

(19)日本国特許庁(JP)

(12)特許公報(B2)

(11)特許番号
特許第7527665号
(P7527665)

(45)発行日 令和6年8月5日(2024.8.5)

(24)登録日 令和6年7月26日(2024.7.26)

(51)国際特許分類

C 1 2 Q	1/6869(2018.01)	F I	C 1 2 Q	1/6869	Z
A 0 1 H	1/02 (2006.01)		A 0 1 H	1/02	Z
A 0 1 H	6/40 (2018.01)		A 0 1 H	6/40	
C 1 2 N	15/29 (2006.01)		C 1 2 N	15/29	
C 1 2 Q	1/6813(2018.01)		C 1 2 Q	1/6813	Z Z N A

請求項の数 15 (全100頁) 最終頁に続く

(21)出願番号	特願2022-12657(P2022-12657)
(22)出願日	令和4年1月31日(2022.1.31)
(65)公開番号	特開2022-138114(P2022-138114)
	A)
(43)公開日	令和4年9月22日(2022.9.22)
審査請求日	令和5年12月5日(2023.12.5)
(31)優先権主張番号	特願2021-37627(P2021-37627)
(32)優先日	令和3年3月9日(2021.3.9)
(33)優先権主張国・地域又は機関	日本国(JP)

早期審査対象出願

(73)特許権者	501203344
	国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
	茨城県つくば市觀音台 3 - 1 - 1
(74)代理人	100088155
	弁理士 長谷川 芳樹
(74)代理人	100128381
	弁理士 清水 義憲
(74)代理人	100211199
	弁理士 原田 さやか
(72)発明者	川勝 恭子
	茨城県つくば市藤本 2 - 1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
	野菜花き研究部門内
(72)発明者	小野崎 隆

最終頁に続く

(54)【発明の名称】 トルコギキョウ植物を判別する方法、作出する方法、及びトルコギキョウ植物

(57)【特許請求の範囲】

【請求項 1】

フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示す可能性が高いトルコギキョウ植物を判別する方法であって、被検トルコギキョウ植物が、相同染色体上の少なくとも 1 箇所において、(1)配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(2)配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(3)配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(4)配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(5)配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(6)配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(7)配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(8)配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

10

20

(9) 配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(10) 配列番号 2 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(11) 配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(12) 配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(13) 配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(14) 配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(15) 配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(16) 配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(17) 配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(18) 配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、及び

(19) 配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である

からなる群から選択される 1 以上の条件を満たす場合に、前記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示す可能性が高いトルコギキョウ植物であると判別することを含み、

前記 (1) の配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA における 5 6 ~ 1 5 7 位の塩基が欠失していることであり、

前記 (2) の配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 2 のゲノム DNA における 1 7 4 ~ 2 1 3 位の塩基が欠失していることであり、

前記 (3) の配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 3 のゲノム DNA における 1 3 9 ~ 1 5 4 位の塩基が欠失していることであり、

前記 (4) の配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 1 0 0 位の塩基がチミンであることあり、

前記 (5) の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 3 7 位の塩基がチミンであり、且つ 3 8 位の塩基がアデニンであることあり、

前記 (6) の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、4 0 位の塩基がアデニンであり、5 3 位の塩基がチミンであり、且つ 1 0 0 位の塩基がシトシンであることある、

前記 (7) の配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 1 9 のゲノム DNA における 3 3 0 位 ~ 3 3 1 位間に配列番号 2 0 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 3 2 8 位 ~ 4 2 0 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 1 9 のゲノム DNA における 3 9 1 位 ~ 3 9 2 位間に配列番号 2 0 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 4 8 1 位 ~ 4 9 1 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 1 9 のゲノム DNA における 7 8 位 ~ 8 0 位

10

20

30

40

50

の塩基が欠失していることであり、

前記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基が欠失していることであり、

前記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAにおける152位～153位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位塩基が挿入されていることであり、

前記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、

前記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、

前記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

前記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

前記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

前記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

前記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、

前記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

前記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

前記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、方法。

10

20

30

40

50

【請求項 2】

被検トルコギキョウ植物が、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すユーストマ・エグザルタトゥムとフザリウム属菌による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物である、請求項 1 に記載の方法。

【請求項 3】

前記欠失及び / 又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いた P C R 法によって増幅した D N A 断片の長さに基づき、

配列番号 1 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 2 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型 10
であるか否か、及び / 又は

配列番号 3 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型
であるか否か、及び / 又は

配列番号 19 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 21 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 23 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 25 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型 20
であるか否か、及び / 又は

配列番号 27 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 29 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 31 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 33 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 35 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型 30
であるか否か、及び / 又は

配列番号 37 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 39 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 41 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は

配列番号 43 のゲノム D N A に対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することを含む、請求項 1 又は 2 に記載の方法。

【請求項 4】

被検トルコギキョウ植物が、前記 (1) ~ (19) からなる群から選択される 3 以上の条件を満たす場合に、前記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示す可能性が高いトルコギキョウ植物であると判別する、請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載の方法。

【請求項 5】

請求項 1 ~ 4 のいずれか一項の方法において、配列番号 1 ~ 6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41 及び 43 のいずれかに対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するための組成物又はプライマーセットであって、前記組成物は、請求項 1 ~ 4 のいずれか一項の方法において、配列番号 1 ~ 6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、3 50

9、41及び43のいずれかに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタム型であるか否かを決定するためのプローブを含む、組成物又はプライマーセット。

【請求項6】

前記組成物が、前記プローブを用いたハイブリダイゼーションによりユーストマ・エグザルタム型であるか否かを決定するための組成物、又は前記プローブを用いてSNPの塩基タイプを確認するための組成物であり、

前記プライマーセットが、前記欠失及び/又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、SNPの有無をDNA增幅法による増幅の有無により確認するためのプライマーセット、又はDNA増幅法による増幅産物を特定の制限酵素により処理した際の切断の有無によりSNPの有無を確認するためのプライマーセットである、請求項5に記載の組成物又はプライマーセット。

【請求項7】

配列番号1における56～157位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号2における174～213位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号3における139～154位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間に於ける、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間に於ける、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号23のゲノムDNAにおける260位～569位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に於ける、配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位における配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位における配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基の挿入を挟み込むように設

10

20

30

40

50

計されたプライマーセット、

配列番号 37 のゲノム DNA における 176 位～213 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 39 のゲノム DNA における 207 位～315 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 41 のゲノム DNA における 278 位～432 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 41 のゲノム DNA における 278 位～432 位における配列番号 42 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 276 位～293 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 603 位～746 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 603 位～746 位における配列番号 44 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 589 位～1011 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 473 位～477 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、並びにこれらの組み合わせからなる群から選択され、

ユーストマ・グランディフロラムのゲノムにおいて 50～1200 bp の DNA 断片を増幅する、請求項 5 又は 6 に記載のプライマーセット。

【請求項 8】

配列番号 13 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 14 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセット、

配列番号 15 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 16 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセット、

配列番号 17 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 18 と 90 % 以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセットからなる群から選択される、請求項 5～7 のいずれか一項に記載のプライマーセット。

【請求項 9】

フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すユーストマ・エグザルタトゥム (Eustoma exaltatum) とフザリウム属菌による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物において、相同染色体上の少なくとも 1 箇所において、

(1) 配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(2) 配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(3) 配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(4) 配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(5) 配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(6) 配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(7) 配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(8) 配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

(9) 配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である、

10

20

30

40

50

(10) 配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(11) 配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(12) 配列番号 29 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(13) 配列番号 31 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(14) 配列番号 33 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(15) 配列番号 35 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(16) 配列番号 37 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(17) 配列番号 39 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、

(18) 配列番号 41 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である、及び

(19) 配列番号 43 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型である

からなる群から選択される 1 以上の条件を満たす場合に、前記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含み、

前記(1)の配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA における 56 ~ 157 位の塩基が欠失していることであり、

前記(2)の配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 2 のゲノム DNA における 174 ~ 213 位の塩基が欠失していることであり、

前記(3)の配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 3 のゲノム DNA における 139 ~ 154 位の塩基が欠失していることであり、

前記(4)の配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 100 位の塩基がチミンであることであり、

前記(5)の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 37 位の塩基がチミンであり、且つ 38 位の塩基がアデニンであることであり、

前記(6)の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、40 位の塩基がアデニンであり、53 位の塩基がチミンであり、且つ 100 位の塩基がシトシンであることである、

前記(7)の配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 19 のゲノム DNA における 330 位 ~ 331 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 328 位 ~ 420 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 391 位 ~ 392 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 481 位 ~ 491 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 78 位 ~ 80 位の塩基が欠失していることであり、

前記(8)の配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号 21 のゲノム DNA における 240 位 ~ 291 位

10

20

30

40

50

の塩基が欠失していることであり、

前記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAにおける152位～153位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位塩基が挿入されていることであり、

前記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、

前記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、

前記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

前記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

前記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

前記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

前記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、

前記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

前記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

前記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、

フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する方法。

【請求項10】

前記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いたPCR

10

20

30

40

50

法によって増幅したDNA断片の長さに基づき、

配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することを含む、請求項9に記載の方法。

【請求項11】

前記交配後代トルコギキョウ植物が、前記(1)～(19)からなる群から選択される3以上の条件を満たす場合に、前記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む、請求項9又は10に記載の方法。

【請求項12】

請求項9～11のいずれか一項の方法において、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかのゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するための組成物又はプライマーセットであって、前記組成物は、請求項9～11のいずれか一項の方法において、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのプローブを含む、組成物又はプライマーセット。

【請求項13】

前記組成物が、前記プローブを用いたハイブリダイゼーションによりユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するように設計された組成物、又は前記プローブを用いてSNPの塩基タイプを確認するための組成物であり、

10

20

30

40

50

前記プライマーセットが、前記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、SNPの有無をDNA増幅法による増幅の有無により確認するためのプライマーセット、又はDNA増幅法による増幅産物を特定の制限酵素により処理した際の切断の有無によりSNPの有無を確認するためのプライマーセットである、請求項12に記載の組成物又はプライマーセット。

【請求項14】

配列番号1における56～157位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号2における174～213位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号3における139～154位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間ににおける、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間ににおける、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号23のゲノムDNAにおける260位～569位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間ににおける、配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位における配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位における配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基の欠失を挟み込むよう

10

20

30

40

50

に設計されたプライマーセット、

配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位における配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位における配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、並びにこれらの組み合わせからなる群から選択され、

ユーストマ・グランディフロラムのゲノムにおいて50～1200bpのDNA断片を増幅する、請求項12又は13に記載のプライマーセット。

【請求項15】

配列番号13と90%以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号14と90%以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセット、配列番号15と90%以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号16と90%以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセット、

配列番号17と90%以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号18と90%以上の配列同一性を有するプライマーを含むプライマーセットからなる群から選択される、請求項12～14のいずれか一項に記載のプライマーセット。

【発明の詳細な説明】

【技術分野】

【0001】

本発明は、トルコギキョウ植物を判別する方法、作出する方法、及びトルコギキョウ植物に関する。

【背景技術】

【0002】

トルコギキョウは国内産出額第4位の花き品目であるが、近年はフザリウム属菌による立枯病が頻発している。現在流通するトルコギキョウ品種のほとんどがフザリウム・ソラニー罹病性であると考えられるが、国内の生産現場では薬剤等による土壤消毒を毎年のように行うものの、その効果は完全ではなく、フザリウム属菌を圃場から根絶するには至っていない。薬剤の使用は、圃場回転率の低下や生産者への費用的身体的負担等の問題も多く、化学防除に代わる立枯病病原菌の封じ込め対策方法が強く求められており、立枯病抵抗性のトルコギキョウ品種育成が強く望まれている。

【0003】

しかしながら、これまでトルコギキョウの育種は、花型や草姿などの外観や早晚性に着目して進められており、トルコギキョウの立枯病発生については報告があるものの（例えば、非特許文献1）、病害抵抗性育種は行われていない。病害抵抗性系統を育種するためには、全世代の全個体に対して病原菌を接種する必要があることが大きな理由である。

【先行技術文献】

【非特許文献】

【0004】

【文献】S Wolcan et al. "First Report of Fusarium solani Causing Stunt on Lisianthus", Plant Disease 85: 443 (2001)

【発明の概要】

【発明が解決しようとする課題】

【0005】

本発明は、病原菌を接種する必要のない、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラ

10

20

30

40

50

ニー (*Fusarium solani*))によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法を提供することを目的とする。また、同様に、本発明は、病原菌を接種する必要のない、トルコギキョウ植物を選抜し、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示す交配後代トルコギキョウ植物を作出する方法を提供することを目的とする。さらに、本発明は、特定のDNAの特徴を有する、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示す交配後代トルコギキョウ植物を提供することを目的とする。

【課題を解決するための手段】

【0006】

本発明者らは、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物ユーストマ・グランディフロラム (*Eustoma grandiflorum*) とフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥム (*Eustoma exaltatum*) の特定のゲノムDNAにおける違いに基づき、効率的に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別及び選抜できることを見出し、本発明を完成するに至った。

10

【0007】

したがって、本発明は、例えば、以下の発明を提供する。

[1]

フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法であつて、被検トルコギキョウ植物が、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含む、方法。

20

(1) AGTTTGCTTCCAGTGAGACCTCCAGCTCTATATATACT
CTGCATAAATGACGTAATAATAGAAATATGATGTGATAGT
GTGTTAGTGAGGAAATTCAAGTAAATACAAATAGGAAGTT
CTAATAAAACTGCTAACGATCATTCCAGCTGTTTTTCATCC
AATATAGCAAGCGAACCTTCTTGTCTAAACCACAATCACA
TTGCCCTTGT (配列番号1) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

30

(2) CAGAAGATGACGAGGCATACCATCAATCAAAAAAATAT
ATGTCAAAAAGTAATACAGACAATTGAATAGGCATAAAA
AACAAAGGGAAAAATAAGCAAGCATTGTTCAATT
TATTCCAACCATAGTTATCGAACACAGCTTAGTTAG
TGGTTCAACTGGTAGGCCATTGAGGCCAAACTTTAAGTTT
ATATATTACTAAAATAATATAGGGCGGACCTTCGAGCAAC
TGGTAAAGGTGATGCTTTGTAACCTTGAGGTCACGGGTT
GTCCCCGGAAATAGCCTCGAGTTCGAGGCCACAGAAATAA
TCTCTTGTACAAAGTGTAAAGATAAGGCTGCGTACATCAGA
TTGCGAAACGATCTGGCC (配列番号2) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

40

(3) GTCA CGAGTTCAAGCTGCGAAAACAACCTCTTGTAAA
AAAAAGTGTAGGTTATGAATGTACGGGATGTAAAAACAGA
ATCTTGTAAAAAGTGTAGATATGACTGCACTATCAGA
TCGCAAAGCGATTCCGTTCTCTCCGGACCTTGCTTGCAC
AAACGTAGGAAGTTACTACGGGAGCGTCCCTTGTAT (配列番号3) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(4) CTGTCATCTTCCGGCGCTTCCCTTAAGTCTCCTC
ATTCTCTTCTTCCACTGAACATGGCACAAACACAATC
ACGTTAACAGATGAAAACACTTC (配列番号4) のゲノムDNAに対応

50

するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(5) GATTGATCTCTAGACTTTATATGTTAGTCTATAAAATA
GGGCTATATAATCTGTTAAGTCATCAATAAGATCGCTTC
TTTCTTCTTTCTACACTTGAAGA (配列番号5)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(6) TGTGAAGTCATTCCAGATTCCCTTGGAACACCCATCCA
GTGTATAACTGAGCACCATATCTCGCTAATGACTTGACAT
TTAAAAAAATAGGTGCCTTACGGTT (配列番号6)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(7) TTTGCCCTCAAGGTCCTTCCACATTGCAAGGAGAGAA
GATGTACGAGTGCTGGCACTGTCTTGCTCACCCCTCCCATA
GCCGCCAGACTCTGGAGATTGTGCATTTTAAGAATAGA
AGAACCAAAAATGGAATGATTGGCAAACCACTGACAAACCC
ATTCCACTTCAGTAATCAAAATCAACCCTGACAAACCC
ATCATGCTAATCATAGCATAAAAGTAGCATAAACACATCC
ATATGCTCTCATCACATCCAAAAACTGTCCATTACCAATA
TGCAGTTACATCAAACACCTGGTATTTGATATAACAAGTGT
CAGAAAATTACATTTCTGGAAAAAGAGAAAAGGTCATAAC
GCCCATCTTCTGTGAAAGTGAACACCCACCCAAACAAAA
AAACTGAAAAAGTCAACATTGAAAGGCCACCGAATTATT
AAAATTGGAATCAAATAAGCGACGACATAAAACCCATC
AATAAAAATAGAATCTTGCACACTCGCCCCACCCCTACCTCC
CAATCA (配列番号19)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(8) TGCTTCAGCCCGCAATCTAAACTTCATGATCCAGCTC
TTTATCAAATGCTGCATAAGGTAACGTGATAATCTTTATC
AATCCGGGCATATTTGTAGTGTCACTGTCTCCCTTAATTTC
TATCCTGGATGACACTTTCAATGAAGCTTTCATGATC
TAATTTCCTTAATGGCAATAGTGTTCATGTTGTAAGTTAT
TTAGATCTTGTACTCCATGTTTATCTTGGTTCTCTTCC
TCTCCCCCTTAAATGTGATTATATACTTTAGTTCTGG
GCTTATTTAGTATTGAATTGGTTGATTGCCCTCATGTTGA
TACTTGTACATTATGGAGATTGATTATCATTCTGT
TTGCAGTTCATGCGAAAAGTGCTTGCACGTGATGGCTG
AGTTCCGAAAGCTAGGTGCTAATGTTGACATGCAACCTT
TTCAAAATTCACTCATTGACACTGGAAATCTGATCTTCTT
GCCGCAAAAGCTTATTGTGATAGTTGCTCAAAACTCTGC
AGACT (配列番号21)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(9) CCGGTGTGGGCTCAACATTAGCAAACCATGAAAGTGT
TTTTTTTCACTTTATTGACATACCATGAAAGTGTAAATC
CACAATTACAAAAATAACAAAGTTGTTAAGAAAGGCAAG
GTCACCAAACAGCGGTACACATATACATACACACACA
TATATATATATATAATGACACCTTTAGAGAAAAAAA
CTTAAGTGCTGACCGGACATGCTCGGTGGCTCTGGTGT
CAATATTATACATGATCATGATTAGGGCTGTAATGAAC
CAAGCCGTTCGGTTGTTAGGCTCGTTGGTTGAGCTCAA
ACTCGAGCTCGGCTCGGATAAAAGGTTAATGAACAGAGCT
TGAACACCTTTCTGTTCGAGCTCGGTAAGTGACACCGT
TCGTTAAGGTGTTCGGCTCGTTAATGTTGTTGAGT 40
50

TAAACGAACCAAGCTTGAACAAAGTAAATATGTTCGTTAAC
 ATAACGAACAAGCTCGGCTCGTTGCTAAGTTAAATGAA
 CAGAGCTTGAACAAACGCAATGCTCGGCTCGTTGGCTCGT
 TTACAGCCCTAATCATGATTAAAATGACAGGATAACATATA
 TACACACACTTTCTTCGACCTGCATAATTCTTTATTCT
 TTTTCAGTCCCTCAATGTTTCTACTTTCTGTATAAAAGC
 ATTATAATTGTAGACTTATGAAATACCCCTAATTGGTT
 GTCGAAGCAAAACTTCACAGGACTTCAAATAGACATGATA
 ATATATCTCGCTAACCTTAATTATGATAACTGATGCTTT
 GTTTTCTCATATACATAAAATTGTGTCTACTTTCTTTTA
 TGAACAAGGGGGAGAAGGGTGTCTGGAT (配列番号23) のゲノム
 DNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(10) TCCAGTTCTACGATCAGAGCCTTAATCGAAAAAGCA
 TAAACCAATAAACCAACCGAACATGTTAGCGATGATGAGTG
 TAGCAACCTTTGTCCATTGTACGGGTTGCACCTCCATTA
 CGGTGCATTTTGGTCAAGGTACGCCCTGGCCATTGGGT
 ATATTATTACATTGTTCCAAAAAAGATGATGAGTGTAGC
 AAAACAGAAAATCCGTCTTATTATTATCTTTAATGGT
 TAATGAGTAATATTAAAGTCGGTCACTAATTATTGATAA
 TGCTCCGTAATTACAAGTTGGTCTCTGGGAG (配列番号2
 5) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(11) TGGCATGACAAAAGCTAGGCTACTAAAAGACTAGGC
 AACCCCTTTATAAGCATATTGCATCCTGCAAGTGATGCCT
 TCATTCATCTTCACTACAAACGAATCAACGGAAAGCAAGCT
 AGAAAAGCTAACCTCTGTTTGTTCATTCTAGTTAC
 CAATATGCACCTAAAGGAATCAACGGCTATTGCATTCA
 AACAGTGGAAAAAAACTACACACATTGGAATTAAAGAA
 GTCATTACAGTCAGACACAATAATTGCCACGTGCCATCC
 TTGTAGAGAAAAACAAGAAACAGATAACAGCTATCAAACAT
 ATTCTTCAAGGAACCTTACGGCGAGACAATATGCTTACA
 GTTAAAGAAAACCATTATTGCCAAGTAAGCAGAAAATAT
 TGCTCAGGGGCCCTCA (配列番号27) のゲノムDNAに対応するゲノムD
 NAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(12) TCTTTCGCCTTCGACTTCTTCACTCTTTAGGGTTTC
 CACTGCTTTGTAACATATACAAATGATGAACACTACTCTA
 TAAATATGATGGTGATAAAATTATTAAGAAAAAAAG
 AAAAGATTGATGAATGCCGCCGGTAAGGTCCCCGAGTTG
 AACCCAGAACATCAGAAACGGAACTAGCTTCTGAATATATG
 TCCTAATAGCCATGCATCCTGTAACACTTTCTACTATAA
 GTCCCTAACATAGCTAAAAACTGTACATTGAGGCCCTCT
 TCCCATTGCCCCAAATTCTGGGACCGCCA (配列番号2
 9) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(13) GGGAGGACGTCATACTGCAGCCTCCACAGGAAAAGA
 TTCAGTCGACTAGAGCTTTAACATACGATGCG
 TAGCTTGAGCATTCCGAGACTATGTCGCTGATGTTGCAC
 AGTATAGACGCTAGCGACACAAATCTACCCGAAGCGTT
 GGTCCCTCATCGCCAACAATCGTCCGTGTTCTCCATT
 GGCTGGGTCTGTGTAGTTCCCTTCTCAATATGTATGAGCC
 AAGTCAAACTCGAACATAGTTGGCTCTTTAAAGAGTTATA
 ACGTTATCAAGCCGAACATCGAACATATCTTAAGACTCGAT

10

20

30

40

50

AT ATT GACCAAGTCAAGTCAAACTGTTTTAACCTAAAC
 GAGTCTAAACTCGAAAACCTACTATTGATT CGGTTGGC
 TCGTTAACCGCATTGTAATTATCTCATCATTCTGTGAT
 TTTATTTTGCTTCACTCTATTAAATTGTAAGAAAA
 TTCTATTAAATTAAACTTTATATTAAAAAGAAGTTCTT
 TCTTGTTATGGGAACCATGATCTAACCAAATATTCACTA
 TGTTATACTGTAATAGATGAGGGAGGGAAATATAAGAGC
 AACG (配列番号31)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(14) CTCCTCCGAATCCACTTGAGGTGCATATAAGGCTTAT
 AATATTGATTGCTTCTTTCAAGCACCAACTTACGGGCT
 ATAGTTCTTCTCCCTTCTAAACACCTACTACTAAAGT
 ATGTTAATCATGCATCTGCAATAACTCCAACCTCC
 ATTTATTATCTTATTCTTCAATGTTACATGATTAAAT
 CTTGAATTATCCAGCATTCTATCTTGAACATATCCACT
 TTGTCTTTGTAAGAAATAATTATTATTATCCTTAT
 CATTGAATCCACTAATTCTATTGTTATCCCCTAGAGTT
 CCAGTGTGCACTGTTCTAGTCTTAACTCTTACCTAAAC
 TAGTATTGTCCTTAGTATCTAACCTACGGTTAAGAA
 CTCTTGCTTATTTCACTGTATTGAGTTCTCTAGGAGA
 TGCAGCGTCTCCAGTTCAATTGTCGTCCTTACGCCAT
 GCGACGAGGATCCTTGTATTGACACTACATCCAAGTA
 CCTCAGATGCA (配列番号33)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(15) TGGTGAATTAGCATTACAGTTCATCTTATTGCA
 AGAAATTTCCCATAAGTTAAAGCATAGCTAAACGCG
 TTAACCTGGCAAGTACTCGGCCCTTAACATTGATTAGACA
 TGTGTAAGGTTGATCTTAATGTTAGGTCCTTAGAACAC
 ACTAAAAGGGAGTTGAATAGTGTGTTACCAAGTATGAT
 TATTTCAGTATAAGCAAAATTGTTAGAACATGTCAT
 TTTAGAAATCCATTATTGAACCTCCAGATCAATGCAAACCC
 ATATCAATTAGCAAAATTCTTATTCTCTATACCAATTCC
 TCTATTGGATTCTCTAATTCAAACATCTACGAAATTCCAT
 CCATATGTAATCAAGTATCACGAATTCTTGCCTTAAAC
 CTATTCTAA (配列番号35)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(16) CAGAAGATGACGAGGCATACCATCAATCAAAAAATA
 TATGTCAAAAAGTAATACAGACAATTGAATAGGCATAAAA
 AAACAAAGGGAAAAATAAGCAAGCATTGTTACGGTCAATT
 TTATTCCAACCATAAGTTATCGAACACAGCTTAGTGT
 GTGGTTCAACTGGTAGGCCATTGAGCCAAACTTTAAGTT
 TATATATTACTAAAATAATAGGGCGGACCTTCGAGCAA
 CTGGTAAAGGTGATGCTTGTAAACCTTGAGGTCACGGGTT
 CGTCCCAGGAAATAGCCTCGAGTTGAGCCACAGAAATA
 ATCTCTTGTACAAAGTGTAAAGATAAGGCTGCGTACATCAG
 ATTGCGAAACGATCTGCC (配列番号37)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(17) TGGCACTTTGTGAAAGACAGTTTATATATAAG
 AGTCGCTATATATATTGATCATATAATGAATCTAATT
 AACTAGTAACATGCATGTTGTATATGTACTATAGC

10

20

30

40

50

AAATGGGATCACCTTAAGACGATCTAATCAATAAACATT
 AAGTATGCATATGCTTAAAGTGAATATTGAAAGAAAAAA
 GTTATGCCGCTAGCAATGTAGAGGTGGATTCGTTAAAGG
 CCACAAGACGTTATAACTTAATTATTATAAAATAGTGC
 AATGATTGTTGTATTATAAAATACTGCAATTAAATT
 AATCTATGCAGGTATATAGAGTCGAGGGTTCACTGGA
 (配列番号39)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウ
 ム型である

