



УКРАЇНА

(19) **UA** (11) **128012** (13) **C2**
(51) МПК

A01H 5/08 (2018.01)
A01H 5/10 (2018.01)
A01H 1/06 (2006.01)
A01H 6/34 (2018.01)
C12N 15/82 (2006.01)
C12N 15/29 (2006.01)
C07K 14/415 (2006.01)

НАЦІОНАЛЬНИЙ ОРГАН
ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ ВЛАСНОСТІ
ДЕРЖАВНА ОРГАНІЗАЦІЯ
"УКРАЇНСЬКИЙ НАЦІОНАЛЬНИЙ
ОФІС ІНТЕЛЕКТУАЛЬНОЇ
ВЛАСНОСТІ ТА ІННОВАЦІЙ"

(12) ОПИС ДО ПАТЕНТУ НА ВІНАХІД

(21) Номер заявки:	а 2019 04565	(72) Винахідник(и):	Сірізотті Альберто (IT), Беренсен Річард Бернард (NL), Врізен Хендрік Віллем (NL)
(22) Дата подання заявки:	29.09.2017	(73) Володілець (володільці):	НУНЕМС Б.В., Napoleonsweg 152, 6083 AB Nunhem, The Netherlands (NL)
(24) Дата, з якої є чинними права інтелектуальної власності:	14.03.2024	(74) Представник:	Шамріна Олена Олексіївна, реєстр. №141
(31) Номер попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції:	16191903.0	(56) Перелік документів, взятих до уваги експертизою:	Database UniProt Accession No. A0A0A0L0V3, 07.01.2015 [Інтернет-публікація], URL: https://rest.uniprot.org/uniprotkb/A0A0A0L0V3.txt , (знайдено 01.01.2018) Moussa H.R. et. al, Parthenocarp of watermelon cultivars induced by γ-irradiationl. Russian journal of plant physiology. moscow. ru. 01.07.2010. Vol. 57. No. 4 - P. 574-581 URL: http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0029453 (дата звернення 14.04.2023) Sugiyama Keita et. al. New method of producing diploid seedless watermelon fruit JARQ. Japan agricultural research quarterly. Tokyo. JP. 01.07.2002. Vol. 36. No. 3. P. 177-182 URL: https://doi.org/10.6090/jarq.36.177 (дата звернення 14.04.2023) EP 2959771 A1, 30.12.2015 Database Cucurbit Genomics Accession No. Cla012091, 06.12.2017 [Інтернет-публікація], URL: cucurbitgenomics.org/feature/gene/Cla012091 , (знайдено 01.01.2018) WO 2016/120438 A1, 04.08.2016
(32) Дата подання попередньої заявки відповідно до Паризької конвенції:	30.09.2016		
(33) Код держави- учасниці Паризької конвенції, до якої подано попередню заявку:	EP		
(41) Публікація відомостей про заявку:	27.08.2019, Бюл.№ 16		
(46) Публікація відомостей про державну реєстрацію:	13.03.2024, Бюл.№ 11		
(86) Номер та дата подання міжнародної заявки, поданої відповідно до Договору РСТ	PCT/EP2017/074809, 29.09.2017		

(54) ПАРТЕНОКАРПІЧНА КАВУНОВА РОСЛИНА**(57) Реферат:****UA 128012 C2**

Винахід стосується партенокарпічної кавунової рослини, яка продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток, завдяки наявності мутантного алеля рецесивного гена, названого як WOP1 (щодо WithOutPara 1).

ГАЛУЗЬ ВИНАХОДУ

Представлений винахід є спрямованим на необов'язкові партенокарпічні кавунові рослини, які продукують безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток, завдяки наявності мутантного алеля рецесивного гена, названого як WOP1 (щодо WithOutPara 1). Представлений винахід також включає способи отримання зазначених рослин та застосування мутантного алеля, названого як wor1, для виробництва безкісточкових кавунових плодів. Винахід, крім того, стосується інших необов'язково партенокарпічних рослин, таких як огірок та диня.

ПЕРЕДУМОВИ СТВОРЕННЯ ВИНАХОДУ

Більшість комерційних безкісточкових плодів були розроблені з рослин, плоди яких, зазвичай, містять численну кількість відносно великого твердого насіння, розподіленого по всій плоті плода. Безкісточкові плоди є, наприклад, відомими для кавуна, помідора, огірка, баклажана, винограду, банана, цитрусових фруктів, таких як апельсин, лимон та лайм. Оскільки споживання безкісточкових плодів в цілому є легшим та зручнішим, вони вважаються цінними.

Розвиток плодів зазвичай починається тоді, коли одна або кілька яйцеклітин в овулярному відсіку квітки запліднюються ядрами сперми з пилку.

Безкісточкові плоди можуть представляти собою результат двох різних явищ. В деяких випадках плоди розвиваються без запліднення яйцеклітини пилком, це явище відоме як партенокарпія. В інших випадках безкісточкові плоди зустрічаються після запилення, коли ріст насінини (ембріона та/або ендосперму) гальмується, або насінина гине рано, в той же час решта плоду продовжує рости (стеноспермокарпія). На відміну від партенокарпії, стеноспермокарпія потребує запилення для ініціювання росту плодів.

Безкісточкові апельсинові плоди представляють собою приклад партенокарпії. Деякі сорти апельсинів (наприклад, Navel) не продукують життєздатного пилку. Вони, однак, можуть бути перехресно-запилені пилком із інших сортів. У випадку, якщо в саду вирощується тільки чоловічий стерильний сорт, не буде відбуватися жодного запилення та будуть продукуватися партенокарпічні безкісточкові плоди. Розмноження відповідних апельсинових дерев загальноприйнято здійснюється з використанням живців з подальшим щепленням до іншого кореневого пагону.

Безкісточкові банани є триплоїдними. Не зважаючи на те, що запилення в деяких випадках може бути нормальним переважна більшість плодів є безкісточковими. Це пояснюється нерівномірним набором хромосом (3x), який призводить до неправильного розподілу хромосом під час мейозу та, як наслідок, до продукування нежиттєздатного пилку. Без запліднення, триплоїдні банани також є здатними формувати зав'язок та розвивати безкісточкові плоди. Навіть коли відбувається запилення, щонайбільше один із трьохсот плодів містить декілька насінин. Це може відбуватися через те, що триплоїдний пилкок є нежиттєздатним, відповідно до пояснених причин. Таким чином, бананові рослини взагалі, як може вважатися, є партенокарпічними. Бананові рослини загальноприйнято розповсюджуються нестатевим шляхом з бічних пагонів або паростків при основі головного стебла, які можуть бути видаленими та пересадженими для того, щоб продовжити сорт. Сільгоспвиробники також розмножують банани з використанням тканинної культури, зокрема, для отримання матеріалу, вільного від хвороб.

Безкісточковий огірок, безкісточковий гарбуз та безкісточкових баклажан представляють собою приклади сільськогосподарських культурних рослин, які можуть продукувати безкісточкові плоди без запилення (партенокарпія), наприклад, в умовах, коли запилення порушується (наприклад, низькі температури). Тим не менш, в даних умовах можуть бути вироблені плоди комерційної якості. Всі дані сільськогосподарські культурні рослини, однак, можуть продукувати плоди, які несуть в собі насіння, при запиленні. Таким чином, дані сільськогосподарські культурні рослини є необов'язкові партенокарпічними. Розмноження сільськогосподарських культурних рослин може бути здійснено шляхом самозапилення або перехресного запилення, *in vitro* розмноження, та щеплення.

З мутантів помідорів також є відомим те, що вони можуть продукувати безкісточкові плоди в умовах, коли нормальне запилення/запліднення порушується (наприклад, в умовах низької температури). Таким чином, дані мутанти є також необов'язково партенокарпічними. Мутанти, відомі для демонстрування даного фенотипу представляють собою pat, pat-2 та pat-3/pat-4 систему. Гени, які лежать в основі даних мутацій, є невідомими, та система pat-3/pat-4, як здається, залежить від множинних локусів.

Партенокарпія також була введена в декілька видів рослин з використанням генетичної модифікації. Експресія бактеріальної триптофанової монооксигенази (iaaM), яка забезпечує синтез ауксину під контролем специфічного промотору яєчок та плаценти DefH9, індукувала партенокарпію у огірків (Yin et al., 2006, Clular & molecular Biotech. Letters 11, 279-290),

баклажана (Acciarri et al., 2002, BMC Biotech. 2(4)), помідора (Rotino et al., 2005, BMC Biotech. 5(32)) та тютюну.

Дані трансгенні рослини демонструють важливість рослинних гормонів у розвитку насінини та плода. Такий розвиток насінини та плода, якщо не приймати до уваги інші чинники, знаходиться багато в чому під контролем декількох рослинних гормонів, які є добре відомими в даній галузі. Партенокарпія, включаючи логічний наслідок безкісточковості плоду, також може бути індукованою, наприклад, шляхом екзогенного застосування рослинних гормонів, зокрема ауксину або гібереліну (Ruan et al., Trends in Plant Sci. 17(11), 1360-1385).

Безкісточкові кавуни, на даний час отримані селекціонерами представляють собою приклади стеноспермокарпних сільськогосподарських культурних рослин. Нормальні кавунові рослини є диплоїдними (2n). Кавуни, як безкісточковий плід, який отримується, представляють собою гібриди, які отримують шляхом схрещення чоловічої диплоїдної (2n) кавунової рослини з жіночою тетраплоїдною (4n) кавуновою рослиною. Отримане в результаті F1 гібридне насіння є триплоїдним (3n). Індукування зав'язування плодів триплоїдних F1 гібридних рослин потребує запилення. Оскільки триплоїдні (3n) F1 гібридні рослини не продукують фертильний пилок, так звані рослини-запилювачі або рослини-опилювачі не повинні висаджуватися на одному і тому ж полі. Рослини-запилювачі є диплоїдними (2n). Взагалі в даній схемі запилювач та гібридні рослини повинні висаджуватися у співвідношенні приблизно 1 до 3 для забезпечення достатньої кількості пилку для запилення всіх гібридних рослин F1. Перехресне запилення між диплоїдним (2n) запилювачем та квітами жіночої триплоїдної (3n) гібридної рослини викликає зав'язування плода та призводить до продукування безкісточкових триплоїдних плодів на триплоїдній гібридній рослині. Диплоїдні (2n) та тетраплоїдні (4n) батьки гібриду F1 кожен продукують плоди, які несуть насіння, та обидва можуть поширюватися незалежно один від одного шляхом самозапилення.

Безкісточковий виноград може бути отриманим із рослин, які є або партенокарпними, або стеноспермокарпними. Сорт "Black Corinth" представляє собою партенокарпій, тоді як сорт "Sultanina" є стеноспермокарпним. Виноградні рослини взагалі розмножуються живцями та послідовним щепленням до іншого кореневого пагону.

Невпорядкованості в мейозі можуть бути чинником, який призводить до рослин, які продукують безкісточковий плід. Приклад для рослин, які продукують безкісточкові плоди, наводиться в Zhang et al. (2012, Scientia Horticultura 140, 107-114), яка розкриває безкісточкові кавуни. Чоловічий та жіночий стерильний (MFS) мутант був отриманий від потомства гібриду F1 після опромінення його насіння гамма-променями. Пилки з мутанта MFS взагалі не був життєздатним. Безкісточкові плоди продукуються рослинами MFS, при запиленні пилом з чоловічих фертильних рослин. Таким чином, кавунова рослина MFS може бути класифікована як така, що є стеноспермокарпієм. Сім'ябруньки також були майже повністю нежиттєздатними, оскільки практично ніякого насіння не продукували при перехресному запиленні мутантів MFS пилом з різних чоловічих фертильних рослин. Неповний синапсис та ненормальне розділення хроматидів під час мейозу спостерігалися в мутанті MFS та, як вважається, є причиною чоловічої та жіночої стерильності. Гени, відповідальні за ефекти, присутні в мутанті MFS, не були виявлені, але, можливо існує ймовірність того, що фенотип в мутанті MFS є пов'язаним з одним рецесивним геном.

З наведеного вище обговорення є очевидним, що чинники, які визначаються, якщо рослини, які виробляють безкісточкові плоди, є багаточисельними в природі та можуть належати до декількох, наприклад, морфологічних, фізіологічних та/або генетичних причин.

Для отримання безкісточкових плодів в стеноспермокарпних сільськогосподарських культурних рослинах, таких як триплоїдні (3n) кавунові рослини, жіноча квіткова частина рослини повинна бути запиленою. Стеноспермокарпні сільськогосподарські культурні рослини, які вирощуються сьогодні, є чоловічими стерильними. Як наслідок, на додаток до жіночої рослини, на тому ж самому полі, окрім того, слід вирощувати іншу чоловічу фертильну рослину (запилювач або опилювач). Оскільки площа, яка використовується для рослин-запилювачів, зменшується за рахунок площі, доступної для безкісточкового плоду, який продукується жіночими рослинами, врожайність з однієї посівної площі знижується. Загалом, рослини-запилювачі представляють собою звичайні рослини, які також можуть самозапилюватися. Плоди, продуковані рослинами-запилювачами, однак, продукують насіння. В кавуні, рослини-запилювачі є, як правило, диплоїдними (2n), які при самозапиленні продукують насінні плоди, які в деяких випадках також можуть збиратися та продаватися окремо (дивіться WO 2012069539). З комерційних причин дані насінні плоди з рослин-запилювачів не можуть бути змішаними з безкісточковими плодами. Тому необхідно забезпечити, щоб безкісточкові плоди та насінні плоди відокремлювалися при або після збору врожаю, що може зробити

машину для збору врожаю складною або неможливою, або вимагати подальшого етапу обробки після збору врожаю. Такі додаткові запобіжні заходи, які слід вживати, збільшують витрати на отримання безкісточкових плодів. Крім того, рослини-запилювачі розробляються таким чином, що вони квітуть та продукують достатньо життєздатний пилок, в той же час квіти жіночих рослин та її стигма можуть приймати пилок для індукування зав'язування плода. Таким чином, рослина-запилювач повинна узгоджуватися з жіночою рослиною, яка продукує безкісточковий плід щодо часу цвітіння та запилення. Якщо час цвітіння рослини-запилювача та відповідної жіночої рослини не в достатній мірі є синхронізованим, запилення не відбуватиметься або відбуватиметься тільки в недостатній кількості випадків. Внаслідок цього менше плодів продукується стеноспермокарпною жіночою рослиною. Крім того, в даній галузі є добре відомим, що кліматичні умови, такі як дощ, спека, тощо, можуть впливати на виробництво пилку рослини-запилювача інакше, ніж час фертильності стигми генотипно відмінної жіночої рослини. Тому кліматичні умови також можуть призвести до асинхронності часу фертильності рослини-запилювача та жіночої рослини з ефектом зниження врожайності.

Автори представленого винаходу виявили, що мутація одного рецесивного гена в культивованому кавуні, який називається в даному документі як ген WOP1, в результаті призводить до кавунових рослин, які розвивають безкісточкові плоди, коли квітки не є запиленими, тобто партенокарпія. Якщо квітки є запиленими, плоди, які розвиваються, продукують нормальне життєздатне насіння. Даний тип партенокарпії, таким чином, є названою як необов'язкова партенокарпія, які розвиваються, тільки за відсутності запилення. Ген WOP1, таким чином, відповідає за необов'язкову партенокарпію в кавуні. Таким чином, коли мутантний алель *wop1* є присутнім в гомозиготній формі в диплоїдній кавуновій рослині, зазначений в даному документі як *wop1/wop1*, рослини представляють собою необов'язковий партенокарпій та продукують безкісточкові плоди із незаплених квітів та нормальні насінні плоди із запилених квітів.

Даний ген має великі переваги в диплоїдних кавунах, особливо у поєднанні з чоловічою стерильністю (MS) для забезпечення відсутності запилення жіночих квіток (так як чоловічі квітки, отримані на рослині, є стерильними), або у поєднанні з мутантом *emb1* (в гомозиготній формі, *emb1/emb1*) для забезпечення того, щоб у випадку здійснення запилення, плоди є безкісточковими через гомозиготну присутність мутанта *emb1* в рослині. Мутант *emb1* представляє собою стеноспермокарпічний мутант, що в результаті призводить до безкісточкових плодів, які продукуються при запиленні. Насіння, яке містить мутантний алель *emb1*, було депоноване Nunhems B.V. 27 січня 2016 року під номером доступу NCIMB42532.

Ген WOP1 також має великі переваги в триплоїдних кавунах, які мають три копії мутантного алеля (*wop1/wop1/wop1*), оскільки не існує необхідності на даний момент робити підсадку таких триплоїдних кавунових рослин з рослиною-запилювачем (яка зазвичай є необхідною для індукування зав'язування плода в нормальних триплоїдах, які мають три копії алеля WOP1 немутантного типу). Дані партенокарпічні триплоїдні рослини продукують безкісточкові плоди без необхідності запилення для того, щоб індукувати зав'язування плода. Таким чином, в основному стеноспермокарпна природа нормальних триплоїдних кавунів перетворюється на партенокарпію. Врожай безкісточкових триплоїдних плодів, тим самим, в значній мірі збільшується, оскільки на даний час не має потреби в рослинах-запилювачах в полі та все поле може містити триплоїдні кавунові рослини.

В популяції мутагенізованих M2 диплоїдних кавунових рослин, вирощених в захищених від комах теплицях таким чином, щоб не могло відбутися ніякого запилення, рослина, яка продукує безкісточкові плоди з незаплених жіночих квіток (дивіться, фігура 1B), спостерігалася при скринінгу більше, ніж 20000 рослин. Плоди містили тільки деякі сліди оболонки материнського походження (дивіться, фігура 1 A та 1C), подібні до тієї, яка спостерігається у відомих триплоїдних безкісточкових плодах. Генетичний аналіз показав, що ознака сегрегуються як єдиний рецесивний ген. Ген був позначений WOP1, та мутантний алель був позначений *wop1*. Після запилення іншим пилом тієї ж рослини (самозапилення) або пилом іншої рослини, жіночі квітки рослини, гомозиготні для *wop1* (тобто *wop1/wop1*), продукували плоди, які містять нормальні життєздатного насіння.

Популяція, яку піддавали картуванню, була згенерована, та локус WOP1 був картований в ділянку культивованої кавунової хромосоми 4, починаючи при 14,4 Мо (SNP3) та закінчуючи при 18,9 Мо (SNP23) хромосоми 4, тобто ділянка за розміром приблизно 4,5 Мо (дивіться, фігура 2). Ділянка хромосоми 4, яка містить локус WOP1 (та мутантний алель *wop1* або немутантного типу алель WOP1), визначається в даному документі маркерами одно-нуклеотидного поліморфізму (SNP), охоплюючи ділянку між SNP3 та SNP23, та також більш широкую ділянку між SNP1 та SNP24 (починаючи при 11,9 Мо та закінчуючи при 21,8 Мб), та навіть між SNP1a та SNP24

(починаючи при 8,3 Мо та закінчуючи при 21,8 Мб).

Секвенування всього геному здійснювали для того, щоб звузити ділянку та ідентифікувати генну послідовність WOP1, включаючи геномну послідовність мутантного алеля wor1 та немутантного типу алеля WOP1. В одному аспекті ген WOP1 є знайденим на ділянці між SNP16 та SNP17. В одному аспекті ген WOP1 є зв'язаним з SNP16а або SEQ ID NO: 30, або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 30, та яка містить SNP нуклеотид, зв'язаний з мутантом (аденін при нуклеотиді 428 °F SEQ ID NO: 30).

В одному аспекті ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн WOP1, причому протеїн WOP1 представляє собою протеїн із SEQ ID NO: 32 або протеїн, який має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32. Передбачувані ортологи WOP1 були ідентифікованими для огірка та дині.

В одному аспекті винаходу передбаченою є рослина або рослинна клітина, яка характеризується тим, що рослина або рослинна клітина зменшену активність протеїну WOP1 в порівнянні з відповідною немутантного типу рослинною клітиною, причому протеїн WOP1 немутантного типу рослинної клітини є кодованим молекулами нуклеїнової кислоти, вибраними з групи, яка складається з:

молекули нуклеїнової кислоти, які кодують протеїн з амінокислотною послідовністю, наведеною як SEQ ID NO: 32 (кавун), або SEQ ID NO: 33 (огірок), або SEQ ID NO: 34 (диня);

молекули нуклеїнової кислоти, які кодують протеїн, послідовність якого має ідентичність щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % з амінокислотною послідовністю, наведеною як SEQ ID NO: 32 (кавун), або SEQ ID NO: 33 (огірок), або SEQ ID NO: 34 (диня);

молекули нуклеїнової кислоти, які кодують протеїн, послідовність якого має ідентичність щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % з амінокислотною послідовністю, наведеною як SEQ ID NO: 32 (кавун) або SEQ ID NO: 33 (огірок) або SEQ ID NO: 34 (диня), та причому протеїн містить амінокислотну послідовність із SEQ ID NO: 35.

Зменшена активність протеїну WOP1 обумовлюється мутантним алелем wor1. Зменшена активність може бути обумовленою нокаутом або нокауту експресії мутантного алеля wor1 (наприклад, через мутацію в промоторі або іншій регуляторній послідовності), або через мутантний алель wor1, який кодує втрату-функції або знижену-функцію протеїну WOP1 (мутантного протеїну WOP1).

В одному аспекті мутантний wor1 алель кодує мутантний WOP1 протеїн, який має знижену-функцію або втрату-функції в порівнянні з немутантного типу протеїном, наприклад, мутантний WOP1 протеїн містить одну або декілька амінокислот заміщених, видалених або вставлених в порівнянні з немутантного типу протеїном. В одному аспекті мутантний WOP1 протеїн містить одну або декілька амінокислот, заміщених, видалених або вставлених в консервативний "туб подібний домен зв'язування ДНК, SHAQKYF" та/або в домен "SHAQKYF" протеїну. В переважному аспекті, щонайменше одна амінокислота в консервативному "туб подібному домені зв'язування ДНК, SHAQKYF" та/або в домені "SHAQKYF" є заміщеною, що в результаті призводить до втрати функції або зменшеної функції протеїну, та необов'язкової партенокарпії, коли алель знаходиться в гомозиготній формі (коли ніякий алель немутантного типу є присутнім в рослині або рослинна клітина).

