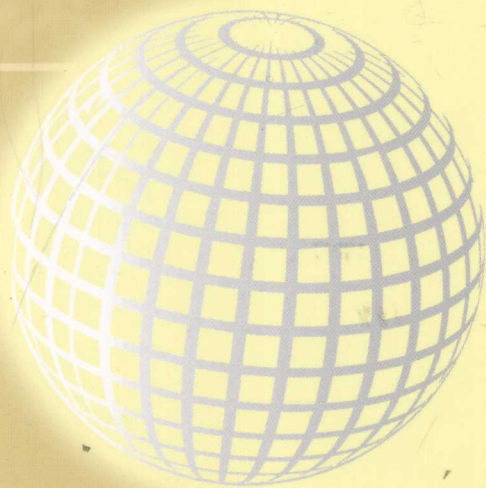


簇毛麦与小麦 染色体工程育种

刘 成 李光蓉 杨足君 著

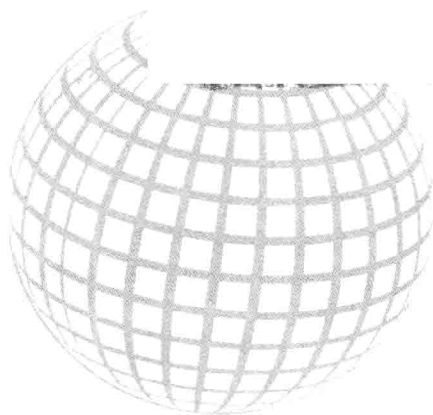


35.3

中国农业科学技术出版社

簇毛麦与小麦 染色体工程育种

刘 成 李光蓉 杨足君 著



中国农业科学技术出版社

图书在版编目(CIP)数据

簇毛麦与小麦染色体工程育种 / 刘成, 李光蓉, 杨足君 著. —北京: 中国农业科学技术出版社, 2013. 6

ISBN 978 - 7 - 5116 - 1280 - 9

I. ①簇… II. ①刘… ②李… ③杨… III. ①麦类作物—染色体工程—育种
IV. ①S512. 035. 3

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2013)第 098696 号

责任编辑 张孝安

责任校对 贾晓红

出 版 者 中国农业科学技术出版社

北京市中关村南大街 12 号 邮编: 100081

电 话 (010) 82109708 (编辑室) (010) 82109704 (发行部)
(010) 82109709 (读者服务部)

传 真 (010) 82106650

网 址 <http://www.castp.cn>

经 销 者 各地新华书店

印 刷 者 北京画中画印刷有限公司

开 本 710 mm × 1000 mm 1/16

印 张 16.5 彩插 8

字 数 300 千字

版 次 2013 年 6 月第 1 版 2013 年 6 月第 1 次印刷

定 价 36.00 元

————— 版权所有 · 翻印必究 —————

内容简介

SUMMARY

本书主要围绕小麦族簇毛麦属物种开展了一系列研究:综合运用分子细胞生物学手段揭示了簇毛麦属物种间的遗传进化关系;获得了簇毛麦属特异重复序列,明确了它们在小麦族中的分布与进化特征,并将其用于新种质鉴定之中;开发了基于簇毛麦基因组的特异基因组标记和单染色体标记;探讨了簇毛麦属物种中包括种子蛋白基因在内的多个重要功能基因多样性;创制和鉴定了一套新的小麦—二倍体一年生簇毛麦罗伯逊易位系;培育了一批具有优异抗性的小麦—多年生簇毛麦渐渗系材料,并从中鉴定出抗小麦条锈病、秆锈病和白粉病的附加系,为利用染色体工程方法将簇毛麦属优异基因应用于小麦育种中奠定了基础。