(18) GGTCTTCAGATGGACGTGACTTGGTATCTAATTGAA
 TAGTTCGCTAAGTACAAAATTGTGCACGGGATGGATGATC
 TATCAATAGTTCATATTCAATTGTATCTTATGTTACAGTCT
 AATTTAAACAATGGACGATCTCGTTTGCGATTTTGAT
 CACAATAAAAAAAATACATTAAAAGTGGACAAATAATT
 CGATGCAATTGATGCACATATGAAGCAAATTGATCCTCTC
 GCTCAAGGTCGTAATACTGCTTAATAATTAGGTTATGGTT
 ACTATGGTCATCGGAAAACAACCTCTGTATGTTCTAAT
 ACATGGATATGGTTGCATACATCTGACCCCTATACCCGCC
 ATAGACGGGAGCCTCTAACGCAATGGTGTAAATGTTGT
 GTAATTAGGTTATGGTTACAAGGGTGGGCCTTGAACCAAC
 TAGTAAGTTGCTTGTAACTTTAAGGTTACCGGTT
 AAGCCTGCCTCTTACACAAAGTACTGAATAAGACTTCATA
 TATCACATCGCAAAACGATTGACCCCTCTTAGATCGTG
 CGTAAACG (配列番号41)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ
 ・エグザルタトウム型である

(19) GCTGCAACATTCACTTGACTTGGTCTGGTGGATGCT
 TCATTTCCAGAACCTTGAGCCACCCCAACAGAAACCCACA
 AATAAGAGATCAAAACCAACACTGTTCTCCACATATATAA
 CTTGGCCTGCATTGTCACAAAAGGCCGCAGCTCAAAGT
 GTGATTCTGATGTTCTGGAAATATGAGTGCATCTGC
 AGAGAGATGCATTATGAACCTGGAAATTCTAGTACAGAA
 TTTGTGGAATCGTGGAAATTGACATGGCTTGCAGGTAAG
 TTTCTTATACATTATAAATTAAATTGTTCTTATTCAA
 TTATATTCAAGGCGCGGAAGGTTCCATATTATTGAATCAA
 ACTATACTGTCCTATATCTAACCTCTGCGTATCTATTCCA
 TGAAAGGTACGAAGAAGAAGAAGTTACTTGCATTTGATTA
 ATGAACATAAGACGACAAACACATTCCATATGACTTTAGA
 GTCTCTCGCTTATGGCAGTGTATAGATGGTCGGATGTACA
 CAACTATAACCTATATGTTAGAAACGCATAGATGTTCCC
 ATGACCCATAATAAAATTGTGTCAAGCTATGTCGATCAA
 CTGCTATCTCACCCATTTCATCGTCCGCCACGTGC
 CAAACAGGGAGGGTGAGCCTAAATGAGAGAAATGGGGAGGAA
 GAATTGTATGAGTGGGATGGCTGGCGCGTGGTGGACAGAG
 GGAAAGGAGGTGAGGGATTGAGGGTCCACACTAAAGTA
 GCCGATAGACCTTAAGAGGGAAATTAACTTATGTCACAAAT
 CTAAAATGTCGCCTCATGTTCAAACACACTCATCATAAA
 CTTTTAGACCTGATAAGCTTATGACCATTATGCCCAAGTC
 GTATTAGCACCATACTACATGCTTAGTCG (配列番号43)のゲノ
 ムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

[2]

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザ

10

20

30

40

50

ルタトゥム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 7 のゲノム DNA の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3に対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトゥム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトゥム型であることが、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号26の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号28の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号30の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号32の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号34の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号36の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号38の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号40の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号4-3の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号44の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することである、〔1〕に記載の方法

131

上記(4)の配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがコーストマ・エグザ

ルタトゥム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 100 位の塩基がチミンであることであり、

上記(5)の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 37 位の塩基がチミンであり、且つ 38 位の塩基がアデニンであることであり、

上記(6)の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、40 位の塩基がアデニンであり、53 位の塩基がチミンであり、且つ 100 位の塩基がシトシンであることである、〔1〕又は〔2〕に記載の方法。

〔4〕

10

上記(1)の配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA における 56 ~ 157 位の塩基が欠失していることであり、

上記(2)の配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 のゲノム DNA における 174 ~ 213 位の塩基が欠失していることであり、

上記(3)の配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 のゲノム DNA における 139 ~ 154 位の塩基が欠失していることであり、

上記(7)の配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 19 のゲノム DNA における 330 位 ~ 331 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 328 位 ~ 420 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 391 位 ~ 392 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 481 位 ~ 491 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 78 位 ~ 80 位の塩基が欠失していることであり、

20

上記(8)の配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 21 のゲノム DNA における 240 位 ~ 291 位の塩基が欠失していることであり、

上記(9)の配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 23 のゲノム DNA における 152 位 ~ 153 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 260 位 ~ 535 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 538 位 ~ 569 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 165 位 ~ 166 位間に配列番号 24 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 166 位 ~ 193 位の塩基が挿入されていることであり、

30

上記(10)の配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位において配列番号 26 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 79 位 ~ 290 位の塩基が挿入されていることであり、

40

上記(11)の配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 27 のゲノム DNA における 83 位 ~ 135 位の塩基が欠失していることであり、

上記(12)の配列番号 29 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 29 のゲノム DNA における 124 位 ~ 203 位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号 31 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 31 のゲノム DNA における 247 位 ~ 340 位の塩基が欠失していることであり、

50

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、10

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔1〕～〔3〕のいずれかに記載の方法。20

〔5〕

上記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いたPCR法によって増幅したDNA断片の長さに基づき、

配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は30

配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は40

配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は50

配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することをさらに含む、〔4〕に記載の方法。

〔6〕

被検トルコギキョウ植物が、上記(1)～(19)からなる群から選択される3以上の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含む、〔1〕～〔5〕のいずれかに記載の方法。

〔7〕

(1)～(6)のいずれかの方法において、配列番号 1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41 及び 43 のいずれかのゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマーカー。

〔8〕

ユーストマ・エグザルタトゥム (*Eustoma exaltatum*) とフザリウム属菌による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物において、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む、フザリウム属菌による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する方法。

(1) 配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(2) 配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(3) 配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(4) 配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(5) 配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(6) 配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(7) 配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(8) 配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(9) 配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(10) 配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(11) 配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(12) 配列番号 29 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタ

10

20

30

40

50

トウム型である

(13) 配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(14) 配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

[9]

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号7のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号26の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号28の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号30の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号32の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号34の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エ

10

20

30

40

50

グザルタトゥム型であることが、配列番号 3 5 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号 3 6 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記(16)の配列番号 3 7 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 7 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号 3 8 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記(17)の配列番号 3 9 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 9 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号 4 0 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記(18)の配列番号 4 1 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 1 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号 4 2 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記(19)の配列番号 4 3 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 3 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号 4 4 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することである、〔8〕に記載の方法。

〔10〕

上記(4)の配列番号 4 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 のゲノムDNAにおける 100 位の塩基がチミンであることであり、

上記(5)の配列番号 5 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 5 のゲノムDNAにおける 37 位の塩基がチミンであり、且つ 38 位の塩基がアデニンであること、

上記(6)の配列番号 6 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 6 のゲノムDNAにおける 8 位の塩基がアデニンであり、40 位の塩基がアデニンであり、53 位の塩基がチミンであり、且つ 100 位の塩基がシトシンであることである、〔8〕又は〔9〕に記載の方法。

〔11〕

上記(1)の配列番号 1 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 のゲノムDNAにおける 56 ~ 157 位の塩基が欠失していること、

上記(2)の配列番号 2 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 のゲノムDNAにおける 174 ~ 213 位の塩基が欠失していること、

上記(3)の配列番号 3 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 のゲノムDNAにおける 139 ~ 154 位の塩基が欠失していること、

上記(7)の配列番号 19 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 19 のゲノムDNAにおける 330 位 ~ 331 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの 328 位 ~ 420 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノムDNAにおける 391 位 ~ 392 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの 481 位 ~ 491 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノムDNAにおける 78 位 ~ 80 位の塩基が欠失していること、

上記(8)の配列番号 21 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 21 のゲノムDNAにおける 240 位 ~ 291 位の塩基が欠失していること、

上記(9)の配列番号 23 のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 23 のゲノムDNAにおける 152 位 ~ 153 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノムDNAにおける 260 位 ~ 535 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノムDNAにおける 5

10

20

30

40

50

38位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166～193位の塩基が挿入されていることであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、10

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、20

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、30

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔8〕～〔10〕のいずれかに記載の方法。40

[12]

上記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いたPCR法によって増幅したDNA断片の長さに基づき、

配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型50

であるか否か、及び／又は

配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することをさらに含む、〔11〕に記載の方法。

〔13〕

上記交配後代トルコギキョウ植物が、上記〔1〕～〔19〕からなる群から選択される3以上の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む、〔8〕～〔12〕のいずれかに記載の方法。

〔14〕

〔8〕～〔13〕のいずれかの方法において、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかのゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマークー。

〔15〕

ユーストマ・エグザルタトゥム (*Eustoma exaltatum*) とフザリウム属菌による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物であって、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の〔1〕～〔19〕からなる群から選択される1以上の条件を満たすトルコギキョウ植物。

(1) 配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(2) 配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(3) 配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(4) 配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(5) 配列番号5のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥ

10

20

30

40

50

ム型である

(6) 配列番号6のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(7) 配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(8) 配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(9) 配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(10) 配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(11) 配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(12) 配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(13) 配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(14) 配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

[16]

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号7の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが

10

20

30

40

50

配列番号 2 6 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 1) の配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 2 8 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 2) の配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 0 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 3) の配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 2 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 4) の配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 4 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 5) の配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 6 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 6) の配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 8 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 7) の配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 0 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 8) の配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 2 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 9) の配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 4 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することである、〔 1 5 〕に記載の交配後代トルコギキョウ植物。

〔 1 7 〕

上記 (4) の配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 1 0 0 位の塩基がチミンであることあり、

上記 (5) の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 3 7 位の塩基がチミンであり、且つ 3 8 位の塩基がアデニンであることあり、

上記 (6) の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、4 0 位の塩基がアデニンであり、5 3 位の塩基がチミンであり、且つ 1 0 0 位の塩基がシトシンであることある、〔 1 5 〕又は〔 1 6 〕に記載の交配後代トルコギキョウ植物。

〔 1 8 〕 上記 (1) の配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA における 5 6 ~ 1 5 7 位の塩基が欠失していることあり、

上記 (2) の配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 のゲノム DNA における 1 7 4 ~ 2 1 3 位の塩基が欠失していることあり、

上記 (3) の配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 のゲノム DNA における 1 3 9 ~ 1 5 4 位の塩基が欠失していることあり、

10

20

30

40

50

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基が欠失していることであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基が欠失していることであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAにおける152位～153位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位塩基が挿入されていることであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

10

20

30

40

50

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔15〕～〔17〕のいずれかに記載の交配後代トルコギキョウ植物。

〔P1〕

フザリウム・ソラニーによる立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法であって、被検トルコギキョウ植物が、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム・ソラニーによる立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含む、方法。

(1) AGTTTGCTTCCAGTGAGACCTCCAGCTCTATATATACTG
CTGCATAAAATGACGTAATAATAGAAAATATGATGTGATAGT
GTGTTAGTGAGGAAATTCAAGTAAATACAAATAGGAAGTT
CTAATAAAACTGCTAAGATCATTCCAGCTGTTTTCATCC
AATATAGCAAGCGAACCTTCCTGCTAAACCAACAATCACA
TTGCCCTTGCT (配列番号1) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(2) CAGAAGATGACGAGGCATAACCATACTCAATCAAAAAAATAT
ATGTCAAAAAGTAATACAGACAATTGAATAGGCATAAAAAA
AACAAAGGGAAAAAAATAAGCAAGCATACTCGTTCATTT
TATTCCAACCATAAGTTATCGAACACAGCTTAGTAGTTAG
TGGTTCAACTGGTAGGCCATTGAGGCCAAACTTTAAGTTT
ATATATTACTAAAATAATATAGGGCGGACCTCGAGCAAC
TGGTAAAGGTGATGCTTTGTAACCTTGAGGTCACGGGTT
GTCCCCGGAAATAGCCTCGAGTTGAGGCCACAGAAATAA
TCTCTTGTACAAAGTGTAAAGATAAGGCTGCGTACATCAGA
TTGCGAAACGATCTGGCC (配列番号2) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(3) GTCACGAGTTCAAGCTGCGAAAAACAAACCTCTTGTAAA
AAAAAGTGTAGGTTATGAATGTACGGGATGTAaaaACAGA
ATCTTGTAAAAAAAGTGTAGATATGACTGACATATCAGA
TCGCAAAGCGATTCCGTTCTCTCCGGACCTTGCTTGCAC
AAACGTAGGAAGTTACTACGGGAGCGTCCCTTGTAT (配列番号3) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である
(4) CTGTCATCTTCCGGCGCTTCCCTCTTAAGTCTCC
ATTCTCTTCTTCCACTGAACATGGCACAAACACAATC
ACGTTAACAGATGAAAACACTTC (配列番号4) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(5) GATTGATCTCTAGACTTTATATGTTAGTCTATAAATA
GGGCTATATAATCTGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCTTC
TTTCTTCTTTCTACACTTGAAGA (配列番号5) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(6) TGTGAAGTCATTCCAGATTCCCTTGAAACCCCCATCCA
GTGTATAACTGAGCACCATATCTCGCTAATGACTTGCACAT
TTAAAAAAATAGGTGCCCTACGGTT (配列番号6) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(7) TTTGCCCTCAAGGTCCTCCACATTGCAAGGAGAGAA

10

20

30

40

50

GATGTACGAGTGCCTGGCACTGTCCTGCTCACCCCTCCCATA
 GCCGCCAGACTCTGGAGATTGTGCATTTTAAGAATAGA
 AGAACCAAAAATGGAATGATTGGCAAAACCAAGTAACAGCC
 ATTCCACTTCAGTAATCAAATCAACCCTCTGACAACCCA
 ATCATGCTAATCATAGCATAAAGTAGCATATAACACATCC
 ATATGCTCTCATCACATCCAAAAACTGTCCATTACCAATA
 TGCAGTTACATCAAACACCTGGTATTTGATATAACAAGTGT
 CAGAAAATTACATTTCTGGAAAAAGAGAAAAGGTACATAAC
 GCCCATCTTCTGAAAAGTGAAACCCACCCAAACAAAA
 AAACGTAAAAAGTCACATTTGAAGGCCACCGAATTATT
 AAAATTGGAATCAAATAAGCGACGACATAAAACCCATC
 AATAAAAATAGAATCTTGCACACTCGCCCCACCCCTACCTCC
 CAATCA (配列番号19) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(8) TGCTTCAGCCCGCAATCTAAACTTCATGATCCAGCTC
 TTTATCAAATGCTGCATAAGGTAACGTGATAATCTTTATC
 AATCCGGGCATATTTGTAGTGTACATGTCCTCTTAATTTC
 TATCCTGGATGACACTTTCAATGAAGCTTTCATTGATC
 TAATTTCCTTAATGGCAATAGTGTTCATGTTGTAAGTTAT
 TTAGATCTTGTACTCCATGTTTATCTTGGTTCTCTTCC
 TCTCCCCCTTAAATGTGATTATATACTTTAGTTCTGGGA
 GCTTATTAGTATTGAATTGGTTGATTGCCTCATGTTGA
 TACTTGTACATTATGGAGATTGATTATCATTCTGTA
 TTGCAGTTCATGCGAAAAGTGCTTGCACGTGCTGATGGCTG
 AGTTCCGAAAGCTAGGTGCTAATGTTGACATGCAACCTT
 TTCAAAATTCACTATTGACACTGGGAAATCTGATCTTCTT
 GCCGCAAAAGCTTATTGTGATAGTTGCTCAAAACTCTGC
 AGACT (配列番号21) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(9) CCGGTGTGGGCTCAACACATTAGCAAAACCATGAAAGTGT
 TTTTTTCACTTATTTGACATACCATGAAAGTGTAAATC
 CACAATTACAAAAATAACAAGTTGTTAAGAAAGGCAAG
 GTCACCAACAGCGGTACACATATACATACACACACA
 TATATATATATATAATGACACCTTTAGAGAAAAAAA
 CTTAAGTGCTGTACCGGGACATGCTCGGTGGCTCTGGTGT
 CAATATTATACTATGATCATGATTAGGGCTGTAAATGAAC
 CAAGCCGTTGGTTGTTAGGCTCGTTGGTTCGAGCTCAA
 ACTCGAGCTCGGCTCGGATAAAAGGTTAATGAAACAGAGCT
 TGAACACCTTTCTGTTGAGCTCGGTAAGTGAACACCGT
 TCGTTAAGGTGTTGGCTCGTTAATGTTGTTCGTTGAGT
 TAAACGAACCAAGCTTGAACAAAGTAAATATGTTGTTAA
 ATAACGAACAAAGCTCGGCTCGTTGCTAAGTTAAATGAA
 CAGAGCTTGAACAAACGCAATGCTCGGCTCGTTGGCTCGT
 TTACAGCCCTAATCATGATTAAATGACAGGATAACATATA
 TACACACACTTTCTTGCACCTGCATAATTCTTATTCT
 TTTTCAGTCCCTCAATGTTCTACTTCTGTTAATAAAAGC
 ATTATAATTGTAGACTTATGAAATACCCCTAATTGGTT
 GTCGAAGCAAAACTTCACAGGACTTCAAATAGACATGATA
 ATATATCTGCGCTAACCTTAATTATGATAACTGATGCTTT
 GTTTCTCATACATAAATTGTTGTTACTTTCTTTTA

10

20

30

40

50

T G A A C A A G G G G G A G A A G G G T G T C T G G A T (配列番号 23) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(10) T C C A G T T C T A C G A T C A G A G C C T T A A T C G A A A A A G C A T A A A C C A A T A A A C C A C C G A A C A T G T T A G C G A T G A T G A G T G T A G C A A C C T T T G T C C A T T G T A C G G G T T G C A C C T C C A T T A C G G T G C A T T T T C G G T C A A G G T A C G C C T T G G C C A T T G G G T A T A T T A T T A C A T T G T T C C A A A A A A A G A T G A T G A G T G T A G C A A A A C A G A A A A A T C C G T C T T A T T A T T T A T C T T T A A T G G T T A A T G A G T A A T A T T T A A G T C G G T C A C T A A T T A T T G A T A A T G C T C C G T A A T T T A C A A G T T G G T C T C T T T G G G A G (配列番号 25) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(11) T G G C A T G A C A A A A G C T A G G C T A C T A A A A G A C T A G G C A A C C C T T T A T A A G C A T A T T G C A T C C T G C A A G T G A T G C C T T C A T T C A T C T T C A C T A C A A C G A A T C A A C G G A A G C A A G C T A G A A A A G C T A A C T T C T G T T T G T T T G T C A T T C T A G T T A C C A A T A T G C A C C T A A A G G A A T C A A C G G G C T A T T T G C A T T C A A A C A G T G G A A A A A A A A A C T A C A C A C A T T G G A A T T A A G A A G T C A T T A C A G T C A G A C A C A A T A A T T C G C C A C G T G C C A T C C T T G T A G A G A A A A A C A A G A A A C A G A T A C A G C T A T C A A A C A T A T T T C T T C A A G G A A C T T A C C G G C G A G A C A A T A T G C T T A C A G T T A A A G A A A A A C C A T T A T T G C C A A G T A A G C A G A A A A A T A T T G C T C A G G G G C C T T C A (配列番号 27) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(12) T C T T T G C C T T C G A C T T C T T C A T C T T T A G G G T T T C C A C T G C T T T G T A A C A T A T A C A A T G A T G A A C T A C T C T A T A A A T A T G A T G G T G A T A A A A T T T A T T A A G A A A A A A A A A G A A A A G A T T G A T G A A T G C C G C C C G G T A A G G T C C C G A G T T C G A A C C A G A A T C A G A A A C G G A A C T A G C T T T C G A A T A T A T A T G T C C T A A T A G C C A T G C A T C C T G T A A C A C T T T C T A C T A T A A G T C C T A A T A G T C T A A A A A C T G T A C A T T G A G G G C C T T C T C T C T C C A T T T G C C C A A A T T T C C T G G G A C C A G C C A (配列番号 29) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(13) G G G A G G G A C G T C A T A C T G C A G C C T C C A C A G G A A A A G A T T C A G T C G A C T A G A G G C T C T T A A G T T T C C A T A T A C G A T G C G T A G C T T G A G C A T T C C G A G A C T A T G T C G C T G A T G T T T G C A C A G T A T A G A C G C T A G C G A C A C A A A A T C T A C C C G A A G C G T T G G T C C T C A T C G C C A A C A A T C G T C C G T G T G G T T C T C C A T T C G G C T G G G T C T G T G A T G T T C C T T C T T C A A T A T G T A T G A G C C A A G T C A A A C T C G A A T A G T T C G G C T C T T T A A A G A G T T A T A A C G T T A T C A A G C C G A A C T C G A A C A T A T C T T A A G A C T C G A T A T A T T G A C C A A G T C A A G T C A A A C T G T A A C T G T T T T T A A C T T A A A C G A T G C G T T G G C T C G T T A A C C G C A T T G T A A T T A T C T C A T C A T T C T T G T C G A T T T A T T T T G T G C T T C A C T C T A T T T A A T T C G T A A G A A A A T T C T A T T T A A T T A A A A G A A G T T T C T T T C T T G T T T A T G G G A A C C A T G A T C T A A C C A A A T A T T C A C T A T G T T A T A C T G T A A T A G A T G A G G G A G G G G A A A T A T A A G A G C A A C G (配列番号 31) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(14) C T C C T C C G A A T C C A C T T G A G G G T G C A T A T A G G C T T A T

10

20

30

40

50

A A T A T T G A T T G C T T C T T T T C A A G C A C C A A C T T A C G G G C T
 A T A G T T C T T T C T C C T T C C T A A A A A C A C C T A C T A C T A A G T
 A T G T T A A T C A T G C A T C T G C A A T A A C T C C A A C T C C A A C T C C
 A T T T A T T A T C T T A T T C T T C A T G T G T A C A T G A T T T T A A A T
 C T T G A A T T A T C C A G C A T C C T A T C T T T G A A C A T A T C C A C T
 T T G T C T C T T G T A A A A A T A A A A T A T T T A T T T T A T C C T T A T
 C A T T G A A T C C A C T A A T T C T A T T G T T A T C C C G T T A G A G T T
 C C A G T G T T G C A T G T T C G T A G T C T T A T A C T C T T A C C T A A A C
 T A G T A T T T G T C T C T T A G T A T C T A A C T T A C G G T T T A A G A A
 C T C T T G C T T A T T T T C A C T G T A T T C G A G T T C T C T A G G G A G
 T G C A G C G T C T C C A G T T C A A T T G T C G T C C C A T T C G A G G C A T
 G C G A C G A G G A T C C T T G T T A T T T G A C A C T A C A T C C A A G T A
 C C T C A G A T G C A (配列番号33) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(15) T G G T G A A A T T A G C A T T A C A G T T T C A T C T T T A T T T G C
 A G A A A T T T T C C A T A A G T T A A A A G C A T A G C T A A A A A C G C G
 T T A A C T T G G C A A G T A C T C G G C C T T A A C A T T G A T T A G A C A
 T G T G T A A A G G T T G A T C T T A A T G T T A G G T C C C T T A G A A C A C
 A C T A A A A G G G G A G T T G A A T A G T G T G T T C A C C A A G T A T G A T
 T A T T T C T A C G T A T A A A G C A A A A T T G T T A G A A C A T G T C A T
 T T T A G A A A T C C A T T A T T G A A C T C C A G A T C A A T G C A A A C C C
 A T A T C A A T T A G C A A A A T T C T T A T T C T C T A T A C C A A T T C C
 T C T A T T G G A T T C T C T A A T C C A A C A T C T A C G A A A T T C C A T
 C C A T A T G T A A A T C A A G T A T C A C G A A T T C T T C G C G T T A A A
 C T A T T C T A A (配列番号35) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(16) C A G A A G A T G A C G A G G C A T A C C A T C A A T C A A A A A A T A
 T A T G T C A A A A A G T A A T A C A G A C A A T T G A A T A G G C A T A A A A
 A A A C A A G G G G A A A A A A T A A G C A A G C A T C A T A T C G T T C A T T
 T T A T T C C A A C C A T A G T T A T C G A A C A C A G C T T A G T A G T T T A
 G T G G T T C A A C T G G T A G G C C A T T G A G G C C A A A C T T T A A G T T T
 T A T A T A T T A C T A A A A T A A T A T A G G G C G G A C C T T C G A G C A A
 C T G G T A A A G G T G A T G C T T T G T A A C C T T G A G G T C A C G G G T T
 C G T C C C G C G G A A A T A G C C T C G A G T T C G A G G C C A C A G A A A T A
 A T C T C T T G T A C A A A G T G T A A G A T A A G G C T G C G T A C A T C A G
 A T T G C G A A A C G A T C T G G C C (配列番号37) のゲノムDNAに対応するゲ
 ノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(17) T G G C A C T C T T G T G A A A G A C A G T T T T A T A T A T A A G
 A G T C G C T A T A T A T A T T T G A T C A T A T A A T G A A T C T A A T T C
 A A A C T A G T A A C A T G C A T G T T G T A T A T G T A T G T A C T A T A G C
 A A A T G G G A T C A C C T T T A A G A C G A T C T A A T C A A T A A A C A T T
 A A G T A T G C A T A T G C T T A A A G T G A A A T A T T G A A A G A A A A A
 G T T A T G C C G C T A G C A A T G T A G A G G T G G A T T C G T T T A A A G G
 C C A C A A G A C G T T A T A A C T T A A T T A T T T T A T A A A T A G T G C
 A A T G A T T G T T G T A T T T T A T A A A T A C T G C A A T T A A T T
 A A T C T A T G C A G G T A T A T A G A G T C G A G G G T T T C A C T G G A
 (配列番号39) のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥ
 ム型である

(18) G G T C T T C A G A T G G A C G T G A C T T G G T A T C T A A T T G A A
 T A G T T C G C T A A G T A C A A A A T T G T G C A C G G G A T G G A T G A T C

10

20

30

40

50

TATCAATAGTTCATATTCAATTGTATCTTATGTTACAGTCT
AATTTAAACAATGGACGATCTCGTTTGCAGTTTGAT
CACAAATAAAAAAAATACATTAAAAGTGGACAAATAATT
CGATGCAATTGATGCACTATGAAGCAAATTGATCCTCTC
GCTCAAGGTCGTAATACTGCTTAATAATTAGGTTATGGTT
ACTATGGGTCATCGGAAAACAACCTCTGTATGTTCTAAT
ACATGGATATGGTTGCATACATCTGACCCCTATAACCGCC
ATAGACGGGAGCCTCTAACGCAATGGTGTAAATGTTGTGTT
GTAATTAGGTTATGGTTACAAGGGTGGGCCCTTGAACCAAAC
TAGTAAGTTGTTGCTTTGTAACCTTAAGGTTACCGGTT
AAGCCTGCCTCTTACACAAAGTACTGAATAAGACTTCATA
TATCACATCGCAAAACGATTGACCCCTCTTAGATCGTG
CGTAAACG (配列番号41)のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ
・エグザルタトウム型である