Крім того, насіння було депонованим Nunhems B.V. 27ого січня 2016 року під номером доступу NCIMB42533, отриманим шляхом самозапилення рослини гетерозиготної для мутантного алеля wor1 (тобто WOP1/wor1). Депоноване насіння складається з 25 % WOP1/WOP1 (гомозиготного немутантного типу WOP1 алеля), 50 % WOP1/wor1 (гетерозиготного) та 25 % wor1/wor1 (гомозиготного для мутантного wor1 алеля) рослини. Фенотипічно wor1/wor1 рослини показують необов'язковий партенокарпічний фенотип, але самозапилення гетерозиготних рослин буде знову в результаті призводити до фенотипічної сегрегації 3: 1 (75 % немутантного типу: 25 % необов'язкової партенокарпічної). Крім того, як зазначено вище, передбаченими в даному документі є маркери SNP, за допомогою яких рослини, гомозиготні або гетерозиготні для мутантного wor1 алеля можуть бути ідентифікованими та/або відібраними. Насіння містить мутантний алель wor1 з SEQ ID NO: 30, яка кодує мутантний протеїн WOP1 із SEQ ID NO: 31.

СУТЬ ВИНАХОДУ

Передбаченою є культивована кавунова рослина або частина рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі.

В одному аспекті ген розташовується на хромосомі 4, зокрема ген розташовується в ділянці,

починаючи на парі основи 11.906.147 та закінчуючи на парі основи 21.897.585 хромосоми 4.

В одному аспекті зазначений ген розташовується в ділянці, починаючи з нуклеотиду 76 із SEQ ID NO: 1, або з нуклеотиду 76 послідовності, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1, та закінчуючи при нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 24 або при нуклеотиді 76 послідовності, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24.

В подальшому аспекті ген є зв'язаним з нуклеотидною послідовністю, вибраною з групи, яка складається із SEQ ID NO: 1, або послідовністю, яке має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1; SEQ ID NO: 2 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 2; SEQ ID NO: 3 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 3; SEQ ID NO: 4 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 4; SEQ ID NO: 5 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 5; SEQ ID NO: 6 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 6; SEQ ID NO: 7 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 7; SEQ ID NO: 8 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 8; SEQ ID NO: 9 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 9; SEQ ID NO: 10 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 10; SEQ ID NO: 11 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 11; SEQ ID NO: 12 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 12; SEQ ID NO: 13 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 13; SEQ ID NO: 14 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 14; SEQ ID NO: 15 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 15; SEQ ID NO: 16 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 16; SEQ ID NO: 17 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 17; SEQ ID NO: 18 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 18; SEQ ID NO: 19 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 19; SEQ ID NO: 20 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 20; SEQ ID NO: 21 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 21; SEQ ID NO: 22 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 22; SEQ ID NO: 23 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 23; SEQ ID NO: 24 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24.

В одному варіанті здійснення ген розташовується між парою маркерів, вибраних з групи, яка складається з SNP1 та SNP3; SNP2 та SNP4; SNP3 та SNP5; SNP4 та SNP6; SNP5 та SNP7; SNP6 та SNP8; SNP7 та SNP9; SNP8 та SNP10; SNP9 та SNP11; SNP10 та SNP12; SNP11 та SNP13; SNP12 та SNP14; SNP13 та SNP15; SNP14 та SNP16; SNP15 та SNP17; SNP16 та SNP18; SNP17 та SNP19; SNP18 та SNP20; SNP19 та SNP21; SNP20 та SNP22; SNP21 та SNP23; SNP22 та SNP24.

В одному варіанті здійснення рослина або частина рослини, яка містить мутантний алель гена WOP1, є диплоїдною, тетраплоїдною, триплоїдною або поліплоїдною. Переважно мутантний алель є присутнім в двох копіях в диплоїдній рослині або частині рослини, в чотирьох копіях в тетраплоїдній рослині або частині рослини, або в трьох копіях в триплоїдній рослині або частині рослини.

В одному аспекті мутантний алель представляє собою алель, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, або його потомстві.

Необов'язково рослина або частина рослини додатково містить ген, який надає чоловічу стерильність або ген, який надає стеноспермокарпію.

Частина рослини, яка містить мутантний алель гена WOP1, може представляти собою клітину, квітку, листок, стебло, паросток, сім'ябруньку, пилок, корінь, кореневий пагін, пагін, плід, протопласт, ембріон, пиляк.

Крім того, охопленим є вегетативно розмножена кавунова рослина, розмножена з такої частини рослини, яка містить щонайменше один мутантний алель гена WOP1.

Аналогічним чином передбаченою є насінина, з якої може бути вирощена рослина за винаходом.

Крім того, передбаченим є безкісточковий плід, продукований рослиною відповідно до винаходу.

5 Передбаченим є спосіб отримання безкісточкових кавунових плодів, причому зазначений спосіб включає вирощування триплоїдної рослини, яка містить три копії мутантного алеля гена WOP1, та збір плодів, продукованих зазначеними рослинами. Зокрема плоди розвиваються без запилення жіночих квіток.

10 Спосіб продукування необов'язково партенокарпічної культивованої кавунової рослини, яка є передбаченою, який включає стадії:

а) введення мутацій в популяцію кавунових рослин;

б) відбір рослини, яка продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток, та яка продукує насіневий плід після запилення жіночих квіток;

15 с) необов'язково перевірку, якщо рослина, відібрана на стадії б), містить мутантний алель гена WOP1 на хромосомі 4; та

д) необов'язково вирощування рослини, отриманої на стадії с).

Кавунова рослина, продукована за способом, охоплюється в даному документі.

20 Застосування необов'язково партенокарпічної кавунової рослини для отримання безкісточкових кавунових плодів, переважно без запилення жіночих квіток рослини також є аспектом винаходу.

Застосування мутантного алеля wor1 гена WOP1 відповідно до винаходу для отримання необов'язково партенокарпічних кавунових рослин також є аспектом винаходу.

ЗАГАЛЬНЕ ВИЗНАЧЕННЯ

25 Дієслово "містити" та його сполучення використовуються у своєму необмежувачому сенсі для того, щоб вказувати, що елементи, які слідують за словом, є включеними, але елементи, які спеціально не згадуються, не є виключеними. Крім того, посилання на елемент невизначений сам по собі не виключає можливості присутності більше ніж одного елемента, якщо контекст явно не вимагає, щоб був один і тільки один із елементів. Визначення в однині зазвичай означає "щонайменше один", наприклад, "рослина" відноситься також до декількох клітинних рослин і т.д. Подібним чином "плід" або "рослина" також відноситься до множини плодів та рослин.

30 Як використовується в даному документі, термін "рослина" включає цілу рослину або будь-які її частини або похідні, переважно мають таку ж генетичну структуру, що і рослина, з якої вона є отриманою, наприклад, органи рослини (наприклад, зібрані або незібрані плоди, листя, квіти, пиляки, тощо), рослинні клітини, рослинні протопласти, клітини рослинних тканинних культур, з яких цілі рослини можуть бути регенеровані, рослинні калюси, рослинні клітинні скопичення, рослинні трансплантати, саджанці, рослинні клітини, які є інтактними в рослинах, клонах рослин або мікророзмноженнях, або частини рослин, такі як рослинні паростки, ембріони, пилок, пиляки, сім'ябруньки, плоди (наприклад, зібрані тканини або органи), квіти, листя, насіння, клонально розмножені рослини, корені, стебла, верхівки коренів, трансплантати (пагони та/або кореневі запаси) та подібні. Крім того, включеною є будь-яка стадія розвитку, така як саджанці, паростки перед або після вкорінення, тощо. Коли стосується "насіння рослини", вони або відносяться до насіння, з яких рослина може бути вирощена, або до насіння, продукованого на рослині, після самозапліднення або перехресного запліднення.

45 Як використовується в даному документі, термін "сорт" або "культурний сорт" означає рослину, яка групується в межах одного ботанічного таксона найнижчого відомого рангу, який може бути визначеним експресією характеристик, які є результатом із даного генотипу або комбінації генотипів.

50 Термін "алель(i)" означає будь-яку з однієї або декількох альтернативних форм гена в конкретному локусі, наприклад, локусі WOP1 (в якому ген WOP1 розташовується; алелі гена можуть представляти собою немутантного типу алелі, позначені як WOP1, або мутантні алелі, позначені як wor1), всі з таких алелів пов'язані однією рисою або характеристикою в конкретному локусі (наприклад необов'язкова партенокарпія). В диплоїдній клітині організму алелі даного гена розташовуються в конкретному місці, або локусі (локусах в множині) на хромосомі. Один алель є присутнім в кожній хромосомі пари гомологічних хромосом. 55 Диплоїдний вид рослини може містити велику кількість різних алелей в певному локусі. Вони можуть бути однаковими алелями гена (гомозиготними) або двома різними алелями (гетерозиготними), наприклад, двома ідентичними копіями мутантного алеля wor1 (тобто wor1/wor1) або однією копією мутантного алеля wor1 та однією копією немутантного типу алеля (тобто wor1/WOP1). Аналогічним чином, триплоїдна рослина називається як гомозиготна 60 для гена, якщо вона має три ідентичних алеля гена (наприклад, три копії мутантного алеля

wor1, тобто wor1/wor1/wor1), та тетраплоїдна рослина називається як гомозиготна для гена, якщо вона має чотири ідентичних алеля гена, наприклад, чотири копії мутантного алеля wor1 (тобто wor1/wor1/wor1/wor1).

"Ген WOP1" є єдиним, рецесивним геном, ідентифікованим в культивованому кавуні на хромосомі 4, яка при мутації в результаті призводить до партенокарпії, зокрема необов'язкової партенокарпії. WOP1 представляє собою немутантного типу (WT), функціональний алель, присутній в непартенокарпічних культивованих кавунових рослинах та wor1 представляє собою мутантний алель, що в результаті призводить партенокарпії, якщо алель знаходиться в гомозиготній формі в диплоїдній (wor1/wor1), триплоїдній (wor1/wor1/wor1), тетраплоїдній (wor1/wor1/wor1/wor1), або іншій поліплоїдній, наприклад, октаплоїдній (wor1/wor1/wor1/wor1/wor1/wor1/wor1/wor1), тощо. В одному аспекті ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або який кодує протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32 (кавун), при вирівнюванні попарно. Це включає в одному аспекті ортологи WOP1 в огірку (SEQ ID NO: 33) та дині (SEQ ID NO: 34).

"Партенокарпія" або "партенокарпічний", як правило, розуміється в даній галузі техніки, та також слід розуміти у зв'язку з представленим винаходом, щоб описати розвиток плодів без запліднення жіночої сім'ябруньки. Процес запилення не є потрібним для продукування плодів, причому плоди, однак, є безкісточковими в наслідок відсутності запилення. Таким чином, партенокарпія в даному документі означає, що плоди утворюються на рослині без запилення жіночих квіток. Аналогічним чином, "партенокарпічна рослина" або "рослина, яка містить мутантний ген (або мутантний алель гена), який надає партенокарпію, коли в гомозиготній формі" означає, що рослина продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток.

"Необов'язкова партенокарпія", як розуміється, означає, що ознака партенокарпії не спостерігається, коли квітка необов'язкової партенокарпічної рослини є запиленою, у випадку якого відбувається нормальне запліднення та має місце розвиток нормального плода. Коли відбувається нормальне запліднення, плоди є насінєвими.

"F1, F2, F3, і т.д." відноситься до послідовних пов'язаних поколінь, які слідує за схрещенням двох батьківських рослин або батьківських ліній. Рослини, вирощені з насіння, отриманих при схрещенні двох рослин або ліній, називається поколінням F1. Самозапилення рослин F1 в результаті призводить до генерації F2 і так далі.

"F1 гібридна" рослина (або F1 гібридне насіння) представляє собою покоління, отримане зі схрещення двох інбредних батьківських ліній. Таким чином, F1 гібридне насіння представляє собою насіння, з якого ростуть F1 гібридні рослини. F1 гібриди є більш сильними та дають більш високий врожай, завдяки гетерозису. Інбредні лінії є фактично гомозиготними в більшості локусів генома.

"Рослинна лінія" або "лінія схрещування" стосується рослини та її потомства. Як використовується в даному документі, термін "інбредна лінія" стосується рослинної лінії, яка є багаторазово самовідновленою та майже гомозиготною. Таким чином, "інбредна лінія" або "батьківська лінія" стосується рослини, яка пройшла декілька поколінь (наприклад, щонайменше 5, 6, 7 або більше) інбридингу, що в результаті призводить до рослинної лінії з високою однорідністю.

Термін "ген" означає (геному) послідовність ДНК, яка включає ділянку (транскрибовану ділянку), яка транскрибується в молекулу матричної РНК (мРНК) в клітині, та функціонально зв'язану регуляторну ділянку (наприклад, промотор). Приклад включає ген WOP1 за винаходом. Різні алелі гена є, таким чином, різними альтернативними формами гена, які можуть знаходитись у формі, наприклад, відмінностей в одному або декількох нуклеотидах геномної ДНК послідовності (наприклад, в промоторній послідовності, екзонних послідовностях, інтронних послідовностях, тощо), мРНК та/або амінокислотної послідовності кодованого протеїну.

"Мутантний wor1 алель" або "wor1 алель" в даному документі стосується мутантного алеля гена WOP1 на хромосомі 4, який є причиною того, що рослина є необов'язковою партенокарпічною, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі. Мутація в мутантному алелі може представляти собою будь-яку мутацію або комбінацію мутацій, включаючи делеції, усичення, вставки, точкові мутації, несенсові мутації, міс.-сенсові мутації або несинонімічні мутації, сайт-сплайсингові мутації, мутації зсуву рамки зчитування та/або мутації в одній або декількох регуляторних послідовностях, таких як промоторна послідовність, або енхансерних, або сайленсерних послідовностях. Один з прикладів мутантного алеля wor1 представляє собою алель, виявлений у 25 % насіння, депонованого під номером NCIMB42533 в гомозиготній формі. В одному аспекті мутантний алель wor1 представляє собою мутантний

алель гена WOP1, таким чином, ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або який кодує протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичності послідовності до SEQ ID NO: 32 (коли вирівнюються попарно). Це включає в одному аспекті мутантні алелі ортологів гена WOP1 в огірку (SEQ ID NO: 33) та дині (SEQ ID NO: 34), присутніх в рослинах або рослинних клітинах огірка або диня.

"Немутантного типу WOP1 алель" або "WOP1 алель" в даному документі стосується функціонального алеля гена WOP1, який є причиною того, що рослина має нормальний зав'язок плода, що потребує нормального запилення та запліднення для зав'язку плодів. Немутантного типу WOP1 алель є знайденим в будь-якому комерційному сорті кавуна (наприклад, сорти Nunhems Premium F1, Montreal F1, та інших) та також в 25 % насіння, депонованого під номером NCIMB42533 в гомозиготній формі. В одному аспекті немутантного типу WOP1 алель представляє собою немутантного типу алель гена WOP1, таким чином, ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або який кодує протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичності послідовності до SEQ ID NO: 32 (коли вирівнюються попарно). Це включає в одному аспекті ортологи гена WOP1 в огірку (SEQ ID NO: 33) та дині (SEQ ID NO: 34), присутні в рослинах або рослинних клітинах огірка або диня.

Термін "локус" (локуси в множині) означає конкретне місце, або місця, або сайт на хромосомі, де, наприклад, знайденим є ген або генетичний маркер. Локус WOP1, таким чином, представляє собою розташування в геномі кавуна, де мутантний алель та/або немутантного типу алель гена WOP1 є знайденим. Локус WOP1 представляє собою локус на хромосомі 4 культивованого кавуна (з використанням хромосомного призначення опублікованого геному кавуна в всесвітній мережі інтернет icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi як "Watermelon: Genome", "Watermelon genome (97103) - version 1" та як описано в Guo S, Zhang J, Sun H, Salse J, Lucas W, Zhang H, Zheng Y, Mao L, Ren Y, Wang Z (2013) "The draft genome of watermelon (*Citrullus lanatus*) and resequencing of 20 diverse accessions" (Nature Genetics 45:51-58), тобто *wop1* був згенерований в геномі культивованого кавуна шляхом мутагенезу, та мутантний алель *wop1* був картований на визначеній ділянці хромосоми 4 культивованого кавуна.

"Диплоїдна рослина" стосується рослини, вегетативної частини рослини(), або насінини, з якої диплоїдна рослина може бути вирощена, яка має два набори хромосом, позначена в даному документі як 2n.

"ДН рослина" або "подвійно-гаплоїдна рослина" представляє собою диплоїдну рослину, продукovanу за рахунок подвоєння гаплоїдного геному диплоїдної рослини з використанням методик, наприклад, *in vitro*. ДН рослина є, таким чином, гомозиготною на всіх локусах.

"Триплоїдна рослина" стосується рослини, вегетативної частини рослини(), або насінини, з якої триплоїдна рослина може бути вирощена, яка має три набори хромосом, позначена в даному документі як 3n.

"Тетраплоїдна рослина" стосується рослини, вегетативної частини рослини(), або насінини, з якої тетраплоїдна рослина може бути вирощена, яка має чотири набори хромосом, позначених в даному документі як 4n.

"Поліплоїдна рослина" стосується рослин, які мають більш високу плоїдність, ніж диплоїдні, тобто триплоїдні (3n), тетраплоїдні (4n), гексаплоїдні (6n), октаплоїдні (8n), тощо.

"Рослина-запилювач" або "запилювач" відноситься до (інбредної або гібридної) диплоїдної рослини або її частини (наприклад, її пилку або пагону), прийнятої як запилювач для індукування зав'язування плода на триплоїдних рослинах. Рослина-запилювач, таким чином, є здатною призвести до гарного зав'язку плода (та гарного врожаю триплоїдного плода) нормальних триплоїдних рослин (які містять три копії немутантного типу WOP1 алеля), за рахунок продукування відповідної кількості пилку у відповідний денний час та протягом відповідного періоду часу.

"Гібридна триплоїдна рослина" або "F1 триплоїд" або "триплоїдний гібрид" представляє собою триплоїдну рослину, вирощену з гібрида, триплоїдної насінини, отриманої з перехресного запліднення чоловічого диплоїдного батьківства з жіночим тетраплоїдним батьківством. Чоловіче батьківство використовується для індукування зав'язку плода та продукування насінини на тетраплоїдному жіночому батьківстві, що в результаті призводить до плодів, які включають F1 гібридне триплоїдне насіння. Як чоловіче батьківство, так і жіноче батьківство, яке використовується для продукування F1 триплоїдного насіння є інбредними, так що кожна батьківська лінія є майже гомозиготною та стабільною.

"Безкісточкові плоди" представляють собою плоди, не містять жодного життєздатного зрілого насіння. Плід може містити одну або декілька дрібних, їстівних, білих сім'ябруньок, наприклад, як видно на фігурі 1A та 1C. Необов'язково плід може містити декілька коричневих

або чорних насінин, але вони не є життєздатними. Життєздатне зріле насіння представляє собою насіння, яке може бути пророщеним в ґрунті у відповідних умовах та вирости в рослині.

"Посадка" або "висаджування" стосується посіву (безпосереднього посіву) або пересадки саджанців (живців) на поле машиною або вручну.

"Веgetативне розмноження" або "клональне розмноження" відноситься до розмноження рослин з вегетативної тканини, наприклад, з використанням способів розмноження *in vitro* або щеплення (з використанням пагонів та кореневих пагонів). Розмноження *in vitro* включає *in vitro* клітину або тканинну культуру та регенерацію цілої рослини з *in vitro* культури. Щеплення включає розмноження вихідної рослини шляхом щеплення на кореновому пагоні. Клони (тобто генетично ідентичні вегетативні розмноження) вихідної рослини можуть, таким чином, бути генеровані з використанням або *in vitro* культури, або щеплення. "Клітинна культура" або "тканинна культура" стосується *in vitro* культури клітин або тканин рослини. "Регенерація" стосується розвитку рослини із клітинної культури, або тканинної культури, або вегетативне розмноження. "Клітина, яка не розмножується," стосується клітини, яка не може бути регеноерованою в цілу рослину.

"Рецесивний" стосується алеля, який експресує його фенотип (наприклад, партенокарпію або необов'язкову партенокарпію), коли жодний домінантний алель не є присутнім в геномі, тобто коли він є гомозиготним. *wop1* алель відповідно до винаходу в результаті призводить до (необов'язково) партенокарпічної рослини, коли присутня в гомозиготній формі, тобто в двох копіях в диплоїдній рослині, в чотирьох копіях в тетраплоїдній рослині або в трьох копіях в триплоїдній рослині, або у відповідній кількості копій в іншій поліплоїдній рослині (наприклад, 8 копій в октаплоїдній рослині), внаслідок чого домінантний алель *WOP1* алеля є відсутнім в даних рослинах. Домінантний алель в даному документі також називається як немутантного типу (WT) алель.

"Культивований кавун" або "*Citrullus lanatus*" в даному документі стосується *Citrullus lanatus* ssp. *vulgaris*, або *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai subsp. *vulgaris* (Schrad.), та який має гарні агрономічні характеристики, зокрема, продукуючи ринково-цінні плоди з гарною якістю плодів та одноманітністю плодів. Культивований огірок та культивована диня стосуються рослин *Cucumis sativus* та *Cucumis melo*, які мають гарні агрономічні характеристики, зокрема, які продукують ринково-цінні плоди з гарною якістю плодів та одноманітністю плодів.

"Немутантного типу кавун" в даному документі стосується *Citrullus lanatus* ssp. *lanatus* та *Citrullus lanatus* ssp. *mucosospermus*, який продукує плоди поганої якості та поганої одноманітності.

"SNP маркер" стосується одонуклеотидного поліморфізму між різними культивованими лініями кавуна, та SNP маркери, передбачені в даному документі, визначають хромосомну 4 ділянку, в якій ген *WOP1* є знайденим. Термін "SNP генотип" стосується нуклеотиду, присутнього в конкретній SNP. Гаплотип SNP стосується конкретного генотипа в декількох SNP. Відзначається, що мутант *wop1* представляє собою мутацію в культивованому кавуні, а не інтрогресією з немутантного типу кавуна, що означає, що генотип SNP маркера SNP, зв'язаного з геном *WOP1*, не є релевантним як таким (за виключенням випадків, коли SNP знаходиться в одному варіанті здійснення в самому алелі, наприклад, як в одному аспекті для SNP16a), оскільки SNP генотип залежить від попередньої лінії схрещення, елітної лінії або сорту. SNP (окремий нуклеотид та/або послідовність, яка містить SNP, або варіант послідовності, який має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до наданої послідовності), однак, розмежовує фізичну ділянку на хромосомі 4, на якій ген *WOP1* є знайденим, та може використовуватись, наприклад, для того, щоб розрізнити рослини, які містять мутантний алель *wop1*, від рослин, які втратили мутантний алель *wop1*, та які мають немутантного типу *WOP1* алель, замість тих, що в рослинах, вирощених з NCIMB42533 або його потомстві.