本书可作为从事利用野生资源进行作物遗传改良的专业人员和科研人员的参考书。

前言

PREFACE

小麦作为世界上总产量第二的粮食作物,小麦生产直接关系着国民经济及粮食安全问题。小麦育种的三大目标分别是抗病、高产、优质。其中,抗病性直接关系到高产和优质潜力的发挥,因此,在小麦育种中抗病育种通常在世界主要小麦产区被认为是首要目标之一。根据中华人民共和国农业部 2011 年 2 月 18 日发布的统计结果显示,仅 2010 年一年,我国约有 4 000 万亩*小麦高感小麦条锈病,约有 1.2 亿亩小麦高感小麦白粉病,导致小麦大面积减产,造成直接经济损失达上亿元人民币。如同其他大多数作物一样,小麦在现代农业体系下,其遗传多样性丢失极为严重,限制了小麦产量的大幅度提高和品质的进一步改良。小麦野生近缘物种基因组中含有小麦育种所需要的抗病、高产和优质基因,是小麦遗传改良的巨大基因库。因此,为提高小麦的遗传多样性,丰富小麦育种的遗传基础,迫切需要向栽培小麦导入外源优异基因。

簇毛麦属(*Dasypyrum* 原作 *Haynaldia*)包括二倍体一年生簇毛麦(*D. villosum*, 染色体组为 VV),二倍体多年生簇毛麦(*D. breviaristatum*, 染色体组为 V^bV^b)和四倍体多年生簇毛麦(*D. breviaristatum*, 染色体组为 $V^bV^bV^bV^b$)。在植物分类上属禾本科(Gramineae)小麦族(Triticeae)的小麦亚族(Triticinae),是小麦的野生近缘种,具有抗白粉病、叶锈病和秆锈病、全蚀病,分蘖力强、小穗数多、耐旱耐寒、耐盐和蛋白质含量高许多栽培小麦所需要的优良性状,是小麦育种的重要遗传资源。因而开展对该属物种优异基因的发掘,对遗传改良小麦具有重要意义。基于多年从事多年生簇毛麦这一珍贵野生资源在小麦遗传育种中的利用研究,我们将取得的

* 注:1 亩 $\approx 667\text{m}^2$,15 亩 $=1\text{hm}^2$,全书同

一些结果进行总结而编著了这本书。出版这本书的目的旨在对从事野生资源在小麦育种中利用的同行们能有所启发与帮助。

本书共分七章,第一章、第四章由刘成撰写,第五章由刘成和杨足君合作撰写,第二章、第七章由杨足君撰写,第三章、第六章由李光蓉撰写。第一章介绍了小麦远缘杂交与染色体工程育种;第二章介绍包括形态、进化与种质保护在内的簇毛麦属物种生物学;第三章从多个基因水平对簇毛麦属物种的遗传多样性进行了探讨;第四章介绍了簇毛麦属特异重复序列的克隆、分子标记的建立及应用;第五章介绍了二倍体簇毛麦遗传物质向小麦的导入;第六章介绍了多年生簇毛麦遗传物质向小麦的导入;第七章对今后的研究进行了展望。通过七章内容的介绍,为更好地利用野生资源遗传改良小麦及其他作物提供思路和方法。

本书由国家自然科学基金(31201203,31101143 和 31171542)、中国博士后基金(2011M500146,2013T60850)和中央高校基本科研业务费(ZYGX2011J095)资助,在此表示衷心的感谢。由于本书涉及多学科领域,加之作者水平有限,因此书中难免有不足之处,敬请各位专家、学者、同行批评指正。

刘 成

2012 年 12 月

目 录

CONTENTS

第一章 小麦远缘杂交与染色体工程育种概述	1
第一节 小麦的基因源	4
第二节 小麦外源物种优异基因向小麦的导入方式	5
第三节 小麦外源物种优异基因向小麦的导入现状	11
第四节 小麦背景中外源染色体的检测	28
第二章 簇毛麦属物种生物学	47
第一节 簇毛麦属物种分类、形态与分布	49
第二节 簇毛麦属物种遗传进化关系	49
第三节 簇毛麦属遗传资源保护	65
第三章 簇毛麦属物种的遗传多样性	75
第一节 基因组大小与染色体结构	77
第二节 重要基因序列多样性	79
第四章 簇毛麦属特异重复序列与分子标记	121
第一节 重复序列 H12	126
第二节 着丝粒重复序列 pDbC2	137
第三节 簇毛麦染色体特异分子标记	144