(19) GCTGCAACATTCACTTGACTTGGCTGGTGGATGCT
TCATTTCCAGAACCTTGAGCCACCCAACAGAAACCCACA
AATAAGAGATCAAAACCAACACTGTTCTCCACATATATAA
CTTGGCCTGCATTTTGACAAAAGCCGCAGCTCAAAGT
GTGATTCTTGATGTTCTGGAAATATGAGTGCATCTGC
AGAGAGATGCATTATGAACCTCTGGAAATTCTAGTACAGAA
TTTGTGGAATCGTGGAAATTGACATGGCTTGCAGGTAAG
TTTCTTATACATTATTAAATAATTTTTTCTTATTCAA
TTATATTCAAGGCGCGGAAGGTTCCATATTATTGAATCAA
ACTATACTGTCCTATATCTAACCTTCTGCGTATCTATTCCA
TGAAAGGTACGAAGAAGAAGGTTACTTGCATTTGATTA
ATGAACATAAGACGACAACACATTCCATATGACTTTAGA
GTCTCTCGCTTATGGCAGTGTATAGATGGTCGGATGTACA
CAACTATACTATATTGTTAGAAACGCATAGATGTTCCCG
ATGACCCATAATAAAATTGTTCAAGCTATGTCGATCAA
CTGCTATCTCACCCATTTCATCGTCCGCCACGTGC
CAACAGGGAGGGTGAGCCTAAATGAGAGAATGGGGAGGAA
GAATTGTATGAGTGGGATGGCTGGCGCGTGGTGGACAGAG
GGAAAGGAGGTGAGGGATTGAGGGTCCACACTAAAGTA
GCCGATAGACCTTAAGAGGGAAATTAACTTATGTACAAT
CTAAATGTCGCCTCATGTTCAAACACACTCATCAA
CTTTAGACCTGATAAGCTTATGACCATTATGCCCAAGTC
GTATTAGCACCATACATGCTTAGTCG (配列番号43)のゲノ
ムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

[P2]

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザ
ルタトウム型であることが、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番
号7のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザ
ルタトウム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番
号8のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3に対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型で
あることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9のゲノムD
NAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグ
ザルタトウム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配

10

20

30

40

50

列番号 2 0 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (8) の配列番号 2 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 2 2 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (9) の配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 2 4 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 0) の配列番号 2 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 2 6 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 1) の配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 2 8 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 2) の配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 0 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 3) の配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 2 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 4) の配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 4 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 5) の配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 6 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 6) の配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 3 8 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 7) の配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 0 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 8) の配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 2 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (1 9) の配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 4 の配列と少なくとも 9 0 % の配列同一性を有することである、〔 P 1 〕に記載の方法。

〔 P 3 〕

上記 (4) の配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 1 0 0 位の塩基がチミンであることであり、

上記 (5) の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 3 7 位の塩基がチミンであり、且つ 3 8 位の塩基がアデニンであることであり、

上記 (6) の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、4 0 位の塩基がアデニンであり、5 3 位の塩基がチミンであり、且つ 1 0 0 位の塩基がシトシンであることである、〔 P 1 〕又は〔 P 2 〕に記載の方法。

〔 P 4 〕

10

20

30

40

50

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号1のゲノムDNAにおける56～157位の塩基が欠失していることであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号2のゲノムDNAにおける174～213位の塩基が欠失していることであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号3のゲノムDNAにおける139～154位の塩基が欠失していることであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基が欠失していることであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基が欠失していることであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAにおける152位～153位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位の塩基が挿入されていることであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位

10

20

30

40

50

位の塩基が欠失していることであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔P1〕～〔P3〕のいずれかに記載の方法。
〔P5〕

上記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いたPCR法によって增幅したDNA断片の長さに基づき、

配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することをさらに含む、〔P4〕に記載の方法。

10

20

30

40

50

〔P 6〕

被検トルコギキョウ植物が、上記(1)～(19)からなる群から選択される3以上の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム・ソラニーによる立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含む、〔P 1〕～〔P 5〕のいずれかに記載の方法。

〔P 7〕

〔P 1〕～〔P 6〕のいずれかの方法において、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかのゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマークー。

10

〔P 8〕

ユーストマ・エグザルタトゥム(*Eustoma exaltatum*)とフザリウム・ソラニーによる立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物において、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む、フザリウム・ソラニーによる立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する方法。

(1) 配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(2) 配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

20

(3) 配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(4) 配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(5) 配列番号5のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(6) 配列番号6のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(7) 配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

30

(8) 配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(9) 配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(10) 配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(11) 配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(12) 配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

40

(13) 配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(14) 配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタ

50

トウム型である

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

(P 9)

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号7のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトウム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトウム型であることが、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトウム型であることが、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号26の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号28の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号30の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号32の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号34の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エゲザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号36の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号38の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号40の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり。

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが

10

20

30

40

50

配列番号 4 2 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することであり、

上記 (19) の配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 4 4 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することである、〔 P 8 〕に記載の方法。

〔 P 1 0 〕

上記 (4) の配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 4 のゲノム DNA における 100 位の塩基がチミンであることであり、

上記 (5) の配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 5 のゲノム DNA における 37 位の塩基がチミンであり、且つ 38 位の塩基がアデニンであることであり、

上記 (6) の配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 6 のゲノム DNA における 8 位の塩基がアデニンであり、40 位の塩基がアデニンであり、53 位の塩基がチミンであり、且つ 100 位の塩基がシトシンであることである、〔 P 8 〕又は〔 P 9 〕に記載の方法。

〔 P 1 1 〕

上記 (1) の配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 のゲノム DNA における 56 ~ 157 位の塩基が欠失していることであり、

上記 (2) の配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 2 のゲノム DNA における 174 ~ 213 位の塩基が欠失していることであり、

上記 (3) の配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 3 のゲノム DNA における 139 ~ 154 位の塩基が欠失していることであり、

上記 (7) の配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 19 のゲノム DNA における 330 位 ~ 331 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 328 位 ~ 420 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 391 位 ~ 392 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 481 位 ~ 491 位の塩基が挿入されていること、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA における 78 位 ~ 80 位の塩基が欠失していることであり、

上記 (8) の配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 21 のゲノム DNA における 240 位 ~ 291 位の塩基が欠失していることであり、

上記 (9) の配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 23 のゲノム DNA における 152 位 ~ 153 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 260 位 ~ 535 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 538 位 ~ 569 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA における 165 位 ~ 166 位間に配列番号 24 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 166 ~ 193 位の塩基が挿入されていることであり、

上記 (10) の配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位の塩基が欠失していること、及び / 又は配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位において配列番号 26 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 79 位 ~ 290 位の塩基が挿入されていることであり、

上記 (11) の配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 27 のゲノム DNA における 83 位 ~ 135 位

10

20

30

40

50

の塩基が欠失していることであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔P8〕～〔P10〕のいずれかに記載の方法。
〔P12〕

上記欠失及び／又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いたPCR法によって増幅したDNA断片の長さに基づき、

配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム

10

20

30

40

50

型であるか否か、及び／又は

配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び／又は

配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを、決定することをさらに含む、〔P 1 1〕に記載の方法。

〔P 1 3〕

上記交配後代トルコギキョウ植物が、上記(1)～(19)からなる群から選択される3以上の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む、〔P 8〕～〔P 1 2〕のいずれかに記載の方法。

〔P 1 4〕

〔P 8〕～〔P 1 3〕のいずれかの方法において、配列番号 1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41 及び 43 のいずれかのゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマーカー。

〔P 1 5〕

ユーストマ・エグザルタトゥム (*Eustoma exaltatum*) とフザリウム・ソラニーによる立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物であって、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たすトルコギキョウ植物。

(1) 配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(2) 配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(3) 配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(4) 配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(5) 配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(6) 配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(7) 配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(8) 配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(9) 配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型である

(10) 配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタ

10

20

30

40

50

トウム型である

(11) 配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(12) 配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(13) 配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(14) 配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

[P16]

上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号7の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号26の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号28の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号30の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型であることが、配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号32の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

10

20

30

40

50

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号34の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号36の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号38の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号40の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号42の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することであり、

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号44の配列と少なくとも90%の配列同一性を有することである、〔P15〕に記載の交配後代トルコギキヨウ植物。

〔P17〕

上記(4)の配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号4のゲノムDNAにおける100位の塩基がチミンであることであり、

上記(5)の配列番号5のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号5のゲノムDNAにおける37位の塩基がチミンであり、且つ38位の塩基がアデニンであることであり、

上記(6)の配列番号6のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号6のゲノムDNAにおける8位の塩基がアデニンであり、40位の塩基がアデニンであり、53位の塩基がチミンであり、且つ100位の塩基がシトシンであることである、〔P15〕又は〔P16〕に記載の交配後代トルコギキヨウ植物。

〔P18〕 上記(1)の配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号1のゲノムDNAにおける56～157位の塩基が欠失していることであり、

上記(2)の配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号2のゲノムDNAにおける174～213位の塩基が欠失していることであり、

上記(3)の配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号3のゲノムDNAにおける139～154位の塩基が欠失していることであり、

上記(7)の配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基が挿入されていること、及び/又は配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基が挿入されていること、及び/又は配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基が欠失していることであり、

上記(8)の配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基が欠失していることであり、

10

20

30

40

50

上記(9)の配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号23のゲノムDNAにおける152位～153位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位塩基が挿入されていることであり、

上記(10)の配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていることであり、10

上記(11)の配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していることであり、

上記(12)の配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していることであり、

上記(13)の配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していることであり、20

上記(14)の配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していることであり、

上記(15)の配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていることであり、

上記(16)の配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していることであり、30

上記(17)の配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315位の塩基が欠失していることであり、

上記(18)の配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていることであり、40

上記(19)の配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、及び／又は配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることである、〔P15〕～〔P17〕のいずれかに記載の交配後代トルコギキョウ植物。

【発明の効果】

【0008】

本発明によれば、ゲノムDNAにおける違いに基づき、フザリウム属菌（例えば、フザ

10

20

30

40

50

リウム・ソラニー)によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法を提供することができる。本発明は、ゲノムDNA情報を利用するため、病原菌を接種する必要がなく、簡便且つ効率的に判別及び選抜することができる。また、本発明によれば、ゲノムDNAにおける違いに基づき、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物と抵抗性であるトルコギキョウ植物の交配後代植物から、抵抗性を示すトルコギキョウ植物を効率的に選抜することができる。

【図面の簡単な説明】

【0009】

【図1】QTL解析により得られた遺伝子型と発病指数を示すグラフである。遺伝子型Aは紫盃タイプ、遺伝子型Bは大川1号タイプ、遺伝子型Hはヘテロタイプを示す。

【図2】3座SNP(180Fpi1_584498, 147Fpi1_3163121, 187Fpi1_1, 651, 751)の遺伝型と実生発病指数の関係を示すグラフである。F2(F2_AAA)は3座すべてが紫盃タイプであるF₂、F2(F2_HHH)は3座すべてがヘテロタイプであるF₂、F2(F2 BBB)は3座すべてが大川1号タイプであるF₂を示す。

【図3】IDE756_180F_584, 498、IDE934_147F_2, 665, 700、IDE965_187F_958, 712の3座遺伝子型とフザリウム・ソラニー山形菌接種時の平均発病指数を示すグラフである。

【図4】IDE756_180F_584, 498、IDE934_147F_2, 665, 700、IDE965_187F_958, 712、IDE903_293F_182, 103の3座遺伝子型とフザリウム・ソラニー接種時の平均発病指数を示すグラフである。

【図5】病害抵抗性に隔たりのある両親系統(実生)と雑種系統(実生)へのフザリウム・ソラニー福島菌株接種実験の発病指数を示すグラフである。IDE756_180F_584, 498、IDE934_147F_2, 665, 700、IDE965_187F_958, 712における遺伝子型がいずれも抵抗性系統型の系統を「3座Bの雑種系統」、いずれも罹病性系統型の系統を「3座Aの雑種系統」と示す。

【図6】各選抜マーカーを用いたPCR法により得られたDNA増幅産物の泳動写真を示す。遺伝子型Aは紫盃タイプ、遺伝子型Bは大川1号タイプ、遺伝子型Hはヘテロタイプを示す。

【図7】第三世代の雑種における180Fコンティグから147コンティグまでの範囲の各座の多型を示す表である。遺伝子型Aは紫盃タイプ、遺伝子型Bは大川1号タイプ、遺伝子型Hはヘテロタイプを示す。

【図8】第三世代の雑種における180Fコンティグから147コンティグまでの範囲の各座の多型の平均発病指数値を示すグラフである。実線は罹病性型ホモの発病度平均値 抵抗性型ホモ系統発病度平均値、破線は罹病性型ホモの発病度平均値 ヘテロ系統発病度平均値、一点鎖線は抵抗性型ホモ系統発病度平均値 ヘテロ系統発病度平均値を示す。

【図9】紫盃、大川1号、フザリウム・ソラニー抵抗性領域の遺伝子型が異なる雑種第2代の後代におけるフザリウム・オキシスポラム静岡菌株接種実験の発病指数を示すグラフである。なお、AAAは3座が紫盃タイプ、 BBBは3座が大川1号タイプであることを意味する。

【発明を実施するための形態】

【0010】

フザリウム属菌は、トルコギキョウの立枯病の原因菌であり、フザリウム・ソラニー、及びフザリウム・オキシスポラム(*Fusarium oxysporum*)等が含まれる。フザリウム・ソラニーは、トルコギキョウの立枯病の原因菌であり、現在流通するトルコギキョウ品種(ユーストマ・グランディフロラム)のほとんどがフザリウム・ソラニー罹病性であると考えられる。一方、ユーストマ・エグザルタトゥムは、フザリウム・ソラニーによる立枯病に対して抵抗性を示す。なお、本明細書において、特段の限定がない

10

20

30

40

50

限り、「トルコギキョウ植物」はユーストマ属植物を意味する。「植物」は、特段の限定がない限り、植物又は植物の一部、例えば、胚、花粉、胚珠、配偶子、種子、葉、花、枝、果実、茎、根、薬等を含む。

【0011】

一般に、トルコギキョウ植物がフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性を有するか否かは、当業者が通常用いる方法を用いて判定ことができ、例えば、トルコギキョウ植物を人工的にフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）に感染させ、同様にフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）に感染させた罹病性のトルコギキョウ植物（Mock）と比較して、病徵が弱まれば抵抗性を有し、病徵が同等であれば抵抗性を有さない（罹病性である）と判定する方法が挙げられる。無発病の植物においては、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）の増殖が抑制され、植物には変化が見られない。一方、発病程度が進んだ植物においては、増殖したフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）の菌糸が植物の外へも観察される。このように、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）を接種した植物を観察（例えば、電子顕微鏡等により）することで、当該植物が抵抗性か罹病性かを判断することもできる。

【0012】

フザリウム・ソラニーによる立枯病のトルコギキョウの抵抗性評価方法については、本発明者らが以下のように安定的に抵抗性評価を行える接種方法を確立している。

（接種方法）

水耕装置（ホームハイポニカ S a r a h , 協和（株））にトルコギキョウ植物を定植し、約3週間後に注射針で株元2箇所に針刺し付傷処理後に、菌濃度 $1 \times 10^7 \sim 1 \times 10^8$ 個/mLのフザリウム・ソラニー懸濁液を1mL/株ずつ株元灌注する方法で接種を行う。

フザリウム・オキシスポラムの接種については、トルコギキョウ植物を土に定植し断根処理処理後に、菌濃度 $1 \times 10^7 \sim 1 \times 10^8$ 個/mLのフザリウム・オキシスポラム懸濁液を1mL/株ずつ株元灌注する方法で接種を行う。

（評価）

フザリウム・ソラニー種後1週間毎に発病程度を調査し、表1に記載のように、発病度、発病株率を算出する。他のフザリウム属菌についても同様に抵抗性を評価することができる。

【0013】

【表1】

表1 発病程度の基準と発病度、発病株率の計算方法

指 数	発 病 程 度
0	無発病
1	下位葉の萎れまたは生育不良
2	上位葉まで萎れ
3	株全体が青枯れまたは全身萎凋
4	枯死

$$\text{発病度} = \{\sum (\text{程度別発病株数} \times \text{指数}) / (\text{調査株数} \times 4)\} \times 100$$

$$\text{発病株率} (\%) = \text{指数1以上の株数} / \text{調査株数} \times 100$$

本調査方法は中課題1, 2, 3を通じて共通である。

【0014】

本明細書において、例えば、発病指数0の植物を抵抗性とし、発病指数1～4の植物を罹病性としてもよく、発病指数0～1の植物を抵抗性とし、発病指数2～4を罹病性としてもよい。また、例えば、罹病性の植物が発病指数3又は4となるところを発病指数0～

10

20

30

40

50

2に抑えることを抵抗性を示すとしてもよい。また、植物の複数の株について評価した場合、発病指数1以上を示す株の割合が、例えば、15%未満、10%未満、5%未満、1%未満又は0%である場合に、当該植物が抵抗性であるとしてもよい。また、発病指数1以上を示す株の割合が、60%以上、70%以上、80%以上、90%以上、95%以上又は100%である場合に、当該植物が罹病性であるとしてもよい。

【0015】

本発明は、被験トルコギキョウ植物における、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー、フザリウム・オキシスボラム）による立枯病に罹病性であるユーストマ・グランディフロラムの特定のDNA配列に対応する配列が、フザリウム・ソラニーによる立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥム型である場合に、当該トルコギキョウ植物がフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー、フザリウム・オキシスボラム）による立枯病に対して抵抗性を示す可能性が高いという知見に基づくものである。本発明によれば、上述したフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー、フザリウム・オキシスボラム）の接種等を必要とすることなく、DNA情報に基づき、トルコギキョウ植物が、フザリウム・オキシスボラム）フザリウム・ソラニー、フザリウム・オキシスボラム）による立枯病に対して抵抗性を示すか否かを判別することができる。トルコギキョウ植物のゲノムは約1400Mbである。

10

【0016】

ユーストマ・グランディフロラムの特定のDNA配列としては、配列番号1～6に示される塩基配列、及び配列番号19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43が挙げられる。これらの塩基配列と、対応するユーストマ・エグザルタトゥムにおける塩基配列、その比較を以下に示す。

20

【0017】

30

40

50

【表 2】

名称	罹病性ユーストマ・グランディフロラム'紫盃'	抵抗性ユーストマ・エグザルタム'大川1号'	比較
IDE756 -180F	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACGTAAATAATAG AAATATGATGTGATAGTGTGT TAGTGAGGAAATTCACTAA TACAAATAGGAAGTTCTAAT AAACTGCTAACGATCATTCCA GCTGTTTTTCATCCAATATA GCAAGCGAACCTTCTGTCT AAACCACAATCACATTGCCT TTGCT(配列番号1)	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>C</u> AATATAGC AAGCGAACCTTCTGTCTAAA CCACAATCACATTGCCTTTG CT(配列番号7)	大川1号において、配列番号1の56位-157位欠失(102bp)、下線はSNPを示す
IDE934 -147F	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAAC AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTCATTTATT CAACCATAAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGGCCATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>GGTGA</u> TGCTTGTAAACCTTG AGGTACGGGTTCGTCCC GGAAATAGCCTCGAGTTCGA GCCACAGAAATAATCTCTT TACAAAGTGTAAAGATAAGGC TGCCTACATCAGATTGCGAA ACGATCTGGCC(配列番号2)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAAC AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTCATTTATT CAACCATAAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGGGCATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT <u>AAAAGTGC</u> TGCTTGTAAACC TTGAGGTACGGGTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TTGTACAAAGTGTAAAGATAA GGCTGCGTACATCAGATTGC GAAACGATCTGGCC(配列番号8)	大川1号において、配列番号2の174位-213位欠失(40bp)、GC挿入(2bp)、下線はSNPを示す

10

20

30

40

50

IDE965 _187F	GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTGTAAAAAA AAGTGTAGGTTATGAATGTA CGGG <u>A</u> TGTAAAACAGAAC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GAUTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTCTCTC CGGACCTTGCTTGCACAA <u>AC</u> GTAGGAAGTTACTACGGGAG CGTCCTTGTAT(配列番号 3)	GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTGTAAAAAA AAGTGTAGGTTATGAATGTA CGGG <u>C</u> TGTAAAACAGAAC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GAUTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTCTCAC <u>A</u> GACGTAGGAAGTTACTACG GGAGCGTCCTTGTAT(配列 番号9)	大川1号に おいて、配 列番号3の 139-154欠 失(16bp) 下線はSNP を示す	10
IDE903 _293F	TTTGCCTCAAGGTCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT <u>G</u> T <u>A</u> CGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCC <u>T</u> CCCATAGCC GCCAGACTCTGGAGATTGT GCATTTTA <u>A</u> GAATAGAAGA ACCAAAATGGAATGATTGG GCAAACCAGTAACAGCCATT CCACTT <u>C</u> AGTAATCAAATC AACCATCTGACAACCCAATC ATGCTAATCATAGC <u>A</u> AAAG TAGCATATAACACATCCATAT GCTCT <u>C</u> ATCACATCCAAAAAA CTG <u>T</u> CCATTACCA <u>A</u> T <u>T</u> GCA GTT <u>A</u> CATCAAACACCTGGTA TTTGATATAACAAGTGTCA GAAAGGTCTAAACGCCAT CTTTCTCTGAAAAGTGA CCCACCC <u>A</u> ACAAAAAAACTG AAAA <u>A</u> GTCAAC <u>A</u> TTGA CCACCG <u>A</u> TT <u>T</u> TC <u>A</u> AA <u>TT</u> GGAATCAAATAAGCGAC <u>G</u> <u>C</u> ATAAAACCCATCAATAAAA ATAGAATCTTGCAC <u>A</u> TCGC CCACCC <u>T</u> ACCTCCCAATCA(配 列番号19)	TTTGCCTCAAGGTCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT <u>G</u> T <u>C</u> CGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCC <u>A</u> CCCATAGCC CAGACTCTGGAGATTGTGCA TTTTAATA <u>A</u> AGAAGAACCA AAAATGGAATGATTGGCAA ACCAGTAACAGCCATTCCAC <u>T</u> T <u>A</u> GT <u>A</u> ATCAAATCAACCA TCTGACAACCC <u>A</u> TCATGCT AATCATAG <u>C</u> AA <u>A</u> GT <u>A</u> GC <u>A</u> TATAACACATCCATATGCT <u>T</u> <u>T</u> <u>A</u> ACACATCCAAAAACTG <u>C</u> CATT <u>A</u> CC <u>G</u> T <u>A</u> CG <u>T</u> AC <u>T</u> TC <u>AA</u> AC <u>AC</u> CTGGTATTGAT ATACAA <u>AG</u> TGT <u>C</u> AG <u>AA</u> ATTA CATTTCTG <u>C</u> AG <u>GT</u> ACTCCAC <u>T</u> CG <u>A</u> ATA <u>AA</u> ATA <u>AA</u> TT <u>A</u> TT <u>T</u> CCTT <u>T</u> ATA <u>AA</u> TTGTAA <u>AC</u> <u>A</u> AT <u>G</u> AA <u>CT</u> A <u>AG</u> C <u>A</u> CA <u>AT</u> <u>A</u> AA <u>AC</u> CC <u>G</u> CAA <u>AT</u> G <u>C</u> TT <u>T</u> GAAAA <u>A</u> GA <u>AA</u> AG <u>A</u> GT <u>C</u> ATA <u>A</u> CA <u>AC</u> CC <u>G</u> T <u>C</u> TT <u>T</u> CT <u>T</u> <u>G</u> AAGT <u>G</u> AA <u>AC</u> CC <u>AC</u> CC <u>G</u> <u>CC</u> <u>A</u> AAAA <u>AA</u> AAAA <u>AA</u> ACT <u>G</u> AA AAG <u>G</u> TC <u>AA</u> AA <u>TT</u> GA <u>AG</u> GC ACCG <u>A</u> CT <u>AT</u> TC <u>G</u> AA <u>AT</u> GA <u>AT</u> CAA <u>AT</u> AA <u>AG</u> CG <u>G</u> AC <u>A</u> <u>G</u> TA <u>AA</u> AC <u>CC</u> CA <u>AT</u> CA <u>AA</u> TAGA <u>AT</u> CTTGCAC <u>A</u> TC <u>G</u> CAC <u>CC</u> CTAC <u>CT</u> CC <u>CA</u> AT <u>CA</u> (配 列番号20)	紫盃におい て、配列番 号20の328 位-420位 欠失 (93bp)、 481位-491 位欠失 (11bp)、77 位と78位 間に挿入(3 bp太字)、 下線はSNP を示す	20

40

30

10

50

	TGCTTCAGCCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTATCAATCC <u>G</u> GGCATATTGTAGTGT <u>C</u> AT GTCTCCTTAATTTCTATCCT <u>G</u> G <u>A</u> TGACACTTTCAAT <u>G</u> AA GCTTTTCAATTGATCTAATTT CTTAATGGCAATAGTGTTCAT GTTGTAAGTTATTAGATCTT GTACTCCATGTTTATCTTGG TTTCTCTTCCTCTCCCCCTT AAATGTGATTATATACTTAG TTTCTGGAGCTTATTAGTAT TGAATTGGTTGATTGC <u>T</u> CA TGTTGATACTTGTACATTAT GGAGATTGATTATCATTCC TGTATTGCAGTTCATGCGAA AA <u>G</u> TG <u>C</u> TTGC <u>A</u> CT <u>G</u> CTGATG GCTGAGTTCCGAAAGCTAGG <u>T</u> GCTAATGTTGTACATGCAA CCTTTCAAAATT <u>C</u> ATCATTG ACACTGG <u>G</u> AAATCTGATCTT CTTGCCGCAAAAGCTTATTG TGATAGTTGCTCAAAACTCT GCAGACT(配列番号 21)	TGCTTCAGCCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTATCAATCC <u>G</u> AGCATATTGTAGTGT <u>T</u> ATG TCTCCTTAATTTCTATCCTG <u>G</u> TTGACACTTTCAAT <u>A</u> AG CTTTTCAATTGATCTAATTT TTAATGGCAATAATGTTCATG TTGTAAGTTATTAGATCTT TACTCCATGTTTATCTTGGT TTCTCTTCCTCGAATTGGTTG ATTGCC <u>C</u> TCATGTTGATACTT GTTACATTATGGAGATTGAT TTATCATTCC <u>T</u> GTATTGCAGT TCATGCGAAAAGTGT <u>T</u> TCGA CT <u>A</u> CTGATGGCTGAGTTCCG AAAGCTAGGG <u>G</u> CTAATGTT TACATGCAACCTTTCAAAAT TCATCATTGACACTGG <u>AAA</u> TCTGATCTTCTTGCCGAAA AGCTTATTGTGATAGTTGCT CAAAACTCTGCAGACTA(配列 番号 22)	大川 1 号に おいて、配 列番号 21 の 240 位一 291 位欠失 (52bp) 下 線は SNP を 示す
IDE885 -184F			10

