

(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		F I	
C 1 2 Q	1/6869(2018.01)	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)	(73)特許権者	501203344
(22)出願日	令和4年1月31日(2022.1.31)		国立研究開発法人農業・食品産業技術総合研究機構
(65)公開番号	特開2022-138114(P2022-138114 A)		茨城県つくば市観音台3-1-1
(43)公開日	令和4年9月22日(2022.9.22)	(74)代理人	100088155
審査請求日	令和5年12月5日(2023.12.5)		弁理士 長谷川 芳樹
(31)優先権主張番号	特願2021-37627(P2021-37627)	(74)代理人	100128381
(32)優先日	令和3年3月9日(2021.3.9)		弁理士 清水 義憲
(33)優先権主張国・地域又は機関	日本国(JP)	(74)代理人	100211199
早期審査対象出願			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 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、

(1 0) 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、

(1 1) 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、

(1 2) 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、

(1 3) 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、

10

(1 4) 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、

(1 5) 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、

(1 6) 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、

(1 7) 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、

(1 8) 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、及び

20

(1 9) 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であり、

30

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、

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、

40

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り、

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・エグザルタトゥム型であることが、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

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、

10

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、

20

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、

30

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、

40

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。

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 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 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 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

10

20

30

40

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・エグザルタトゥ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5に記載の組成物又はプライマーセット。

10

【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、

20

配列番号19のゲノムDNAにおける391位～392位間における、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、

30

配列番号23のゲノムDNAにおける165位～166位間における、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、

40

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

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 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、

10

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】

20

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 (*Eus t o m a e x a l t a t u m*) 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、

30

(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、

40

(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、

50

(1 0) 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、

(1 1) 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、

(1 2) 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、

(1 3) 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、

(1 4) 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、

10

(1 5) 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、

(1 6) 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、

(1 7) 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、

(1 8) 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、及び

(1 9) 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

20

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であり、

30

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、

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、

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、

40

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・エグザルタトゥム型であることが、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 位の塩基が欠失していることであり、

前記 (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 における 2 4 0 位 ~ 2 9 1 位

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、

10

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、

20

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、

30

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、

40

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

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 4 1 のゲノム DNA における 2 7 8 位 ~ 4 3 2 位における配列番号 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 4 3 のゲノム DNA における 6 0 3 位 ~ 7 4 6 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 4 3 のゲノム DNA における 6 0 3 位 ~ 7 4 6 位における配列番号 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 4 3 のゲノム DNA における 4 7 3 位 ~ 4 7 7 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 5 0 ~ 1 2 0 0 b p の DNA 断片を増幅する、請求項 1 2 又は 1 3 に記載のプライマーセット。

【請求項 1 5】

配列番号 1 3 と 9 0 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 1 4 と 9 0 % 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 1 5 と 9 0 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 1 6 と 9 0 % 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 1 7 と 9 0 % 以上の配列同一性を有するプライマー、及び配列番号 1 8 と 9 0 % 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 1 2 ~ 1 4 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】

【0 0 0 1】

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】

【0 0 0 2】

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壌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。

【0 0 0 3】

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】

【0 0 0 4】

【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】

【0 0 0 5】

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。

【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。

(1) AGTTTGTCTTCCAGTGAGACCTCCAGCTCTATATATATACCTGCATAAATGACGTAATAATAGAAATATGATGTGATAGTGTGTTAGTGAAGGAATTCAGTAAATACAAATAGGAAGTTTCTAATAAAGCTGCTAAGATCATTTCCAGCTGTTTTTTTCATCCAAATATAGCAAGCGAAGCTTTCTTGTCTAAACCACCAATCACATTTGCCCTTTGCT (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) CAGAAGATGACGAGGCATACCATCAATCAAAAAAATATATGTCAAAAAAGTAATACAGACAATTGAATAGGCATAAAAAACAAGGGGAAAAAATAAGCAAGCATCATATCGTTTCATTTTATTTCCAACCATAGTTATTCGAACACAGCTTAGTAGTTTAGTGGTTCAACTGGTAGGCCATTGAGCCAAACTTTTAAGTTTTTATATATTACTAAAAATAATATAGGGCGGACCTTCGAGCAACCTGGTAAGGTGATGCTTTGTAACTTTGAGGTCACGGGTTCTGTCCTGCGGAAATAGCCTTCGAGTTTCGAGCCACAGAAATAATCTCTTTGTACAAAGTGTAAGATAAGGCTGCGGTACATCAGATTGCGAAACGATCTGGCC (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) GTCACGAGTTCAAGCTGCGAAAAACAACCTCTTGTA AAAAAGTGTAAGGTTATGAATGTACGGGATGTAAAAACAGAACTCTTGTA AAAAAGTGTAAGATATGACTGCACATATCAGATCGCAAAAGCGATTCCGTTTTCTCTCCGGACCTTGCTTGCAACAAACGTAGGAAGTTACTACGGGAGCGTCTTTGTAT (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) CTGTCCTCATCTTTTCGGCGCTTCTCTTAAAGTCTCCTCAATTCTCTTCTTCTTCCACTGAACATGGCACAAACACCAATCACGTTAACAGATGAAAAACACTTC (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) GATTGATCTCTAGACTTTATATGTTAGTCTATAAATA
GGGCTATATAATCTGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCTTC
TTTCTTCTTTTCTACACTTGAAGA (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) TGTGAAGTCAATTCAGATTCCCTTGGAAACCCCATCCA
GTGTATAACTGAGCACCATATCTCGCTAATGACTTGACAT
TTAAAAAATAGGTGCCCTTACGGTT (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) TTTGCCCTCAAGGTCCCTTCCACATTTGCAGGAGAGAA
GATGTACGAGTGCTGGCACTGTCTTGCTCACCCCTCCCAT
GCCGCCCAGACTCTGGAGATTGTGCATTTTAAAGAAATAGA
AGAACCAAAAAATGGAATGATTGGGCAAAACCAGTAACAGCC
ATTCCACTTTCAGTAATCAAAATCAACCATCTGACAACCCA
ATCATGCTAATCATAGCATAAAGTAGCATATAACACATCC
ATATGCTCTCATCACATCCAAAAAAGTGTCCATTACCAATA
TGCAGTTACATCAAAACACCTGGTATTTGATATACAAGTGT
CAGAAAAATTACATTTCTGGAAAAAGAGAAAAAGGTCATAAC
GCCCATCTTTTCTCTGAAAAAGTGAAACCCACCCAAACAAA
AAACTTGAAAAAGTCAACATTTGAAGGCCACCGAATTATTC
AAAAATTTGGAATCAAAATAAAGCGACGACATAAAACCCATC
AATAAAAAATAGAATCTTGCACACTCGCCACCCCTACCTCC
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) TGCTTTCAGCCCGCAATCTAAACTTTCATGATCCAGCTC
TTTATCAAAATGCTGCATAAGGTAACTGATAATCTTTTATC
AATCCGGGCATATTTGTAGTGTGTCATGTCTCCTTAATTTTC
TATCCTGGATGACACTTTTCAATGAAGCTTTTTCATTGATC
TAATTTTCTTAATGGCAATAGTGTTCATGTTGTAAAGTTAT
TTAGATCTTGTACTCCATGTTTTATCTTGGTTTCTCTTCC
TCTCCCCCTTTAAATGTGATTATATACTTTAGTTTCTGGA
GCTTATTTAGTATTGAATTGGTTGATTGCCCTTCATGTTGA
TACTTGTACATTAATGGAGATTGTGATTATCATTCCTGTA
TTGCAGTTTCATGCGAAAAAGTGCTTGCACCTGCTGATGGCTG
AGTTCCGAAAGCTAGGTGCTAATGTTGTACATGCAACCTT
TTCAAAATTCATCATTTGACACTGGGAAATCTGATCTTCTT
GCCGCAAAAGCTTATTGTGATAGTTTGTCTCAAAACTCTGC
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) CCGGTGTGGGCTCAACATTAGCAAAACCATGAAGTGTT
TTTTTTTTCACCTTTATTTGACATACCATGAAGTGTTAATC
CACAAATTACAAAAAATAACAAGTTTGTAAAGAAAGGCAAG
GTCACCAAAACAGCGGTCAACACATATATACATACACACACA
TATATATATATATATAATGACACCTTTTAGAGAAAAA
CTTAAGTGCTGTACCGGACATGCTCGGTGGGCTCTGGTGT
CAATATTATACTATGATCATGATTAGGGCTGTAAATGAAC
CAAGCCGTTTCGGTTGTTAGGCTCGTTTGGTTTCGAGCTCAA
ACTCGAGCTCGGCTCGGATAAAAGGTTAATGAACAGAGCT
TGAACACCTTTTCTGTTCGAGCTCGGTAAAGTGACACCGT
TCGTTTAAAGGTGTTTCGGCTCGTTAAATGTTGTTCGTTGAGT

10

20

30

40

50

T A A A C G A A C C A A G C T T G A A C A A G T A A A T A T G T T C G T T T A A
A T A A A C G A A C A A G C T C G G C T C G T T C G C T A A G T T A A A T G A A
C A G A G C T T G A A C A A C G C A A T G C T C G G C T C G T T C G G C T C G T
T T A C A G C C C T A A T C A T G A T T A A A A T G A C A G G A T A C A T A T A
T A C A C A C A C T T T T C T T T C G A C C T G C A T A A T T C T T T A T T C T
T T T T C A G T C C C T C A A T G T T T T C T A C T T T C T G T A T A A A A G C
A T T A T A A T T T T G T A G A C T T A T G A A A T A C C C T A A T T T G G T T
G T C G A A G C A A A A C T T C A C A G G A C T T C A A A T A G A C A T G A T A
A T A T A T C T G C G C T A A C T T A A T T A T G A T A A C T G A T G C T T T T
G T T T T C T C A T A T A C A T A A A T T T G T G T C T A C T T T C T T T T T A
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 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

10

(1 0) 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 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 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 T A C A T T G T T C C 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 T C C G T C T T A T T A T T T T A T C T T T T A A T G G T
T A A T G A G T A A T A T 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 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

20

(1 1) 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 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 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 T G T 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 T C T T C A A G G A A C T T A 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 C C A T T A T T T G C C A A G T A A G C A G 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 2 7) 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

30

(1 2) T C T T T G C C T T C G A C T T C T T T C A T C T T T T A G G G T T T C
C A C T G C T T T T G T A A C A T 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 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 A C T G T A C A T T G A G G C C T T C T C T
T C C C A T 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 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

40

(1 3) G G G A 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 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 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 T A 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 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

50

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 T T T T T A A C T T A A A C
G A G T C T A A A C T C G A A A A C C T A C T A T T T G A T T C G G T 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 T A T T 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 C T T T A T A T T A A A A G A A G T T T C T 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 A G A G G G A A A T A T A A G A G C
A A C G (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

(1 4) C T C C T C C G A A T C C A C T T G A G G T G C A T A T A G G C T T A T
A A T A T T G A T T G C T T C T 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 T C C T 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 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 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 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 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 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 T C A C T G T A T T C G A G T T C T C T A G G A G A
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 C C A T
G C G A C G A G G A T C C T T G T 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 3 3) のゲノム DNA に対応するゲノム DNA がユース
ストマ・エグザルタトゥム型である

(1 5) 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 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 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 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 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 T C A 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 T C G C G T T A A A
C T A T T C T A A (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

(1 6) 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 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 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 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 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

(1 7) 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 T A A G
A G T C G C T A T A T A T A T 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

10

20

30

40

50

AAATGGGATCACCTTTAAGACGATCTAATCAATAAACATTA
AAGTATGCATATGCTTAAAGTGAAATATTTGAAAGAAAAA
GTTATGCCGCTAGCAATGTAGAGGTGGATTTCGTTTAAAGG
CCACAAGACGTTATAACTTTAATTATTTTATAAATAGTG
CAATGATTGTTGTTGTATTTTATAAATACTGCAATTAAATT
AATCTATGCGAGGTATATATAGAGTCGAGGGTTTTCCTGGA
(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)GGTCTTCAGATGGACGTGACTTGGTATCTAATTGAA
TAGTTTCGCTAAGTACAAAATTGTGCACGGGATGGATGATC
TATCAATAGTTTCATATTCATTGTATCTTATGTTACAGTCT
AATTTAAACAATGGACGATCTCGTTTTTTCGATTTTTTGAT
CACAATAAAAAAATAACATTAAGTGGACAAATAATT
CGATGCAATTGATGCCTATGAAGCAAAATTTGATCCTCTC
GCTCAAGGTCTGTAATACTGCTTAATAATTAGGTTATGGTT
ACTATGGGTCTATCGGAAACAACCTCTGTATGTTTCTAAT
ACATGGATATGGTTGCATACATCTGACCCCTATACCCGCC
ATAGACGGGAGCCTCTAACGCAATGGTGTAATGTTGTGTT
GTAATTAGGTTATGGTTACAAGGGTGGGCCCTTGAACCAAC
TAGTAAGTTTTGTTGCTTTGTAACTTTAAGGTTACCGGTTTC
AAGCCTGCCTCTTACACAAGTACTGAATAAGACTTTCATA
TATCACATCGCAAAACGATTTCGACCCCTCTTTAGATCGTG
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・エグザルタトゥム型である

