



(51) МПК

A01H 1/04 (2006.01)

A01H 5/00 (2006.01)

A01H 5/08 (2006.01)

A01H 5/10 (2006.01)

C12Q 1/6895 (2018.01)

ФЕДЕРАЛЬНАЯ СЛУЖБА
ПО ИНТЕЛЛЕКТУАЛЬНОЙ СОБСТВЕННОСТИ

(12) ОПИСАНИЕ ИЗОБРЕТЕНИЯ К ПАТЕНТУ

(52) СПК

A01H 1/04 (2020.02); A01H 5/00 (2020.02); A01H 5/08 (2020.02); A01H 5/10 (2020.02); C12Q 1/6895 (2020.02)

(21)(22) Заявка: 2017116823, 14.10.2015

(24) Дата начала отсчета срока действия патента:
14.10.2015

Дата регистрации:
16.06.2020

Приоритет(ы):

(30) Конвенционный приоритет:
16.10.2014 EP 14189200.0

(43) Дата публикации заявки: 16.11.2018 Бюл. № 32

(45) Опубликовано: 16.06.2020 Бюл. № 17

(85) Дата начала рассмотрения заявки РСТ на
национальной фазе: 16.05.2017

(86) Заявка РСТ:
EP 2015/073742 (14.10.2015)

(87) Публикация заявки РСТ:
WO 2016/059092 (21.04.2016)

Адрес для переписки:
105064, Москва, а/я 88, ООО "Патентные
поверенные Квашнин, Сапельников и
партнеры"

(72) Автор(ы):

РОЙЛИНГ Герхард Т.М. (NL),
КРААН Петер Арнольд Гийсберт (NL),
БИНДЕРС Франк (NL),
ВАН ДЕ ВАЛЬ Марион (NL),
ХЕРМАНС Фредди (NL),
КЕЛЕВИЙН Ханс-Петер (NL),
ТЭНКСЛИ Стивен Д. (US),
КЕЙЗА Александра М. (US)

(73) Патентообладатель(и):
НУНХЕМС Б. В. (NL)

(56) Список документов, цитированных в отчете
о поиске: YUAN X. J. et al., Genetic mapping
and QTL analysis of fruit and flower related traits
in cucumber (Cucumis sativus L.) using
recombinant inbred lines, Euphytica, 2008, Vol.
164, pp.473-491. WO2009082222 A1, 02.07.2009.
WO2009059777 A1, 14.05.2009. NISCHIT V.
SHETTY et al., Screening the Cucumber
Germplasm Collection for Fruit Yield and
Quality, (см. прод.)

(54) QTL УРОЖАЯ В РАСТЕНИЯХ ОГУРЦА

(57) Реферат:

Изобретение относится к области биохимии, в частности к культивированному растению *Cucumis sativus* var. *sativus*, обладающему увеличенным урожаем плодов, к его части, семени, плоду, клетке, ткани, а также к его потомственному растению. Также раскрыто применение рекомбинантной хромосомы 6 для разведения сортов огурца, имеющих увеличенный урожай плодов, и применение растений, выращенных из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или их потомства,

для получения культивированного растения огурца, имеющего увеличенный урожай плодов. Изобретение также относится к способу идентификации культивированного растения *C. sativus* var. *sativus*, включающему рекомбинантную хромосому 6, а также к способу получения потомства NCIMB 42262, включающему рекомбинантную хромосому 6. Изобретение позволяет эффективно получать растение *Cucumis sativus* var. *sativus*, обладающее увеличенным урожаем плодов. 12 н. и 30 з.п. ф-лы, 6 табл., 3

пр.

(56) (продолжение):

Vol. 42 No. 6, p. 2174-2183. RU2418405 C2, 20.05.2011.

R U 2 7 2 3 5 8 1 C 2

R U 2 7 2 3 5 8 1 C 2



FEDERAL SERVICE
FOR INTELLECTUAL PROPERTY

(51) Int. Cl.

A01H 1/04 (2006.01)*A01H 5/00* (2006.01)*A01H 5/08* (2006.01)*A01H 5/10* (2006.01)*C12Q 1/6895* (2018.01)(12) **ABSTRACT OF INVENTION**

(52) CPC

A01H 1/04 (2020.02); *A01H 5/00* (2020.02); *A01H 5/08* (2020.02); *A01H 5/10* (2020.02); *C12Q 1/6895* (2020.02)

(21)(22) Application: **2017116823, 14.10.2015**

(24) Effective date for property rights:
14.10.2015

Registration date:
16.06.2020

Priority:

(30) Convention priority:
16.10.2014 EP 14189200.0

(43) Application published: **16.11.2018 Bull. № 32**(45) Date of publication: **16.06.2020 Bull. № 17**(85) Commencement of national phase: **16.05.2017**

(86) PCT application:
EP 2015/073742 (14.10.2015)

(87) PCT publication:
WO 2016/059092 (21.04.2016)

Mail address:
**105064, Moskva, a/ya 88, OOO "Patentnye
poverennye Kvashnin, Sapelnikov i partnery"**

(72) Inventor(s):

**ROJLING Gerhard T.M. (NL),
KRAAN Peter Arnold Gijbert (NL),
BINDERS Frank (NL),
VAN DE VAL Marion (NL),
KHERMANS Freddi (NL),
KELEVIJN Khans-Peter (NL),
TENKSLI Stiven D. (US),
KEJZA Aleksandra M. (US)**

(73) Proprietor(s):

NUNKHEMS B. V. (NL)

(54) **QTL OF CROP IN CUCUMBER PLANTS**

(57) Abstract:

FIELD: biochemistry.

SUBSTANCE: invention relates to a cultivated *Cucumis sativus* var. *sativus* plant possessing increased fruit yield to its part, seed, fetus, cell, tissue, as well as to its hereditary plant. Also disclosed is use of recombinant chromosome 6 for cultivating cucumber varieties having increased fruit yield, and use of plants grown from seeds deposited under access number NCIMB 42262, or their offspring, to produce a cultivated cucumber plant having increased fruit yield.

Invention also relates to a method of identifying a cultivated *C. sativus* var. *sativus* plant, including recombinant chromosome 6, as well as a method of producing NCIMB 42262 progeny, comprising recombinant chromosome 6.

EFFECT: invention enables to efficiently obtain a *Cucumis sativus* var. *sativus* plant having an increased yield of fruits.

42 cl, 6 tbl, 3 ex

Область изобретения

Настоящее изобретение относится к области разведения огурцов. Присутствуют два локуса количественных признаков (QTL), расположенных на хромосоме 2 и хромосоме 6 генома огурца, которые могут применяться для увеличения урожая культивированных огурцов (*Cucumis sativus* var. *sativus*), таких как корнишоны (например, виды American pickling, European pickling), салатные огурцы (например, American slicing), длинные огурцы, короткие огурцы. Европейские тепличные огурцы, огурцы типа Бейт-Альфа, огурцы типа oriental trellis (также обозначаемые как 'burpless'), Азиатские огурцы (которые могут быть далее подразделены на различные типы, такие как индийский пестрый огурец, китайский длинный огурец, корейский огурец и японский огурец, причем первый относится к индийской группе огурцов, а последние три к восточноазиатской группе огурцов). Два QTL обозначаются в настоящей заявке как QTL2.1 и QTL6.1. Также обеспечиваются культивированные растения огурца, содержащие фрагмент (фрагменты) интрогрессии на хромосомах 2 и/или хромосоме 6, содержащие QTL2.1 и/или QTL6.1, причем фрагмент (фрагменты) интрогрессии значительно увеличивают урожай плодов культивированного огурца, содержащего интрогрессию (интрогрессии), по сравнению с таким же культивированным огурцом, не содержащим интрогрессию (интрогрессии). Также один или более молекулярных маркеров (в частности однонуклеотидного полиморфизма или SNP), которые присутствуют на фрагменте (фрагментах) интрогрессии и которые указывают на присутствие фрагмент (фрагментов) интрогрессии, и способы применения таких маркеров обеспечиваются в настоящей заявке. Подобным образом, обеспечиваются семена, части растения, клетки и/или ткани, содержащие QTL2.1 и/или QTL6.1 в их геноме и содержащие иной геном культивированного огурца в их геноме. В одном варианте QTL2.1 и/или QTL6.1 (т.е. фрагмент интрогрессии, содержащий QTL) присутствует в гетерозиготной форме в культивированном растении огурца, клетке или ткани. В другом варианте QTL2.1 и/или QTL6.1 (т.е. фрагмент интрогрессии, содержащий QTL) присутствует в гомозиготной форме в культивированном растении огурца, клетке или ткани. В конкретном варианте культивированное растение огурца представляет собой F1 гибрид, в частности F1 гибрид, полученный скрещиванием двух инбредных родительских линий, причем по меньшей мере одна из родительских линий содержит QTL2.1 и/или QTL6.1 (т.е. фрагмент интрогрессии, содержащий QTL) в гомозиготной форме.

Уровень техники

Культивированный огурец (*Cucumis sativus* var. *sativus* L.) является важной овощной культурой во всем мире. Он принадлежит к семейству Cucurbitaceae. Предполагается, что он происходит из Юго-Восточной Азии от диких предков с небольшими горькими плодами, такими как *Cucumis sativus* сорт *hardwickii*.

Геном культивированного огурца имеет семь пар хромосом ($n=7$), и размер гаплоидного генома составляет около 367 Мб (мегабазы) с общей оценкой около 26,682 генов. Геном огурца стал первым геномом овощной культуры, который был секвенирован (Huang et al. 2009, Nature Genetics, Volume 41, Number 12, p1275-1283 и http://www.icugi.org/cgi-bin/gb2/gbrowse/cucumber_v2/).

Урожай культивированного огурца в последние десятилетия не увеличился. Shetty and Wehner 2002 (CropSci. 42: 2174-2183) провели скрининг USDA коллекции зародышевой плазмы огурца по качеству плодов и урожайности плодов в полевых условиях в Северной Каролине (США) и предположили, что культурные сорта с высокой урожайностью, выявленные в их исследовании, могут быть использованы для разработки культурных сортов с высокой урожайностью.

В WO 2009/082222 применялись сведения, полученные Shetty и Wehner в 2002 (выше) для экземпляров Turkish Beit-Alpha местный сорт PI 169383, для идентификации QTL для массы плодов огурцов на стадии сбора урожая на группе сцепления 3 и/или 4 для PI 69383.

Yuan et al. 2008 (Euphytica 164: 473-491) нанесли на генетическую карту специфические признаки плода в кроссе между северным китайским огурцом S94 и северо-западным европейским огурцом S06. Их группа сцепления 3, как оказалось, соответствует физической хромосоме 2, и их группа сцепления 2, как оказалось, соответствует физической хромосоме 6. Их нанесли в локусе, называемом fw2.1 (масса плода) вверху хромосомы 6 (LG2), и их нанесли в локусе, называемом fw3.1 (масса плода) внизу хромосомы 2 (LG3). Однако они не отображали общий урожай плодов.

Fazio et al. 2003 (Theor Appl Genet 107: 864-874) нанесли на генетическую карту признаки, включая накопленные плоды на растение за три урожая и морфологические признаки, такие как мелколистность ('l'). Их группа сцепления 1, как оказалось, соответствует физической хромосоме 6. Лocus, называемый fr11.2 (плоды на растение), был постоянным в обеих окружающих средах, и локализовался в локусе мелколистности. Мелколистность физически локализуется в области, охватывающей 7 Мб и 8.5 Мб физической хромосомы 6, т.е. в вершине хромосомы 6.

Тем не менее, по-прежнему существует потребность в определении QTL для урожая плодов огурца, чтобы иметь возможность увеличить урожайность плодов современных сортов огурца.

Общие определения

Форма единственного числа не исключает возможность, что присутствует более, чем один элемент, если исходя из контекста не следует, что присутствует один и только один из элементов. Форма единственного числа, таким образом, как правило, означает "по меньшей мере один".

Как применяется в настоящей заявке, "растение" включает в себя целое растение или любые части или их производные, такие как органы растений (например, собранные или несобранные органы накопления запасных питательных веществ, клубни, плоды, листья, семена, и т.д.), растительные клетки, протопласты растений, культуры растительных клеток или тканей, из которых могут быть регенерированы целые растения, каллусы растений, скопления клеток растений и растительные клетки, которые являются интактными в растениях, или части растений, такие как зародыши, пыльца, семяпочки, завязи, плоды (например, собранные ткани или органы, такие как собранные плоды огурца или их части), цветы, листья, семена, клубни, луковички, размноженные клонами растения, корни, корнеплоды, стебли, верхушки корней и тому подобное. Также включена любая стадия развития, такая как саженцы, незрелые и зрелые, и т.д. Когда упоминаются «семена растения», они либо относятся к семенам, из которых растение может быть выращено, или к семенам, произведенным на растении, после самоопыления или перекрестного опыления.

«Сорт растения» представляет собой группу растений в пределах одного и того же ботанического таксона наименьшей известной степени, которая (независимо от того, выполнены ли условия для признания прав селекционера растений или нет) может быть определена на основе выражения признаков, которую в результате определенного генотипа или комбинации генотипов можно отличить от любой другой группы растений посредством выражения по меньшей мере одного из этих признаков, и можно рассматривать как единое целое, потому что можно размножать без какого-либо изменения. Поэтому термин «сорт растения» не может применяться для обозначения

группы растений, даже если они одного вида, если все они характеризуются наличием одного или двух локусов или генов (или фенотипических характеристик, обусловленных этими конкретными локусами или генами), но которые могут сильно отличаться друг от друга в отношении других локусов или генов.

5 "F1, F2, F3, и т.д." относится к последовательным родственным поколениям после кросса между двумя родительскими растениями или родительскими линиями. Растения, выращенные из семян, полученных скрещиванием двух растений или линий, называют поколением F1. Самоопыление растений F1 приводит к поколению F2 и т.д.

10 Растение "F1 гибрид" (или F1 гибридное семя) представляет собой поколение, полученное скрещиванием двух инбредных родительских линий. Таким образом, F1 гибридные семена представляют собой семена, из которых вырастают F1 гибридные растения. F1 гибриды являются более сильными и дают более высокий урожай, благодаря гетерозису. Инбредные линии, по существу, являются гомозиготными в большинстве локусов геном а.

15 Термин "линия растения" или "линия скрещивания" относится к растению и его потомству. Как применяется в настоящей заявке, термин "инбредная линия" относится к линии растений, которая неоднократно самоопылялась и является почти гомозиготной. Таким образом, термин "инбредная линия" или "родительская линия" относится к растению, которое подвергалось нескольким генерациям (например, по меньшей мере 5, 6, 7 или более) инбридинга, приводя к линии растения с высокой однородностью.

20 Термин "аллель (аллели)" означает любую одну или более альтернативные формы гена в конкретном локусе, все аллели которого относятся к одному признаку или характеристике в конкретном локусе. В диплоидной клетке организма аллели данного гена расположены в определенном месте или локусе (множество локусов) на хромосоме.

25 Один аллель присутствует на каждой хромосоме пары гомологичных хромосом. Диплоидные виды растений могут содержать большое количество различных аллелей в определенном локусе. Это могут быть одинаковые аллели гена (гомозиготные) или два разных аллеля (гетерозиготные). Таким образом, например, в настоящей заявке может быть сделана ссылка на "аллель урожая" локуса урожая QTL2.1 или QTL6.1.

30 Термин «ген» означает последовательность (геномную) ДНК, содержащую область (транскрибируемый участок), которая транскрибируется в молекулу информационной РНК (мРНК) в клетке и функционально связанную регуляторную область (например, промотор). Различные аллели гена представляют собой, таким образом, различную альтернативную форму гена, которая может быть в виде, например, различий в один 35 или более нуклеотидов в геномной последовательности ДНК (например, в промоторной последовательности, экзонных последовательностях, интронных последовательностях и т.д.), мРНК и/или аминокислотной последовательности кодируемого белка.

40 Термин "локус" (множество локусов) означает определенное место или места или участок на хромосоме, где обнаруживается, например QTL, ген или генетический маркер. Таким образом, локус урожая (локус увеличения урожая) является местом в геноме огурца, где находятся QTL2.1 или QTL6.1. В культивированном огурце QTL находятся на хромосоме 2 и на хромосоме 6, соответственно (применяя хромосомное ассигнование из Huang et al. 2009, Nature Genetics, Volume 41, Number 12, p1275-1283 и http://www.icugi.org/cgi-bin/gb2/gbrowse/cucumber_v2/) т.е. они интрогрессированы в геном культивированного 45 огурца (т.е. на хромосому 2 и 6) из диких или примитивных огурцов.

Термин "локус количественных признаков", или "QTL" представляет собой хромосомный локус, который кодирует один или более аллелей, которые влияют на экспрессивность непрерывно распределенного (количественного) фенотипа. Локусы

количественных признаков, обеспечивающие увеличенный урожай (или "QTL урожая"), называют в настоящей заявке QTL2.1 и QTL6.1.

"Геном огурца" и "физическое положение в геноме огурца" и "хромосома 2" и/или на "хромосому 6" относится к физическому геному культивированного огурца, во
 5 всемирном Интернет-пространстве на icugi.org/cgi-bin/gb2/gbrowse/cucumber_v2/, и физическим хромосомам и физическому положению на хромосомах. Поэтому, например, SNP_01 расположен на нуклеотиде (или 'основании') физически расположенном в месте нуклеотида 433,086 хромосомы 2, которая имеет физический размер от 0 до 23,17 Мб (т.е. 23,174,626 оснований). Подобным образом, SNP_12 расположен на нуклеотиде
 10 (или 'основании'), расположенном в месте 26,833,907 хромосомы 6, при этом эта хромосома имеет физический размер от 0 до 29.07 Мб (т.е. 29,076,228 оснований).

«Физическое расстояние» между локусами (например, между молекулярными маркерами и/или между фенотипическими маркерами) на одной и той же хромосоме представляет собой фактически физическое расстояние, выраженное в основаниях или
 15 парах оснований (пары оснований), килооснованиях или парах килооснований (тысяча пар оснований) или мегабазах или парах мегабаз (Мб).

«Генетическое расстояние» между локусами (например, между молекулярными маркерами и/или между фенотипическими маркерами) на одной и той же хромосоме измеряется частотой кроссинговера или частотой рекомбинации (RF) и указывается в
 20 сантиморганах (сМ). Одному сМ соответствует частота рекомбинации 1%. Если никакие рекомбинанты не могут быть найдены, RF равна нулю, и локусы либо очень близки друг к другу физически, либо идентичны. Чем дальше расположены два локуса, тем выше RF.

"Фрагмент интрогрессии" или "сегмент интрогрессия" или "область интрогрессия"
 25 относится к фрагменту хромосомы (или части или области хромосомы), который был введен в другое растение того же или родственного вида путем скрещивания или традиционных методов разведения, таких как обратное скрещивание, т.е. интрогрессированный фрагмент является результатом методов размножения, ссылающихся на глагол «интрогрессировать» (например, обратное скрещивание). В
 30 отношении огурцов дикие или примитивные огурцы (например, местные сорта) или дикие родственники культивированного огурца могут применяться для интрогрессии фрагментов дикого генома в геном культивированного огурца, *Cucumis sativus* var. *sativus* L. Такое культивированное растение огурца, таким образом, имеет "геном культивированного *Cucumis sativus* var. *sativus*", но содержит в геноме фрагмент дикого
 35 или примитивного огурца (например, местный сорт) или дикого родственника огурца, например, фрагмент интрогрессии генома дикого родственника *Cucumis sativus*, такого как *Cucumis sativus* сорт *hardwickii*, *C. sativus* сорт *sikkimensis* *Cucumis sativus* сорт *xishuangbannensis*, или другого дикого родственника огурца или огурца дикого типа. Поэтому, например, согласно настоящему изобретению обеспечивается
 40 культивированный огурец, содержащий геном культивированного огурца, и в геноме один или два фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6 культивированного огурца, которые сообщают увеличенный урожай по сравнению с геномом культивированного огурца, не содержащим фрагменты интрогрессии (и имеющим хромосомы 2 и/или 6 культивированного огурца, без интрогрессии). Понятно, что
 45 термин "фрагмент интрогрессии" не включает хромосому целиком, а только часть хромосомы. Фрагменты интрогрессии могут быть большими, например, составлять три четверти или половину хромосомы, но предпочтительно он меньше, как например, около 15 Мб или менее, как например, около 10 Мб или менее, около 9 Мб или менее,

около 8 Мб или менее, около 7 Мб или менее, около 6 Мб или менее, около 5 Мб или менее, около 4 Мб или менее, около 3 Мб или менее, около 2.5 Мб или 2 Мб или менее, около 1 Мб (равно 1,000,000 пар оснований) или менее, или около 0.5 Мб (равно 500,000 пар оснований) или менее, как например, около 200,000 пар оснований (равно 200 пар килооснований) или менее, около 100,000 пар оснований (100 тысяч пар оснований) или менее, около 50,000 пар оснований (50 тысяч пар оснований) или менее, около 25,000 пар оснований (25 тысяч пар оснований) или менее.

"Культивированный огурец" или "культивированный огурец" относится к растениям *Cucumis sativus* var. *sativus* т.е. сорта, линии скрещивания или культивары,

культивированные людьми и имеющие хорошие агрономические характеристики, в частности производящих съедобные и маркируемые плоды хорошего качества и однородности; такие растения не являются растением "огурца дикого типа" или "примитивного огурца", т.е. растениями, которые в общем дают намного более плохие урожаи и имеют более плохие агрономические характеристики, чем культивированные растения, и являются менее однородными генетически и по их физиологическим и/или морфологическим характеристикам. "Дикие растения" включают, например, экотипы, местные сорта или дикие экземпляры или дикие родственники видов. Культивированные растения огурца (линии или сорта) также могут отличаться от дикого или примитивного огурца значительно более низким количеством SNP (менее 2,000,000 SNP) и INDEL (вставки/делеции более короткие, чем 5 пар оснований; менее 150,000 INDEL) в геноме и их значительно более низкой нуклеотидной плотностью (равна или менее 2.3×10^{-3} п), как описано в Таблица 1 в Qi et al. Nature Genetics December 2013, Vol 45, No. 12, pages 1510-1518. Число SNP, число INDEL и нуклеотидную плотность можно определить, как описано в настоящей заявке, в частности в части 'Способы'.