第五章 二倍体簇毛麦遗传物质导入小麦	183
第一节 小麦与二倍体簇毛麦杂交及其双二倍体	185
第二节 小麦一二倍体簇毛麦附加和代换系	187
第三节 小麦一二倍体簇毛麦易位系	188
第四节 二倍体簇毛麦优异基因向小麦的转移	201
第六章 多年生簇毛麦遗传物质导入小麦	225
第一节 小麦一多年生簇毛麦部分双二倍体	227
第二节 小麦一多年生簇毛麦附加系及其抗性向小麦的转移	228
第七章 展望	245

第一章

小麦远缘杂交与染色体工程育种 概述



小麦是世界上最重要的农作物,也是我国仅次于水稻的主要粮食作物,在农业生产中占有举足轻重的地位。从19世纪起,科学工作者就开始对小麦进行遗传学方面研究;20世纪初,小麦细胞遗传学研究有了较大的进展;到20世纪80年代,掀起了小麦染色体工程遗传研究的热潮,并促进了世界小麦育种的发展;20世纪末开始了小麦基因组的分子遗传学研究。进入21世纪后,随着科学技术的快速发展,小麦基因组测序和功能基因组学不断深入,人们对小麦的认识更加全面,正在促成小麦分子改良的重大突破(张正斌,2001)。

远缘杂交指不同种、属或亲缘关系更远的物种间杂交获得杂交后代的方法。远缘杂交是育种的重要手段,是打破种、科甚至是属间的界限的途径,可以使不同物种间的遗传物质进行交流或结合,将两个或多个物种经过长期进化积累起来的有益特性结合起来,再经过染色体组加倍和选择,形成新物种或新品种。由于小麦远缘物种含有小麦育种所需要的抗病、高产和优质基因,因此,通过远缘杂交可以将远缘物种的优异基因导入小麦,为小麦育种服务。染色体工程是指依照人们的预先设计,利用基础研究材料。例如,小麦—远缘物种双二倍体,通过染色体附加、代换和易位等方法改变其染色体组成,进而将含有优异基因的染色体、染色体片段甚至是原位杂交等手段无法检测的染色质导入受体小麦,改变其遗传特性的技术。

通过远缘杂交和染色体工程可以将外源物种中的优异基因导入到小麦中,改良小麦的抗病性、提高小麦产量或改善小麦品质。小麦—黑麦1BL/1RS易位染色体上由于含有白粉病抗性基因 *Pm8* 和条锈病抗性基因 *Yr9*,受到了广大育种工作者的青睐(Ren *et al.*, 2009)。自20世纪80年代,我国由于含黑麦1BL/1RS易位系品种的育成及推广,使得育种工作者们大量使用其作为杂交亲本,导致我国75%左右的小麦品种都含1BL/1RS易位系。长时间的小麦品种间的杂交造成我国小麦品种抗源日趋单一化和遗传变异范围逐渐缩小(Hao *et al.*, 2008),使得小麦群体遗传多样性大大降低。近年来由于新的致病生理小种的产生与流行使得来自1BL/1RS的 *Pm8* 和 *Yr9* 的抗性迅速丧失(Yang *et al.*, 2001; Liu *et al.*, 2002)。如果在生产上使用单一的抗源,其抗性非常容易被新的生理小种“克服”。一旦抗性丧失,将造成病害的大流行,并对小麦生产造成毁灭性打击(何中虎等, 2011)。小麦在现代农业体系下,小麦遗传多样性的严重丢失,使其无法更好地适应生物性和非生物性胁迫,也限制了小麦产量的提高和品质的改良。因此,将包括黑麦、偃麦草、冰草、披碱草、簇毛麦和新麦草等小麦远缘物种中的优异基因导入栽培小麦是提高小麦的遗传多样性,丰富小麦育种的遗传基础的有效手段。

