘠薄地、微碱地栽培。适宜春播和夏直播盖膜、麦田套种等多种种植方式。尤其适合高产栽培。

(摘自“十五”国家科技攻关成果《农作物后补助新品种》)