«Индийская группа огурцов» относится к диким огурцам или диким родственникам огурцов из Индии, имеющим большое число SNP (более 3000000 SNP) и INDEL (вставки/делеции короче 5 пар оснований, более 200000 INDEL) в геноме и высокую нуклеотидную плотность (более 3.0×10^{-3} п или даже более 4.0×10^{-3} п).

"Евразийская группа огурцов" относится к культивированным огурцам из центральной или западной Азии, Европы и Соединенных Штатов, имеющим низкое число SNP (менее 2,000,000 SNP, или менее 1,500,000 SNP) и INDEL (вставки/делеции короче 5 пар оснований; менее 150,000 INDEL) в геноме и низкую нуклеотидную плотность (равна или менее 2.3×10^{-3} п, предпочтительно менее 2.0×10^{-3} п).

"Восточноазиатская группа огурцов" относится к культивированным огурцам из Восточной Азии, как например, Китай, Корея и Япония, имеющим низкое число SNP (менее 2,000,000 SNP, или менее 1,500,000 SNP) и INDEL (вставки/делеции короче 5 пар оснований; менее 150,000 INDEL, предпочтительно менее 100,000) в геноме и низкую нуклеотидную плотность (равна или менее 2.3×10^{-3} п, предпочтительно менее 2.0×10^{-3} п или даже менее 1.5×10^{-3} п).

"Группа огурцов Xishuangbanna" относится к огурцам из области Xishuangbanna в Китае, имеющим низкое число SNP (менее 2,000,000 SNP, или менее 1,500,000 SNP или даже менее 100,000 SNP) и INDEL (вставки/делеции короче 5 пар оснований; менее 150,000 INDEL, предпочтительно менее 100,000) в геноме и низкую нуклеотидную плотность (равен или менее 2.3×10^{-3} п, предпочтительно менее 2.0×10^{-3} п или даже менее 1.5×10^{-3} п).

"Дикий огурец" или "примитивный огурец" относится к *C. sativus* var. *sativus*, которые

обычно дают гораздо более плохие урожаи и имеют более плохие агрономические характеристики, чем культивированные растения и менее однородны генетически и по своим физиологическим и/или морфологическим характеристикам. Дикие растения включают, например, экотипы, местные сорта или дикие экземпляры или дикие родственники вида.

"Дикий родственник (родственники) огурца" относятся к *Cucumis sativus* сорт *hardwickii*, *C. sativus* сорт *sikkimensis*, *Cucumis sativus* сорт *xishuangbannensis*.

"Местный сорт (сорта)" относится к примитивным культиварам *Cucumis sativus* var. *sativus*, разработанным в местных географических регионах, которые часто демонстрируют высокую степень генетической изменчивости в их геноме и проявляют высокую степень морфологической и/или физиологической изменчивости в пределах местного сорта (например, большая вариация в размере плода, и т.д.), т.е. являются значительно менее однородными, чем культивированный огурец. Местные сорта, поэтому, согласно настоящему изобретению включены в группу "дикий огурец", которая отличается от "культивированного огурца".

"Однородность" или "однородные" относится к генетическим и фенотипическим характеристикам линии растения или сорта. Инбредные линии являются весьма генетически однородными, поскольку их получают путем нескольких генераций инбридинга. Подобным образом, и F1 гибриды, которые получают из таких инбредных линий, являются весьма однородными по своим генотипическим и фенотипическим характеристикам и производительности.

Термин "аллель урожая" относится к аллелю, обнаруживаемому в локусе урожая QTL2.1 или QTL6.1, интрогрессированному в культивированный огурец (на хромосоме 2 и/или 6 *C. sativus* var. *sativus*) из огурца дикого типа или дикого типа огурца. Термин "аллель урожая", таким образом, также охватывает аллели урожая, получаемые из других экземпляров *Cucumis*. Когда один или два аллеля урожая присутствуют в локусе в геноме (т.е. в гетерозиготной или гомозиготной форме), линия или сорт растения дает значительно более высокий урожай плодов, чем генетический контроль, не содержащий QTL. В культивированном растении огурца, не содержащем фрагмент интрогрессии, аллель *C. sativus* var. *sativus*, обнаруживаемая в том же локусе на хромосоме 2 и/или 6, согласно настоящему изобретению обозначается как аллель "дикого типа" (wt). Так как QTL урожая являются доминантными, растения wt/wt показывают стандартный урожай, тогда как растения QTL2.1/wt и/или QTL6.1/wt и QTL2.1/QTL2.1 и/или QTL6.1/QTL6.1 представляют собой растения, которые обладают фенотипом увеличенного урожая, обеспечиваемым аллелем (аллелями) урожая. Генотип SNP маркеров, раскрытых в настоящей заявке, также указывает на дикий тип или QTL либо в гомозиготной, либо в гетерозиготной форме. Например, генотип SNP_01, указывающий на QTL2.1, представляет собой 'AG' (QTL2.1/wt) или 'GG' (QTL2.1/QTL2.1), тогда как генотипом, указывающим на дикий тип, является 'AA' (wt/wt).

Генетический элемент, фрагмент интрогрессии или ген или аллель, сообщающий признак (такой как урожай) считается "получаемый из" или может быть "получен из" или "происходящий из" или может "происходить из" или "как присутствует в" или "как обнаружено в" растении или семени или ткани или клетки, если он может быть перенесен из растения или семени, в котором он присутствует, в другое растение или семя, в котором он не присутствует (как например, линия или сорт), применяя традиционные методы разведения, не приводящие к фенотипическому изменению растения-реципиента, за исключением добавления признака, сообщаемого генетическим элементом, локусом, фрагментом интрогрессии, геном или аллелем. Термины используются взаимозаменяемо,

и генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель могут, таким образом, быть перенесены в любой другой генетический фон, лишенный этого признака. Могут применяться не только семена, депонированные и содержащие генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, но также потомство/потомки таких семян, которые были отобраны для сохранения генетического элемента, локуса, фрагмента интрогрессии, гена или аллеля, могут применяться и охватываются настоящим изобретением, как например, коммерческие сорта, разработанные из депонированных семян или из их потомства. Содержит ли растение (ли геномная ДНК, клетка или ткань растения) тот же самый генетический элемент, локус, фрагмент интрогрессии, ген или аллель, как получено из депонированных семян, может быть определено специалистом в данной области техники, применяя одну или более методик, известных в данной области, таких как фенотипические анализы, секвенирование всего генома, анализ молекулярного маркера, нанесение признаков на генетическую карту, роспись хромосомы, тесты аллеломорфизма и тому подобное, или комбинации методик.

"Вариантные" или "ортологичные" последовательности или "вариант QTL2.1 или QTL6.1" относится к QTL урожая (QTL2.1 или QTL6.1), или фрагменту интрогрессии, содержащему их, которые получены из других диких огурцов или диких родственников растения огурца, чем QTL2.1 и QTL6.1, присутствующие в NCIMB42262, но варианты которых содержат один или более SNP, связанные с QTL2.1 и QTL6.1, и где вариантная геномная последовательность имеет существенную идентичность последовательности с SEQ ID NO: содержащей SNP (любой одной последовательностью из SEQ ID NO: 1-30), т.е. имеет идентичность последовательности по меньшей мере 85%, 90%, 95%, 98%, 99% или более. Таким образом, когда в настоящем описании делается ссылка на определенный генотип SNP в определенной геномной последовательности (выбранной из SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 30), это охватывает также генотип SNP в вариантах геномной последовательности, т.е. генотип SNP в геномной последовательности, имеющей идентичность последовательности по меньшей мере 85%, 90%, 95%, 98%, 99% с последовательностью, на которую ссылаются (выбранной из SEQ ID NO: 1 - SEQ ID NO: 30). Таким образом, любая ссылка в настоящей заявке на любую одну из последовательностей SEQ ID NO: 1-30 в одном варианте также охватывает вариант любой одной из SEQ ID NO: 1-30, причем указанный вариант имеет идентичность последовательности по меньшей мере 85%, 90%, 95%, 98%, 99% или более с указанной последовательностью.

При ссылке настоящей заявке на генотип SNP в конкретном положении, например в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 1, "или последовательности, имеющей идентичность последовательности по меньшей мере 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% с SEQ ID NO", это означает, что генотип SNP присутствует в вариантной последовательности при нуклеотиде, соответствующем тому же нуклеотиду (например, соответствующем нуклеотиду 75 последовательности SEQ ID NO: 1) в вариантной последовательности, т.е. в последовательности, имеющей идентичность последовательности по меньшей мере 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98% или 99% с указанной последовательностью SEQ ID NO. Например, вариантная последовательность может быть на один или несколько нуклеотидов короче, но когда попарно выравнивают вариантную последовательность с указанной SEQ ID NO, можно увидеть, какой нуклеотид вариантной последовательности соответствует тому же нуклеотиду. В вариантной последовательности это может быть, например, нуклеотид номер 76 или 74 вариантной последовательности, которая соответствует нуклеотиду 75 указанной последовательности.

"Урожай" или "урожай плодов" или "средний урожай" относится к среднему числу плодов (составляющих или выше 1.5 см по диаметру) на растение (FrPP) и/или среднюю массу плодов (граммы) (составляющих или выше 1.5 см по диаметру) на растение (GrPP) в единый момент времени сбора урожая. Единый момент времени сбора урожая соответствует практике выращивания и выбран для максимального увеличения количества плодов, имеющих диаметр 1,5 см и 5,0 см. В зависимости от желаемого размера плода момент времени, как правило, достигается, когда около 5%, около 10%, около 15% или около 20% плодов больше по размеру (т.е. имеют диаметр плода, равный 5.0 см или более). Уборка производится вручную или машинным сбором. Таким образом, в одном варианте собирают все плоды на растение и подсчитывают и/или взвешивают только те, которые имеют диаметр по меньшей мере 1,5 см (т.е. подсчитываются и/или взвешиваются все плоды с диаметром по меньшей мере 1,5 см, в том числе и негабаритные). Это делается для каждой линии растений или сортов, выращенных в тех же условиях, и рассчитывается среднее FrPP и/или средняя GrPP каждой линии или сорта.

"Увеличенный урожай плодов" или "значительно увеличенный урожай плодов" относится к линии или сорту культивированного растения огурца, содержащим фрагмент интрогрессии на хромосоме 2, содержащий QTL2.1, и/или содержащим фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, содержащий QTL6.1, дающим (благодаря QTL) статистически значительно более высокое среднее число плодов на растение (FrPP) и/или значительно более высокую среднюю массу плода на растение (GrPP), по сравнению с растением генетического контроля, не содержащим фрагменты интрогрессии на хромосоме 2 и 6, при выращивании в экспериментах на урожай в тех же условиях. Предпочтительно полевые условия проводятся с несколькими повторениями (2, 3 или более) в нескольких местах (2, 3, или более), с достаточным количеством растений (например по меньшей мере 10, 15, 20, 30, 40, или более растений на линию), содержащих интрогрессию (интрогрессии) и не содержащих интрогрессию (интрогрессии) (т.е. генетические контроли).

"Генетический контроль" представляет собой линию, сорт или гибрид огурца, который имеет такой же или очень подобный культурный геном, как и растение огурца, содержащее интрогрессию на хромосоме 2 и/или 6, за исключением того, что не содержит интрогрессии на хромосоме 2 и 6, т.е. хромосомы 2 и 6 являются "дикого типа", т.е. геном культивированного огурца. Например, семена, депонированные под номером доступа NCIMB42262, представляют собой семена тестового гибрида, полученного между линией интрогрессии, содержащей QTL2.1 и QTL6.1 на хромосоме 2 и 6, и элитной линией скрещивания, тогда как генетическим контролем, депонированным под номером NCIMB 42261, являются семена рекуррентного родителя линии интрогрессии (не содержащей QTL2.1 и QTL6.1) и той же элитной линией скрещивания.

Термин "анализ маркера" относится к анализу молекулярного маркера, который может применяться, чтобы протестировать присутствует ли на хромосоме 2 и/или 6 культивированного *C. sativus* var. *sativus* интрогрессия из огурца дикого типа, или из дикого родственника огурца, фрагмент интрогрессии которых содержит QTL урожая (QTL2.1 и/или QTL6) (или содержит ли дикий огурец или огурец дикого типа QTL2.1 и/или QTL6.1 в их геноме), путем определения генотипа любого одного или более маркеров, связанных с QTL2.1, например, генотипа одного или более SNP маркеров, выбранных из SNP_01 - SNP_11, и/или любого специфичного для генома огурца дикого типа или специфичного для генома дикого родственника огурца маркера между SNP маркерами SNP_01 и SNP_11, и/или в пределах 7 сМ или в пределах 5 сМ любого одного

из этих маркеров, и/или в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований или менее любого одного из этих маркеров; и/или генотипа любого одного или более маркеров, связанных с QTL6.1, например, генотипа одного или более SNP маркеров, выбранных из SNP_12 - SNP_30, и/или любого специфичного для генома огурца дикого типа или специфичного для генома дикого родственника огурца маркера между SNP маркерами SNP_12 и SNP_30, и/или в пределах 7 сМ или в пределах 5 сМ любого одного из этих маркеров, и/или в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований или менее любого одного из этих маркеров. Маркер "между" двумя маркерами физически располагается между маркерами на хромосоме.

"Среднее значение" или "среднее" относится согласно настоящему изобретению к среднему арифметическому значению, и оба термина используются взаимозаменяемо. Термин "среднее значение" или "среднее", таким образом, относится к среднему арифметическому значению для нескольких измерений. Специалисту в данной области техники понятно, что фенотип линии растения или сорта зависит в некоторой степени от условий произрастания, и поэтому измеряются средние арифметические значения для по меньшей мере 10, 15, 20, 30, 40, 50 или более растений (или частей растений), предпочтительно в рандомизированных экспериментальных моделях с несколькими повторениями и подходящими контрольными растениями, выращенными при тех же условиях в том же эксперименте. "Статистически значимый" или "статистически значимо" отличный или "значительно" отличный относится к характеристике линии растения или сорта, которые, при сравнении с подходящим контролем (например, в настоящей заявке, генетическим контролем), показывают статистически значимое отличие их характеристик (например, р-значение составляет менее 0.05, $p < 0.05$, применяя ANOVA) от (среднего значения) контроля.

"Рекомбинантная хромосома" относится к хромосоме, имеющей новый генетический облик, возникающий в результате кроссинговера между гомологичными хромосомами, например "рекомбинантная хромосома 2" или "рекомбинантная хромосома б", т.е. хромосома 2 или 6, которая не присутствует ни в одном из родительских растений и возникла в результате редкого события кроссинговера между гомологичными хромосомами пары хромосом 2 или 6. Согласно настоящему изобретению обеспечиваются, например, рекомбинантные хромосомы огурца 2 и 6, причем каждая содержит QTL урожая.

Термин "традиционные методы разведения" согласно настоящему изобретению охватывает скрещивание, обратное скрещивание, самоопыление, селекцию, получение двойного галоида, эмбриональное спасение, слияние протопластов, выбор с помощью маркера, мутационную селекцию и т.д. как известно селекционеру (т.е. методы, отличные от методов генетической модификации/трансформации/трансгенных методов), посредством которых, например, рекомбинантную хромосому 2 или 6 можно получить, идентифицировать и/или переносить.

"Обратное скрещивание" относится к методу селекции, с помощью которого (одионый) признак, такой как QTL урожая, может быть перенесен из более низшего генетического фона (например, дикого родственника огурца или огурца дикого типа; также обозначается как «донор») в высший генетический фон (также обозначается как "рекуррентный родитель"), например культивированный огурец. Потомство кросса (например, растение F1, полученное скрещиванием дикого родственника огурца или огурца дикого типа с культивированным огурцом; или растение F2 или растение F3, и т.д., полученное самоопылением F1) является "обратно скрещенным" до родителя с

высшим генетическим фоном, например культивированного родителя. После повторного обратного скрещивания, признак низшего генетического фона будет включен в высший генетический фон.

"Выбор с помощью маркера" или "MAS" представляет собой процесс использования присутствия молекулярных маркеров, которые генетически связаны с определенным локусом или с определенной областью хромосомы (например, фрагмент интрогрессии), для выбора растений по присутствию конкретного локуса или области (фрагмент интрогрессии). Например, молекулярный маркер, генетически связанный с QTL урожая, может применяться для обнаружения и/или выбора растения огурца, содержащего QTL урожая на хромосоме 2 и/или 6. Чем ближе генетическая связь молекулярного маркера с локусом (например около 7 сМ, 6 сМ, 5 сМ, 4 сМ, 3 сМ, 2 сМ, 1 сМ, 0.5 сМ или менее), тем менее вероятно, что маркер диссоциирует от локуса посредством мейотической рекомбинации. Аналогично, чем ближе два маркера связаны друг с другом (например, в пределах 7 сМ или 5 сМ, 4 сМ, 3 сМ, 2 сМ, 1 сМ или менее), тем менее вероятно, что два маркера будут отделены друг от друга (и, скорее всего, они будут совместно выделяться как единое целое).

Маркер "в пределах 7 сМ или в пределах 5 сМ" другого маркера относится к маркеру, который генетически привязывается к области, фланкирующей маркер, в пределах 7 сМ или 5 сМ (т.е. с обеих сторон маркера). Подобным образом, маркер в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.4 Мб, 0.3 Мб, 0.2 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 5 тысяч пар оснований или менее другого маркера относится к маркеру, который физически находится в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.4 Мб, 0.3 Мб, 0.2 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 5 тысяч пар оснований или менее, области геномной ДНК, фланкирующей маркер (т.е. с обеих сторон маркера).

"LOD-оценка" (логарифм (основание 10) расхождений) относится к статистическому тесту, часто используемому для анализа сцепления в популяциях животных и растений. Оценка LOD сравнивает вероятность получения тестовых данных, если эти два локуса (локусы молекулярных маркеров и/или локусы фенотипических признаков) действительно сцеплены, с вероятностью наблюдения одних и тех же данных чисто случайно. Положительные оценки LOD свидетельствуют о наличии сцепления, и оценка LOD выше 3.0 рассматривается как очевидное сцепление. Оценка LOD, равная +3, указывает на вероятность от 1000 до 1, что наблюдаемое сцепление не происходит случайно.

"Вегетативное размножение", "вегетативная репродукция" или "клональное размножение" применяются в настоящей заявке взаимозаменяемо и означают способ, в котором берут часть растения и позволяют части растения образовать по меньшей мере корни, где часть растения, например, определяется как или происходит из (например, путем разрезания) листа, пыльцы, зародыша, семядолей, гипокотили, клеток, протопласт, меристематической клетки, корня, кончика корня, пестика, пыльника, цветка, кончика побега, побега, стебля, плода, черешка и т.д. Когда целое растение регенерируется путем вегетативного размножения, это также обозначается как вегетативное размножение.

"Клеточная культура" или "тканевая культура" относится к *in vitro* культуре клеток или тканей растения.

"Регенерация" относится к развитию растения из клеточной культуры или тканевой культуры или вегетативному размножению.

"Трансген" или "химерный ген" относится к генетическому локусу, содержащему последовательность ДНК, такую как рекомбинантный ген, который был введен в геном растения путем трансформации, такой как трансформация, опосредованная *Agrobacterium*. Растение, содержащее трансген, стабильно интегрированный в его геном, обозначается как "трансгенное растение".

"Выделенная последовательность нуклеиновой кислоты" или "выделенная ДНК" относится к последовательности нуклеиновой кислоты, которая больше не находится в природной среде, из которой она была выделена, например, последовательности нуклеиновой кислоты в бактериальной клетке-хозяине или в ядерном или плазмидном геноме растения.

"Клетка-хозяин" или "рекомбинантная клетка-хозяин" или "трансформированная клетка" являются терминами, относящимися к новой индивидуальной клетке (или организму), возникающей в результате по меньшей мере одной молекулы нуклеиновой кислоты, введенной в указанную клетку. Клетка-хозяин предпочтительно является растительной клеткой или бактериальной клеткой. Клетка-хозяин может содержать нуклеиновую кислоту в качестве экстрахромосомно (эписомальной) реплицирующейся молекулы, или содержать нуклеиновую кислоту, интегрированную в ядерный или плазмидный геном клетки-хозяина, или в качестве введенной хромосомы, например, минихромосомы.

"Идентичность последовательности" и "сходство последовательности" можно определить выравниванием двух пептидных или двух нуклеотидных последовательностей с использованием глобальных или локальных алгоритмов выравнивания.

Последовательности могут затем обозначаться как «по существу идентичные» или "весьма подобные", когда они оптимально выровнены, например, с помощью программы GAP или BESTFIT или фильтрующей программы "Needle" (с использованием параметров по умолчанию, см. ниже), определяя по меньшей мере определенный минимальный процент идентичности последовательности (как определено ниже). Эти программы используют глобальный алгоритм выравнивания Нидлмана-Вунша для выравнивания двух последовательностей по всей длине, получая максимальное

количество совпадений и сводя к минимуму количество гэпов. Обычно параметры по умолчанию используется штраф за открытие гэпа = 10 и штраф за расширение гэпа = 0,5 (как для нуклеотидного, так и белкового выравнивания). Для нуклеотидов применяемой матрицей весов замен является DNAFULL, и для белков матрицей весов замен является Blosum62 (Henikoff & Henikoff, 1992, PNAS 89, 915-919). Выравнивания последовательности и показатели процентной идентичности последовательности, например, могут быть определены с помощью компьютерных программ, таких как EMBOSS, как доступно во всемирной сети по адресу ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/.