(19)GCTGCAACATTCACCTTGACTTGGTCTGGTGGATGCT
TCATTTCCAGAACTTTGAGCCACCCCAACAGAAACCCACA
AATAAGAGATCAAAACCAACACTGTTCTCCACATATATAA
CTTGGCCTGCATTTTTTGCACAAAAGCCGCGAGCTCAAAGT
GTGATTCTTGATGTCCTTCTTGGAATATGAGTGCATCTGC
AGAGAGATGCATTATGAACCTCTGGGAATTCTAGTACAGAA
TTTTGTGGAATCGTGGAATTTGACATGGCTTGCAGGTAAAG
TTTCTTATACATTATTAATAATTTTTTTCTTATTTCAA
TTATATTCAGGCGCGGAAGGTTCCATATTTATTGAATCAA
ACTATACTGTCCTATATCTAACCTTCTGCGTATCTATTCCA
TGAAAGGTACGAAGAAGAAGAAGTTACTTGCATTTGATT
ATGAACATAAAGACGACAAACAACATTCATATGACTTTAGA
GTCTCTCGCTTATGGCAGTGTATAGATGGTCGGATGTACA
CAACTATACCTATATGTTAGAAACGCATAGATGTTTCCCG
ATGACCCATAATAAAAAATTGTGTCAAGCTATGTCGATCAA
CTGCTATCTCTCACCCCATTTTCCATCGTCCGCCACGTGC
CAACAGGGAGGGTGAGCCTAAATGAGAGAATGGGGAGGAA
GAATTGTATGAGTGGGATGGCTGGCGCGTGGTGGACAGAG
GGAAAGGAGGTGAGGGATTTGAGGGTCCACACTAAAGTA
GCCGATAGACCTTAAGAGGGGAATTTAACTTATGTACAAT
CTAAATATGTCGCCCTCATGTTTCAAACACACTCATCAAAA
CTTTTAGACCTGATAAGCTTATGACCATTAATGCCCAAGTC
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・エグザルタトゥム型である

(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

10

20

30

40

[3]

50

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り、〔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 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、〔 4 〕に記載の方法。

10

〔 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。

20

〔 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

30

(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

40

(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

50

トゥム型である

(1 3) 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

(1 4) 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

(1 5) 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

(1 6) 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

(1 7) 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

10

(1 8) 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

(1 9) 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

[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 9 0 % 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 9 0 % の配列同一性を有することであり、

20

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 9 0 % の配列同一性を有することであり、

上記 (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・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 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、

30

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、

40

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

50

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、

10

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、〔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であり、

20

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であり、

30

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、

40

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 5

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 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

10

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

20

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、〔 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。

30

〔 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カー。

〔 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。

40

(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

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・エグザルタトゥム型である

(7) 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

(8) 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

(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・エグザルタトゥム型である

(1 0) 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

10

(1 1) 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

(1 2) 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

(1 3) 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

(1 4) 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

(1 5) 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

20

(1 6) 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

(1 7) 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

(1 8) 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

(1 9) 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

[1 6]

30

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 (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 (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 (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・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 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、

40

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

50

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、

10

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、

20

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、〔 15 〕に記載の交配後代トルコギキョウ植物。

〔 17 〕

30

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、〔 15 〕又は〔 16 〕に記載の交配後代トルコギキョウ植物。

40

〔 18 〕 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、

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、

10

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、

20

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、

30

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、

40

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、

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、〔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。

10

(1) AGTTTGGCTTCCAGTGAGACCTCCAGCTCTATATATACCTGCATAAATGACGTAATAATAGAAATATGATGTGATAGTGTGTTAGTGAAGGAATTCAGTAAATACAAATAGGAAGTTTCTAATAAAGCTGCTAAGATCATTTCCAGCTGTTTTTTTCATCCAAATATAGCAAGCGAAGCTTTCTTGTCTAAACCAACAATCACATTTGCCCTTTGCT(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

20

(2) CAGAAGATGACGAGGCGATACCATCAATCAAAAAAATATATGTCAAAAAGTAATACAGACAAATTGAATAGGCGATAAAAAAACAAAGGGGAAAAAATAAGCAAGCATCATATCGTTTCATTTTATTTCCAACCATAGTTATTCGAACACAGCTTAGTAGTTTATGTGGTTCAACTGGTAGGCCATTGAGCCAAACTTTTAAGTTTTTATATATTACTAAAAATAATATAGGGCGGACCTTCGAGCAACTGGTAAGGTGATGCTTTGTAACTTTGAGGTCACGGGTTCGTCCCGCGGAAAAATAGCCTTCGAGTTTCGAGCCACAGAAATAATCTCTTTGTACAAAGTGTAAAGATAAGGCTGCGTACATCAGATTGCGAAACGATCTGGCC(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

30

(3) GTCACGAGTTCAAGCTGCGAAAAACAACCTCTTGTAAAAAAAAGTGTAAGGTATGAATGTACGGGATGTAAAAACAGAAATCTTGTAAAAAAGTGTAAGATATGACTGCACATATCAGATCGCAAAAGCGATTCCGTTTCTCTCCGGACCTTGCTTGCACAAACGTAGGAAGTTACTACGGGAGCGTCCCTTTGTAT(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) CTGTCCTCATCTTTTCGGCGCTTCTCTTAAGTCTCCTCAATTCCTCTTCTTCTTCTTCCACTGAACATGGCACAAACACAATCACGTTAAACAGATGAAAAACACTTC(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

40

(5) GATTGATCTCTAGACTTTATATGTTAGTCTATAAATAAGGGCTATAATAATCTGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCTTCTTTCTTCTTTTCTACACTTGAAGA(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) TGTGAAGTCAATTCAGATTCTTGGAAACCCCATCCAAGTGTAATAACTGAGCACCATATCTCGCTAATGACTTGAACATTTAAAAAATAAGGTGCCTTACGGTT(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) TTTGCCCTCAAGGTCTTCCACATTTGCAGGAGAGAA

50

GATGTACGAGTGCTGGCACTGTCTTGCTCACCCCTCCCATAG
GCCGCCCCAGACTCTGGAGATTGTGCATTTTAAAGAATAGA
AGAACCAAAAATGGAATGATTGGGCAAAACCAGTAACAGCC
ATTCCACTTTCAGTAATCAAAATCAACCATCTGACAAACCCA
ATCATGCTAATCATAGCATAAAGTAGCATATAACACATCC
ATATGCTCTCATCACATCCAAAAAACTGTCCATTACCAATA
TGCAGTTACATCAAAACACCTGGTATTTTGATATACAAGTGT
CAGAAAAATTACATTTCTGGAAAAAGAGAAAAAGGTCATAAC
GCCCATCTTTTCTCTGAAAAAGTGAAAACCCACCCCAACAAAA
AAACTTGAAAAAGTCAACATTTGAAGGCCACCGAATTATTC
AAAAATTTGGGAATCAAAATAAAGCGACGACATAAAACCCATC
AATAAAAAATAGAAATCTTGACACACTCGCCACCCCTACCTCC
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

10

グザルタトゥム型である

(8) TGCTTCAGCCCCGCAATCTAAACTTTCATGATCCAGCTC
TTTATCAAAATGCTGCATAAGGTAACCTGATAATCTTTTATC
AATCCGGGCATATTTGTAGTGTTCATGTCTCCTTAATTTTC
TATCCTGGATGACACTTTTCAATGAAGCTTTTTCATTGATC
TAATTTTCTTAATGGCAATAGTGTTCATGTTGTAAAGTTAT
TTAGATCTTGTACTCCATGTTTTATCTTGGTTTCTCTTCC
TCTCCCCCTTTAAATGTGATTATATACTTTAGTTTCTGGA
GCTTATTTAGTATTGAATTGGTTGATTGCCTTTCATGTTGA
TACTTGTTCATTTATGGAGATTGTGATTATCATTCCTGTA
TTGCAGTTTCATGCGAAAAAGTGCTTGCACTGCTGATGGCTG
AGTTCCGAAAGCTAGGTGCTAATGTTGTACATGCAACCTT
TTCAAAAATTCATCATTTGACACTGGGAATCTGATCTTCTT
GCCGCAAAAAGCTTATTGTGATAGTTTGCTCAAAAACCTCTGC
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

20

グザルタトゥム型である

(9) CCGGTGTGGGCTCAACATTAGCAAAACCATGAAGTGTT
TTTTTTTTCACCTTTATTTGACATACCATGAAGTGTTAATC
CACAATTACAAAAAATAACAAGTTTGTAAAGAAAGGCAAG
GTCACCAAAACAGCGGTCACACATATATACATACACACACA
TATATATATATATATAATGACACCTTTTAGAGAAAAA
CTTAAGTGCTGTACC GGACATGCTCGGTGGGCTCTGGTGT
CAATATTATACTATGATCATGATTAGGGCTGTAAATGAAC
CAAGCCGTTTCGGTTGTTAGGCTCGTTTGGTTTCGAGCTCAA
ACTCGAGCTCGGCTCGGATAAAAGGTTAATGAACAGAGCT
TGAACACCTTTTCTGTTCGAGCTCGGTAAAGTGACACCGT
TCGTTTAAAGGTGTTTCGGCTCGTTAATGTTGTTTCGTTGAGT
TAAACGAACCAAGCTTGAACAAGTAAATATGTTTCGTTTAA
ATAAACGAACAAGCTCGGCTCGTTTCGCTAAGTTAAATGAA
CAGAGCTTGAACAACGCAATGCTCGGCTCGTTTCGGCTCGT
TTACAGCCCTAATCATGATTAAAATGACAGGATACATATA
TACACACACTTTTCTTTCGACCTGCATAATTCTTTATTCT
TTTTTCAGTCCCTCAATGTTTTCTACTTTCTGTATAAAAGC
ATTATAATTTTGTAGACTTATGAAATACCCCTAATTTGGTT
GTCGAAGCAAAACTTCACAGGACTTCAAAATAGACATGATA
ATATATCTGCGCTAACTTAATTATGATAACTGATGCTTTT
GTTTTCTCATATACATAAAATTTGTGTCTACTTTCTTTTAA

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 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

(1 0) 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 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 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 T A C A T T G T T C C 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 T C C G T C T T A T T A T T T T A T C T T T T A A T G G T
T A A T G A G T A A T A T 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 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

10

(1 1) 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 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 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 T G T 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 T C T T C A A G G A A C T T A 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 C C A T T A T T T G C C A A G T A A G C A G 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 2 7) 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

20

(1 2) T C T T T G C C T T C G A C T T C T T T C A T C T T T T A G G G T T T C
C A C T G C T T T T G T A A C A T 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 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 A C T G T A C A T T G A G G C C T T C T C T
T C C C A T 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 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

30

(1 3) G G G A 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 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 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 T A 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 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 T T T T A A C T T A A A C
G A G T C T A A A C T C G A A A A C C T A C T A T T T G A T T C G G T 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 T A T T 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 C T T T A T A T T A A A A A G A A G T T T C T 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 A G A G G G A A A T A T A A G A G C
A A C G (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

40

(1 4) C T C C T C C G A A T C C A C T T G A G G T G C A T A T A G G C T T A T

50

A A T A T T G A T T G C T T C T 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 T C C T 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 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 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 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 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 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 T C A C T G T A T T C G A G T T C T C T A G G A G A
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 C C A T
G C G A C G A G G A T C C T T G T 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 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

10

(1 5) 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 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 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 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 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 T C A 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 T C G C G T T A A A
C T A T T C T A A (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

20

(1 6) 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 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 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 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

30

(1 7) 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 T A A G
A G T C G C T A T A T A T A T 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 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 T A T A A A T A G T G C
A A T G A T T G T T G T T G T A T 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 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 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

40

(1 8) 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

50

TATCAATAGTTTCATATTTCATTGTATCTTATGTTACAGTCT
AATTTTAAACAATGGACGATCTCGTTTTTTCGATTTTTTGAT
CACAATAAAAAAATAACATTAAAAGTGGACAAATAATT
CGATGCAATTGATGCACTATGAAGCAAATTTGATCCTCTC
GCTCAAGGTTCGTAATACTGCTTAATAATTAGGTTATGGTT
ACTATGGGTTCATCGGAAAACAACCTCTGTATGTTTCTAAT
ACATGGATATGGTTGCATACATCTGACCCCTATACCCGCC
ATAGACGGGAGCCTCTAACGCAATGGTGTAATGTTGTGTT
GTAATTAGGTTATGGTTACAAGGGTGGGCCCTTGAACCAAC
TAGTAAGTTTTGTTGCTTTGTAACTTTAAGGTTACCGGTTTC
AAGCCTGCTCTTTACACAAGTACTGAATAAGACTTTCATA
TATCACATCGCAAAACGATTTCGACCCCTCTTTAGATCGTG
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
・エグザルタトゥム型である