20

30

40

50

IDE886 -184F	CCGGTGTGGGCTAACATTA GCAAACCATGAAGTGT TTTCACCTTATTCACATAC CATGAAGTGTAAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTG TTAAGAAAGGCAGGTCA AAACAGCGGTACACATATA TACATACACACACATATAT ATATATATAATGACACCTT AGAGAAAAAAA <u>ACTTAAGTG</u> CTGTACCGGACATGCTCGGT GGGCTCTGGTGTCAATT TACTATGATCATGATTAGGG CTGTAAATGAACCAAGCCGT TCGGTTGTTAGGCTCGTTG GTTCGAGCTCAAACTCGAGC TCGGCTCGGATAAAAGGTTA ATGAACAGAGCTGAACACC TTTTCTGTTGAGCTCGGTA AGTGACACCGTTCGTTAAG GTGTTGGCTCGTTAATGTT GTTCGTTGAGTTAACGAAAC CAAGCTTGAACAAGTAAATA TGTTCGTTAAATAAACGAAC AAGCTCGGCTCGTTGCTAA GTTAAATGAACAGAGCTTGA ACAACGCAATGCTCGGCTCG TTCGGCTCGTTACAGCCCT AATCATGATTAAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTCGACCTGCATAATT TTTATTCTTTCAAGTCCCTC AATGTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTGTAG ACTTATGAAATACCTAATT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TAATTATGATAACTGATGCTT TTGTTTCTCATATACATAAA TTTGTGTCTACTTTCTTTTA TGAAACAAGGGGGAGAAGGG GTCTGGAT(配列番号24)	CCGGTGTGGGCTAACATTA GCAAACCATGAAGTGT TTTCACCTTATTCACATAC CATGAAGTGTAAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTG TTAAGAAAGGCAGGTCA AAACAGCGGTACACATATA TACATACACACATATAT ATATATATATATATATATA TATATATATATATAATGAC ACCTTTAGAGAAAAAGC TTAAGTGCTGTACCGGACAT GCTCGGTGGGCTCTGGTGT AATATTATACTATGATCATGA ATTCATGATTAAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTCGACCTGCATAATT TTTATTCTTTCAAGTCCCTC AATGTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTGTAG ACTTATGAAATACCTAATT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TTAATTATGATAACTGATGCT TTTGTGTCTACTTTCTTTTA ATGAACAAGGGGGAGAAGGG GTCTGGAT(配列番号23)	大川1号に おいて、配 列番号23 の152位一 153位欠失 (2bp), 260 位-535位 欠失 (276bp), 53 8位-569 位欠失 (32bp), 配 列番号23 の166位一 167位間に 挿入(28bp, TAリピート 12組、太 字)下線は SNPを示す	10
			20	
			30	

	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCAACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAGC AACCTTTGTCCATTGTACG GGTTGCACCTCCATTACGGT GCATTTTCGGTCAAGGTAC GCCTTGCCATTGGGTATAT TATTTACATTGTTCCAAAAAA GATGATGAGTGTAGCAAAC AGAAAATCCGTCTTATTATT TATCTTTAATGGTTAATGAG TAATATTTAAGTCGGTCACT AATTATTGATAATGCTCCGTA ATTTACAAGTTGGTCTCT <u>TG</u> GGAG(配列番号 25)	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCAACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAA <u>A</u> <u>CAATGTAAATAGTATA</u> CCCCA ATGAGCCACGGCGTACCCCTC ACCCGCAAAATACACCGTA ATGGGGGTGCAACTCGTACA ATGGACGAAAGATAGCTAAG CAACATGCTGCCAGCCATTA AAGCCATAGCAAAAAGAGAA CAAAAAAAGGCCAAGGAAC AGGCTGCATGGCCCCGATTAA CATTAAAATGCCAACAAATA AACTGCAAAATGTAGCAAAA CAGAAAATCCGTCTTATTATT TTATCTTTAATGGTTAATGA GTAATATTTAAGTC <u>AG</u> TCAC TAATTATTGATAAGTGTCCGT AATTACAAGTTGGTCT <u>CAT</u> GGGAG(配列番号 26)	大川1号において、配列番号25の78位ー190位欠失(113bp)、同位置に挿入配列(太字212bp)、下線はSNPを示す	10
IDE226 -169F	TGGCATGACAAAG <u>G</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCCTCATT CATCTTCACTACAAACGAAT CAACGGAAAGCAAGCTAGAAA AGCTAACCTCTGTTTGT GTCATTCTAGTTACCAATATG CACCTAAAGGAATCAACGGG CTATTTGCATTCAAACAGTG GAAAAAAAAACTACACACA TTGGAATTAAGAAGTCATTAC AGTCAGACACAATAATTGC CACGTGCCATCCTTAGAG AAAAACAAAGAAACAGATA GCTATCAAACATATTTCTC AAGGAACCTTACGGCGAGACA ATATGCTTACAGTTAAAGAAA ACCATTATTGCCAAGTAAG CAGAAATATTGCTCAGGGG CCTTCA(配列番号 27)	TGGCATGACAAAG <u>G</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCCTCATT TTGTTTGTCATTCTAGTTAC CAATATGCACCTAAAGGAAT CAACGGGCTATTGCATTCA AACAGTGGAAAAAAA CTACACACATTGGAATTAAG AAGTCATTACAGTCAGACAC AATAATTGCCACGTGCCAT CCTTGTAGAGAAAAACAAGA AACAGATA <u>CAG</u> CTATCAAAC ATATTTCTCAAGGAACTTA CGGCGAGACAATATGCTTAC AGTTAAAGAAAACCATTATTT GCCAAGTAAGCAGAAAATAT TGCTCAGGGGCCTTCA(配列番号 28)	大川1号において、配列番号27の83位ー135位欠失(53bp)、211位から挿入(2bp) 下線はSNPを示す	20

	TCTTTGCCTTCGACTTCTTC ATCTTTAGGGTTCCACTGC TTTGTAACATATATAACAATG ATGAACTACTCTATAAAATATG ATGGTGATAAAATTATTAAG AAAAAAGAAAAGAGATTG ATGAATGCCGCCCGGTAGG TCCCAGGTTCGAACCCAGAAT CAGAAACGGAACTAGCTTTC GAATATATATGTCTAACATAGC CATGCATCCTGTAACACTTT CTACTATAAGTCCTAACATAGTC TAAAAAAACTGTACATTGAGG CCTTCTCTCCCATTGCG CAAATTCCTGGGACCAGCC A(配列番号29)	TCTTTGCCTTCGACTTCTTC ATCTTTAGGGTTCCACTGC TTTGTAACATATATAACAATG ATGAACTACTCTATAAAATATG ATGGTGATAAAATTATTAAG AAAAAAGAAAAGAGATAG <u>TCATGCATCCTGTAACACTTT</u> TCTACTATAAGTCCTAACATAGT CTAAAAAAACTGTACATTGAG GCCTTCTCTCCCATTGCG CCAAATTCCTGGGACCAGC CA(配列番号30)	大川1号において、配列番号29の124位～203位欠失(80bp)、下線はSNPを示す	10
IDE928 -147F	GGGAGGACGTCAACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTGGTC <u>C</u> ATGCCAACAAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATT <u>GG</u> CT GGGTCTGTAGTTCCCTCT TCAATATG <u>A</u> GTGAGCCAAGT CAAAC <u>T</u> GAATAGTCGGCT CTTTAAAGAGTTATAACGTT ATCAAGCCGAACTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTAACCTAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATT GAT <u>T</u> CGGTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTGATTTATTTTT TGTGCTTCACTCTATTAAATT CGTAAGAAAATTCTATTAAAT TAAACTTTATATAAAAAGAA GTTTCTTTCTTGTGTTATGGG AACCATGATCTAACCAAATA TTCACTATGTTACTGTAAAT AGATGAGGAGAGGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)	GGGAGGACGTCAACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTGGTC <u>CC</u> ATGCCAACAAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATT <u>GG</u> CT GGGTCTGTAGTTCCCTCT TCAATATG <u>G</u> ATGAGCCAAGT CAAAC <u>A</u> GTGTTAACTTAA CGAGTCTAAACTCGAAAACC TACTATTG <u>A</u> CTCGGTTGG CTCGTTAACCGCATTGTAAATT ATCTCATCATTGTCGATT TTATTTTTGTGCTTCACTCT ATTAAATTGTAAGAAAATTC TATTAATTAAACTTTATATT AAAAAGAAGTTTCTTTCTTG TTTATGGGAACCATGATCTA ACCAAAATTCACTATGTTAT ACTGTAATAGATGAGGAGAG GGAAATATAAGAGCAACG(配列番号32)	大川1号において、配列番号31の247位～340位欠失(94bp)、下線はSNPを示す	20
IDE928 -147F	ATCAAGCCGAACTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTAACCTAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATT GAT <u>T</u> CGGTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTGATTTATTTTT TGTGCTTCACTCTATTAAATT CGTAAGAAAATTCTATTAAAT TAAACTTTATATAAAAAGAA GTTTCTTTCTTGTGTTATGGG AACCATGATCTAACCAAATA TTCACTATGTTACTGTAAAT AGATGAGGAGAGGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)	ATCAAGCCGAACTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTAACCTAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATT GAT <u>T</u> CGGTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTGATTTATTTTT TGTGCTTCACTCTATTAAATT CGTAAGAAAATTCTATTAAAT TAAACTTTATATAAAAAGAA GTTTCTTTCTTGTGTTATGGG AACCATGATCTAACCAAATA TTCACTATGTTACTGTAAAT AGATGAGGAGAGGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)		30
				40

IDE930 -147F	CTCCTCC <u>G</u> AATCCACTTGAG GTGC <u>A</u> TATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTCTCCTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTATTAT CTTATTCTTCATGTGTACAT GATTTAAATCTTGAATTATC CAGCATTCTATCTTGTAAAC ATATCCACTTGTCTTGTAA AAAATAAAATATTATTTTA TCCTTATCATTGAATCCACTA ATTCTATTGTTATCCCCTTA GAGTTCCAGTGTGCATGTT CGTAGTCTTATACTCTTACCT AAACTAGTATTTGTCTCTTA GTATCTAACTACGGTTAACG AACTCTTGCTTATT <u>TTT</u> CACT <u>G</u> TATT <u>C</u> GAGTTCTCTAGGAG ATGCAGCGTCTCCAGTTCAA TTGTCGTCCCATTGAGCCA TGCGACGGAGGAT <u>C</u> TTGTTT ATTTGACACTACATCCAAGT ACCTCAGATGCA(配列番号3 3)	CTCCTCC <u>A</u> AATCCACTTGAG GTGC <u>G</u> TATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTCTCCTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTATTAT CTTATACTCTTACCTAAACTA GTATTTGTCTCTTAGTATCT AACTACGGTTAACGACTCT TGCTTAT <u>A</u> TTCACT <u>G</u> CATT GAGTTCTCTAGGAGATGCAG CGTCTCCAGTTCAATTGTCG TCCCATTGAGGCCATGCGAC GAGGAT <u>C</u> ATTGTTATTTGAC ACTACATCCAAG <u>C</u> ACCTCAG ATGCA(配列番号34)	大川1号において、配列番号33の171位ー342位欠失172bp)、下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE932 -147F	TGG <u>T</u> GAAATTAGCATTACAG TTTCATCTTATTGCAGAAA TTTCCCATAAGTAAAGCA TAGCTAAAAACCGCTTAAC TGGCAAGTACTCGGCCTTA ACATTGATTAGACATGTGAA AGGT <u>T</u> GAT <u>C</u> TTAATGTTAGGT <u>C</u> <u>C</u> CTTAGAACACACTAAAG GGGAGTTGAATAGTGTGTT AC <u>CC</u> A <u>G</u> T <u>T</u> GATTATTTCTA CGTATAAGCAAAATTGTTA GAACATGTCATTTAGAAATC CATTATTGAACTCCAGATCA ATGCAAACCCATATCAATT GCAAAATTCTTATTCTCTATA CCAATTCTCTATTGGATTCT CTAATTCAAACATCTACGAA ATTCCATCCATATGTAAATCA AGTATCACGAATTCTTCGC GTTAAACTATTCTAA(配列番号 35)	TGG <u>C</u> GAAATTAGCATTACAG TTTCATCTTATTGCAGAAA TTTCCCATAAGTAAAGCA TAGCTAAAACCGCTTAAC TGGCAAGTACTCGGCCTTA ACATTGATTAGACATGTGAA AGGT <u>G</u> ATT <u>T</u> TAATGTTAGGT <u>C</u> <u>ACT</u> TAGAACACACT <u>A</u> <u>G</u> GGAGTTGAATAGTGTGTTCA <u>C</u> <u>T</u> <u>A</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>A</u> <u>A</u> <u>T</u> ATTTCTTGGTA TTTTCATTTTGAGTGCAAC CAAACTTGGATGTGTTCTT GGAAAAAAATAAAACTTTGCG GAAGAATAAAGAGCAGAAGT ATGTATAGAGGTTAAGTCA AATGACTCTACTCCTCTACC TTCTGATTTTACAAGAAG GATTCTGAATGGAGGATTGT TATTTCTTTAGGCAGAAATAA CAATCAAAACAAATCCAA AACAAATGAACAACATTAATCCA CATGCCTAGACCACAATCAA GAAAACCAACCCCTGAAAGT CTATCATCAAAGAACTTCT TTGCCCTCAAAGAATTCTTG TATGGAGTATAATGCATCAT GCTTCCGTGTTATGCAGGG TCCGGAGAAGAGTCGGATCG CTTGCAATCTGATATACAC AGTCTTACCCCTATCTTTTT TGCAACCGGCTGTAAATACCT ACGAAATTCCATCCATATGT AAATCAAGTATCACGAATTCT TTCGCGTTAAACTATTCTAA(配列番号 36)	大川1号において、配列番号35の198位ー342位欠失(145bp)、同位置に挿入配列(太字431bp)、163位欠失(1bp)、下線はSNPを示す
	10		
	20		

	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAACCA AGGGGAAAAAAT <u>AAG</u> CAAGC ATCATATCGTTCATTTATTTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGG <u>G</u> CATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>G</u> GTG <u>A</u> TGCTTGTAACCTTG AGGTACGGGTTCGTCCC GGAAATAGCCTCGAGTCGA GCCACAGAAATAATCTTTG <u>T</u> ACAAAGTGTAAAGATAAGGC TGCATCACAGATTGCGAA AC <u>G</u> ATCTGGCC(配列番号3 7)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAACCA AGGGGAAAAAAT <u>AAG</u> CAAGC ATCATATCGTTCATTTATTTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGG <u>G</u> CATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAA <u>A</u> GT <u>G</u> CTGCTTGTAA TTGAGGTACGGGTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TT <u>G</u> CACAAAGTGTAAAGATAA GGCTGCGTACATCAGATTGC GAAAC <u>A</u> ATCTGGCC(配列番 号38)	大川1号に おいて、配 列番号37 の176位一 213位欠失 (38bp)、下 線はSNPを 示す	10
IDE760 -187F	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATATAT <u>AAG</u> <u>A</u> GT <u>CG</u> CTATAT <u>A</u> TATTTGATCATAT <u>A</u> AT <u>G</u> A <u>T</u> CTAA <u>T</u> CAA <u>A</u> CT <u>AG</u> <u>T</u> AA <u>C</u> AT <u>G</u> CAT <u>G</u> T <u>T</u> T <u>G</u> TAT <u>T</u> G AT <u>G</u> T <u>A</u> CT <u>T</u> AT <u>G</u> CAA <u>A</u> GG <u>GA</u> TCAC <u>CT</u> TAAG <u>AC</u> G <u>AT</u> CT <u>AA</u> T CAATAAACATTAAGTAT <u>GC</u> AT <u>G</u> C <u>TT</u> AA <u>AG</u> T <u>G</u> AA <u>AT</u> AT <u>TT</u> G AA <u>AG</u> AAAA <u>AG</u> TT <u>T</u> AT <u>GC</u> AG <u>CA</u> AT <u>G</u> T <u>A</u> G <u>AG</u> GT <u>GG</u> GTT <u>TA</u> AG <u>GG</u> CC <u>AC</u> A <u>AG</u> AC <u>GT</u> TATA <u>AC</u> TT <u>AA</u> TT <u>AT</u> TT <u>TT</u> T <u>AT</u> AA <u>AT</u> AG <u>T</u> G <u>CA</u> AT <u>G</u> ATT <u>G</u> T <u>T</u> G <u>T</u> GT <u>AT</u> TT <u>TT</u> T <u>AT</u> AA <u>AT</u> ACT <u>GC</u> AA <u>TT</u> AT <u>TA</u> AT <u>CT</u> AT <u>GC</u> AG <u>GT</u> <u>T</u> CG <u>AG</u> GG <u>TT</u> CA <u>T</u> G <u>GA</u> CT <u>GG</u> GA(配列番号39)	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATAT <u>AAG</u> <u>G</u> GT <u>CG</u> CTATAT <u>C</u> TATTTGATCATAT <u>A</u> AT <u>C</u> G <u>A</u> CT <u>T</u> AA <u>T</u> CAA <u>A</u> CT <u>AG</u> <u>C</u> A <u>A</u> AT <u>G</u> CAT <u>G</u> T <u>T</u> T <u>G</u> TAT <u>T</u> G AT <u>C</u> T <u>A</u> CT <u>T</u> AT <u>G</u> CAA <u>A</u> GG <u>GA</u> TCAC <u>CT</u> TAAG <u>AC</u> G <u>AT</u> CT <u>AA</u> T CAATAAACATTAAGTAT <u>GC</u> AT <u>G</u> C <u>TT</u> AA <u>AG</u> T <u>G</u> AA <u>AT</u> AT <u>TT</u> G AA <u>AG</u> AAAA <u>AG</u> TT <u>T</u> AT <u>GC</u> AG <u>CA</u> AT <u>G</u> T <u>A</u> G <u>AG</u> GT <u>GG</u> GAG <u>CC</u> G <u>AG</u> GG <u>TT</u> CA <u>T</u> G <u>GA</u> (配列番号40)	大川1号に おいて、配 列番号39 の207位一 315位欠失 (109bp)、 下線はSNPを 示す	20

IDE970 -187F	GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCAATTGTATC TTATGTTACAGTCTAATTAA ACAATGGACGATCTCGTTT TGCAGATTTGATCACAAATAA AAAAAAAATACATTAAGTG GACAAATAATTGATGCAAT TGATGCACTATGAAGCAAAT TTGATCCTCTCGCTCAAGGT CGTAATACTGCTTAATAATT GGTTATGGTTACTATGGGTG ATCGGAAAACAACCTCTGTA TGTTCTAATACATGGATATG GTTGCATACATCTGACCCCT ATACCCGCCATAGACGGGAG CCTCTAACGCAATGGTGTAA TGTTGTGTTGTAATTAGGTTA TGGTTACAAGGGTGGGCCTT GAACCAACTAGTAAG <u>TTTGT</u> TG <u>CTTGT</u> TAACTTAAGG <u>TTA</u> CCGGTTCAAGCCTGCCTCTT ACACAAAGTACT <u>GAATAAGA</u> <u>CTT</u> CATATATCACATCGCAA AACGATT <u>CGACC</u> CCCTTTA GATCGTGC <u>GTAAACG</u> (配列番号41)	GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCAATTGTCTC TTATGTTACAGTCTAATTAA ACAATGGACGATCTCGTTT GCGATTTCAATCACAAATAA AAAATACAAGTAAAAGTGG CAAATAATTGATGCAATCG ATGCACTTTGAAGCAAATT GATCCTCTGCTCAAGGTCG TAATAATGGTTATAATTAGG TTATGGTTATGACGGCGGT CTTAGAGCAACTAGTAAGGT TGTTGTTTGTAACTTTAAGG <u>ATACCGGTTCAAGCCTGCCT</u> CTTACACAAAGTACT <u>TTAATAA</u> <u>GATTG</u> CATACATCACATCGC AAAACGATT <u>CGGG</u> CCCTCTT TAGATCGTGC <u>GTAAACG</u> (配列番号42)	大川1号において、配列番号41の278位ー432位欠失(155bp)、同位置に挿入配列(太字18bp) 下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE973 -187F	GCTGCAACATTCACTTGACT TGGTCTGGTGGATGCTTCAT TTCCAGAACTTGAGCCACC CCAACAGAAACCCACAAATA AGAGATCAAAACCAACACT <u>G</u> TTCTCCACATATATAACTTGG CCTGCATTTTGCACAAAA GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT TCTTGATGTCTTCTGGAAAT ATGAGTGCATCTGCAGAGAG ATGCATT <u>A</u> TGAACCTCTGGGA ATTCT <u>A</u> GTACAGAATTGTGG AATCGTGGAAATTGACATG GCTTGCAAGGTAAGTTCTTAT ACATTATTAATA <u>A</u> TTTTTTT CTTATTCAAATTATATTCAAG GCGCGGAAGGTTCCATATT ATTGAATCAAACATACTGTC CTATATCTAACTTCTCGTGT CTATTCCATGAAAGGTACGA <u>A</u> GA <u>A</u> GAAGAAGT <u>A</u> CTTGCA TTTGATTAAT <u>G</u> AACTAAAGAC <u>G</u> ACAACACAT <u>T</u> <u>C</u> CATATGA CTT <u>T</u> <u>A</u> GA <u>G</u> TCTCGCTTAT GGC <u>A</u> <u>G</u> T <u>G</u> TATAGATGGTCGG ATGTAC <u>A</u> CAACTATACTTACCTATA <u>T</u> <u>G</u> TTAGAAAC <u>G</u> CATAGAT <u>G</u> T	GCTGCAACATTCACTTGACT TGGTCTGGTGGATGCTTCAT TTCCAGAACTTGAGCCACC CCAACAGAAACCCACAAATA AGAGATCAAAACCAACACT <u>C</u> TTCTCCACATATATAACTTGG CCTGCATTTTGCACAAAA GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT TCTTGATGTCTTCTGGAAAT ATGAGTGCATCTGCAGAGAG ATGCATT <u>G</u> TGAACCTCTGGGA ATTCT <u>G</u> GTACAGAATTGTGG GAATCGTGGAAATTGACAT GGCTTGCAAGGTAAGTTCTT ATACATTATTAATA <u>A</u> TTTTT TTCTTATTCAAATTATATTTC AGGCGCGGAAGGTTCCATAT TTATTGAATCAAACATACTG TCCTATATCTAACTTCTCGGT ATCTATTCCATGAAAGGTAC GAAGAC <u>G</u> GAAGT <u>C</u> ACTTGCA TTGATTAAT <u>A</u> AACTAAAGACG <u>A</u> AAACAACAC <u>A</u> <u>C</u> ATTATGATT CTG <u>T</u> <u>T</u> ATGGC <u>G</u> <u>AA</u> <u>A</u> TATAG <u>G</u> <u>A</u> <u>G</u> ATCGGATGTAC <u>G</u> CAACT ATACCTAT <u>G</u> T <u>A</u> TTAGAAAC <u>A</u> <u>C</u> <u>A</u> CA <u>G</u> AT <u>A</u> TTTT <u>T</u> CGATGACC	大川1号において、配列番号43の603位一746位欠失(144bp)、同位置に挿入配列(太字423bp)、412位・414位・460位・470位・569位欠失(各1bp)、473位ー477位欠失(5bp)、481位ー483位欠失(3bp)、下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE973 -187F (続き)	TT <u>CCC</u> GATGACCCATAATAA AAATTG <u>T</u> GTCAGCTATGTC GATCAACTGCTATCTCTCAC CCCATTTCATCGTCCGCC ACGTGCCAACAGGGAGGGTG AGCCTAAATGAGAGAATGGG GAGGAAGAATTGTATGAGTG GGATGGCTGGCGCGTGGTGG ACAGAGGGAAAGGAGGTGAG GGATTGAGGGTCCAC <u>CTA</u> AAAGTAGCCGATAGACCTTA <u>AGAGGGAA</u> ATTAACTTAT <u>G</u> TACAATCTAAAATGTCGCCT CATGTTCAAACACACTCAT CATAAACTTTAGACCTGATA AGCTTATGACCATTATGCC AAGTCGTATTAGCACCATA TACATGCTTAGTCG(配列番 号43)	CATAAT <u>GAA</u> ATT <u>GCG</u> TCAAG CTATGTCGATCAACTGCTAC TTCACAATATAATACGTACAT <u>CCAATTTAGTAAATCATT</u> TTG CTTATTCCATCATATTACAA AATCAAGAAAGAATGTGTTA TTTACTCCATTGGAAATAGA AACAAATTAAATGAACAAAGA CAAAAATACAAAATGCTAAA TTACAAAGATTCATTAAATT ATAATTAAATTAAAAGATT ACAATAACGAAAGAATGTCC GTCTATCTTAGATTATAGAA CAAACGAATGAATGGATGAA TAAGAGAATTAAAGAAAAGTC GCATTATTAGATTAGCTCATT TATAAATTATTGGTTAAATC TCTGGTGATAAGTATTAGAT AGTCAGCATCACATCTACA TAATGATTCGTAATATATTG TGCCATAAAATATTAATTCA GATTATTGTCAAAAGTAAT CTATACAAATATA <u>T</u> AAAAGT AGCCCGATAGACCT <u>AAAAT</u> GA <u>A</u> TTTAAC <u>TTA</u> AT <u>ACA</u> AT CTAAAATGTCGCCTCATGTT CAAACACACTCATCATAAAC TTTAGACCTGATAAGCTTAT GACCATTATGCCAAGTCGT ATTAGCACCAACTACATGC TTAGTCG(配列番号44)
		10 20

【 0 0 1 8 】

30

40

50

【表3】

名称	罹病性ユーストマ・グランディフロラム ‘紫盃’	抵抗性ユーストマ・エグザルタトゥム ‘大川1号’	SNP 数	比較
187F	CTGTCTCATCTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT <u>TC</u> (配列番号4)	CTGTCTCATCTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT <u>TT</u> (配列番号10)	1	大川1号において、配列番号4の100位のCがT
180F	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>AG</u> GGCTATATAATC TGTTAAGTCATCAATCAATAAGATCGCT TCTTCTCTTCTACACTTGAAG A(配列番号5)	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>AG</u> GGCTATATAATC TGTTAAGTCATCAATCAATAAGATCGCT TCTTCTCTTCTACACTTGAAG A(配列番号11)	2	大川1号において、配列番号5の37位のAがT、38位のGがA
147F	TGTGAAG <u>T</u> CATTCCAGATTCCCTGG AAACCCCATCCAGT <u>G</u> TATAACTGA GCAC <u>C</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAAATAGGTGCCTTACG <u>GT</u> T(配列番号6)	TGTGAAG <u>A</u> CATTCCAGATTCCCTGG GAAACCCCATCCAGT <u>A</u> TATAACTGA AGCA <u>T</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAAATAGGTGCCTTACG <u>G</u> <u>T</u> (配列番号12)	4	大川1号において、配列番号6の8位のTがA、40位のGがA、53位のCがT、100位のTがC

【0019】

なお、「紫盃」の学名として、ユーストマ・ラッセルリアナム (*Eustoma russellianum*) が使用されることもある。

【0020】

表2及び表3に示すように、ユーストマ・グランディフロラムの特定のDNA配列に対応するユーストマ・エグザルタトゥムにおける配列において、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対する抵抗性と連鎖する特定のインデル（Indel）及び／又はヌクレオチドの一塩基多型が存在する。

【0021】

表2に示されるように、後述するユーストマ・グランディフロラム‘紫盃’とユーストマ・エグザルタトゥム‘大川1号’のQTL解析により見出されたインデルの一つは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号1の配列上に存在し、配列番号1に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの56位～157位の102bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号7）において欠失している。ここで、配列番号1を配列番号7と比較すると、配列番号1に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの52位のSNP（チミン>シトシン）も観察される。