Альтернативно подобие или идентичность последовательности могут быть определены с помощью функции поиска в базах данных, таких как FASTA, BLAST и т.д., но совпадения должны быть получены и приведены в соответствие попарно, чтобы сравнить идентичность последовательности. Два протеина или два белковых домена или две последовательности нуклеиновых кислот имеют «существенную идентичность последовательности», если идентичность последовательности в процентах составляет по меньшей мере 85%, 90%, 95%, 98%, 99% или более (например, по меньшей мере 99.1, 99.2 99.3 99.4, 99.5, 99.6, 99.7, 99.8, 99.9 или более (как определено с помощью Emboss "needle", применяя параметры по умолчанию, т.е. штраф за открытие гэпа = 10, штраф за расширение гэпа = 0.5, применяя матрицу весов замен DNAFULL для нуклеиновых кислот, и Blosum62 для белков).

Когда делается ссылка на последовательность нуклеиновой кислоты (например, ДНК или геномную ДНК), имеющую "последовательность, по существу идентичную" ссылочной последовательности или имеющую последовательность, идентичную на по меньшей мере 80%, например, по меньшей мере 85%, 90%, 95%, 98%, 99%, 99.2%, 99.5%, 99.9% ссылочной последовательности, в одном варианте выполнения настоящего изобретения указанная нуклеотидная последовательность рассматривается как по существу идентичная данной нуклеотидной последовательности и может быть идентифицирована, применяя строгие условия гибридизации. В другом варианте выполнения настоящего изобретения, последовательность нуклеиновой кислоты содержит одну или более мутаций, по сравнению с данной нуклеотидной последовательностью, но все еще может быть идентифицирована, применяя строгие условия гибридизации.

"Строгие условия гибридизации" могут применяться для идентификации нуклеотидных последовательностей, которые по существу идентичны данной нуклеотидной последовательности. Строгие условия зависят от последовательности и будут отличаться в разных обстоятельствах. Как правило, строгие условия выбираются так, что составляют на около 5°C точки плавления (T_m) для конкретных последовательностей при определенной ионной силе и рН. T_m представляет собой температуру (при определенной ионной силе и рН), при которой 50% целевой последовательности гибридизуется идеально подобранным зондом. Обычно выбирают такие строгие условия, при которых концентрация соли составляет около 0,02 моля при рН 7, а температура составляет по меньшей мере 60°C. Уменьшение концентрации соли и/или повышение температуры увеличивает жесткость условий. Строгие условия для гибридизаций РНК-ДНК (нозерн-блоты с использованием зонда, например, 100 нт) являются, например, теми, которые включают по меньшей мере одну промывку в 0.2X SSC при 63°C в течение 20 мин, или эквивалентные условия. Строгие условия для гибридизации ДНК-ДНК (Саузерн-блоты с использованием зонда, например, 100 нт) являются, например, теми, которые включают по меньшей мере одну промывку (как правило 2) в 0.2X SSC при температуре, равной по меньшей мере 50°C, как правило около 55°C, в течение 20 мин, или эквивалентные условия. Смотрите также Sambrook et al. (1989) и Sambrook and Russell (2001).

Подробное описание изобретения

Настоящее изобретение относится к культивированному растению *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащему один или два QTL урожая, интрогрессированных из огурца дикого типа или из дикого родственника огурца. В частности, повышенная урожайность обеспечивается (сообщается) фрагментом интрогрессии на хромосоме культивированного огурца 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии происходит из растения дикого типа видов *Cucumis sativus* варианта *sativus* или из дикого родственника огурца.

Когда делается ссылка на фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 или 6, имеющий QTL урожая, это охватывает различные размеры фрагментов интрогрессии, например, фрагмент, как обнаружено в NCIMB42262, содержащем все маркеры SNP (SNP_01 - SNP_11, или любой маркер между ними, для фрагмента на хромосоме 2; SNP_12 0 SNP_30, или любой маркер между ними, для фрагмента на хромосоме 6), но также более маленькие фрагменты интрогрессии (содержащие, например, 1, 2, 3 или 4 маркеров SNP), где, однако, фрагмент остается достаточно большим, чтобы обеспечить значительно увеличенную урожайность (по сравнению с генетическим контролем), когда фрагмент интрогрессии находится в гетерозиготной или гомозиготной форме в

геноме культивированного огурца.

Когда делается ссылка на маркеры SNP в настоящей заявке, которые указывают на присутствие фрагмента интрогрессии (и QTL урожая, присутствующий на фрагменте интрогрессии), понятно, что упоминается генотип SNP, который является показателем фрагмента интрогрессии, т.е. генотип SNP, как представлено в Таблице 5 и Таблице 6 и далее. Отмечается, что генотип маркера SNP может отличать фрагмент интрогрессии, находящийся в гомозиготной или гетерозиготной форме, как показано в этих таблицах. В гомозиготной форме нуклеотид идентичен, а в гетерозиготной форме нуклеотид не идентичен. SNP-генотип хромосомы «дикого типа» без фрагмента интрогрессии это другой генотип, также приведенный в Таблице 5 и 6 (под генотипом рецидивизирующего родителя). Так, например, генотип SNP_01 указывающий на фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1, представляет собой 'AG' (QTL2.1/wt) или 'GG' (QTL2.1/ QTL2.1), тогда как генотип SNP, указывающий на дикий тип/генетический контроль (отсутствие фрагмента интрогрессии), представляет собой 'AA' (wt/wt). Таким образом, при ссылке на растение или часть растения (например, клетка), содержащие фрагмент интрогрессии в гомозиготной или гетерозиготной форме, понятно, что маркеры SNP, связанные с фрагментом интрогрессии, имеют соответствующий генотип SNP.

Поэтому, в одном варианте, обеспечивается культивированное растение *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащее фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или на хромосоме 6 в гомозиготной или гетерозиготной форме, где указанный фрагмент интрогрессии обеспечивает увеличение урожая плодов огурца.

QTL на хромосоме 2 был нанесен в области, начинающейся в месте 433,086 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 2,958,658 пар оснований хромосомы 2. Таким образом, в одном варианте фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца содержит QTL2.1 или его вариант и содержит всю часть области, начинающейся в точке 433,086 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 2,958,658 пар оснований хромосомы 2.

В другом варианте фрагмент интрогрессии согласно настоящему изобретению (содержащий QTL2.1 или его вариант) представляет собой фрагмент, содержащий более маленький фрагмент (часть) области, начинающейся в месте 433,086 пар оснований и заканчивающейся в месте 2,958,658 пар оснований хромосомы 2, например, имеющий размер, например, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 100 тысяч пар оснований, 50 тысяч пар оснований, 35 тысяч пар оснований, 30 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, или менее, и содержащий QTL или его вариант. В одном варианте часть составляет по меньшей мере 5 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований по размеру, или более.

В одном варианте культивированное растение огурца согласно настоящему изобретению содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, фрагмент интрогрессии которого содержит QTL2.1 или его вариант, где фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 0.4 Мб и заканчивающейся в точке 3 Мб физической хромосомы 2; в другом варианте, начинающейся в точке 0.3 Мб и заканчивающейся в точке 4 Мб.

QTL на хромосоме 6 наносили на карту хромосомы 6 в области, начинающейся в месте 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6. Таким образом, в одном варианте фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца содержит QTL6.1 или его вариант и содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6.

В другом варианте фрагмент интрогрессии согласно настоящему изобретению (содержащий QTL6.1 или его вариант) представляет собой фрагмент, содержащий более маленький фрагмент (часть) области, начинающейся в точке 26,833,907 пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, например, имеющий размер, например, 1.9 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 100 тысяч пар оснований, 50 тысяч пар оснований, 35 тысяч пар оснований, 30 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, или менее, и содержащий QTL или его вариант. В одном варианте часть составляет по меньшей мере 5 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований по размеру, или более.

В одном варианте культивируемое растение огурца согласно настоящему изобретению содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, фрагмент интрогрессии которого содержит QTL6.1 или его вариант, где фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26 Мб и заканчивающейся в конце физической хромосомы 6, т.е. в точке 29.07 Мб; в другом варианте, начинающейся в точке 25 Мб и заканчивающейся в конце хромосомы 6.

Увеличение урожая плодов огурца фенотипически выражается как (статистически) значительно более высокое среднее число плодов на растение (FrPP) линии или разновидности культивируемого растения огурца, содержащей фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6 в гомозиготной или гетерозиготной форме, по сравнению с линией или разновидностью генетического контроля, не содержащей фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и 6, при выращивании в той же среде, и/или значительно более высокая средняя масса плода на растение (GrPP) линии или разновидности растений, содержащей фрагмент интрогрессии, по сравнению с линией или разновидностью генетического контроля, не содержащей фрагмент интрогрессии, при выращивании в той же среде.

Таким образом, в настоящей заявке обеспечиваются различные культивируемые растения огурца, которые либо содержат фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 (содержащий QTL2.1) в гомозиготной или гетерозиготной форме; или которые содержат фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 (содержащий QTL6.1) в гомозиготной или гетерозиготной форме; или которые содержат как фрагменты интрогрессии (QTL2.1 и QTL6.1), либо фрагмент, находящийся в гомозиготной или гетерозиготной форме.

Растения согласно настоящему изобретению поэтому содержат геном культивируемого огурца, с одной, двумя, тремя или четырьмя рекомбинантные хромосомы, а именно одной или двумя рекомбинантными хромосомами 2 и/или одной или двумя рекомбинантными хромосомами 6. Рекомбинантные хромосомы содержат фрагмент дикого родственника огурца (или огурца дикого типа), который легко отличим от генома культивируемого огурца посредством анализа молекулярного маркера, секвенирования всего генома, «рописи» хромосомы и подобных методик.

В одном варианте присутствие фрагмента интрогрессии на хромосомах 2 и/или 6 в геноме растения или растительной клетки или растительной ткани (или в ДНК, экстрагированной из него) обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает один или более молекулярных маркеров фрагмента интрогрессии. Однако, как упомянуто, могут применяться другие методики, например, маркеры SNP генотипа также могут быть определены посредством секвенирования или путем применения альтернативных маркеров, расположенных между маркерами SNP, раскрытыми в настоящей заявке, или в пределах 7 сМ, или в пределах 5 сМ маркера, раскрытого в настоящей заявке; или в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5

Мб, 0.4 Мб, 0.3 Мб, 0.2 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 5 тысяча пар оснований или менее, маркера, раскрытого в настоящей заявке.

Растения огурца, содержащие фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 (QTL 2.1 урожая)

В одном варианте фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2 или 3, или по меньшей мере 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

б) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3;

г) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

е) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

ф) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

г) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

h) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

и) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

ж) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

к) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11;

л) любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркером SNP_01 и SNP_11.

Как упомянуто, специалист в данной области техники может разработать другие молекулярные маркеры, например, маркер, специфичный для генома огурца дикого типа, или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_01 и SNP_11 и/или в пределах 7 сМ или в пределах 5 сМ любого одного из SNP_01 - SNP_11, и/или в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.4 Мб, 0.3 Мб, 0.2 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 5 тысяч пар оснований или менее любого одного из SNP_01 - SNP_11. Такими маркерами также могут быть удлинение нуклеотида, CAPS маркеры, INDEL и т.д. Специалист в данной области техники может, например, секвенировать фрагмент интрогрессии, обнаруженный в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262 и применять информацию о последовательности для разработки новых маркеров и анализов маркеров.

В другом варианте фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2 или 3, или по меньшей мере 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10,

или все 11 маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

б) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3;

г) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

д) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

е) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

ж) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

з) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

и) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

к) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

л) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11.

Другим объектом настоящего изобретения является культивируемое растение *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащее фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 в гомозиготной или гетерозиготной форме, где указанный фрагмент интрогрессии сообщает увеличение урожая плодов огурца, и где указанный фрагмент интрогрессии обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2, 3 или 4 (или по меньшей мере 5, 6, 7, 8, 9, 10 или 11) последовательных маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

б) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3;

г) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

д) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

е) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

ж) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

з) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

и) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

ж) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

к) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11;

5 SNP маркеры SNP_01 - SNP_11 располагаются в данном порядке на фрагменте интрогрессии. Последовательные маркеры относятся к маркерам в таком же последовательном порядке, поэтому, например, двумя последовательными маркерами могут быть SNP_01 и SNP_02; SNP_02 и SNP_03; SNP_03 и SNP_04, и т.д. и тремя последовательными маркерами могут быть SNP_01 и SNP_02 и SNP_03; SNP_02 и SNP_03
10 и SNP_04; и т.д.

Фрагмент может, таким образом, быть меньше и не иметь 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или даже 10 маркеров, но он может все еще обеспечивать увеличенную урожайность культивированного растения огурца, т.е. он может все еще содержать аллель урожая. Такие более маленькие фрагменты интрогрессии являются вариантами выполнения
15 настоящего изобретения. Растения, имеющие более маленькие фрагменты интрогрессии могут быть получены, например, исходя из растения, содержащего фрагмент интрогрессии, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262, и скрещивания такого растения с другим культивированным растением огурца и самоопыления потомства указанного кросса с получением популяции растения,
20 которая может содержать рекомбинанты, имеющие более маленький фрагмент интрогрессии на хромосоме 2. Анализы маркера могут применяться для определения размера более маленького фрагмента интрогрессии. Один или более SNP маркеров SNP_01 - SNP_11 могут отсутствовать (т.е. растение может содержать только 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9 или 10 маркеров SNP). Урожай растения, содержащего такой более маленький
25 фрагмент интрогрессии, можно затем сравнить в экспериментах на урожайность, как описано в настоящей заявке, т.е. выращивая множество растений, содержащих более маленький фрагмент интрогрессии, в полевых экспериментах вместе с подходящими контрольными растениями, не содержащими фрагмент интрогрессии. Контрольные растения предпочтительно являются генетическим контролем. Если средний урожай
30 остается значительно выше, чем в контроле, то меньший фрагмент интрогрессии сохранил QTL2.1.

Альтернативно, тот же или сорт QTL (QTL2.1 или сорт QTL2.1) может быть интрогрессирован из другого источника дикого типа, причем необязательно не все маркеры SNP, раскрытые в настоящей заявке, могут присутствовать. Такие
35 альтернативные источники дикого типа могут быть идентифицированы с использованием маркеров SNP, представленных в настоящей заявке, посредством скрининга зародышевой плазмы дикого типа, применяя анализ маркера для обнаружения генотипа маркеров SNP_01 - SNP_11. Растения, содержащие QTL2.1 или сорт QTL2.1 из других источников также являются вариантами выполнения настоящего изобретения. До тех
40 пор, пока по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более SNP, предпочтительно по меньшей мере 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более последовательных SNP маркеров SNP_01 - SNP_11 также имеют урожай-повышающий генотип, растение содержит QTL2.1 (или его вариант). Специалист в данной области техники может интрогрессировать QTL2.1 (или его вариант) в культивированный огурец, чтобы увеличить урожай плодов, как
45 описано в настоящей заявке.

В конкретном варианте выполнения настоящего изобретения растение согласно настоящему изобретению содержит фрагмент интрогрессии, содержащий по меньшей мере выборку SNP маркеров, т.е. по меньшей мере 1, 2, 3, 4, или все 5 следующих

маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

б) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

г) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9; and

д) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10.

Таким образом, фрагмент интрогрессии (и культивируемое растение огурца или часть растения, например, клетка, содержащая фрагмент интрогрессии) может быть обнаружен в анализе маркера путем обнаружения генотипа SNP фрагмента интрогрессии (т.е. огурца дикого типа или зародышевой плазмы дикого типа огурца) одного или более или всех маркеров, указанных выше.

В другом варианте растение согласно настоящему изобретению содержит фрагмент интрогрессии, содержащий по меньшей мере SNP_06, т.е. фрагмент интрогрессии, обнаруживается в анализе маркера, обнаруживая генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6. Необязательно обнаруживаются также фланкирующие маркеры, SNP_05 и/или SNP_07, т.е. фрагмент интрогрессии обнаруживается в анализе маркера, обнаруживая по меньшей мере SNP_06 и необязательно также по меньшей мере один из следующих маркеров:

- генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5; и/или

- генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7; и необязательно

- любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между SNP_05 и SNP_07.

Растения огурца, содержащие фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 (QTL 6.1 урожая)

В одном варианте фрагмент интрогрессии (и культивируемое растение огурца или часть растения, содержащая фрагмент интрогрессии) на хромосоме 6 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2 или 3, или по меньшей мере 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, или 19 маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

5 i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип АГ или ГГ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

10 k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

15 n) генотип АГ или ГГ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

o) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

20 p) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

25 s) генотип ГТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30;

t) любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_12 и SNP_30.

30 Как упомянуто, специалист в данной области техники может разработать другие молекулярные маркеры, например, маркер, специфичный для генома огурца дикого типа, или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_12 и SNP_30 и/или в пределах 7 сМ или в пределах 5 сМ любого одного из SNP_12 - SNP_30, и/или в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб, 0.4 Мб, 0.3 Мб, 0.2 Мб, 0.1 Мб, 50 тысяч пар оснований, 20 тысяч пар оснований, 10 тысяч пар оснований, 5 тысяча пар оснований или менее любого одного из SNP_12 - SNP_30.

35 Такими маркерами также может быть удлинение нуклеотида, CAPS маркеры, INDEL и т.д. Специалист в данной области техники может, например, секвенировать фрагмент интрогрессии, обнаруженный в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262, и применение информации о последовательности для разработки новых маркеров и анализа маркеров.

40 В другом варианте фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2 или 3, или по меньшей мере 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или все 19 маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

45 a) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

д) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

5 е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

ф) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

10 г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

15 j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

20 l) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

25 о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

30 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

с) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30;

35 Другим объектом настоящего изобретения является культивируемое растение *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащее фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 в гомозиготной или гетерозиготной форме, где указанный фрагмент интрогрессии обеспечивает увеличение урожая плодов огурца, и где указанный фрагмент интрогрессии обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает
40 по меньшей мере 2, 3 или 4 (или по меньшей мере 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или 19) последовательных маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

45 б) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

д) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ

ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

5 ф) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

10 h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

10 j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

15 k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

20 n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

25 p) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29; и

30 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

35 SNP маркер SNP_12 - SNP_30 располагаются в данном порядке на фрагменте интрогрессии. Последовательные маркеры относятся маркерам в том же последовательном порядке, поэтому, например, двумя последовательными маркерами могут быть SNP_12 и SNP_13; SNP_13 и SNP_14; SNP_14 и SNP_15, и т.д. и тремя последовательными маркерами могут быть SNP_12 и SNP_13 и SNP_14; SNP_13 и SNP_14 и SNP_15; и т.д.

40 Фрагмент может, таким образом, быть меньше и не иметь 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17 или даже 18 маркеров, но он может все еще обеспечивать увеличенный урожай культивированному растению огурца, т.е. он может все еще содержать аллель урожая. Такие более маленькие фрагменты интрогрессии являются вариантом выполнения настоящего изобретения. Растения, имеющие более маленькие фрагменты интрогрессии, могут быть получены, например, исходя из растения, содержащего фрагмент интрогрессии, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262, и скрещиванием такого растения с другим культивированным растением огурца, самоопылением потомства указанного кросса с получением популяции растения, которая может содержать рекомбинанты, имеющие более маленький фрагмент интрогрессии на хромосоме 6. Анализы маркеров могут

применяться для определения размера более маленького фрагмента интрогрессии. Одни или более SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 могут отсутствовать (т.е. растение может содержать только 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17 или 18 из SNP маркеров). Урожай растения, содержащего такой более маленький фрагмент интрогрессии, можно сравнить в экспериментах на урожай, как описано в настоящей заявке, т.е. выращивая множество растений, содержащих более маленький фрагмент интрогрессии, в полевых экспериментах вместе с подходящими контрольными растениями, не содержащими фрагмент интрогрессии. Контрольные растения предпочтительно являются генетическим контролем. Если средний урожай остается значительно выше, чем в контроле, то более маленький фрагмент интрогрессии сохранил QTL6.1.

Альтернативно, тот же QTL или вариант (QTL6.1 или вариант QTL6.1) может быть интрогрессирован из другого дикого источника, причем необязательно не все SNP маркеры, раскрытые в настоящей заявке, могут присутствовать. Такие альтернативные дикие источники могут быть идентифицированы, применяя SNP маркеры согласно настоящему изобретению, посредством скрининга дикой зародышевой плазмы, применяя анализ маркера для обнаружения генотипа маркеров SNP_12 - SNP_30. Растения, содержащие QTL6.1 или вариант QTL6.1 из других источников, также являются вариантом выполнения настоящего изобретения. Пока по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или более SNP, предпочтительно по меньшей мере 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или более последовательных SNP маркеров из SNP_12 - SNP_30 также имеют генотип увеличения урожая, растение содержит QTL6.1 (или его вариант). Специалист в данной области техники может интрогрессировать QTL6.1 (или его вариант) в культивированный огурец, чтобы увеличить урожай плодов, как описано в настоящей заявке.

В конкретном варианте выполнения настоящего изобретения растение согласно настоящему изобретению содержит фрагмент интрогрессии, содержащий по меньшей мере подгруппу SNP маркеров, т.е. по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12 или все 13 из следующих маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

- генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;
- генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;
- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;
- генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;
- генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;
- генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;
- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;
- генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;
- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;
- генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ

ID NO: 25;

- генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ

ID NO: 26;

- генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

5 ID NO: 28;

- генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ

ID NO: 30.

В частности, в одном варианте культивируемое растение огурца согласно настоящему изобретению содержит по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранные из группы, состоящей из:

10 из группы, состоящей из:

- генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ

ID NO: 13;

- генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ

ID NO: 18;

15 - генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

ID NO: 28; и необязательно

- любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_13 и SNP_18 и/или между маркерами SNP_18 и SNP_28.

20 Таким образом, фрагмент интрогрессии (и культивируемое растение огурца или часть растения, например, клетка, содержащие фрагмент интрогрессии) может быть обнаружен в анализе маркера, обнаруживая SNP генотип фрагмента интрогрессии (т.е. зародышевой плазмы дикого родственника огурца или огурца дикого типа) одного или более или всех маркеров, указанных выше.