10

(19) GCTGCAACATTTCACTTTGACTTTGGTCTGGTGGATGCT
TCATTTTCCAGAACTTTGAGCCACCCCAACAGAAACCCACA
AATAAGAGATCAAAACCAACACTGTTCTCCACATATATAA
CTTGGCCTGCATTTTTTTGCACAAAAGCCGCGAGCTCAAAGT
GTGATTTCTTGATGTCCTTTCTGGAAATATGAGTGCATCTGC
AGAGAGATGCAATTATGAACCTCTGGGAATTCTAGTACAGAA
TTTTGTGGAATCGTGGAAATTTGACATGGCTTGCAGGTAAAG
TTTTCTTATACATTTAATAATAATTTTTTTCTTATTTCAA
TTATATTTCAAGGCGCGGAAGGTTCCATATTTATTGAATCAA
ACTATACTGTCTCTATATCTAACCTTCTGCGTATCTATTTCCA
TGAAAGGTACGAAGAAGAAGAAGTTACTTGCATTTGATTA
ATGAACATAAAGACGACAAACAACATTTCCATATGACTTTAGA
GTCTCTCTCGCTTATGGCAGTGTATAGATGGTCGGATGTACA
CAACTATACCTATATGTTAGAAACGCATAGATGTTTCCCG
ATGACCCATAATAAAAAATTGTGTCAAGCTATGTCGATCAA
CTGCTATCTCTCACCCCATTTTCCATCGTCCGCCACGTGC
CAACAGGGAGGGTGAAGCCTAAATGAGAGAAATGGGGAGGAA
GAATTGTATGAGTGGGATGGCTGGCGCGTGGTGGACAGAG
GGAAAGGAGGTGAGGGATTGAGGGTCCACACTAAAAGTA
GCCGATAGACCTTAAGAGGGGAATAATTTAACTTATGTACAA
CTAAAATGTCGCCCTCATGTTTCAAACACACTCATCAATAA
CTTTTAGACCTGATAAGCTTATGACCATTATGCCCAAGTTC
GTATTAGCACCATACATGCTTAGTTCG (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

20

30

[P 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
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、

40

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

50

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、

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、

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、

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、〔 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 100 位の塩基がチミンであることであり、

40

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 1 〕又は〔 P 2 〕に記載の方法。

〔 P 4 〕

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、

10

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、

20

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、

30

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、

40

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

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カー。

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

50

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、〔P8〕に記載の方法。

〔P10〕

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、〔P8〕又は〔P9〕に記載の方法。

〔P11〕

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、

10

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、

20

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〕

30

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

40

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

50

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

10

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、〔 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) ~ (1 9) 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。

20

〔 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) ~ (1 9) 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。

30

(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

40

(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

50

トゥム型である

(1 1) 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

(1 2) 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

(1 3) 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

(1 4) 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

(1 5) 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

10

(1 6) 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

(1 7) 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

(1 8) 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

(1 9) 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

[P 1 6]

20

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 (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 (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 (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・エグザルタトゥム型であることが、配列番号 1 9 のゲノム DNA に対応するゲノム DNA が配列番号 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、

30

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、

40

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、

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、

10

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ョウ植物。

〔P17〕

20

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ョウ植物。

30

〔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、

40

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、

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～１
90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

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。

10

【図2】3座SNP(180Fpil_584498, 147Fpil_3163121, 187Fpil_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】ID756_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】ID756_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。

20

【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。

30

【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。

40

【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

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、莖等を含む。

【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、病徴が弱まれば抵抗性を有し、病徴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。

10

【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）

20

水耕装置（ホームハイポニカSarah，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。

30

【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

40

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

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となることを発病指数0～

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・オキシスポラム）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・オキシスポラム）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・オキシスポラム）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・オキシスポラム）フザリウム・ソラニー、フザリウム・オキシスポラム）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 1400 Mb である。

【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。

【0017】

10

20

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・エグザルタウム'大川1号'	比較
IDE756 _180F	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>T</u> AATAATAG AAATATGATGTGATAGTGTGT TAGTGAGGAAATTCAGTAAA TACAAATAGGAAGTTTCTAAT AAACTGCTAAGATCATTCCA GCTGTTTTTTCATCCAATATA GCAAGCGAACTTTCTTGTCT AAACCACAATCACATTGCCT TTGCT(配列番号1)	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>C</u> AATATAGC AAGCGAACTTTCTTGTCTAAA 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 TGAATAGGCATAAAAAAACA AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGGCCATTGAGCC AAACTTTAAGTTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>G</u> GTG <u>A</u> TGCTTTGTAACTTG AGGTCACGGGTTTCGTCCCGC GGAAATAGCCTCGAGTTCTGA GCCACAGAAATAATCTCTTG TACAAAGTGTAAGATAAGGC TGCGTACATCAGATTGCGAA ACGATCTGGCC(配列番号2)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAAACA AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGGG <u>C</u> ATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAA <u>A</u> GTG <u>C</u> TGCTTTGTAAACC TTGAGGTCACGGGTTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TTGTACAAAGTGTAAGATAA 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	<p>GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTTGTAAAAAA AAGTGTAGGTTATGAATGTA CGGGATGTAAAAACAGAATC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GACTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTTCTCTC CGGACCTTGCTTGCACAAC GTAGGAAGTTACTACGGGAG CGTCCTTTGTAT(配列番号 3)</p>	<p>GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTTGTAAAAAA AAGTGTAGGTTATGAATGTA CGGGCTGTAAAAACAGAATC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GACTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTTCTCAC AGACGTAGGAAGTTACTACG GGAGCGTCCTTTGTAT(配列 番号9)</p>	<p>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</p>
IDE903 _293F	<p>TTTGCCCTCAAGGTCCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT GTACGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCCCTCCCATAGCC GCCCAGACTCTGGAGATTGT GCATTTTTAAAGAAATAGAAGA ACCAAAAATGGAATGATTGG GCAAACCAGTAACAGCCATT CCACTTCAGTAATCAAAATC AACCATCTGACAACCCAATC ATGCTAATCATAGCATAAAG TAGCATATAACACATCCATAT GCTCTCATCACATCCAAAAA CTGTCCATTACCAATATGCA GTTACATCAAACACCTGGTA TTTGATATACAAGTGTGAGAA AATTACATTTCTGGAAAAAGA GAAAAGGTCATAACGCCCAT CTTTTCTCTGAAAAGTGAAA CCCACCCAAACAAAAAACTG AAAAAGTCAAACATTTGAAGG CCACCGAATTATTCAAAATTT GGAATCAAATAAAGCGACGA CATAAAACCCATCAATAAAA ATAGAATCTTGCACACTCGC CCACCCTACCTCCCAATCA(配 列番号19)</p>	<p>TTTGCCCTCAAGGTCCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT GTCCGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCCCTCCCATAGCC CAGACTCTGGAGATTGTGCA TTTTTAATAATAGAAGAACCA AAAATGGAATGATTGGGCAA ACCAGTAACAGCCATTCCAC TTTAGTAATCAAAATCAACCA TCTGACAACCCAATCATGCT AATCATAGCACAAAGTAGCA TATAACACATCCATATGCTCT TAACACATCCAAAACTGCC CATTACCAGTACGCAGTTAC TTCAAACACCTGGTATTTGAT ATACAAGTGTGAGAAAATTA CATTTCTGCAGGTAATCCAC TCGAATAAAATAATAATTATC CCTTATAATTTGTAAAACCC AATGAACTAAGCATACAATT AAACCCGCAAATGCTTTCTG GAAAAAGAGAAAAGATCATA ACACCCGTCTTTTCTCTGTA AAGTGAAACCCACCCGCCAA AAAAAAAATAAAAAAACTGAA AAGGTCAAATTTGAAGGCC ACCGAATATTGAAAAATTG GAATCAAATAAAGCGACAAAC GTAAAACCCATCAATAAAAA TAGAATCTTGCACATTCGCC CACCTACCTCCCAATCA(配 列番号20)</p>	<p>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</p>

10

20

30

40

IDE885 -184F	TGCTTCAGCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTTATCAATCC GGGCATATTTGTAGTGT <u>C</u> AT GTCTCCTTAATTTTCTATCCT GGA <u>T</u> GACACTTTTCAATGAA GCTTTTCATTGATCTAATTTT CTTAATGGCAATAGTGTTTCA GTTGTAAGTTATTTAGATCTT GTACTCCATGTTTTATCTTGG TTTCTCTTCCTCTCCCCCTTT AAATGTGATTATATACTTTAG TTTCTGGAGCTTATTTAGTAT TGAATTGGTTGATTGCC <u>T</u> TCA TGTTGATACTTGTTACATTAT GGAGATTTGATTTATCATTCC TGTATTGCAGTTCATGCGAA AAGTG <u>C</u> TTGCACTGCTGATG GCTGAGTTCCGAAAGCTAGG <u>T</u> GCTAATGTTGTACATGCAA CCTTTTCAAATTCATCATTG ACACTGGGAAATCTGATCTT CTTGCCGCAAAGCTTATTG TGATAGTTTGCTCAAACTCT GCAGACT(配列番号21)	TGCTTCAGCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTTATCAATCC GA <u>G</u> CATATTTGTAGTGT <u>T</u> ATG TCTCCTTAATTTTCTATCCTG G <u>T</u> TGACACTTTTCAATAAAG CTTTTCATTGATCTAATTTTC TTAATGGCAATAATGTTTCA TTGTAAGTTATTTAGATCTTG TACTCCATGTTTTATCTTGGT TTCTCTTCCTCGAATTGGTTG ATTGCC <u>C</u> TCATGTTGATACTT GTTACATTATGGAGATTTGAT TTATCATTCCCTGTATTGCAGT TCATGCGAAAAGTG <u>T</u> TTGCA CT <u>A</u> CTGATGGCTGAGTTCCG AAAGCTAGGGGCTAATGTTG TACATGCAACCTTTTCAAAT TCATCATTGACACTGG <u>A</u> AAA TCTGATCTTCTTGCCGCAAA AGCTTATTGTGATAGTTTGCT CAAACTCTGCAGACTA(配列 番号22)	大川1号に おいて、配 列番号21 の240位— 291位欠失 (52bp)下 線はSNPを 示す

10

20

30

40

50

<p>IDE886 -184F</p>	<p>CCGGTGTGGGCTCAACATTA GCAAACCATGAAGTGTTTTT TTTCACCTTTATTTGACATAC CATGAAGTGTTAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTTG TTAAGAAAGGCAAGGTCACC AAACAGCGGTCACACATATA TACATACACACACATATATAT ATATATATAATGACACCTTTT AGAGAAAAAAA<u>A</u>CTTAAGTG CTGTACCGGACATGCTCGGT GGGCTCTGGTGTCAATATTA TACTATGATCATGATTAGGG CTGTAAATGAACCAAGCCGT TCGGTTGTTAGGCTCGTTTG GTTTCGAGCTCAAACCTCGAGC TCGGCTCGGATAAAAGGTTA ATGAACAGAGCTTGAACACC TTTTTCTGTTTCGAGCTCGGTA AGTGACACCGTTTCGTTTAAG GTGTTTCGGCTCGTTAATGTT GTTTCGTTGAGTTAAACGAAC CAAGCTTGAACAAGTAAATA TGTTTCGTTTAAATAAACGAAC AAGCTCGGCTCGTTTCGCTAA GTTAAATGAACAGAGCTTGA ACAACGCAATGCTCGGCTCG TTCGGCTCGTTTACAGCCCT AATCATGATTAATAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTTCGACCTGCATAATTC TTTATTCTTTTTTCAGTCCCTC AATGTTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTTGTAG ACTTATGAAATACCCTAATTT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAAC TTAATTATGATAACTGATGCT TTTGTTTTCTCATATACATAA ATTTGTGTCTACTTTCTTTTT ATGAACAAGGGGGAGAAGGG TGTCTGGAT(配列番号23)</p>	<p>CCGGTGTGGGCTCAACATTA GCAAACCATGAAGTGTTTTT TTTCACCTTTATTTGACATAC CATGAAGTGTTAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTTG TTAAGAAAGGCAAGGTCACC AAACAGCGGTCACACATATA TACATACACACATATATATAT ATATATATATATATATATA TATATATATATATATAATGAC ACCTTTTAGAGAAAAAA<u>GC</u> TTAAGTGCTGTACCGGACAT GCTCGGTGGGCTCTGGTGTC AATATTATACTATGATCATGA ATTCATGATTAATAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTTCGACCTGCATAATTC TTTATTCTTTTTTCAGTCCCTC AATGTTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTTGTAG ACTTATGAAATACCCTAATTT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TAATTATGATAACTGATGCTT TTGTTTTCTCATATACATAAA TTTGTGTCTACTTTCTTTTTA TGAACAAGGGGGAGAAGGGT GTCTGGAT(配列番号24)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号23 の152位— 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— 167位間に 挿入(28bp, TAリピート 12組、太 字)下線は SNPを示す</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p>
-------------------------	--	---	---	---