"Геном культивованого кавуна" та "фізичне положення на геномі культивованого кавуна" та "хромосомі 4" стосується фізичного генома культивованого кавуна, в всесвітній мережі інтернет icugi.org/cgi-bin/ICuGI/index.cgi як "Watermelon: Genome", "Watermelon genome (97103) - version 1" та фізичної хромосоми та фізичного положення на хромосомі. Таким чином, наприклад SNP_01 (при нуклеотиді 76 із SEQ ID NO:1) розташовується на нуклеотиді (або "основі"), фізично розташованого на нуклеотиді 11.906.147 хромосоми 4, SNP_02 (на нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 2) розташовується на нуклеотиді (або "основі"), фізично розташованого на нуклеотиді 13,357,557 хромосоми 4, та SNP_03 (на нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 3) розташовується на нуклеотиді (або "основі"), фізично розташованого на нуклеотиді 14.402.485 хромосоми 4. Хромосома 4 має фізичний розмір від 0 до 24,3 Мо.

"Ділянка хромосоми 4, яка містить мутантний алель *wop1*" стосується геномної ділянки хромосоми 4 культивованого кавуна, причому ділянка несе мутантний алель *wop1*. Присутність

алеля може бути визначена фенотипічно та/або за рахунок присутності одного або декількох молекулярних маркерів, наприклад, SNP маркерів або інших маркерів, зв'язаних з wor1 алелем. Маркер є "зв'язаним з wor1 алелем", якщо він є фізично сполученим з алелем. В одному аспекті маркер, такий як SNP маркер, (або нуклеотидна послідовність, яка містить маркер) є зв'язаним з wor1 алелем, якщо він знаходиться в межах фізичної відстані 2,5 Мо або менше, такої як 2,0 Мо або менше, 1,5 Мо або менше, 1,0 Мо або менше, 0,8 Мо або менше, 0,5 Мо або менше, 0,4 Мо або менше, 0,3 Мо або менше, 0,2 Мо або менше, 0,1 Мо або менше, 74 тисяч пар основ (т.п.о.), 50 т.п.о. 20 т.п.о. 10 т.п.о. 5 т.п.о. 2 т.п.о. 1 т.п.о. або менше до wor1 алеля. В одному аспекті маркер або нуклеотидна послідовність, яка містить маркер, є "близько зв'язаним з мутантним алелем wor1 " якщо він знаходиться в межах фізичної відстані 0,5 Мо або менше, 0,4 Мо або менше, 0,3 Мо або менше, 0,2 Мо або менше, 0,1 Мо або менше, 74 т.п.о. 50 т.п.о. 20 т.п.о. 10 т.п.о. 5 т.п.о. 2 т.п.о. 1 т.п.о. або менше до wor1 алеля.

Пара "фланкуючих маркерів" стосується двох маркерів, переважно двох SNP маркерів або двох послідовностей, які містять SNP маркери, які є зв'язаними з wor1 алелем, та/або які є близько зв'язаними з wor1 алелем, внаслідок чого wor1 алель розташовується в-між двома маркерами або в-між двома послідовностями, які містять маркери.

"Брікс" або "ступінь Брікса" або "брікс" стосується середнього загального вмісту розчинних твердих речовин, виміряного на декількох зрілих плодах з використанням рефрактометра. Переважно обчислюють середнє значення, щонайменше, із трьох плодів, кожен, виміряний між центром та шкіркою плодів з відкритим розрізом...

"Ринково-цінні" по відношенню до якості плода означає, що кавунові плоди є прийнятними для продажу для споживання в свіжому вигляді, мають гарний аромат (без ароматизаторів), ступінь Брікса щонайменше 9,0, переважно щонайменше 10,0 або щонайменше 11,0 та переважно також рівномірний колір м'якоті плода, який є, наприклад, білий (наприклад, сорт крем із Саскачевану), жовтий (наприклад, сорт Yamato Cream 1), апельсин (наприклад, сорт Tendersweet), рожевий (наприклад, сорт Sadul), рожево-червоний (наприклад, сорт Crimson Sweet), червоний (наприклад, сорт Sugar Baby) або темно-червоний (наприклад, сорт Dixie Lee).

"Рівномірний колір м'якоті плода" означає, що колір у зрілих плодах, коли розрізаний через середину (середній розріз), є рівномірно розподілений по м'якоті, тобто м'якоть не є плямистою. Таким чином, червоний плід є червоним по всій м'якоті плода та не містить білих плям. Приклад плода з рівномірним червоним кольором представляє собою диплоїдними сорт Premium F1 (Nunhems).

"Фізична відстань" між локусами (наприклад, між молекулярними маркерами та/або між фенотипічними маркерами) на одній і тій самій хромосомі представляє собою фактично відстань, виражену в основах або парах основ (п.о.), тисячах основ або тисяча пар основ (т.п.о.) або мега основах (Мо) або мега пар основ (Мо).

"Генетична відстань" між локусами (наприклад, між молекулярними маркерами та/або між фенотипічними маркерами) на одній і тій самій хромосомі вимірюється частотою схрещування або частотою рекомбінації (RF) та вказується в сантиморганах (сМ). Одна сМ відповідає частоті рекомбінації приблизно 1 %. Якщо не знайдено жодної рекомбінанти, RF дорівнює нулю та локуси знаходяться або екстремально близько один до одного фізично, або вони є ідентичними. Чим далі знаходяться два локуси, тим вищий RF.

"Однорідність" або "однорідність" стосується генетичних та фенотипових характеристик рослинної лінії або сорту. Інбредні лінії є генетично високо однорідними, оскільки їх виробляють декілька поколінь інбридингу. Аналогічним чином, та F1 гібриди та триплоїдні гібриди, які є продукувані з таких інбредних ліній, є високо однорідними за своїми генотиповими та фенотипічними характеристиками та активністю.

Генетичний елемент, інтрогресійний фрагмент або ген або алель, який надає ознаку (таку як партенокарпія) називається "одержуваним з" або може бути "отриманий з" або "виводиться з" або може бути "похідним від" або "як присутній в" або "як виявлено в" рослині, або насініні, або тканині, або клітині, якщо він може бути переданий з рослини або насініні, в якій він є присутнім, в іншу рослину або насініну, в якій він не є присутнім (наприклад, непартенокарпічна лінія або сорт) з використанням традиційних методів селекції, що в результаті не призводить до фенотипічної зміни рослини-реципієнта, крім додавання ознаки, наданого генетичним елементом, локусом, інтрогресійним фрагментом, геном або алелем. Терміни використовуються як взаємозамінні, та генетичний елемент, локус, інтрогресійний фрагмент, ген або алель можуть, таким чином, бути перенесеними в будь-який інший генетичний фон, який втратив ознаку. Використовуватись може не тільки насіння, яке депоновано, та яке містить генетичний елемент, локус, інтрогресійний фрагмент, ген або алель, але також потомство/нащадки з такого насіння, яке є відібраним для збереження генетичного елемента,

локусу, інтрогресійного фрагмента, гена або алеля, може використовуватись та є охопленим в даному документі, такі як комерційні сорти, вироблені з депонованого насіння або їх нащадків або їх предків. Аналогічним чином, інші культивовані кавуни, які містять генетичний елемент, локус, інтрогресійний фрагмент, ген або алель (наприклад мутантний *wor1* алель) можуть бути сформовані *de novo*, наприклад, шляхом мутагенезу (наприклад, хімічного мутагенезу, індукованого CRISPR-Cas, тощо). Те ж саме стосується огірка та діні, тобто мутантні *wor1* алелі можуть бути сформовані *de novo* шляхом мутагенезу. Незалежно від того, чи містить рослина (або геномна ДНК, клітина або тканина рослини) той же самий (або його варіант) генетичний елемент, локус, інтрогресійний фрагмент, ген або алель, який може бути отриманий з депонованого насіння, вони можуть бути визначені кваліфікованим фахівцем з використанням одного або декількох способів, відомими в даній галузі, таких як фенотипічні аналізи, секвенування всього генома, аналіз молекулярного маркера, картування ознак, хромосомне фарбування, дослідження алелізму та подібні, або комбінації методів.

"Середнє значення" або "середнє" в даному документі стосується середнього арифметичного значення та обидва терміни використовуються як взаємозамінні. Термін "середнє значення" або "середнє", таким чином, стосується середнього арифметичного значення із декількох вимірювань. Кваліфікований фахівець розуміє, що фенотип рослинної лінії або сорту залежить певною мірою від умов вирощування, та що, таким чином, вимірюються середні арифметичні значення щонайменше 10, 15, 20, 30, 40, 50 або більше рослин (або частин рослини), переважно в рандомізованих експериментальних конструктах з декількома повтореннями та відповідними контрольними рослинами, вирощеними в таких самих умовах в тому самому експерименті. Різні "статистично значущий" або "статистично значуще" різними або "значуще" стосуються характеристики рослинної лінії або сорту, які, в порівнянні з відповідним контролем, показують статистично значущу відмінність в такій характеристиці (наприклад, *p*-значення є меншим, ніж 0,05, $p < 0,05$, використовуючи ANOVA) від (середнього) контролю.

Термін "традиційні способи селекції" охоплює в даному документі схрещування, зворотне схрещування, самозапилення, відбір, подвійне гаплоїдне продукування, хромосомне подвоєння, ембріонне рятування, протопластне злиття, відбір з допомогою маркерів, мутаційне розмноження тощо, всі є відомими селекціонеру (тобто способи інші, ніж генетична модифікація / трансформація / трансгенні способи), за допомогою яких, наприклад, хромосома 4, яка містить мутантний *wor1* алель може бути отриманою, ідентифікованою та/або перенесеною.

"Зворотне схрещування" стосується способу розмноження за допомогою якого (одна) ознака, така як необов'язкова партенокарпічна ознака, може бути перенесеною від одного (часто нижчого) генетичного фону (також названого як "донор") в інший (часто вище розташований) генетичний фон (також названий як "рекурентне батьківство". Потомство від схрещування (наприклад, F1 рослина, отримана шляхом схрещування, наприклад, донора з рекурентним батьківським кавуном, або F2 рослина або F3 рослина, тощо, отримана від самозапилення F1), є "зворотно схрещуваним" з батьківським, з, наприклад, вище розташованим генетичним фоном. Після повторного зворотного схрещування, ознака одного (часто нижчого) генетичного фону буде включена в інший (часто вище розташований) генетичний фон.

"Відбір з використанням маркеру" або "MAS" представляє собою процес використання присутності молекулярних маркерів (таких як SNP маркери), які є генетично та фізично зв'язаними з конкретним локусом або з конкретною хромосомною ділянкою, щоб відібрати рослини щодо присутності конкретного локусу або ділянки. Наприклад, молекулярний маркер генетично та фізично зв'язаний з мутантним *wor1* алелем, можуть використовуватись для детектування та/або відбору кавунової рослини, або частин рослин, які містять *wor1* алель. Чим ближче зв'язок молекулярного маркера з локусом, тим менша ймовірність того, що маркер є дисоційованим з локусу з використанням мейотичної рекомбінації. Аналогічним чином, ближчі два маркери є зв'язаними з один з одним менш вірогідним є те, що два маркери будуть відокремлені один від одного (та більш ймовірно, що вони будуть спільно сегрегувати як одиниця).

Молекулярний маркер (або послідовність, яка містить молекулярний маркер) в межах 5 Мо, 3 Мо, 2,5 Мо, 2 Мо, 1 Мо, 0,5 Мо, 0,4 Мо, 0,3 Мо, 0,2 Мо, 0,1 Мо, 74 т.п.о., 50 т.п.о., 20 т.п.о., 10 т.п.о., 5 т.п.о., 2 т.п.о., 1 т.п.о., або менше із іншого маркера (або послідовність, яка містить молекулярний маркер), або локус, стосується маркера, який є фізично розташований в межах 5 Мо, 3 Мо, 2,5 Мо, 2 Мо, 1 Мо, 0,5 Мо, 0,4 Мо, 0,3 Мо, 0,2 Мо, 0,1 Мо, 74 т.п.о., 50 т.п.о., 20 т.п.о., 10 т.п.о., 5 т.п.о., 2 т.п.о., 1 т.п.о. або менше, геномної ділянки ДНК, яка фланкує маркер (тобто з обох сторін маркера). Дивіться, наприклад, діаграму на фігурі 2, яка показує

ділянку, яка містить локус WOP1, який був картований з ділянкою між SNP3 та SNP23. Від SNP4 до SNP22 лежать в-між цими двома маркерами (не показано).

"LOD-оцінка" (логарифм (основа 10) шансів) відноситься до статистичного тесту, який часто використовується для аналізу зв'язків у популяціях тварин та рослин. LOD оцінка порівнює ймовірність отримання даних випробувань, якщо два локуси (локуси молекулярного маркера та/або локус фенотипічної ознаки) дійсно є пов'язаними з ймовірністю спостереження за тими ж даними чисто випадково. Позитивні оцінки LOD сприяють наявності зв'язку, та LOD оцінка, більша, ніж 3,0, вважається доказом зв'язування. LOD оцінка +3 вказує на шанси від 1000 до 1, зв'язування, яке спостерігається, не відбувалося випадково.

"Трансген" або "химерний ген" стосується генетичного локусу, який містить ДНК послідовність, таку як рекомбінантний ген, який був введений в геном рослини шляхом трансформації, такої як трансформація, опосередкована *Agrobacterium*. Рослина, яка містить трансген, стабільно інтегрований в його геном, називається як "трансгенна рослина".

"Виділена послідовність нуклеїнової кислоти" або "виділена ДНК" стосується послідовності нуклеїнової кислоти, яка більше не знаходиться в природному середовищі, з якого вона була виділена, наприклад, послідовність нуклеїнової кислоти в бактеріальній клітині-господарі або в рослинному ядерному або пластидному геномі. Коли в даному документі посилання робиться на "послідовність", мається на увазі, що молекула, яка має таку послідовність називається як, наприклад, молекула нуклеїнової кислоти.

"Клітина-господар" або "рекомбінантна клітина-господар" або "трансформована клітина" представляють собою терміни, які відносяться до нової індивідуальної клітини (або організму), яка виникає в результаті щонайменше однієї молекули нуклеїнової кислоти, яка була введена в зазначену клітину. Клітина-господар переважно представляє собою рослинну клітину або бактеріальну клітину. Клітина-господар може містити нуклеїнову кислоту як екстра-хромосомну (епісомальну) реплікуючу молекулу, або містить нуклеїнову кислоту, інтегровану в ядерний або пластидний геном клітини-господаря, або як введenu хромосому, наприклад, мініхромосому.

"Ідентичність послідовності" та "подібність послідовності" можуть бути визначеними шляхом вирівнювання двох пептидів або двох нуклеотидних послідовностей з використанням глобальних або локальних алгоритмів вирівнювання. Послідовності можуть тоді називатися як "фактично ідентичними" або "фактично подібними", коли вони є оптимально вирівняними, наприклад, застосовуючи програмами GAP, або BESTFIT, або Emboss програму "Needle" (використовуючи параметри за замовчуванням, дивіться нижче) виділяють щонайменше певний мінімальний відсоток ідентичності послідовності (як визначено далі нижче). Дані програми використовують глобальний алгоритм вирівнювання Needleman та Wunsch для вирівнювання двох послідовностей, за їх повною довжиною, максимізуючи кількість відповідностей та мінімізуючи кількість прогалів. Загалом, використовуються параметри за замовчуванням, зі штрафом за створення прогалів = 10 та штраф за продовження делеції = 0,5 (як для нуклеотидних, так і протеїнових вирівнювань). Для нуклеотидів використовується оціночна матриця за замовчуванням представляє собою DNKFULL, та для протеїнів оціночна матриця за замовчуванням представляє собою Blosum62 (Henikoff & Henikoff, 1992, PNAS 89, 10915-10919). Вирівнювання послідовності та бали для відсоткової ідентичності послідовності можуть, наприклад, бути визначеними, використовуючи комп'ютерні програми, такі як EMBOSS, доступні у всесвітній комп'ютерній мережі - ebi.ac.uk/Tools/psa/emboss_needle/). Альтернативно, подібність або ідентичність послідовності може бути визначена шляхом пошуку в базах даних, таких як FASTA, BLAST, тощо, але попадання повинні бути отримані та вирівняні попарно для порівняння ідентичності послідовності. Два протеїни, або два протеїнові домени, або дві послідовності нуклеїнової кислоти мають "фактичну ідентичність послідовності", якщо відсоткова ідентичність послідовності становить щонайменше 85 %, 90 %, 92 %, 95 %, 98 %, 99 % або більш (як визначається за допомогою Emboss "needle", використовуючи параметри за замовчуванням, тобто штраф за створення прогалів = 10, штраф за продовження делеції = 0,5, використовуючи оцінюючу матриці DNKFULL для нуклеїнових кислот Blosum62 для протеїнів).

Коли робиться посилання на послідовність нуклеїнової кислоти (наприклад, ДНК або геномну ДНК), які мають "фактичну ідентичність послідовності до" еталонної послідовності, або які мають ідентичність послідовності щонайменше 80 %, наприклад, щонайменше 85 %, 90 %, 92 %, 95 %, 98 %, 99 %, 99,2 %, 99,5 %, 99,9 % ідентичність послідовності нуклеїнової кислоти до еталонної послідовності, в одному варіанті здійснення зазначена нуклеотидна послідовність вважається фактично ідентичною до наданої нуклеотидної послідовності та може бути ідентифікованою з використанням жорстких умов гібридизації. В іншому варіанті здійснення, послідовність нуклеїнової кислоти містить одну або декілька мутацій в порівнянні з наданою нуклеотидною послідовністю, але все ще може бути ідентифікованою з використанням жорстких

умов гібридизації.

"Жорсткі умови гібридизації" можуть використовуватись для ідентифікування нуклеотидних послідовностей, які є фактично ідентичними до наданої нуклеотидної послідовності. Жорсткі умови залежать від послідовності та будуть різними за різних обставин. Як правило, жорсткі умови вибирають, щоб забезпечити температуру приблизно на 5 °C нижчу, ніж температура плавлення (T_m) для конкретних послідовностей при визначених іонній силі та pH. T_m представляє собою температуру (при визначених іонній силі та pH) при якій 50 % цільової послідовності гібридизуються до ідеального відповідного зонду. Як правило вибиратися будуть жорсткі умови, при яких концентрація солі є приблизно 0,02 молярною при pH 7, та температура становить щонайменше 60 °C. Зниження концентрації солі та/або підвищення температури підвищує жорсткість. Жорсткі умови для РНК-ДНК гібридизацій (нозерн-блоттінг, використовуючи зонд з, наприклад, 100 нуклеотидів) є, наприклад, такими, які включають щонайменше одне промивання в 0,2X SSC при 63 °C протягом 20 хв., або в еквівалентних умовах. Жорсткі умови для ДНК-ДНК гібридизації (саузерн блоттінг, використовуючи зонд з, наприклад, 100 нуклеотидів) є, наприклад, такими, які включають щонайменше одне промивання (як правило 2) в 0,2X SSC при температурі щонайменше 50 °C, як правило, при приблизно 55 °C, протягом 20 хв., або в еквівалентних умовах. Дивіться також Sambrook et al. (1989) та Sambrook та Russell (2001).

"M1 покоління" або "M1 рослина" в контексті представленого винаходу буде стосуватися першого покоління, яке продукується безпосередньо з мутагенної обробки. Рослина, вирощена з насіння, обробленого мутагеном, наприклад, є представником покоління M1.

"M2 покоління" або "M2 рослина" буде стосуватися в даному документі покоління, отриманого із самозапилення M1 покоління. Рослина, вирощена з насіння, отриманого з самозапилюваної M1 рослини, являє собою M2 рослину.

"Дослідження алелізму" стосується генетичного дослідження, внаслідок чого він може бути дослідженням чи є фенотип, наприклад необов'язковий партенокарпічний, який спостерігається в двох рослинних лініях або сортах, визначеним одним і тим самим геном або локусом або різними генами або локусами. Наприклад, рослини, які підлягають дослідженню, схрещуються одна з одним (переважно після самозапилення, щоб гарантувати, що вони є гомозиготними), визначається сегрегація фенотипів серед потомства F1 або подальшого самозапилення або зворотного схрещування. Співвідношення сегрегації вказує, чи є гени або локуси алельними або коли вони є різними. Так, наприклад, якщо алелі є з одного і того самого гена, F1 рослини (отримані шляхом схрещування двох гомозиготних рослин) всі (100 %) будуть мати один і той самий фенотип, тоді як це може не відбуватися у випадку, якщо алелі є із різних генів. Аналогічним чином, в F2 рослинах фенотипічна сегрегація буде показувати, чи один і той самий, чи різні гени беруть участь.

"Точне-картування" стосується способів за допомогою яких положення гена може бути визначеним більш точно (звузити). Наприклад, велика популяційна сегрегація щодо ознаки може бути проаналізована щодо сегрегації ознаки та ДНК маркерів, наприклад, від SNP1 до SNP24, та рослини, які містять рекомбінаційні події на ділянці між SNP1 та SNP24 можуть бути відібраними, для того, щоб визначити між якою парою SNP маркерів розташовується ген. Можливим також є шукати додаткові маркери між найбільш зв'язаною парою маркера, щоб звузити інтервал, в яких розташовується ген.

"мРНК-кодуюча послідовність" буде мати загальне значення в даному документі. мРНК-кодуюча послідовність узгоджується з відповідною ДНК-кодуючою (кДНК) послідовністю гена/алеля, за винятком того, що тимін (T) є заміщеним на урацил (U).

"Мутація" в молекулі нуклеїнової кислоти (ДНК або РНК) представляє собою зміну одного або декількох нуклеотидів в порівнянні з відповідною немутантного типу послідовністю, наприклад, шляхом заміщення, делеції або вставки одного або декількох нуклеотидів. Приклади такої мутації включають точкову мутацію, несенсову мутацію, міс.-сенсову мутацію, сайт-сплайсингову мутацію, мутацію зсуву рамки або мутацію в регуляторній послідовності.

"Молекула нуклеїнової кислоти" буде мати загальне розуміння в даній галузі. Вона складається з нуклеотидів, які містять або цукри дезоксирибози (ДНК), або рибози (РНК).

"Точкова мутація" представляє собою заміщення одного нуклеотиду, або вставку, або делецію одного нуклеотиду.

"Несенсова мутація" представляє собою (точкову) мутацію в послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує протеїн, в результаті чого кодон в молекулі нуклеїнової кислоти змінюється на стоп-кодон. Це в результаті призводить до передчасного стоп-кодону, який є присутнім в мРНК, та в результаті призводить до трансляції усиченого протеїну. Усичений протеїн може мати знижену функцію або втрату функції.

