

黄淮海地区大豆耐铝性状的全基因组关联分析与遗传标记筛选

周芯雨^{1a}, 周琪琪^{1a}, 王培², 张思语^{1b}, 锁孝儒^{1a}, 王大刚³, 向仕华^{4,①}, 何庆元^{1b,1c,①}

(1. 安徽科技学院: a. 农学院, b. 生物医学与健康学院, c. 安徽省饲草生物育种国际合作研究中心, 安徽 滁州 233100;

2. 宿州市农业科学院, 安徽 宿州 234000; 3. 安徽省农业科学研究所作物研究所, 安徽 合肥 230001;

4. 自贡市农业科学研究院, 四川 自贡 643030)

摘要: 为系统评价黄淮海地区大豆 [*Glycine max* (Linn.) Merr.] 耐铝特性, 发掘耐铝优异等位变异, 以黄淮海地区 137 个大豆品种 (品系) 为研究对象, 采用水培铝胁迫体系, 基于主根相对伸长率进行 2 年耐铝表型鉴定, 并采用 135 个 SSR 标记在 GLM 和 MLM 双模型中进行耐铝性状的全基因组关联分析。结果表明: 筛选出 7 个高耐铝品种 (品系), 其中丰源 5 号 (Fengyuan5) 2 年均表现为高耐铝。共定位到覆盖 15 条染色体的 25 个显著关联 SSR 标记, Satt153、Sat_175 和 Sct_199 在双模型和跨年度验证中表现稳定, 其中, Satt153 贡献率最高且具有 3 个等位变异。综合分析认为, 丰源 5 号可用于耐铝大豆新种质创制, Satt153¹ 可用于分子标记辅助育种。

关键词: 大豆; 耐铝性状; 全基因组关联分析; SSR 标记

中图分类号: Q948.113; S565.1 文献标志码: A 文章编号: 1674-7895(2026)02-0108-04

DOI: 10.3969/j.issn.1674-7895.2026.02.12

Genome-wide association study and genetic markers screening for aluminum-tolerance traits of soybeans in Huang-Huai-Hai region of China ZHOU Xinyu^{1a}, ZHOU Qiqi^{1a}, WANG Pei², ZHANG Siyu^{1b}, SUO Xiaoru^{1a}, WANG Dagang³, XIANG Shihua^{4,①}, HE Qingyuan^{1b,1c,①} (1. Anhui University of Science and Technology; a. College of Agriculture, b. College of Biomedical Sciences and Health, c. International Cooperation Research Center for Forage Crop Breeding, Chuzhou 233100, China; 2. Suzhou Academy of Agricultural Sciences, Suzhou 234000, China; 3. Crop Research Institute, Anhui Academy of Agricultural Sciences, Hefei 230001, China; 4. Zigong Academy of Agricultural Sciences, Zigong 643030, China), *J. Plant Resour. & Environ.*, 2026, 35(2): 108–111

Abstract: To systematically evaluate the aluminum-tolerance characteristics of soybeans [*Glycine max* (Linn.) Merr.] in Huang-Huai-Hai region of China and identify their outstanding aluminum-tolerance allelic variations, 137 cultivars (lines) of soybeans in Huang-Huai-Hai region were taken as research objects, phenotypic identification of aluminum-tolerance was conducted over two years by using a hydroponic aluminum stress system, based on relative taproot elongation rate, and a genome-wide association study for aluminum-tolerance traits was performed by using both GLM and MLM models combined with 135 SSR markers. The results show that seven highly aluminum-tolerance cultivars (lines) are identified, among which, Fengyuan5 consistently exhibits high aluminum tolerance over both years. A total of 25 significantly associated SSR markers distributed across 15 chromosomes are identified, and Satt153, Sat_175, and Sct_199 are stably detected in both models and cross-year validation, among which, Satt153 has the highest contribution rate and possesses three allelic variations. The comprehensive analysis indicates that Fengyuan5 can be used for developing novel aluminum-tolerance soybean germplasm, and Satt153¹ can be used for molecular marker-assisted breeding.