【0022】

また、もう一つのインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号2の配列上に存在し、配列番号2に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの174位～213位の40bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号8）において欠失している。ここで、同欠失箇所において、配列番号8に記載の塩基配列においてGCの挿入（2bp）も観察される。また、配列番号2を配列番号8と比較すると、配列番号2に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの245位のSNP（グアニン>アデニン）、249位（アデニン>シトシン）も観察される。

【0023】

さらに、もう一つのインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号3の配列上に存在し、配列番号3に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの139位～154位の

10

20

30

40

50

16 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号9）において欠失している。ここで、配列番号3を配列番号9と比較すると、配列番号3に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの65位のSNP（アデニン>チミン）及び159位のSNP（アデニン>グアニン）も観察される。

【0024】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号19の配列上に存在し、配列番号19に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの330位～331位間に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号20）において、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の93bpが挿入されている。また、配列番号19に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの391位～392位間に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号20）において、配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の11bpが挿入されている。また、配列番号19に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの78位～80位の3bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号20）において欠失している。ここで、配列番号19を配列番号20と比較すると、配列番号19に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの43位のSNP（アデニン>シトシン）、71位のSNP（チミン>アデニン）、111位のSNP（グアニン>チミン）、167位のSNP（シトシン>チミン）、216位のSNP（チミン>シトシン）、247位のSNP（シトシン>チミン）、249位のSNP（チミン>アデニン）、265位のSNP（チミン>シトシン）、275位のSNP（アデニン>グアニン）、278位のSNP（チミン>シトシン）、285位のSNP（アデニン>チミン）、393位のSNP（シトシン>アデニン）、408位のSNP（アデニン>グアニン）、414位のSNP（シトシン>アデニン）、432位のSNP（チミン>シトシン）、438位のSNP（アデニン>グアニン）、442位のSNP（チミン>アデニン）、463位のSNP（グアニン>アデニン）、466位のSNP（アデニン>グアニン）、及び500位のSNP（シトシン>チミン）も観察される。

【0025】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号21の配列上に存在し、配列番号21に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの240位～291位の52bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号22）において欠失している。ここで、配列番号21を配列番号22と比較すると、配列番号21に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの84位のSNP（グアニン>アデニン）、100位のSNP（シトシン>チミン）、126位のSNP（アデニン>チミン）、141位のSNP（グアニン>アデニン）、308位のSNP（チミン>シトシン）、379位のSNP（シトシン>チミン）、387位のSNP（グアニン>アデニン）、414位のSNP（チミン>グアニン）、462位のSNP（グアニン>アデニン）も観察される。

【0026】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号23の配列上に存在し、配列番号23に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの260位～535位の276bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号24）において欠失している。また、配列番号23に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの538位～569位の32bpがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号24）において欠失している。また、配列番号23に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの165位～166位間に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号24）において、配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位の28bp（TAリピート12組）が挿入されている。ここで、配列番号23を配列番号24と比較すると、配列番号23に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位のSNP（アデニン>グアニン）も観察される。

【0027】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号25の配列上に存在

10

20

30

40

50

し、配列番号 25 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 78 位～190 位の 113 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 26）において欠失している。また、配列番号 25 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の同位置に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 25）において、配列番号 26 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 79 位～290 位の 212 bp が挿入されている。ここで、配列番号 25 を配列番号 26 と比較すると、配列番号 25 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 258 位の SNP（グアニン>アデニン）及び 304 位の SNP（チミン>アデニン）も観察される。

【0028】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 27 の配列上に存在し、配列番号 27 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 83 位～135 位の 53 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 28）において欠失している。また、配列番号 27 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 211 位～212 位間に、配列番号 28 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 213 位～214 位の 2 bp が挿入されている。ここで、配列番号 27 を配列番号 28 と比較すると、配列番号 27 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 15 位の SNP（シトシン>グアニン）も観察される。

10

【0029】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 29 の配列上に存在し、配列番号 29 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 124 位～203 位の 80 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 30）において欠失している。ここで、配列番号 29 を配列番号 30 と比較すると、配列番号 29 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 109 位の SNP（アデニン>グアニン）及び 206 位の SNP（シトシン>チミン）も観察される。

20

【0030】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 31 の配列上に存在し、配列番号 31 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 247 位～340 位の 94 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 32）において欠失している。ここで、配列番号 31 を配列番号 32 と比較すると、配列番号 31 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 162 位の SNP（チミン>シトシン）、196 位の SNP（シトシン>チミン）、229 位の SNP（チミン>グアニン）、246 位の SNP（チミン>アデニン）及び 386 位の SNP（チミン>シトシン）も観察される。

30

【0031】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 33 の配列上に存在し、配列番号 33 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 171 位～342 位の 172 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 34）において欠失している。ここで、配列番号 33 を配列番号 34 と比較すると、配列番号 33 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 8 位の SNP（グアニン>アデニン）、25 位の SNP（アデニン>グアニン）、408 位の SNP（チミン>アデニン）、417 位の SNP（チミン>シトシン）、489 位の SNP（シトシン>アデニン）、515 位の SNP（チミン>シトシン）も観察される。

40

【0032】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 35 の配列上に存在し、配列番号 35 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 198 位～342 位の 145 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 36）において欠失している。また、配列番号 35 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の同位置に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 36）において、配列番号 36 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 197 位～627 位の 431 bp が挿入されている。また、配列番号 35 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 163 位の 1 bp が、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号 36）において欠失している。ここで

50

、配列番号 3 5 を配列番号 3 6 と比較すると、配列番号 3 5 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 4 位の SNP (チミン > シトシン) 、 1 2 8 位の SNP (チミン > グアニン) 、 1 3 2 位の SNP (シトシン > チミン) 、 1 4 6 位の SNP (シトシン > アデニン) 、 1 6 1 位の SNP (アデニン > グアニン) 、 1 8 7 位の SNP (シトシン > チミン) 、 1 8 9 位の SNP (アデニン > チミン) 、 1 9 1 位の SNP (チミン > アデニン) 、 1 9 4 位の SNP (グアニン > アデニン) 、 1 9 5 位の SNP (アデニン > チミン) も観察される。

【 0 0 3 3 】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 3 7 の配列上に存在し、配列番号 3 7 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 1 7 6 位 ~ 2 1 3 位の 3 8 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 3 8) において欠失している。ここで、配列番号 3 7 を配列番号 3 8 と比較すると、配列番号 3 7 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 9 4 位の SNP (アデニン > チミン) 、 9 6 位の SNP (グアニン > チミン) 、 1 7 4 位の SNP (シトシン > グアニン) 、 2 4 5 位の SNP (グアニン > アデニン) 、 2 4 9 位の SNP (アデニン > シトシン) 、 3 2 5 位の SNP (チミン > シトシン) 、 3 6 7 位の SNP (グアニン > アデニン) も観察される。

【 0 0 3 4 】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 3 9 の配列上に存在し、配列番号 3 9 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 0 7 位 ~ 3 1 5 位の 1 0 9 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 3 9) において欠失している。ここで、配列番号 3 9 を配列番号 4 0 と比較すると、配列番号 3 9 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 3 3 位の SNP (チミン > アデニン) 、 3 7 位の SNP (アデニン > グアニン) 、 4 8 位の SNP (アデニン > シトシン) 、 6 6 位の SNP (グアニン > シトシン) 、 6 7 位の SNP (アデニン > グアニン) 、 8 4 位の SNP (チミン > シトシン) 、 8 7 位の SNP (シトシン > チミン) 、 1 0 7 位の SNP (グアニン > シトシン) 、 3 3 1 位の SNP (チミン > シトシン) 、 3 4 0 位の SNP (チミン > シトシン) も観察される。

【 0 0 3 5 】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 4 1 の配列上に存在し、配列番号 4 1 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 7 8 位 ~ 4 3 2 位の 1 5 5 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 4 2) において欠失している。また、配列番号 4 1 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の同位置に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 4 2) において、配列番号 4 2 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 7 6 位 ~ 2 9 3 位の 1 8 bp が挿入されている。ここで、配列番号 4 1 を配列番号 4 2 と比較すると、配列番号 4 1 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 4 4 4 位の SNP (チミン > グアニン) 、 4 5 1 位の SNP (シトシン > チミン) 、 4 6 7 位の SNP (チミン > アデニン) 、 5 0 2 位の SNP (グアニン > チミン) 、 5 1 0 位の SNP (シトシン > チミン) 、 5 1 2 位の SNP (チミン > グアニン) 、 5 1 7 位の SNP (チミン > シトシン) 、 5 3 9 位の SNP (アデニン > グアニン) 、 5 4 0 位の SNP (シトシン > グアニン) も観察される。

【 0 0 3 6 】

さらなるインデルは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号 4 3 の配列上に存在し、配列番号 4 3 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 6 0 3 位 ~ 7 4 6 位の 1 4 4 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 4 4) において欠失している。また、配列番号 4 3 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の同位置に、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 4 4) において、配列番号 4 4 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 8 9 位 ~ 1 0 1 1 位の 4 2 3 bp が挿入されている。また、配列番号 4 3 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 4 1 2 位、 4 1 4 位、 4 6 0 位、 4 7 0 位、 5 6 9 位の各 1 bp がユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列 (配列番号 4 4) において欠失している。また、配列番号 4 3 に記載の塩基配列からなるゲ

10

20

30

40

50

ノムDNAの473位～477位の5bp、481位～483位の3bpが、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号44）において欠失している。ここで、配列番号43を配列番号44と比較すると、配列番号43に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの100位のSNP（グアニン>チミン）、210位のSNP（アデニン>グアニン）、228位のSNP（アデニン>グアニン）、298位のSNP（チミン>アデニン）、412位のSNP（アデニン>シトシン）、421位のSNP（チミン>シトシン）、439位のSNP（グアニン>アデニン）、452位のSNP（シトシン>アデニン）、461位のSNP（チミン>アデニン）、463位のSNP（シトシン>アデニン）、464位のSNP（アデニン>チミン）、485位のSNP（シトシン>チミン）、493位のSNP（アデニン>グアニン）、494位のSNP（グアニン>アデニン）、495位のSNP（チミン>アデニン）、496位のSNP（グアニン>アデニン）、502位のSNP（アデニン>グアニン）、503位のSNP（チミン>アデニン）、505位のSNP（グアニン>アデニン）、516位のSNP（アデニン>グアニン）、530位のSNP（アデニン>グアニン）、532位のSNP（グアニン>アデニン）、541位のSNP（グアニン>アデニン）、542位のSNP（シトシン>チミン）、544位のSNP（チミン>シトシン）、549位のSNP（グアニン>アデニン）、553位のSNP（シトシン>チミン）、554位のSNP（シトシン>チミン）、577位のSNP（チミン>シトシン）、748位のSNP（シトシン>チミン）、774位のSNP（グアニン>アデニン）、775位のSNP（グアニン>チミン）、779位のSNP（アデニン>チミン）、790位のSNP（グアニン>アデニン）も観察される。

10

20

【0037】

表3に示されるように、ユーストマ・グランディフロラム‘紫盃’とユーストマ・エグザルタトゥム‘大川1号’のQTL解析により見出された1又は複数のSNPの一つは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号4の配列上に存在し、配列番号4に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの100位のシトシンがユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号10）においてチミンである。また、もう一つのゲノムDNAは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号5の配列上に存在し、配列番号5に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの37位のアデニン及び38位のグアニンが、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号11）において、それぞれチミン及びアデニンである。さらに、もう一つのゲノムDNAは、ユーストマ・グランディフロラムの配列番号6の配列上に存在し、配列番号6に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの8位のシトシン、40位のグアニン、53位のシトシン及び100位のチミンが、ユーストマ・エグザルタトゥムの対応する配列（配列番号12）において、順にアデニン、アデニン、チミン及びシトシンである。

30

【0038】

本明細書において、配列同一性は、例えば、少なくとも75%、80%、85%、88%、91%、92%、93%、94%、95%、96%、97%、98%、99%であるか、又は100%であってもよい。

【0039】

<フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法>

40

本実施形態に係る、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を判別する方法（以下「本判別方法」ともいう）は、被検トルコギキョウ植物が、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の（1）～（19）からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含む。

（1）配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（2）配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥ

50

ム型である

(3) 配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(4) 配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(5) 配列番号5のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(6) 配列番号6のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(7) 配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である 10

(8) 配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(9) 配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(10) 配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(11) 配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(12) 配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である 20

(13) 配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(14) 配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である 30

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

【0040】

被験トルコギキョウ植物とは、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であるか否か判別する対象となるトルコギキョウ植物を意味する。

【0041】

なお、上記(1)～(19)の条件を満たすか否かについては、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43の各配列全体を調べる必要がある訳ではなく、あくまでも配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43に記載の塩基配列からなるゲノムDNAに対応するDNAが、ユーストマ・エグザルタトウム型か否かを判断できればよい。例えば、表2に示し、また後述する特定のインデルが存在しているか否かで(1)～(3)及び(7)～(19)の各条件を満たすか判断する場合、特定のインデルが存在していれば(1)～(3)及び(7)～(19)の各条件を満たすと判断できるため、配列番号1～3、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかに記載の塩基配列からなるゲノムDNAに対応するDNA 40

10

20

30

40

50

全体を調べる必要はなく、インデルの有無のみの調査で足りる。また、例えば、表2及び3に示し、また後述する特定のSNPが存在しているか否かで(1)～(19)の各条件を満たすか判断する場合、特定のSNPが存在していれば(1)～(19)の各条件を満たすと判断できるため、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のいずれかに記載の塩基配列からなるゲノムDNAに対応するDNA全体を調べる必要はなく、SNPの有無のみの調査で足りる。また、インデルの有無とSNPの有無を組み合わせて調査してもよい。

【0042】

被験トルコギキョウ植物は、ユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物であってもよい。ユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物として、例えば、ユーストマ・エグザルタトゥムを使用して交配により作出した交配後代植物、ユーストマ・エグザルタトゥムを使用して薬培養により作出した半数体を倍加した植物、及びユーストマ・エグザルタトゥムを使用して遺伝子組み換え技術等により作出した植物等が挙げられる。

10

【0043】

本判別方法は、相同染色体上の2箇所において、上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、前記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別することを含むものであってもよい。この場合、当該交配後代トルコギキョウ植物は、上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たすゲノムDNAをホモ型に有することになる。

20

【0044】

本判別方法は、被検トルコギキョウ植物が、上記(1)～(19)からなる群から選択される2以上、3以上、4以上、5以上、6以上、8以上、10以上、13以上、15以上、17以上又はすべての条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別するものであってもよい。

【0045】

また、本判別方法は、上記(1)～(19)の条件のうち、上記(1)～(3)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別するものであってもよく、上記(4)～(6)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別するものであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

30

【0046】

また、本判別方法は、上記(1)～(3)に加え、(7)の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別するものであってもよい。また、本判別方法は、上記(4)～(5)に加え、(7)の条件を満たす場合に、上記被検トルコギキョウ植物を、フザリウム属菌(例えば、フザリウム・ソラニー)による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であると判別するものであってもよい。これにより強い抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

40

【0047】

配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43の各配列番号に示される配列に対応するゲノムDNAが、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、上述したユーストマ・グランディフロラムとユーストマ・エグザルタトゥムの差異(表2及び表3参照)に基づき、ユーストマ・エグザルタトゥムにより近いことを意味する。

【0048】

50

ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、具体的には、例えば、配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 7 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 8 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 9 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 20 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 22 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 24 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 26 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 28 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 29 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 30 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 31 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 32 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 33 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 34 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 35 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 36 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 37 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 38 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 39 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 40 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、配列番号 41 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 42 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有すること、及び配列番号 43 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 44 の配列と少なくとも 90 % の配列同一性を有することが挙げられる。ここで配列同一性は、少なくとも 75 %、85 %、88 %、91 %、92 %、93 %、94 %、95 %、96 %、97 %、98 %、99 % であるか、又は 100 % であってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

【 0 0 4 9 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 1 における 56 ~ 157 位の塩基が欠失していること、配列番号 2 における 174 ~ 213 位の塩基が欠失していること、配列番号 3 における 139 ~ 154 位の塩基が欠失していること、配列番号 19 のゲノム DNA における 330 位 ~ 331 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 328 位 ~ 420 位の塩基が挿入されていること、配列番号 19 のゲノム DNA における 391 位 ~ 392 位間に配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 481 位 ~ 491 位の塩基が挿入されていること、配列番号 19 のゲノム DNA における 78 位 ~ 80 位の塩基が欠失していること、配列番号 21 のゲノム DNA における 240 位 ~ 291 位の塩基が欠失していること、配列番号 23 のゲノム DNA における 152 位 ~ 153 位の塩基が欠失していること、配列番号 23 のゲノム DNA における 260 位 ~ 535 位の塩基が欠失していること、配列番号 23 のゲノム DNA における 538 位 ~ 569 位の塩基が欠失していること、配列番号 23 のゲノム DNA における 165 位 ~ 166 位間に配列番号 24 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 166 位 ~ 193 位の塩基が挿入されていること、配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位の塩基が欠失していること、配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位 ~ 190 位において配列番号 26 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 79 位 ~ 290 位の塩基が挿入されていること、配列番号 27 のゲノム DNA における 83 位 ~ 135 位の塩基が欠失していること、配列番号 29 のゲノム DNA における 124 位 ~ 203 位の塩基が欠失していること、配列番号 31 のゲノム DNA における 247 位 ~ 340 位の塩基が欠失していること、配列番号 33 のゲノム DNA における 171 位 ~ 342 位の塩基が欠失していること、配列番号 35 のゲノム DNA における 198 位 ~ 342 位の塩基が欠失

10

20

30

40

50

していること、配列番号 3 5 のゲノム DNA における 1 9 8 位～3 4 2 位に配列番号 3 6 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 1 9 7 位～6 2 7 位の塩基が挿入されていること、配列番号 3 7 のゲノム DNA における 1 7 6 位～2 1 3 位の塩基が欠失していること、配列番号 3 9 のゲノム DNA における 2 0 7 位～3 1 5 位の塩基が欠失していること、配列番号 4 1 のゲノム DNA における 2 7 8 位～4 3 2 位の塩基が欠失していること、配列番号 4 1 のゲノム DNA における 2 7 8 位～4 3 2 位に配列番号 4 2 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 7 6 位～2 9 3 位の塩基が挿入されていること、配列番号 4 3 のゲノム DNA における 6 0 3 位～7 4 6 位の塩基が欠失していること、配列番号 4 3 のゲノム DNA における 6 0 3 位～7 4 6 位に配列番号 4 4 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 8 9 位～1 0 1 1 位の塩基が挿入されていること、配列番号 4 3 のゲノム DNA における 4 7 3 位～4 7 7 位が欠失していることであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

【 0 0 5 0 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 1 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 1 0 5 b p (例えば、1 0 0 ～1 0 7 b p) 短いこと、配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 3 8 b p (例えば、3 5 ～4 0 b p) 短いこと、配列番号 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 6 b p (例えば、1 3 ～1 7 b p) 短いこと、配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 9 3 b p (例えば、9 0 ～9 5 b p) 長いこと、配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 1 b p (例えば、9 b p ～1 3 b p) 長いこと、配列番号 2 1 のゲノム DNA に対応する配列が約 5 2 b p (例えば、5 0 b p ～5 5 b p) 短いこと、配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 3 0 8 b p (例えば、3 0 0 b p ～3 1 2 b p) 短いこと、配列番号 2 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 2 8 b p (例えば、2 5 b p ～3 1 b p) 長いこと、配列番号 2 5 のゲノム DNA に対応する配列が約 9 9 b p (例えば、9 5 b p ～1 0 4 b p) 長いこと、配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応する配列が約 5 3 b p (例えば、5 0 b p ～5 6 b p) 短いこと、配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 8 0 b p (例えば、7 7 b p ～8 3 b p) 短いこと、配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応する配列が約 9 4 b p (例えば、9 1 b p ～9 7 b p) 短いこと、配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 7 2 b p (例えば、1 6 8 b p ～1 7 5 b p) 短いこと、配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応する配列が約 2 8 6 b p (例えば、2 8 0 b p ～2 9 4 b p) 長いこと、配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応する配列が約 3 8 b p (例えば、3 5 b p ～4 1 b p) 短いこと、配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 0 9 b p (例えば、1 0 6 b p ～1 1 2 b p) 短いこと、配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 3 7 b p (例えば、1 3 2 b p ～1 4 2 b p) 短いこと、配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 2 6 6 b p (例えば、2 6 0 b p ～2 7 2 b p) 長いことであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。上記の各配列が特定の長さ分短いこと又は長いことは、各配列のインデルの合計が特定の長さであることを表す。すなわち、例えば、配列番号 1 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 1 0 2 b p (例えば、1 0 0 ～1 0 7 b p) 短いことは、配列番号 1 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA におけるインデル (この場合は欠失) が約 1 0 5 b p であることを意味する。

【 0 0 5 1 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であることを、表 2 において示した SNP に基づき決定してもよく、例えば、配列番号 1 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 2 位の塩基がシトシンであること、配列番号 2 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 4 5 位がアデニンであり、且つ / 又は 2 4 9 位の塩基がシトシンであること、並びに配列番号 3 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 6 位がチミンであり、且つ / 又は 1 5 9 位の塩基がグアニンであることであってもよい。また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であることを、上述したインデルと SNP を組み合わせて決定してもよい。

【 0 0 5 2 】

10

20

30

40

50

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 10 の配列と 99 % 以上又は 100 % の配列同一性を有すること、配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 11 の配列と 99 % 以上又は 100 % の配列同一性を有すること、及び配列番号 6 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 12 の配列と 99 % 以上又は 100 % の配列同一性を有することことが挙げられる。また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 4 における 100 位の塩基がチミンであること、配列番号 5 における 37 位の塩基がチミンであり、且つ / 又は 38 位の塩基がアデニンであること、並びに、配列番号 6 における 8 位の塩基がアデニンであり、且つ / 又は 40 位の塩基がアデニンであり、且つ / 又は 53 位の塩基がチミンであり、且つ / 又は 100 位の塩基がシトシンであることであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

【 0053 】

配列番号 1 ~ 6 の各配列番号に示される配列のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法としては、当業者が通常用いる方法を用いることができるが、後述するインデル、一塩基多型 (SNP) に基づく方法の他に、例えば、対応するゲノム DNA に対するプローブを用いてハイブリダイゼーションを行う方法、及び対応するゲノム DNA をクローニングし、ユーストマ・エグザルタトゥムの配列と比較する方法等が挙げられる。

【 0054 】

インデルに基づく方法としては、上述した方法以外に、例えば、欠失及び / 又は挿入を挟み込むように設計されたプライマーセットを用いた PCR 法によって増幅した DNA 断片の長さに基づき、配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 19 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 21 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 23 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 25 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 27 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 29 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 31 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 33 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 35 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 37 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 39 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 41 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否か、及び / 又は配列番号 43 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法が挙げられる。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より簡便に効率的よく判別することができる。各プライマーセットを用いて増幅した DNA 断片の長さがより短い又はより長いとユーストマ・エグザルタトゥム型であると決定することができる。より具体的には、配列番号 1 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 102 bp (例えば、100 ~ 105 bp) 短いこと、配列番号 2 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 38 bp (例えば、35 ~ 38 bp) 短いこと、配列番号 3 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 16 bp (例えば、13 ~ 16 bp) 短いことにより、ユーストマ・エグザ

10

20

30

40

50

ルタトゥム型であると決定することができる。他の各配列が特定の長さ分短いこと又は長いことについては、上述したとおりであり、その情報も当然使用することができる。PCR法により増幅することは、例えば、被験トルコギキョウ植物からDNA抽出し、そのDNAを鑄型として各プライマーセットを用いてPCR法によりDNA断片を増幅することであってよい。増幅したDNA断片の長さは、例えば、アガロースゲル電気泳動により確認できる。増幅したDNA断片の長さは、例えば、分子量マーカーとの比較により確認することができる。また、例えば、ユーストマ・グランディフロラム及び/又はユーストマ・エグザルタトゥムの対応するゲノムDNAの増幅断片を対照として共に電気泳動し、増幅断片の長さを比較することにより、インデルの有無を判断することもできる。

【0055】

プライマーセットは、インデル（欠失及び/又は挿入）を挟み込むように設計され、且つ増幅したDNA断片の長さによりインデルの有無が検出できるものであればよく、各配列番号1~3、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43上に存在する配列に基づくものであってもよいが、基づかないものであってもよい。また、プライマーは、オリゴヌクレオチドプライマーであってよく、各プライマーの長さも特に制限されないが、例えば、18 bp ~ 35 bp、20 bp ~ 30 bp又は20 bp ~ 25 bpであってもよい。例えば、プライマーセットは、表2のIDE756_180Fの欠失を挟み込むが、配列番号1よりも広いゲノムDNAを増幅するように設計されてもよい。また、プライマーセットは、1種のフォワードプライマー及び1種のリバースプライマーを含むプライマー対に限られず、例えば、2種のフォワードプライマー及び1種リバースプライマーを含むものであってもよい。フォワードプライマーは、インデルの5'側、リバースプライマーがインデルの3'側に設計されてもよい。プライマーセットは、インデルのすぐ上流及び下流に設計する必要はなく、インデル部分を含む領域を増幅するものであればよく、例えば、ユーストマ・グランディフロラムのゲノムにおける50~800 bp、100~500 bp又は150~400 bpのDNA断片を増幅するものであってもよい。また、例えば、プライマーセットは、配列番号1における56~157位の塩基の欠失、配列番号2における174~213位の塩基の欠失、又は配列番号3における139~154位の塩基の欠失を挟み込むように設計され、ユーストマ・グランディフロラムのゲノムにおける50~1200 bp、100~800 bp、200 bp ~ 700 bp又は150~400 bpのDNA断片を増幅するものであってもよい。

【0056】

このようなプライマーセットの一例としては、表2のIDE756_180Fの欠失を挟み込むフォワードプライマーAGTTTGCTTCCAGTGAGACCTC（配列番号13）及びリバースプライマーAGCAAAAGGCCATACCA（配列番号14）、表2のIDE934_147Fの欠失を挟み込むフォワードプライマーカGAAAGATGACGGCATACCA（配列番号15）及びリバースプライマーGGCCAGATCGTTCGCAAATC（配列番号16）、並びに、表2のIDE965_187Fの欠失を挟み込むフォワードプライマーGTCACGAGTTCAAGCTGCAGA（配列番号17）及びリバースプライマーATACAAAGGACGCTCCCGTAG（配列番号18）が挙げられる。これらは、それぞれがトルコギキョウ植物において、配列番号1、2及び3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAを特異的に増幅することができるプライマーセットである。例えば、上記配列番号13~18に記載の各塩基配列と99%以上、98%以上、97%以上、95%以上、90%以上、85%以上又は80%以上の配列相同性を有するヌクレオチド配列を含むプライマーを使用してもよい。

【0057】

SNPに基づく方法として、上述した方法以外に、例えば、増幅断片多型法（RAPD法）、制限酵素切断断片長多型法（RFLP法）、CAPS（Cleaved Amplified Polymorphic Sequence）法、SSLP（simple sequence length polymorphism）法、増幅断片長多型法（A