25 Таким образом, в одном варианте, два локуса количественных признаков (QTL2.1 и QTL6.1), как обнаружено, присутствуют на хромосоме 2 и 6 дикого огурца, которые, при переносе (интрогрессии) в культивируемый огурец, сорт или линию скрещивания, раздельно или в комбинации, и когда присутствуют в гетерозиготной или гомозиготной форме, сообщают значительно увеличенный урожай плодов культивируемому растению огурца. QTL или фрагменты интрогрессии, содержащие QTL (содержащие аллель урожая), являются, таким образом, доминантными, т.е. достаточно иметь фрагмент интрогрессии на одной из хромосом 2 или 6 (одна рекомбинантная хромосома 2 или 6), тогда как гомологичной хромосомой 2 или 6 пары может быть (нерекомбинантная) хромосома 2 или 6 культивируемого *C. sativus* var. *sativus*, не содержащего фрагмент интрогрессии.

35 Хотя источники двух QTL урожая согласно настоящему изобретению являются единственным специфическим диким источником, вероятно, есть и другие дикие виды *Cucumis sativus*, которые содержат QTL2.1 и/или QTL6.1 в том же локусе на хромосоме 2 и/или 6. Такие локусы могут содержать аллели урожая, которые имеют несколько другие нуклеотидные последовательности, т.е. варианты аллелей (QTL), обнаруживаемых в настоящей заявке. Такие варианты QTL также могут быть идентифицированы и интрогрессированы в культивируемый огурец, как описано в настоящей заявке, с получением культивируемого растения огурца, содержащего геном культивируемого *C. sativus* var. *sativus* и рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, причем рекомбинантная хромосома 2 и/или 6 содержит фрагмент интрогрессии дикого вида *Cucumis sativus*, который сообщает увеличенный урожай фенотипу культивируемого растения огурца, когда присутствует в гомозиготной или гетерозиготной форме. Чтобы идентифицировать такой дикий огурец или дикие родственники огурца, содержащие

QTL2.1 и/или QTL6.1, дикие образцы могут быть проанализированы, например, в анализе маркера путем сравнения последовательностей или другими методами, на присутствие одного или более SNP маркеров, приведенных в настоящей заявке. Предполагаемые QTL урожая (или варианты QTL) могут затем быть интрогрессированы в

5 культивированный огурец, например, применяя MAS, т.е. применяя один или более (или все) из SNP маркеров, приведенных в настоящей заявке, для обнаружения и/или отбора потомственных растений (например, беккросс-растений), содержащих рекомбинантную хромосому 2 и/или 6. Отобранные растения, т.е. культивированные растения огурца, содержащие фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где
10 фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 обнаруживается одним или более из SNP маркеров SNP_01 - SNP_11 (как описано в настоящей заявке), и где фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 обнаруживается одним или более из SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 (как описано в настоящей заявке), могут затем подвергаться определению фенотипа в экспериментах на урожай вместе с подходящими контрольными растениями,
15 предпочтительно по меньшей мере генетическим контролем, чтобы определить действительно ли фрагмент интрогрессии вызывает значительное увеличение урожая.

Образцы огурца дикого типа и диких родственников огурца получают из системной коллекции зародышевой плазмы USDA National Plant или других коллекций семян, и могут, таким образом, быть протестированы на присутствие QTL2.1 и/или QTL6.1,
20 применяя, например, анализ маркеров, как описано в настоящей заявке, и образцы, содержащие один или более из SNP маркеров (например, по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или все 11 SNP маркеры, указывающие на QTL2.1; и/или по меньшей мере 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или все 19 SNP маркера, указывающие на QTL6.1), могут быть скрещены с культивированным растением огурца, имеющим
25 нормальные нереккомбинантные хромосомы 2 и 6 дикого типа. F2 поколение (или последующее поколение, такое как F3 или беккросс-поколение) может затем быть проанализировано на рекомбинантные растения, имеющие фрагмент интрогрессии или его часть, применяя анализы молекулярных маркеров, описанные в настоящей заявке.

В конкретном варианте выполнения настоящего изобретения, фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1 урожая и/или QTL6.1 урожая, является происходящим из (или производным из) или получаемым из (или полученным из; или как присутствует в)
30 семян, представительный образец которых был депонирован под номером доступа NCIMB 42262, или из их потомства. Потомством может быть любой потомство, которое сохраняет один или более (или все) SNP маркеров, указывающих на QTL, как описано.
35 Таким образом, потомства не ограничены до F1 или F2 потомства депозита, а могут быть любым потомством, полученным самоопылением и/или скрещиванием с другим растением огурца.

В одном варианте выполнения настоящего изобретения фрагмент интрогрессии идентифицируется одним или более маркерами, описанными в настоящей заявке, в
40 частности маркерами SNP_01 - SNP_11 для фрагмента интрогрессии на хромосоме 2, и SNP_12 - SNP_30 для фрагмента интрогрессии на хромосоме 6. В одном варианте изобретение обеспечивает культивированное растение огурца, имеющее геном культивированного (одомашненного) огурца, который имеет увеличенный урожай плодов, где увеличенный урожай плодов обеспечивается фрагментом интрогрессии на
45 хромосоме 2 и/или хромосоме 6 культивированного огурца, где указанный фрагмент интрогрессии получают посредством (или является получаемым посредством) скрещивания культивированного растения, выращенного из семян, депонированных под номером NCIMB 42262, или потомства этого растения (которое содержит один или

более маркеров, раскрытых в настоящей заявке, связанных с QTL) с культивированным растением огурца.

В другом варианте выполнения настоящее изобретение относится к растению согласно настоящему изобретению, т.е. культивированному растению *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащему фрагмент интрогрессии из дикого родственника огурца или огурца дикого типа на хромосоме 2 и/или 6 в гомозиготной или гетерозиготной форме, и где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой фрагмент интрогрессии, который в одном варианте является "как в" / "идентичным" / "таким же как в" семенах, депонированных под номером NCIMB 42262, или представляет собой его более короткий фрагмент, но все еще обеспечивает увеличенный урожай плодов.

В еще одном варианте настоящее изобретение относится к растению согласно настоящему изобретению т.е. культивированному растению *Cucumis sativus* var. *sativus*, содержащему фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого типа огурца на хромосоме 2 и/или 6 в гомозиготной или гетерозиготной форме, и где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой фрагмент интрогрессии или его вариант из семян, депонированных под номером NCIMB 42262, т.е. он содержит QTL урожая, но геномная последовательность может быть другой. Поскольку дикие образцы будут генетически различными, геномная последовательность фрагмента интрогрессии, содержащего QTL2.1 или QTL6.1 из других образцов огурца дикого типа или диких родственников огурца, наиболее вероятно не будет идентична геномной последовательности, так как интрогрессирована в NCIMB42262, и даже ген, обеспечивающий урожай (содержащий промотор, интроны и экзоны), может отличаться по нуклеотидной последовательности, но функция будет такой же, т.е. обеспечение увеличенного урожая плодов. Расхождение можно увидеть в том, что некоторые маркеры SNP, связанные с QTL2.1 и/или QTL6.1, могут быть в общем обнаружены в различных экземплярах, тогда как другие SNP маркеры могут быть обнаружены только в определенных экземплярах. Поэтому, например, не все из SNP_01 - SNP_11 и/или SNP_12 - SNP_30 можно обнаружить в других растениях огурца дикого типа или диких родственниках огурца. Однако обеспечивающие урожай QTL2.1 и QTL6.1 (содержащие, например, вариант или ортолог аллели урожая) могут все еще присутствовать в таких экземплярах дикого типа. Специалист в данной области техники способен идентифицировать и интрогрессировать QTL 2.1 и 6.1, содержащие область, обнаруживаемую в других экземплярах огурца дикого типа или других диких родственниках огурца, в культивированный огурец.

В одном варианте выполнения настоящего изобретения присутствие фрагмент интрогрессии, или области хромосомы 2 (или варианта или ортологичной области хромосомы 2), содержащей QTL2.1, обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более (или все 11) маркеров однонуклеотидного полиморфизма (SNP), выбранных из группы, состоящей из:

- а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;
- б) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;
- в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3;
- д) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

е) генотип АС или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

ф) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

5 г) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

h) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

10 i) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

j) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

к) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11.

15 Таким образом, в одном варианте выполнения настоящего изобретения растения согласно настоящему изобретению содержат по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип АГ или GG) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 1 (обозначается как SNP_01) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 1; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип АГ или GG) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 2 (обозначается как SNP_02) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 2; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип АГ или GG) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 3 (обозначается как SNP_03) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 3; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип GG или GT) вместо двух тимин (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 4 (обозначается как SNP_04) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 4; и/или по меньшей мере цитозин (C) (т.е. генотип СС или АС) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 5 (обозначается как SNP_05) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 5; и/или по меньшей мере тимин (Т) (т.е. генотип ТТ или СТ) вместо двух цитозин (CC) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 6 (обозначается как SNP_06) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 6; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип GG или АГ) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 7 (обозначается как SNP_07) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 7; и/или по меньшей мере тимин (Т) (т.е. генотип ТТ или СТ) вместо двух цитозин (CC) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 8 (обозначается как SNP_08) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 8; и/или по меньшей мере цитозин (C) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тимин (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 9 (обозначается как SNP_09) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной

последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 9; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип GG или GT) вместо двух тиминов (TT) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 10 (обозначается как SNP_10) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 10; и/или по меньшей мере аденин (A) (т.е. генотип AA или AG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 11 (обозначается как SNP_11) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 11.

В другом варианте выполнения настоящего изобретения присутствие фрагмента интрогрессии, или области хромосомы 6 (или варианта или ортологичной области хромосомы 6), содержащей QTL6.1, обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18 или более (или все 19) маркера однонуклеотидного полиморфизма (SNP), выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

й) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

л) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

п) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

р) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

с) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30;

Таким образом, в одном варианте выполнения настоящего изобретения растения согласно настоящему изобретению содержат по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 12 (обозначается как SNP_12) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 12; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 13 (обозначается как SNP_13) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 13; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип АG или GG) вместо двух аденинов (АА) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 14 (обозначается как SNP_14) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 14; и/или по меньшей мере тимин (Т) (т.е. генотип ТТ или СТ) вместо двух цитозинов (СС) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 15 (обозначается как SNP_15) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 15; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 16 (обозначается как SNP_16) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 16; и/или по меньшей мере тимин (Т) (т.е. генотип ТТ или СТ) вместо двух цитозинов (СС) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 17 (обозначается как SNP_17) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 17; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тимinov (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 18 (обозначается как SNP_18) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 18; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АС) вместо двух цитозинов (СС) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 19 (обозначается как SNP_19) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 19; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АС) вместо двух цитозинов (СС) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 20 (обозначается как SNP_20) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 20; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип GG или АG) вместо двух аденинов (АА) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 21 (обозначается как SNP_21) или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 21; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тимinov (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 22 (обозначается как SNP_22) или в месте

эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 22; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или АG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 23 (обозначается как SNP_23) или в месте

5 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 23; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тиминов (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 24 (обозначается как SNP_24) или в месте

10 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 24; и/или по меньшей мере гуанин (G) (т.е. генотип GG или AG) вместо двух аденинов (AA) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 25 (обозначается как SNP_25) или в месте

15 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 25; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тиминов (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 26 (обозначается как SNP_26) или в месте

20 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 26; и/или по меньшей мере аденин (А) (т.е. генотип АА или AG) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 27 (обозначается как SNP_27) или в месте

25 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 27; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тиминов (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 28 (обозначается как SNP_28) или в месте

30 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 28; и/или по меньшей мере цитозин (С) (т.е. генотип СС или СТ) вместо двух тиминов (ТТ) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 29 (обозначается как SNP_29) или в месте

35 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 29; и/или по меньшей мере тимин (Т) (т.е. генотип ТТ или GT) вместо двух гуанинов (GG) в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 30 (обозначается как SNP_30) или в месте

40 эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 30; и одну хромосому с G в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 30 (или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 30) и одну хромосому с Т в месте нуклеотида 75 последовательности SEQ ID NO: 30 (или в месте эквивалентного нуклеотида геномной последовательности, содержащей по существу последовательность, идентичную SEQ ID NO: 30). Так как геномные последовательности вокруг маркеров SNP, представленные в настоящей заявке, могут незначительно отличаться в фрагментах интрогрессии, от других огурцов дикого типа или диких родственников огурца (т.е. вариантах или областях ортологичных хромосом 2 или 6), ясно, что нуклеотидные последовательности

до и после SNP могут не быть на 100% идентичными последовательностям, представленным в настоящей заявке. Поэтому последовательности, имеющие существенную идентичность последовательности последовательностям, представленным в настоящей заявке, но которые содержат тот же SNP, охватываются настоящим изобретением.

В одном варианте, фрагмент интрогрессии, или область хромосомы 2 или 6 (или варианта или ортологичной области хромосомы 2 или 6), содержащая QTL (QTL2.1 или сорт и/или QTL6.1 или вариант), которые обнаруживаются вышеуказанным одним или более маркерами, происходит из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, и в одном варианте происходит из растения, представительный образец семян которого, был депонирован под номером доступа NCIMB42262, или его потомства; в одном варианте поэтому этот тот же фрагмент интрогрессии, как обнаружено на хромосоме 2 и на хромосоме 6 в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262, или более маленький фрагмент. В одном варианте фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6 равен или менее 10 Мб по размеру, предпочтительно равен или менее 8 Мб по размеру, более предпочтительно равен или менее 6, 5, 4, 3 или 2.5 Мб по размеру, например равен или менее 2 Мб. В одном варианте фрагмент интрогрессии составляет по меньшей мере 0.2 Мб, 0.5 Мб, 1.0 Мб, 1.5 Мб, 1.9 Мб, 2.0 Мб, 2.5 Мб или 3 Мб по размеру. Таким образом, различные диапазоны размеров интрогрессии охватываются настоящим изобретением, такие как фрагменты менее 10 Мб, но более 0.2 Мб, менее 5 Мб или 3 Мб, но более 0.2 Мб, 0.5 Мб или 1 Мб, и т.д. Размер может быть легко определен посредством, например, секвенирования всего генома или секвенирования нового поколения, например, как описано в Qi et al. 2013 (выше) или в Huang et al. 2009 (выше). В частности, области интрогрессии могут легко отличаться от культивированных геномных областей, из-за большего числа геномной изменчивости (SNP, INDEL и т.д.) в области интрогрессии.

Чтобы получить фрагмент интрогрессии, присутствующий на хромосоме 2 и/или 6, из депонированных семян (NCIMB42262), т.е. перенести один или оба фрагмента интрогрессии, содержащих QTL в другое культивированное растение огурца, растение выращивают из семени, и растение скрещивают с культивированным растением огурца, чтобы получить F1 семена. F1 гибридное семя и растения, выращенные из него, содержат одну рекомбинантную хромосому 2 и одну рекомбинантную хромосому из NCIMB42262 родителя и одну нерекомбинантную хромосому 2 и хромосому 6 из другого культивированного растения. Чтобы получить новые события рекомбинации между гомологичными хромосомами, мейоз должен иметь место, и растения, содержащие рекомбинантные хромосомы 2 и/или 6, должны быть идентифицированы. Например, F1 может быть самоопылен один или более раз, чтобы получить F2 или F3 растения (или другие поколения самоопыления), и/или F2 растения или F3 растения, и т.д., могут быть обратно скрещены с культивированным растением. Растения, которые содержат QTL2.1 и/или QTL6.1, могут быть проанализированы и отобраны по присутствию одного или более из вышеуказанных SNP маркеров, чтобы идентифицировать растения, содержащие рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, содержащую фрагмент интрогрессии из депонированных семян, или более маленький фрагмент интрогрессии (который все еще содержит QTL).

Подобным образом, культивированные растения огурца, содержащие QTL2.1 (или его вариант) или QTL6.1 (или его вариант), могут быть получены и/или идентифицированы, применяя различные способы. Например, чтобы получить культивированное растение огурца, содержащее фрагмент интрогрессии из огурца

дикого типа или дикого родственника огурца, идентифицируют первый дикий огурец или огурец дикого типа, который содержит один или более из SNP маркеров, связанных с QTL2.1 и/или QTLL6.1, раскрытыми в настоящей заявке, например любой один, или более, или все маркеры, описанные в настоящей заявке выше. Идентифицированное растение скрещивают с культивированным растением огурца, чтобы получить F1 семена. F1 могут быть самоопылены с получением F2, F3, и т.д. растений, и/или F2 растения или F3 растения, и т.д., могут быть обратно скрещены с родительским культивированным огурцом. Растения, которые содержат QTL2.1 (или его вариант) или QTL6.1 (или его вариант), могут быть проанализированы и/или отобраны по присутствию одного или более из вышеуказанных SNP маркеров, и/или проанализированы и/или отобраны по фенотипу увеличенного урожая по сравнению с первоначальным культивированным родителем (не содержащим интрогрессии). Альтернативно или дополнительно, нанесение QTL на генетическую карту может осуществляться, чтобы идентифицировать другие молекулярные маркеры, связанные с QTL2.1 (или его вариант) и/или QTL6.1 (или его вариант), и/или чтобы получить культивированные растения огурца, содержащие фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, который увеличивает значительно увеличенный урожай.

В одном варианте выполнения настоящего изобретения присутствие фрагмента интрогрессии в культивированном растении огурца, или области хромосомы 2 (или области ортологичной хромосомы 2), содержащих QTL2.1, обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11;

с) любой маркер, специфичный для генома дикого родственника огурца или огурца дикого типа, между маркерами SNP_01 и SNP_11;

д) любой маркер, специфичный для генома огурца дикого типа или дикого родственника огурца, который генетически связан в пределах 7 сМ, 5 сМ, 3 сМ или менее маркера SNP_01 или SNP_11; и

е) любой маркер, специфичный для генома огурца дикого типа или дикого родственника огурца, который физически связан в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб или 0.2 Мб или менее маркера SNP_01 или SNP_11.

В одном варианте маркерами согласно с) являются один или более из SNP_02 - SNP_10.

В одном варианте, обнаруживаются по меньшей мере один, два, по меньшей мере три, по меньшей мере четыре или более маркеров из маркеров согласно а), б) и/или с), указанных выше. В другом варианте, обнаруживаются по меньшей мере один, два, по меньшей мере три, по меньшей мере четыре или более маркеров из маркеров согласно а), б), с), d) и/или е), указанных выше. В одном варианте выполнения настоящего изобретения по меньшей мере маркер согласно а) и/или b) обнаруживается и необязательно по меньшей мере один, два, три или более маркеров согласно с), d) и/или е) обнаруживаются.

Любой специфичный для генома огурца дикого типа или дикого родственника огурца маркер между маркером согласно а) и б) относится к любому молекулярному маркеру, который генетически локализован в области хромосомы 2 между маркерами SNP_01 и SNP_11, и/или который физически лежит между маркерами SNP_01 и SNP_11, и который

указывает на области хромосомы 2 дикого огурца или на области хромосомы 2 дикого родственника огурца. Это означает, что маркер является полиморфным между геном культивированного огурца и геном огурца дикого типа и дикого родственника огурца. В одном варианте, маркером является однонуклеотидный полиморфизм (SNP), но другие молекулярные маркеры, такие как RFLP, AFLP, RAPD, ДНК секвенирования и т.д. могут применяться эквивалентным образом.

В одном варианте выполнения настоящего изобретения присутствие фрагмента интрогрессии в культивированном растении огурца, или области хромосомы 6 (или области ортологичной хромосомы 6), содержащих QTL6.1, обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP₁₂ в SEQ ID NO: 12;

б) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP₃₀ в SEQ ID NO: 30;

с) любой специфичный для генома дикого родственника огурца или огурца дикого типа маркер между маркерами SNP₁₂ и SNP₃₀;

д) любой специфичный для генома дикого родственника огурца или огурца дикого типа маркер, который генетически сцеплен в пределах 7 сМ, 5 сМ, 3 сМ или менее маркера SNP₁₂ или SNP₃₀; и

е) любой специфичный для генома огурца дикого типа или дикого родственника огурца маркер, который физически сцеплен в пределах 5 Мб, 3 Мб, 2 Мб, 1 Мб, 0.5 Мб или 0.2 Мб или менее маркера SNP₁₂ или SNP₃₀.

В одном варианте маркеры согласно с) представляют собой одну или более из SNP₁₃ - SNP₂₉.

В одном варианте, обнаруживаются по меньшей мере один, два, по меньшей мере три, по меньшей мере четыре или более маркеров из маркеров согласно а), б) и/или с) выше. В другом варианте, обнаруживаются по меньшей мере один, два, по меньшей мере три, по меньшей мере четыре или более маркеров из маркеров согласно а), б), с), д) и/или е) выше. В одном варианте выполнения настоящего изобретения обнаруживается по меньшей мере маркер согласно а) и/или б), и необязательно обнаруживаются по меньшей мере один, два, три или более маркеров согласно с), д) и/или е).

Любой специфичный для генома огурца дикого типа или дикого родственника огурца маркер между маркерами согласно а) и б) относится к любому молекулярному маркеру, который генетически локализован в области хромосомы 6 между маркерами SNP₁₂ и SNP₃₀, и/или который физически локализуется между маркерами SNP₁₂ и SNP₃₀, и который указывает на область хромосомы 6 дикого огурца или область хромосомы 6 дикого родственника огурца. Это означает, что маркер является полиморфным между геном культивированного огурца и геном огурца дикого типа или дикого родственника огурца. В одном варианте, маркером является однонуклеотидный полиморфизм (SNP), но и другие молекулярные маркеры, такие как RFLP, AFLP, RAPD, ДНК секвенирования и т.д., могут применяться эквивалентным образом.

Фрагмент интрогрессии в растениях согласно настоящему изобретению в одном варианте представляет собой фрагмент хромосомы 2 или 6, который присутствует в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или более маленький вариант этого фрагмента, сохраняющий QTL (полученный, например, посредством рекомбинации в пределах фрагмента интрогрессии).

Фрагмент интрогрессии в одном варианте равен или менее 10 Мб по размеру,

предпочтительно равен или менее 8 Мб, 5 Мб, 3 Мб, 2.5 Мб, 2 Мб, 1.5 Мб, 1 Мб по размеру. В другом варианте фрагмент интрогрессии составляет по меньшей мере 0.5 Мб или по меньшей мере 1 Мб по размеру.