"Міс-сенсова або несинонімічна мутація" представляє собою (точкову) мутацію в послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує протеїн, в результаті чого кодон змінюється на код для іншої амінокислоти. Отриманий в результаті протеїн може мати знижену функцію або втрату функції.

5 "Сайт-сплайсингова мутація" представляє собою мутацію в послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує протеїн, в результаті чого сплайсинг РНК з пре-мРНК змінюється, що в результаті призводить до мРНК, яка має іншу нуклеотидну послідовність, та протеїну, який має іншу амінокислотну послідовність, ніж немутантного типу. Отриманий в результаті протеїн може мати знижену функцію або втрату функції.

10 "Мутація зсуву рамки" представляє собою мутацію в послідовності нуклеїнової кислоти, яка кодує протеїн, через який рамка зчитування мРНК змінюється, що в результаті призводить до іншої амінокислотної послідовності. Отриманий в результаті протеїн може мати знижену функцію або втрату функції.

15 "Делеція" в контексті винаходу буде означати, що де-небудь в наданій послідовності нуклеїнової кислоти щонайменше один нуклеотид є відсутнім в порівнянні з нуклеїновою послідовністю відповідної немутантного типу послідовності, або де-небудь в наданій амінокислотній послідовності щонайменше одна амінокислота є відсутньою в порівнянні з амінокислотною послідовністю відповідної (немутантного типу) послідовності.

20 "Усічення", як повинно розумітися, означає, що щонайменше один нуклеотид на або 3'-кінці, або 5'-кінці нуклеотидної послідовності є відсутнім в порівнянні з нуклеїновою послідовністю відповідної немутантного типу послідовності, або що щонайменше одна амінокислота на або N-кінці, або C-кінці протеїну, є відсутньою в порівнянні з амінокислотною послідовністю відповідного немутантного типу протеїну, в результаті чого на 3'-кінці або C-термінальному усіченні щонайменше перший нуклеотид на 5'-кінці або перша амінокислота на N-кінці, 25 відповідно, все ще є присутніми, та на 5'-кінці або N-термінальному усіченні щонайменше останній нуклеотид на 3'-кінці або остання амінокислота на C-кінці, відповідно, все ще є присутніми. 5'-кінець визначається ATG кодоном, використовуваним як стартовий кодон в трансляції відповідної немутантного типу послідовності нуклеїнової кислоти.

30 "Заміщення" буде означати, що щонайменше один нуклеотид в послідовності нуклеїнової кислоти або одна амінокислота в протеїновій послідовності є іншою в порівнянні з відповідною немутантного типу послідовністю нуклеїнової кислоти, або відповідною немутантного типу амінокислотною послідовністю, відповідно, за рахунок обміну нуклеотиду в кодуючій послідовності відповідного протеїну.

35 "Вставка" буде означати, що послідовність нуклеїнової кислоти або амінокислотна послідовність протеїну включає щонайменше один додатковий нуклеотид або амінокислоту в порівнянні з відповідною немутантного типу послідовністю нуклеїнової кислоти або відповідною немутантного типу амінокислотною послідовністю, відповідно.

40 "Передчасний стоп-кодон" в контексті представленого винаходу означає, що стоп-кодон є присутнім в кодуючій послідовності (cds), яка знаходиться ближче до стартового кодону на 5'-кінці в порівнянні зі стоп-кодомом відповідної немутантного типу кодуючої послідовності.

45 "Мутація в регуляторній послідовності", наприклад, в промоторі або енхансері гена, представляє собою зміну одного або декількох нуклеотидів в порівнянні з немутантного типу послідовністю, наприклад, за рахунок заміщення, делеції або вставки одного або декількох нуклеотидів, що призводить, наприклад, зменшення або відсутності транскрипту мРНК гена, який виробляється.

"Мутація в протеїні" представляє собою зміну одного або декількох амінокислотних залишків в порівнянні з немутантного типу послідовністю, наприклад, шляхом заміщення, делеції, усічення або вставки одного або декількох амінокислотних залишків.

50 "Мутант протеїн" в даному документі представляє собою протеїн, який містить одну або декілька мутацій в послідовності нуклеїнової кислоти, який кодує протеїн, внаслідок чого мутація в результаті призводить до (мутантна молекула нуклеїнової кислоти, яка кодує) протеїн зі "зниженням-функції" або "втратою-функції", як, наприклад, виміряно *in vivo*, наприклад, з використанням фенотипу, наданого мутантним алелем.

55 В контексті представленого винаходу, "зменшена активність" протеїну буде означати зниження в активності протеїну WOP1, в порівнянні з відповідною немутантного типу рослинною клітиною або відповідною немутантного типу рослиною. Зниження буде, в одному аспекті, включати в себе повний нокаут або нокдаун експресії гена, або продукування протеїну WOP1 із втратою-функції або зниженням-функції, наприклад, мутантний WOP1 протеїн може мати втрату функції або зменшення функції в порівнянні з немутантного типу, функціональним WOP1 60 протеїном. Зниження в активності може представляти собою зниження в експресії гена, який

кодує протеїн WOP1 (також називається як нокаун), або нокаут експресії гена, який кодує протеїн WOP1 та/або зменшення кількості протеїну WOP1 в клітинах, або зниження-функції або втрату-функції щодо активності протеїну WOP1 в клітинах.

В контексті представленого винаходу, термін "немутантного типу рослинна клітина" або "немутантного типу рослина" означає, що вони містять немутантного типу wor1 алелі та не мутантні wor1 алелі. Таким чином, немутантного типу рослина або немутантного типу рослинна клітина представляє собою рослину або рослинну клітину, яка містить повністю функціональні гени WOP1, який кодує повністю функціональні WOP1 протеїни (які також називаються як немутантного типу WOP1 протеїн), наприклад, що стосується кавунових рослин або рослинних клітин диплоїдної кавунової рослини, яка продукує протеїн із SEQ ID NO: 32 (або протеїн, який має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32), та який продукує плоди тільки після запилення. Або стосовно диневих рослин або клітин диплоїдної диневої рослини, яка продукує протеїн із SEQ ID NO: 34 (або протеїн, який має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 34), або стосовно огіркових рослин або клітин диплоїдної рослини огірка, яка продукує протеїн із SEQ ID NO: 33 (або протеїн, який має щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 34).

"Нокаут" або "повний нокаут" повинен розумітися, що експресія відповідного гена більше не виявляється.

"Втрата-функції" або "зниження-функції" або "зменшена функція" буде означати в контексті представленого винаходу, що протеїн, незважаючи на те, що можливо присутній в кількостях рівних або подібних до відповідного немутантного типу протеїну, більше не викликає його нормального ефекту, тобто для мутантних алелей, які кодує такий протеїн, коли присутні в гомозиготній формі в диплоїдній рослині, рослина продукує безкісточкові плоди за відсутності запилення, та насінні плоди в присутності запилення.

"Консервативний домен" стосується консервативних протеїнових доменів, таких як "myb-подібний домен зв'язування ДНК, SHAQKYF клас", наприклад, із SEQ ID NO: 35, або "SHAQKYF домен" із амінокислот 47-54 із SEQ ID NO: 35. Консервативні домени можуть, наприклад, бути знайдені в базі даних про консервативні домени NCBI (всесвітня комп'ютерна мережа ncbi.nlm.nih.gov/cdd).

Фігура 1: 1A та 1C показують безкісточкові плоди диплоїдної, партенокарпічної кавунової рослини за винаходом, гомозиготної щодо wor1 алеля, як, наприклад, знайдено в NCIMB42533. Фігура 1B показує жіночу квітку однієї і тієї самої рослини, яка розвиває безкісточкові плоди без запилення.

Фігура 2: схематична (не в масштабі) діаграма хромосоми 4 культивованого кавуна та ділянка, на якій WOP1 був картований. SNP маркери знайдено в між SNP3 та SNP23 не є показаними, тобто SNP4-SNP22. Фізичне розташування та відстані між SNP, а також SNP генотип, є показаним в таблиці 1.

Фігура 3: листок необов'язкового партенокарпічного кавуна інбредної лінії зворотного схрещування, гомозиготної для мутантного wor1 алеля (як, наприклад, знайдено в NCIMB42533) (лівий листок) та листок немутантного типу кавунової рослини (правий листок). Модифікована морфологія листка (лівий листок) також спостерігається в інбредних лініях зворотного схрещування, гетерозиготних для мутантного wor1 алеля.

ДЕТАЛЬНИЙ ОПИС

Перший варіант здійснення представленого винаходу стосується культивованої кавунової рослини, *Citrullus lanatus*, яке містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена, який надає партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, зокрема необов'язкову партенокарпію. Таким чином, в одному аспекті передбаченими є культивовані кавунові рослини, які містять щонайменше одну копію мутантного алеля одного рецесивного гена, названого WOP1.

Ген WOP1 представляє собою ендегенний ген культивованого кавуна, який, коли мутований та в гомозиготній формі, в результаті призводить до партенокарпії, зокрема необов'язкової партенокарпії.

Сегрегуюча популяція, отримана за рахунок схрещування мутантної партенокарпічної кавунової рослини, ідентифікованої авторами винаходу з елітною лінією кавунів, дозволила картування гена WOP1 на ділянці в хромосомі 4 між 8,3 Мо (SNP1a) або 11,9 Мо (SNP1) та 21,8 Мо (SNP24) хромосоми, зокрема, ген WOP1 був картований на ділянці хромосоми 4, починаючи з нуклеотиду 14.402.485 (SNP3) та закінчуючи при нуклеотиді 18.942.612 (SNP23) хромосоми 4, дивіться таблицю 1 нижче та Фігуру 2.

Подальший аналіз призводив до ідентифікації SNP16a, яке включає поліморфізм в послідовності, яка кодує протеїн. В мутантній партенокарпічній кавуновій рослині SNP16a містив

- аденін в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30, в той час як немутантного типу рослина містила гуанін в нуклеотиді 428. Дана отримана в результаті єдина зміна амінокислоти кодованого протеїну, як кодону AGC (який кодує серин), була змінена на кодон AAC (який кодує аспарагін). Таким чином, немутантного типу протеїн, зображений в SEQ ID NO: 32, містить серин як амінокислоту 143, та мутантний протеїн, зображений в SEQ ID NO: 31, містить аспарагін як амінокислоту 143. Не існувало ніяких інтронів в послідовності, таким чином, геномна ДНК та кодуюча ДНК (кДНК, та відповідна мРНК) є ідентичними.

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP1a	8.385.759	A	G	ATTGGTTTGTGACTCGGATTCAGAG GAATTGTTATTGGAAGAGAAGCTAT CATTTATGCATGAAACGAGGCATGC [A/G]TTCGGAAGGACTGCCCTGCTC TTAAGTGGAGGTGCTTCACTTGGAG CTTTTCATACAGGAGTTGTCAAAAC TCTG (SEQ ID NO: 29)
SNP1	11.906.147	A	G	TAGCTTTCAATTAGAATTTCTTATG AAAATTGTTTACGTATCAATTATCA TGTCAATTTGCTAGTTTTACCTTT [A/G]AAGTTTAATTGATACAATTGTA AATCTCACCATGTTTTTCAAACGAA ATCTAAAAGAGTATAAATTGATACA ATT (SEQ ID NO:1)
SNP2	13.357.557	T	C	AGAAGARGGCGAAGTTGAGGAAAG AGCTCAGAGCCCTAAGAAGAGGGAG CAGAGGAAATTGCTAAGGACGCAT TGT[C/T]CAACAAAAGGTGTGCAG GGTAGTGCAACCTGAAGAAGAAAT ACAAACGCATAGACTTCCTGATCCT CAAGTAGA (SEQ ID NO: 2)
SNP3	14.402.485	C	T	TAAAATGGTTGTTCAAGGAAGGTTA TTGAAAGATGATAATTTGATTTTCA AGTCAAACGATAATAGGAGACGCA T[C/T]AAAGAATCAAAAGGGATTTT TGAGTGAAAATTATTATTTAAAATG TTTCCTAATTGGTTATAAGGATGTT TTTCC (SEQ ID NO:3)
SNP4	14.971.673	C	T	CCGAGAGCGAGATTCTGAGCGAGA GCCGAGAGAGCGAGAGTCTGAGCGA GAGAGTGAGATTCTGGCGAGGGAC TTC[C/T]CGGAAAGTAGAATCCGTC AAGGCCGAGCGGCGACTGAGAGAGA GACAACGGGAAACAAAGGTAAAGA GAGAGTGTG (SEQ ID NO:4)

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP5	15.141.259	A	G	AAGCAGCAGGCATTTTAGTTAATTA AACGAAAACCTTACGGGAATTAGGA TTCATTAACCTTAAATTAACATAAGT T[A/G]ATTTTAAAAAATAGTGGAAT TGGTTTAACTTAAGTTTAATTAAC AATTAATAAATAAACTTAATCAG CTTTG (SEQ ID NO:5)
SNP6	15.159.947	C	T	AAAATTTACCTTTAGAGTTTGGACT CGCTGCCACTGGAAATCGACTCACT CACTAGCACTGATCTGAGACTTTTA[C/T]AAAAATGGAGAAAGACTTTTA CATGAGTTGGTAACACATACGGTGA CCAACCTCCAACAACAATCATCGCC TTAC (SEQ ID NO:6)
SNP7	15.182.361	T	C	CACCTCTTAGATGCAGGGTTGATAG TTTTTGGACTCGTAGTGCCTAGTT AGACGCCTAATTTTCTTCATAAAGG [C/T]TCTCAACTTTTCTTAATTTGAG TTCTAAAGTGATTTTCAGTGAGTAA AGAAGTGATTCCTCGAGTCTTATTT ATA (SEQ ID NO:7)
SNP8	15.229.617	G	A	AAATGAAGTTAAACCGAAAAAAGT GTGCTTTCGGAGTAGCTTCAGGCAA GTTTCTAGGCTTCATGGTCAATCAT A[A/G]AGGAATTAAAGCAAATCTAG ACAAGATACGAGCTGTCCTGGAGA TGGAGTCTCCTAAGACACTAAAGCA ACTTCA (SEQ ID NO:8)
SNP9	15.341.020	C	T	AAGGGTGATTGTACAAGAGAAGGA TTTGTAGCTAAGAATGGACATAAGG AAAGAGAGAGGACGCATGATAGTA TG[C/T]GATTAAGGCAGACGCATGG TATTATATGGTAAGCTGAAACGTAT AGTAGTATGCGTTTAAGACTTAAAC ACCTAG (SEQ ID NO:9)
SNP10	15.425.952	A	G	ATGTTTGATTGAAACCAAAAACCAG AAGAATTCGAAGCTCAACCCAATCC CAAGAAAGAGGAGTTGGAAGTGGT G[A/G]AAACGGGAGAAGAAGAAGA AGAACAACAACAACAACAAGATGC TGAATCTTACTGTTTCAAGTTTACT GGGTAGA (SEQ ID NO:10)

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP11	15.573.767	G	A	GTTTGGTGAATATCTGAAACATACA AAATGGATTTAATTGTGTAGATAAA TTCATTGTTTAGAAACTTTCAAATT[A/G]AATTGAAATTTCAAATTAAAAT GATGTTTCATGTACAAATTTAACAT GTATGAAAGTTAAATTTGTAGTTTC TTC (SEQ ID NO:11)
SNP12	15.638.032	A	G	TTTGTATCTACTTTCTAAAAGTGT TCTAAAAAACCAATCAATGGTTTGG AAACTAGTTTTCAAAAATTTATTTT TGTTTTTAA[A/G]AATTTGACGAAA AATTCAAAAGTTTCTTTAAGAAAGG TTGAAGCTATAGTAAAGAATTINTG AGG (SEQ ID NO:12)
SNP13	15.961.924	G	T	CAAAAGTTGCATGATATAGTAATAG CCAAACACATAATGTAATGTAAAGT ATCCGAAGGTCGTAGTAATTCTCTT[G/T]ACTTACATTAAACAGCAACAATG GAAGGAAAAAAAAAACCCAAATAAG TACCCAAAAATTAAAGAATACTTTC TATG (SEQ ID NO:13)
SNP14	15.984.532	A	G	TTGTAGAAATTAAACCCACAAATGA TAGAAATCGAACTCTCACATTTGTA CGATTATTACAATTTGTACAATTAT[A/G]TTAGTCTGAGAGTTCAATTTTA ACATTTGTATAAGTTTGAAGTCTCA ATTTTAAAAATTAAAAGTTTAAGGG GAT (SEQ ID NO:14)
SNP15	16.021.388	G	A	TGGAGTCACCCCTTCGTCGGCCATAT TCTCGCATTTCCTCCGTCCTCAGTT GCAGCGCTCCAGCCTTCACGGTGCG [A/G]CCTTAATCGCAGTTCACAGCA TTGTGGCATCGTCATAGTTGTGCGG CCGCAGCATCTTGGTCGTCGCGCCC CAGC (SEQ ID NO:15)
SNP16	16.540.678	A	G	ACTTTTCTAAAAACAACCATTACT TATGCAATATGATTGATTCCTAATT TCTTGAAACCAAGTTAATAAGCATA [A/G]CATTAAGATTAGTCATGATCA ACTTTTCTAATAACCTAGCTATTTA ATTAATAGAGATTCAATGCTATAGA TCC (SEQ ID NO:16)

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP16a	16.610.755	A	G	ATGAGGGAAGAACACTCGAATTGG TTCTCTAGGTGGGAAGAGGAGCTTC CATCTCCAGATGAATTGATGCCTCT TTCTCAAACCTAATAACCCCCGAT CTAGCTTTGGCCTTTGATATTCAGA ATCCCAGCAATAGCAGTCCGCCGTT GCCTTGTCATCTCCGCCGCTTTCG AATCCTCTGCCTGGCTCTGGCAACG GAATTGCGCAGCCCAACTCGGCGG ATTTCGGCGATTCTGCCGATTTGGG CTCCGGCGCCGCCAGCGACGAGCC GGCTCGGACCCTCAAGCGACCACG CCTTGTTTGGACGCCTCAGCTCCAC AAGCGATTTCGTGATGCTGTTGCTC ATTTAGGGATAAAAAATGCCGTCCC CAAGACCATAATGCAGCTCATGAGT GTCGATGGCTTGACCCGAGAGAAC GTAGCTA[A/G]CCATTTGCAGAAGT ACCGCCTCTATCTCAAGCGGATGCA GGGGTTGTCTCCGGCGGCGGCGGT GGTGGTGGTGGCTTGGTTGCTTCCT CCGATCCCGCCACTGACCATTGTGTT TGCCAGCTCCCCAGTTCCACCCCAT TTGCTTCACTCTGCTCGCACCAGTT CAGACCATTCTTGCCCTTTGTTCCC ATGGCCACTCTGCAGCAGCACCACC ATCACCAGCAGCAGATGGCCGCTG CTGCTGCTGTCGCCGTCCATCCGCA GCTCCAGCCGCCTTATCATCGGCAG GTCGGGCATTTCCGGTCAACGCCGA ATGGCCAGTTTGAGCATCCATTTT AGCTAGACAGTCCCAGCCTATCCAT AGAATGGGAGCACCAGTGCCTAAT TCAGTTCCTAATTACATAGAGGATT TGGAATCAGCCAATGCCAGTGGAG GAAGAAAAGTTCTCACCTTATTTCC TACTGGGGATGATTGA (SEQ ID NO: 30)

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP17	16.908.561	G	A	ATGTAATTAGAGTAAGTATCCATAT GAAATATGATCCAATCGATATTTGA AATAATTAACAACTTGCTACTAAA [A/G]AAAACTTTAGCTTTTAAACCT ACACAAATTTAATATATGAAATACA CTTTTGATCTGGTTGAATCCAATTC TAA (SEQ ID NO:17)
SNP18	17.231.215	C	A	TTTACTCAAATTTTAAAAAACTTGT TTTGTTTTTAGAACGGTGAAAATTA CCATAATTTAAAAATTGGAAGGAA C[A/C]AATATAAATTTTAAAGGAAA AAAAAACAAAAAAATTAAACAAA ATCGTTGCAAAAAGACCTTTAATTA TATTGA (SEQ ID NO:18)
SNP19	17.429.279	G	A	TCTACCAATCTTACTCTATTAATTCT CCCAATTTTTATTAGAAAAATCTTA AGAAAATTCTTATTCCCATAAGCG[A/G]TTCCACAAACCAGATCTTTGC GCCGAGTCATAGCGAGGAAGATCTC TTGGAAAAGAAAGACTACAAGGAG AAGAC (SEQ ID NO:19)
SNP20	17.675.772	T	C	AACATTTTACTATAAATTTTGGAAA CACATTCACATATTATTTCTTTAC ATAAAAATTATTGTTGTTATTTAA[C /T]CAATTTCAATAAAAAATTAACTTT GAGAGACTAAATTTAAGATTTATTA AAAATACATAAATTTAAATTTGGAC AAT (SEQ ID NO:20)
SNP21	17.819.497	G	T	AACATCCTAAAACCTATGAGTTTAGC CACGGATAGACATCAAATACATAC ATTCATATGAGTTCTCAAGCATAAA A[G/T]TAAAAGAGAAAGAGAACTT AGGAAGAAAGACTCTCGAATTGCTT CCCCGCGTTGAATTCCTTCGATCTC CACTT (SEQ ID NO:21)
SNP22	18.708.457	G	C	CTTTTCAGGTGGCTACTCCTAAACA TTTCTTTACAGGTGGGTGCTTCTAG CATGACAGTTTACGTAGTATTTGG CAGA[C/G]TTACTGGCTCGATAAGC ATGGGGATGCCATGGAGAGCGTTG TTGATCAGCTTGCACGAAGTCTATC AGAGA (SEQ ID NO:22)

Таблиця 1

Назва SNP маркера	Фізичне положення (в парах основ) на хромосомі 4 відповідно до ICUGI.org version 1 генома	SNP нуклеотид в рослині, яка містить мутантний wor1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка містить wor1)	SNP нуклеотид в рослині, яка містить немутантного типу WOP1 алель (як виявлено в NCIMB42533 рослині, яка втратила wor1)	Послідовність, яка містить SNP (з SNP зазначеним в дужках жирним)
SNP23	18.942.612	G	T	ATATGTCATTAATAAAATTGCTAACT AGACTAAAAATTTAGATGTCTAAAC ACATATGTTGCTTAGGGTGTGCCAAA TAATC[G/T]GATTGATATATATGGA AATTTACGATCATAGAATAATTATT TTAGGGCCATTTTTTAATTGACGTT TAA (SEQ ID NO:23)
SNP24	21.897.585	C	A	TCAGATGAGTGACGTTCAATTTGTC TATTTTATTTGTACAATCAATGATCA CAACAAAGCTATTTATATTTTCAAT[A/C]ATTCTATTTTGTGTATAGTAA TTTGTATATAGTAATTTCTGTTATC CTAAACTATTTTCATTCTTCTAAGTA (SEQ ID NO:24)

Коли посилання робиться конкретні SNP, посилання або робиться на конкретний нуклеотидний номер SNP та/або на повну послідовність, яка містить SNP. Наприклад, SNP1 стосується в даному документі або нуклеотиду 76 із SEQ ID NO: 1, або нуклеотиду 76 з послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1, та/або, SNP1 стосується SEQ ID NO: 1, або послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1. Для позначення обох можливостей дужки використовуються наступним чином: SNP1 стосується в даному документі (нуклеотиду 76 із) SEQ ID NO: 1, або (нуклеотиду 76 із) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1.