10

20

30

40

50

F L P 法) 及び S S C P (Single-stranded conformation polymorphism) 法等が挙げられる。既知の S N P に基づいて判別する方法としては、当業者が通常用いる方法を用いることができるが、例えば、S S R (Simple sequence repeat) マーカー及び S N P マーカー等の D N A マーカーを使用した方法が挙げられる。D N A マーカーを使用する場合には、既知の S N P を含むゲノム D N A の配列に基づいて適宜プライマー / プローブを設計し、例えば、蛍光標識したプローブにより S N P の塩基タイプを確認する方法、P C R 等の D N A 増幅法により増幅の有無を確認する方法、及び増幅産物を特定の制限酵素により処理した際の切断の有無を確認する方法 (C A P S マーカー等) が挙げられる。増幅産物を特定の制限酵素により処理する場合であって、S N P が制限酵素認識部位に含まれない場合には、制限酵素認識部位を付加する d C A P S (Derived Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) マーカーのプライマーを設計して使用してもよい。

【 0 0 5 8 】

本判別方法により、上記ゲノム D N A における違いに基づき、フザリウム属菌 (例えば、フザリウム・ソラニー) によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を効率的に判別することができる。

【 0 0 5 9 】

本発明は、一実施形態として、上記の本判別方法において、配列番号 1 ~ 6 のゲノム D N A のゲノム D N A のいずれかに対応するゲノム D N A がユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマーカーも提供する。マーカーは、フザリウム属菌 (例えば、フザリウム・ソラニー) による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を選抜するための選抜マーカーであってもよい。

【 0 0 6 0 】

このようなマーカーとしては、例えば、上述した配列番号 1 ~ 6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41 及び 43 の各配列番号に示される配列のゲノム D N A に対応するゲノム D N A が、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法に用いることができるプライマー (セット)、及びプローブ等を挙げることができる。具体的には、例えば、対応するゲノム D N A に対するプローブを用いてハイブリダイゼーションによりユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法におけるプローブ、インデル (欠失及び / 又は挿入) を挟み込むように設計されたプライマーセット、S N P の塩基タイプを確認するためのプローブ、S N P の有無を D N A 増幅法による増幅の有無により確認するためのプライマーのセット、並びに D N A 増幅法による増幅産物を特定の制限酵素により処理した際の切断の有無により S N P の有無を確認するための d C A P S マーカー等が挙げられる。

【 0 0 6 1 】

また、このようなマーカー又はマーカーのセットを、上記の本判別方法において、被検トルコギキョウ植物がフザリウム属菌 (例えば、フザリウム・ソラニー) による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であるか否かを判別するためのマーカー又はマーカーのセットとすることもできる。

【 0 0 6 2 】

このようなマーカー又はマーカーのセットとしては、例えば、配列番号 1 における 56 ~ 157 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 2 における 174 ~ 213 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 3 における 139 ~ 154 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 19 のゲノム D N A における 330 位 ~ 331 位間ににおける、配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム D N A の 328 位 ~ 420 位の塩基の挿入を挟み込むよう

10

20

30

40

50

に設計されたプライマーセット、

配列番号 19 のゲノム DNA における 391 位～392 位間ににおける、配列番号 20 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 481 位～491 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 19 のゲノム DNA における 78 位～80 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 21 のゲノム DNA における 240 位～291 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 23 のゲノム DNA における 260 位～569 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 23 のゲノム DNA における 165 位～166 位間ににおける、配列番号 24 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 166 位～193 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位～190 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 25 のゲノム DNA における 78 位～190 位における配列番号 26 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 79 位～290 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 27 のゲノム DNA における 83 位～135 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 29 のゲノム DNA における 124 位～203 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 31 のゲノム DNA における 247 位～340 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 33 のゲノム DNA における 171 位～342 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 35 のゲノム DNA における 198 位～342 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 35 のゲノム DNA における 198 位～342 位における配列番号 36 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 197 位～627 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 37 のゲノム DNA における 176 位～213 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 39 のゲノム DNA における 207 位～315 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 41 のゲノム DNA における 278 位～432 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 41 のゲノム DNA における 278 位～432 位における配列番号 42 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 276 位～293 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 603 位～746 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 603 位～746 位における配列番号 44 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 589 位～1011 位の塩基の挿入を挟み込むように設計されたプライマーセット、

配列番号 43 のゲノム DNA における 473 位～477 位の塩基の欠失を挟み込むように設計されたプライマーセット、並びにこれらの組み合わせからなる群から選択されるものが挙げられる。

【0063】

本実施形態に係るマーカーにおける具体的な態様等は、本判別方法の欄を含む、上述し

10

20

30

40

50

た具体的な態様等を制限なく適用できる。

【0064】

<フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する方法>

本実施形態に係る、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する方法（以下「本作出方法」ともいう）は、ユーストマ・エグザルタトゥムとフザリウム・ソラニーによる立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物において、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の（1）～（19）からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、当該交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含む。

（1）配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（2）配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（3）配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（4）配列番号4のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（5）配列番号5のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（6）配列番号6のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（7）配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（8）配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（9）配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（10）配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（11）配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（12）配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（13）配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（14）配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（15）配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（16）配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（17）配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（18）配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（19）配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型である

上記（1）～（19）からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合には、当該交配後代トルコギキョウ植物が、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）によ

10

20

30

40

50

る立枯病に対して抵抗性を示す可能性が高いからである。

【 0 0 6 5 】

交配後代トルコギキョウ植物は、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥムとフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物との交配により得られた雑種第1代（F₁）であってもよく、さらなる交配により得られた雑種第2代（F₂）以降の植物、例えば、F₃、F₄であってもよく、例えば、F₁を罹病性であるトルコギキョウ植物と戻し交配をした第1代（B C₁）であってもよく、さらに戻し交配をした第2代（B C₂）以降の植物であってもよい。

【 0 0 6 6 】

フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるユーストマ・グランディフロラムと抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥムとの雑種第1代は、ユーストマ・グランディフロラムのゲノムDNAとユーストマ・エグザルタトゥムのゲノムDNAをヘテロ型に有するが、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性を示す。

【 0 0 6 7 】

本作出方法は、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物と、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥム又はユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物を交配することを含んでもよい。

【 0 0 6 8 】

フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物としては、例えば、ユーストマ・エグザルタトゥムを使用して交配により作出了交配後代植物、ユーストマ・エグザルタトゥムを使用して薬培養により作出了半数体を倍加した植物、及びユーストマ・エグザルタトゥムを使用して遺伝子組み換え技術等により作出了植物等であって、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性を示す植物が挙げられる。

【 0 0 6 9 】

フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物は、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるユーストマ属植物であれば特に限定されないが、例えば、ユーストマ・グランディフロラム又はユーストマ・グランディフロラムに由来する植物としては、例えば、ユーストマ・グランディフロラム‘紫盃’、‘ミンク’、‘ボレロホワイト’等が挙げられる。フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるユーストマ・グランディフロラムに由来する植物としては、例えば、ユーストマ・グランディフロラムを使用して交配により作出了交配後代植物、ユーストマ・グランディフロラムを使用して薬培養により作出了半数体を倍加した植物、及びユーストマ・グランディフロラムを使用して遺伝子組み換え技術等により作出了植物等であって、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性である植物が挙げられる。

【 0 0 7 0 】

本作出方法は、交配後代トルコギキョウ植物において、相同染色体上の2箇所において、上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合に、当該交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含むものであってもよい。この場合、当該交配後代トルコギキョウ植物は、上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たすゲノムDNAをホモ型に有することになる。このような交配後代トルコギキョウ植物を作出する方法としては、例えば、上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たすゲノムDNAを有する雄親及び同様の条件を満たすゲノムDNAを有する雌親を用いた交配により得られた後代トルコギキョウ植物からマーカー等を用いて選抜する方法、並びに上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件

10

20

30

40

50

を満たすゲノムDNAを有する植物から薬培養により上記ゲノムDNAを有する半数体を作出し、倍化する方法等が挙げられる。

【0071】

本作出方法は、交配後代トルコギキョウ植物において、上記(1)～(19)からなる群から選択される2以上、3以上、4以上、5以上又はすべての条件を満たす場合に、当該交配後代トルコギキョウ植物を選抜することを含んでもよい。

【0072】

また、本作出方法は、上記(1)～(19)の条件のうち、上記(1)～(3)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜するものであってもよく、上記(4)～(6)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜するものであってもよい。これにより抵抗性を示す交配後代トルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく選抜することができる。

10

【0073】

また、本作出方法は、上記(1)～(3)に加え、(7)の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜するものであってもよい。また、本作出方法は、上記(4)～(5)に加え、(7)の条件を満たす場合に、上記交配後代トルコギキョウ植物を選抜するものであってもよい。これにより強い抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく選抜することができる。

【0074】

20

配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43の各配列番号に示される配列のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、上述したユーストマ・グランディフロラムとユーストマ・エグザルタトゥムの差異に基づき、ユーストマ・エグザルタトゥムにより近いことを意味する(表2及び表3参照)。

【0075】

ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、具体的には、例えば、配列番号1のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号7の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号8の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号3のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号9のゲノムDNAの配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であることが、配列番号19のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号20の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号21のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号22の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号23のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号24の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号25のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号26の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号27のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号28の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号29のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号30の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号31のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号32の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号33のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号34の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号36の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号38の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号40の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号42の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること、及び配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが配列番号44の配列と少なくとも90%の配列同一性を有すること。

30

40

50

とも 90 % の配列同一性を有することが挙げられる。ここで配列同一性は、少なくとも 75 %、85 %、88 %、91 %、92 %、93 %、94 %、95 %、96 %、97 %、98 %、99 % であるか、又は 100 % であってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく選抜することができる。

【 0 0 7 6 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号1のゲノムDNAにおける56～157位の塩基が欠失していること、配列番号2における174～213位の塩基が欠失していること、配列番号3のゲノムDNAにおける139～154位の塩基が欠失していること、配列番号19のゲノムDNAにおける330位～331位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの328位～420位の塩基が挿入されていること、配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間に配列番号20に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの481位～491位の塩基が挿入されていること、配列番号19のゲノムDNAにおける78位～80位の塩基が欠失していること、配列番号21のゲノムDNAにおける240位～291位の塩基が欠失していること、配列番号23のゲノムDNAにおける260位～535位の塩基が欠失していること、配列番号23のゲノムDNAにおける538位～569位の塩基が欠失していること、配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間に配列番号24に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの166位～193位の塩基が挿入されていること、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位の塩基が欠失していること、配列番号25のゲノムDNAにおける78位～190位において配列番号26に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの79位～290位の塩基が挿入されていること、配列番号27のゲノムDNAにおける83位～135位の塩基が欠失していること、配列番号29のゲノムDNAにおける124位～203位の塩基が欠失していること、配列番号31のゲノムDNAにおける247位～340位の塩基が欠失していること、配列番号33のゲノムDNAにおける171位～342位の塩基が欠失していること、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位の塩基が欠失していること、配列番号35のゲノムDNAにおける198位～342位に配列番号36に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの197位～627位の塩基が挿入されていること、配列番号37のゲノムDNAにおける176位～213位の塩基が欠失していること、配列番号39のゲノムDNAにおける207位～315の塩基が欠失していること、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位の塩基が欠失していること、配列番号41のゲノムDNAにおける278位～432位に配列番号42に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの276位～293位の塩基が挿入されていること、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位の塩基が欠失していること、配列番号43のゲノムDNAにおける603位～746位に配列番号44に記載の塩基配列からなるゲノムDNAの589位～1011位の塩基が挿入されていること、配列番号43のゲノムDNAにおける473位～477位が欠失していることであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。

【 0 0 7 7 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号1のゲノムDNAのゲノムDNAに対応するゲノムDNAが約105bp（例えば、100～107bp）短いこと、配列番号2のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが約38bp（例えば、35～40bp）短いこと、配列番号3のゲノムDNAに対応する配列が約16bp（例えば、13～17bp）短いこと、配列番号19のゲノムDNAに対応する配列が約93bp（例えば、90～95bp）長いこと、配列番号19のゲノムDNAに対応する配列が約11bp（例えば、9bp～13bp）長いこと、配列番号21のゲノムDNAに対応する配列が約52bp（例えば、50bp～55bp）短いこと、配列番号23のゲノムDNAに対応する配列が約308bp（例えば、300bp～312bp）短いこと、配列番号23のゲノムDNAに対応する配列が約28bp（例えば、25bp～31bp）長いこと、配列番号25のゲノムDNAに対応する配列が約99bp（例えば、95bp

p ~ 1 0 4 b p) 長いこと、配列番号 2 7 のゲノム DNA に対応する配列が約 5 3 b p (例えば、5 0 b p ~ 5 6 b p) 短いこと、配列番号 2 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 8 0 b p (例えば、7 7 b p ~ 8 3 b p) 短いこと、配列番号 3 1 のゲノム DNA に対応する配列が約 9 4 b p (例えば、9 1 b p ~ 9 7 b p) 短いこと、配列番号 3 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 7 2 b p (例えば、1 6 8 b p ~ 1 7 5 b p) 短いこと、配列番号 3 5 のゲノム DNA に対応する配列が約 2 8 6 b p (例えば、2 8 0 b p ~ 2 9 4 b p) 長いこと、配列番号 3 7 のゲノム DNA に対応する配列が約 3 8 b p (例えば、3 5 b p ~ 4 1 b p) 短いこと、配列番号 3 9 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 0 9 b p (例えば、1 0 6 b p ~ 1 1 2 b p) 短いこと、配列番号 4 1 のゲノム DNA に対応する配列が約 1 3 7 b p (例えば、1 3 2 b p ~ 1 4 2 b p) 短いこと、配列番号 4 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 2 6 6 b p (例えば、2 6 0 b p ~ 2 7 2 b p) 長いことであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく判別することができる。上記の各配列が特定の長さ分短いこと又は長いことは、各配列のインデルの合計が特定の長さであることを表す。すなわち、例えば、配列番号 1 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が約 1 0 2 b p (例えば、1 0 0 ~ 1 0 7 b p) 短いことは、配列番号 1 のゲノム DNA のゲノム DNA に対応するゲノム DNA におけるインデル（この場合は欠失）が約 1 0 5 b p であることを意味する。

【 0 0 7 8 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であることを、表 2 において示した SNP に基づき決定してもよく、例えば、配列番号 1 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 2 位の塩基がシトシンであること、配列番号 2 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 2 4 5 位がアデニンであり、且つ／又は 2 4 9 位の塩基がシトシンであること、並びに配列番号 3 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 5 6 位がチミンであり、且つ／又は 1 5 9 位の塩基がグアニンであることであってもよい。また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であることを、上述したインデルと SNP を組み合わせて決定してもよい。

【 0 0 7 9 】

また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 4 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 1 0 の配列と 9 9 % 以上又は 1 0 0 % の配列同一性を有すること、配列番号 5 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 1 1 の配列と 9 9 % 以上又は 1 0 0 % の配列同一性を有すること、及び配列番号 6 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 1 2 の配列と 9 9 % 以上又は 1 0 0 % の配列同一性を有することことが挙げられる。また、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるとは、例えば、配列番号 4 における 1 0 0 位の塩基がチミンであること、配列番号 5 における 3 7 位の塩基がチミンであり、且つ／又は 3 8 位の塩基がアデニンであること、並びに、配列番号 6 における 8 位の塩基がアデニンであり、且つ／又は 4 0 位の塩基がアデニンであり、且つ／又は 5 3 位の塩基がチミンであり、且つ／又は 1 0 0 位の塩基がシトシンであることであってもよい。これにより抵抗性を示すトルコギキョウ植物を、より効率的に精度よく選抜することができる。

【 0 0 8 0 】

配列番号 1 ~ 6 、 1 9 、 2 1 、 2 3 、 2 5 、 2 7 、 2 9 、 3 1 、 3 3 、 3 5 、 3 7 、 3 9 、 4 1 及び 4 3 の各配列番号に示される配列のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法に関しては、上述したとおりである。

【 0 0 8 1 】

トルコギキョウ植物の交配方法は特に限定されることなく、当業者が通常用いる方法により行うことができる。フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物を雄親として、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥム又はユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物を雌親としてもよく、逆でもよい。また、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性である

トルコギキョウ植物と、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性であるユーストマ・エグザルタトゥム又はユーストマ・エグザルタトゥムに由来する植物を交配することは、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を作出する過程でいずれかの段階で行われていればよく、最初の交配である必要はない。

【0082】

また、当該交配後代トルコギキョウ植物を選抜した後、さらに交配をしてもよい。例えば、より優れた形質を有する交配後代植物を得るために、例えば、近親交配、戻し交配及び連続戻し交配等を行ってもよい。例えば、ユーストマ・エグザルタトゥムとフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるユーストマ属植物（例えば、ユーストマ・グランディフロラム）の交配後代植物について、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対する抵抗性を示す植物体を選抜しながら罹病性であるユーストマ属植物との戻し交配を行うことで、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対する抵抗性を有しつつ、形質は罹病性であるユーストマ属植物により近い交配後代植物を得ることができる。

【0083】

本作出方法は、交配後代トルコギキョウ植物がフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対する抵抗性を有するか否かを判定することをさらに含んでもよい。本作出方法によれば、上記ゲノムDNAにおける違いに基づき、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）によるトルコギキョウ立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を選抜することができる。したがって、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）を接種する必要はないが、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）を接種することにより交配後代トルコギキョウ植物がフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対する抵抗性を有するか否かを確認することを妨げるものではない。例えば、交配後代トルコギキョウ植物を人工的にフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）に感染させ、同様にフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）に感染させた罹病性のトルコギキョウ植物（例えば、ユーストマ・グランディフロラム）（Mock）と比較して、発病の程度（例えば、表1の発病指数又は発病株率）が弱まれば抵抗性を示し、発病の程度が同等であれば抵抗性を有さない（罹病性である）と確認する方法が挙げられる。

【0084】

本作出方法により、上記ゲノムDNAにおける違いに基づき、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物と抵抗性であるトルコギキョウ植物の交配後代植物から、抵抗性を示すトルコギキョウ植物を効率的に選抜することができる。

【0085】

本作出方法における具体的な態様等は、上述した具体的な態様等を制限なく適用できる。

【0086】

本発明は、一実施形態として、上記の本作出方法において、配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43のゲノムDNAのいずれかに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定するためのマーカーも提供する。マーカーは、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物を選抜するための選抜マーカーであってもよい。

【0087】

このようなマーカーとしては、例えば、上述した配列番号1～6、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41及び43の各配列番号に示される配列のゲノムDNAに対応するゲノムDNAが、ユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法に用いることができるプライマー（セット）、及びプローブ等を挙げることができる。具体的には、例えば、対応するゲノムDNAに対するプローブを用

10

20

30

40

50

いてハイブリダイゼーションによりユーストマ・エグザルタトゥム型であるか否かを決定する方法におけるプローブ、インデルを挟み込むように設計されたプライマーセット、S N P の塩基タイプを確認するためのプローブ、S N P の有無をD N A 増幅法による増幅の有無により確認するためのプライマーのセット、並びにD N A 増幅法による増幅産物を特定の制限酵素により処理した際の切断の有無によりS N P の有無を確認するためのd C A P S マーカー等が挙げられる。

【 0 0 8 8 】

また、このようなマーカー又はマーカーのセットを、上記の本作出方法において、被検トルコギキョウ植物がフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に抵抗性を示すトルコギキョウ植物であるか否かを判別するためのマーカー又はマーカーのセットとすることもできる。

10

【 0 0 8 9 】

本実施形態に係るマーカーにおける具体的な態様等は、本判別方法の欄を含む、上述した具体的な態様等を制限なく適用できる。

【 0 0 9 0 】

<特定の条件を満たす、ユーストマ・エグザルタトゥムと罹病性トルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物>

本発明は、一実施形態として、ユーストマ・エグザルタトゥム（*E u s t o m a e x a l t a t u m*）とフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物であって、相同染色体上の少なくとも1箇所において、以下の（1）～（19）からなる群から選択される1以上の条件を満たすトルコギキョウ植物も提供する。

20

（1）配列番号1のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（2）配列番号2のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（3）配列番号3のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（4）配列番号4のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

30

（5）配列番号5のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（6）配列番号6のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（7）配列番号19のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（8）配列番号21のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（9）配列番号23のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

40

（10）配列番号25のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（11）配列番号27のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（12）配列番号29のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（13）配列番号31のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

（14）配列番号33のゲノムD N Aに対応するゲノムD N Aがユーストマ・エグザルタトゥム型である

50

(15) 配列番号35のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(16) 配列番号37のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(17) 配列番号39のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(18) 配列番号41のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

(19) 配列番号43のゲノムDNAに対応するゲノムDNAがユーストマ・エグザルタトウム型である

【0091】

当該交配後代トルコギキョウ植物は、人工的に交配により作出されたトルコギキョウ植物である。上記(1)～(19)からなる群から選択される1以上の条件を満たす場合には、当該交配後代トルコギキョウ植物は、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性を示す可能性が高い。したがって、当該交配後代トルコギキョウ植物は、フザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して抵抗性を示す、あるいは抵抗性であるトルコギキョウ植物であってもよい。

【0092】

本実施形態において、交配後代トルコギキョウ植物は、上記(1)～(19)からなる群から選択される2以上、3以上、4以上、5以上又はすべての条件を満たすものであってもよい。

【0093】

また、実施形態において、交配後代トルコギキョウ植物は、上記(1)～(19)の条件のうち、上記(1)～(3)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たすものであってもよく、上記(4)～(6)からなる群から選択される1以上、2以上又はすべての条件を満たすものであってもよい。

【0094】

また、交配後代トルコギキョウ植物は、上記(1)～(3)に加え、(7)の条件を満たすものであってもよい。また、交配後代トルコギキョウ植物は、上記(4)～(5)に加え、(7)の条件を満たすものであってもよい。このような交配後代トルコギキョウ植物はより強い抵抗性を示すことが期待される。

【0095】

ユーストマ・エグザルタトウムとフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物は、雑種第1代(F_1)であってもよく、さらなる交配により得られた雑種第2代(F_2)以降の植物、例えば、 F_3 、 F_4 であってもよく、例えば、 F_1 を罹病性であるトルコギキョウ植物と戻し交配をした第1代($B C_1$)であってもよく、さらに戻し交配をした第2代($B C_2$)以降の植物であってもよい。

【0096】

ユーストマ・エグザルタトウムとフザリウム属菌（例えば、フザリウム・ソラニー）による立枯病に対して罹病性であるトルコギキョウ植物の交配後代トルコギキョウ植物については、上述したとおりである。また、本実施形態における具体的な態様等は、本判別方法及び本作出方法の欄を含む、上述した具体的な態様等を制限なく適用できる。

【実施例】

【0097】

トルコギキョウゲノム情報を利用したフザリウム・ソラニー病害抵抗性遺伝因子の解析を行った。

【0098】

(1) 病害抵抗性の異なる系統を両親とした分離集団における病害抵抗性検定

トルコギキョウ生産圃場で立枯病を発症した個体から分離したフザリウム・ソラニーに

10

20

30

40

50

対し極強の抵抗性を示すトルコギキョウ野生種‘大川一号’と、極弱の抵抗性を示す固定自殖系統‘紫盃’を材料に、病害抵抗性を司る因子の遺伝性解析を行った。両系統を両親とする分離集団における病害抵抗性をフザリウム・ソラニーの接種検定により評価し、抵抗性の優劣性を明らかにした。

【0099】

接種検定は以下のように行った。水耕装置(ホームハイポニカ Sarah, 協和(株))に抵抗性分離集団を定植し、約3週間後に注射針で株元2箇所に針刺し付傷処理後に、菌濃度 $1 \times 10^7 \sim 1 \times 10^8$ 個/mLのフザリウム・ソラニーMAFF712388菌懸濁液を1mL/株ずつ株元灌注する方法で接種を行った。菌接種後1週間毎に発病程度を調査し、発病度、発病株率を算出した(表4)

【0100】

【表4】

表1 発病程度の基準と発病度、発病株率の計算方法

指 数	発 病 程 度
0	無発病
1	下位葉の萎れまたは生育不良
2	上位葉まで萎れ
3	株全体が青枯れまたは全身萎凋
4	枯死

$$\text{発病度} = \{\Sigma (\text{程度別発病株数} \times \text{指数}) / (\text{調査株数} \times 4)\} \times 100$$

$$\text{発病株率}(\%) = \text{指数1以上の株数} / \text{調査株数} \times 100$$

本調査方法は中課題1, 2, 3を通じて共通である。

【0101】

水耕措置を用いたトルコギキョウ立枯病(フザリウム・ソラニー)抵抗性検定法により、固定系統・品種のユーストマ・グランディフロラム‘紫盃’、ユーストマ・エグザルタトウム‘大川1号’及びその F_1 、 F_2 系統における抵抗性評価を行ったところ、「大川1号」は抵抗性(発病株率0%)、「紫盃」は罹病性(発病株率90%)、その F_1 系統は抵抗性(発病株率0%)であり、 F_2 系統では抵抗性が分離した。「大川1号」の抵抗性には遺伝性があり、優性の抵抗性遺伝子が存在することが示唆された。 F_2 の同一個体について抵抗性評価を反復実施するために、挿し芽増殖による F_2 検定材料の育苗法を確立し、 F_2 系統の接種試験を実施し、 F_2 抵抗性解析集団における各個体毎の抵抗性の分離を明らかにした。

【0102】

候補遺伝子座両領域を絞り込むには多くの組み替え個体が必要であるため、2年目には新たに F_2 系統191個体についてフザリウム・ソラニー山形菌株に対する病害抵抗性を評価した。 F_2 系統191個体における発病程度別個体数は、無発病(発病指数0)から枯死(発病指数4)と広く分離した。 F_2 系統では発病度、発病株率ともに、 F_2 の両親の中間の値を示した。

【0103】

繰り返されたさし穂によるQTL解析は、回数が増えるにつれ困難であると考えられたため、挿し穂ではなく実質的に同質と思われる実生苗を得るために作出してきた組替え自殖系統Recombinant inbred line(RILs)での抵抗性検定を行った。RILsは、遺伝子座乗領域同定を達成するために、ユーストマ・グランディフロラム系統‘紫盃’×ユーストマ・エグザルタトウム野生種‘大川1号’雑種を繰り返し自殖させたものである。

【0104】

10

20

30

40

50

同質な遺伝的背景を持つ R I L s 個体を 1 組あたり 20 個体ずつ定植し、10 組 200 個体に病原菌を接種した。全組について非接種区は発病度が 0 で推移した、接種区は、接種後 60 日目には、病害抵抗性に大きな開きが確認された。

【 0 1 0 5 】

(2) 病害抵抗性の異なる系統を両親とした分離集団を利用した病害抵抗性に関する遺伝子領域のゲノム座乗位置の同定

極弱の抵抗性を示す固定自殖系統‘紫盃’は、現在流通しているトルコギキョウ品種(ユーストマ・グランディフロラム)とのゲノム共通性が高いと予想されている。一方でフザリウム・ソラニーに対し極強の抵抗性を示すユーストマ・エグザルタトゥム野生種‘大川 1 号’のゲノムはユーストマ・グランディフロラムに対し多くの遺伝的多型をもつと考えられる。病害抵抗性遺伝子座の同定の第一歩として、両系統間の DNA 多型を同定した。10

【 0 1 0 6 】

多検体遺伝子型検定が容易なインデル(Indel; Insertion / deletion)を情報解析により探索し、‘紫盃’‘大川 1 号’間で 10 bp 以上の違いがあるインデルを同定した。そのうち、現在のリファレンスゲノムを構成する 943 個のコンティグに散在するインデルを 1 つのコンティグあたり 1 つずつ抽出し多型検出するためのプライマーを設計した。