第一节

小麦的基因源

作物的基因源是指系统发育中与作物遗传关系较近、通过遗传操作可以向作物转移基因的植物类群及其基因所编码的遗传信息。研究了解作物的基因源,不仅能通晓作物种质资源的全貌,开阔育种取材的思路,而且有助于正确选择育种途径。小麦的基因源分为三级:凡含 ABD 三个基因组的品种、品系和原始种都是普通小麦的一级基因源,如瓦维洛夫小麦(AABBDD)、马卡小麦(AABBDD)和印度圆粒小麦(AABBDD)等;含 ABD 这三个基因组中一个或两个基因组的物种是普通小麦的二级基因源,如一粒小麦(AA)、提莫菲为小麦(AAGG)和圆柱小麦(AADD)等;小麦族中不含 ABD 这三个基因组的物种是小麦的三级基因源,如四倍体多年生簇毛麦($V^bV^bV^bV^b$)、黑麦(RR)和中间偃麦草(JJSt)等。国内外在利用小麦一级、二级和三级基因源方面都取得了显著成绩。在育种中,一级基因源容易利用,二级基因源较难利用,三级基因源很难利用。为了拓宽小麦的遗传基础,需要努力在二级和三级基因源中发掘和利用新基因(董玉琛,2000)。

小麦族植物包含黑麦属(*Secale*)、簇毛麦属(*Dasypyrum*)、偃麦草属(*Thinopyrum*)、披碱草属(*Elymus*)、赖草属(*Leymus*)、新麦草属(*Psathyrostachys*)和山羊草属(*Aegilops*)等多个属,涵盖 20 多个基本基因组,这些基因组中的二倍体供体通过不同天然杂交组合形成了大量的含有不同基因组组成的多倍体植物,进而形成了大约 70% ~ 75% 的小麦族多倍体物种,见小麦族代表性属间基因组关系示意图 1-1 所示。因此,小麦族种属间的高度可杂交性,使多倍体化现象成为小麦族植物基因组的基本特征之一。这些二倍体和多倍体物种都可看作小麦育种的基因源。因为小麦一级和二级基因源存在至少一个基因组与栽培小麦相同,因而,可以利用常规杂交或杀配子染色体等方式实现其优异基因的转移。虽然已经有大量报道将三级基因源优异基因转移给小麦的报道,但是,同一级、二级基因源比较,三级基因源的利用相对困难。在小麦三级基因源的利用上,获得的小麦—外源物种双二倍体或部分双二倍体、附加系或代换系等往往无法直接用于小麦育种,而需要创制小麦—外源物种染色体小片段抗病易位系才能用于小麦育种,因此,需要综括小麦基因源尤其是通过易位形式将三级基因源优异基因向小麦导入的方法。