IDE936 -169F	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCCACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAGC AACCTTTTGTCCATTGTACG GGTTGCACCTCCATTACGGT GCATTTTTTCGGTCAAGGTAC GCCTTGGCCATTGGGTATAT TATTTACATTGTTCCAAAAAA GATGATGAGTGTAGCAAAAC AGAAAATCCGTCTTATTATTT TATCTTTTAATGGTTAATGAG TAATATTTTAAGTC <u>G</u> GTCACT AATTATTGATAATGCTCCGTA ATTTACAAGTTGGTCTCT <u>T</u> TG GGAG(配列番号25)	TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCCACCGAAGATG TTAGCGATGATGAGTGTAAA CAATGTAAATAGTATACCCA ATGAGCCACGGCGTACCCTC ACCCGCAAAAATACACCGTA ATGGGGGTGCAACTCGTACA ATGGACGAAAGATAGCTAAG CAACATGCTGCCAGCCATTA AAGCCATAGCAAAAAGAGAA CAAAAAAAGGCCAAAGGAAC AGGCTGCATGGCCCGATTTA CATTAAAATGCCCAACAATA AACTGCAAAATGTAGCAAAA CAGAAAATCCGTCTTATTATT TTATCTTTTAATGGTTAATGA GTAATATTTTAAGTC <u>A</u> GTCAC TAATTATTGATAGTGCTCCGT AATTTACAAGTTGGTCTCT <u>A</u> T GGGAG(配列番号26)	大川1号に おいて、配 列番号25 の78位— 190位欠失 (113bp)、同 位置に挿入 配列(太字 212bp)、下 線はSNPを 示す
IDE226 -169F	TGGCATGACAAAAG <u>C</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCTTCATT CATCTTTCACTACAACGAAT CAACGGAAGCAAGCTAGAAA AGCTAACTTCTGTTTTGTTTT GTCATTCTAGTTACCAATATG CACCTAAAGGAATCAACGGG CTATTTGCATTCAAACAGTG GAAAAAAAAAACTACACACA TTGGAATTAAGAAGTCATTAC AGTCAGACACAATAATTTCGC CACGTGCCATCCTTGTAAG AAAAACAAGAAACAGATACA GCTATCAAACATATTTTCTTC AAGGAACTTACGGCGAGACA ATATGCTTACAGTTAAAGAAA ACCATTATTTGCCAAGTAAG CAGAAAATATTGCTCAGGGG CCTTCA(配列番号27)	TGGCATGACAAAAG <u>G</u> TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCTTCATT TTGTTTTGTCATTCTAGTTAC CAATATGCACCTAAAGGAAT CAACGGGCTATTTGCATTCA AACAGTGGAAAAAAAAAAAAA CTACACACATTGGAATTAAG AAGTCATTACAGTCAGACAC AATAATTCGCCACGTGCCAT CCTTGTAAGAGAAAAACAAGA AACAGATACAGCTATCAAAC ATATTTTCTTCAAGGAACTTA 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— 135位欠失 (53bp)、211 位から挿入 (2bp) 下線 はSNPを示 す

10

20

30

40

50

IDE926 -147F	<p>TCTTTGCCTTCGACTTCTTTC ATCTTTTAGGGTTTCCACTGC TTTTGTAACATATATACAATG ATGAACTACTCTATAAATATG ATGGTGATAAAATTTATTAAG AAAAAAGAAAAGATTG ATGAATGCCGCCCGGTAAGG TCCCGAGTTTGAACCGAAT CAGAAACGGAAGTAGCTTTC GAATATATATGTCCTAATAGC CATGCATCCTGTAACACTTTT CTACTATAAGTCCTAATAGTC TAAAAAACTGTACATTGAGG CCTTCTCTTCCCATTGCTT CAAATTTCTGGGACCAGCC A(配列番号29)</p>	<p>TCTTTGCCTTCGACTTCTTTC ATCTTTTAGGGTTTCCACTGC TTTTGTAACATATATACAATG ATGAACTACTCTATAAATATG ATGGTGATAAAATTTATTAAG AAAAAAGAAAAGATAG TCATGCATCCTGTAACACTTT TCTACTATAAGTCCTAATAGT CTAAAAAACTGTACATTGAG GCCTTCTCTTCCCATTGCTT CCAAATTTCTGGGACCAGC CA(配列番号30)</p>	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
IDE928 -147F	<p>GGGAGGACGTCATACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTGCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTTGGTC CTCATCGCCAACAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATTGGCT GGGTCTGTGTAGTTCCTTCT TCAATATGTATGAGCCAAGT CAAACTCGAATAGTTCGGCT CTTTTAAAGAGTTATAACGTT ATCAAGCCGAAGTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAAGTGT TTTTTAACTTAAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATTT GATTCGGTTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTCGATTTTATTTT TGTGCTTCACTCTATTTAATT CGTAAGAAAATTCTATTTAAT TAACTTTATATTAAGAA GTTTCTTTTCTTGTATGGG AACCATGATCTAACCATA TTCATGATGTTATACTGTAAT AGATGAGGAGAGGAAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)</p>	<p>GGGAGGACGTCATACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTGCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTTGGTC CCCATCGCCAACAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATTGGCT GGGTCTGTGTAGTTCCTTCT TCAATATGATGAGCCAAGT CAAACAGTTTTTAACTTAAA CGAGTCTAAACTCGAAAACC TACTATTTGATCGGTTTGG CTCGTTAACCGCATTGTAATT ATCTCATCATTCTTGTGCGATT TTATTTTTTGTGCTTCACTCT ATTTAATTCGTAAGAAAATTC TATTTAATTAACTTTATATT AAAAAGAAGTTTCTTTTCTTG TTTATGGGAACCATGATCTA ACCAAATATTCACTATGTTAT ACTGTAATAGATGAGGAGAG GGAAATATAAGAGCAACG(配 列番号32)</p>	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

10

20

30

40

<p>IDE930 -147F</p>	<p>CTCCTCCGAATCCACTTGAG GTGCAATATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTTCTCCTTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTTATTAT CTTATTCTTTTCATGTGTACAT GATTTTAAATCTTGAATTATC CAGCATCCTATCTTTTGAAC ATATCCACTTTGTCTCTTGTA AAAATAAAATATTTATTTT TCCTTATCATTGAATCCACTA ATTCTATTGTTTATCCCGTTA GAGTTCCAGTGTTGCATGTT CGTAGTCTTATACTCTTACCT AAACTAGTATTTTGTCTCTTA GTATCTAACTTACGGTTTAAG AACTCTTGCTTATTTTCACT GTATTCGAGTTCTCTAGGAG ATGCAGCGTCTCCAGTTCAA TTGTCGTCCCATTCGAGCCA TGCGACGAGGATCCTTGTTT ATTTGACACTACATCCAAGT ACCTCAGATGCA(配列番号33)</p>	<p>CTCCTCCAAATCCACTTGAG GTGCGTATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTTCTCCTTTCCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTTATTAT CTTATACTCTTACCTAAACTA GTATTTTGTCTCTTAGTATCT AACTTACGGTTTAAGAACTCT TGCTTATAATTTCACTGCATTC GAGTTCTCTAGGAGATGCAG CGTCTCCAGTTCAATTGTCG TCCCATTCGAGCCATGCGAC GAGGATCATTGTTTATTTGAC ACTACATCCAAGCACCTCAG ATGCA(配列番号34)</p>	<p>大川1号において、配列番号33の171位-342位欠失(172bp)、下線はSNPを示す</p>
-------------------------	---	---	---

10

20

30

40

50

<p>IDE932 -147F</p>	<p>TGGTGA AATTAGCATTACAG TTTCATCTTTATTTGCAGAAA TTTTCCCATAAGTTAAAAGCA TAGCTAAAAACGCGTTAACT TGGCAAGTACTCGGCCTTTA ACATTGATTAGACATGTGTAA AGGTGATCTTAATGTTAGGT CCCTTAGAACACACTAAAG GGGAGTTGAATAGTGTGTTCA ACCAAGTATGATTATTTTCTA CGTATAAAGCAAAATTGTTA GAACATGTCATTTTAGAAATC CATTATTGAACTCCAGATCA ATGCAAACCCATATCAATTTA GCAAAATTCTTATTCTCTATA CCAATTCTCTATTGGATTCT CTAATTCAAACATCTACGAA ATTCCATCCATATGTAAATCA AGTATCACGAATTCTTTCGC GTTAAACTATTCTAA(配列番 号35)</p>	<p>TGGCGA AATTAGCATTACAG TTTCATCTTTATTTGCAGAAA TTTTCCCATAAGTTAAAAGCA TAGCTAAAAACGCGTTAACT TGGCAAGTACTCGGCCTTTA ACATTGATTAGACATGTGTAA AGGTGGATTTTAATGTTAGGT CACTTAGAACACACTAGAAG GGAGTTGAATAGTGTGTTCA CTATGAATATTTTCTTGGGTA TTTTTCATTTTGTAGTGCAAC CAATACTTGGATGTGTTCTT GGAAAAAATAAACTTTGCG GAAGAATAAAGAGCAGAAGT ATGTATAGAGGTTTAAGTCA AATGACTCTACTCCTCTACC TTCTTGATTTTTCACAAGAAG GATTCTGAATGGAGGATTGT TATTTCTTTTAGGCGAAATAA CAATCAAAAACAAAATCCAA ACAATGAACAATAATCCA CATGCCTAGACCACAATCAA GAAAACCAACCCCTTGAAGT CTATCATCCAAAGAACTTCT TTGCCCTCAAAGAATTCTTG TATGGAGTATAATGCATCAT GCTTCCGTGTTTATGCAGGG TCCGGAGAAGAGTCGGATCG CTTTGCAATCTGATATACAC AGTCTTACCCTATCTTTTTTT TGCAACCGGCTGTAATACCT ACGAAATTCCATCCATATGT AAATCAAGTATCACGAATTCT TTCGCGTTAACTATTCTAA(配 列番号36)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号35 の198位— 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</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p> <p>50</p>
-------------------------	---	--	---	---

50

<p>IDE970 -187F</p>	<p>GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCATTGTATC TTATGTTACAGTCTAATTTAA ACAATGGACGATCTCGTTTT TGCGATTTTTGATCACAATAA AAAAAAAATACATTAAGGTG GACAAATAATTCGATGCAAT TGATGCACTATGAAGCAAAT TTGATCCTCTCGCTCAAGGT CGTAATACTGCTTAATAATTA GGTTATGGTTACTATGGGTC ATCGGAAAACAACCTCTGTA TGTTTCTAATACATGGATATG GTTGCATACATCTGACCCCT ATACCCGCCATAGACGGGAG CCTCTAACGCAATGGTGTA TGTTGTGTTGTAATTAGGTTA TGGTTACAAGGGTGGGCCTT GAACCAACTAGTAAGTTTGT TGCTTTGTAACTTTAAGGTTA CCGGTTCAAGCCTGCCTCTT ACACAAAGTACTGAATAAGA CTTCATATATCACATCGCAA AACGATTGACCCCTCTTTA GATCGTGCGTAAACG(配列番 号 41)</p>	<p>GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCATTGTCTC TTATGTTACAGTCTAATTTAA ACAATGGACGATCTCGTTTT GCGATTTTCAATCACAATAAA AAAATACAAGTAAAGTGGA CAAATAATTCGATGCAATCG ATGCACTTTGAAGCAAATTT GATCCTCTTGCTCAAGGTCG TAATAATGGTTAATAATTAGG TTATGGTTATGACGGCGGTC CTTAGAGCAACTAGTAAGGT TGTTGTTTTGTAACTTTAAGG ATACCGGTTCAAGCCTGCCT CTTACACAAAGTACTTAATAA GATTGCATACATCACATCGC AAAACGATTGCGGCCCTCTT TAGATCGTGCGTAAACG(配 列番号 42)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号41 の278位一 432位欠失 (155bp)、同 位置に挿入 配列(太字 18bp)下線 はSNPを示 す</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p> <p>50</p>
-------------------------	---	--	---	---

IDE973
-187F

GCTGCAACATTCACTTGACT
TGGTCTGGTGGATGCTTCAT
TTCCAGAACTTTGAGCCACC
CCAACAGAAACCCACAAATA
AGAGATCAAAACCAACACTG
TTCTCCACATATATAACTTGG
CCTGCATTTTTTGCACAAAA
GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT
TCTTGATGTCTTTCTGGAAAT
ATGAGTGCATCTGCAGAGAG
ATGCATTATGAACTCTGGGA
ATTCTAGTACAGAATTTGTGG
AATCGTGGAAATTTGACATG
GCTTGCAGGTAAGTTTCTTAT
ACATTATTAATAATTTTTTTT
CTTATTTCAAATTATATTCAG
GCGCGGAAGGTTCCATATTT
ATTGAATCAAACATACTGTC
CTATATCTAACTTCTGCGTAT
CTATTCCATGAAAGGTACGA
AGAAGAAGAAGTTACTTGCA
TTTGATTAATGAACATAAGAC
GACAACAACATTCCATATGA
CTTTAGAGTCTCTCGCTTAT
GGCAGTGTTATAGATGGTCGG
ATGTACACAACTATACCTATA
TGTTAGAAACGCATAGATGT