【 0 1 0 7 】

設計したプライマーセットについて‘紫盃’‘大川 1 号’のゲノムを鋳型に PCR 増幅し、両系統間の多型をアガロースゲル電気泳動で確認した結果、多型を示すセットが多く確認され、そのうち 330 組のインデルマーカーについては雑種第二代においても安定的に増幅され多型を示した。20

【 0 1 0 8 】

次に RAD - Seq 解析により‘紫盃’‘大川 1 号’分離集団の多検体それぞれについて得ていたゲノム上に散在する制限酵素認識部位からの短鎖配列情報の中から、分離比の歪みのないマーカーを選抜し、短期間低コストかつ高い正確性で‘紫盃’×‘大川 1 号’交雑分離集団での DNA 多型解析を行った。20

【 0 1 0 9 】

その結果、96 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 1479 マーカー、86 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 2480 マーカー、76 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 3019 マーカーを得た。30

【 0 1 1 0 】

これらの結果と発病度の結果を用いて QTL 解析を行った結果、大川 1 号がもつ抵抗性遺伝子座の 1 つはコンティグ番号 187F_pilin 近傍に座乗していることが示唆された (LOD 値 5.05, p < 0.05 で有意差あり)。また、147F_pilin 及び 180F_pilin (両コンティグは同一連鎖群に含まれる) 間の領域にも抵抗性差異に関する領域の存在が示唆された。

【 0 1 1 1 】

(3) SNP 遺伝子型と発病指数の関係の解析

これらの領域を解析したところ、下記の表に示すように、それぞれ 1 ~ 4 個の SNP を有する領域であることが分かった。40

【 0 1 1 2 】

【表5】

名称	罹病性ユーストマ・グランディフロラム ‘紫盃’	抵抗性ユーストマ・エグザルタム ‘大川1号’	SNP 数	比較
187F	CTGTCTCATCTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT <u>TC</u> (配列番号4)	CTGTCTCATCTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT <u>TT</u> (配列番号10)	1	大川1号において、配列番号4の100位のCがT
180F	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>AG</u> GGCTATATAATC TGTTAAGTCATCAATCAATAAGATCGCT TCTTCTCTTCTACACTTGAAG A(配列番号5)	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>AG</u> GGCTATATAATC TGTTAAGTCATCAATCAATAAGATCGCT TCTTCTCTTCTACACTTGAAG A(配列番号11)	2	大川1号において、配列番号5の37位のAがT、38位のGがA
147F	TGTGAAG <u>T</u> CATTCCAGATTCCCTGG AAACCCCATCCAGT <u>G</u> TATAACTGA GCAC <u>C</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAAATAGGTGCCTTACG <u>GT</u> T(配列番号6)	TGTGAAG <u>A</u> CATTCCAGATTCCCTGG GAAACCCCATCCAGT <u>A</u> TATAACTGA AGCA <u>T</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAAATAGGTGCCTTACG <u>G</u> <u>T</u> (配列番号12)	4	大川1号において、配列番号6の8位のTがA、40位のGがA、53位のCがT、100位のTがC

【0113】

第一回集団（実生春実験）と2480マーカーを用いたQTL解析により得られたこれらの遺伝子型と発病指数を図1に示す。遺伝子型Aは紫盃タイプ、遺伝子型Bは大川1号タイプ、遺伝子型Hはヘテロタイプを示す。

【0114】

また、3座SNP(180Fpi1_584498、147Fpi1_3163121、187Fpi1_1,651,751)すべてが紫盃タイプであるF2(F2_AAA)、3座すべてがヘテロタイプであるF2(F2_HHH)、3座すべてが大川1号タイプであるF2(F2 BBB)の発病指数を、紫盃及び大川1号と比較した結果を図2に示す。

【0115】

雑種第二代第一集団のさし穂増殖により繰り返し試験を行なった試験の中で、安定して抵抗性だった系統を「極強系統」、安定して罹病した系統を「極弱系統」としてそれぞれ6系統ずつについて全ゲノムリシーケンスを行なった。それら情報からゲノム全体の8割以上を網羅するカバー率のコンティグ群に含まれるインデル多型を検出し検証した結果、遺伝子型分離と抵抗性強弱が概ね一致した位置は、QTL解析で同定した候補領域と一致した。

【0116】

第一回集団（実生78個体、春実験）のうち、候補領域がすべて罹病性（紫盃）タイプの遺伝型を示した3系統の発病指数は3.3と極めて高く罹病性系統の発病指数3.6に近かったことから、これらの領域の遺伝型の相違を指標に罹病性抵抗性を区別できる可能性が示唆された。

【0117】

(4) インデル遺伝子型とフザリウム・ソラニーに対する発病指数の関係の解析

初年度までの集団で得た抵抗性座乗候補領域の信頼性を検証するために、第一回集団における3座SNP近傍に複数のインデルマーカーを設計し、2年目に供試した雑種第二代第二集団実生191個体の発病スコアとインデル遺伝子型を検証した。その結果、ID756_180F_584, 498、IDE934_147F_2, 665, 700、ID

10

20

30

40

50

E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ 9 5 8 , 7 1 2 の 3 座遺伝子型と平均発病指數において、第一集団と同様の傾向が認められたため、当領域が病害抵抗性に関与すると考えられた（図 3）。

【 0 1 1 8 】

3 座に加え、1 8 0 F と 1 4 7 F に挟まれる位置に存在する 2 9 3 F コンティグにもインデルマークーを設計しその遺伝子型と病害抵抗性値の関係を調査したところ、4 座（ I D 7 5 6 _ 1 8 0 F _ 5 8 4 , 4 9 8 、 I D E 9 3 4 _ 1 4 7 F _ 2 , 6 6 5 , 7 0 0 、 I D E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ 9 5 8 , 7 1 2 、 I D E 9 0 3 _ 2 9 3 F _ 1 8 2 , 1 0 3 ）で選択した雑種は 2 9 3 F マークー以外の 3 座で選択した雑種よりもさらに病原性と相関することが明らかとなった（図 4）。

【 0 1 1 9 】

3 座が全て紫盃タイプを持つものの発病程度平均値は、3 座について大川 1 号タイプをもつものに比べ大きく、病気にかかりやすいことが示唆された。統計的にこの差を立証するために、当領域の組み換え個体を使用した多検体での解析を行なった。

【 0 1 2 0 】

‘紫盃’ × ‘大川 1 号’ 雜種を自殖させた組替え自殖系統 (R e c o m b i n a n t I n b r e d l i n e s ; R I L s) の作出と利用を行った。まず雑種第二代の自殖交配を行い、世代を進め、最終的に 1 1 8 組の雑種第 4 代を得た。次に R I L s に対する接種の準備段階として、雑種第 4 代 9 5 個体の祖先である雑種第 2 代 9 5 個体について抵抗性候補遺伝子座の多型解析を行った。候補座の遺伝型が罹病性系統 (A A A) および抵抗性系統 (B B B) をもつような個体を探索し同定した。

【 0 1 2 1 】

それらの自殖後代種子を複数年の交配で育成した。最終年度には、抵抗性を司る Q T L 領域について様々なパターンでホモ化したと考えられる R I L s に対して病害抵抗性評価を行った（前述）。菌株として、これまで使用してきたフザリウム・ソラニー山形菌よりも病原性の強いフザリウム・ソラニー福島菌株を用いた。それらの遺伝型を確認した結果、候補 Q T L 座を確実に識別可能な I D E 7 5 6 _ 1 8 0 F _ 5 8 4 , 4 9 8 、 I D E 9 3 4 _ 1 4 7 F _ 2 , 6 6 5 , 7 0 0 、 I D E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ 9 5 8 , 7 1 2 における遺伝子型がいずれも抵抗性系統型である集団が得られ、それらは 3 座がいずれも罹病性系統型の集団よりも統計的に有意に、フザリウム・ソラニーに対して強い（発病度指數が小さい）ことが明らかとなった（図 5）。図 5 において、A は紫盃タイプ、B は大川 1 号タイプを意味する。

【 0 1 2 2 】

3 座がフザリウム・ソラニー抵抗性親型のこの集団について数百粒以上の種子を得た。これらは、抵抗性 F 1 品種を育成する際に中間母本として利用可能である。 I D E 7 5 6 _ 1 8 0 F _ 5 8 4 , 4 9 8 、 I D E 9 3 4 _ 1 4 7 F _ 2 , 6 6 5 , 7 0 0 、 I D E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ 9 5 8 , 7 1 2 における遺伝子型を確認するために用いた各選抜マークーの配列を下記の表に示す。

【 0 1 2 3 】

【表 6】

名称	配列 (5' → 3')	配列番号
I D E 7 5 6 _ 1 8 0 F _ F o r w a r d	A G T T T G C T T C C A G T G A G A C C T C	13
I D E 7 5 6 _ 1 8 0 F _ R e v e r s e	A G C A A A G G C A A T G T G A T T G T G G	14
I D E 9 3 4 _ 1 4 7 F _ F o r w a r d	C A G A A G A T G A C G A G G C A T A C C A	15
I D E 9 3 4 _ 1 4 7 F _ R e v e r s e	G G C C A G A T C G T T C G C A A T C	16
I D E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ F o r w a r d	G T C A C G A G T T C A A G C T G C G A A	17
I D E 9 6 5 _ 1 8 7 F _ R e v e r s e	A T A C A A A G G G A C G C T C C C G T A G	18

【 0 1 2 4 】

10

20

30

40

50

上記選抜マークにより増幅される配列（紫盃タイプ及び大川1号タイプ）とその比較について下記の表に示す。

【0 1 2 5】

【表7】

名称	罹病性ユーストマ・グランディフロラム'紫盃'	抵抗性ユーストマ・エグザルタム'大川1号'	比較
IDE756 _180F	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACGT <u>A</u> ATAATAG AAATATGATGTGATAGTGTGT TAGTGAGGAAATTCACTAA TACAAATAGGAAGTTCTAAT AAACTGCTAACATCATTCCA GCTGTTTTTCATCCAATATA GCAAGCGAACCTTCTGTCT AAACCACAATCACATTGCCT TTGCT(配列番号1)	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>C</u> AAATATAGC AAGCGAACCTTCTGTCTAAA CCACAATCACATTGCCTTTG CT(配列番号7)	大川1号において、配列番号1の56位-157位欠失(102bp)、下線はSNPを示す
IDE934 _147F	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAAC AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTCATTTATT CAACCATAAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGGCCATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAA <u>G</u> GTG <u>A</u> TGCTTGTAAACCTTG AGGTACGGGTTCGTCCC GGAAATAGCCTCGAGTCGA GCCACAGAAATAATCTCTT TACAAAGTGTAAAGATAAGGC TGCCTACATCAGATTGCGAA ACGATCTGGCC(配列番号2)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAAC AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTCATTTATT CAACCATAAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGGCCATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAA <u>A</u> GTG <u>C</u> TGCTTGTAA TTGAGGTACGGGTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TTGTACAAAGTGTAAAGATA GGCTGCGTACATCAGATTGC GAAACGATCTGGCC(配列番号8)	大川1号において、配列番号2の174位-213位欠失(40bp)、GC挿入(2bp)、下線はSNPを示す

10

20

30

40

50

10

20

30

40

	TGCTTCAGCCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTATCAATCC <u>G</u> GGCATATTGTAGTGT <u>C</u> AT GTCTCCTTAATTTCTATCCT <u>G</u> G <u>A</u> TGACACTTTCAAT <u>G</u> AA GCTTTCATTGATCTAATTT CTTAATGGCAATAGTGTTCAT GTTGTAAGTTATTAGATCTT GTACTCCATGTTTATCTTGG TTTCTCTTCCTCTCCCCCTT AAATGTGATTATATACTTAG TTTCTGGAGCTTATTAGTAT TGAATTGGTTGATTGC <u>T</u> CA TGTTGATACTTGTACATTAT GGAGATTGATTATCATTCC TGTATTGCAGTTCATGCGAA AA <u>G</u> TG <u>C</u> TTGC <u>A</u> CT <u>G</u> CTGATG GCTGAGTTCCGAAAGCTAGG <u>T</u> GCTAATGTTGTACATGCAA CCTTTCAAAATT <u>C</u> ATCATTG ACACTGG <u>G</u> AAATCTGATCTT CTTGCCGCAAAAGCTTATTG TGATAGTTGCTCAAAACTCT GCAGACT(配列番号 21)	TGCTTCAGCCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTATCAATCC <u>G</u> AGCATATTGTAGTGT <u>T</u> ATG TCTCCTTAATTTCTATCCTG <u>G</u> TTGACACTTTCAAT <u>A</u> AG CTTTCATTGATCTAATTT TTAATGGCAATAATGTTCATG TTGTAAGTTATTAGATCTT TACTCCATGTTTATCTTGGT TTCTCTTCCTCGAATTGGTTG ATTGCC <u>C</u> TCATGTTGATACTT GTTACATTATGGAGATTGAT TTATCATTCC <u>T</u> GTATTGCAGT TCATGCGAAAAGTGT <u>T</u> TCGA CT <u>A</u> CTGATGGCTGAGTTCCG AAAGCTAGGG <u>G</u> CTAATGTT TACATGCAACCTTTCAAAT TCATCATTGACACTGG <u>AAA</u> TCTGATCTTCTTGCCGAAA AGCTTATTGTGATAGTTGCT CAAAACTCTGCAGACTA(配列 番号 22)	大川 1 号に おいて、配 列番号 21 の 240 位一 291 位欠失 (52bp) 下 線は SNP を 示す
IDE885 -184F			10

20

30

40

50

IDE886 -184F	CCGGTGTGGGCTAACATTA GCAAACCATGAAGTGT TTTCACCTTATTCACATAC CATGAAGTGTAAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTG TTAAGAAAGGCAGGTCA AACAGCGGTACACATATA TACATACACACACATATAT ATATATATAATGACACCTT AGAGAAAAAAA <u>ACTTAAGTG</u> CTGTACCGGACATGCTCGGT GGGCTCTGGTGTCAATT TACTATGATCATGATTAGGG CTGTAAATGAACCAAGCCGT TCGGTTGTTAGGCTCGTTG GTTCGAGCTCAAACTCGAGC TCGGCTCGGATAAAAGGTTA ATGAACAGAGCTGAACACC TTTTCTGTTGAGCTCGGTA AGTGACACCGTTCGTTAAG GTGTTGGCTCGTTAATGTT GTTCGTTGAGTTAACGAAAC CAAGCTTGAACAAGTAAATA TGTTCGTTAAATAAACGAAC AAGCTCGGCTCGTTGCTAA GTTAAATGAACAGAGCTTGA ACAACGCAATGCTCGGCTCG TTCGGCTCGTTACAGCCCT AATCATGATTAAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTCGACCTGCATAATT TTTATTCTTTCAAGTCCCTC AATGTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTGTAG ACTTATGAAATACCTAATT GGTTGTCGAAGCAAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TAATTATGATAACTGATGCTT TTGTTTCTCATATACATAAA TTTGTGTCTACTTTCTTTTA TGAAACAAGGGGGAGAAGGG GTCTGGAT(配列番号24)	CCGGTGTGGGCTAACATTA GCAAACCATGAAGTGT TTTCACCTTATTCACATAC CATGAAGTGTAAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTG TTAAGAAAGGCAGGTCA AACAGCGGTACACATATA TACATACACACACATATAT ATATATATATATATATATA TATATATATATATAATGAC ACCTTTAGAGAAAAAGC TTAAGTGCTGTACCGGACAT GCTCGGTGGGCTCTGGTGT AATATTATACTATGATCATGA ATTCATGATTAAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTCGACCTGCATAATT TTTATTCTTTCAAGTCCCTC AATGTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTGTAG ACTTATGAAATACCTAATT GGTTGTCGAAGCAAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TTAATTATGATAACTGATGCT TTTGTGTCTACTTTCTTTTA ATGAACAAGGGGGAGAAGGG GTCTGGAT(配列番号23)	大川1号に おいて、配 列番号23 の152位一 153位欠失 (2bp), 260 位-535位 欠失 (276bp), 53 8位-569 位欠失 (32bp), 配 列番号23 の166位一 167位間に 挿入(28bp, TAリピート 12組、太 字)下線は SNPを示す	10
			20	
			30	

	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCAACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAGC AACCTTTGTCCATTGTACG GGTTGCACCTCCATTACGGT GCATTTTCGGTCAAGGTAC GCCTTGCCATTGGGTATAT TATTTACATTGTTCCAAAAAA GATGATGAGTGTAGCAAAC AGAAAATCCGTCTTATTATT TATCTTTAATGGTTAATGAG TAATATTTAAGTCGGTCACT AATTATTGATAATGCTCCGTA ATTTACAAGTTGGTCTCT <u>TTG</u> GGAG(配列番号 25)	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCAACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAA <u>A</u> <u>CAATGTAAATAGTATA</u> CCCCA ATGAGCCACGGCGTACCCCTC ACCCGCAAAATACACCGTA ATGGGGGTGCAACTCGTACA ATGGACGAAAGATAGCTAAG CAACATGCTGCCAGCCATTA AAGCCATAGCAAAAAGAGAA CAAAAAAAGGCCAAGGAAC AGGCTGCATGGCCCCGATTAA CATTAAAATGCCAACAAATA AACTGCAAAATGTAGCAAAA CAGAAAATCCGTCTTATTATT TTATCTTTAATGGTTAATGA GTAATATTTAAGTC <u>AG</u> TCAC TAATTATTGATAAGTGTCCGT AATTACAAGTTGGTCT <u>CAT</u> GGGAG(配列番号 26)	大川1号において、配列番号25の78位一190位欠失(113bp)、同位置に挿入配列(太字212bp)、下線はSNPを示す	10
IDE226 -169F	TGGCATGACAAAG <u>G</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCCTCATT CATCTTCACTACAAACGAAT CAACGGAAAGCAAGCTAGAAA AGCTAACCTCTGTTTGT GTCATTCTAGTTACCAATATG CACCTAAAGGAATCAACGGG CTATTTGCATTCAAACAGTG GAAAAAAAAACTACACACA TTGGAATTAAGAAGTCATTAC AGTCAGACACAATAATTGC CACGTGCCATCCTTAGAG AAAAACAAAGAAACAGATA GCTATCAAACATATTTCTTC AAGGAACCTTACGGCGAGACA ATATGCTTACAGTTAAAGAAA ACCATTATTGCCAAGTAAG CAGAAATATTGCTCAGGGG CCTTCA(配列番号 27)	TGGCATGACAAAG <u>G</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCCTCATT TTGTTTGTCATTCTAGTTAC CAATATGCACCTAAAGGAAT CAACGGGCTATTGCATTCA AACAGTGGAAAAAAA CTACACACATTGGAATTAAG AAGTCATTACAGTCAGACAC AATAATTGCCACGTGCCAT CCTTGTAGAGAAAAACAAGA AACAGATA <u>CAG</u> CTATCAAAC ATATTTCTCAAGGAACTTA CGGCGAGACAATATGCTTAC AGTTAAAGAAAACCATTATTT GCCAAGTAAGCAGAAAATAT TGCTCAGGGGCCTTCA(配列番号 28)	大川1号において、配列番号27の83位一135位欠失(53bp)、211位から挿入(2bp) 下線はSNPを示す	20

	TCTTTGCCTTCGACTTCTTC ATCTTTAGGGTTCCACTGC TTTGTAACATATATAACAATG ATGAACTACTCTATAAAATATG ATGGTGATAAAATTATTAAG AAAAAAGAAAAGAGATTG ATGAATGCCGCCCGGTAGG TCCCAGGTTCGAACCCAGAAT CAGAAACGGAACTAGCTTTC GAATATATATGTCTAACATAGC CATGCATCCTGTAACACTTT CTACTATAAGTCCTAACATAGTC TAAAAAAACTGTACATTGAGG CCTTCTCTCCCATTGCG CAAATTCCTGGGACCAGCC A(配列番号29)	TCTTTGCCTTCGACTTCTTC ATCTTTAGGGTTCCACTGC TTTGTAACATATATAACAATG ATGAACTACTCTATAAAATATG ATGGTGATAAAATTATTAAG AAAAAAGAAAAGAGATTG <u>TCATGCATCCTGTAACACTTT</u> TCTACTATAAGTCCTAACATAGT CTAAAAAAACTGTACATTGAG GCCTTCTCTCCCATTGCG CCAAATTCCTGGGACCAGC CA(配列番号30)	大川1号において、配列番号29の124位～203位欠失(80bp)、下線はSNPを示す	10
IDE928 -147F	GGGAGGACGTCAACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTGGTC <u>C</u> ATGCCAACAAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATT <u>GG</u> CT GGGTCTGTAGTTCCCTCT TCAATATG <u>A</u> GTGAGCCAAGT CAAAC <u>T</u> GAATAGTCGGCT CTTTAAAGAGTTATAACGTT ATCAAGCCGAACTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTAACCTAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATT GAT <u>T</u> CGGTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTGATTTATTTTT TGTGCTTCACTCTATTAAATT CGTAAGAAAATTCTATTAAAT TAAACTTTATATAAAAAGAA GTTTCTTTCTTGTGTTATGGG AACCATGATCTAACCAAATA TTCACTATGTTACTGTAAAT AGATGAGGAGAGGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)	GGGAGGACGTCAACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTGGTC <u>CC</u> ATGCCAACAAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATT <u>GG</u> CT GGGTCTGTAGTTCCCTCT TCAATAT <u>G</u> GTGAGCCAAGT CAAAC <u>A</u> GTGAGCCAAGT CAAAC <u>AG</u> TTTTAACTTAA CGAGTCTAAACTCGAAAACC TACTATTG <u>A</u> CTCGGTTGG CTCGTTAACCGCATTGTAAATT ATCTCATCATTGTGCGATT TTATTTTTGTGCTTCACTCT ATTAAATTGTAAGAAAATTC TATTAATTAAACTTTATATT AAAAAGAAGTTCTTTCTTG TTTATGGGAACCATGATCTA ACCAAAATTCACTATGTTAT ACTGTAATAGATGAGGAGAG GGAAATATAAGAGCAACG(配列番号32)	大川1号において、配列番号31の247位～340位欠失(94bp)、下線はSNPを示す	20
IDE928 -147F	ATCAAGCCGAACTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTAACCTAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATT GAT <u>T</u> CGGTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTGATTTATTTTT TGTGCTTCACTCTATTAAATT CGTAAGAAAATTCTATTAAAT TAAACTTTATATAAAAAGAA GTTTCTTTCTTGTGTTATGGG AACCATGATCTAACCAAATA TTCACTATGTTACTGTAAAT AGATGAGGAGAGGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)	ATCTCATCATTGTGCGATT TTATTTTTGTGCTTCACTCT ATTAAATTGTAAGAAAATTC TATTAATTAAACTTTATATT AAAAAGAAGTTCTTTCTTG TTTATGGGAACCATGATCTA ACCAAAATTCACTATGTTAT ACTGTAATAGATGAGGAGAG GGAAATATAAGAGCAACG(配列番号32)		30
				40

IDE930 -147F	CTCCTCC <u>G</u> AATCCACTTGAG GTGC <u>A</u> TATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTCTCCTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTATTAT CTTATTCTTCATGTGTACAT GATTTAAATCTTGAATTATC CAGCATTCTATCTTGAAC ATATCCACTTGTCTTGTAA AAAATAAAATATTATTTTA TCCTTATCATTGAATCCACTA ATTCTATTGTTATCCCCTTA GAGTTCCAGTGTGCATGTT CGTAGTCTTATACTCTTACCT AAACTAGTATTTGTCTCTTA GTATCTAACTACGGTTAACG AACTCTTGCTTATT <u>T</u> TTCACT <u>G</u> TATT <u>C</u> GAGTTCTCTAGGAG ATGCAGCGTCTCCAGTTCAA TTGTCGTCCCATTGAGCCA TGCGACGGAGGAT <u>C</u> TTGTTT ATTTGACACTACATCCAAGT ACCTCAGATGCA(配列番号3 3)	CTCCTCC <u>A</u> AATCCACTTGAG GTGC <u>G</u> TATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTCTCCTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTATTAT CTTATACTCTTACCTAAACTA GTATTTGTCTCTTAGTATCT AACTACGGTTAACGACTCT TGCTTAT <u>A</u> TTCACT <u>G</u> CATT GAGTTCTCTAGGAGATGCAG CGTCTCCAGTTCAATTGTCG TCCCATTGAGGCCATGCGAC GAGGAT <u>C</u> ATTGTTATTTGAC ACTACATCCAAG <u>C</u> ACCTCAG ATGCA(配列番号34)	大川1号において、配列番号33の171位ー342位欠失172bp)、下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE932 -147F	TGG <u>T</u> GAAATTAGCATTACAG TTTCATCTTATTGCAGAAA TTTCCCATAAGTAAAGCA TAGCTAAAAACCGCTTAAC TGGCAAGTACTCGGCCTTA ACATTGATTAGACATGTGAA AGGT <u>T</u> GAT <u>C</u> TTAATGTTAGGT <u>C</u> <u>C</u> CTTAGAACACACTAAAG GGGAGTTGAATAGTGTGTT AC <u>CC</u> A <u>G</u> T <u>T</u> GATTATTTCTA CGTATAAGCAAAATTGTTA GAACATGTCATTTAGAAATC CATTATTGAACTCCAGATCA ATGCAAACCCATATCAATT GCAAAATTCTTATTCTCTATA CCAATTCTCTATTGGATTCT CTAATTCAAACATCTACGAA ATTCCATCCATATGTAAATCA AGTATCACGAATTCTTCGC GTTAAACTATTCTAA(配列番号 35)	TGG <u>C</u> GAAATTAGCATTACAG TTTCATCTTATTGCAGAAA TTTCCCATAAGTAAAGCA TAGCTAAAACCGCTTAAC TGGCAAGTACTCGGCCTTA ACATTGATTAGACATGTGAA AGGT <u>G</u> ATT <u>T</u> TAATGTTAGGT <u>C</u> <u>ACT</u> TAGAACACACT <u>A</u> <u>G</u> GGAGTTGAATAGTGTGTTCA <u>C</u> <u>T</u> <u>A</u> <u>T</u> <u>G</u> <u>A</u> <u>A</u> <u>T</u> ATTTCTTGGTA TTTTCATTTTGAGTGCAAC CAAACTTGGATGTGTTCTT GGAAAAAAATAAAACTTTGCG GAAGAATAAAGAGCAGAAGT ATGTATAGAGGTTAAGTCA AATGACTCTACTCCTCTACC TTCTGATTTTACAAGAAG GATTCTGAATGGAGGATTGT TATTTCTTTAGGCAGAAATAA CAATCAAAACAAATCCAA AACAAATGAACAACATTAATCCA CATGCCTAGACCACAATCAA GAAAACCAACCCCTGAAAGT CTATCATCAAAGAACTTCT TTGCCCTCAAAGAATTCTTG TATGGAGTATAATGCATCAT GCTTCCGTGTTATGCAGGG TCCGGAGAAGAGTCGGATCG CTTGCAATCTGATATACAC AGTCTTACCCCTATCTTTTT TGCAACCGGCTGTAAATACCT ACGAAATTCCATCCATATGT AAATCAAGTATCACGAATTCT TTCGCGTTAAACTATTCTAA(配列番号 36)	大川1号において、配列番号35の198位ー342位欠失(145bp)、同位置に挿入配列(太字431bp)、163位欠失(1bp)、下線はSNPを示す
	10		
	20		