Таким чином, SNP1а стосується в даному документі (нуклеотиду 76 з) SEQ ID NO: 29, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 29; SNP1 стосується в даному документі (нуклеотиду 76) із SEQ ID NO: 1, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1; SNP2 стосується (нуклеотиду 76 із) SEQ ID NO: 2, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:2; SNP3 стосується (нуклеотиду 76 із) SEQ ID NO: 3, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:3; SNP4 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 4, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:4; SNP5 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 5, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:5; SNP6 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 6, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:6; SNP7 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 7, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:7; SNP8 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 8, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:8; SNP9 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 9, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:9; SNP10 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 10, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:10; SNP11 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 11, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:11.

97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:11; SNP12 стосується (нуклеотид 86 із) SEQ ID NO: 12, або (нуклеотид 86 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:12; SNP13 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 13, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:13; SNP14 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 14, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:14; SNP15 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 15, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:15; SNP16 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 16, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:16; SNP16a стосується (нуклеотид 428 із) SEQ ID NO: 30, або (нуклеотид 428 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:30; SNP17 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 17, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:17; SNP18 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 18, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:18; SNP19 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 19, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:19; SNP20 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 20, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:20; SNP21 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 21, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:21; SNP22 стосується (нуклеотид 80 із) SEQ ID NO: 22, або (нуклеотид 80 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:22; SNP23 стосується (нуклеотид 81 із) SEQ ID NO: 23, або (нуклеотид 81 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:23; SNP24 стосується (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 24, або (нуклеотиду 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:24. Ідентичність послідовності переважно визначається попарним вирівнюванням послідовностей однієї і тієї самої довжина.

В одному аспекті, ген WOP1 та копія мутантного алеля розташовуються на ділянці між 8,3 Мо (SNP1a) або 11,9 Мо (SNP1) та 21,8 Мо (SNP24), переважно між 14,4 Мо (SNP3) та 18,9 Мо (SNP23) хромосоми 4. В іншому аспекті, ген WOP1 та копія мутантного алеля розташовуються на ділянці між 16,5 Мо (SNP16) та 16,9 Мо (SNP17). В іншому аспекті, ген WOP1 та копія мутантного wop1 алеля є зв'язаними з SNP16a, або з SEQ ID NO: 30, або послідовністю, яка містить щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 30, переважно аденіну в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30.

Оскільки нуклеотид 11.906.147 хромосоми 4 представляє собою SNP1, та нуклеотид 21.897.585 представляє собою SNP24 в даному документі, то копія мутантного алеля, в одному аспекті, розташовується між (нуклеотидом 76 із) SEQ ID NO:1 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:1 та (нуклеотидом 76 із) SEQ ID No: 24 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:24.

Оскільки нуклеотид 8.385.759 хромосоми 4 представляє собою SNP1a, та нуклеотид 21.897.585 представляє собою SNP24 в даному документі, то копія мутантного алеля, в одному аспекті, розташовується між (нуклеотидом 76 із) SEQ ID NO:29 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:29, та (нуклеотидом 76 із) SEQ ID NO 24 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:24.

В іншому аспекті, ген WOP1 та копія мутантного алеля розташовуються на ділянці між 14,4 Мо (SNP3) та 18,9 Мо (SNP23).

Оскільки нуклеотид 14.402.485 представляє собою SNP3 в даному документі та нуклеотид 18.942.612 представляє собою SNP23 в даному документі, то копія мутантного алеля в іншому аспекті, розташовується між (нуклеотидом 76 із) SEQ ID NO:3 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:3 та (нуклеотидом 81 із) SEQ ID No: 23 або (нуклеотидом 81 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність

послідовності до SEQ ID No:23.

В іншому аспекті, ген WOP1 та копія мутантного алеля розташовується на ділянці між 16,5 Мо (SNP16) та 16,9 Мо (SNP17).

Оскільки нуклеотид 16.540.678 представляє собою SNP16 в даному документі та нуклеотид 16.908.561 представляє собою SNP17 в даному документі, копія мутантного алеля, в іншому аспекті, розташовується між (нуклеотидом 76 із) SEQ ID NO:16 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:16 та (нуклеотидом 76 із) SEQ ID No: 17 або (нуклеотидом 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID No:17.

В подальшому варіанті здійснення, мутантний алель розташовується на ділянці між будь-якими двома SNP маркерами, вибраними з групи, яка складається з SNP1a по SNP24; або між будь-якими двома SNP маркерами, вибраними з групи, яка складається з SNP1 по SNP24; або між будь-якими двома SNP маркерами, вибраними з групи, яка складається з SNP3 по SNP23. Таким чином, наприклад, в одному аспекті мутантний wor1 алель є знайденим між SNP1 (або SNP1a) та SNP3, між SNP2 та SNP4, між SNP3 та SNP5, між SNP4 та SNP6, тощо, аж до між SNP22 та SNP24. В одному аспекті мутантний wor1 алель є знайденим між SNP3 та SNP5, або між SNP4 та SNP6, або між SNP5 та SNP7, або між SNP6 та SNP8, тощо, аж до між SNP21 та SNP23. В переважному аспекті мутантний wor1 алель є знайденим між SNP16 та SNP17.

Точне картування та/або секвенування можуть бути здійснене для того, щоб визначити, між якою парою маркерів SNP розташовується мутантний алель, та/або ідентифікувати сам ген. Наприклад, порівняння геномної послідовності хромосоми 4 на ділянці між SNP1 (або SNP1a) та SNP24 (або між SNP3 та SNP23) між рослиною, гомозиготною щодо немутантного типу WOP1 гена, та рослиною, гомозиготною щодо мутантного wor1 гена, дозволяє ідентифікувати самого гена. В одному аспекті, ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, в даному документі названий як протеїн WOP1. Один мутантний wor1 алель відповідно до винаходу представляє собою мутантний алель, який містить нуклеотидну послідовність із SEQ ID NO: 30, яка кодує мутантний WOP1 протеїн із SEQ ID NO: 31, але інші мутантні wor1 алелі також охоплюються в даному документі, як описано в інших місцях в даному документі.

В одному аспекті, мутантний wor1 алель є зв'язаним з (переважно близько зв'язаний з) щонайменше одним молекулярним маркером, переважно SNP маркером (або послідовністю, яка містить SNP маркер, або послідовністю, яка містить щонайменше 90 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до послідовності, яка містить SNP маркер) вибраним з групи, яка складається з SNP1a, SNP1, SNP2, SNP3, SNP4, SNP5, SNP6, SNP7, SNP8, SNP9, SNP10, SNP11, SNP12, SNP13, SNP14, SNP15, SNP16, SNP16a, SNP17, SNP18, SNP19, SNP20, SNP21, SNP22, SNP23 та SNP24. В одному аспекті wor1 алель є зв'язаним з, переважно близько зв'язаний з, щонайменше одним маркером, вибраним з групи, яка складається з SNP3, SNP4, SNP5, SNP6, SNP7, SNP8, SNP9, SNP10, SNP11, SNP12, SNP13, SNP14, SNP15, SNP16, SNP16a, SNP17, SNP18, SNP19, SNP20, SNP21, SNP22 та SNP23. В подальшому аспекті мутантний wor1 алель є зв'язаним з SNP16, SNP16a та/або SNP17, переважно з щонайменше SNP16a, наприклад, з аденином при нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30.

Мутантний алель гена WOP1 представляє собою, в одному аспекті, мутантний алель, як виявлено в насінні, депонованому під номером доступу NCIMB42533, або його потомстві. Мутантний алель містить мутацію в геномній ДНК (ідентичній до кДНК та мПНК, внаслідок чого в мПНК "Тіамін" є заміщеним на "Урацил") із SEQ ID NO: 30, що в результаті призводить до експресії мутантного WOP1 протеїну (SEQ ID NO: 31). Мутантний WOP1 протеїн містить одне амінокислотне заміщення серину 143 (заміщений на аспарагін). Дане амінокислотне заміщення знаходиться в консервативному домені, названому як туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF класу. Фактично амінокислотне заміщення знаходиться в С-кінці такого консервативного домену, в SHAQKYF домені. туб-Подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF класу є високо релевантним щодо тривимірної структури протеїну та містить декілька альфа-спіралей. Амінокислотне заміщення в даному консервативному домені призводить до зниженої функції протеїну, можливо навіть до втрати-функції, в порівнянні з немутантного типу WOP1 протеїном із SEQ ID NO: 32.

Мутантний wor1 алель, як виявлено в депонованому насінні, представляє собою один аспект винаходу. Однак, також різні мутантні алелі гена WOP1, які викликають необов'язкову партенокарпію, коли в гомозиготній формі, представляють собою варіанти здійснення винаходу. Такі різні мутантні wor1 алелі можуть бути згенеровані кваліфікованим фахівцем без надмірного навантаження. Кваліфікований фахівець може, наприклад, генерувати інші мутанти в гені WOP1 та визначати, чи вони однаково в результаті призводять до необов'язкової партенокарпії, коли в

гомозиготній формі в диплоїдній кавуновій рослині.

Як зазначалось, ген WOP1 в кавуні, як було ідентифіковано, представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, який представляє собою невеликий протеїн, який містить консервативний домен "туб-подібного ДНК зв'язуючого SHAQKYF класу" з амінокислоти 97 до амінокислоти 150 із SEQ ID NO: 32. Консервативний домен є також зображений в SEQ ID NO: 35. Амінокислотне заміщення в SHAQKYF домені, який є частиною даного більшого консервативного домену від (та включаючи) амінокислоти 143 до (та включаючи) амінокислоти 150, було виявлено в необов'язковому партенокарпічному мутанті та є відповідальним за фенотип, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі. Мутантний протеїн із SEQ ID NO: 31, який містить S143N мутацію (заміщення серину 143 на аспарагін), таким чином, має знижену функцію або втрату-функції в порівнянні з немутантного типу протеїном із SEQ ID NO: 32, викликаючи необов'язкову партенокарпію в кавуні. Крім того, ідентифікованими були ортологи в гені WOP1 огірка та дині, що дозволило зробити партенокарпічні огіркові та диневі рослини без надмірного навантаження.

Маючи ідентифіковану нуклеотидну послідовність гена, кваліфікований фахівець може генерувати кавунові рослини, які містять мутанти в гені WOP1, використовуючи різні способи, наприклад, мутагенез, TILLING або CRISPR-Cas або інші способи, відомі в даній галузі. Зокрема, застосовуючи технології цільової модифікації гена, такі як Crispr-Cas, TALENS та інші, цільові мутації можуть бути отримані кваліфікованим фахівцем в даній галузі. Потім він може підтвердити фенотип рослини, гомозиготної щодо мутантного wor1 алеля, тобто, який є необов'язковою партенокарпічною, необов'язково в порівнянні з фенотипом рослини з номером доступу NCIMB42533 або його потомством. Таким чином кваліфікований фахівець не є обмеженим конкретним WOP1 мутантом, згенерованим авторами винаходу, та при цьому мутантний алель є присутнім в депонованому насінні, але кваліфікований фахівець може рівною мірою згенерувати інші мутації в wor1 алелі кавуна, та також огірка та дині, та, тим самим, згенерувати інші мутанти, що призводить до необов'язкової партенокарпії, коли в гомозиготній формі. Різні мутації можуть бути згенеровані та досліджені для отриманого в результаті фенотипу, наприклад, регуляторні елементи можуть бути мутованими для того, щоб знизити експресію (нокдаун) або виключити експресію (нокаут) алеля, та, таким чином, знизити або виключити кількість WOP1 протеїну, присутнього в клітині або рослині. Альтернативно, згенерованими можуть бути мутації які призводять до зниженої функції або втрати-функції протеїну WOP1, тобто мутації (такі як міс.-сенсові мутації або мутації зсуву рамки зчитування), які призводять до того, що одна або декілька амінокислот є заміщеними, вставленими або видаленими, або внаслідок чого протеїн є усиченим через введення стоп-кодону в кодуєчу послідовність (несенсові мутації). Оскільки протеїн WOP1 містить великий консервативний домен, "домен туб-подібного ДНК зв'язуючого SHAQKYF класу", який охоплює менший консервативний домен, SHAQKYF домен", то він, в одному аспекті, є охоплений тим, що одна або декілька амінокислот є заміщеними, видаленими або вставленими в один з даних доменів, оскільки такі мутації будуть подібним чином знижувати протеїнову функцію або в результаті призводити до втрати функції. Чи в результаті мутація призводить до очікуваного фенотипу (необов'язкова партенокарпія), потім може бути досліджено шляхом генерування рослин, гомозиготних щодо мутації через самозапилення та вирощування рослинної лінії з та без запилення квітів для того, щоб побачити, чи розвиваються плоди за необов'язковим партенокарпічним шляхом.

Альтернативно, кваліфікований фахівець може здійснити спосіб щодо продукування необов'язкової партенокарпічної культивованої кавунової рослини, який включає стадії:

а) введення мутацій в популяцію кавунових рослин, зокрема культивованої кавунової рослини або забезпечення популяції мутованих рослин або її потомства;

б) відбір рослини, яка продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток, та яка продукує насінний плід після запилення жіночих квіток;

с) необов'язково визначення, чи рослина, відібрана на стадії б), містить мутантний алель гена WOP1; та

д) необов'язково вирощування рослини, отриманої на стадії с).

Стадії б) та с) можуть бути переключені, так що стадія б) представляє собою відбір рослини, яка містить мутантний алель гена WOP1, та стадія с) представляє собою визначення чи є рослина (або її потомство, продуковане самозапиленням) тою, яка продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток, та яка продукує насінний плід після запилення жіночих квіток.

Стадія а) може бути здійснена, наприклад, шляхом мутагенезу насіння однієї або декількох ліній або сортів кавуна, наприклад, шляхом обробки мутагенними агентами, такими як хімічні мутагени, наприклад, EMS (етилметансульфонат), або опроміненням УФ-випромінюванням,

рентгенівським випромінюванням або гамма-променями або тому подібним. Популяція, наприклад, може представляти собою TILLING популяцію. Переважно піддана мутагенезу рослинна популяція самозапилюється щонайменше один раз (наприклад, для отримання покоління M2, або M3, M4 і т.д.) перед проведенням стадії b). На стадії b) що стосується фенотипування, рослини переважно вирощують у середовищі, яке є захищеним від комах, щоб уникнути присутності запилювачів. Регулярне візуальне обстеження жіночих квіток, зав'язування плоду таких квіток без запилення та візуальне обстеження зрілих плодів (наприклад, щодо присутності життєздатного насіння або безкісточкових) можуть бути здійснені для ідентифікування мутантів, які продукують безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток. Такі рослини, або їх потомство від самозапилення, можуть бути досліджені щодо присутності мутантного WOP1 гена шляхом запилення жіночих квіток для того, щоб побачити чи є плоди насіннєвими після запилення, генотипування рослин щодо мутацій в гені WOP1 та кодованого протеїну, або експресії гена WOP1, або генотипування рослини щодо одного або декількох або всіх із SNP1 (або SNP1a) до SNP24, дослідження алелізму, наприклад, шляхом схрещування рослин з рослинами, які містять wor1, отриманий з насіння, депонованого під номером NCIMB42533, секвенування та іншими способами, відомими кваліфікованому фахівцю. Існують, таким чином, різні способи, або комбінації способів, щодо перевірки того, чи фенотипічно відібрана рослина містить мутантний алель гена WOP1 на хромосомі 4. Якщо стадія b) представляє собою відбір рослини, яка містить мутантний алель гена WOP1, кваліфікований фахівець також може використовувати різні способи щодо виявлення ДНК, мРНК або протеїнового гена WOP1 для того, щоб ідентифікувати рослину, яка містить мутантний wor1 алель. Геномна кодує ДНК немутантного типу WOP1 гена, який кодує функціональний WOP1 протеїн (SEQ ID NO: 32), представляє собою ДНК із SEQ ID NO: 30, за виключенням того, що аденін в нуклеотиді 428 представляє собою гуанін. Промотор знаходиться проти хода транскрипції даної послідовності та може, наприклад, бути витягнута шляхом секвенування або з геномної бази даних кавуна.

В одному аспекті мутантний алель гена WOP1 представляє собою мутантний алель, який в результаті призводить до зниженої експресії або відсутності експресії гена WOP1, або представляє собою мутантний алель, який в результаті призводить до того, що одна або декілька амінокислот кодованого WOP1 протеїну є заміщеною, вставленою або видаленою, в порівнянні з немутантного типу WOP1 протеїном.

В одному аспекті мутантний алель гена WOP1 може бути отриманим з насіння, депонованого під номером доступу NCIMB42533 або його потомства, наприклад, шляхом схрещування рослини, яка містить одну або дві копії мутантного wor1 алеля з іншої культивованої кавунової рослини. Для відбору або ідентифікування рослини, яка містить одну або дві копії мутантного wor1 алеля, як виявлено в NCIMB42533, визначенням може бути SNP генотип одного або декількох або всіх SNP маркерів, відібраних з SNP1 (або SNP1a) до SNP24 (або SNP3 до 23). Зокрема, в одному аспекті генотип SNP16a може бути визначеним та використовуваним для відбору потомство рослини, яка містить аденін в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30 та, таким чином, яка містить мутантний wor1 алель. Диплоїдна рослина, гетерозиготна щодо wor1 (тобто wor1/WOP1) буде гетерозиготною щодо SNP маркерів, наприклад, будуть мати генотип "AG" для SNP1 (тобто рослина містить одну хромосому 4, яка має Аденін, А, в нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 1 або в нуклеотиді 76 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID NO:1, та друга хромосома 4, яка має Гуанін, Г, в нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 1, або в нуклеотиді 76 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID NO:1), тоді як рослина, гомозиготна щодо wor1 (тобто wor1/wor1) будуть мати генотип "AA" для SNP1 (тобто рослина містить дві хромосоми 4, обидві з яких мають Аденін, А, в нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 1, або в нуклеотиді 76 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID NO:1). Або диплоїдна рослина, гетерозиготна щодо wor1 (тобто wor1/WOP1) буде гетерозиготною для SNP16a, тобто будуть мати генотип "AG" для SNP16a (тобто рослина містить одну хромосому 4, яка має Аденін, А, в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30, або в нуклеотиді 428 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID NO:30, та друга хромосома 4, яка має Гуанін, Г, в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO: 30, або в нуклеотиді 428 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до SEQ ID NO:30), тоді як рослина, гомозиготна для wor1 (тобто wor1/wor1) буде мати генотип "AA" для SNP16a (тобто рослина містить дві хромосоми 4, обидві з яких мають Аденін, А, в нуклеотиді 428 із SEQ ID NO:30, або в нуклеотиді 428 послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або більшу ідентичність послідовності до

SEQ ID NO:30). Те ж саме є справедливим для інших маркерів, розкритих в Таблиці 1. Аналогічним чином, SNP генотип триплоїдів, гомозиготних для *wor1* буде представляти собою "AAA" для SNP1 та/або для SNP16a, та може відрізнятися від інших генотипів "AAG", "AGG" та "GGG". Те ж саме є справедливим для тетраплоїдів або інших поліплоїдів. Таким чином, SNP генотип тетраплоїда, гомозиготний щодо *wor1* буде представляти собою "AAAA" та може відрізнятися від інших генотипів "AAAG", "AAGG", "AGGG" та "GGGG". В одному аспекті SNP16a є зв'язаним з мутантним *wor1* алелем, та відібраними можуть бути рослини, які містять Аденін для SNP16a.

Рослини та частини рослини відповідно до винаходу

В одному варіанті здійснення передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина (така як клітина, тканина, орган, плід, тощо), яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою *WOP1*, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі. Як зазначалось вище, ген *WOP1* розташовується на хромосомі 4 генома культивованого кавуна. Весь геном кавуна є секвенованим, дивіться Guo et al. 2013, Nature Genetics, page 51-60 та база даних послідовностей є доступною для всіх хромосом. В Таблиці 1 вище, показаними є SNP маркери від SNP1 (та SNP1a) до SNP24, включаючи їх фізичне положення на хромосомі 4. Таким чином, в одному аспекті, ген розташовується в ділянці, починаючи на парі основи 11.906.147 (SNP1) та закінчуючи на парі основи 21.897.585 (SNP24) хромосоми 4. В іншому аспекті, ген розташовується в ділянці, починаючи на парі основи 8.385.759 (SNP1a) та закінчуючи на парі основи 21.897.585 (SNP24) хромосоми 4. В подальшому аспекті ген розташовується в ділянці, починаючи на парі основи 16.540.678 (SNP16) та закінчуючи на парі основи 16.908.561 (SNP17).

Іншими словами, передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою *WOP1*, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується в ділянці, починаючи в (нуклеотиді 76 із) SEQ ID NO: 1 (SNP1), або в (нуклеотиді 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1 (SNP1), та закінчуючи в (нуклеотиді 76 із) SEQ ID NO: 24 (SNP24) або в (нуклеотиді 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24 (SNP24). В іншому аспекті, ген розташовується на ділянці, починаючи в (нуклеотиді 76 із) SEQ ID NO: 29 (SNP1a), або в (нуклеотиді 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 29 (SNP1a), та закінчуючи в (нуклеотиді 76 із) SEQ ID NO: 24 (SNP24) або в (нуклеотиді 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24 (SNP24). В подальшому аспекті ген розташовується в ділянці, починаючи в (нуклеотиді 76 із) SEQ ID NO: 16 (SNP16), або at (нуклеотид 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 16 (SNP16), та закінчуючи при (нуклеотид 76 із) SEQ ID NO: 17 (SNP17) або at (нуклеотид 76 з) послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 17 (SNP17).