Key words: soybean; aluminum-tolerance trait; genome-wide association study; SSR marker

黄淮海地区是中国第二大优质大豆 [*Glycine max* (Linn.) Merr.] 主产区, 年均大豆种植面积约 2.3×10^6 hm², 产量占全国总产量的 30%^[1]。然而, 近年来该地区的土壤有酸化趋势, 局部地区土壤酸碱度已降至 pH 5.5 以下^[1]。当土壤酸碱度低于临界值 pH 5.5 时, 铝矿物晶格破裂释放高毒性物质; 当土壤酸

碱性降至 pH 5.0 或更低时, Al³⁺ 等可溶态活性铝浓度显著增加^[2], 对植物根系产生强烈抑制^[3]。铝毒抑制效应主要通过直接损伤根系, 干扰钙、磷等吸收, 诱发根尖氧化损伤, 抑制根瘤形成与固氮作用, 最终导致植株矮化、生物量降低及籽粒减产^[4]。因此, 酸化诱导的 Al³⁺ 毒性是限制大豆丰产的重要因

收稿日期: 2025-07-09

基金项目: 四川省科技计划项目 (2023YFN0083); 安徽省教育厅重大项目 (2023AH040279); 国家大豆产业技术体系项目 (CARS-04); 安徽省现代农业产业技术体系建设专项资金 (皖农科函 [2025] 468 号); 大学生创新课题项目 (202310879093)

作者简介: 周芯雨 (2001—), 女, 江苏常州人, 硕士研究生, 主要从事大豆转基因方面的研究。

① 通信作者 E-mail: zgxiangshihua@163.com; heqingyuan1@163.com

引用格式: 周芯雨, 周琪琪, 王培, 等. 黄淮海地区大豆耐铝性状的全基因组关联分析与遗传标记筛选 [J]. 植物资源与环境学报, 2026, 35(2): 108–111.

子^[5],系统发掘耐铝大豆种质资源并解析其遗传调控规律,对突破酸性土壤障碍、实现大豆抗逆育种具有重要价值。

大豆耐铝性状为典型数量性状,其遗传机制较为复杂^[6]。前期研究通过全基因组关联分析(GWAS)和双亲数量性状基因位点(QTL)定位作图策略进行了广泛探索,分别定位到11和18个耐铝相关位点^[7-9];并初步验证了*GmGSTU9*、*GmPrx145*、*GmSTO1*和*GmMATE*基因的耐铝功能^[10-13]。

当前,针对黄淮海地区大豆种质资源的系统性耐铝评价仍较缺乏,需加大耐铝种质资源筛选、优异等位变异发掘等基础性工作。因此,基于前期构建的黄淮海地区137个大豆品种(品系)的关联分析群体,采用水培铝胁迫体系,以主根相对伸长率为核心表型指标^[14],开展耐铝种质资源筛选与遗传定位,为下一步深入解析大豆耐铝分子调控网络奠定基础。

1 材料和方法

1.1 材料

选取安徽、河北、河南、山东、北京、江苏各地科研育种单位选育的137个大豆品种(品系)为材料。其中,国审、省审品种48个,品系89个,具体名称见附录I。

1.2 方法

1.2.1 主根相对伸长率测定 分别于2021年和2022年的夏季选取籽粒饱满的种子,经体积分数1%NaClO消毒后播种于蛭石中,25℃暗培养3d;待种子萌发且胚根伸长至1~2cm,于1/2 Hoagland营养液(pH 5.0)中培养24h(温度25℃、光照度2500 lx、光照时间14 h·d⁻¹);随机分为2组,分别置于1/2 Hoagland营养液(对照组)和含0.65 mmol·L⁻¹ AlCl₃的1/2 Hoagland营养液(处理组)中培养。分别在处理0和48 h测量根基部到根尖的长度,计算主根相对伸长率^[8]。实验采用随机区组设计,共3次重复。每个处理测量5株,结果取平均值。主根相对伸长率大于或等于140%为高耐铝,即根系在铝胁迫下保持超常伸长能力。实验数据经EXCEL 2016整理后,采用SAS 9.2软件进行描述性统计和方差分析。