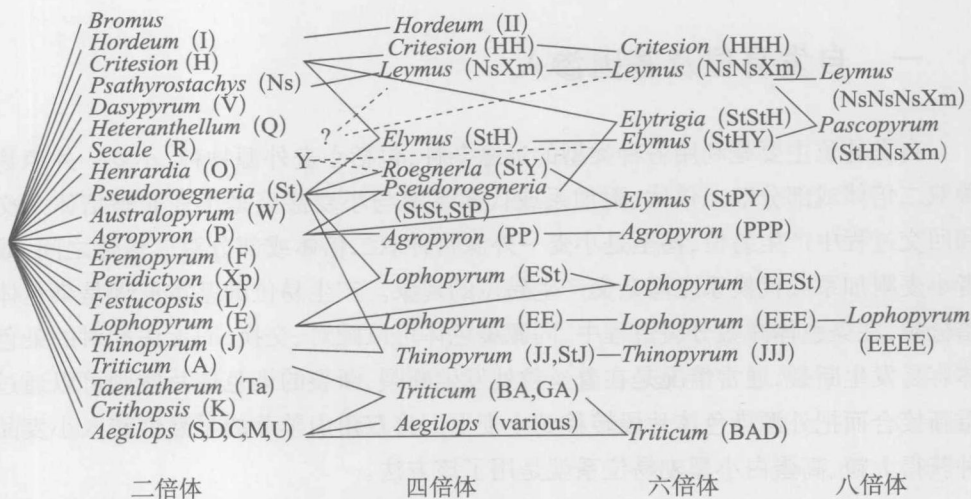


图 1-1 小麦族代表性属间基因组关系示意图

第二节

小麦外源物种优异基因向小麦的导入方式

众所周知,小麦与其外源物种间的染色体易位系在小麦育种上具有较高的利用价值。但是,大片段易位系往往具有外源染色体片段不能正常补偿所缺失小麦染色体片段或是外源染色体片段上带有与有利基因连锁的不利基因的缺点,在育种上价值往往不如小片段易位系大。因此,利用外源物种为小麦育种服务的最终目的就是获得或高产的、或高抗性的或高品质的小麦—外源物种小片段易位系(任正隆,1991)。产生易位系的一般步骤是:先用外源物种和小麦杂交、回交将供体亲本的全部染色体组或若干染色体组导入受体亲本,获得小麦—外源物种双二倍体或部分双二倍体,然后用双二倍体或部分双二倍体与小麦杂交获得相应的附加系或代换系,导入的染色体需要有完整的端粒和着丝粒,以保持其结构稳定性和正常的复制分裂。然后,再利用 *Ph* 基因突变系统或电离辐射或单价染色体错分裂诱导等方法来获得易位系(Sears,1972)。当然,在实际杂交过程中,也经常出现基因渗入的情况而常规细胞学无法检测,只有用分子生物学才可以检测到外源染色质的情况。

一、自发易位及基因渗入

自发易位主要是利用各种类型的远缘杂种,包括小麦外源物种、小麦—外源物种双二倍体或部分双二倍体、附加系或代换系等与小麦甚至是小麦非整倍体杂交和回交过程中产生易位,甚至是小麦—外源物种双二倍体或部分双二倍体之间,或者小麦附加系或代换系之间杂交产生易位的现象。产生易位的基本原理是染色体错分裂,在染色体减数分裂过程中,同源染色体可以配对、交换,而无法配对的染色体容易发生断裂,通常情况是在着丝粒处发生断裂,断裂的染色体片段则可以通过重新接合而把外源染色体片段转移到小麦上。将双角山羊草的早熟性转入小麦品种获得大粒、高蛋白小黑麦易位系就是用了该方法。

常规杂交回交可以产生小麦—外源物种染色体易位系。牟金叶等(2000)利用提莫非维(*T. timopheevii*)细胞质雄性不育的小麦—中间偃麦草(*Thinopyrum intermedium*)部分双二倍体为母本与普通小麦杂交后再与父本普通小麦连续回交和自交,在后代中选出两个稳定的、染色体数目均为 $2n=42$ 且抗小麦条锈病的小麦—中间偃麦草的小片段易位系 H96269-2 和 H96278。Kang 等(2011)从小麦—华山新麦草(*Psathyrostachys huashanica*)双二倍体与 J11 杂交后代中鉴定出了抗小麦条锈病的小麦—华山新麦草 3BL.3NsS 易位系。Bao 等(2012)从烟农 15—滨麦(*Leymus mollis*)杂交后代中筛选到了抗小麦条锈病的小麦—滨麦易位系山农 0096。

利用小麦—外源种质相互杂交获得易位系。在实际操作中,最常用的是将两个不同的小麦—外源物种代换系进行杂交而获得易位系。李义文等(1999)利用小麦—中间偃麦草二体代换系与小麦—簇毛麦二体代换系杂交,在其杂种自交 F_1 中染色体易位频率高达 3.7%,其中,既有臂间易位也有双插入易位,并出现 2 个不同种属染色体易位系,认为代换系间杂交是获得易位的有效方法。李集临等(2006)利用两个小麦—黑麦异源双代换系 DS 5A/5R 与 DS 6A/6R 杂交,发现杂交 F_1 减数分裂中有 22.91% 的花粉母细胞有小麦染色体(ABD 组)与黑麦染色体(R 组)发生同祖配对。在 F_2 代的 45 株中检测到 9 株有易位,易位频率为 20%。

利用小麦—外源物种种质与小麦非整倍体杂交或者小麦—外源物种单体附加系自交可以产生易位系。任正隆(1991)小麦—黑麦种质为研究材料,提出了单体附加产生易位系的方法。Liu 等(2011)利用相应小麦单体与小麦—簇毛麦附加系