В одному аспекті мутантний алель представляє собою мутантний алель гена, який кодує протеїн *WOP1* із SEQ ID NO: 32 або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32 (немутантного типу функціональний протеїн), внаслідок чого мутантний алель має знижену експресію або відсутність експресії, або внаслідок чого мутантний алель кодує мутантний *WOP1* протеїн, який містить одну або декілька амінокислот, заміщених, вставлених або видалених, в порівнянні з немутантного типу протеїном. В одному варіанті здійснення одне або декілька амінокислотних заміщень, вставок або делецій включає або складається із заміщення, вставки або делеції однієї або декількох амінокислот в одному або обох консервативних доменах. Мутантний протеїн має зниження-функції або втрату-функції в порівнянні з немутантного типу протеїном (та, таким чином, в порівнянні з немутантного типу рослиною, яка містить немутантного типу *WOP1* ген), переважно рослинна клітина або рослина, яка містить мутантний алель в гомозиготній формі, є необов'язковою партенокарпічною.

Коли в даному документі посилання робиться на SNP нуклеотид або SNP генотип в конкретному нуклеотидному положенні, наприклад, в нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 1, "або при нуклеотиді 76 з послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO:", це означає, що SNP нуклеотид або SNP генотип є присутнім в варіантній послідовності в нуклеотиді, що відповідає одному і тому самому

нуклеотиду (наприклад, що відповідає нуклеотиду 76 із SEQ ID NO: 1) в варіантній послідовності, тобто в послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до зазначеної SEQ ID NO. Це може бути, наприклад, таким, що варіантна послідовність є на один або декілька нуклеотидів коротшою, але, коли одна попарно

5 вирівнює варіантну послідовність із зазначеною SEQ ID NO, можна бачити, який нуклеотид варіантної послідовності відповідає одному і тому самому нуклеотиду. В варіантній послідовності він, наприклад, може представляти собою нуклеотид з номером 75 або 77 такої варіантної послідовності, яка відповідає нуклеотиду 76 із зазначеної послідовності.

В одному аспекті передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина, яка

10 містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується між SEQ ID NO: 1 (яка містить SNP1), або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1, та SEQ ID NO: 24 (яка містить SNP24), або

15 послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24. В іншому аспекті, зазначений ген розташовується між SEQ ID NO: 29 (яка містить SNP1a), або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 29, та SEQ ID NO: 24 (яка містить SNP24), або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 %

20 ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24.

В іншому аспекті, ген розташовується в ділянці, починаючи на парі основи 14.402.485 (SNP3) та закінчуючи на парі основи 18.942.612 (SNP23) хромосоми 4.

Іншими словами, передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений

25 мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується в ділянці, починаючи в нуклеотиді 76 із SEQ ID NO: 3 (SNP3), або в нуклеотиді 76 з послідовності, яка містить щонайменше 95 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 3 (SNP3), та закінчуючи в нуклеотиді 81 із SEQ ID NO: 23 (SNP23) або в нуклеотиді 81 з послідовності, яка

30 містить щонайменше 95 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 23 (SNP23).

В подальшому аспекті, передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений

35 мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується між SEQ ID NO: 3 (яка містить SNP3), або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 3, та SEQ ID NO: 23 (яка містить SNP23) або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 23.

В подальшому аспекті передбаченою є культивована кавунова рослина, або її частина, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений

40 мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується між SEQ ID NO: 16 (яка містить SNP16), або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 16, та SEQ ID NO: 17 (яка містить SNP17), або

45 послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 17. В іншому аспекті, ген WOP1 представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32 або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32.

Мутантний алель представляє собою мутацію в ендегенному гені культивованого кавуна. Існування гена, який надає необов'язкову партенокарпію, та розташування гена в визначеній

50 ділянці на хромосомі 4, дає можливість кваліфікованому фахівцю генерувати інші de novo мутанти в гені, тобто в інших культивованих кавунових лініях або сортах. Інші лінії та сорти мають деякі варіації в їхньому геномі, тому генотип SNP може бути різним в різних генетичних

55 фонах, та тому SEQ ID NO: 1 до SEQ ID NO: 24 (та SEQ ID NO: 29) можуть не бути на 100 % ідентичними в інших генетичних фонах з послідовностями, передбаченими в даному документі, але можуть містити щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до послідовностей представлених як SEQ ID NO: 1 до SEQ ID NO: 24 (та SEQ ID NO: 29). Тим не менш, кваліфікований фахівець може, без надмірного навантаження, генерувати рослини

60 відповідно до винаходу, наприклад, шляхом здійснення способу ідентифікування мутантів в

мутантній популяції, яка ґрунтується, наприклад, на фенотипі, як описується де-небудь в даному документі, та подальший аналіз генетичної спадковості, картування мутації, або секвенування ділянки хромосоми 4, дослідження алелізму, тощо, для перевірки того, що фенотип обумовлюється мутацією в гені WOP1, яка розташовується на хромосомі 4 між SNP1 (або SNP1a) та SNP24, переважно між SNP3 та SNP23, більшу переважно між SNP16 та SNP17.

Як зазначалось вище, оскільки ген WOP1, як було ідентифіковано, представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32 (немутантного типу протеїн) в нормальних, непартенокарпічних кавунових рослинах, інші мутанти, ніж мутанти, згенеровані авторами винаходу (які кодують мутантний протеїн із SEQ ID NO: 31) можуть бути згенеровані de novo. Оскільки природна варіація може існувати в немутантного типу функціональних WOP1 протеїнах, немутантного типу WOP1 протеїн не повинен бути на 100 % ідентичним до протеїну із SEQ ID NO: 32, але може мати меншу ідентичність послідовності, наприклад 95 %, 96 %, 97 % або 98 %, коли вирівнюються попарно протягом всієї довжини. В одному аспекті, консервативний туб-подібний домен ДНК-зв'язуючого SHAQKYF-класу, є, однак, на 100 % ідентичним до того, що із SEQ ID NO: 32, тобто має послідовність SEQ ID NO: 35, в таких немутантного типу варіантних протеїнах, таким чином, такі WOP1 гени є охопленими мутантами, які містяться в генах, які кодують WOP1 протеїни, причому протеїни містять щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, коли вирівняний по всій довжині, та такі протеїни містять консервативний туб-подібний домен ДНК-зв'язуючого SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35.

В подальшому аспекті рослина відповідно до винаходу представляє собою культивовану кавунову рослину або її частину, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген є зв'язаним з нуклеотидною послідовністю, вибраною з групи, яка складається з SEQ ID NO: 1 або послідовністю, яка містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 1; SEQ ID NO: 2 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 2; SEQ ID NO: 3 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 3; SEQ ID NO: 4 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 4; SEQ ID NO: 5 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 5; SEQ ID NO: 6 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 6; SEQ ID NO: 7 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 7; SEQ ID NO: 8 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 8; SEQ ID NO: 9 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 9; SEQ ID NO: 10 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 10; SEQ ID NO: 11 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 11; SEQ ID NO: 12 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 12; SEQ ID NO: 13 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 13; SEQ ID NO: 14 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 14; SEQ ID NO: 15 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 15; SEQ ID NO: 16 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 16; SEQ ID NO: 30 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 30; SEQ ID NO: 17 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 17; SEQ ID NO: 18 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 18; SEQ ID NO: 19 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 19; SEQ ID NO: 20 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 20; SEQ ID NO: 21 або нуклеотидною

послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 21; SEQ ID NO: 22 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 22; SEQ ID NO: 23 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 23; SEQ ID NO: 24 або нуклеотидною послідовністю, яка має щонайменше 95 %, 96 %, 97 %, 98 % або 99 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 24. В одному аспекті мутантний wor1 алель є зв'язаним з будь-якою однією із зазначених вище послідовностей, або з SNP, присутнім в таких послідовностях, на фізичній відстані 2,5 Мо або менше, такий як 2,0 Мо або менше, 1,5 Мо або менше, 1,0 Мо або менше, 0,8 Мо або менше, 0,5 Мо або менше, 0,4 Мо або менше, 0,3 Мо або менше, 0,2 Мо або менше, 0,1 Мо або менше, 74 т.п.о. 50 т.п.о. 20 т.п.о. 10 т.п.о. 5 т.п.о. 2 т.п.о. 1 т.п.о. або менше. В іншому аспекті, мутантний wor1 алель є зв'язаним з будь-якою однією із зазначених вище послідовностей, або з SNP, присутнім в таких послідовностях, на фізичній відстані 0,5 Мо або менше, 0,4 Мо або менше, 0,3 Мо або менше, 0,2 Мо або менше, 0,1 Мо або менше, 74 т.п.о. 50 т.п.о. 20 т.п.о. 10 т.п.о. 5 т.п.о. 2 т.п.о. 1 т.п.о. або менше. Мутантний алель розташовується на ділянці хромосоми 4, починаючи в SNP1 (або в SNP1a) та закінчуючи в SNP24, переважно, починаючи в SNP3 та закінчуючи в SNP23, як описується де-небудь. Зв'язування може бути визначеним з використанням картування, наприклад, точного картування. Зв'язування також може бути виражене в сентіМорганах (сМ), таким чином, в одному аспекті, wor1 алель є зв'язаним з будь-яким одним із зазначених вище, маркерів в межах генетичної відстані 5 сМ або менше, наприклад 4 сМ, 3 сМ, 2 сМ, 1 сМ або менше.

В ще наступному аспекті рослина відповідно до винаходу представляє собою культивовану кавунуву рослину або її частину, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується між парою SNP маркерів, або між парою послідовностей, які містять маркери, вибрані з групи, яка складається з SNP1a (або SEQ ID NO: 29) та SNP3 (або SEQ ID NO: 3); SNP1 (або SEQ ID NO: 1) та SNP3 (або SEQ ID NO: 3); SNP2 (або SEQ ID NO: 2) та SNP4 (або SEQ ID NO: 4); SNP3 (або SEQ ID NO: 3) та SNP5 (або SEQ ID NO: 5); SNP4 (або SEQ ID NO: 4) та SNP6 (або SEQ ID NO: 6); SNP5 (або SEQ ID NO: 5) та SNP7 (або SEQ ID NO: 7); SNP6 (або SEQ ID NO: 6) та SNP8 (або SEQ ID NO: 8); SNP7 (або SEQ ID NO: 7) та SNP9 (або SEQ ID NO: 9); SNP8 (або SEQ ID NO: 8) та SNP10 (або SEQ ID NO: 10); SNP9 (або SEQ ID NO: 9) та SNP11 (або SEQ ID NO: 11); SNP10 (або SEQ ID NO: 10) та SNP12 (або SEQ ID NO: 12); SNP11 (або SEQ ID NO: 11) та SNP13 (або SEQ ID NO: 13); SNP12 (або SEQ ID NO: 12) та SNP14 (або SEQ ID NO: 14); SNP13 (або SEQ ID NO: 13) та SNP15 (або SEQ ID NO: 15); SNP14 (або SEQ ID NO: 14) та SNP16 (або SEQ ID NO: 16); SNP15 (або SEQ ID NO: 15) та SNP17 (або SEQ ID NO: 17); SNP16 (або SEQ ID NO: 16) та SNP18 (або SEQ ID NO: 18); SNP17 (або SEQ ID NO: 17) та SNP19 (або SEQ ID NO: 19); SNP18 (або SEQ ID NO: 18) та SNP20 (або SEQ ID NO: 20); SNP19 (або SEQ ID NO: 19) та SNP21 (або SEQ ID NO: 21); SNP20 (або SEQ ID NO: 20) та SNP22 (або SEQ ID NO: 22); SNP21 (або SEQ ID NO: 21) та SNP23 (або SEQ ID NO: 23); SNP22 (або SEQ ID NO: 22) та SNP24 (або SEQ ID NO: 24). Як зазначалось раніше, коли посилення робиться на SNP маркери, це включає SNP маркери в варіантних геномних послідовностях, таких як послідовність, яка містить щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO, яка містить SNP, та, аналогічним чином, коли посилення робиться на послідовності, це також включає варіантні геномні послідовності, такі як послідовність, яка містить щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO.

В ще наступному аспекті рослина відповідно до винаходу представляє собою культивовану кавунуву рослину або її частину, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений ген розташовується між парою SNP маркерів, або між парою послідовностей, які містять маркери, вибрані з групи, яка складається з SNP16 (або SEQ ID NO: 16) та SNP17 (або SEQ ID NO: 17).

В одному аспекті мутантний wor1 алель представляє собою алель як присутній в, та як може бути отриманий з рослин, вирощених з насіння, депонованого під номером доступу NCIMB42533, або його потомства, наприклад F1, F2, F3 або, крім того, самозапиленного потомства або BC1, BC2, BC3, тощо, або DH потомства, або тетраплоїдів або триплоїдів (або інших поліплоїдів), отриманих з використанням алеля, присутнього в NCIMB42533. В рослинах та частинах рослин, вирощених з насіння, депонованого під номером NCIMB42533, або його потомства, wor1 алель, в одному аспекті, може детектуватися шляхом SNP

генотипування з використанням одного, або декількох, або всіх з SNP1 (або SNP1a) до SNP24, переважно одного, або декількох, або всіх з SNP3 до SNP23, або підгрупи з даних SNP, зв'язаних з *wor1*. В одному аспекті підгрупа з SNP маркерів, зв'язаних з мутантним *wor1* алелем представляє собою один, або декілька, або всі з SNP1a, SNP1, SNP2, SNP12, SNP16, SNP16a, SNP19, SNP22 та SNP23. В одному аспекті, зокрема, SNP16a є зв'язаним з мутантним геном, оскільки він фактично є присутнім в протеїнкодуєчій послідовності мутантного *wor1* алеля. Як зазначалось додатково вище, SNP нуклеотид з SNP1 (або SNP1a) до SNP24, зв'язаний з мутантним *wor1* алелем, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, наводиться в таблиці 1, в колонці 3, та SNP нуклеотид з SNP1 (або SNP1a) до SNP24, зв'язаний з немутантного типу *WOP1* алелем, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, наводиться в таблиці 1, колонка 4. Коли генотипування рослини або частин рослини, отримане з NCIMB42533, SNP генотип для одного, або декількох, або всіх з SNP1 (або SNP1a) до SNP24, або для одного, або декількох, або всіх з SNP3 до SNP23, або для одного, або декількох, або всіх з їх підгрупи, наприклад одного, або декількох, або всіх з SNP1a, SNP1, SNP2, SNP12, SNP16, SNP16a, SNP19, SNP22 та SNP23, детектований генотип підтверджує, чи є мутантний алель *wor1* та/або немутантного типу *WOP1* алель присутнім, та скільки копій кожного є присутніми. Зокрема генотипування для SNP16a є достатнім, оскільки даний SNP знаходиться в кодуєчій послідовності алеля.

Таким чином, в одному аспекті рослина або частина рослини відповідно до винаходу містить щонайменше один (але необов'язково 2 в гомозиготному диплоїді, 3 в триплоїді або 4 в тетраплоїді або ще більше в інших поліплоїдах) "A" нуклеотид для SNP1a, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP1, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP2, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP3, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP4, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP5, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP6, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP7, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP8, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP9, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP10, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP11, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP12, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP13, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP14, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP15, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP16, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP17, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP18, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP19, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP20, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP21, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP22, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP23, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP24. В одному конкретному аспекті рослина або частина рослини відповідно до винаходу містить щонайменше один (але необов'язково 2 в гомозиготному диплоїді, 3 в триплоїді або 4 в тетраплоїді або ще більше в інших поліплоїдах) "A" нуклеотид для SNP16a.

В подальшому аспекті рослина або частина рослини відповідно до винаходу містить щонайменше один (але необов'язково 2 в гомозиготному диплоїді, 3 в триплоїді або 4 в тетраплоїді або ще більше в інших поліплоїдах) "C" нуклеотид для SNP3, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP4, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP5, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP6, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP7, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP8, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP9, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP10, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP11, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP12, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP13, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP14, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP15, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP16, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP16a, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP17, та/або щонайменше один "C" нуклеотид для SNP18, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP19, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP20, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP21, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP22, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP23.

В ще наступному аспекті рослина або частина рослини відповідно до винаходу містить щонайменше один (але необов'язково 2 в гомозиготному диплоїді, 3 в триплоїді або 4 в тетраплоїді або ще більше в інших поліплоїдах) "A" нуклеотид для SNP1a, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP1, та/або щонайменше один "T" нуклеотид для SNP2, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP12, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP16, та/або щонайменше один "A" нуклеотид для SNP16a, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP19, та/або щонайменше один "G" нуклеотид для SNP22, та/або щонайменше

один "G" нуклеотид для SNP23.

В ще наступному аспекті рослина або частина рослини відповідно до винаходу містить щонайменше один (але необов'язково 2 в гомозиготному диплоїді, 3 в триплоїді або 4 в тетраплоїді або ще більше в інших поліплоїдах) "A" нуклеотид для SNP16a, який представляє собою мутація в кодуєчій послідовності мутантного *wor1* алеля, присутнього в депонованому насінні.

SNP маркери, описані в даному документі можуть бути виявленими відповідно до стандартної методики. Наприклад, SNP маркери легко можуть бути виявленими з використанням KASP-аналізу (дивіться всесвітня комп'ютерна мережа kpbioscience.co.uk) або інших аналізів SNP генотипування. Для розробки KASP-аналізу, наприклад, відібраними можуть бути 70 пар основ проти хода транскрипції та 70 пар основ по ходу транскрипції SNP, та сконструйованими можуть бути два алель-конкретних прямих праймерів та один алель-конкретний зворотний праймер. Дивіться, наприклад, Allen et al. 2011, Plant Biotechnology J. 9, 1086-1099, зокрема, p097-1098 щодо способу KASP-аналізу.

Таким чином, в одному аспекті, SNP маркери та присутність/відсутність SNP нуклеотиду, асоційованого з *wor1* алелем, є визначеними з використанням KASP аналізу, але в рівній мірі можуть використовуватись інші аналізи генотипування. Наприклад, аналіз TaqMan SNP генотипування, аналіз Плавлення з високою роздільною здатністю (HRM), SNP- генотипування масиви (наприклад Fluidigm, Illumina, тощо) або ДНК секвенування, в рівній мірі, можуть бути використовуваними.

Генотипування диплоїдних рослин або частин рослини (клітини, листя, ДНК, тощо) можуть відрізнати SNP генотипи, наприклад рослини або частини, які містять AA для SNP1, можуть бути відрізненими від рослин або частин, які містять AG для SNP1 в своєму геномі. Генотипування тетраплоїдні рослини або частини рослин (клітини, листя, ДНК, тощо) можуть бути отримані за одним і тим самим способом, як для диплоїдних, з використанням, наприклад, KASP-аналізу для того, щоб розрізнати SNP генотипи, наприклад, рослини або частини, які містять AAAA для SNP1, можуть бути відрізненими від рослин або частин, які містять інші генотипи для SNP1, наприклад, AGGG, AAGG, тощо, в своєму геномі. Одні і ті ж самі застосування для триплоїдів. Таким чином, генотипування триплоїдних рослин або частин рослини (клітини, листя, ДНК, тощо) можуть бути отримані за одним і тим самим способом, з використанням, наприклад, KASP-аналізу для того, щоб розрізнати SNP генотипи, наприклад, рослини або частини, які містять AAA для SNP1, можуть бути відрізненими від рослин або частин, які містять AAG, AGG, GGG для SNP1 в своєму геномі. Одні і ті ж самі застосування також для інших поліплоїдів.

Кваліфікований фахівець може також отримати мутантний ген *wor1* з насіння, депонованого під номером NCIMB42533 без отримання будь-якого з SNP нуклеотидів/генотипів, зазначених у таблиці 1, колонка 3 з депонованого насіння. Це може бути зроблено, наприклад, шляхом пошуку інших маркерів, близьких до алелю *wor1* та з використанням таких маркерів для відбору щодо присутності *wor1* алеля. Таким чином, мутантний алель може бути схрещуваним в будь-яким іншим генетичним фоном без перенесення всіх SNP маркерів депонованого насіння, тобто без перенесення ділянки хромосоми 4 навколо алеля *wor1*, наприклад, тільки SNP16a може бути перенесеним в потомство. Аналогічним чином, фенотипічний відбір можуть використовувати для схрещування мутантного алеля *wor1* в будь-який інший генетичний фон, ніж генетичний фон NCIMB42533.

Таким чином, в одному аспекті передбаченою є культивовані кавунові рослині або частина рослини, яка містить щонайменше одну копію *wor1* алеля в своєму геномі, причому зазначений алель надає необов'язкову партенокарпію, коли він знаходиться в гомозиготній формі, причому зазначений алель може бути отриманим (може отримуватися; алель представляє собою алель як такий, що присутній в) з насіння, депонованого під номером доступу NCIMB42533, наприклад, шляхом схрещування рослин, вирощених з насіння, яке містить *wor1* алель (переважно в гомозиготній формі) з іншої кавунової рослини, такого як розмножуюча лінія або сорт, наприклад, який містить тільки немутантного типу WOP1 алель. F1 потім буде містити *wor1* в гетерозиготній формі та можуть бути, наприклад, самозапилені та/або зворотно-схрещуваними для розмноження лінії або сорту, для того, щоб ввести *wor1* алель на хромосому 4 такої розмножуючої лінії або сорту. Альтернативно, один і той самий мутантний алель, як присутній в депонованій насінні, може бути згенерованим та/або відібраним кваліфікованим фахівцем, наприклад, в різних базових кавунах, необов'язково, навіть в варіантному гені WOP1. Таким чином, мутантний алель може включати заміщення серину амінокислоти 143 в протеїні, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32. Необов'язково даний протеїн містить консервативний домен із

SEQ ID NO: 35.

Як зазначалось, також згенерованими можуть бути інші мутанти в гені WOP1, які також надають необов'язкову партенокарпію, коли в гомозиготній формі.

Таким чином, в одному аспекті, винахід охоплює рослину або частину рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений ген представляє собою ген, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або протеїн, який має щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі. В одному аспекті винахід охоплює рослину або частину рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або протеїн, який має щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, та внаслідок цього зазначений протеїн містить консервативний домен із SEQ ID NO: 35, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі.