Также обеспечиваются семена, из которых растение согласно настоящему изобретению может быть выращено, как и плоды огурца, собранные с растения согласно настоящему изобретению и содержащие рекомбинантную хромосому 2 и/или 6 в их геноме. Подобным образом, обеспечивается растительная клетка, ткань или часть растения растения или семени, содержащего по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, где указанная рекомбинантная хромосома 2 и/или 6 содержит фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, и где указанный фрагмент интрогрессии содержит аллель, обеспечивающий значительно увеличенный урожай плодов.

Молекулярные маркеры, описанные в настоящей заявке, могут быть обнаружены согласно стандартному методу. Например, SNP маркеры могут быть легко обнаружены, применяя анализ KASP (смотрите www.krpbioscience.co.uk) или другие анализы. Для разработки анализа KASP, например, 70 пар оснований против хода транскрипции и 70 пар оснований по ходу транскрипции SNP можно выделить, и два аллель-специфичных прямых праймера и один аллель-специфичный обратный праймер могут быть разработаны. Смотрите, например, Allen et al. 2011, Plant Biotechnology J. 9, 1086-1099, в частности p097-1098 для способа на основе анализа KASP.

Таким образом, в одном варианте, SNP маркеры и присутствие/отсутствия маркера, связанного с QTL урожая, определяют, применяя анализ KASP, но также в равной степени могут применяться и другие анализы. Например, необязательно также может применяться ДНК секвенирование.

Физический размер фрагмента интрогрессии можно определить различными способами, такими как физическое картирование, секвенирование или путем визуализации интрогрессии, применяя флуоресцентные изображения *in situ* гибридизации (FISH) (Verlaan et al. 2011, Plant Journal 68: 1093-1103).

Растения с более маленькими фрагментами интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6 могут быть получены путем генерации новых рекомбинантных растений из популяции растений, полученных из кросса между культивированным растением огурца (не содержащим интрогрессии) и растением согласно настоящему изобретению, и отбора рекомбинантного потомства, имеющего более маленькие размеры интрогрессии.

В томатах, например, большой *S. chilense* фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 (около 27 cM), который содержит *Ty-3* аллель, был уменьшен путем селекции рекомбинантной линии потомства (LA1931-AL-F2), которая содержит намного более маленький *S. chilense* фрагмент интрогрессии (около 6 cM), содержащий *Ty-3* (смотрите Ji et al. 2007, Mol. Breeding 20: 271-284).

Культивированное растение огурца согласно настоящему изобретению может быть инбредным ОР (перекрестноопыляющийся сорт) или F1 гибридом. В одном варианте F1 гибрид содержит один или оба фрагмента интрогрессии в гетерозиготной форме, т.е. происходит путем скрещивания двух инбредных родительских линий, одна из которых содержит фрагменты интрогрессии (предпочтительно в гомозиготной форме, хотя не обязательно), и сбора F1 гибридных семян с указанного кросса. F1 гибрид также может содержать один или оба фрагмента интрогрессии в гомозиготной форме, т.е. происходит путем скрещивания двух инбредных родительских линий, причем каждая содержит фрагмент интрогрессии в гомозиготной или гетерозиготной форме.

Культивированное растение огурца может быть любого типа. Предпочтительно оно

имеет хорошие агрономические характеристики и хорошие характеристики качества плодов. Культивируемое растение огурца является в одном варианте однородным, как генетически, так и фенотипически. В частности характеристики плода одинаковы, например, по форме, цвету кожи, толщине кожи, ребрам кожи, вязкости кожи, колючкам (цвет колючек, плотность колючек и т.д.), наличию/отсутствию бородавок, длине и диаметру на стадии зрелости, пригодной в пищу, цветкам, и т.д. Подобным образом, характеристики семян (т.е. характеристики семян, из которых растение выращивают) являются однородными, например, размер семени, цвет семени и т.д. Таким образом, растения линии или сорта, содержащие QTL в гомозиготной или гетерозиготной форме, дают однородные плоды, что означает небольшую вариацию между плодами растений, выращенных в тех же условиях окружающей среды и когда фрукты находятся на одной и той же стадии развития (например, для качественных характеристик по меньшей мере 98%, 99% или предпочтительно 100% всех растений или частей растений, плоды или семена идентичны по характеристикам; для количественных характеристик по меньшей мере 90%, 95%, 98% всех растений или частей растений, плоды или семена идентичны по характеристикам).

Культивируемое растение огурца, содержащее QTL2.1 и/или QTL6.1 (или варианты любого из них) согласно настоящему изобретению могут быть любого типа, например, оно может быть любого из следующих видов огурца: корнишоны (например, вид American pickling, European pickling), салатные огурцы (например American slicing), длинные огурцы, короткие огурцы. Европейские тепличные огурцы, огурцы типа Бейт-Альфа, огурцы вида oriental trellis. Азиатские огурцы (например, выбранные из видов индийский пестрый огурец, китайский длинный огурец, корейский огурец и японский огурец). В одном варианте культивируемый огурец согласно настоящему изобретению представляет собой инбредную линию или F1 гибрид корнишона, салатного огурца, длинного огурца, короткого огурца. Европейского тепличного огурца, огурца типа Бейт-Альфа, огурцов вида oriental trelliss, китайского длинного огурца, корейского огурца или японского огурца.

Растением может быть простой гибрид F1 или инбредная линия, содержащая один или оба QTL в гомозиготной или гетерозиготной форме. В одном варианте это F1 гибрид, полученный путем скрещивания (инбредного) родительского растения, содержащего QTL2.1 и/или QTL6.1 (или варианты любого из них) в гомозиготной форме, с (инбредным) родительским растением, не содержащим QTL2.1 и QTL6.1 (т.е. не содержащим фрагменты интрогрессии, содержащие указанные QTL). Таким образом, в одном варианте F1 гибрид является гетерозиготным для QTL2.1 и/или QTL6.1.

В другом варианте это F1 гибрид, полученный путем скрещивания (инбредного) родительского растения, содержащего QTL2.1 и/или QTL6.1 (или варианты любого из них) в гомозиготной форме, с (инбредным) родительским растением, которое также содержит QTL2.1 и/или QTL6.1 (или варианты любого из них) в гомозиготной форме. Таким образом, в одном варианте F1 гибрид является гомозиготным для QTL2.1 (и не содержит QTL6.1 или является гетерозиготным для QTL6.1), или гомозиготным для QTL6.1 (и не содержит QTL2.1 или является гетерозиготным для QTL2.1), или гомозиготным для обоих QTL2.1 и QTL6.1.

В одном варианте F1 гибрид представляет собой огурец типа корнишон, подходящий для разовой механической уборки урожая. В одном варианте корнишоном является растение, семена которого были депонированы под номером доступа NCIMB 42262, или его потомство, причем потомство сохраняет QTL2.1 и/или QTL6.1 (как обнаруживается присутствием одного или более маркеров, как описано в настоящей

заявке).

Культивированное растение огурца согласно настоящему изобретению может, таким образом, быть растением огурца, подходящим для одноразовой механической уборки урожая.

5 В другом варианте растение согласно настоящему изобретению не представляет собой растение огурца дикого типа или местный сорт.

В другом варианте растение согласно настоящему изобретению представляет собой культивированный огурец Евразийской группы огурцов, Восточноазиатской группы огурцов или группы огурцов Xishuangbanna. В другом варианте растение согласно
10 настоящему изобретению не является огурцом индийской группы огурцов.

В одном варианте выполнения настоящего изобретения культивированное растение огурца, содержащее QTL2.1 (или вариант) и/или QTL6.1 (или вариант) дает бессемянные плоды без опыления, т.е. является партенокарпическим.

В другом варианте выполнения настоящего изобретения культивированное растение
15 огурца, содержащее QTL2.1 (или вариант) и/или QTL6.1 (или вариант), является в основном женским или полностью женским.

В другом варианте выполнения настоящего изобретения культивированное растение огурца, содержащее QTL2.1 (или вариант) и/или QTL6.1 (или вариант) является однородным и генетически стабильным с точки зрения морфологических характеристик
20 плодов, которые дает указанное растение, например, с точки зрения формы плода, цвета плода, толщины кожи, бородавок и т.д.

Характеристики плода, такие как средняя длина плода, средний диаметр плода, толщина кожи, наличие / отсутствие бородавок, иглистость, вязкость кожи, цвет кожи, форма шейки плода, коничность плода, форма срединного кросс-сечения, наличие или
25 отсутствие семян (партенокарпия), и т.д. зависят от типа огурца, т.е. культивированного генетического фона (генофонд), в который QTL интрогрессируется/интрогрессируются. Таким образом, в зависимости от типа огурца настоящее изобретение охватывает различные формы, размеры и виды плодов. В одном варианте плоды являются бессемянными.

30 Двумя основными типами плодов огурца, которые сегодня коммерчески продаются в Соединенных Штатах, являются свежий (нарезаемый) тип и обрабатываемый (маринуемый) тип. Сорта и методы производства обычно адаптируются к конечному использованию. Салатные огурцы часто более длинные, крупные и имеют более темную и более толстую кожу, тогда как маринованные/обрабатываемые огурцы имеют более
35 короткие плоды, более тонкую кожу с внутренней мякотью, что делает их более пригодными для маринования. Бессемянные сорта обычно предпочтительны как для свежего рынка, так и для маринования, так как развивающиеся и крупные семена непривлекательны.

В одном варианте растение согласно настоящему изобретению относится к
40 маринованному типу (обрабатываемому типу) производит плоды со средней длиной плода на стадии съедобного плода, равной по меньшей мере 10 см, или по меньшей мере 11 см, или по меньшей мере 12 см, или по меньшей мере 13 см, и/или отношение длины плода к диаметру, равное по меньшей мере 2, по меньшей мере 2.5, по меньшей мере 3, или более.

45 В другом варианте растение согласно настоящему изобретению относится к свежему типу, например типу длинного огурца или нарезаемому типу, и производит плоды со средней длиной плода на стадии съедобного плода, которая длиннее, чем у маринованного типа, например по меньшей мере 15 см, 16 см, 17 см, 18 см, 19 см, 20

см, 25 см, 30 см, 32 см, 40 см или более.

В одном варианте растением является неопределенный огурец. В другом варианте огурец является определенным.

Также семена, из которых растение согласно настоящему изобретению может быть
5 выращено, обеспечивается согласно настоящему изобретению, как и плоды огурца, собранные с растения согласно настоящему изобретению. Они содержат QTL в их геноме и поэтому могут отличаться от других плодов присутствием одного или более из SNP маркеров, приведенных в настоящей заявке.

В одном варианте плоды не имеют горечи (выбранные из групп горьких и не горьких)
10 на стадии съедобного плода.

В другом варианте плод имеет тонкую кожу (выбранный из групп толстых и тонких) на стадии съедобного плода.

В другом варианте выполнения настоящего изобретения QTL интрогрессируются в вид огурца, называемый 'Compact', как описано в US 8710303 B2. Таким образом,
15 растения огурца согласно настоящему изобретению содержат ген compact, как описано в US 8710303 B2 в гомозиготной или гетерозиготной форме, например, как присутствует в сортах Hi-Jack и Hi-Lisa (оба Nunhems).

Другим вариантом выполнения настоящего изобретения является растительная клетка, ткань или часть растения растения или семени согласно настоящему
20 изобретению, содержащего по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или одну рекомбинантную хромосому 6, где указанная рекомбинантная хромосома 2 и/или 6 содержит фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или из дикого родственника огурца, и где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL, обеспечивающий увеличенный урожай плодов.

Также настоящим изобретением охватывается применение рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6, содержащей фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или из дикого родственника огурца (причем указанный фрагмент интрогрессии содержит аллель, обеспечивающий увеличенный урожай плодов) для разведения сортов
25 огурца, дающих увеличенный урожай плодов. В одном варианте указанные рекомбинантные хромосомы 2 и/или 6 представляют собой рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или происходят из указанной рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6 (например, представляет собой более маленький фрагмент фрагмента интрогрессии, обнаруженного в указанных семенах).
30

Подобным образом, настоящее изобретение охватывает применение хромосомы 2 и/или 6, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или в их потомстве, для получения культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии на указанной хромосоме 2 и/или 6, где указанный
35 фрагмент интрогрессии обеспечивает увеличенный урожай плодов, по сравнению с растением огурца в качестве генетического контроля, не содержащим фрагмент (фрагменты) интрогрессии.
40

Подобным образом, настоящее изобретение охватывает применение растений, выращенных из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или их потомства, для получения культивированного растения огурца, имеющего увеличенный
45 урожай плодов, где указанный увеличенный урожай плодов обеспечивается фрагментом интрогрессии, полученным из хромосомы 2 и/или 6 указанных растений, или их потомства.

Также обеспечивается способ идентификации культивированного растения *C. sativus*

var. sativus, содержащего фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или на хромосоме 6, где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой, как обнаружено в NCIMB 42262, или более маленький фрагмент, полученный из него, включающий:

- а) обеспечение популяции культивированных растений *C. sativus* var. *sativus*,
- 5 б) скрининг указанной популяции, применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, выбранный из группы, состоящей из:
 - i) SNP_01 - SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или
 - ii) SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6;
 - 10 с) идентификацию и/или отбор растения, содержащего:
 - iii) по меньшей мере один из SNP маркеров SNP_01 - SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или по меньшей мере один из SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или
 - iv) по меньшей мере 2, 3, или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_1 -
 - 15 SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2; и/или по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или
 - v) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_2, SNP_5, SNP_7, SNP_9 и SNP10, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме
 - 20 2; и/или по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_12, SNP_13, SNP_18 - SNP_26, SNP_28 и SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или
 - vi) по меньшей мере маркер SNP_06 и необязательно также маркер SNP_05 и/или SNP_07 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2; и/или по меньшей
 - 25 мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из SNP_13, SNP_18 и SNP_28, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6.

Кроме того, обеспечивается способ получения F1 гибридных растений *C. sativus*, содержащих фрагмент интрогрессии, обеспечивающий увеличенный урожай плодов, включающий:

- 30 а) обеспечение первого инбредного растения огурца, содержащего рекомбинантную хромосому 2 и/или рекомбинантную хромосому 6 в гомозиготной форме, имеющую фрагмент интрогрессии, содержащий аллель, обеспечивающий увеличенный урожай, где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой такой как в NCIMB 42262 или более маленький фрагмент,
- 35 б) обеспечение второго инбредного растения огурца,
- с) скрещивание указанного растения огурца согласно а) с указанным растением огурца согласно б),
- д) сбор F1 гибридных семян из указанного кросса.

В другом варианте обеспечивается способ получения потомства NCIMB 42262, причем

40 указанный способ включает:

- а) выращивание растения из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262;
- б) самоопыление указанного растения один или более раз или скрещивание указанного растения один или более раз с другим растением огурца с получением семян потомства;
- 45 с) скрининг указанных семян потомства или растений, выращенных из указанных семян, или частей семян или растений, применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, выбранный из группы, состоящей из:

- i) SNP_01 - SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или
- ii) SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6;
- d) идентификацию и/или отбор потомственного растения, содержащего:

iii) по меньшей мере 1 из SNP маркеров SNP_01 - SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или по меньшей мере 1 из SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

iv) по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_1 - SNP_11 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2; и/или по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

v) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_2, SNP_5, SNP_7, SNP_9 и SNP10 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2; и/или по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_12, SNP_13, SNP_18 - SNP_26, SNP_28 и SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

vi) по меньшей мере маркер SNP_06 и необязательно также маркер SNP_05 и/или SNP_07 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 2; и/или по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из SNP_13, SNP_18 и SNP_28, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6.

Потомственное растение, полученное вышеуказанным способом, также является объектом настоящего изобретения.

Также настоящее изобретение обеспечивает контейнеры и упаковки, содержащие или содержащие семена, из которых растения согласно настоящему изобретению могут быть выращены. Они могут быть помечены как содержащие семена культивированного огурца, обеспечивающие увеличенный или высокий урожай плодов.

Также обеспечиваются потомственные семена и потомственные растения растения согласно настоящему изобретению, которые сохраняют интрогрессию на хромосоме 2 и/или 6, или более маленькую интрогрессию, которая все еще обеспечивает увеличенный урожай. Потомством может быть любое поколение, полученное самоопылением растения огурца согласно настоящему воздействию и/или скрещиванием растения огурца согласно настоящему соединению с другим растением огурца один или более раз. Потомством являются, поэтому, либо поколение (семена), полученные из первого кросса (F1) или самоопыления (S1), либо любое другое поколение, полученное путем скрещивания и/или самоопыления (F2, F3, и т.д.) и/или обратного скрещивания (BC1, BC2, и т.д.) одного или более выбранных растений поколения F1 и/или S1 и/или BC1 (или растений любого другого поколения, например, F2) с другим растением огурца (и/или с диким родственником огурца). Потомство предпочтительно отбирают по сохранению рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6, содержащей фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или из дикого родственника огурца. Таким образом, потомство также имеет фенотип увеличенного урожая, предпочтительно такой же урожай, как растение, как растение, применяемое в первоначальном кроссе или самоопылении. Присутствие (или сохранение) фрагмента интрогрессии, содержащего QTL, может быть определено фенотипически и/или применяя анализ (анализы) молекулярного маркера, описанные в настоящей заявке. Что касается фенотипической оценки, то, разумеется, необходимо учитывать характер доминирования QTL.

Другим объектом настоящего изобретения являются части растения огурца согласно настоящему изобретению. Части включают, например, клетки и культуры клеток, культуры тканей, вегетативные ткани растения (листья, корни и т.д.), цветы, пыльцу,

зародыши, плоды, части плодов и т.д. Части растения содержат фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, как описано, и как можно обнаружить, применяя один или более описанных маркеров. Также, когда целые растения регенерируются из таких частей огурца, таких как клетки, клеточные или тканевые культуры, регенерированные растения содержат рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, и фенотип урожая.

Таким образом, также обеспечивается растительная клетка, ткань или часть растения растения или семени согласно изобретению, содержащие по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, где указанная рекомбинантная хромосома 2 и/или 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или растения огурца дикого типа огурца, и где указанный фрагмент интрогрессии содержит аллель, обеспечивающий увеличенный урожай плодов.

Также *in vitro* клеточные культуры и *in vitro* тканевые культуры охватываются настоящим изобретением, описанной клетки или ткани, содержащей рекомбинантную хромосому 2 и/или 6. Предпочтительно клетки или ткани могут быть регенерированы в целое растение огурца, т.е. клетки являются регенерируемыми клетками, и ткани содержат регенерируемые клетки. Таким образом, также вегетативные размножения растений согласно настоящему изобретению являются вариантом выполнения настоящего изобретения. Таким образом, обеспечивается вегетативно размножаемое культивированное растение огурца, которое содержит рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, как описано в настоящей заявке. В другом варианте настоящее изобретение охватывает неразмножающиеся клетки, содержащие QTL2.1 и/или QTL6.1, как и ткани, содержащие такие клетки.

Другим объектом настоящего изобретения является плод огурца, собранный с растения согласно настоящему изобретению. Плоды огурца для продажи, в частности для свежего рынка (нарезка), обычно сортируются в зависимости от размера и качества плодов после сбора урожая. Смотрите, например, the United States Standards for Grades of Cucumbers, US Department of Agriculture, Effective March 1, 1985 и переиздание January 1997. Различают различные марки огурцов. Таким образом, в одном варианте собранные плоды обозначают как класс U.S. Fancy, класс U.S. Extra No. 1, класс U.S. No. 1, малый класс U.S. No. 1, большой класс U.S. No. 1, класс U.S. No. 2. Также предусмотрены контейнеры или упаковки, содержащие или состоящие из собранных плодов огурца. Аналогичным образом, клетки плодов отличаются от других плодов огурца наличием рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6 (как определено в одном или более анализах молекулярного маркера).

В другом варианте огурец является огурцом типа огурца для маринования, и обеспечиваются собранные и необязательно маринованные плоды.

Настоящее изобретение также относится к пищевому продукту или кормовому продукту, содержащему или состоящему из частей растения, описанных в настоящей заявке, предпочтительно плод огурца или его часть и/или экстракт из части растения, описанного в настоящей заявке. Пищевой или кормовой продукт может быть свежим или обработанным, например, маринованным, консервированным, пропаренным, вареным, жареным, бланшированным и/или замороженным и т.д. Например, контейнеры, такие как банки, коробки, ящики, сумки, картонные коробки, упаковка с модифицированной атмосферой, пленки (например, биоразлагаемые пленки), и т.д., содержащие части растений, такие как плоды или части плодов (свежих и/или обработанные), описанных в настоящей заявке, также обеспечиваются настоящим изобретением.

Способы и применения согласно настоящему изобретению

В другом варианте выполнения настоящего изобретения, изобретение обеспечивает способ получения нового культивированного растения огурца, которое содержит фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6 (который обеспечивает увеличенный урожай) в гомозиготной или гетерозиготной форме, как описано. Способ содержит скрещивание растения согласно настоящему изобретению, или его потомственного растения, либо в качестве мужского, либо в качестве женского родителя со вторым растением огурца (или диким родственником огурца) один или более раз, и/или самоопыление растения огурца согласно настоящему изобретению, или его потомственного растения, один или более раз, и отбор потомства после указанного скрещивания и/или самоопыления.

Таким образом, обеспечивается способ переноса рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6, содержащей QTL урожая, из одного (культивированного) растения огурца в другое (культивированное) растение огурца, в частности в сорта огурца или линии скрещивания, для которых урожай плодов должен быть увеличен.

Способ содержит стадии:

а) обеспечение первого культивированного растения огурца, содержащего рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, имеющую фрагмент интрогрессии, содержащий аллель, обеспечивающий увеличенный урожай плодов, в гомозиготной форме,

б) обеспечение второго культивированного растения огурца, в частности растения, имеющего хромосому 2 и/или хромосому 6 дикого типа (нерекомбинантную),

с) скрещивание указанного растения огурца согласно а) с указанным растением огурца согласно б),

д) сбор F1 гибридных семян из указанного кросса и

е) необязательно самоопыление растения, выращенного из указанных F1 гибридных семян, с получением семян F2 или поколений дальнейшего самоопыления, и необязательно отбор F2 семени или семян поколения дальнейшего самоопыления, имеющих рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, и

ф) необязательно разведение далее с растениями, выращенными из указанных семян F1 или F2 или поколения дальнейшего самоопыления с получением растения огурца, имеющего хорошие агрономические характеристики и содержащего один или оба фрагмента интрогрессии в гомозиготной или гетерозиготной форме.