进行杂交,从其杂交后代中筛选染色体数目为 42 的植株用于自交,从杂交后代筛选到了一套小麦—簇毛麦罗伯逊易位系。

同小麦亲本相比,在小麦和小麦外源物种的常规杂交后代中往往会出现材料具有来自外源物种而非来自小麦的特性,如早开花、无芒、抗性好等,在谷物种子贮藏蛋白中有丰富的醇溶蛋白亚基(De Pace *et al.*, 2001; Vaccino *et al.*, 2008),而常规细胞学手段例如基因组原位杂交又检测不到外源物质存在,而限制性长度多态性或分子标记则可以检测到外源物质的存在的现象,我们称这种现象为基因渗入或隐性渗进。Kuraparthi 等(2007a; 2007b)不仅分别从小麦—卵穗山羊草(*Ae. geniculata*)、小麦—钩刺山羊草(*Ae. triuncialis*)杂交后代中鉴定出了有原位杂交信号的小麦—卵穗山羊草、小麦—钩刺山羊草易位系,还发现了没有原位杂交信号,但是,仍然具有来自山羊草叶锈病抗性的隐性渐渗系,这些隐性渐渗系都可以用分子手段进行检测。类似现象也分别在小麦—簇毛麦(Caceres *et al.*, 2011)和小麦—偃麦草(Chen *et al.*, 2012)杂交后代中发现。

二、利用电离辐射诱导易位

人工诱发可有效提高远缘杂交中小麦—外源物种的易位频率。常用的方法是电离辐射。电离辐射是一切能引起物质电离的辐射总称,高速带电粒子如 α 粒子、 β 粒子、质子,不带电粒子有种子以及 X 和 γ 射线等都可引起物质发生电离。利用相关射线辐射处理双二倍体、异附加系或异代换系使染色体断裂,染色体断片再以新的方式重接,可产生各种各样的染色体结构变异,其中,包括小麦染色体间的易位或部分染色体片段的删除、外源染色体之间的易位和小麦—外源染色体之间的易位或部分染色体的删除(陈升位等,2008)。用射线照射携有目标性状的代换系、附加系或双二倍体的花粉或植株,可产生插入易位或末端易位。

Sears ER(1956)首次利用 X 射线照射的方法将小伞山羊草的抗叶锈基因易位到小麦 6B 染色体上,并选出了抗小麦叶锈病的易位系;Knott DR(1961)利用电离辐射的方法成功地把长穗偃麦草的抗秆锈基因转入普通小麦;Driscoll 和 Jensen(1965)将黑麦的抗叶锈和白粉病基因转到小麦中。周汉平等(1995)利用快中子或钴 60 辐射具有蓝色色素的小麦—长穗偃麦草 4E(4D)代换系,获得了 65 个蓝粒易位系。刘文轩等(2000)用钴 60 辐射小麦—大赖草附加系减数分裂期植株或即将成熟的花粉,获得了多个普通小麦—大赖草染色体易位系。王献平等(2003)用

γ 射线辐射小麦—中间偃麦草附加系花粉,从其后代材料中筛选获得了小麦—中间偃麦草易位系。Zhang 等(2012)利用钴 60 辐射成熟的小麦—簇毛麦 5VS. 5DL 罗伯逊易位系的雌配子体,在后代材料中鉴定出了含软粒基因的小麦—簇毛麦小片段易位系,为小麦软粒育种及饼干小麦的育成提供了研究材料。截至目前,通过辐射处理,已获得了小麦与山羊草、簇毛麦、黑麦和新麦草属等物种间的易位系多个,许多易位系在小麦育种中发挥着重要作用。

三、利用细胞、组织培养诱导易位

细胞、组织培养常常可引起染色体的不稳定性,再生植株常出现包括易位在内的染色体结构变异。胡含等(1978)观察普通小麦花粉愈伤组织再生植株,首次获得了用花粉培养诱导的小麦 5 $\times$ 植株和典型的混倍体植株在花粉愈伤组织中观察到染色体双着丝化现象。他们认为离体培养和花粉的单倍性容易引起植物体细胞的核内有丝分裂、核融合、多极有丝分裂以及染色体断裂等现象,而这些有丝分裂的异常过程是产生染色体加倍、混倍体以及包括染色体易位在内的染色体变异的各种新类型的重要原因;Lapitan 等(1984)对小麦—黑麦杂种幼胚进行组织培养,从再生植株后代中筛选到了小麦—黑麦、小麦—小麦易位系。徐惠君等(1996)以中国春小麦品种中 8601、澳大利亚栽培小麦品种 Sunstar、Millewa 作母本,与抗大麦黄矮病毒病的小麦—中间偃麦草附加系 L1 杂交,对杂种的幼胚和幼穗作离体培养,获得大量再生植株。从这些再生植株中获得了抗黄矮病的稳定的小麦—中间偃麦草易位系;Li 等(2000)通过普通小麦与硬粒小麦—簇毛麦双二倍体杂种幼胚培养,创造出簇毛麦与小麦染色体的小片段易位。利用此方法还可将黑麦的抗瘰蚊基因、大赖草的抗赤霉病基因、簇毛麦的抗白粉病基因导入普通小麦。Zhou 等(2001)将 Jinan177 与簇毛麦的原生质体进行融合,从其后代中鉴定出了小麦—簇毛麦易位系。Xia(2009)利用体细胞融合诱导出了包括小麦—簇毛麦、小麦偃麦草等具有优异抗性的易位系。