Мутантний алель гена, який кодує протеїн WOP1, призводить до того, що рослина продукує безкісточкові плоди за відсутності запилення та насінніві плоди в присутності запилення, коли рослина є гомозиготною для мутантного алеля. Що стосується варіантів здійснення винаходу, мутація в мутантному алелі гена, який кодує протеїн WOP1, може представляти собою будь-яку мутацію, включаючи делеції, усичення, вставки, точкові мутації, несенсові мутації, міс.-сенсові або несинонімічні мутації, сайт-сплайсингові мутації, мутації зсуву рамки зчитування та/або мутації в регуляторних послідовностях. В одному аспекті мутація в мутантному алелі гена, який кодує протеїн WOP1 представляє собою точкову мутацію. Мутація може відбуватися в послідовності ДНК, яка містить кодуючу послідовність гена, який кодує протеїн WOP1, або в послідовності РНК, яка кодує протеїн WOP1, або вона може відбуватися в амінокислоті протеїну WOP1. Що стосується ДНК послідовності гена, який кодує протеїн WOP1, мутація може відбуватися в кодуючій послідовності, або вона може відбуватися в некодуючих послідовностях, подібних 5'- та 3'-нетрансльованим ділянкам, промоторам, енхансерам, тощо, гена, який кодує протеїн WOP1. Що стосується РНК, яка кодує протеїн WOP1, мутація може відбуватися в премРНК або мРНК. В одному аспекті мутантний алель в результаті призводить до протеїну, який має втрату-функції або зниження функції завдяки одній або декільком амінокислотам, які є заміщеними, вставленими та/або видаленими, наприклад, що в результаті призводить до однієї або декількох амінокислот, які є заміщеними, вставленими або видаленими в консервативному туб-подібному домені ДНК-зв'язуючого SHAQKYF-класу або в SHAQKYF домені. Наприклад, усичення протеїну, для того, щоб спричинити делецію будь-якого або обох з даних доменів, або частина будь-якого із даних доменів, буде в результаті призводити до втрати функції або зниження функції протеїну. Таким чином, стоп-кодон мутації, наприклад, в N-термінальній частині (амінокислота 1 по 96 із SEQ ID NO: 32 або послідовність, яка містить щонайменше 95 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32) або в одному з консервативних доменів, в результаті призводить до усичених протеїнів, які мають знижену функцію або втрату функції. Аналогічним чином, амінокислотні вставки, делеції або заміщення в N-термінальній частині або один з консервативних доменів може в результаті призводити до протеїну, який має знижену функцію або втрату функції. Приклади амінокислотних заміщень в N-термінальній частині протеїну представляють собою E4 (амінокислота 4 із SEQ ID NO: 32, Глутамінова кислота, наприклад, на Лейцин), S6 (амінокислота 6 із SEQ ID NO: 32, Серин, наприклад, на Лейцин), E14 (амінокислота 14 із SEQ ID NO: 32, Глутамінова кислота, наприклад, на Лейцин), P32 ((амінокислота 32 із SEQ ID NO: 32, Пролін, наприклад, на Лейцин), A35 (амінокислота 35 із SEQ ID NO: 32, Аланін, наприклад, на Валін), S54 (амінокислота 54 із SEQ ID NO: 32, Серин, наприклад, на фенілаланін), P56 (амінокислота 56 із SEQ ID NO: 32, Пролін, наприклад, на Лейцин), L57 (амінокислота 57 із SEQ ID NO: 32, Лейцин, наприклад, на Гістидин). Приклади амінокислотних заміщень в консервативному домені представляють собою P104 (амінокислота 104 із SEQ ID NO: 32, Пролін, наприклад, на Лейцин) та S143 (амінокислота 143 із SEQ ID NO: 32, Серин, наприклад to. Аспарагін).

Наступний варіант здійснення винаходу, таким чином, стосується рослинних клітин або рослин відповідно до винаходу, які містять мутантний алель гена, який кодує протеїн WOP1, який характеризується тим, що мутантний алель містить або здійснює одну або декілька з мутацій, вибраних з групи, яка складається з

а) делеції, усичення, вставки, точкової мутації, несенсової мутації, міс.-сенсової або несинонімічної мутації, сайт-сплайсингової мутації, мутації зсуву рамки в геномній послідовності;

б) мутації в одній або декількох регуляторних послідовностях;

с) делеції, усічення, вставки, точкової мутації, несенсової мутації, міс.-сенсової або несинонімічної мутації, сайт-сплайсингової мутації, мутації зсуву рамки в кодуючій послідовності;

д) делеції, усічення, вставки, точкової мутації, несенсової мутації, міс.-сенсової або несинонімічної мутації, сайт-сплайсингової мутації, мутації зсуву рамки в пре-мРНК або мРНК; та/або

е) делеції, усічення, вставки або заміщення однієї або декількох амінокислот в протеїні WOP1.

В одному аспекті мутантний алель в результаті призводить до зниженої експресії або відсутності експресії гена WOP1, або мутантний алель кодує протеїн, який має зменшену функцію або втрату-функції.

Знижена експресія або відсутність експресії означає, що існує мутація в регуляторній ділянці гена WOP1, такий як промотор, внаслідок чого знижується транскрипт мРНК або немає ніякого транскрипта мРНК алеля WOP1, в порівнянні з рослинами та частинами рослини, які містять немутантного типу WOP1 алель. Зниження в експресії може, наприклад, бути визначено шляхом вимірювання кількості транскриптів мРНК, які кодують WOP1 протеїн, наприклад з використанням Нозерн-блот-аналізу або ПЛР-РЧ. В даному документі, зниження переважно означає зниження в кількості кількості транскриптів РНК на щонайменше 50 %, зокрема на щонайменше 70 %, необов'язково на щонайменше 85 % або на щонайменше 95 %, або навіть на 100 % (ніякої експресії) в порівнянні з рослиною або частиною рослини, яка містить немутантного типу WOP1 ген. Експресія може бути проаналізованою, наприклад, в тканині молодого листа або тканині зав'язі, дивіться, наприклад, Приклади.

В одному аспекті протеїн, який містить одне або декілька амінокислотних заміщень, вставлень або видалень в порівнянні з немутантного типу протеїном. Таким чином, для кавуна, одна або декілька амінокислот є вставленими, видаленими або заміщеними в порівнянні з немутантного типу протеїном WOP1 із SEQ ID NO: 32 або немутантного типу WOP1 протеїном, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32; для огірка, одна або декілька амінокислот є вставленими, видаленими або заміщеними в порівнянні з немутантного типу протеїном WOP1 із SEQ ID NO: 33 або немутантного типу WOP1 протеїном, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 33; для дині, одна або декілька амінокислот є вставленими, видаленими або заміщеними в порівнянні з немутантного типу протеїном WOP1 із SEQ ID NO: 34 або немутантного типу WOP1 протеїном, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 34; внаслідок чого мутантний протеїн має зниження функції або втрату функції в порівнянні з немутантного типу протеїном, та, таким чином, в результаті призводить до необов'язкової партенокарпії, коли мутантний алель є присутнім в гомозиготній формі в диплоїдній рослині.

В одному аспекті протеїн WOP1 містить консервативний туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35. Таким чином в одному аспекті мутантний алель представляє собою мутантний алель гена WOP1, причому ген кодує протеїн із SEQ ID NO: 32 (кавун) або із SEQ ID NO: 33 (огірок) або із SEQ ID NO: 34 (диня), або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 або SEQ ID NO: 34, та внаслідок чого протеїн містить консервативний домен із SEQ ID NO: 35.

туб-Подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35 є знайденим в протеїні кавуна WOP1 із SEQ ID NO: 32 в амінокислоті з 97 до 150, та містить SHAQKYF домен в амінокислоті з 143 до 150. Таким чином, в одному аспекті, немутантного типу WOP1 ген кодує немутантного типу протеїн, який містить туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу, який є на 100 % ідентичним до амінокислот з 97 до 150 із SEQ ID NO: 32. туб-Подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35 є знайденим в протеїні огірка WOP1 із SEQ ID NO: 33 в амінокислоті з 97 до 150, та містить SHAQKYF домен в амінокислоті з 143 до 150. Таким чином, в одному аспекті, немутантного типу WOP1 ген кодує немутантного типу протеїн, який містить туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу, який є на 100 % ідентичним до амінокислот з 97 до 150 із SEQ ID NO: 33. туб-Подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35 є знайденим в протеїні дині WOP1 із SEQ ID NO: 34 в амінокислоті з 97 до 150, та містить SHAQKYF домен в амінокислоті з 143 до 150. Таким чином в одному аспекті немутантного типу WOP1 ген кодує немутантного типу протеїн, який містить туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу, який є на 100 % ідентичним до амінокислот з 97 до 150 із SEQ ID NO: 34.

В одному аспекті мутантний алель містить мутацію внаслідок чого одну або декілька

амінокислот в зазначеному туб-подібному домені зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35 (тобто з амінокислот з 97 до 150 із SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 та SEQ ID NO: 34) є заміщеними, вставленими або видаленими.

В переважному аспекті одна або декілька амінокислот з SHAQKYF домену, тобто амінокислот з 47 до 54 із SEQ ID NO: 35 (тобто з амінокислот з 143 до 150 із SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 та SEQ ID NO: 34), є заміщеними, вставленими або видаленими.

Коли амінокислоти з однієї амінокислоти до іншої амінокислоти є зазначеними в даному документі, вона включає зазначену початкову/першу та кінцеву/останню амінокислоту.

В конкретному аспекті щонайменше одна амінокислота з амінокислот із SEQ ID NO: 35 є заміщеною на іншу амінокислоту, переважно амінокислота 47 не представляє собою серин та/або амінокислота 8 не представляє собою пролін. В одному аспекті серин в амінокислоті 47 є заміщеним на аспарагін та/або пролін амінокислоти 8 є заміщеною на лейцин.

В конкретному аспекті щонайменше одна амінокислота з амінокислот з 47 до 54 із SEQ ID NO: 35 є заміщеною на іншу амінокислоту, переважно амінокислота 47 не представляє собою серин. В одному аспекті серин є заміщеним на аспарагін.

В одному аспекті винахід охоплює рослину або частину рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32 (в кавуні), SEQ ID NO: 33 (в огірку) або SEQ ID NO: 34 (в дині), або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 або SEQ ID NO: 34, відповідно, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі, внаслідок чого протеїн містить щонайменше одне амінокислотне заміщення в туб-подібному домені зв'язування ДНК SHAQKYF-класу із SEQ ID NO: 35, наприклад серин в амінокислоті 143 із SEQ ID NO: 32, або в амінокислоті 143 із SEQ ID NO: 33, або із SEQ ID NO: 34, є заміщеним на іншу амінокислоту, наприклад, аспарагін, та/або пролін в амінокислоті 104 є заміщеним на іншу амінокислоту, наприклад, лейцин.

Рослини та частини рослин, які містять щонайменше одну копію мутантного алеля wor1, можуть представляти собою рослини з родини Cucurbitaceae, зокрема, культивованого виду, такого як огірок (*Cucumis sativus*), диня (*Cucumis melo*) та кавун (*Citrullus lanatus*). Крім того, рослини та частини рослин з родини Cucurbitaceae, зокрема, огірка, дині та кавуна, які містять дві копії мутантного алеля wor1, охоплюються в даному документі, внаслідок чого диплоїдні рослини, які містять дві копії мутантного алеля wor1, в результаті призводять до рослин, які демонструють фенотип необов'язкової партенокарпії.

В одному аспекті мутантний алель wor1 є гетерозиготним в диплоїдній рослинній клітині або рослині, наприклад в диплоїдній кавуновій, огірковій або динній рослині. В іншому аспекті, мутантний алель wor1 є гомозиготним в диплоїдній рослинній клітині або рослині.

Рослинні клітини та рослини переважно представляють собою культивованої рослини, такі як елітні селекційні лінії або сорти, та не дикі рослини. Огірок може представляти собою будь-який тип огірка, такий як довгий огірок, маринований огірок, нарізаний огірок, тощо Аналогічним чином диня може представляти собою будь-який тип дині (*Galia*, *Piel de Sapo*, *Cantaloupe*, мускатна біла диня, тощо) та кавун може представляти собою будь-який тип кавуна.

Кавунові рослини, та їх частини, які містять щонайменше одну копію мутантного wor1 алеля, можуть бути диплоїдними, тетраплоїдними або триплоїдними. В іншому аспекті, вона може бути іншою поліплоїдною, наприклад, пентаплоїдною, гексаплоїдною, гептаплоїдною, октаплоїдною, тощо. Тетраплоїдна рослина, яка містить чотири копії wor1, може, наприклад, бути використовуваною для отримання октаплоїда, шляхом подвоєння хромосом. Схрещування такого октаплоїда з диплоїдом, гомозиготним щодо wor1, буде в результаті призводити до пентаплоїда, який містить п'ять копій wor1. В одному аспекті, поліплоїдна кавунова рослина містить щонайменше одну копію мутантного wor1 алеля, але вона може також містити більше копій, наприклад, в переважному аспекті вона є гомозиготною щодо wor1 та втрачає немутантного типу алель WOP1. Таким чином, всі хромосоми 4 включають мутантний алель wor1.

Диплоїдна рослина може, таким чином, мати генотип wor1/WOP1 (гетерозиготний щодо мутантного алеля) або wor1/wor1 (гомозиготний щодо мутантного алеля). В одному аспекті диплоїдна рослина, яка містить wor1 алель в гомозиготній формі, представляє собою подвійну гаплоїдну рослину (DH), наприклад, подвійну гаплоїдну кавунову, огіркову або диневу рослину, або рослинну клітину, або частину рослини.

Триплоїдна кавунова рослина може мати генотип wor1/WOP1/WOP1 або wor1/wor1/WOP1 або wor1/wor1/wor1. Триплоїдна рослина з генотипом wor1/WOP1/WOP1 може бути отримана за рахунок схрещування немутантного типу жіночого тетраплоїда (WOP1/ WOP1/WOP1/WOP1) з

чоловічим диплоїдом, гомозиготним щодо мутантного алеля (*wor1/wor1*). Триплоїдна рослина з генотипом *wor1/wor1/WOP1* може бути отримана за рахунок схрещування жіночого тетраплоїда (*wor1/wor1/wor1/wor1*) з чоловічим диплоїдом, гомозиготним щодо немутантного типу алеля (*WOP1/WOP1*).

5 Тетраплоїдна кавунова рослина може мати генотип *wor1/WOP1/WOP1/WOP1* або *wor1/wor1/WOP1/WOP1* або *wor1/wor1/wor1/WOP1* або *wor1/wor1/wor1/wor1*. Генотипи *wor1/wor1/WOP1/WOP1* можуть бути отриманими за рахунок подвоєння хромосом з диплоїдом *wor1/WOP1*. Генотипи *wor1/wor1/wor1/wor1* можуть бути отриманими за рахунок подвоєння хромосом диплоїда *wor1/wor1*. Інші два генотипи, *wor1/WOP1/WOP1/WOP1* та *wor1/wor1/wor1/WOP1* можуть, наприклад, бути отримані за рахунок схрещування двох тетраплоїдних генаотипів *wor1/wor1/WOP1/WOP1* та ідентифікування генотипів в потомстві.

В одному аспекті кавунова рослина є гомозиготною щодо *wor1*, в іншому аспекті, вона є гетерозиготною щодо *wor1*. В одному аспекті вона представляє собою інбредну лінію або сорт. В подальшому аспекті вона представляє собою F1 гібрид.

15 Насіння, з якого можуть бути вирощені будь-які з кавунових рослин, рослин огірка або рослин дині, також охоплюються в даному документі, оскільки є частинами такої рослини, такими як безкісточкові плоди, які продукуються за відсутності запилення, квітки, клітини, корені, кореневі пагони, пагони, листя, стебла, вегетативні розмноження, паростки, насіннєве розмноження (наприклад, самозапилення), та також *in vitro* клітинні або тканинні культури, а також пилок, зав'язі, тощо охоплюються в даному документі.

Диплоїдні кавунові, огіркові та диневі рослини, які містять мутантний *wor1* алель.

В одному аспекті кавунова рослина, або огіркова рослина, або динева рослина представляють собою диплоїдну лінію (наприклад, інбредну лінію) або сорт, який містить щонайменше одну мутантну копію *wor1*, переважно дві мутантні копії (тобто є гомозиготним щодо *wor1*). Коли запобігається запиленню жіночих квіток, диплоїдна рослина, гомозиготна щодо *wor1* буде продукувати плоди, які є безкісточковими. Коли запилення відбувається, плоди будуть насіннєвими.

Для запобігання запилення можливим є, наприклад, вирощувати рослину в середовищі, вільному від комах. Однак, можливим є також отримувати диплоїдну рослину, яка є чоловічою стерильною. Таким чином, в одному аспекті винаходу передбаченою є диплоїдна рослина, яка є гомозиготною щодо *wor1*, та яка додатково є чоловічою стерильною. Чоловіча стерильність представляє собою нездатність рослин продукувати функціональні пиляки, пилок, або чоловічі гамети. Деякі гени чоловічої стерильності були ідентифіковані в кавуні, включаючи ген *ms-1*. Ядерний ген *ms-1* контролює чоловічу стерильність та, в рослинах з геном *ms-1* в гомозиготній формі (*ms-1* є рецесивним), нормальний розвиток пиляків перешкоджається, тоді як розвиток жіночої квітки є нормальним. Ген виключає продукування пилку. Маркери для гена *ms-1* та рослини, яка містить ген, є описаними в EP2959771, та база даних PINTO зазначає, що сорт Bonta або Bonta F1 від Seminis представляє собою рослину відповідно до даного патенту. Ген *ms-1* також є описаним в Zhang et al. 1996 (HortScience 31(1): 123-126). Ген *ms-1* знаходиться на хромосомі 6 кавуна, та може, таким чином, легко бути поєднаним з *wor1* на хромосомі 4. В дині також існують гени чоловічої стерильності. В огірку мутантний алель *wor1* може бути поєднаним з гінеконічністю, тобто виробництвом жіночих, пестичних квіток.

Таким чином, в одному аспекті диплоїдна рослина та частина рослини відповідно до винаходу є чоловічою стерильною та/або містить ген чоловічої стерильності. Якщо ген чоловічої стерильності представляє собою рецесивний ген, рослина та частина рослини переважно містить ген в гомозиготній формі. В одному аспекті кавунова рослина містить ген *ms-1*, переважно в гомозиготній формі. Таким чином, в одному аспекті, диплоїдна кавунова рослина містить на хромосомі 4 мутантний ген *wor1* в гомозиготній формі (*wor1/wor1*) та додатково містить ген чоловічої стерильності, наприклад *ms-1*, в гомозиготній формі, наприклад, якщо ген чоловічої стерильності є рецесивним (наприклад, *ms-1/ms-1*) або необов'язково в гетерозиготній формі, якщо чоловіча стерильність є домінантною. Однією переважною рослиною є диплоїдна рослина, гомозиготна для *wor1* та гомозиготна для *ms-1*.

Подальший спосіб забезпечення того, щоб рослини відповідно до винаходу, зокрема диплоїдні кавунові рослини, продукували безкісточкові плоди у всі часи (не тільки за відсутності запилення) полягає в поєднанні гена *WOP1* в гомозиготній формі з геном, який надає стеноспермокарпії, таким чином, що, якщо відбувається запилення, то плоди будуть безкісточковими незважаючи на запилення. В одному аспекті стеноспермокарпічний ген представляє собою рецесивний ген, названий *emb1*. Немутантного типу та мутантний *Emb1* ген є описаним в спільній заявці EP16171462.1. Ген *Emb1* кодує циклін SDS-подібний протеїн. Коли мутантний алель *emb1* знаходиться в гомозиготній формі, стеноспермокарпії отримують в

результаті. "Стеноспермокарпій" означає, що індукування зав'язку плода та розвиток потребують запилення, але без плодів, які продукують зріле або життєздатне насіння. Зріле або життєздатного насіння не розвивається в стеноспермокарпічних рослинах внаслідок зупиненого розвитку насінини або деградації сім'ябруньок, та/або зародків, та/або ендосперму або скидання сім'ябруньок, та/або зародків, та/або ендосперму до того, як досягається зрілість. Таким чином, коли диплоїдні рослини, гомозиготній щодо мутантного алеля *emb1*, (*emb1/emb1*) є самозапилені або запилені пилом з іншої рослини, вони продукували безкісточкові, диплоїдні плоди.

Таким чином, в одному аспекті, диплоїдна кавунова рослина містить на хромосомі 4 ген *WOP1* в гомозиготній формі (*wop1/wop1*) та додатково містить стеноспермокарпічний ген, наприклад, *emb1*, в гомозиготній формі, наприклад, якщо стеноспермокарпічний ген є рецесивним (наприклад, *emb1/emb1*), або необов'язково в гетерозиготній формі, якщо стеноспермокарпічний ген є домінантним. Одна переважна рослина представляє собою диплоїдну рослину, гомозиготну щодо *wop1* та гомозиготну щодо *emb1*.

Один мутантний алель *emb1* може бути отриманий із кавунового насіння, яке є гетерозиготним або гомозиготним щодо мутантного алеля циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном (також названий як ген *Emb1*), депонованого Nunhems B.V. під номером NCIMB 42532. З даного насіння, 25 % містить мутантний алель (дивіться мПНК із SEQ ID NO: 27), який кодує, мутантний протеїн із SEQ ID NO: 28. Немутантного типу алель гена *Emb1* може бути отриманий із кавунового насіння, яке є гетерозиготним або гомозиготним щодо немутантного типу циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном, депонованого Nunhems B.V. під номером NCIMB 42532. З даного насіння, 25 % містить немутантного типу алель із SEQ ID NO: 25 в гомозиготній формі, який кодує немутантного типу протеїн із SEQ ID NO: 26. Інші мутантні алелі гена *Emb1* можуть бути згенеровані *de novo*, наприклад, шляхом мутагенезу або за іншими способами, відомими кваліфікованим фахівцям. Геномна *Emb1* нуклеотидна послідовність, показана в SEQ ID NO: 25 кодує немутантного типу циклін-SDS-подібний протеїн *Citrullus lanatus*, який має амінокислотну послідовність таку, як показано в SEQ ID NO: 26. мПНК послідовність, показана в SEQ ID NO: 27, та мутантний протеїн, показаний в SEQ ID NO: 28, представляє собою мутантний алель *emb1*, знайдений в насінні депонованому під номером NCIMB42532.

Мутантний алель *emb1* змушує рослину бути чоловічою фертильною, але продукувати безкісточкові плоди, коли рослина є гомозиготною щодо мутантного алеля. Мутація в гені *Emb1* може представляти собою будь-яку мутацію, включаючи делеції, усичення, вставки, точкові мутації, несенсові мутації, міс.-сенсові або несинонімічні мутації, сайт-сплайсингові мутації, мутації зсуву рамки та/або мутації в регуляторних послідовностях. Переважно мутація представляє собою точкову мутацію та/або сайт-сплайсингову мутацію. Мутація може відбуватися в послідовності ДНК, яка містить кодуючу послідовність циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном (*Emb1* геном), або в послідовності ПНК, яка кодує циклін-SDS-подібний протеїн, або вона може відбуватися в амінокислоті циклін-SDS-подібного протеїну (або протеїну *Emb1*). Що стосується ДНК послідовність циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном, мутація може відбуватися в кодуючій послідовності (*cds*, що складається з екзонів), або вона може відбуватися в некодуючих послідовностях, подібних 5'- та 3'-нетрансльованих ділянках, інтронах, промоторах, енансерах, тощо, циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном. Що стосується ПНК, яка кодує циклін-SDS-подібний протеїн, мутація може відбуватися в пре-мПНК або мПНК.