Присутствие или отсутствие рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6, и фрагмента интрогрессии, может быть определено одним или более из описанных в настоящей заявке анализов молекулярных маркерных и/или путем определения, значительно ли повышается урожай по сравнению с растением согласно б). Дальнейшее разведение на стадии ф) может содержать самоопыление, скрещивание, получение двойного гаплоида, обратное скрещивание и их комбинацию (например обратное скрещивание и самоопыление), и т.д. Растения и семена, получаемые вышеуказанным способом, охватываются настоящим изобретением. В одном варианте растением согласно стадии а) может быть растением, выращенным из семян, депонированных под NCIMB42262, или их потомства, или растением, содержащим фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, как присутствует в семенах, депонированных под NCIMB42262, или более короткий фрагмент этого фрагмента.

Также обеспечивается способ получения F1 гибридного растения культивированного огурца, содержащего QTL урожая на хромосоме 2 и/или 6, включающий:

а) обеспечение первого инбредного растения огурца, содержащего по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 6, содержащую фрагмент интрогрессии, содержащий QTL урожая,

выбранный из QTL2.1 или его варианта и QTL6.1 или его варианта,

b) обеспечение второго инбредного растения огурца, содержащего по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 6, содержащую фрагмент интрогрессии, содержащий QTL урожая,

5 выбранный из QTL2.1 или его варианта и QTL6.1 или его варианта,

c) скрещивание указанного растения огурца согласно а) с указанным растением огурца согласно b),

d) сбор F1 гибридных семян из указанного кросса.

Инбредное растение огурца согласно а) и b) может быть гомозиготным и/или
10 гетерозиготным в отношении фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, и они могут содержать фрагменты интрогрессии различных размеров и/или различного происхождения, т.е. из различных огурцов дикого типа или различных диких родственников огурца. Поэтому, например, фрагмент интрогрессии в а) может быть таким же или отличным от фрагмента интрогрессии в b). В одном варианте инбредное
15 растение огурца согласно а) содержит QTL2.1 или его вариант в гомозиготной форме, и/или инбредное растение огурца согласно b) содержит QTL2.1 или его вариант в гомозиготной форме. В одном варианте фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1, представляет собой фрагмент, как обнаружено в NCIMB42262, или его более маленький фрагмент. В другом варианте инбредное растение огурца согласно а) содержит QTL6.1
20 или его вариант в гомозиготной форме, и/или инбредное растение огурца согласно b) содержит QTL6.1 или его вариант в гомозиготной форме. В одном варианте фрагмент интрогрессии, содержащий QTL6.1, представляет собой фрагмент, как обнаружено в NCIMB42262 или его более маленький фрагмент. В другом варианте инбредное растение
25 огурца согласно а) содержит QTL2.1 или его вариант и QTL6.1 или его вариант в гомозиготной форме, и/или инбредное растение огурца согласно b) содержит QTL2.1 или его вариант и QTL6.1 или его вариант в гомозиготной форме. В одном варианте фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1 и QTL6.1, представляет собой фрагмент, как обнаружено в NCIMB42262, или его более маленький фрагмент.

F1 гибридные семена предпочтительно содержат по меньшей мере одну
30 рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, и поэтому F1 растения, выращенные из семян, действительно дают увеличенный урожай плодов по сравнению с генетическим контролем.

Растения и семена, получаемые вышеуказанным способом, охватываются настоящим изобретением.

35 Другим объектом настоящего изобретения является способ получения культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL урожая, причем указанный способ включает стадии:

a) обеспечение первого культивированного растения огурца,

40 b) обеспечение второго растения дикого родственника огурца или огурца дикого типа, где указанное растение содержит QTL2.1 (или его вариант) и/или QTL6.1 (или его вариант), как определено присутствием одного или более SNP маркеров, как описано в настоящей заявке,

c) скрещивание указанного растения огурца согласно а) с указанным растением
45 огурца согласно b),

d) сбор F1 семян из указанного кросса и обратное скрещивание F1 растения с растением огурца согласно а) с получением беккросс (BC1) популяции, или самоопыление указанных F1 растений один или более раз с получением F2 или F3 или более нового

поколения популяции самоопыления,

е) необязательно обратное скрещивание растения согласно d) один или более раз с растением огурца согласно а) с получением более нового поколения беккросс-популяции, и

- 5 ф) идентификацию F2, F3, или более нового поколения самоопыления, или BC1 или беккросс-растения более нового поколения, которые содержат интрогрессию на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL2.1 (или его вариант) и/или QTL6.1 (или его вариант).

10 Когда речь идет о беккросс-популяциях в способе, беккросс-популяции также быть самоопыленными, т.е. BC1S1, BC1S2, BC2S1, BC2S2 или другие.

На одной или более стадиях b) - f) присутствие QTL (или фрагмента интрогрессии, содержащего QTL) может быть протестировано (и растения могут быть выбраны) путем осуществления анализа молекулярного маркера, как описано в настоящей заявке, например путем определения содержит ли растение один или более SNP маркеров 15 (например один или более из SNP_01 - SNP_11 и/или один или более из SNP_12 - SNP_30; и/или любой маркер огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца между маркерами SNP_01 и SNP_11 или между SNP_12 и SNP_30).

Применяя этот способ можно получить и/или отобрать новые культивированные растения огурца, содержащие интрогрессию с QTL 2.1 (или вариант) и/или QTL 6.1 (или 20 вариант) из источника дикого типа, такого как дикий огурец или огурец дикого типа.

В одном варианте способ получения культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL урожая, включает стадии:

- а) обеспечение первого культивированного растения огурца, 25 б) обеспечение второго растения дикого родственника огурца или огурца дикого типа, содержащего один или более маркеров SNP согласно настоящему изобретению, с) скрещивание указанного растения согласно а) с указанным растением согласно б),

30 д) сбор F1 семян из указанного кросса и обратное скрещивание F1 растения с растением огурца согласно а) с получением беккросс (BC1) популяции, или самоопыление указанного F1 растения один или более раз с получением F2 или F3 популяции,

е) необязательно самоопыление беккросс-популяции с получением, например, BC1S1 или BC1S2 популяции,

35 ф) идентификацию F2, F3, BC1 BC1S1 или BC1S2 растения, которое содержит (один или более) SNP маркеров и/или любой маркер огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между SNP маркерами.

Также обеспечивается способ идентификации растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, содержащего QTL урожая на хромосоме 2 и/или 6, причем указанный способ включает:

40 а) обеспечение экземпляра дикого родственника огурца или огурца дикого типа или нескольких экземпляров;

б) скрининг указанного экземпляра (экземпляров), применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один (или по меньшей мере 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10 или более) SNP маркер, выбранный из группы, состоящей из: SNP_01 - 45 SNP_11 и/или SNP_12 - SNP_30;

с) идентификацию и/или селекцию экземпляра согласно б), содержащей по меньшей мере один или более следующих маркеров:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ

ID NO: 1; и/или

b) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2; и/или

c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3; и/или

d) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4; и/или

e) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5; и/или

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6; и/или

g) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7; и/или

h) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8; и/или

i) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9; и/или

j) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10; и/или

k) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11; и/или

l) любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_01 и SNP_11; и/или

d) идентификацию и/или селекцию экземпляра согласно b), содержащей по меньшей мере один или более следующих маркеров:

a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12; и/или

b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13; и/или

c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14; и/или

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15; и/или

e) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16; и/или

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17; и/или

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18; и/или

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19; и/или

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20; и/или

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21; и/или

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22; и/или

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ

ID NO: 23; и/или

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24; и/или

n) генотип АG или GГ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25; и/или

o) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26; и/или

p) генотип АG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27; и/или

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28; и/или

r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29; и/или

s) генотип GГ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30; и/или

t) любой специфичный для генома огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца маркер между маркерами SNP_12 и SNP_30;

и необязательно интрогрессинг указанного QTL из указанного дикого типа в культивированный огурец (например путем обратного скрещивания).

На стадии b), c) и d) также могут применяться другие тесты на основе молекулярных маркеров, описанные в настоящей заявке. С помощью этого теста можно, таким образом, провести скрининг огурца дикого типа или дикого родственника огурца на присутствие одного или более маркеров и, таким образом, присутствие QTL2.1 и/или QTL6.1 (или их вариантов) и интрогрессировать QTL в культивированные растения огурца. Растения и семена, полученные этим способом, также являются вариантом выполнения настоящего изобретения.

Еще одним объектом настоящего изобретения является способ идентификации культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL урожая, причем указанный способ включает: скрининг культивированного растения огурца или популяции культивированного растения огурца или частей таких растений огурца (например, плоды, клетки, ДНК) применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, указывающий на QTL2.1 и/или QTL6.1 как описано в настоящей заявке.

В этом способе могут применяться другие тесты на основе молекулярных маркеров, описанные в настоящей заявке. Таким образом, применяя этот способ можно обнаружить присутствие фрагмента интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, содержащего QTL2.1 и/или QTL6.1, в культивированном растении огурца или части растения.

Еще одним объектом настоящего изобретения является способ обнаружения содержит ли культивированное растение огурца фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL2.1 и/или QTL6.1, причем указанный способ включает:

a) обеспечение культивированного растения огурца или части растения,

b) скрининг указанного растения или указанной части растения (или ДНК, полученной из указанного растения или части растения), применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один (предпочтительно по меньшей мере 2, 3, 4, 5 или более) SNP маркеров, выбранных из группы, состоящей из:

i) SNP_01 - SNP_11 и/или любой маркер огурца дикого типа или специфичный для

генома дикого родственника огурца между маркерами SNP_01 и SNP_11; и/или

ii) SNP_12 - SNP_30 и/или любой маркер огурца дикого типа или специфичный для генома дикого родственника огурца между маркерами SNP_12 и SNP_30.

Скрининг молекулярных маркеров очевидно включает получение материала растения и анализ геномной ДНК материала на генотип маркера.

В этом способе могут также применяться другие тесты на основе молекулярных маркеров, описанные в настоящей заявке.

Настоящее изобретение также охватывает способ получения культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL2.1 и/или QTL6.1, соответственно, включающий:

а) обеспечение первого культивированного растения огурца, не содержащего фрагмент интрогрессии, включающий QTL2.1 и QTL6.1,

б) обеспечение второго культивированного растения огурца, выбранного из растения, выращенного из семян, депонированных под номером доступа NCIMB42262, или их потомства;

с) скрещивание указанного растения согласно а) с указанным растением согласно б),

д) сбор F1 семян из указанного кросса и необязательно самоопыление указанного F1 растения один или более раз с получением F2 или F3 или другой популяции самоопыления,

е) необязательно обратное скрещивание F1 растения или F2 или F3 или другого самоопыленного растения с растением согласно а) с получением беккросс-популяции,

ф) необязательно самоопыление беккросс популяции один или более раз,

г) идентификацию F1, F2, F3, дальнейшее самоопыление или беккросс растения, которое содержит один или более или все генотипы SNP маркера, указывающие на фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или указывающие на фрагмент интрогрессии на хромосоме 6.

Другим объектом настоящего изобретения является способ получения F1 гибридного растения, включающий:

а) обеспечение первого инбредного растения огурца, содержащего по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, имеющую фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1 и/или QTL6.1, где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой фрагмент, как обнаружено в NCIMB42262, или более короткий фрагмент этого фрагмента интрогрессии,

б) обеспечение второго инбредного растения огурца с или без рекомбинантной хромосомой 2 и/или 6,

с) скрещивание указанного растения согласно а) с указанным растением согласно б),

д) сбор F1 гибридных семян из указанного кросса.

Другим объектом настоящего изобретения является способ получения потомства NCIMB42262, сохранившего QTL2.1 и/или QTL6.1, причем указанный способ включает:

а) выращивание растения из семян, депонированных под номером доступа NCIMB42262;

б) самоопыление указанного растения один или более раз или скрещивание указанного растения один или более раз с другим культивированным растением огурца с получением семян потомства;

с) скрининг указанных семян потомства или растений, выращенных из указанных

семян, или частей семян или растений, применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, раскрытый в настоящей заявке;

d) идентификацию и/или отбор потомственного растения, содержащего по меньшей мере один, два, три или более маркеров SNP, указывающих фрагмент интрогрессии, содержащий QTL2.1 и/или QTL6.1 (как описано в настоящей заявке); и

e) необязательно подтверждение увеличенного урожая плодов указанного потомственного растения.

В одном варианте урожай согласно e) является предпочтительно по меньшей мере таким же урожаем, как для растений, выращенных из NCIMB42262, при выращивании при тех же условиях.

Также можно применять способы и маркеры, описанные в настоящей заявке, для уменьшения размера фрагмента интрогрессии, содержащего QTL, т.е. чтобы получить и отобрать рекомбинанты, имеющие более маленький фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 и/или 6, но который сохраняет часть, увеличивающую урожай, фрагмента интрогрессии.

В одном варианте настоящее изобретение охватывает применение рекомбинантной хромосомы 2 и/или 6, содержащей фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, причем указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL урожая, для разведения сортов огурца, имеющих увеличенный урожай плодов.

Также обеспечивается применение хромосомы 2 и/или 6, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB42262, или их потомства для получения культивированного растения огурца, содержащего фрагмент интрогрессии указанной хромосомы 2 и/или 6.

Также обеспечивается применение растений, выращенных из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или их потомства, для получения культивированного растения огурца, имеющего увеличенный урожай плодов, где указанный увеличенный урожай плодов обеспечивается фрагментом интрогрессии, полученным из хромосомы 2 и/или 6 указанных растений или потомства.

ДНК и хромосомы согласно настоящему изобретению

В одном варианте модифицированная (рекомбинантная) хромосома 2 и/или 6 культивированного огурца обеспечивается согласно настоящему изобретению, которая содержит фрагмент интрогрессии дикого родственника огурца или огурца дикого типа, как описано в описании настоящего изобретения. В одном варианте рекомбинантную хромосому выделяют из ее природной окружающей среды. В другом варианте она находится в растительной клетке, в частности в клетке огурца, в частности в клетке культивированного огурца. Также согласно настоящему изобретению обеспечивается выделенная часть рекомбинантной хромосомы, содержащей QTL.

В другом варианте обеспечивается рекомбинантная молекула нуклеиновой кислоты, в частности рекомбинантная молекула ДНК, которая содержит аллель урожая согласно настоящему изобретению. В одном варианте аллель урожая обнаруживается посредством одного или более анализов молекулярных маркеров, описанных в настоящей заявке. Также обеспечивается вектор ДНК, содержащий рекомбинантную ДНК. Рекомбинантной молекулой ДНК или вектором ДНК может быть выделенная молекула нуклеиновой кислоты. ДНК, содержащая аллель урожая, может быть в микроорганизмах, таких как бактерии (например *Agrobacterium*).

Применение такой (выделенной или экстрагированной) молекулы нуклеиновой кислоты и/или такой рекомбинантной хромосомы или ее части для получения

растительной клетки и растения, содержащего аллель урожая, охватывается настоящим изобретением. В одном варианте это может применяться для получения трансгенной растительной клетки и трансгенного растения, например клетки огурца, растений огурца и частей (например, плоды), содержащих аллель урожая, и растения, имеющего фенотип

увеличенного урожая плодов.

Таким образом, трансгенные растительные клетки, например трансгенные клетки огурца, содержащие в их геноме рекомбинантную хромосому 2 и/или 6, как описано, и/или рекомбинантную молекулу нуклеиновой кислоты, содержащую аллель урожая, также являются вариантом выполнения настоящего изобретения. В одном варианте

молекула ДНК, содержащая аллель урожая стабильно интегрируется в геном огурца.

Аллель урожая может также быть клонирована, и химерный ген может быть получен, например, функционально связывая растительный экспрессируемый промотор с аллелем урожая. Такой химерный ген может быть введен в растительную клетку, и растительная клетка может быть регенерирована в целое растение с получением трансгенного

растения. В одном варианте трансгенным растением является растение огурца или растение дыни.

Таким образом, трансгенное растения, в частности трансгенный культивируемый огурец или растение дыни, содержащие аллель урожая и дающие увеличенный урожай плодов, обеспечиваются согласно настоящему изобретению.

В частности клетки или клеточные культуры, содержащие рекомбинантную хромосому 2 и/или 6 согласно настоящему изобретению, являются вариантом выполнения настоящего изобретения, независимо от того вводится ли рекомбинантная хромосома 2 и/или 6 с помощью трансгенных способов или с помощью способов разведения. Клетки являются, например, *in vitro* и являются регенерируемыми в растения,

содержащие рекомбинантную хромосому 2 и/или 6 согласно настоящему изобретению.

Также последовательности молекулярных маркеров (и выделенные молекулы нуклеиновых кислот, содержащие указанную последовательность), раскрытые в настоящей заявке, и молекулярные маркеры между любыми из упомянутых молекулярных маркеров, раскрытые в настоящей заявке, связанные с QTL2.1 урожая

и/или QTL 6.1 урожая, и их применение для обнаружения и/или получения растений

огурца, содержащих QTL, охватываются настоящим изобретением.

Депонирования семян

Представительный образец семян гибрида *Cucumis sativus* var. *sativus* маринуемого вида, обозначенный CUXYLD, содержащий QTL2.1 и QTL6.1 в гетерозиготной форме, и генетический контроль, не содержащий два QTL, обозначенный CUXGC, были

депонированы Nunhems B.V. 2 июля 2014 в NCIMB Ltd. (Ferguson Building, Craibstone Estate, Bucksburn Aberdeen, Scotland AB21 9YA, UK) в соответствии с Будапештским договором в рамках Экспертного решения (EPC 2000, Rule 32(1)). Семенам присвоили следующие номера депонирования NCIMB 42262 (CUXYLD) и NCIMB 42261 (CUXGC).

Заявитель просит, чтобы образцы биологического материала и любого материала, полученного из него, были предоставлены только назначенному эксперту в соответствии с Правилom 32 (1) ЕРС или в соответствии с соответствующим законодательством стран или договорами, имеющими аналогичные правила и положения, до упоминания о выдаче патента или в течение 20 лет с даты подачи заявки, если заявка будет

отклонена, отозвана или признана отозванной.

Доступ к депозиту будет доступен в течение срока действия этой заявки лицам, определенным Директором Патентного ведомства США, имеющим на это право при запросе. С учетом 37 C.F.R. § 1.808 (b), все ограничения, налагаемые владельцем депозита

на широкую доступность материала, будут безвозвратно сняты после выдачи патента. Депозит будет храниться в течение 30 лет, или 5 лет после последнего запроса, или в течение срока действия патента, в зависимости от того, что больше, и будет заменен, если он станет нежизнеспособным в течение этого периода. Заявитель не отказывается от любых прав, предоставляемых в соответствии с настоящим патентом по этой заявке или в соответствии с Законом о защите сортов (7 USC 2321 et seq.).

Следующие неограничивающие примеры описывают, как можно получать растения согласно настоящему изобретению, содержащие QTL2.1 и/или QTL6.1. Если иного не указано в Примерах, все методики молекулярной ДНК осуществляются согласно стандартным протоколам, как описано в Sambrook et al. (1989) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, and Sambrook and Russell (2001) *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*, Third Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press, NY; и в Volumes 1 and 2 of Ausubel et al. (1994) *Current Protocols in Molecular Biology*, Current Protocols, USA. Стандартные материалы и способы для молекулярной работы с растением описываются в *Plant Molecular Biology Labfax* (1993) by R.D.D. Croy, совместно опубликованным BIOS Scientific Publications Ltd (UK) и Blackwell Scientific Publications, UK. Стандартные методы разведения описываются в 'Principles of Plant breeding'. Second Edition, Robert W. Allard (ISBN 0-471-02309-4).

Примеры

Пример 1 - Идентификация OTL урожая

Разработка популяции

Растение огурца дикого типа, полученное из США, было скрещено с линией скрещивания огурца для маринования, являющейся собственностью, NM01125. NM01125 представляет собой элитную линию для огурца для маринования для одноразовой механической уборки урожая.

Популяцию QTL-обнаружения разработали из кросса между NM01125 и диким типом. В ходе разработки популяции только женские цветущие растения сохранили, чтобы облегчить измерения урожая.

SNP маркеры применялись в ходе нескольких генераций, чтобы оптимизировать перекрытие генома и гомозиготность. BC2S2 популяцию применяли для составления генетической карты.

245 BC2S2 растения самоопылялись для получения BC2S3. BC2S2 растения также были скрещены с элитной линией из программы разведения для создания тестовых гибридов. В испытаниях на урожай применяли 245 тестовых гибридов.

Эксперименты на урожай

Целью эксперимента на урожай было измерение урожайности для однолетних корншонов. 245 тестовых гибридов высевались вручную в торфяных горшках. Три семени засевались на горшок, и на каждый тестовый гибрид высевали 80 горшков. Посев торфяных горшков был сделан в теплице. Торфяные горшки выдерживали в течение 48 часов при температуре по меньшей мере 24°C. Через 4 дня после посева торфяные горшки были высажены в поле. Примерно через 3 недели после посадки два лучших растущих растения поддерживались на торфяной горшок. Конечная плотность растений составляла 10 растений/м². С каждого участка собирали плоды от 110 до 120 растений. Было зарегистрировано точное количество растений на участок. Урожай был измерен двумя различными способами. Общее количество плодов на участок было подсчитано и разделено на количество растений этого участка. Это дает урожай, выраженный в среднем количестве плодов на растение (FrPP). Второе измерение состояло в том, чтобы получить массу плода на участок и разделить ее на количеству растений,

чтобы получить средний урожай в граммах на растение (GrPP). Измеряли только плоды диаметром более 1,5 см.