1.2.2 标记分型 取137个大豆品种(品系)三叶期植株顶端完全发育的三出复叶,采用改良CTAB法^[15]提取基因组DNA,选用基本均匀覆盖大豆20条染色体的135对多态性SSR标记进行全基因组分析。PCR反应体系总体积10.0 μL,包含25~40 ng·μL⁻¹基因组DNA 1.0 μL、2×Taq PCR Master Mix 5.0 μL、10 μmol·L⁻¹上游和下游引物各0.5 μL、ddH₂O 3.0 μL。扩增程序:95℃预变性4 min;94℃变性45 s、55~58℃退火45 s、72℃延伸1 min,共30~35个循环;72℃终延伸10 min。PCR产物经质量体积分数8%聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后,银染法^[16]显色,人工读带进行基因分型。

1.2.3 关联分析 采用Tassel 2.1软件中的GLM和MLM模型进行关联分析。GLM以刘丽等^[17]分析的群体结构作为固定效应协变量,MLM以整合群体结构和亲缘关系矩阵作为随

机效应,将P等于0.05设定为显著性阈值,分别对供试大豆的耐铝表型数据与135对SSR标记进行关联分析,根据表型变异解释率筛选显著关联位点,映射到Song等^[18]的共同图谱进行共定位验证分析。

2 结果和分析

2.1 大豆耐铝表型分析

结果(图1)显示:主根相对伸长率在供试大豆中表现为典型的连续变异特征,符合数量性状遗传特点。2年主根相对伸长率均近似正态分布,但存在差异。2021年的主根相对伸长率主要为50%~100%,2022年的主根相对伸长率则更集中(70%~90%)。总体约70%大豆品种(品系)主根相对伸长率在80%~120%,高耐铝品种(品系)不足5%。2021年筛选到科豆10号(Kedou10)、丰源5号(Fengyuan5)、『皖豆38』(『Wandou38』)、『邯豆11』(『Handou11』)共4个高耐铝品种(品系),2022年筛选到丰源5号、『圣育23』(『Shengyu23』)、濰科53(Suike53)、皖豆22337(Wandou22337)共4个高耐铝品种(品系)。综合2年结果,共筛选出高耐铝品种(品系)7个,其中丰源5号2年均表现出高耐铝特性,适用于耐铝大豆新种质的创制和挖掘。

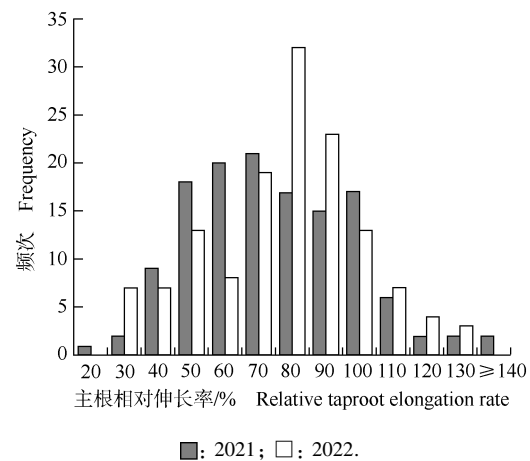


图1 铝胁迫下2021年和2022年大豆主根相对伸长率的频次分布
Fig. 1 Frequency distribution of relative taproot elongation rate of soybeans under aluminum stress in 2021 and 2022

2.2 大豆耐铝性的全基因组关联分析

采用GLM和MLM模型对大豆耐铝性进行全基因组关联分析,分别检测到25和21个与耐铝相关的显著SSR标记,定位于15条染色体。其中,GLM模型在2021和2022年分别检测到17和10个标记;MLM模型分别检测到14和9个标记。通过进一步对比分析,共鉴定出3个稳定且显著的大豆耐铝关联标记,其中,10号染色体上的Satt153表现最为突出,是唯一能在2年均被2种模型检测到的标记,具有较高的贡献率