GCTGCAACATTCACTTGACT
TGGTCTGGTGGATGCTTCAT
TTCCAGAACTTTGAGCCACC
CCAACAGAAACCCACAAATA
AGAGATCAAAACCAACACTC
TTCTCCACATATATAACTTGG
CCTGCATTTTTTGCACAAAA
GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT
TCTTGATGTCTTTCTGGAAAT
ATGAGTGCATCTGCAGAGAG
ATGCATTGTGAACTCTGGGA
ATTCTGGTACAGAATTTGTG
GAATCGTGGAAATTTGACAT
GGCTTGCAGGTAAGTTTCTT
ATACATTATTAATAAATTTTT
TTCTTATTTCAAATTATATTC
AGGCGCGGAAGGTTCCATAT
TTATTGAATCAAACATACTG
TCCTATATCTAACTTCTGCGT
ATCTATTCCATGAAAGGTAC
GAAGACCGAAGTCACTTGCA
TTGATTAATAAACTAAAGACG
AAAACAACAACATTTATGATTT
CTGTTTTATGGCGAAATATAG
GAGATCGGATGTACGCAACT
ATACCTATGTATTAGAAACAT
ACAGATATTTTTTCGATGACC

大川1号に
おいて、配
列番号43
の603位—
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

【 0 0 1 8 】

【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	CTGTCTCATCTTTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT T <u>C</u> (配列番号4)	CTGTCTCATCTTTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT T <u>T</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>A</u> GGCTATATAATC TGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCT TCTTTCTTCTTTCTACACTTGAAG A (配列番号5)	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>T</u> AGGCTATATAATC TGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCT TCTTTCTTCTTTCTACACTTGAAG 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	TGTGAAGT <u>C</u> ATTCCAGATTCCTTGG AAACCCCATCCAGT <u>G</u> TATAACTGA GC <u>C</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAATAGGTGCCTTACG G <u>T</u> (配列番号6)	TGTGAAG <u>A</u> CATTCCAGATTCCTTGG GAAACCCCATCCAGT <u>A</u> TATAACTG AGCA <u>T</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAATAGGTGCCTTACG G <u>C</u> T (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 (*E u s t o m a r u s s e l l i a n u m*)) 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 (*I n d e l*) 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

16bp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。

【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。

【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。

【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。

【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

10

20

30

40

50

、配列番号 35 を配列番号 36 と比較すると、配列番号 35 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)、128 位の SNP (チミン>グアニン)、132 位の SNP (シトシン>チミン)、146 位の SNP (シトシン>アデニン)、161 位の SNP (アデニン>グアニン)、187 位の SNP (シトシン>チミン)、189 位の SNP (アデニン>チミン)、191 位の SNP (チミン>アデニン)、194 位の SNP (グアニン>アデニン)、195 位の SNP (アデニン>チミン) も観察される。

【0033】

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 37 の配列上に存在し、配列番号 37 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 176 位～213 位の 38 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 38) において欠失している。ここで、配列番号 37 を配列番号 38 と比較すると、配列番号 37 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 94 位の SNP (アデニン>チミン)、96 位の SNP (グアニン>チミン)、174 位の SNP (シトシン>グアニン)、245 位の SNP (グアニン>アデニン)、249 位の SNP (アデニン>シトシン)、325 位の SNP (チミン>シトシン)、367 位の SNP (グアニン>アデニン) も観察される。

10

【0034】

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 39 の配列上に存在し、配列番号 39 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 207 位～315 位の 109 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 39) において欠失している。ここで、配列番号 39 を配列番号 40 と比較すると、配列番号 39 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 33 位の SNP (チミン>アデニン)、37 位の SNP (アデニン>グアニン)、48 位の SNP (アデニン>シトシン)、66 位の SNP (グアニン>シトシン)、67 位の SNP (アデニン>グアニン)、84 位の SNP (チミン>シトシン)、87 位の SNP (シトシン>チミン)、107 位の SNP (グアニン>シトシン)、331 位の SNP (チミン>シトシン)、340 位の SNP (チミン>シトシン) も観察される。

20

【0035】

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 41 の配列上に存在し、配列番号 41 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 278 位～432 位の 155 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 42) において欠失している。また、配列番号 41 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 42) において、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 18 bp が挿入されている。ここで、配列番号 41 を配列番号 42 と比較すると、配列番号 41 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 444 位の SNP (チミン>グアニン)、451 位の SNP (シトシン>チミン)、467 位の SNP (チミン>アデニン)、502 位の SNP (グアニン>チミン)、510 位の SNP (シトシン>チミン)、512 位の SNP (チミン>グアニン)、517 位の SNP (チミン>シトシン)、539 位の SNP (アデニン>グアニン)、540 位の SNP (シトシン>グアニン) も観察される。

30

【0036】

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 43 の配列上に存在し、配列番号 43 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 603 位～746 位の 144 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 44) において欠失している。また、配列番号 43 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 44) において、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 423 bp が挿入されている。また、配列番号 43 に記載の塩基配列からなるゲノム DNA の 412 位、414 位、460 位、470 位、569 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 44) において欠失している。また、配列番号 43 に記載の塩基配列からなるゲ

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。

【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。

【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>

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

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

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

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

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

【 0 0 4 0 】

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。

【 0 0 4 1 】

40

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・エグザルタトゥ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

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 S N P が存在しているか否かで (1) ~ (1 9) の各条件を満たすか判断する場合、特定の S N P が存在していれば (1) ~ (1 9) の各条件を満たすと判断できるため、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 のいずれかに記載の塩基配列からなるゲノム D N A に対応する D N A 全体を調べる必要はなく、S N P の有無のみの調査で足りる。また、インデルの有無と S N P の有無を組み合わせで調査してもよい。

【 0 0 4 2 】

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

【 0 0 4 3 】

本判別方法は、相同染色体上の 2 箇所において、上記 (1) ~ (1 9) 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) ~ (1 9) 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 D N A をホモ型に有することになる。

20

【 0 0 4 4 】

本判別方法は、被検トルコギキョウ植物が、上記 (1) ~ (1 9) 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、1 0 以上、1 3 以上、1 5 以上、1 7 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。

【 0 0 4 5 】

また、本判別方法は、上記 (1) ~ (1 9) 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

【 0 0 4 6 】

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

【 0 0 4 7 】

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。

【 0 0 4 8 】

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。

【0049】

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 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。

【0050】

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 105 bp（例えば、100～107 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、35～40 bp）短いこと、配列番号 3 のゲノム DNA に対応する配列が約 16 bp（例えば、13～17 bp）短いこと、配列番号 19 のゲノム DNA に対応する配列が約 93 bp（例えば、90～95 bp）長いこと、配列番号 19 のゲノム DNA に対応する配列が約 11 bp（例えば、9 bp～13 bp）長いこと、配列番号 21 のゲノム DNA に対応する配列が約 52 bp（例えば、50 bp～55 bp）短いこと、配列番号 23 のゲノム DNA に対応する配列が約 308 bp（例えば、300 bp～312 bp）短いこと、配列番号 23 のゲノム DNA に対応する配列が約 28 bp（例えば、25 bp～31 bp）長いこと、配列番号 25 のゲノム DNA に対応する配列が約 99 bp（例えば、95 bp～104 bp）長いこと、配列番号 27 のゲノム DNA に対応する配列が約 53 bp（例えば、50 bp～56 bp）短いこと、配列番号 29 のゲノム DNA に対応する配列が約 80 bp（例えば、77 bp～83 bp）短いこと、配列番号 31 のゲノム DNA に対応する配列が約 94 bp（例えば、91 bp～97 bp）短いこと、配列番号 33 のゲノム DNA に対応する配列が約 172 bp（例えば、168 bp～175 bp）短いこと、配列番号 35 のゲノム DNA に対応する配列が約 286 bp（例えば、280 bp～294 bp）長いこと、配列番号 37 のゲノム DNA に対応する配列が約 38 bp（例えば、35 bp～41 bp）短いこと、配列番号 39 のゲノム DNA に対応する配列が約 109 bp（例えば、106 bp～112 bp）短いこと、配列番号 41 のゲノム DNA に対応する配列が約 137 bp（例えば、132 bp～142 bp）短いこと、配列番号 43 のゲノム DNA に対応する配列が約 266 bp（例えば、260 bp～272 bp）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 102 bp（例えば、100～107 bp）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 105 bpであることを意味する。

【0051】

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 52 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 245 位がアデニンであり、且つ／又は 249 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 56 位がチミンであり、且つ／又は 159 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。

【0052】

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。

10

【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】

20

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

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を鋳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、分子量マーカース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ノ又はユーストマ・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（欠失及びノ又は挿入）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、基つ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、18bp～35bp、20bp～30bp又は20bp～25bpであってよい。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50～800bp、100～500bp又は150～400bp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50～1200bp、100～800bp、200bp～700bp又は150～400bp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AGCAAAGGCAATGTGATTTGTGG（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CAGAAAGATGACGAGGCATACCA（配列番号15）及びリバースプライマーGCCAGATCGTTTTCGCAATC（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GTCACGAGTTCAAGCTGCGAA（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もある。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

FLP法)及びSSCP(Single-stranded conformation polymorphism)法等が挙げられる。既知のSNP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、SSR(Simple sequence repeat)マーカー及びSNPマーカー等のDNAマーカーを使用した方法が挙げられる。DNAマーカーを使用する場合には、既知のSNPを含むゲノムDNA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SNPの塩基タイプを確認する方法、PCR等のDNA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(CAPS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、SNP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dCAPS(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。

10

【0058】

本判別方法により、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。

【0059】

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DNA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。

20

【0060】

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、SNPの塩基タイプを確認するためのプローブ、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のセット、並びに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dCAPSマーカー等が挙げられる。

30

【0061】

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。

40

【0062】

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DNAにおける330位~331位間における、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

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。

【 0 0 6 4 】

<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。

【0065】

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（ 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（ BC_1 ）であってもよく、さらに戻し交配をした第2代（ BC_2 ）以降の植物であってもよい。

【0066】

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。

【0067】

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。

【0068】

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。

【0069】

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が挙げられる。罹病性のトルコギキョウ植物品種としては、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した交配後代植物、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した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した植物等であって、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。

【0070】

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成し、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

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。

【0076】

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。

【0077】

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、95b

10

20

30

40

50

p ~ 104 bp) 長いこと、配列番号27のゲノムDNAに対応する配列が約53 bp (例えば、50 bp ~ 56 bp) 短いこと、配列番号29のゲノムDNAに対応する配列が約80 bp (例えば、77 bp ~ 83 bp) 短いこと、配列番号31のゲノムDNAに対応する配列が約94 bp (例えば、91 bp ~ 97 bp) 短いこと、配列番号33のゲノムDNAに対応する配列が約172 bp (例えば、168 bp ~ 175 bp) 短いこと、配列番号35のゲノムDNAに対応する配列が約286 bp (例えば、280 bp ~ 294 bp) 長いこと、配列番号37のゲノムDNAに対応する配列が約38 bp (例えば、35 bp ~ 41 bp) 短いこと、配列番号39のゲノムDNAに対応する配列が約109 bp (例えば、106 bp ~ 112 bp) 短いこと、配列番号41のゲノムDNAに対応する配列が約137 bp (例えば、132 bp ~ 142 bp) 短いこと、配列番号43のゲノムDNAに対応する配列が約266 bp (例えば、260 bp ~ 272 bp) 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102 bp (例えば、100 ~ 107 bp) 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105 bpであることを意味する。

10

【0078】

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52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245位がアデニンであり、且つ/又は249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56位がチミンであり、且つ/又は159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を組み合わせ決定してもよい。

20

【0079】

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選抜することができる。

30

【0080】

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関しては、上述したとおりである。

40

【0081】

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

50

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、SNPの塩基タイプを確認するためのプローブ、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のセット、並びに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dCAPSマーカー等が挙げられる。

【0088】

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

【0089】

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。

【0090】

<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（*Eustoma exaltatum*）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DNAに対応するゲノム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

30

（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

40

（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

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

10

【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。

20

【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。

30

【0095】

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(BC_1)であってもよく、さらに戻し交配をした第2代(BC_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。

40

【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以下に行った。

【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

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 S a r a h , 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 M A F F 7 1 2 3 8 8 菌懸濁液を 1 mL / 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）

10

【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

20

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

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・エグザルタトゥム‘大川1号’及びその 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_2 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。

30

【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。

40

【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 R e c o m b i n a n t i n b r e d l i n e (R I L s) の抵抗性検定を行った。R I L s 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・エグザルタトゥム野生種‘大川1号’雑種を繰り返し自殖させたものである。

【0104】

50

同質な遺伝的背景を持つ R I L s 個体を 1 組あたり 2 0 個体ずつ定植し、1 0 組 2 0 0 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 6 0 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 D N A 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 1 0 b p 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 9 4 3 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 P C R 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 3 3 0 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 R A D - S e q 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 D N A 多型解析を行った。