30

40

50

50

	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAACCA AGGGGAAAAAAT <u>AAG</u> CAAGC ATCATATCGTTCATTTATTTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGG <u>G</u> CATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>G</u> GTG <u>A</u> TGCTTGTAACCTTG AGGTACGGGTTCGTCCC GGAAATAGCCTCGAGTCGA GCCACAGAAATAATCTTTG <u>T</u> ACAAAGTGTAAAGATAAGGC TGCATCACAGATTGCGAA AC <u>G</u> ATCTGGCC(配列番号3 7)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAACCA AGGGGAAAAAAT <u>AAG</u> CAAGC ATCATATCGTTCATTTATTTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTGTAGTTAGTGGTTC AACTGGTAGG <u>G</u> CATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAA <u>A</u> GT <u>G</u> CTGCTTTGTAACC TTGAGGTACGGGTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TT <u>G</u> CACAAAGTGTAAAGATAA GGCTGCGTACATCAGATTGC GAAAC <u>A</u> ATCTGGCC(配列番 号38)	大川1号に おいて、配 列番号37 の176位一 213位欠失 (38bp)、下 線はSNPを 示す	10
IDE760 -187F	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATATAT <u>AAG</u> <u>A</u> GT <u>CG</u> CTATAT <u>A</u> TATTTGATCATAT <u>A</u> AT <u>G</u> A <u>T</u> CTAA <u>T</u> CAA <u>A</u> CT <u>AG</u> <u>T</u> AA <u>C</u> AT <u>G</u> CAT <u>G</u> T <u>T</u> T <u>G</u> TAT <u>T</u> G AT <u>G</u> T <u>A</u> CT <u>A</u> TA <u>G</u> CAA <u>A</u> GG <u>GA</u> TCAC <u>CT</u> TA <u>AG</u> AC <u>GA</u> T <u>CT</u> AA <u>T</u> CAAT <u>AA</u> AC <u>AT</u> TA <u>AG</u> T <u>AT</u> GC <u>AT</u> AT <u>G</u> C <u>TT</u> AA <u>AG</u> T <u>G</u> AA <u>AT</u> AT <u>TT</u> G AA <u>AG</u> AAA <u>AG</u> T <u>T</u> AT <u>G</u> CC <u>G</u> AG <u>CA</u> AT <u>G</u> T <u>A</u> G <u>AG</u> GT <u>GG</u> AT <u>TC</u> GTT <u>AA</u> AG <u>GG</u> CC <u>AC</u> AA <u>AG</u> AC <u>GT</u> TAT <u>A</u> ACT <u>TA</u> ATT <u>AT</u> TT <u>TT</u> T <u>A</u> AA <u>AT</u> AG <u>T</u> GC <u>AA</u> AT <u>G</u> ATT <u>G</u> T <u>T</u> GT <u>AT</u> TT <u>TT</u> T <u>A</u> AA <u>AT</u> ACT <u>G</u> CAA TT <u>A</u> ATT <u>TA</u> AT <u>C</u> T <u>A</u> T <u>G</u> C <u>AG</u> GT <u>T</u> AT <u>A</u> TA <u>AG</u> AG <u>T</u> CG <u>AG</u> GG <u>TT</u> CA CT <u>GG</u> GA(配列番号39)	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATAT <u>AAG</u> <u>G</u> GT <u>CG</u> CTATAT <u>C</u> TATTTGATCATAT <u>A</u> AT <u>C</u> G <u>A</u> CT <u>A</u> TT <u>C</u> AA <u>A</u> CT <u>AG</u> <u>C</u> A <u>A</u> AT <u>G</u> CAT <u>G</u> T <u>T</u> G <u>T</u> T <u>G</u> TAT <u>T</u> G AT <u>C</u> T <u>A</u> CT <u>A</u> TA <u>G</u> CAA <u>A</u> GG <u>GA</u> TCAC <u>CT</u> TA <u>AG</u> AC <u>GA</u> T <u>CT</u> AA <u>T</u> CAAT <u>AA</u> AC <u>AT</u> TA <u>AG</u> T <u>AT</u> GC <u>AT</u> AT <u>G</u> C <u>TT</u> AA <u>AG</u> T <u>G</u> AA <u>AT</u> AT <u>TT</u> G AA <u>AG</u> AAA <u>AG</u> T <u>T</u> AT <u>G</u> CC <u>G</u> AAT <u>C</u> T <u>A</u> TC <u>G</u> C <u>AG</u> GT <u>A</u> <u>C</u> A <u>T</u> A <u>A</u> GAG <u>G</u> CG <u>AG</u> GG <u>TT</u> CA <u>T</u> GT <u>GG</u> A (配列番号40)	大川1号に おいて、配 列番号39 の207位一 315位欠失 (109bp)、 下線はSNPを 示す	20

IDE970 -187F	GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCAATTGTATC TTATGTTACAGTCTAATTAA ACAATGGACGATCTCGTTT TGCAGATTTGATCACAAATAA AAAAAAAATACATTAAGTG GACAAATAATTGATGCAAT TGATGCACTATGAAGCAAAT TTGATCCTCTCGCTCAAGGT CGTAATACTGCTTAATAATT GGTTATGGTTACTATGGGTG ATCGGAAAACAACCTCTGTA TGTTCTAATACATGGATATG GTTGCATACATCTGACCCCT ATACCCGCCATAGACGGGAG CCTCTAACGCAATGGTGTAA TGTTGTGTTGTAATTAGGTTA TGGTTACAAGGGTGGGCCTT GAACCAACTAGTAAG <u>TTTGT</u> TG <u>CTTGT</u> TAACTTAAGG <u>TTA</u> CCGGTTCAAGCCTGCCTCTT ACACAAAGTACT <u>GAATAAGA</u> <u>CTT</u> CATATATCACATCGCAA AACGATT <u>CGACC</u> CCCTTTA GATCGTGC <u>GTAACG</u> (配列番号41)	GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCAATTGTCTC TTATGTTACAGTCTAATTAA ACAATGGACGATCTCGTTT GCGATTTCAATCACAAATAA AAAATACAAGTAAAAGTGG CAAATAATTGATGCAATCG ATGCACTTGAAGCAAATT GATCCTCTGCTCAAGGTCG TAATAATGGTTATAATTAGG TTATGGTTATGACGGCGGT CTTAGAGCAACTAGTAAGGT TGTTGTTGTAACTTTAAGG <u>ATACCGGTTCAAGCCTGCCT</u> CTTACACAAAGTACT <u>TAATAA</u> <u>GATTG</u> CATACATCACATCGC AAAACGATT <u>CGGG</u> CCCTCTT TAGATCGTGC <u>GTAACG</u> (配列番号42)	大川1号において、配列番号41の278位ー432位欠失(155bp)、同位置に挿入配列(太字18bp) 下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE973 -187F	GCTGCAACATTCACTTGACT TGGTCTGGTGGATGCTTCAT TTCCAGAACTTGAGCCACC CCAACAGAAACCCACAAATA AGAGATCAAAACCAACACT <u>G</u> TTCTCCACATATATAACTTGG CCTGCATTTTGCACAAAA GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT TCTTGATGTCTTCTGGAAAT ATGAGTGCATCTGCAGAGAG ATGCATT <u>A</u> TGAACCTCTGGGA ATTCT <u>A</u> GTACAGAATTGTGG AATCGTGGAAATTGACATG GCTTGCAAGGTAAGTTCTTAT ACATTATTAATA <u>A</u> TTTTTTT CTTATTCAAATTATATTCAAG GCGCGGAAGGTTCCATATT ATTGAATCAAACATACTGTC CTATATCTAACTTCTCGTGT CTATTCCATGAAAGGTACGA <u>A</u> GA <u>A</u> GAAGAAGT <u>A</u> CTTGCA TTTGATTAAT <u>G</u> AACTAAAGAC <u>G</u> ACAACACAT <u>T</u> <u>C</u> CATATGA CTT <u>T</u> <u>A</u> GA <u>G</u> TCTCGCTTAT GGC <u>A</u> <u>G</u> T <u>G</u> TATAGATGGTCGG ATGTAC <u>A</u> CAACTATAACCTATA <u>T</u> <u>G</u> TTAGAAAC <u>G</u> CATAGAT <u>G</u> T	GCTGCAACATTCACTTGACT TGGTCTGGTGGATGCTTCAT TTCCAGAACTTGAGCCACC CCAACAGAAACCCACAAATA AGAGATCAAAACCAACACT <u>C</u> TTCTCCACATATATAACTTGG CCTGCATTTTGCACAAAA GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT TCTTGATGTCTTCTGGAAAT ATGAGTGCATCTGCAGAGAG ATGCATT <u>G</u> TGAACCTCTGGGA ATTCT <u>G</u> GTACAGAATTGTGG GAATCGTGGAAATTGACAT GGCTTGCAAGGTAAGTTCTT ATACATTATTAATA <u>A</u> TTTTT TTCTTATTCAAATTATATTTC AGGCGCGGAAGGTTCCATAT TTATTGAATCAAACATACTG TCCTATATCTAACTTCTCGGT ATCTATTCCATGAAAGGTAC GAAGAC <u>G</u> GAAGT <u>C</u> ACTTGAT TTGATTAAT <u>A</u> AACTAAAGACG <u>A</u> AAACACA <u>A</u> <u>C</u> <u>A</u> TTATGATT CTG <u>T</u> <u>T</u> ATGGC <u>G</u> <u>A</u> <u>A</u> TTATAG <u>G</u> <u>A</u> <u>G</u> ATCGGATGTAC <u>G</u> CAACT ATACCTAT <u>G</u> T <u>A</u> TTAGAAAC <u>A</u> <u>T</u> <u>A</u> CA <u>G</u> AT <u>A</u> TTTT <u>C</u> GATGACC	大川1号において、配列番号43の603位一746位欠失(144bp)、同位置に挿入配列(太字423bp)、412位・414位・460位・470位・569位欠失(各1bp)、473位-477位欠失(5bp)、481位-483位欠失(3bp)、下線はSNPを示す
			10

20

30

40

50

IDE973 -187F (続き)	TT <u>CCCGATGACCCATAATAA</u> AAATTG <u>TGTCAAGCTATGTC</u> GATCAACTGCTATCTCTCAC CCCATTTCATCGTCCGCC ACGTGCCAACAGGGAGGGTG AGCCTAAATGAGAGAATGGG GAGGAAGAATTGTATGAGTG GGATGGCTGGCGCGTGGTGG ACAGAGGGAAAGGAGGTGAG GGATTGAGGGTCCAC <u>ACTA</u> AAAGTAGCCGATAGACCTTA <u>AGAGGGAAATTAACTTATG</u> TACAATCTAAAATGTCGCCT CATGTTCAAACACACTCAT CATAAACTTTAGACCTGATA AGCTTATGACCATTATGCC AAGTCGTATTAGCACCATA TACATGCTTAGTCG(配列番号43)	CATAAT <u>GAAATTGCGTCAAG</u> CTATGTCGATCAACTGCTAC TTCACAATATAATACGTACAT <u>CCAATTAGTAAATCATT</u> TTTATTCCATCATATTACAA AATCAAGAAAGAATGTGTTA TTTACTCCATTGGAAATAGA AACAAATTAAATGAACAAAGA CAAAAATACAAAATGCTAAA TTACAAAGATTTCATTAAATT ATAATTAAATTAAAAGATT ACAATAACGAAAGAATGTCC GTCTATCTTAGATTATAGAA CAAACGAATGAATGGATGAA TAAGAGAATTAAGAAAAGTC GCATTATTAGATTAGCTCATT TATAAATTATTGGTTAAATC TCTGGTGATAAGTATTAGAT AGTCAGCATCACATCTACA TAATGATTCGTAATATATTG TGCCATAAATATTTAATTCA TATTATTGTCATAAAAGTAAT CTATACAAATATA <u>AT</u> AAAAGT AGCCCAGATAGACCT <u>AAAAT</u> GA <u>ATT</u> TTAACTT <u>AT</u> AACAAT CTAAAATGTCGCCTCATGTT CAAACACACTCATCATAAAC TTTAGACCTGATAAGCTTAT GACCATTATGCCAAGTCGT ATTAGCACCATACTACATGC TTAGTCG(配列番号44)
		10

20

30

【 0 1 2 6 】

また、各選抜マーカーを用いたPCR法により得られたDNA増幅産物の泳動写真を図6に示す。

【 0 1 2 7 】

病原菌を接種し強弱検定を行うことなく、遺伝子型の確認によってその後代個体のフザリウム・ソラニーによる立枯病抵抗性を評価可能であることが示された。

【 0 1 2 8 】**(5) 同一連鎖群に座乗する2座に関するさらなる解析**

上記3座が全て紫盃タイプを持つものの発病程度平均値は、3座について大川1号タイプをもつものに比べ大きかったが、うち2座は同一連鎖群に座乗していたため、2座に挟まれた領域の病害抵抗性関与をさらに検証した。2座（IDE756-180F及びIDE926-147F）をホモ固定化（IDE756-180Fを抵抗性の遺伝子型B、IDE926-147Fを罹病性の遺伝子型A）したものの後代（第三世代の雑種）における立枯病害抵抗性を検証した。なお、別の染色体にある187Fは罹病性の遺伝型（A）で固定した。第三世代の各雑種（縦軸）における180Fコンティグから147コンティグまでの範囲の各座の多型を図7に示す。遺伝子型Aは紫盃タイプ、遺伝子型Bは大川1号タイプ、遺伝子型Hはヘテロタイプを示す。また、図7の囲み線部分の各座の平均発病指數値を図8に示す。図8において、実線は罹病性型ホモの発病度平均値 抵抗性型ホモ系統発病度平均値、破線は罹病性型ホモの発病度平均値 ヘテロ系統発病度平均値、一点鎖線は抵抗性型ホモ系統発病度平均値 ヘテロ系統発病度平均値を示す。すなわち、罹病

40

50

性の遺伝型（A）をもつ雑種の発病指数は、抵抗性の遺伝型をもつ雑種の発病指数よりも高かった。したがって、2座に挟まれた領域の遺伝子型と雑種の抵抗性の強弱には相関があることが分かった。よって、当領域の遺伝子型を調査すれば、強抵抗性の系統が選抜できることがわかった。

【0129】

(6) インデル遺伝子型とフザリウム・オキシスポラムに対する発病指数の関係の解析

静岡県のトルコギキョウ産地から分離・同定されたフザリウム・オキシスポラムの1菌株（以下、フザリウム・オキシスポラム静岡菌株）は、フザリウム・ソラニーのQTL解析で用いた両親（紫盆及び大川1号）に対して異なる罹病性を示したため、それら両親の雑種がフザリウム・オキシスポラムのQTL解析に利用可能であると予想された。そこで雑種に対してフザリウム・オキシスポラム静岡菌株を接種したところ、抵抗性が分離した。さらに、「(4) インデル遺伝子型とフザリウム・ソラニーに対する発病指数の関係の解析」において得られた3座がフザリウム・ソラニー抵抗性親型（3座がB）の集団に対して、フザリウム・オキシスポラム静岡菌株を接種したところ、発病個体は認められなかった（図9）。

【0130】

病原菌を接種し強弱検定を行うことなく、遺伝子型の確認によってその後代個体のフザリウム・オキシスポラムによる立枯病抵抗性を評価可能であることが示された。

10

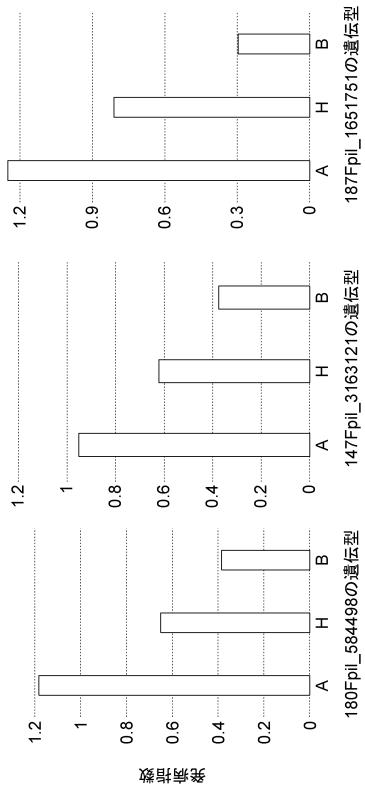
20

30

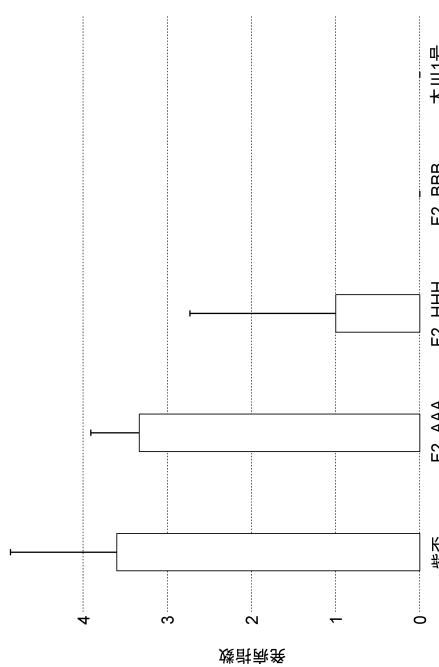
40

50

【図面】
【図 1】

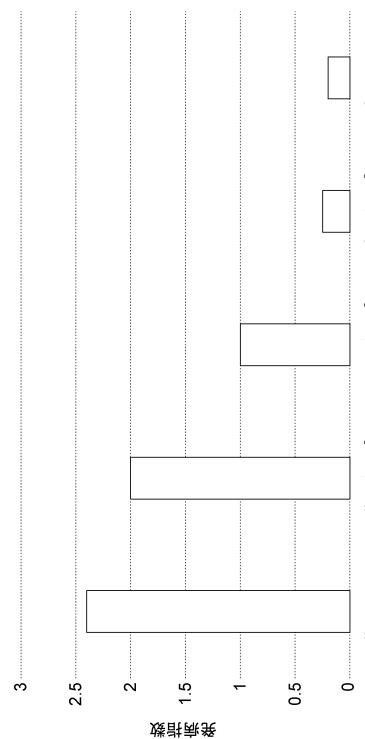


【図 2】

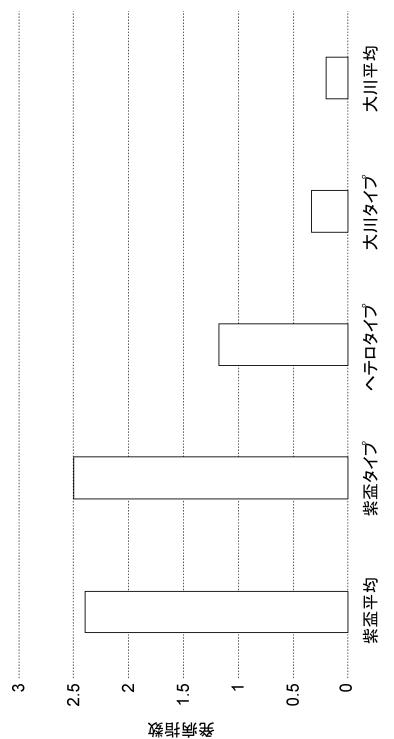


系統名および種類第二代の3座遺伝子型

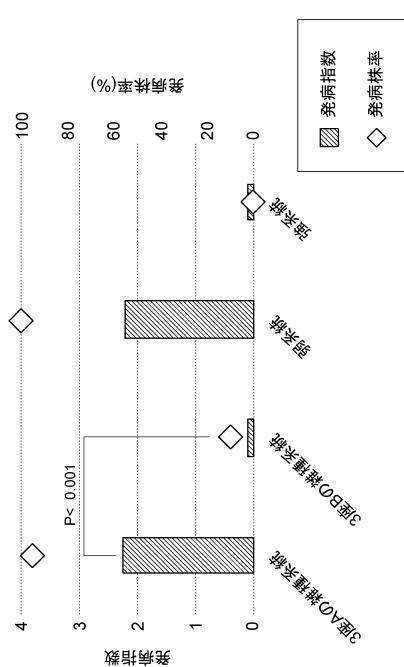
【図 3】



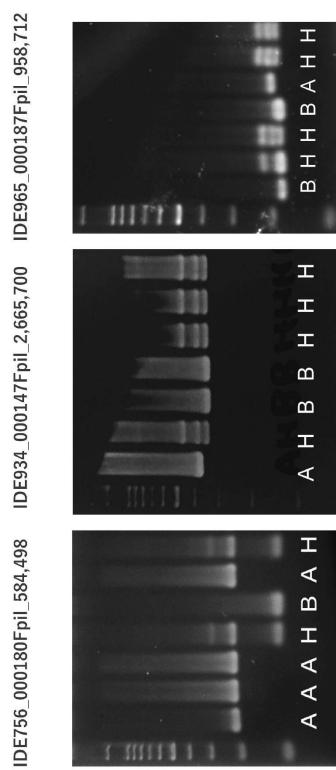
【図 4】



【図5】

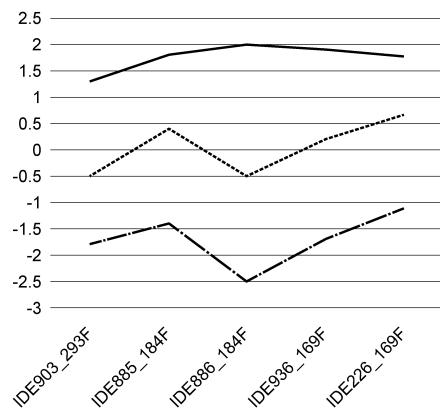


【 四 6 】

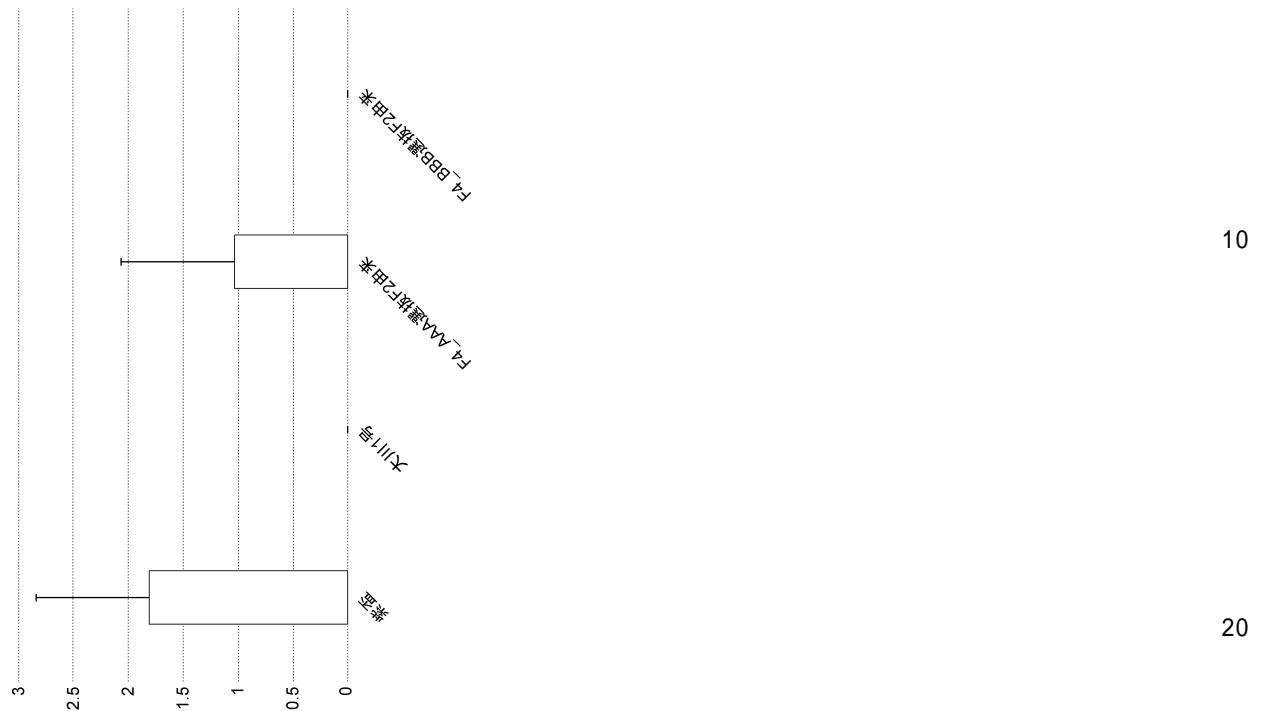


【図7】

【 四 8 】



【図 9】



【配列表】

0007527665000001.app

30

40

50

フロントページの続き

(51)国際特許分類

C 1 2 Q	1/686(2018.01)	F I	C 1 2 Q	1/686	Z
C 1 2 Q	1/6895(2018.01)		C 1 2 Q	1/6895	Z

茨城県つくば市藤本 2 - 1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門内

(72)発明者 佐藤 衛

茨城県つくば市観音台 2 - 1 - 2 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 遺伝資源センター内

(72)発明者 川勝 泰二

茨城県つくば市大わし 1 番 2 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 生物機能利用研究部門内

(72)発明者 福田 直子

茨城県つくば市藤本 2 - 1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門内

(72)発明者 川部 真登

茨城県つくば市藤本 2 - 1 国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構 野菜花き研究部門内

審査官 田中 晴絵

(56)参考文献 KAWABATA, Saneyuki et al. , *Scientia Horticulturae* , 2012年 , Vol. 144 , p.230-235 , DOI :10.1016/j.scienta.2011.12.024

Database GenBank [online], ID: JT578729.1, 2012.02.26 uploaded, [検索日 2024.01.17], T SA: Eustoma exaltatum subsp. russelianum E_gra_c22024 mRNA sequence , <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/JT578729.1>

ONOZAKI et al. , *The Horticulture Journal* , 2020年 , Vol. 89, No. 4 , p.473-480 , DOI: 10.2503/hortj.UTD-151

農研機構 野菜花き研究部門 編 , 水耕装置を用いたトルコギキョウ立枯病 (Fusarium solani) 抵抗性簡易検定法マニュアル , 生物系特定産業技術研究支援センターイノベーション創出強化研究推進事業 (基礎研究ステージ) 「トルコギキョウ立枯病害因子の探索と比較ゲノム解析を利用した抵抗性遺伝子の同定 (課題番号 30004A) 」成果資料 , 2021年01月

小野崎 隆 ほか , トルコギキョウの立枯病抵抗性育種に関する研究 (第2報) 抵抗性の品種・系統間差異および抵抗性の遺伝性 , 園芸学研究 別冊 , 2018年 , Vol. 17, No. 1 , p. 214 , ISSN: 1881-8307

藤原 博文 ほか , トルコギキョウの野生種の特性と新品種の育成 , 大分県農林水産センター研究報告 農業編 , 2008年 , No. 2 , p. 65-84 , ISSN: 1881-9206

(58)調査した分野 (Int.Cl. , DB名)

C 1 2 N 15 / 00 - 15 / 90
 A 01 H 1 / 00 - 17 / 00
 J S T P l u s / J M E D P l u s / J S T 7 5 8 0 (J D r e a m I I I)
 C A p l u s / M E D L I N E / E M B A S E / B I O S I S (S T N)
 G e n B a n k / E M B L / D D B J / G e n e S e q
 P u b M e d