(表1)。此外,在排除原始数据缺失率小于5%的位点及未达到显著性阈值的等位变异关联后,仅在 Satt153 位点发现与耐铝性显著关联的优异等位变异。

2.3 优异等位变异分析

Satt153 标记有3种不同等位变异,对大豆耐铝表型变异的平均贡献率为5.19%。由图2可见:携带 Satt153^I 等位变异的大豆具有较高的主根相对伸长率,2021 和 2022 年均值分别达83%和92%,表明 Satt153^I 等位变异与大豆耐铝性状正相关;携带 Satt153^{II} 等位变异的大豆最多,2 年主根相对伸长率均值分别为81%和87%。而携带 Satt153^{III} 等位变异大豆的主根相对伸长率最低,2 年均值分别为80%和71%。因此, Satt153^I 等位变异在耐铝性方面具有明显优势,具备用于分子标记辅助育种的潜力。

表1 大豆中3个稳定且显著的耐铝关联标记¹⁾

Table 1 Three stable and significant aluminum-tolerance associated markers in soybeans¹⁾

标记 Marker	染色体编号 Chromosome No.	遗传位置/cM Genetic position	2021 年贡献率/% Contribution rate in 2021		2022 年贡献率/% Contribution rate in 2022	
			G	M	G	M
Satt153	10	118.14	4.34 *	3.00 *	3.33 *	3.26 *
Sat_175	12	83.19	3.77 *	—	3.20 *	3.12 *
Sct_199	18	94.40	—	2.88	3.03 *	2.91

¹⁾ G: GLM 模型 GLM model; M: MLM 模型 MLM model. *: $P < 0.05$; —: 无数据 No datum.

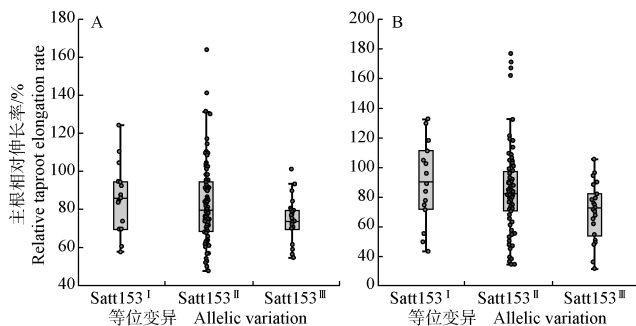


图2 2021年(A)和2022年(B)携带 Satt153 标记不同等位变异的大豆在铝胁迫下的主根相对伸长率

Fig. 2 Relative taproot elongation rate of soybeans with Satt153 marker including different allelic variations under aluminum stress in 2021 (A) and 2022 (B)

3 讨论

本研究通过测定主根相对伸长率系统评价黄淮海地区137 个大豆品种(品系),成功鉴定出7 个高耐铝品种(品系),尤其是连续2 年稳定的高耐铝大豆丰源5 号,适用于耐铝大豆新种质的创制。2 年关联分析鉴定到25 个与耐铝相关的标记,其中, Sat_247 与 Korir 等^[19]的定位结果区域一致,其余24

个关联定位到的区域虽未见双亲 QTL 和关联定位一致的结果报道,但 Zhou 等^[20]铝胁迫响应下转录组和代谢组分析表明在这25 个区域附近都存在差异表达基因。上述结果存在差异可能归因于不同研究使用的材料存在遗传差异,也反映出当前铝胁迫相关定位研究仍不充分。本研究在2 年重复实验和2 种模型下均稳定检测到3 个关联位点,在其上、下游5 Mb 区间内存在与铝胁迫响应相关的候选基因:在 Satt153 位点区域内与耐铝相关关键基因有 *Glyma.10G176500/170MT*^[21]、*Glyma.10G192900/GSTU42*^[22] 和 *Glyma.10G267300*^[13];在 Sat_175 位点区域内存在 *Glyma.12G237400/DTX42*^[23] 耐铝基因;在 Sct_199 位点区域内鉴定出 *Glyma.18G268100/PMAT1*^[24] 和 *Glyma.18G260700/CML46*^[25] 2 个耐铝基因。这些基因在功能上协同参与大豆耐铝毒性的多重防御机制,共同缓解铝胁迫对植物的毒害作用。