【 0 1 0 9 】

その結果、9 6 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 1 4 7 9 マーカー、8 6 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 2 4 8 0 マーカー、7 6 個体以上の雑種第二代でタイピングが可能だった 3 0 1 9 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 Q T L 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 1 8 7 F__p i l l o n 近傍に座乗していることが示唆された(LOD 値 5 . 0 5 , $p < 0 . 0 5$ で有意差あり)。また、1 4 7 F__p i l l i o n 及び 1 8 0 F__p i l l i o n (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) S N P 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 S N P 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・エグザルタトゥム ‘大川1号’	SNP 数	比較
187F	CTGTCTCATCTTTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT T <u>C</u> (配列番号4)	CTGTCTCATCTTTTCGGCGCTTCCT CTTAAGTCTCCTCATTCTCTTCTTC TTCCACTGAACATGGCACAACAC AATCACGTTAACAGATGAAAACACT TT (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>A</u> GGGCTATATAATC TGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCT TCTTTCTTCTTTCTACACTTGAAG A (配列番号5)	GATTGATCTCTAGACTTTATATGTT AGTCTATAAAT <u>T</u> AGGCTATATAATC TGTTAAGTCAATCAATAAGATCGCT TCTTTCTTCTTTCTACACTTGAAG 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	TGTGAAGT <u>C</u> ATTCCAGATTCTTG AAACCCCATCCAGT <u>G</u> TATAACTGA GC <u>C</u> CATATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAATAGGTGCCTTACG G <u>T</u> (配列番号6)	TGTGAAG <u>A</u> CATTCCAGATTCTTG GAAACCCCATCCAGT <u>A</u> TATAACTG AGC <u>A</u> TATCTCGCTAATGACTTG ACATTTAAAAAATAGGTGCCTTACG G <u>C</u> T (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（180Fpil_584498、147Fpil_3163121、187Fpil_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イン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 数 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 カー 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 カー 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 ’ 雑 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 数 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 カー 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
IDE756_180F_Forward	AGTTTGCTTCCAGTGAGACCTC	13
IDE756_180F_Reverse	AGCAAAGGCAATGTGATTGTGG	14
IDE934_147F_Forward	CAGAAGATGACGAGGCATACCA	15
IDE934_147F_Reverse	GGCCAGATCGTTTCGCAATC	16
IDE965_187F_Forward	GTCACGAGTTCAAGCTGCGAA	17
IDE965_187F_Reverse	ATACAAAGGACGCTCCCGTAG	18

【 0 1 2 4 】

上記選抜マーカー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・エグザルタウム'大川1号'	比較
IDE756 _180F	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>T</u> AATAATAG AAATATGATGTGATAGTGTGT TAGTGAGGAAATTCAGTAAA TACAAATAGGAAGTTTCTAAT AAACTGCTAAGATCATTCCA GCTGTTTTTTTCATCCAATATA GCAAGCGAACTTTCTTGTCT AAACCACAATCACATTGCCT TTGCT(配列番号1)	AGTTTGCTTCCAGTGAGACC TCCAGCTCTATATATACCTG CATAAATGACG <u>C</u> AATATAGC AAGCGAACTTTCTTGTCTAAA 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 TGAATAGGCATAAAAAACA AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGGCCATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>GGTGAT</u> GCTTTGTAACCTTG AGGTCACGGGTTTCGTCCCGC GGAAATAGCCTCGAGTTCGA GCCACAGAAATAATCTCTTG TACAAAGTGTAAGATAAGGC TGCGTACATCAGATTGCGAA ACGATCTGGCC(配列番号2)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAACA AGGGGAAAAAATAAGCAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGGG <u>C</u> ATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAA <u>AGTGCT</u> TGCTTTGTAACC TTGAGGTCACGGGTTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TTGTACAAAGTGTAAGATAA 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	<p>GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTTGTAAAAAA AAGTG TAGGTTATGAATGTA CGGG<u>A</u>TGTAAAAACAGAATC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GACTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTTCTCTC CGGACCTTGCTTGCACA<u>A</u>AC GTAGGAAGTTACTACGGGAG CGTCCTTTGTAT(配列番号 3)</p>	<p>GTCACGAGTTCAAGCTGCGA AAACAACCTCTTGTAAAAAA AAGTG TAGGTTATGAATGTA CGGG<u>C</u>TGTAAAAACAGAATC TTGTAAAAAAAGTGTAGATAT GACTGCACATATCAGATCGC AAAGCGATTCCGTTTCTCAC <u>A</u>GACGTAGGAAGTTACTACG GGAGCGTCCTTTGTAT(配列 番号9)</p>	<p>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</p>	10
IDE903 _293F	<p>TTTGCCCTCAAGGTCCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT GT<u>A</u>CGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCC<u>T</u>CCCATAGCC GCCCAGACTCTGGAGATTGT GCATTTTTAA<u>G</u>AATAGAAGA ACCAAAAATGGAATGATTGG GCAAACCAGTAACAGCCATT CCACTT<u>C</u>AGTAATCAAAATC AACCATCTGACAACCCAATC ATGCTAATCATAGCA<u>T</u>AAAG TAGCATATAACACATCCATAT GCTCT<u>C</u>ATCACATCCAAAAA CTGTCCATTACCA<u>A</u>TATGCA GTT<u>A</u>CATCAAACACCTGGTA TTTGATATACAAGTGTGAGAA AATTACATTTCTGGAAAAAGA GAAAAGGTCATAACGCCCAT CTTTTCTCTGAAAAGTGAAA CCCACCCAA<u>C</u>AAAAAAACTG AAAA<u>A</u>GTCAA<u>C</u>ATTTGAAGG CCACCGAA<u>T</u>TATTC<u>A</u>AAATTT GGAATCAAATAAAGCGAC<u>G</u>A <u>C</u>ATAAAACCCATCAATAAAA ATAGAATCTTGACAC<u>A</u>CTCGC CCACCCTACCTCCCAATCA(配 列番号19)</p>	<p>TTTGCCCTCAAGGTCCTTCC ACATTTGCAGGAGAGAAGAT GT<u>C</u>CGAGTGCTGGCACTGTC TTGCTCACCC<u>A</u>CCCATAGCC CAGACTCTGGAGATTGTGCA TTTTTAATAAT<u>T</u>AGAAGAACCA AAAATGGAATGATTGGGCAA ACCAGTAACAGCCATTCCAC TT<u>T</u>AGTAATCAAAATCAACCA TCTGACAACCCAATCATGCT AATCATAGCA<u>C</u>AAAGTAGCA TATAACACATCCATATGCTCT <u>T</u>AAACACATCCAAAAACTG<u>C</u>C CATTACCAG<u>T</u>ACGCAGTTAC <u>T</u>TCAAACACCTGGTATTTGAT ATACAAGTGTGAGAAAATTA CATTTCTGCAGGTA<u>C</u>CTCCAC <u>T</u>CGAATAAAATAATAATTATC <u>C</u>CTTATAATTTGTAAAACCC <u>A</u>ATGAACTAAGCATACAATT <u>A</u>AACCCGCAAATGCTTTCTG GAAAAAGAGAAAAG<u>A</u>TCATA AC<u>A</u>CCCGTCTTTTCTCTG<u>T</u>A AAGTGAAACCCACCCG<u>C</u>CAA <u>A</u>AAAAAA<u>A</u>AAAAAAACTGAA AA<u>G</u>GTCAA<u>A</u>ATTTGAAGGCC ACCGAA<u>C</u>TATTC<u>G</u>AAAA<u>T</u>TG GAATCAAATAAAGCGAC<u>A</u>AC <u>G</u>TAAAACCCATCAATAAAAA TAGAATCTTGACAC<u>T</u>TCGCC CACCTACCTCCCAATCA(配 列番号20)</p>	<p>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</p>	20
				30
				40

10

20

30

40

50

IDE885 -184F	TGCTTCAGCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTTATCAATCC GGGCATATTTGTAGTGT <u>C</u> AT GTCTCCTTAATTTTCTATCCT GGA <u>A</u> TGACACTTTTCAAT <u>G</u> AA GCTTTTCATTGATCTAATTTT CTTAATGGCAATAGTGTTTCAT GTTGTAAGTTATTTAGATCTT GTACTCCATGTTTTATCTTGG TTTCTCTTCCTCTCCCCCTTT AAATGTGATTATATACTTTAG TTTCTGGAGCTTATTTAGTAT TGAATTGGTTGATTGCC <u>T</u> TCA TGTTGATACTTGTTACATTAT GGAGATTTGATTTATCATTCC TGTATTGCAGTTCATGCGAA AAGTG <u>C</u> TTGCACT <u>G</u> CTGATG GCTGAGTTCCGAAAGCTAGG <u>T</u> GCTAATGTTGTACATGCAA CCTTTTCAAAATTCATCATTG ACACTGG <u>G</u> AAATCTGATCTT CTTGCCGCAAAAGCTTATTG TGATAGTTTGCTCAAAACTCT GCAGACT(配列番号21)	TGCTTCAGCCCGCAATCTAA ACTTCATGATCCAGCTCTTTA TCAAATGCTGCATAAGGTAA CTGATAATCTTTTATCAATCC GA <u>G</u> CATATTTGTAGTGT <u>T</u> ATG TCTCCTTAATTTTCTATCCTG G <u>T</u> TGACACTTTTCAAT <u>A</u> AAAG CTTTTCATTGATCTAATTTTC TTAATGGCAATAATGTTTCATG TTGTAAGTTATTTAGATCTTG TACTCCATGTTTTATCTTGGT TTCTCTTCCTCGAATTGGTTG ATTGCC <u>C</u> TCATGTTGATACTT GTTACATTATGGAGATTTGAT TTATCATTCCCTGTATTGCAGT TCATGCGAAAAGTG <u>T</u> TTGCA CT <u>A</u> CTGATGGCTGAGTTCCG AAAGCTAGGG <u>G</u> GCTAATGTTG TACATGCAACCTTTTCAAAAT TCATCATTGACACTGG <u>A</u> AAA TCTGATCTTCTTGCCGCAAA AGCTTATTGTGATAGTTTGCT CAAAACTCTGCAGACTA(配列 番号22)	大川1号に おいて、配 列番号21 の240位ー 291位欠失 (52bp)下 線はSNPを 示す	10	20
-----------------	---	--	--	----	----

<p>IDE886 -184F</p>	<p>CCGGTGTGGGCTCAACATTA GCAAACCATGAAGTGTTTTT TTTCACCTTTATTTGACATAC CATGAAGTGTTAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTTG TTAAGAAAGGCAAGGTCACC AAACAGCGGTCACACATATA TACATACACACACATATATAT ATATATATAATGACACCTTTT AGAGAAAAAAA<u>A</u>CTTAAGTG CTGTACCGGACATGCTCGGT GGGCTCTGGTGTCAATATTA TACTATGATCATGATTAGGG CTGTAAATGAACCAAGCCGT TCGGTTGTTAGGCTCGTTTG GTTTCGAGCTCAAACCTCGAGC TCGGCTCGGATAAAAGGTTA ATGAACAGAGCTTGAACACC TTTTTCTGTTTCGAGCTCGGTA AGTGACACCGTTTCGTTTAAG GTGTTTCGGCTCGTTAATGTT GTTTCGTTGAGTTAAACGAAC CAAGCTTGAACAAGTAAATA TGTTTCGTTTAAATAAACGAAC AAGCTCGGCTCGTTTCGCTAA GTTAAATGAACAGAGCTTGA ACAACGCAATGCTCGGCTCG TTCGGCTCGTTTACAGCCCT AATCATGATTAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTTCGACCTGCATAATTC TTTATTCTTTTTTCAGTCCCTC AATGTTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTTGTAG ACTTATGAAATACCCTAATTT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAAC TTAATTATGATAACTGATGCT TTTGTTTTCTCATATACATAA ATTTGTGTCTACTTTCTTTTT ATGAACAAGGGGGAGAAGGG TGTCTGGAT(配列番号23)</p>	<p>CCGGTGTGGGCTCAACATTA GCAAACCATGAAGTGTTTTT TTTCACCTTTATTTGACATAC CATGAAGTGTTAATCCACAA TTACAAAAAATAACAAGTTTG TTAAGAAAGGCAAGGTCACC AAACAGCGGTCACACATATA TACATACACACATATATATAT ATATATATATATATATATA TATATATATATATATAATGAC ACCTTTTAGAGAAAAAA<u>GC</u> TTAAGTGCTGTACCGGACAT GCTCGGTGGGCTCTGGTGTC AATATTATACTATGATCATGA ATTCATGATTAAATGACAG GATACATATATACACACACTT TTCTTTTCGACCTGCATAATTC TTTATTCTTTTTTCAGTCCCTC AATGTTTTCTACTTTCTGTAT AAAAGCATTATAATTTTGTAG ACTTATGAAATACCCTAATTT GGTTGTCGAAGCAAACTTC ACAGGACTTCAAATAGACAT GATAATATATCTGCGCTAACT TAATTATGATAACTGATGCTT TTGTTTTCTCATATACATAAA TTTGTGTCTACTTTCTTTTTA TGAACAAGGGGGAGAAGGGT GTCTGGAT(配列番号24)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号23 の152位— 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— 167位間に 挿入(28bp、 TAリピート 12組、太 字)下線は SNPを示す</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p> <p>50</p>
-------------------------	--	---	--	---