四、利用杀配子基因操纵

杀配子染色体(gametocidal chromosome)是一类具有优先传递效应的“自私”染色体,其作用机制是在不含有杀配子染色体的配子中诱导其他染色体的断裂和重

接,从而产生缺失、易位等染色体结构的变异。进一步研究发现,优先传递的机制在于只有含有这些染色体的配子才能正常可育,而不含这些染色体的配子由于发生了染色体结构变异,在选择受精时就失去了竞争力于是测交后代常表现不育或半不育现象。这些染色体好像具有将那些不含其染色体的配子“杀死”的作用,因此被称为杀配子染色体。当然,造成这种配子“被杀死”现象是由于基因的作用,在杀配子染色体上控制配子“被杀死”的基因称为杀配子基因。目前,所发现的杀配子染色体或杀配子基因全部来自山羊草属(Endo, 2007),杀配子染色体可引起染色体发生畸变,染色体片段的删除与包括易位在内的染色体断裂重组如彩图1所示。杀配子染色体最早在钩刺山羊草(*Ae. triuncialis*)中被发现(Endo 和 Tsunewaki, 1975),而后,柱穗山羊草(*Ae. cylindrica*) 2C 染色体、高大山羊草(*Ae. longissima*) 2S¹和 4S¹染色体、沙融山羊草(*Ae. sharonensis*) 2S^{sh}和 4S^{sh}染色体、拟斯卑尔脱山羊草(*Ae. speltoides*) 2S 染色体、钩刺山羊草(*Ae. triuncialis*) 3C 染色体、卵穗山羊草(*Ae. geniculata*) 4M^e染色体上均被报道有杀配子效应。在实际杂交过程中,来自高大山羊草和沙融山羊草染色体的杀配子作用往往导致完全不育,因此,目前在育种上尚无法应用。不含随体的钩刺山羊草 3C 染色体往往导致杂交致死,而含随体的钩刺山羊草 3C 染色体导致半致死(Endo, 2007),因而,3C 染色体随体上可能含有杀配子基因抑制基因,因此,含随体的钩刺山羊草 3C 染色体在育种中更具有应用价值。目前,在小麦育种中应用最多的杀配子染色体是含随体的钩刺山羊草 3C 染色体和柱穗山羊草 2C 染色体。Luan 等(2010)从小麦—扁穗冰草(*Agropyron cristatum*) 6P 附加系与小麦—柱穗山羊草 2C 附加系杂交后代中筛选获得了多小穗多籽粒的小麦—扁穗冰草 6P 染色体易位系,为小麦高产育种提供了材料基础。曲敏等(2007)也是利用含有杀配子染色体的中国春—柱穗山羊草 2C 附加系为工具,与中国春—长穗偃麦草(*Lo. elongatum*) 1E 附加系杂交,从 83 株杂交后代中鉴定出 5 株含小麦—长穗偃麦草易位的材料。孙仲平等(2004)从中国春—黑麦 1R-7R 附加系与柱穗山羊草 2C 附加系杂交后代中也获得了 10 株含小麦—黑麦易位系的植株。此外,陈全站等(2008)利用离果山羊草(或称钩刺山羊草) 3C 附加系为工具与簇毛麦 2V 附加系进行杂交,从杂种 F₂ 和 F₃ 中鉴定出小麦—簇毛麦纯合易位系 T3DS. 2VL、T2VS. 7DL,小片段易位 T6BS. 6BL-2VS 和中间插入易位 T2VS. 2VL-W-2VL。