参考文献:

- [1] 王光勇. 黄淮海地区优质大豆高产配套栽培技术[J]. 农家科技, 2022(6): 27-28.
- [2] 刘鹏, 应小芳, 徐根娣. 大豆对铝毒抗逆性的研究[J]. 农业环境科学学报, 2004, 23(4): 649-652.
- [3] DELHAIZE E, RYAN P R. Aluminum toxicity and tolerance in plants[J]. Plant Physiology, 1995, 107: 315-321.
- [4] KOCHIAN L V, PIÑEROS M A, HOEKENGA O A. The physiology, genetics and molecular biology of plant aluminum resistance and toxicity[J]. Plant and Soil, 2005, 274: 175-195.
- [5] LAZOF D B, GOLDSMITH J G, RUFTY T W, et al. Rapid uptake of aluminum into cells of intact soybean root tips: a microanalytical study using secondary ion mass spectrometry[J]. Plant Physiology, 1994, 106: 1107-1114.
- [6] ABDEL-HALEEM H, CARTER T E, Jr, RUFTY T W, et al. Quantitative trait loci controlling aluminum tolerance in soybean: candidate gene and single nucleotide polymorphism marker discovery[J]. Molecular Breeding, 2014, 33: 851-862.
- [7] KORIR P C, ZHANG J, WU K J, et al. Association mapping combined with linkage analysis for aluminum tolerance among soybean cultivars released in Yellow and Changjiang River Valleys in China[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126: 1659-1675.
- [8] 向仕华, 杨豪, 杨红燕, 等. 川渝大豆耐酸铝抗性的鉴定和全基因组关联分析[J]. 中国油料作物学报, 2022, 44(5): 981-988.
- [9] QI B, KORIR P, ZHAO T J, et al. Mapping quantitative trait loci associated with aluminum toxin tolerance in NJRIKY recombinant inbred line population of soybean (*Glycine max*) [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2008, 50(9): 1089-1095.
- [10] 蔡占东. 大豆耐低磷和铝胁迫相关性状 QTL 定位及候选基因鉴定[D]. 广州: 华南农业大学, 2020: 85-88.
- [11] 丛亚辉, 王婷婷, 柳聚阁, 等. 大豆耐铝毒候选基因 *GmSTOP1* 的克隆与表达分析[J]. 作物学报, 2015, 41(12): 1802-1809.