IDE936 -169F	<p>TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCCACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAGC AACCTTTTGTCCATTGTACG GGTTGCACCTCCATTACGGT GCATTTTTCGGTCAAGGTAC GCCTTGGCCATTGGGTATAT TATTTACATTGTTCCAAAAAA GATGATGAGTGTAGCAAAAC AGAAAATCCGTCTTATTATTT TATCTTTTAATGGTTAATGAG TAATATTTTAAGTC<u>G</u>GTCACT AATTATTGATAATGCTCCGTA ATTTACAAGTTGGTCTCT<u>T</u>TG GGAG(配列番号25)</p>	<p>TCCAGTTCTACGATCAGAGC CTTAATCGAAAAAGCATAAA CCAATAAACCCACCGAACATG TTAGCGATGATGAGTGTAAA <u>CAATGTAAATAGTATACCCA</u> <u>ATGAGCCACGGCGTACCCTC</u> <u>ACCCGCAAAAATACACCGTA</u> <u>ATGGGGGTGCAACTCGTACA</u> <u>ATGGACGAAAGATAGCTAAG</u> <u>CAACATGCTGCCAGCCATTA</u> <u>AAGCCATAGCAAAAAGAGAA</u> <u>CAAAAAAAGGCCAAAGGAAC</u> <u>AGGCTGCATGGCCCGATTTA</u> <u>CATTAATAATGCCCAACAATA</u> <u>AACTGCAAAATGTAGCAAAA</u> CAGAAAATCCGTCTTATTATT TTATCTTTTAATGGTTAATGA GTAATATTTTAAGTC<u>A</u>GTCAC TAATTATTGATAGTGCTCCGT AATTTACAAGTTGGTCTCT<u>A</u>T GGGAG(配列番号26)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号25 の78位— 190位欠失 (113bp)、同 位置に挿入 配列(太字 212bp)、下 線はSNPを 示す</p>
IDE226 -169F	<p>TGGCATGACAAAAG<u>C</u>TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCTTCATT CATCTTTCACTACAACGAAT CAACGGAAGCAAGCTAGAAA AGCTAACTTCTGTTTTGTTTT GTCATTCTAGTTACCAATATG CACCTAAAGGAATCAACGGG CTATTTGCATTCAAACAGTG GAAAAAAAAAACTACACACA TTGGAATTAAGAAGTCATTAC AGTCAGACACAATAATTTCGC CACGTGCCATCCTTGTAAG AAAAACAAGAAACAGATACA GCTATCAAACATATTTTCTTC AAGGAACTTACGGCGAGACA ATATGCTTACAGTTAAAGAAA ACCATTATTTGCCAAGTAAG CAGAAAATATTGCTCAGGGG CCTTCA(配列番号27)</p>	<p>TGGCATGACAAAAG<u>G</u>TAGGC TACTAAAAGACTAGGCAACC CTTTTATAAGCATATTGCATC CTGCAAGTGATGCCTTCATT TTGTTTTGTCATTCTAGTTAC CAATATGCACCTAAAGGAAT CAACGGGCTATTTGCATTCA AACAGTGGAATAAAAAA CTACACACATTGGAATTAAG AAGTCATTACAGTCAGACAC AATAATTCGCCACGTGCCAT CCTTGTAAGAGAAAAACAAGA AACAGATACAGCTATCAAAC ATATTTTCTTCAAGGAACTTA CGGCGAGACAATATGCTTAC AGTTAAAGAAAACCATTTT GCCAAGTAAGCAGAAAATAT TGCTCAGGGGCCTTCA(配列 番号28)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号27 の83位— 135位欠失 (53bp)、211 位から挿入 (2bp) 下線 はSNPを示 す</p>

10

20

30

40

50

IDE926 -147F	<p>TCTTTGCCTTCGACTTCTTTC ATCTTTTAGGGTTTCCACTGC TTTTGTAACATATATACAATG ATGAACTACTCTATAAATATG ATGGTGATAAAATTTATTAAG AAAAAAGAAAGAAAGATTG ATGAATGCCGCCCGGTAAGG TCCCGAGTTTGAACCCAGAAT CAGAAACGGAAGTAGCTTTC GAATATATATGTCCTAATAGC CATGCATCCTGTAACACTTTT CTACTATAAGTCCTAATAGTC TAAAAAACTGTACATTGAGG CCTTCTCTTCCCATTGTTGCC CAAATTTCTGGGACCAGCC A(配列番号29)</p>	<p>TCTTTGCCTTCGACTTCTTTC ATCTTTTAGGGTTTCCACTGC TTTTGTAACATATATACAATG ATGAACTACTCTATAAATATG ATGGTGATAAAATTTATTAAG AAAAAAGAAAGAAAGATAG TCATGCATCCTGTAACACTTT TCTACTATAAGTCCTAATAGT CTAAAAAACTGTACATTGAG GCCTTCTCTTCCCATTGTTGCC CCAAATTTCTGGGACCAGCC CA(配列番号30)</p>	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
IDE928 -147F	<p>GGGAGGACGTCATACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTGCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTTGGTC CTCATCGCCAACAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATTGGCT GGGTCTGTGTAGTTCCTTCT TCAATATGTATGAGCCAAGT CAAACTCGAATAGTTCGGCT CTTTTAAAGAGTTATAACGTT ATCAAGCCGAAGTCGAACAT ATCTTAAGACTCGATATATTG ACCAAGTCAAGTCAAACGT TTTTTAACTTAAACGAGTCTA AACTCGAAAACCTACTATTT GATTCGGTTTGGCTCGTTAA CCGCATTGTAATTATCTCATC ATTCTTGTCGATTTTATTTT TGTGCTTCACTCTATTTAATT CGTAAGAAAATTCTATTTAAT TAACTTTATATTAAGAAAGAA GTTTCTTTTCTTGTATGAGG AACCATGATCTAACCATA TTCACTATGTTATACTGTAAT AGATGAGGAGAGGGAATAT AAGAGCAACG(配列番号31)</p>	<p>GGGAGGACGTCATACTGCAG CCTCCACAGGAAAAGATTCA GTGCGACTAGAGCTCTTAAGT TTCCATATACGATGCGTAGC TTGAGCATTCCGAGACTATG TCGCTGATGTTTGCACAGTA TAGACGCTAGCGACACAAAA TCTACCCGAAGCGTTTGGTC CCCATCGCCAACAATCGTCC GTGTGGTTCTCCATTGGCT GGGTCTGTGTAGTTCCTTCT TCAATATGATGAGCCAAGT CAAACAGTTTTTAACTTAAA CGAGTCTAAACTCGAAAACC TACTATTTGATCGGTTTGG CTCGTTAACCGCATTGTAATT ATCTCATCATTCTTGTGCGATT TTATTTTTTGTGCTTCACTCT ATTTAATTCGTAAGAAAATTC TATTTAATTAACTTTATATT AAAAAGAAGTTTCTTTTCTTG TTTATGGGAACCATGATCTA ACCAAATATTCACTATGTTAT ACTGTAATAGATGAGGAGAG GGAAATATAAGAGCAACG(配 列番号32)</p>	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

10

20

30

40

<p>IDE930 -147F</p>	<p>CTCCTCCGAATCCACTTGAG GTGCAATATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTTCTCCTTTCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTTATTAT CTTATTCTTTTCATGTGTACAT GATTTTAAATCTTGAATTATC CAGCATCCTATCTTTTGAAC ATATCCACTTTGTCTCTTGTA AAAATAAAATATTTATTTT TCCTTATCATTGAATCCACTA ATTCTATTGTTTATCCCGTTA GAGTTCCAGTGTTGCATGTT CGTAGTCTTATACTCTTACCT AAACTAGTATTTTGTCTCTTA GTATCTAACTTACGGTTTAAG AACTCTTGCTTATTTTCACT GTATTCGAGTTCTCTAGGAG ATGCAGCGTCTCCAGTTCAA TTGTCGTCCCATTCGAGCCA TGCGACGAGGATCCTTGTTT ATTTGACACTACATCCAAGT ACCTCAGATGCA(配列番号33)</p>	<p>CTCCTCCAAATCCACTTGAG GTGCGTATAGGCTTATAATAT TGATTGCTTCTTTTTCAAGCA CCAACCTACGGGCTATAGTT CTTTCTCCTTTCTAAAAACA CCTACTACTAAGTATGTTAAT CATGCATCTGCAATAACTCC AACTCCAACCTCCATTTATTAT CTTATACTCTTACCTAAACTA GTATTTTGTCTCTTAGTATCT AACTTACGGTTTAAGAACTCT TGCTTATAATTTCACTGCAATTC GAGTTCTCTAGGAGATGCAG CGTCTCCAGTTCAATTGTCG TCCCATTCGAGCCATGCGAC GAGGATCATTGTTTATTTGAC ACTACATCCAAGCACCTCAG ATGCA(配列番号34)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号33 の171位— 342位欠失 172bp)、下 線はSNPを 示す</p>
-------------------------	--	---	---

10

20

30

40

50

<p>IDE932 -147F</p>	<p>TGGTGA AATTAGCATTACAG TTTCATCTTTATTTGCAGAAA TTTTCCCATAAGTTAAAAGCA TAGCTAAAAACGCGTTAACT TGGCAAGTACTCGGCCTTTA ACATTGATTAGACATGTGTAA AGGTGATCTTAATGTTAGGT CCCTTAGAACACACTAAAG GGGAGTTGAATAGTGTGTTCA ACCAAGTATGATTATTTTCTA CGTATAAAGCAAAATTGTTA GAACATGTCATTTTAGAAATC CATTATTGAACTCCAGATCA ATGCAAACCCATATCAATTTA GCAAAATTCTTATTCTCTATA CCAATTCTCTATTGGATTCT CTAATTCAAACATCTACGAA ATTCCATCCATATGTAAATCA AGTATCACGAATTCTTTCGC GTTAAACTATTCTAA(配列番 号35)</p>	<p>TGGCGA AATTAGCATTACAG TTTCATCTTTATTTGCAGAAA TTTTCCCATAAGTTAAAAGCA TAGCTAAAAACGCGTTAACT TGGCAAGTACTCGGCCTTTA ACATTGATTAGACATGTGTAA AGGTGGATTTTAATGTTAGGT CACTTAGAACACACTAGAAG GGAGTTGAATAGTGTGTTCA CTATGAATATTTTCTTGGGTA TTTTTCATTTTGTAGTGCAAC CAATACTTGGATGTGTTCTT GGAAAAAATAAACTTTGCG GAAGAATAAAGAGCAGAAGT ATGTATAGAGGTTTAAGTCA AATGACTCTACTCCTCTACC TTCTTGATTTTTCACAAGAAG GATTCTGAATGGAGGATTGT TATTTCTTTTAGGCGAAATAA CAATCAAAAACAAAATCCAA ACAATGAACAATAATCCA CATGCCTAGACCACAATCAA GAAAACCAACCCCTTGAAGT CTATCATCCAAAGAACTTCT TTGCCCTCAAAGAATTCTTG TATGGAGTATAATGCATCAT GCTTCCGTGTTTATGCAGGG TCCGGAGAAGAGTCGGATCG CTTTGCAATCTGATATACAC AGTCTTACCCTATCTTTTTTT TGCAACCGGCTGTAATACCT ACGAAATTCCATCCATATGT AAATCAAGTATCACGAATTCT TTCGCGTTAACTATTCTAA(配 列番号36)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号35 の198位— 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</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p> <p>50</p>
-------------------------	---	--	---	---

IDE934 -147F	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAACA AGGGGAAAAAAT <u>AAG</u> CAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGG <u>CC</u> ATTGAGCC AAACTTTAAGTTTATATATT ACTAAAATAATATAGGGCGG ACCTTCGAGCAACTGGTAAA <u>GGTGA</u> TGCTTTGTAACCTTG AGGTCACGGGTTTCGTCCCGC GGAAATAGCCTCGAGTTCGA GCCACAGAAATAATCTCTTG <u>TACAA</u> AGTGTAAGATAAGGC TGCGTACATCAGATTGCGAA AC <u>GAT</u> CTGGCC(配列番号37)	CAGAAGATGACGAGGCATAC CATCAATCAAAAAATATATGT CAAAAAGTAATACAGACAAT TGAATAGGCATAAAAAACA AGGGGAAAAAAT <u>TAG</u> CAAGC ATCATATCGTTTCATTTTATTC CAACCATAGTTATCGAACAC AGCTTAGTAGTTTAGTGTTTC AACTGGTAGG <u>GC</u> ATATAGGG CGGACCTTCGAGCAACTGGT AAAAGTG <u>CT</u> GCTTTGTAACC TTGAGGTCACGGGTTTCGTCC CGCGGAAATAGCCTCGAGTT CGAGCCACAGAAATAATCTC TTG <u>CAC</u> AAAGTGTAAGATAA 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－213位欠失(38bp)、下線はSNPを示す
IDE760 -187F	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATATATA <u>AAG</u> AGTCG CTATAT <u>A</u> TATTTTGATCATAT AAT <u>GAA</u> TCTAATTCAAACCTAG <u>TAAC</u> ATGCATGTTGTATATGT AT <u>G</u> TACTATAGCAAATGGGA TCACCTTTAAGACGATCTAAT CAATAAACATTAAGTATGCAT ATGCTTAAAGTGAAATATTTG AAAGAAAAAGTTATGCCGCT AGCAATGTAGAGGTGGATTC GTTTAAAGGCCACAAGACGT TATACTTAATTATTTTATA AATAGTGCAATGATTGTTGTT GTATTTTATAAATACTGCAA TTAATTAATCTATGCAGGTAT ATATAGAGT <u>TC</u> GAGGGTTTCA CTGGA(配列番号39)	TGGCACTCTTGTGAAAGACA GTTTTATATATA <u>AAAG</u> GGTCG CTATAT <u>C</u> TATTTTGATCATAT AAT <u>CGA</u> TCTAATTCAAACCTAG <u>CAAT</u> ATGCATGTTGTATATGT AT <u>C</u> TACTATAGCAAATGGGA TCACCTTTAAGACGATCTAAT CAATAAACATTAAGTATGCAT ATGCTTAAAGTGAAATATTTG AAAGAAAAAGTTATGCCGCT AATCTATGCAGGTAC <u>AT</u> ATA GAG <u>CC</u> GAGGGTTTCACTGGA (配列番号40)	大川1号において、配列番号39の207位－315位欠失(109bp)、下線はSNPを示す