В 2010 году в Нидерландах было проведено два полевых испытания. Два других полевых испытания были проведены в Brooks, Oregon (США). Во всех 4 испытаниях 245 тестовых гибридов были высажены в полностью рандомизированной системе.

Момент сбора урожая был выбран таким образом, чтобы максимально увеличить общее количество плодов с диаметром от 1,5 см до 5,0 см. При сборе урожая все плоды собирались со всех растений на участок, но учитывались и взвешивались только плоды диаметром более 1,5 см. Данные по урожайности для четырех испытаний были использованы для анализа QTL.

Два QTL были определены. Один QTL на хромосоме 2, называемый QTL2.1, и один QTL на хромосоме 6, называемый QTL6.1.

Таблица 1 показывает эффективность тестовых гибридов с интрогрессией, содержащей QTL 2.1, по сравнению с тестовыми гибридами, не содержащими интрогрессию на хромосоме 2. Во всех измерениях урожайность возрастала у растений, содержащих интрогрессию QTL2.1.

Таблица 2 показывает эффективность тестовых гибридов с интрогрессией, содержащей QTL 6.1, по сравнению с тестовыми гибридами, не содержащими эту интрогрессию. Во всех измерениях урожайность возрастала у растений, содержащих интрогрессию QTL6.1.

Таблица 1

Урожай плодов тестовых гибридов, содержащих интрогрессию на хромосоме 2 (QTL2.1), по сравнению с тестовыми гибридами, не содержащими интрогрессию на хромосоме 2. Данные по урожайности основаны на 2 испытаниях в Нидерландах (NL) и 2 испытаниях в США (USA). Урожай выражается в среднем значении граммов на растение (GrPP) и в среднем значении плодов на растение (FrPP) (как описано выше).

	GrPP (NL)	GrPP (USA)
Тест на гибриды без интрогрессии QTL2.1	179	378
Тест на гибриды с интрогрессией QTL2.1	223	402
Увеличение урожая для растений с интрогрессией QTL2.1	124%	106%
	FrPP (NL)	FrPP (USA)
Тест на гибриды без интрогрессии QTL2.1	3.0	3.5
Тест на гибриды с интрогрессией QTL2.1	3.3	3.6
Увеличение урожая для растений с интрогрессией QTL2.1	113%	103%

Таблица 2

Урожай тестовых гибридов, содержащих интрогрессию на хромосоме 6 (QTL6.1), по сравнению с тестовыми гибридами, не содержащими интрогрессию на хромосоме 6. Данные по урожаю основаны на 2 испытаниях в Нидерландах (NL) и 2 испытаниях в США (USA). Урожай выражается в среднем значении граммов на растение (GrPP) и в среднем значении плодов на растение (FrPP) (как описано выше).

	GrPP (NL)	GrPP (USA)
Тест на гибриды без интрогрессии QTL6.1	176	377
Тест на гибриды с интрогрессией QTL6.1	230	402
Увеличение урожая для растений с интрогрессией QTL6.1	131%	107%
	FrPP (NL)	FrPP (USA)
Тест на гибриды без интрогрессии QTL6.1	2.9	3.5
Тест на гибриды с интрогрессией QTL6.1	3.3	3.6
Увеличение урожая для растений с интрогрессией QTL6.1	110%	103%

Пример 2

По результатам испытаний на обнаружение QTL, одну конкретную линию BC2S3 отбирали и кроссировали с являющейся собственностью элитной линией (VDS826), для получения нового тестового кросса, гибрид CUXYLD. Семена CUXYLD депонировали под номером NCIMB42262. CUXYLD имеет интрогрессию из дикого донора на хромосоме 2 (содержащей QTL2.1) и на хромосоме 6 (содержащей QTL6.1), в гетерозиготной форме.

Был получен прямой кросс между рекуррентным родителем HM01125 и элитной линией VDS826. Этот кросс был назван CUXGC, и семена CUXGC депонировали под номером NCIMB 42261. CUXGC не имеет интрогрессий дикого донора и применяется в качестве сравнения (генетический контроль) для CUXYLD.

Испытания на урожай с CUXYLD и CUXGC проводили в 2012 и в 2013 годах в США. В обоих годах 3 испытания проводились с тремя разными датами посева. Урожай измеряли в общем для 6 испытаний (2 года * 3 испытания).

Результаты испытаний в 2012 и 2013 суммировали в Таблице 3 и Таблице 4, соответственно. В обоих годах тестовый кросс с интрогрессиями на хромосоме 2 и хромосоме 6 давал значительно более высокий урожай, чем генетический контроль, не содержащий интрогрессий QTL2.1 и QTL6.1.

Таблица 3

Измерения урожая в 2012 для 3 испытаний и 2 повторений на испытание генетического контроля CUXGC и CUXYLD. Урожай выражается в среднем значении плодов на растение (FrPP).

	FrPP Испытание 1	FrPP Испытание 2	FrPP Испытание 3	Среднее по испытаниям	Увеличение урожая для интрогрессий QTL2.1 и QTL6.1 (%) CUXGC)
CUXGC	2.5	4.8	4.0	3.75	
CUXYLD (QTL2.1 + QTL6.1)	3.5	5.1	5.0	4.53	121%

Таблица 4

Измерения урожая в 2013 для 3 испытаний и 2 повторений на испытание генетического контроля CUXGC и CUXYLD. Урожай выражается в среднем значении плодов на растение (FrPP).

	FrPP Испытание 1	FrPP Испытание 2	FrPP Испытание 3	Среднее по испытаниям	Увеличение урожая для интрогрессий QTL2.1 и QTL6.1 (%) CUXGC)
CUXGC	2.3	2.4	2.8	2.5	
CUXYLD (QTL2.1 + QTL6.1)	2.45	2.85	3.15	2.8	113%

Пример 3

Маркеры однонуклеотидного полиморфизма (SNP) были идентифицированы, охватывая фрагменты интрогрессии дикого типа, и их положение на физической карте *C. sativus* было определено.

Таблица 5 – SNP маркеры для QTL2.1 фрагмента интрогрессии

SNP маркер	Физическое положение SNP (номер основания)	Генотип фрагмента интрогрессии (гомозиготный)	Генотип рекуррентного родителя, не содержащего интрогрессию (HMO1125)	Генотип гибрида (гетерозиготный для QTL2.1)	Геномная последовательность, содержащая SNP
SNP_01	433,086	GG	AA	AG	SEQ ID NO: 1 AAATTTATTAAAGTCT TTTTTCTCTCTCGATC ATATATTATTTATATA TTTGTTATCTTTTAAC CCTTTGAAC[A/G]ATA TAGTTCTTAATTAAAA GTATAGGAGTTGCAA CAAAAGATGGAACAG CCATACCATATCCAAA ACCAATCCAC
SNP_02	581,359	GG	AA	AG	SEQ ID NO: 2 TAAAAGGTTTAAATGT GATCATAAAGAATTCC ATCTATCTATATTTCA TTTATTAATGTTGTCA ACAGTAATAA[A/G]AA GCATTAACTCTATGT AAAAAGATGAAACAA ACAAAAAGTAACTCA TAACTTCAATAGATTT CTTACCATCTM
SNP_03	1,060,773	GG	AA	AG	SEQ ID NO: 3 CAAAAAAAAAACAAAA ATCAAAAAAAAAAGGAAA TTACATAAAACCTAAA GCCCTAAACCTAATT CGCTAAAAAAGA[A/G] ACCTAATTTTACGGAA AAGAAAAGAACTAAC

					CTAGAGATGACGTGG CATYAGATTTTCTCTG GGTCCCATTTTAA
SNP_04	1,905,434	GG	TT	GT	SEQ ID NO: 4 TATTGTTTTGTGGAC GTATGATTATCTTAAA AATTACTTCTAATATA TATTTGGTGAAGCAAG TTTTTCTAAG[G/T]TTA AAATAAACCAATACCT CCAAACAACCTTAGAA AAATGACTTTTATTGA TGTAATSAAAAAATA AAATGATCTC
SNP_05	2,003,490	CC	AA	AC	SEQ ID NO: 5 TCATASAATGATGATA ACTTTGTGAGCAATGT AACACAAAGTTAGGT TTAAACTTACTTTTTT CATCTAAATT[A/C]TG TCATTTGGTCATATGG ATACGTTTGTTTAAAA ACAATAATAATAAG TAGRTTAGTGTTAAKG CTATATAGAT
SNP_06	2,089,529	TT	CC	CT	SEQ ID NO: 6 KCAAATGTTTTCTCTT CTAATTTTTTTTAAACA TAATAAAAGATAGAG TACAAATAGAAATAG TAAATCGAAAAA[C/T] AAAAACTAAATATTA CGAATTTTGATAAAAC TGAAGGAACAACGAA ATAGAAAAAGCAAGG ATGTTGCTGCAAAT
SNP_07	2,181,271	GG	AA	AG	SEQ ID NO: 7 CATGTCAATCTCAAAG TCTATTCACAAAAAAT ACACCATTGAGGGA AGAGGGATAATTACA AGGAAAAGAAAA[A/G]

					JCAGTGACTAAGTGAA AACAAATACAAGATT TCATTTTCCACTTATG ACTTCAATTTCAAAGA TCTTTCGRTCTAT
SNP_08	2,377,687	TT	CC	CT	SEQ ID NO: 8 RCATCAACMAAAAAA AAMMAAAAAGGATCC ATCTTGTTCAACACGA TTGCCACTTTTCCCTT GGTCCATTTGG[C/T]T GGAGAGAAAACAATCA AATATTCAGCAACAA AGCCTGAACATAGAC TGAATTATGGGAAGA CATTAAATCTCTCA
SNP_09	2,575,216	CC	TT	CT	SEQ ID NO: 9 TGGTGCTTCCTTTTCC TCACTTTTTTTTAAAT TATGAAATCTCTTAAC AGAGTATTCAAGGAA AAGAAGTGTG[C/T]TA TAAAATAAACTCTCT AAGACTAAAGATATC TATTTGATAACTACTT TTTTCTTTTGTTCATAG ACATAGCTA
SNP_10	2,712,864	GG	TT	GT	SEQ ID NO: 10 CTGTAAAAATATATAC CTAGTTCCTAGATTCC AACCAGACAAGTTAG CAGCAGTAGTTAAAG CTTCCCTCCAA[G/T] TTGGGTCTTTGTTTGG AACTTAGGCTGATGTT TGGCCAGTGCTTCTCC GAAGCTACCAGTTTGT TTTCGTATATC
SNP_11	2,958,658	AA	GG	AG	SEQ ID NO: 11 TCGGGATAAKTTTGAT TTTGAAAATCCATTG TTAGAAATTAGAAAG
					GGTGCATCTCAATTTA CACAAAGCTTA[A/G]A CATTCTAGTTGGGATG TTCTTTTGTCAACCG GAAAGGAGAAAAACA TCTAACAAAAATCGA AYGATTACATTC

Таблица 6 – SNP маркеры для QTL6.1 фрагмента интрогрессии

SNP маркер	Физическое положение SNP (номер основания)	Генотип фрагмента интрогрессии (гомозиготный)	Генотип рекуррентного родителя, не содержащего интрогрессии (НМО1125)	Генотип гибрида (гетерозиготный для QTL6.1)	Геномная последовательность, содержащая SNP
SNP_12	26,833,907	AA	GG	AG	SEQ ID NO: 12 AATGCAGTATGA ACCAGMGGGAGA TGAGCTTTCCTGA TAATGATCTTTTG TTTTGATTCCAAT GGACCAAAAAA[A /G]CATATGGAGA ATGAAAACTAAA CAAACCAAATAA GAAGGCATCTAG ACTAGTGTTTGCC ATGTACTCATAGA CAA
SNP_13	26,898,765	AA	GG	AG	SEQ ID NO:13 AACATAATTATAC CTTTTAATCGCTA CCACCTGTTACCA ACAATTATAAGCT TGATGTAGGGTTG

					GAATAATGT[A/G] ATCAAATTCAAA CATAATAGTACAT AAAAACAAAAC ATTTTATTTATTT GTTTGTTATTYAR GTCAAGATCTT
SNP_14	26,996,095	GG	AA	AG	SEQ ID NO:14 ATCWTGCACTAA AGCAAATTAAGA CTGTTTTTGCAAA GTTAAACAAGCTT GAGAACTTCTTG TAGAGTCCCTG[A/ G]GTAAAGATTTG AGCTGTGAGTTAC GGAATTAAGCCA GACAGACAACCC ATTGTCAACACCA TTTTGGTTTAATC T
SNP_15	27,028,370	TT	CC	CT	SEQ ID NO:15 TCTTCTCTAACCA ATGTTAGASWTTG TTTGTGTCTAACA TATGTATCATGTA CACAGCGGCTGG CTTGCGAAAC[C/T]GGTCTCCTGAAA ACAAAGCAGTCA TTGTAAGTGAAGT TGAGAAGATAGT TTGGCCAGCCATT GCAGCAGGCRA G
SNP_16	27,357,947	AA	GG	AG	SEQ ID NO:16 AATTAAACCCATA ATTTGATAAAGA AATAAAATTTAA AGAAGAAAGAGT GTGACGTGGCTTT CCCAAATCGAAT[

					A/G]ATGGGATTCC ATCTGGAAGCTTC CACAGTGTTCTGG ATCTCTGTTGTTC TTCCAGACTCATC CTTCTGAACCCCT
SNP_17	27,388,149	TT	CC	CT	SEQ ID NO:17 AATGGAATTATG GTTGGAYTTTTGT TAATAGGTATGA AAACAAATTTTAA TGTTTCCATTAAA AGGGACGTCCT[C/ T]CTATAATATAT GCAAATTAATTAA GGGTATTAAGGG TGAGAAAAAATT ATATATTAATTGT TGGACATTTGTAT T
SNP_18	27,498,689	CC	TT	CT	SEQ ID NO:18 ATAATAGAAGAG GAGGGCATGAGT GGAAGAAACAAG TTCATCTGCTGAA GAAGTTTTGATAT TGAGTTCATAAT[C/T]CTGAAGAGA TTGCAGATTCATG GTGTAAAATGCTA ACGAGATTTAAGT CTTATTAGGAGAT TGTAAGAGAAAA AC
SNP_19	27,581,485	AA	CC	AC	SEQ ID NO:19 RTATGTATAGGAT TGCAGGATGAYT CTTTATAGGAGTA ATAGTGGGAGGA TCAACACTAATTT TATTGTTTCAC[A/ C]ACCTCTGCTTTT

					AGAAGGAAAGCA ATTCATAGATTTA AATAATCTCCCAG TCGGAAAATTTCAT CATTTTGAATGG
SNP_20	27,607,305	AA	CC	AC	SEQ ID NO:20 AGGTGAACTTGTG ACATAGATAAAA AGAATTATTATTT TAGGGTTTAGAA AGACACAACTTTA CTGCTACTATA[A/ C]GTGTGAGTTCC ATAAATGAGAGA CAACATTAGAGG ACACCAACCCAA TTTAAACCTAAAT TAAAAGGGTTAG AGC
SNP_21	27,750,242	GG	AA	AG	SEQ ID NO:21 TTCCTCAACGATT TGTAGCCTTTGTG ACGGTTGGGAGT GCTGATACGGGC CAACTTGGAAAA GATCTTGAGAAG[A/G]CGGCGGTGG CAGGTGTAGAGA GAGCGGTTAATG GTGGCAACGACA GCGGAGGGGGCA TTCTTGATTGGAG ACTTG
SNP_22	27,840,804	CC	TT	CT	SEQ ID NO:22 TTTGGCAAACTC AGAGAATCAAGA AGGATTTGGGCA GCTTTTGTGGTA TCGGAGGAGCAG AAGCTTGATTGG[C/T]CAGACATGTT CTACATAACCACT

					CTCCCTCTTAATC TAAGGAAGCCTC ATCTTTTCAAAG GCTTCCACCAAAA C
SNP_23	27,994,675	AA	GG	AG	SEQ ID NO:23 GAAAATAKAATT TTCTTCCCAAAGA CTCAAATCCACC CATCTCCAGCCGT CATCTCTCACGAA TTTCGCACGG[A/G]CCCTACAAAATA CAATTCTTCTCCA ACATTATACCGCC ACTCTCTTTTTT ATTCTTTATTAT TTCAATATATA
SNP_24	28,032,027	CC	TT	CT	SEQ ID NO:24 TGTAATAATTAAT GGCAAAAACTT ATGAAACAAAAC AAGTTATTATAAT ATTTAATGAAGAT TTTTCTTCTTT[C/T]GCTTTATTATAAT ATTTGGAGATGTT GAAGACAAAATG CATAAAATTCTAA ATATTGGATGGA AACGTTGGAGCA
SNP_25	28,291,605	GG	AA	AG	SEQ ID NO:25 AATGAGAGCTAT CATAATTATTGCA ATAATATTGTTCT TTTTATTTGGGGC TCTTTTAATTTTT TTATGTATT[A/G] GTATTTAAGTAAA ATCATTGAGTTA AATCACTAACAA AGAATTGAGAAA

					TTCAATAATGACC AAAGGGAACCTGA
SNP_26	28,422,518	CC	TT	CT	SEQ ID NO:26 CCTCTGTTTCAGC TTCCACAACCTTGT ATGATCTTGCACC CTTCAAGCTCTTC GATACCAGGTGT GTGTTTTTTC[C/T] ACTATAACCTAAA CCCTCGCAATGTT TCAAGAAAGGGT ATGTGTGTTTTG TGATTTTATTCAG ATTGAACTCTC
SNP_27	28,486,699	AA	GG	AG	SEQ ID NO:27 GGGATTCATCATY ATGTAMGAAGAG TATCAACTTGTAG GGATATTTCTTTA TAACCCAGATCA ATTTCAAGTTTT[A/ G]ATAGACGTGAT CACACGTGAGTAT AGCATGCTCTATT TATGCATAATGCT AAGCGAGTGGTTT TATCTMYGAGGA
SNP_28	28,545,858	CC	TT	CT	SEQ ID NO:28 ACACAATTTATCT CTTCTTCAYCACT GGGGGACCCGGC AACACTTCTCTTT CTTGTCGTCTTCA CGTTCTTTAA[C/T] TAATTTCACTTCT GCCCTGCTTCAAT AGTAAGTGTTTTG TCTGTTTTTCTGC TGTTTTCATTTTTT CCTTTTTTTG
SNP_29	28,579,652	CC	TT	CT	SEQ ID NO:29

5

10

15

20

					CATAAATTATAAG CATCCAATTACAT AAAATAAAGTCC CTACCAACTTTGT TATGTGGTCAAAA CAGTCATCTT[C/T J]TATGTATATATA ACTCATTAATATA TATAAGTTTATAT TCCTAAATTGGAT TTGTGTGGATATT ATAAAAAGTTYA
SNP_30	28,799,844	TT	GG	GT	SEQ ID NO:30 GATTTGATTTTCT TGGTGCTTGTGA TCTGTTCTGCTAA TTAAGCATATTTT TATGAAATTTATA CCGTCTGAA[G/T] TTAAATTTTAATG TGGATGAGTTACT AATATTATTGGAA GCTTGCAGATGTT GTGAGGGATGAT CCTACGAACAA

Перечень последовательностей

<110> Nunhems B.V.