- [12] 吴炜炜. *GmSTOPIs* 基因家族在大豆适应低磷和酸铝胁迫中的功能研究[D]. 广州: 华南农业大学, 2020: 30-32.
- [13] WANG Z B, LI Y Q, CHEN W M, et al. Characterization of GmMATE13 in its contribution of citrate efflux and aluminum resistance in soybeans [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2022, 13: 1027560.
- [14] 刘莹, 盖钧镒. 大豆耐铝毒的鉴定和相关根系性状的遗传分析[J]. *大豆科学*, 2004, 23(3): 164-168.
- [15] 刘国梅, 郭淑慧, 孙璇, 等. 改良 CTAB 法提取不同作物总 RNA 技术研究[J]. *中国农学通报*, 2024, 40(11): 28-35.
- [16] 苏代群, 孙中华. 聚丙烯酰胺凝胶电泳银染方法的改进[J]. *种子世界*, 2011(11): 22-23.
- [17] 刘丽, 王培, 王传之, 等. 基于 SSR 标记黄淮海地区夏大豆区域试验参试品系遗传多样性及粒形性状关联位点分析[J]. *江苏农业学报*, 2024, 40(5): 785-795.
- [18] SONG Q J, MAREK L F, SHOEMAKER R C, et al. A new integrated genetic linkage map of the soybean [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109: 122-128.
- [19] KORIR P C, QI B, WANG Y F, et al. A study on relative importance of additive, epistasis and unmapped QTL for aluminum tolerance at seedling stage in soybean [J]. *Plant Breeding*, 2011, 130: 551-562.
- [20] ZHOU H W, WU L H, WANG R K, et al. Integrated transcriptome and metabolome analysis reveals the response mechanisms of soybean to aluminum toxicity [J]. *Plant and Soil*, 2025, 512: 1385-1403.
- [21] NG M S, KU Y S, YUNG W S, et al. MATE-type proteins are responsible for isoflavone transportation and accumulation in soybean seeds [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2021, 22: 12017.
- [22] ZHANG H, WANG L L, LI L Z, et al. Overexpression of *SiGSTU24* enhances salt tolerance in transgenic *Arabidopsis* [J]. *BMC Plant Biology*, 2025, 25: 986.
- [23] LIU J P, MAGALHAES J V, SHAFF J, et al. Aluminum-activated citrate and malate transporters from the MATE and ALMT families function independently to confer *Arabidopsis* aluminum tolerance [J]. *The Plant Journal*, 2009, 57: 389-399.
- [24] LUO J, NISHIYAMA Y, FUELL C, et al. Convergent evolution in the BAHD family of acyl transferases: identification and characterization of anthocyanin acyl transferases from *Arabidopsis thaliana* [J]. *The Plant Journal*, 2007, 50: 678-695.
- [25] ZHU X, WANG P, BAI Z M, et al. Calmodulin-like protein CML24 interacts with CAMTA2 and WRKY46 to regulate *ALMT1*-dependent Al resistance in *Arabidopsis thaliana* [J]. *New Phytologist*, 2022, 233: 2471-2487.

(责任编辑: 吴芯夷)

附录 I Appendix I

品种

‘德纯豆 9 号’ ‘Dechundou9’; ‘泛豆 9 号’ ‘Fandou9’; ‘阜豆 123’ ‘Fudou123’; ‘阜豆 163’ ‘Fudou163’; ‘阜豆 169’ ‘Fudou169’; ‘邯豆 11’ ‘Handou11’; ‘荷豆 33 号’ ‘Hedou33’; ‘华豆 8 号’ ‘Huadou8’; ‘华豆 9 号’ ‘Huadou9’; ‘华豆 14’ ‘Huadou14’; ‘华豆 15’ ‘Huadou15’; ‘华豆 16’ ‘Huadou16’; ‘华豆 20’ ‘Huadou20’; ‘嘉豆 4 号’ ‘Jiadou4’; ‘嘉豆 64’ ‘Jiadou64’; ‘科豆 4 号’ ‘Kedou4’; ‘科豆 7 号’ ‘Kedou7’; ‘临豆 11’ ‘Lindou11’; ‘蒙 0990’ ‘Meng0990’; ‘濮豆 820’ ‘Pudou820’; ‘山宁 23’ ‘Shanning23’; ‘圣豆 4 号’ ‘Shengdou4’; ‘圣豆 16’ ‘Shengdou16’; ‘圣豆 17’ ‘Shengdou17’; ‘圣豆 29’ ‘Shengdou29’; ‘圣育 19’ ‘Shengyu19’; ‘圣育 23’ ‘Shengyu23’; ‘苏豆 13’ ‘Sudou13’; ‘宿豆 029’ ‘Sudou029’; ‘宿豆 051’ ‘Sudou051’; ‘宿豆 182’ ‘Sudou182’; ‘皖豆 38’ ‘Wandou38’; ‘皖豆 52’ ‘Wandou52’; ‘皖豆 60’ ‘Wandou60’; ‘皖豆 21551’ ‘Wandou21551’; ‘皖豆 22467’ ‘Wandou22467’; ‘皖黄 506’ ‘Wanhuang506’; ‘皖宿 061’ ‘Wansu061’; ‘皖宿 1019’ ‘Wansu1019’; ‘渦豆 8 号’ ‘Wodou8’; ‘渦豆 10 号’ ‘Wodou10’; ‘永民 4 号’ ‘Yongmin4’; ‘永民 5 号’ ‘Yongmin5’; ‘中黄 13’ ‘Zhonghuang13’; ‘中黄 319’ ‘Zhonghuang319’; ‘中黄 320’ ‘Zhonghuang320’; ‘中渦豆 1 号’ ‘Zhongwodou1’; ‘驻豆 26’ ‘Zhudou26’