10

20

30

40

50

<p>IDE970 -187F</p>	<p>GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCATTGTATC TTATGTTACAGTCTAATTTAA ACAATGGACGATCTCGTTTT TGCGATTTTTGATCACAATAA AAAAAAAATACATTAAGGTG GACAAATAATTCGATGCAAT TGATGCACTATGAAGCAAAT TTGATCCTCTCGCTCAAGGT CGTAATACTGCTTAATAATTA GGTTATGGTTACTATGGGTC ATCGGAAAACAACCTCTGTA TGTTTCTAATACATGGATATG GTTGCATACATCTGACCCCT ATACCCGCCATAGACGGGAG CCTCTAACGCAATGGTGTA TGTTGTGTTGTAATTAGGTTA TGGTTACAAGGGTGGGCCTT GAACCAACTAGTAAGTTTGT TGCTTTGTAACTTTAAGGTTA CCGGTTCAAGCCTGCCTCTT ACACAAAGTACTGAATAAGA CTTCATATATCACATCGCAA AACGATTGACCCCTCTTTA GATCGTGCGTAAACG(配列番 号 41)</p>	<p>GGTCTTCAGATGGACGTGAC TTGGTATCTAATTGAATAGTT CGCTAAGTACAAAATTGTGC ACGGGATGGATGATCTATCA ATAGTTCATATTCATTGTCTC TTATGTTACAGTCTAATTTAA ACAATGGACGATCTCGTTTT GCGATTTTCAATCACAATAAA AAAATACAAGTAAAGTGGA CAAATAATTCGATGCAATCG ATGCACTTTGAAGCAAATTT GATCCTCTTGCTCAAGGTCG TAATAATGGTTAATAATTAGG TTATGGTTATGACGGCGGTC CTTAGAGCAACTAGTAAGGT TGTTGTTTTGTAACTTTAAGG ATACCGGTTCAAGCCTGCCT CTTACACAAAGTACTTAATAA GATTGCATACATCACATCGC AAAACGATTGCGGCCCTCTT TAGATCGTGCGTAAACG(配 列番号 42)</p>	<p>大川1号に おいて、配 列番号41 の278位一 432位欠失 (155bp)、同 位置に挿入 配列(太字 18bp)下線 はSNPを示 す</p>	<p>10</p> <p>20</p> <p>30</p> <p>40</p> <p>50</p>
-------------------------	---	--	---	---

IDE973
-187F

GCTGCAACATTCACTTGACT
TGGTCTGGTGGATGCTTCAT
TTCCAGAACTTTGAGCCACC
CCAACAGAAACCCACAAATA
AGAGATCAAAACCAACACTG
TTCTCCACATATATAACTTGG
CCTGCATTTTTTGCACAAAA
GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT
TCTTGATGTCTTTCTGGAAAT
ATGAGTGCATCTGCAGAGAG
ATGCATTATGAACTCTGGGA
ATTCTAGTACAGAATTTGTGG
AATCGTGGAAATTTGACATG
GCTTGCAGGTAAGTTTCTTAT
ACATTATTAATAATTTTTTTT
CTTATTTCAAATTATATTCAG
GCGCGGAAGGTTCCATATTT
ATTGAATCAAACATACTGTC
CTATATCTAACTTCTGCGTAT
CTATTCCATGAAAGGTACGA
AGAAAGAAGTTACTTGCA
TTTGATTAATGAACATAAGAC
GACAACAACATTCCATATGA
CTTTAGAGTCTCTCGCTTAT
GGCAGTGTATAGATGGTCGG
ATGTACACAACTATACCTATA
TGTTAGAAACGCATAGATGT

GCTGCAACATTCACTTGACT
TGGTCTGGTGGATGCTTCAT
TTCCAGAACTTTGAGCCACC
CCAACAGAAACCCACAAATA
AGAGATCAAAACCAACACTC
TTCTCCACATATATAACTTGG
CCTGCATTTTTTGCACAAAA
GCCGCAGCTCAAAGTGTGAT
TCTTGATGTCTTTCTGGAAAT
ATGAGTGCATCTGCAGAGAG
ATGCATTGTGAACTCTGGGA
ATTCTGGTACAGAATTTGTG
GAATCGTGGAAATTTGACAT
GGCTTGCAGGTAAGTTTCTT
ATACATTATTAATAAATTTTT
TTCTTATTTCAAATTATATTC
AGGCGCGGAAGGTTCCATAT
TTATTGAATCAAACATACTG
TCCTATATCTAACTTCTGCGT
ATCTATTCCATGAAAGGTAC
GAAGACCGAAGTCACTTGCA
TTGATTAATAAACATAAGACG
AAAACAACAACATTATGATTT
CTGTTTATGGCGAAATATAG
GAGATCGGATGTACGCAACT
ATACCTATGTATTAGAAACAT
ACAGATATTTTTTCGATGACC

大川1号に
おいて、配
列番号43
の603位—
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

<p>IDE973 -187F (続き)</p>	<p>TT<u>CC</u>CGATGACCCATAATAA AAATTG<u>T</u>GTCAGCTATGTC GATCAACTGCTATCTCTCAC CCCATTTTCCATCGTCCGCC ACGTGCCAACAGGGAGGGTG AGCCTAAATGAGAGAATGGG GAGGAAGAATTGTATGAGTG GGATGGCTGGCGCGTGGTGG ACAGAGGGAAAGGAGGTGAG GGATTTGAGGGTCCACA<u>C</u>TA AAAGTAGCCGATAGACCTTA AGAGGGGAAATTAACTTATG TACAATCTAAAATGTCGCCT CATGTTTCAAACACACTCAT CATAAACTTTTAGACCTGATA AGCTTATGACCATTATGCCC AAGTCGTATTAGCACCATAC TACATGCTTAGTCG(配列番 号43)</p>	<p>CATAATGAAATTG<u>C</u>GTCAGG CTATGTCGATCAACTGCTAC TTCACAATATAATACGTACAT CCAATTTAGTAAATCATTTTG CTTTATTCCATCATATTACAA AATCAAGAAAGAATGTGTTA TTTACTCCATTGGAAATAGA AACAATTAATGAACTAAAGA CAAAAATACAAAATGCTAAA TTACAAAGATTTTATTAAATT ATAATTTAATTAAAAAGATTT ACAATAACGAAAGAATGTCC GTCTATCTTAGATTATAGAA CAAACGAATGAATGGATGAA TAAGAGAATTAAGAAAAGTC GCATTATTAGATTAGCTCATT TATAAATTATTGGTTTAAATC TCTGGTGATAAGTATTAGAT AGTTCAGCATCACATCTACA TAATGATTTGTAATATATTG TGCCATAAATATTTAATTGAG TATTATTGTCATAAAAGTAAT CTATACAAATATATTTAAAGT AGCCCGATAGACCTTAAAT GAATTTTAACTTATATACAAT CTAAAATGTCGCCTCATGTTT CAAACACACTCATCATAAAC TTTTAGACCTGATAAGCTTAT GACCATTATGCCCAAGTCGT ATTAGCACCATACTACATGC TTAGTCG(配列番号44)</p>	
----------------------------------	--	---	--

10

20

30

【0126】

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。

【0127】

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。

【0128】

(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数値を図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（紫盃及び大川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解析の解析」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

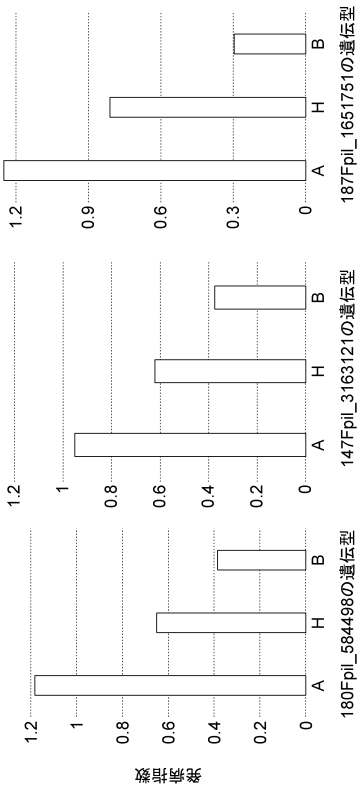
20

30

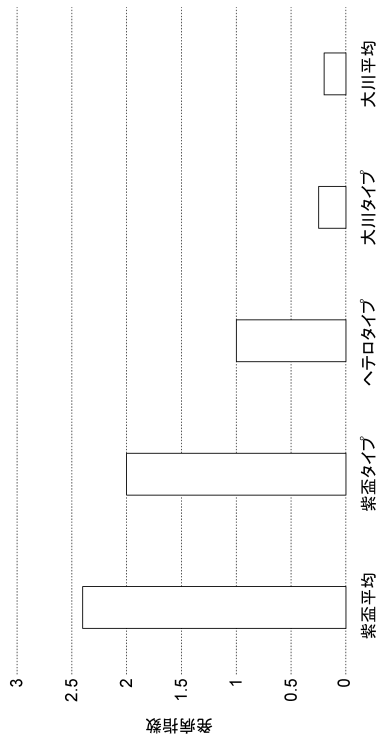
40

50

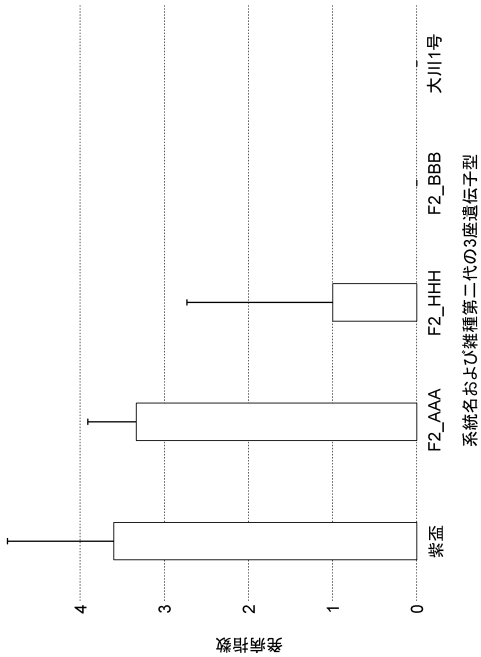
【図面】
【図 1】



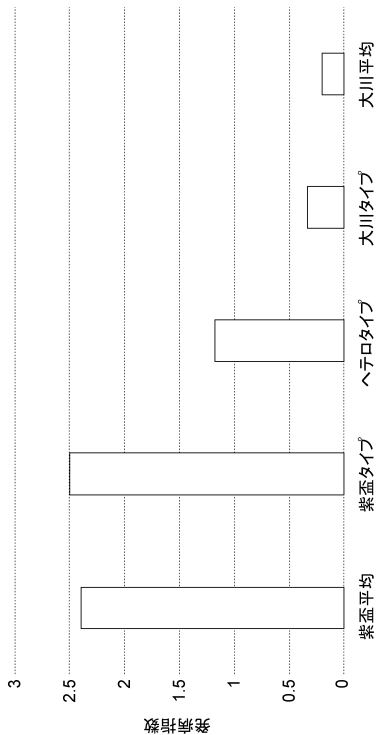
【図 3】



【図 2】



【図 4】



10

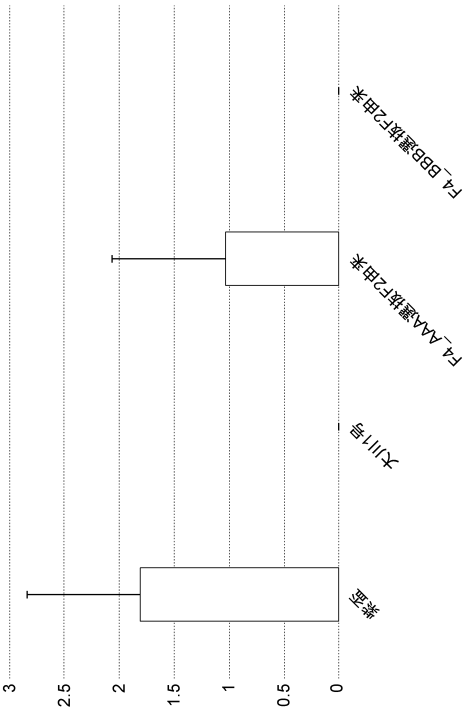
20

30

40

50

【図 9】



10

20

【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

F I

C 1 2 Q 1/686(2018.01)

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 眞登

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], TSA: 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 3 0 0 0 4 A)」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., D B 名)

C 1 2 N 1 5 / 0 0 - 1 5 / 9 0

A 0 1 H 1 / 0 0 - 1 7 / 0 0

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