<120> QTL УРОЖАЯ В РАСТЕНИЯХ ОГУРЦА

<130> BCS14-8018

25

<150> EP14189200.0

<151> 2014-10-16

<160> 30

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1

30

<211> 150

<212> ДНК

<213> Cucumis sativus

<400> 1

35

aaatttatta aagtcttttt ttctctctcg atcatatatt atttatatat ttgttatctt 60

ttaacccttt gaacgatata gttcttaatt aaaagtatag gagttgcaac aaaagatgga 120

acagccatac catatccaaa accaatccac 150

<210> 2

<211> 150

<212> ДНК

40

<213> Cucumis sativus

<400> 2

taaaagggtt aaatgtgatc ataaagaatt ccatctatct atatttcatt tattaatggt 60

gtcaacagta ataagaagca tttaactcta tgtaaaaaga tgaaacaaac aaaaagtaac 120

tcataacttc aatagatttc ttaccatctm 150

45

<210> 3

<211> 150

<212> ДНК

<213> Cucumis sativus

<400> 3
caaaaaaaaa caaaaatcaa aaaaaggaaa ttacataaaa cctaaagccc taaaccctaa 60
ttcgctaaaa aagagaccta attttacgga aaagaaaaga actaacctag agatgacgtg 120
gcatyagatt ttctctgggt cccatttttaa 150

5 <210> 4
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 4

10 tattgttttt gtggacgtat gattatctta aaaattactt ctaatatata tttggtgaag 60
caagttttttc taagggttaa ataaacaata cctccaaaca acttagaaaa atgactttta 120
ttgatgtaat saaaaaaata aaatgatctc 150
<210> 5
<211> 150

15 <212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 5

tcatasaatg atgataactt tgtgagcaat gtaacacaaa gttaggttta aacttacttt 60
ttttcatcta aattctgtca tttggtcata tggatacgtt tgtttaaaaa caataataat 120
20 aaagtagrnt agtggttaakg ctatatagat 150
<210> 6
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus

25 <400> 6

kcaaatgttt tctcttctaa ttttttttaa cataataaaa gatagagtac aaatagaaat 60
agtaaatcga aaaataaaaa ctaaataatta cgaattttga taaaactgaa ggaacaacga 120
aatagaaaaa gcaaggatgt tgctgcaaat 150
<210> 7

30 <211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 7

catgtcaatc tcaaagtcta ttcacaaaaa atacaccatt tgagggaaga gggataatta 60
35 caaggaaaag aaaagcagtg actaagtga aacaaatata agatttcatt ttccacttat 120
gacttcaatt tcaaagatct ttcgrtctat 150
<210> 8
<211> 150
<212> ДНК

40 <213> Cucumis sativus
<400> 8

rcatcaacma aaaaaamma aaaaggatcc atcttgttca acacgattgc cacttttccc 60
tttggttccat ttggttggag agaaacaatc aaatattcag caacaaagcc tgaacataga 120
ctgaattatg ggaagacatt aaatctctca 150

45 <210> 9
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus

<400> 9
 tgggtgcttcc ttttcctcac ttttttttta aattatgaaa tctcttaaca gagtattcaa 60
 ggaaaagaag tgtgctataa aataaaaactc tctaagacta aagatatcta tttgataact 120
 acttttttct ttttgtcata gacatagcta 150
 5 <210> 10
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 10
 10 ctgtaaaaaat atatacctag ttcctagatt ccaaccagac aagtttagcag cagtagttaa 60
 agcttccctc caaagttggg tctttgtttg gaacttaggc tgatgtttg ccagtgcttc 120
 tccgaagcta ccagtttggt ttcgtatatc 150
 <210> 11
 <211> 150
 15 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 11
 tcgggataak tttgattttg aaaatccatt tgttagaaat tagaaagggt gcatctcaat 60
 ttacacaaag cttaaacatt ctagttggga tgttcttttt gtcaaccgga aaggagaaaa 120
 20 acatctaaca aaaatcgaay gattacattc 150
 <210> 12
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 25 <400> 12
 aatgcagtat gaaccagmgg gagatgagct ttcctgataa tgatcttttg ttttgattcc 60
 aatggaccaa aaaaacatat ggagaatgaa aactaaacaa accaaataag aaggcatcta 120
 gactagtgtt tgccatgtac tcatagacaa 150
 <210> 13
 30 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 13
 aacataatta taccttttaa tcgctaccac ctgttaccaa caattataag cttgatgtag 60
 35 gggttgaata atgtaatcaa attccaaaca taatagtaca taaaaacaaa actattttat 120
 ttatttgttt gttattyarg tcaagatctt 150
 <210> 14
 <211> 150
 <212> ДНК
 40 <213> Cucumis sativus
 <400> 14
 atcwtgcact aaagcaaatt aagactgttt ttgcaaagtt aaacaagctt gagaaacttc 60
 ttgtagagtc cctgggtaaa gatgtgagct gtgagttacg gaattaagcc agacagacaa 120
 cccattgtca acaccatttt ggtttaatct 150
 45 <210> 15
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus

<400> 15
tcttctctaa ccaatgttag aswttgtttg tgtctaacat atgtatcatg tacacagcgg 60
ctggcttgcg aaactgggtct cctgaaaaca aagcagtcac tgtaagtga gttgagaaga 120
tagtttggcc agccattgca gcaggcragg 150

5 <210> 16
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 16

10 aattaaaccc ataatttgat aaagaaataa aattaaaaga agaaagagtg tgacgtggct 60
ttcccaaadc gaataatggg attccatctg gaagcttcca cagtgttctg gatctctgtt 120
gttcttccag actcatcctt ctgaaccctt 150
<210> 17
<211> 150

15 <212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 17
aatggaatta tggttggayt tttgttaata ggtatgaaaa caaatTTTTa tgtttccatt 60
aaaagggacg tccttctata atatatgcaa attaatgaag ggtattaagg gtgagaaaaa 120
20 attatatatt aattgttgga catttgtatt 150
<210> 18
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus

25 <400> 18
ataatagaag aggagggcat gagggtgaaga aacaagttca tctgctgaag aagttttgat 60
attgagttca taatcctgaa gagattgcag attcatgggtg taaaatgcta acgagattta 120
agtcttatta ggagattgta aaagaaaaac 150
<210> 19

30 <211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus
<400> 19
rtatgtatag gattgcagga tgaYtcttta taggagtaat agtgggagga tcaacactaa 60
35 ttttattggt tcacaacctc tgctttttaga aggaaagcaa ttcatagatt taaataatct 120
cccagtcgga aaattcatca ttttgaatgg 150
<210> 20
<211> 150
<212> ДНК

40 <213> Cucumis sativus
<400> 20
aggtgaactt gtgacataga taaaaagaat tattatttta gggtttagaa agacacaact 60
ttactgttac tataagtgtg agttccataa atgagagaca acattagagg acaccaaccc 120
aatttaaacc taaattaaaa gggtttagagc 150

45 <210> 21
<211> 150
<212> ДНК
<213> Cucumis sativus

<400> 21
 ttcttcaacg atttgtagcc tttgtgacgg ttgggagtg tgatacgggc caacttgga 60
 aagatcttga gaaggcggcg gtggcagggtg tagagagagc ggtaaatggt ggcaacgaca 120
 gcggagggggg cattcttgat tggagacttg 150
 5 <210> 22
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 22
 10 tttggcaaaa ctacagagaat caagaaggat ttgggcagct ttttgtggta tcggaggagc 60
 agaagcttga ttggccagac atgttctaca taaccactct ccctcttaat ctaaggaagc 120
 ctcatctttt tcaaaggctt ccacaaaaac 150
 <210> 23
 <211> 150
 15 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 23
 gaaaatakaa ttttcttccc aaagactcaa aatccaccca tctccagccg tcatctctca 60
 cgaatttcgc acggacccta caaaaatacaa ttcttctcca acattatacc gccactctct 120
 20 ttttttattt ctttattatt tcaatatata 150
 <210> 24
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 25 <400> 24
 tgtaaaattht aatggcaaaa aacttatgaa acaaaaacaag ttattataat atttaatgaa 60
 gatttttctt ctttcgcttt attataatat ttggagatgt tgaagacaaa atgcataaaa 120
 ttctaaatat tggatggaaa cgttggagca 150
 <210> 25
 30 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus
 <400> 25
 aatgagagct atcataatta ttgcaataat attgttcttt ttatttgggg ctcttttaat 60
 35 tttttttatg tattggtatt taagtaaaat catttgagtt aaatcactaa caaagaattg 120
 agaaattcaa taatgaccaa aggggaactga 150
 <210> 26
 <211> 150
 <212> ДНК
 40 <213> Cucumis sativus
 <400> 26
 cctctgtttc agcttccaca acttgatga tcttgcaccc ttcaagctct tcgataccag 60
 gtgtgtgttt tttccactat aacctaaacc ctcgcaatgt ttcaagaaag ggtatgtgtg 120
 tttttgtgat tttattcaga ttgaactctc 150
 45 <210> 27
 <211> 150
 <212> ДНК
 <213> Cucumis sativus

<400> 27

gggattcatc atyatgtamg aagagtatca acttgtaggg atatttcttt ataaccaga 60
tcaatttcag ttttaataga cgtgatacaca cgtgagtata gcatgctcta tttatgcata 120
atgctaagcg agtgggtttta tctmygagga 150

5 <210> 28

<211> 150

<212> ДНК

<213> Cucumis sativus

<400> 28

10 acacaattta tctcttcttc aycactgggg gacccggcaa cacttctctt tcttgctgctc 60
ttcacgttct ttaactaatt tcacttctgc cctgcttcaa tagtaagtgt tttgctctgtt 120
tttctgctgt tttcattttt tccttttttg 150

<210> 29

<211> 150

15 <212> ДНК

<213> Cucumis sativus

<400> 29

cataaattat aagcatccaa ttacataaaa taaagtccct accaactttg ttatgtggctc 60
aaaacagtca tcttctatgt atatataact cattaatata tataagttta tattcctaaa 120
20 ttggatttgt gtggatatta taaaagttya 150

<210> 30

<211> 150

<212> ДНК

<213> Cucumis sativus

25 <400> 30

gatttgattt tcttggtgct tgttgatctg ttctgctaatt taagcatatt tttatgaaat 60
ttataccgtc tgaatttaaa ttttaatgtg gatgagttac taatattatt ggaagcttgc 120
agatgttgtg agggatgatc ctacgaacaa 150

30 (57) Формула изобретения

1. Культивированное растение *Cucumis sativus* var. *sativus*, включающее рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, обладающее увеличенным урожаем плодов по сравнению с растением, не содержащим фрагмент интрогрессии, где указанный фрагмент интрогрессии приводит в указанном растении к увеличению урожая плодов огурца по сравнению с растением в качестве генетического контроля, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии, и причем указанный фрагмент интрогрессии представляет собой фрагмент, как обнаруживается на хромосоме 6 в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или более маленький фрагмент, и являющийся обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в

SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

2. Растение по п. 1, где указанное увеличение урожая плодов огурца фенотипически выражается как значительно более высокое среднее количество плодов на растение (FrPP) растения, содержащего фрагмент интрогрессии, по сравнению с растением, не содержащим фрагмент интрогрессии, при выращивании в той же среде, и/или значительно более высокая средняя масса плода на растение (GrPP) растения, содержащего фрагмент интрогрессии, по сравнению с растением, не содержащим фрагмент интрогрессии, при выращивании в той же среде.

3. Растение по п. 1, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в

SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

4. Растение по п. 1, дополнительно включающее рекомбинантную хромосому 2, причем указанная рекомбинантная хромосома 2 содержит фрагмент интрогрессии, содержащий всю часть области, начинающейся в точке 433,086 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 2,958,658 пар оснований хромосомы 2, где указанный фрагмент интрогрессии обеспечивает увеличение урожая плодов огурца и обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 1, предпочтительно по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

б) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ

ID NO: 3;

d) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

e) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

g) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

h) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

i) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

j) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

k) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11.

5. Растение по п. 1, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из группы, состоящей из:

a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

e) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в

SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29; и

10 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

6. Растение по п. 4, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 2 обнаруживается посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из группы, состоящей

15 из:
а) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_01 в SEQ ID NO: 1;

 b) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ ID NO: 2;

20 c) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_03 в SEQ ID NO: 3;

 d) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_04 в SEQ ID NO: 4;

 e) генотип АС или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

 f) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ ID NO: 6;

 g) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ ID NO: 7;

30 h) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_08 в SEQ ID NO: 8;

 i) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ ID NO: 9;

 j) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ ID NO: 10;

35 k) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_11 в SEQ ID NO: 11.

7. Растение по п. 1, где обнаруживаются по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

40 - генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

 - генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

 - генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

45 - генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

 - генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ

ID NO: 20;

- генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ

ID NO: 21;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ

5 ID NO: 22;

- генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ

ID NO: 23;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ

ID NO: 24;

10 - генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ

ID NO: 25;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ

ID NO: 26;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

15 ID NO: 28;

- генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ

ID NO: 30.

8. Растение по п. 1, где обнаруживаются по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

20 - генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ

ID NO: 13;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ

ID NO: 18;

- генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

25 ID NO: 28.

9. Растение по п. 4, где обнаруживаются по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_02 в SEQ

ID NO: 2;

30 б) генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ ID NO: 5;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ

ID NO: 7;

д) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_09 в SEQ

35 ID NO: 9; и

е) генотип GT или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_10 в SEQ

ID NO: 10.

10. Растение по п. 4, где обнаруживается по меньшей мере следующий маркер:

- генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_06 в SEQ

40 ID NO: 6.

11. Растение по п. 10, где дополнительно по меньшей мере один из следующих маркеров обнаруживается:

- генотип AC или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_05 в SEQ

ID NO: 5;

45 - генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_07 в SEQ

ID NO: 7.

12. Растение по п. 1, где растение относится к одному из следующих видов огурца: корнишоны, салатные огурцы, длинные огурцы, короткие огурцы, Европейские

тепличные огурцы, огурцы типа Бейт-Альфа, огурцы типа oriental trellis, Азиатские огурцы.

13. Растение по п. 1, где растение является подходящим для одноразовой механической уборки урожая.

14. Растение по п. 1, где растение не является растением огурца дикого типа или местным сортом или где растением является культивированный огурец евразийской группы огурцов, восточноазиатской группы огурцов или группы огурцов Xishuangbanna.

15. Растение по п. 1, где растение дает бессемянные плоды без опыления.

16. Растение по п. 1, где растение является преимущественно или полностью женским.

17. Растение по п. 1, где растение равномерно в отношении морфологических характеристик плодов, которые дает указанное растение.

18. Растение по п. 1, где растение дает плоды, которые на стадии зрелости, пригодной для потребления в пищу, имеют среднюю длину плода, равную по меньшей мере 10 см, и/или отношение длины к диаметру плода, равное 2 или более.

19. Растение по п. 1, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 равен или менее 10 Мб по размеру, предпочтительно равен или менее 8 Мб по размеру, более предпочтительно равен или менее 3 Мб по размеру.

20. Растение по п. 19, где указанный фрагмент интрогрессии составляет по меньшей мере 0,5 Мб или по меньшей мере 1 Мб по размеру.

21. Растение по любому из пп. 1-20, где растением является индетерминантный огурец.

22. Семя, пригодное для выращивания растения, из которого может быть выращено растение по любому из пп. 1-21, включающее рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

й) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

л) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

5 м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

10 о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

15 г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

с) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

23. Семя по п. 22, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

25 б) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

д) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

30 е) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

ф) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

35 г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

40 j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

45 л) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в

SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

10 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

24. Плод огурца, пригодный для получения пищевого продукта или кормового продукта, собранный с растения по любому из пп. 1-21, включающий рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент
15 интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей
20 из:

 a) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

 b) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

25 c) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

 d) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

 e) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в
30 SEQ ID NO: 16;

 f) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

 g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

35 h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

 i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

 j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ
40 ID NO: 21;

 k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

 l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

45 m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

 n) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

10 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

25. Плод огурца по п. 24, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

15 a) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

 b) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

 c) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

20 d) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

 e) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

25 f) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

 g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

 h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

30 i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

 j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

35 k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

 l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

 m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

40 n) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

 o) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

45 р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ

ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

26. Плод по п. 24, где плод не имеет горького вкуса на стадии съедобного плода.

5 27. Плод по любому из пп. 24-26, где плод имеет тонкую кожу на стадии съедобного плода.

28. Растительная клетка растения по любому из пп. 1-21 или семени по п. 22 или 23, содержащая по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 6, пригодная для обеспечения увеличенного урожая плодов у растения, полученного из нее, по сравнению с растением, не содержащим указанную рекомбинантную хромосому 6, где указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и где
10
указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL, обеспечивающий увеличенный урожай плодов по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, и где указанный фрагмент интрогрессии является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

20 a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

25 c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

e) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

30 f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

35 h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

40 k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

45 m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

o) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в

SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

10 29. Растительная клетка по п. 28, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

 a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

15 b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

 c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

 d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

20 e) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

 f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

25 g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

 h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

 i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

30 j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

 k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

35 l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

 m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

 n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

40 o) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

 р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

45 q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

30. Ткань растения по любому из пп. 1-21 или семени по п. 22 или 23, содержащая по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 6, пригодная для обеспечения
 5 увеличенного урожая плодов у растения, полученного из нее, по сравнению с растением, не содержащим указанную рекомбинантную хромосому 6, где указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар
 10 оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL, обеспечивающий увеличенный урожай плодов по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, и где указанный фрагмент интрогрессии является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает
 15 по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

20 c) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

25 e) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

30 h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

35 j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

40 m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

45 o) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

p) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ

ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

с) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

31. Ткань растения по п. 30, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

д) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

ф) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

ж) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

с) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

32. Часть растения по любому из пп. 1-21 или семени по п. 22 или 23, содержащая по меньшей мере одну рекомбинантную хромосому 6, пригодная для

обеспечения увеличенного урожая плодов у растения, полученного из нее, по сравнению с растением, не содержащим указанную рекомбинантную хромосому 6, где указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и где указанный фрагмент интрогрессии содержит QTL, обеспечивающий увеличенный урожай плодов по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, и где указанный фрагмент интрогрессии является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

к) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

л) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

м) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

н) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

о) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

п) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

с) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

т) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

у) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ

ID NO: 30.

33. Часть растения растения по п. 32, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

й) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

л) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

п) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

р) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

с) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

т) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

34. Применение рекомбинантной хромосомы 6, содержащей фрагмент интрогрессии из растения огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, причем указанный фрагмент интрогрессии содержит аллель,

обеспечивающий увеличенный урожай плодов по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, для разведения сортов огурца, имеющих увеличенный урожай плодов, где указанная рекомбинантная хромосома 6 представляет собой рекомбинантную хромосому 6, как обнаружено в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или происходит из указанной рекомбинантной хромосомы 6, и где указанный фрагмент интрогрессии является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

й) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

л) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

п) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

р) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

с) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

т) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

35. Применение по п. 34, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который

обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

г) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

д) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

е) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

ж) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

з) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

и) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

й) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

л) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

п) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

р) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

с) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

т) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

36. Применение хромосомы 6, как обнаруживается в семенах, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или в их потомстве, для получения культивированного растения огурца, содержащей фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, где указанный фрагмент интрогрессии обеспечивает увеличенный урожай плодов по сравнению с растением огурца, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии, и причем указанный фрагмент интрогрессии является обнаруживаемым посредством анализа

молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

5 б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

10 д) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

ф) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

15 г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

20 i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

25 l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

30 n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

35 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

40 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

37. Применение по п. 36, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

45 а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ

ID NO: 14;

d) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

e) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

o) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

p) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

38. Применение растений, выращенных из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262, или их потомства, для получения культивированного растения огурца, имеющего увеличенный урожай плодов, где указанный увеличенный урожай плодов обеспечивается фрагментом интрогрессии, полученным из хромосомы 6 указанных растений или потомства, и указанная урожайность плодов повышена по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, причем указанный фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

a) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в

SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

r) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

39. Применение по п. 38, где указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6 является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из:

a) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

b) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

d) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

f) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

5 h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

10 j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

15 m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

n) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

20 o) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

p) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

25 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

40. Способ идентификации культивированного растения *C. sativus* var. *sativus*, включающего рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, содержащий всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и обладающего увеличенной урожайностью плодов по сравнению с растением, не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, где указанный фрагмент интрогрессии представляет собой, как обнаружено в NCIMB 42262, или более маленький фрагмент, полученный из него, причем указанный способ включает:

a) обеспечение популяции культивированных растений *C. sativus* var. *sativus*,

40 b) скрининг указанной популяции, применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, выбранный из группы, состоящей из SNP_12 - SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6;

c) идентификацию и/или отбор растения, содержащего:

i) по меньшей мере 1 из SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

45 ii) по меньшей мере 2, 3 или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_12 - SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

iii) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_12, SNP_13, SNP_18 - SNP_26, SNP_28 и SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии

на хромосоме 6; или

iv) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из SNP_13, SNP_18 и SNP_28, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6,

причем указанные молекулярные маркеры представляют собой:

- 5 а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;
- б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;
- 10 в) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;
- д) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;
- е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;
- 15 ф) генотип CT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;
- г) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;
- h) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;
- 20 i) генотип AC или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;
- j) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;
- 25 k) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;
- l) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;
- m) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;
- 30 n) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;
- о) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;
- 35 p) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;
- q) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;
- г) генотип CT или CC для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;
- 40 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

41. Способ получения потомства NCIMB 42262, включающего рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника огурца, содержащий всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, причем указанное потомство обладает повышенной урожайностью плодов по сравнению с растением,

не содержащим указанный фрагмент интрогрессии на хромосоме 6, причем указанный способ включает:

а) выращивание растения из семян, депонированных под номером доступа NCIMB 42262;

б) самоопыление указанного растения один или более раз или скрещивание указанного растения один или более раз с другим растением огурца с получением семян потомства;

с) скрининг указанных семян потомства или растений, выращенных из указанных семян или частей семян или растений, применяя анализ молекулярного маркера, который обнаруживает по меньшей мере один SNP маркер, выбранный из группы, состоящей из SNP_12 - SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6,

д) идентификацию и/или отбор потомственного растения, содержащего:

i) по меньшей мере 1 из SNP маркеров SNP_12 - SNP_30 для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

ii) по меньшей мере 2, 3, или 4 последовательных маркера, выбранных из SNP_12 - SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

iii) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из группы, состоящей из SNP_12, SNP_13, SNP_18 - SNP_26, SNP_28 и SNP_30, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6; или

iv) по меньшей мере 1, 2 или 3 маркера, выбранных из SNP_13, SNP_18 и SNP_28, для обнаружения фрагмента интрогрессии на хромосоме 6,

причем указанные молекулярные маркеры представляют собой:

а) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

б) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

с) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

д) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

е) генотип AG или AA для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в SEQ ID NO: 16;

ф) генотип СТ или ТТ для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

г) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

ж) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ ID NO: 21;

к) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

l) генотип AG или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

м) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

н) генотип AG или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в

SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

10 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_30 в SEQ ID NO: 30.

42. Потомственное растение, полученное способом по п. 41, включающее рекомбинантную хромосому 6, причем указанная рекомбинантная хромосома 6 содержит фрагмент интрогрессии из огурца дикого типа или дикого родственника
15 огурца, обладающее увеличенным урожаем плодов по сравнению с растением, не содержащим фрагмент интрогрессии, где указанный фрагмент интрогрессии содержит всю часть области, начинающейся в точке 26,833,907 нуклеотидных пар оснований и заканчивающейся в точке 28,799,844 пар оснований хромосомы 6, и является обнаруживаемым посредством анализа молекулярного маркера, который обнаруживает
20 по меньшей мере один маркер, выбранный из группы, состоящей из:

 a) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_12 в SEQ ID NO: 12;

 b) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_13 в SEQ ID NO: 13;

25 c) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_14 в SEQ ID NO: 14;

 d) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_15 в SEQ ID NO: 15;

 e) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_16 в
30 SEQ ID NO: 16;

 f) генотип СТ или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_17 в SEQ ID NO: 17;

 g) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_18 в SEQ ID NO: 18;

35 h) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_19 в SEQ ID NO: 19;

 i) генотип АС или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_20 в SEQ ID NO: 20;

 j) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_21 в SEQ
40 ID NO: 21;

 k) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_22 в SEQ ID NO: 22;

 l) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_23 в SEQ ID NO: 23;

45 m) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_24 в SEQ ID NO: 24;

 n) генотип АГ или GG для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_25 в SEQ ID NO: 25;

о) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_26 в SEQ ID NO: 26;

р) генотип АГ или АА для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_27 в SEQ ID NO: 27;

5 q) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_28 в SEQ ID NO: 28;

 r) генотип СТ или СС для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP_29 в SEQ ID NO: 29;

 s) генотип GT или TT для маркера однонуклеотидного полиморфизма SNP 30 в SEQ
10 ID NO: 30.

15

20

25

30

35

40

45