品系

道秋 26 Daoqiu26; 道秋 27 Daoqiu27; 道秋 28 Daoqiu28; 东豆 60 号 Dongdou60; 丰源 5 号 Fengyuan5; 阜 159 Fu159; 阜 1006 Fu1006; 阜 1518 Fu1518; 阜 HD01 FuHD01; 阜 Y31 FuY31; 阜 Y120 FuY120; 阜豆 216 Fudou216; 阜豆 0501 Fudou0501; 阜豆 1611 Fudou1611; 阜豆 1628 Fudou1628; 阜豆 1701 Fudou1701; 阜豆 1750 Fudou1750; 阜豆 17100 Fudou17100; 阜豆 17187 Fudou17187; 阜豆 17430 Fudou17430; 谷神豆 1 号 Gushendou1; 荷育 19 Heyu19; 荷育 20 Heyu20; 荷育 21 Heyu21; 华豆 25 Huadou25; 华豆 34 Huadou34; 华成豆 2 号 Huachengdou2; 华成豆 9 号 Huachengdou9; 淮科豆 1519 Huaikedou1519; 嘉豆 65 Jiadou65; 嘉豆 66 Jiadou66; 佳黄 2 号 Jiahuang2; 金豆 178 Jindou178; 科豆 10 号 Kedou10; 科豆 12 号 Kedou12; 科豆 30 号 Kedou30; 科龙 1171 Kelong1171; 科龙 1701 Kelong1701; 科龙 8039 Kelong8039; 柳豆 106 Liudou106; 柳豆 107 Liudou107; 柳豆 112 Liudou112; 柳豆 113 Liudou113; 柳豆 114 Liudou114; 柳豆 115 Liudou115; 柳豆 116 Liudou116; 蒙 0716 Meng0716; 蒙 0811 Meng0811; 南农 1609 Nannong1609; 南农 G173 NannongG173; 南农 G175 NannongG175; 商豆 182 Shangdou182; 圣豆 6 号 Shengdou6; 圣育 2 号 Shengyu2; 圣育 20 Shengyu20; 圣育 22 Shengyu22; 宿豆 159 Sudou159; 濉科 52 Suike52; 濉科 53 Suike53; 濉科 54 Suike54; 太丰 8 号 Taifeng8; 皖豆 59 Wandou59; 皖豆 908 Wandou908; 皖豆 0544 Wandou0544; 皖豆 0954 Wandou0954; 皖豆 3777 Wandou3777; 皖豆 21590 Wandou21590; 皖豆 22337 Wandou22337; 皖豆 2526 Wandou2526; 皖豆 2720 Wandou2720; 皖垦豆 1413 Wankendou1413; 皖宿 015 Wansu015; 皖宿 137 Wansu137; 皖宿 207 Wansu207; 祥丰 68 Xiangdou68; 祥丰 2 号 Xiangfeng2; 喜豆 19 Xidou19; 鑫豆 29 Xindou29; 旭豆 20 Xudou20; 永民 3 号 Yongmin3; 永民 16 Yongmin16; 永民 36 Yongmin36; 杂优豆 5 号 Zayoudou5; 中黄 329 Zhonghuang329; 中黄 330 Zhonghuang330; 中渦豆 2 号 Zhongwodou2; 中渦豆 3 号 Zhongwodou3; 中渦豆 5 号 Zhongwodou5; 周豆 28 号 Zhoudu28