Диплоїдне насіння *Citrullus lanatus* рослин сегрегування для мутантного алеля циклін-SDS-подібного протеїну, який кодує ген, було депоноване Nunhems B.V. за Будапештським Договором під номером доступу No. NCIMB 42532 в NCIMB Ltd., Ferguson Building, Craibstone Estate Bucksburn Aberdeen AB21 9YA, Scotland, UK 27 січня 2016 року. Для депонування насінини алель циклін-SDS-подібний протеїн, який кодує ген, який був позначений як *emb1*.

Депоноване насіння було отримане з самозапиленого схрещування рослини, гомозиготної щодо мутантного алеля *emb1*, з рослиною, гомозиготною щодо *emb1* немутантного типу алеля. Таким чином, 25 % з депонованого насіння є гомозиготним щодо мутантного алеля *emb1* та продукує безкісточкові плоди, 50 % є гетерозиготними щодо мутантного алеля, та 25 % є гомозиготними щодо немутантного типу алеля, який кодує немутантного типу циклін-SDS-подібний протеїн.

В одному аспекті винахід, таким чином, стосується диплоїдної кавунової рослини або частини рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного *wop1* алеля, переважно дві копії, та щонайменше одну копію мутантного алеля *emb1*, переважно дві копії мутантного алеля *emb1*. В одному аспекті мутантний алель *emb1* представляє собою алель, знайдений в насінні,

депонованому під номером NCIMB 42532. В одному аспекті мутантний алель *wor1* представляє собою алель, знайдений в насінні депонованому під номером NCIMB42533, або інший мутантний алель *wor1*, як описується.

Насіння, з якого така диплоїдна рослина може бути вирощена, також охоплюється в даному документі, оскільки є частиною такої рослини, такою як диплоїдні безкісточкові плоди, квітки, листя, стебла, вегетативне розмноження, клітини, паростки, насінини розмноження (наприклад, самозапилення), та також *in vitro* клітина - або тканинні культури, а також пилок, зав'язь, кореневі пагони, пагони, тощо, охоплюються в даному документі. Таким чином, в одному варіанті здійснення диплоїдна рослина, або насіння, з якої рослина може бути вирощена, або тканина, або частини рослини (пилок, пиляки, сім'ябруньки) містить мутантний алель *wor1*, як описується вище, наприклад, мутантний алель, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, або інший мутантний алель *wor1*.

Тетраплоїдні кавунові рослини, яка містить мутантний алель *wor1*

Продуктування безкісточкового триплоїдного кавуна з використанням пилку з диплоїдної чоловічої батьківської рослини для того, щоб запліднити квітки тетраплоїдних материнських батьківських рослин. Запилення тетраплоїдних квіток диплоїдним пилом призводить до F1 насіння, яке є триплоїдним (Kihara, 1951, *Proceedings of American Society for Horticultural Science* 58: 217-230; Eigsti 1971, *Hort Science* 6: 1-2). Триплоїдні гібридні рослини, вирощені з даного F1 насіння, є самостерильними, оскільки вони продукують стерильний пилок внаслідок дисбалансу хромосом. Триплоїдні гібриди, таким чином, зазвичай потребують запилення диплоїдним запилювачем, щоб продукувати кавуновий плід.

Однак, відповідно до представленого винаходу триплоїдні рослини, які містять три копії мутантного гена *wor1*, продукували плоди без запилення, та більше не існує необхідності для присутності рослини-запилювача.

В одному аспекті винаходу, таким чином, передбаченими є як тетраплоїдні рослини, які містять чотири копії рецесивного алеля *wor1*, для застосування як жіночого батьківства, так і диплоїдні рослини, які містять дві копії рецесивного алеля *wor1*, для застосування як чоловічого батьківства, а також триплоїдні F1 гібриди (які містять три копії мутантного алеля *wor1*), отримані за рахунок схрещування диплоїдного чоловічого батьківства з тетраплоїдним жіночим батьківством.

Для створення такої тетраплоїдної рослини будь-яка з описаних вище диплоїдних рослин, які переважно є гомозиготними щодо *wor1*, можуть використовуватися як вихідний матеріал для отримання тетраплоїдних рослин. Методи хромосомного подвоєння, відомі кваліфікованим фахівцям, можуть використовуватися для того, щоб генерувати тетраплоїдну рослину з таких диплоїдних рослин. Наприклад, Noh et al. (2012) *Hort. Environ. Biotechnol.* 53(6):521-529, оцінювали різні способи генерування тетраплоїдних кавунів. В усіх способах використовується антимітотичний агент, такий як колхіцин, динітоланін, або оризалін, для того, щоб індукувати хромосомне подвоєння. Необов'язково тканинна культура може використовуватися для того, щоб генерувати тетраплоїдні рослини з частин рослини. Для перевірки тетраплоїдності рослин підтвердженням може бути число хромосом. Плоїди можуть бути легко визначені шляхом підрахунку хромосом, або з використанням проточної цитометрії, або інших відомих способів (Sari et al. 1999, *Scientia Horticulturae* 82: 265 – 277, включена в даний документ у вигляді посилання).

Таким чином, в одному аспекті винаходу передбаченою є тетраплоїдна культивована кавунова рослина виду *Citrullus lanatus*, причому зазначена рослина містить чотири копії мутантного алеля *wor1* (як описується вище), одна на кожну з хромосом 4. Алель *wor1* є знайденим на ділянці, як описується вище, між одною або декількома з SNP маркерів, як описується додатково вище, та/або зв'язаний з однією або декількома послідовностей з SEQ ID NO: 1 (або SEQ ID NO: 29) до SEQ ID NO: 24, як описується вище.

Всі варіанти здійснення, описані для мутантного алеля *wor1* вище, в рівній мірі застосовуються до тетраплоїда. Таким чином, наприклад, тетраплоїдна рослина може містити чотири копії алеля *wor1*, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, або чотири копії іншого мутантного алеля *wor1*, як описується додатково вище.

Таким чином, в одному аспекті винахід охоплює тетраплоїдну кавунову рослину або частину рослини, яка містить одну, дві, три або чотири копії мутантного алеля гена з назвою *WOP1*, який кодує протеїн із SEQ ID NO: 32, або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32 (причому зазначений протеїн необов'язково містить консервативний домен із SEQ ID NO: 35). Аспекти, що стосуються мутантного алеля *wor1*, описаного вище для диплоїдних кавунових рослин, які містять одну або дві копії мутантного алеля *wor1*, застосовують до тетраплоїдних рослин та частин рослин. Таким чином,

наприклад, в одному аспекті мутантний алель в результаті призводить до зниженої експресії або відсутності експресії гена WOP1, або мутантний алель кодує протеїн, який має зменшену функцію або втрату-функції.

В конкретному аспекті, тетраплоїдна кавунова рослина або частина рослини містить чотири копії алеля, який кодує мутантний WOP1 протеїн із SEQ ID NO: 31.

В іншому конкретному аспекті, тетраплоїдна кавунова рослина або частина рослини містить чотири копії іншого мутантного алеля wor1, наприклад, відібраного з алелів, описаних вище.

Генотипування тетраплоїдних рослин або частин рослин (клітин, листя, ДНК, тощо) може бути здійснено за одним і тим самим способом, як для диплоїдів, з використанням, наприклад, KASP-аналізу для того, щоб розрізнити SNP генотипи, наприклад, рослини або частини, які містять AAAA для SNP1 можуть відрізнитися від рослин або частин, які містять GAAA, GGAA, GGGA або GGGG для SNP1 в своєму геномі. Рослини та частини рослин, які містять AAAA для SNP16a, тобто чотири копії із SEQ ID NO: 30, що кодує мутантний WOP1 протеїн із SEQ ID NO: 31, можуть також відрізнитися від інших генотипів.

В одному аспекті винаходу передбаченим є тетраплоїдний кавун, який містить щонайменше один, або два, або три копії мутантного алеля wor1 (як описується вище), але переважно який містить чотири копії мутантного алеля wor1 (як описується вище). Переважно кавунова рослина представляє собою тетраплоїдну інбредну жіночу лінію, прийнятну як батьківська для продукування F1 гібридної насінини.

Генерування тетраплоїдної жіночої інбредної лінії може бути здійснено з використанням диплоїдної рослини, яка включає одну або переважно дві копії алеля wor1, для того, щоб подвоювати хромосоми та генерувати тетраплоїдну рослину. Наприклад, диплоїдна інбредна лінія гомозиготна для wor1 може використовуватись для генерування тетраплоїдної рослини. Наприклад, можуть використовуватись рослини, вирощені з насіння, депонованого під номером NCIMB42533, яке містить дві копії мутантного алеля wor1.

Тетраплоїдна рослина, яка містить чотири копії мутантного алеля wor1 (тобто яка є гомозиготною щодо wor1), буде експресувати фенотип, тобто є необов'язковою партенокарпічною.

Насіння, з якого така тетраплоїдна рослина може бути вирощена, також охоплюються в даному документі, оскільки представляє собою частини такої рослини, такої як тетраплоїдні безкісточкові плоди, продукovanі за відсутності запилення, квітки, листя, стебла, паростки, вегетативне розмноження, клітини, насінини розмноження (наприклад, самозапилення), та також in vitro клітинні або тканинні культури, а також пилок, зав'язь, кореневі пагони, пагони, тощо, охоплюються в даному документі. Таким чином, в одному варіанті здійснення тетраплоїдна рослина, або насіння, з якого рослина може бути вирощена, або тканина, або частини рослини (пилок, пиляки, сім'ябруньки) містять мутантний алель wor1, як описується вище, наприклад, мутантний алель, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533, або інший мутантний алель wor1.

Тетраплоїд може містити різні мутантні алелі wor1, наприклад, два мутантні алелі wor1, які кодують усічений WOP1 протеїн, та два мутантні алелі wor1, які кодують протеїн WOP1, який має амінокислотне заміщення, наприклад, серин 143 із SEQ ID NO: 32, який є заміщеним на аспарагін (мутант S143N). Такі рослини, наприклад, можуть бути отримані спочатку за рахунок отримання диплоїдів, які містять різні мутантні алелі wor1, та потім подвоєння хромосом таких диплоїдів. В одному аспекті тетраплоїди, однак, містять чотири копії одного і того самого мутантного алеля wor1, тобто тетраплоїд отримують з диплоїдів, які є гомозиготними для wor1 алеля.

Триплоїдні кавунові рослини, які містять мутантний алель wor1

В подальшому аспекті передбаченим є триплоїдне кавунове насіння, рослини та частини рослин, які містять одну, дві або три копії мутантного алеля wor1, тобто wor1/WOP1/WOP1 або wor1/wor1/WOP1 або wor1/wor1/wor1, відповідно. Такі триплоїди можуть бути отримані як описується вище, та як показано в Таблиці 2 нижче:

Таблиця 2

	Жіноче тетраплоїдне батьківство	Чоловіче диплоїдне батьківство	Генотип F1 триплоїдної насінини, продукованої шляхом запилення жіночого тетраплоїда пилом чоловічого диплоїда
A	wor1/wor1/wor1/wor1	wor1/wor1	wor1/wor1/wor1
B	wor1/wor1/wor1/wor1	WOP1/WOP1	wor1/wor1/WOP1
C	WOP1/WOP1/WOP1/WOP1	wor1/wor1	WOP1/WOP1/wor1

В одному аспекті тетраплоїдна рослина, яка містить чотири копії мутантного алеля *wor1*, використовується, як жіноче батьківство, та є запиленою пилом диплоїдного чоловічого батьківства, яке містить дві копії мутантного алеля *wor1*, та насіння з схрещування збирають. Дане насіння є триплоїдним, та воно містить три копії мутантного алеля *wor1* за винаходом (Таблиця 2, рядок А). Рослини, вирощені з даного насіння, продукують безкісточкові кавунові плоди (триплоїдні плоди) без необхідності запилення для того, щоб індукувати зав'язок плода. Триплоїдні гібридні рослини, вирощені з даного F1 триплоїдного насіння, є само-стерильним, оскільки вони продукують стерильний пилок внаслідок дисбалансу хромосом. Дане насіння, таким чином, можна вирощувати на виробничих полях без необхідності в рослинах-запилювачах. Це є першим випадком, коли безкісточкові триплоїдні кавунові плоди можуть бути продуковані за відсутності пилку та рослин-запилювачів.

В одному аспекті триплоїд від А вище, містить три ідентичні мутантні алелі *wor1*, тобто жіноче та чоловіче батьківство включає один і той самий мутантний алель. Однак, в іншому аспекті, жіноче батьківство та чоловіче батьківство може містити різні мутантні алелі *wor1*. Наприклад, жіноче батьківство може містити чотири мутантних алелі *wor1*, які кодують усічений WOP1 протеїн, та чоловіче батьківство може містити два мутантних алелі *wor1*, які кодують протеїн WOP1, який має амінокислотне заміщення, наприклад, коли серин 143 із SEQ ID NO: 32 є заміщеним на аспарагін (мутант S143N), або навпаки.

Триплоїдні, безкісточкові плоди є переважно ринково-цінними. Переважно, вони мають середнє значення брікс щонайменше 6,0, 7,0, 8,0 або переважно щонайменше 9,0, переважно щонайменше 10,0, більш переважно щонайменше 11,0. Плоди можуть бути будь-якого розміру, форми, кольору та зразка шкірки. Переважно колір м'якоті плодів при дозріванні є однорідним. В одному аспекті м'якоть плода є червоною або темно-червоною.

Середнє значення маси плода триплоїдного гібрида, який містить *wor1* в трьох копіях, може бути рівним або вище, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13 або 14 кг. В іншому варіанті здійснення середнє значення маси плода триплоїдного гібрида, який містить *wor1* в трьох копіях, може бути рівним або менше, ніж 5 кг, наприклад, 4, 3, 2, 1,5 або 1 кг або навіть менше.

Безкісточкові плоди можуть мати будь-яку форму (наприклад, витягнуті, овальні, блокові, кулясті або круглі), поверхню плода (з бороздками, гладку), колір м'якоті (червоний, темно-червоний, яскраво-червоний, кораловий, помаранчевий, лососевий, рожевий, рожево-червоний, жовтий, канарково-жовтий або білий), колір шкірки (наприклад, світло-зелений; темно-зелений; смугастий зелений з вузькими, середніми або широкими смугами; сірі типи; з або без плям; золотисто-жовтий), товщину шкірки, міцність шкірки, картину шкірки (наприклад, смугасті, не смугасті, сітчасті), структуру м'якоті / пружність м'якоті, вміст лікопіну та/або вітамінів, різні співвідношення цукру до кислоти, фруктовий аромат, тощо.

Таким чином, мутантний алель *wor1* може використовуватись для вирощування цілого ряду безкісточкових сортів, які продукують плоди різної форми та розмірів, тощо, шляхом традиційного розведення. Дивіться Guner та Wehner 2004, Hort Science 39(6): 1175-1182, зокрема, сторінки 1180-1181, які описують гени для характеристик плодів. Загалом важливими цілями розмноження є рання зрілість, високий урожай фруктів, висока внутрішня якість фруктів (гарний однорідний колір, високий вміст цукру, відповідне співвідношення цукру, кислоти, гарний аромат, високий вміст вітамінів та лікопіну, текстура твердої м'якоті, неволокниста текстура м'якоті, відсутність дефектів, таких як порожнисте серце, некроз шкіри, гниття кінця цвітіння або хрестоподібний гребінь, гарні характеристики шкірки до стійкості до розтріскування).

Насіння, з якого можуть бути вирощені такі триплоїдні гібридні рослини F1, є одним з аспектів винаходу.

Що стосується триплоїдного насіння та триплоїдних рослин, які містять тільки одну або дві копії мутантного алеля *wor1* за винаходом (як показано в Таблиці 2 вище, рядок В та С), фенотип ще не був дослідженим, але вони також можуть бути прийнятними для продукування безкісточкових плодів без пилку, та їх також можуть вирощувати на полі без рослин-запилювачів. В будь-якому випадку, такі триплоїдні рослини та насіння, з якого такі рослини можуть бути вирощені, являють собою аспект винаходу, оскільки представляють собою їх частини та триплоїдні плоди, продуковані такими рослинами. Переважно такі триплоїдні плоди є ринково-цінними. Переважно вони мають середнє значення брікса щонайменше 6,0, 7,0, 8,0 або переважно щонайменше 9,0, переважно щонайменше 10,0, більш переважно щонайменше 11,0. Плоди можуть бути будь-якого розміру, форми, кольору та виду шкірки. Переважно колір м'якоті плодів при дозріванні є однорідним. В одному аспекті м'якоть плода є червоною або темно-червоною.

В одному аспекті триплоїдні рослини за винаходу являють собою вегетативне розмноження. Крім того, представленим є спосіб продукування триплоїдного гібридного кавунового

насіння, причому триплоїдні рослини, вирощені з такого насіння продукують плоди за відсутності запилення, причому зазначений спосіб включає:

(а) забезпечення необов'язкової партенокарпічної диплоїдної кавунової рослини та необов'язкової партенокарпічної тетраплоїдної рослини (дивіться, наприклад, Таблицю 2 рядок А),

(b) дозвіл запилення жіночих квіток тетраплоїдної рослини пилком диплоїдної рослини, та

(с) збір насіння, продукovanого в плодах тетраплоїдної рослини, та необов'язково

(d) висушування зібраного насіння.

Необов'язково висушене та зібране F1 насіння потім упаковують. Вони також можуть бути оброблені перед упаковкою. Таким чином, упаковки або контейнери, в яких міститься або складаються з насіння, отриманих вищезазначеним способом, є варіантом здійснення в даному документі.

Крім того, представленим є спосіб продукування триплоїдного гібридного кавунового насіння, причому зазначений спосіб включає:

(а) забезпечення диплоїдної кавунової рослини, які втратили мутантний алель *wor1*, та тетраплоїдної рослини, яка містить чотири копії мутантного алеля *wor1* (дивіться, наприклад, Таблиця 2 рядок В), або забезпечення диплоїдної кавунової рослини, гомозиготної щодо мутантного алеля *wor1*, та тетраплоїдної рослини, яка втратила мутантний алель *wor1* (наприклад, Таблиця 2 рядок С),

(b) дозвіл запилення жіночих квіток тетраплоїдної рослини пилком диплоїдної рослини, та

(с) збір насіння, продукovanого в плодах тетраплоїдної рослини, та необов'язково

(d) висушування зібраного насіння.

Необов'язково висушене та зібране F1 насіння потім упаковують. Вони також можуть бути оброблені перед упаковкою. Таким чином, упаковки або контейнери, в яких міститься або складаються з насіння, отриманих вищезазначеним способом, є варіантом здійснення в даному документі.

Насіння, з якого можуть бути вирощені будь-які вищезгадані триплоїдні рослини, також охоплюються в даному документі, оскільки представляють собою частини такої рослини, такої як триплоїдні плоди, квітки, листя, стебла, паростки, вегетативне розмноження, клітини, насінини розмноження (наприклад, самозапилення), та також *in vitro* клітинні або тканинні культури, а також пилок, зав'язі, кореневі пагони, пагони, тощо, охоплюються в даному документі. Таким чином, в одному варіанті здійснення триплоїдна рослина, або насіння, з якої рослина може бути вирощена, або тканина або частини рослини (пилок, пиляки, сім'ябруньки) містить мутантний алель *wor1*, як описується вище, наприклад, мутантний алель, як виявлено в насінні, депонованому під номером NCIMB42533 або інший мутантний алель *wor1*, як описується вище.

Вегетативні розмноження та клітина або тканинні культури

Вищевказані диплоїдні рослини, тетраплоїдні рослини або триплоїдні рослини (або інші поліплоїди) також можуть бути відтворені вегетативно (клонально), та такі вегетативно розмножені рослини, або "вегетативні розмноження" представляють собою варіант здійснення винаходу. Вони можуть легко відрізнитися від інших кавунових рослин присутністю мутантного алеля *wor1* та/або фенотипічно. Присутність одного або декількох мутантних алелей *wor1* можуть бути визначені, як описується де-небудь в даному документі.

Вегетативні розмноження можуть бути отримані за різними способами. Наприклад, один або декілька пагонів рослини за винаходом можуть бути прищеплені до іншого кореневого пагону, наприклад, толерантність кореневого пагону до біотичного або абіотичного стресу.

Інші способи включають способи культивування *in vitro* клітини або тканини та регенерацію вегетативних розмножень з таких культур. Такі клітинні або тканинні культури включають або складаються з різних клітин або тканин рослини за винаходом. В одному аспекті така клітинна або тканинна культура містить або складається з вегетативних клітин або вегетативних тканин рослини за винаходом.

В іншому аспекті, клітинна або тканинна культура містить або складається з репродуктивних клітин або тканин, таких як пиляки або сім'ябруньки рослини за винаходом. Такі культури можуть бути оброблені агентами хромосомного подвоєння для того, щоб зробити, наприклад, подвійні гаплоїдні рослини, або вони альтернативно можуть бути використані для отримання гаплоїдних рослин (наприклад, для отримання диплоїдів з тетраплоїда або для отримання гаплоїдів з диплоїда).

Клітинна або тканинна культура *in vitro* клітину або тканинної культури може, таким чином, містити або складатися з клітин, або протопластів, або тканини рослини з частини рослини, вибраних з групи, яка складається з: плода, зародку, меристеми, сім'ядолі, пилку, сім'ябруньки,

листка, пиляка, кореня, верхівки кореня, маточки, квітки, насінини, стебла. Крім того, включеними є частини з будь-якого з наданого, такого як, наприклад, тільки насіннєва оболонка (материнська тканина).

Таким чином, в одному аспекті винаходу передбаченою є клітинна культура або тканинна культура з клітин рослини, яка містить одну, дві, три або чотири копії мутантного алеля *wor1*, всі з яких описуються вище. Як зазначалось, клітинна культура або тканинна культура містить клітини, або протопласти, або рослина тканина з частини рослини із рослини, яка містить мутантний алель *wor1*, може містити або складатися з клітин або тканин, вибраних з групи, яка складається з: зародка, меристеми, сім'ядолі, пилку, листку, пиляку, кореню, верхівки кореня, маточки, квітки, насінини, стебла; або частини будь-якої з даних.

Крім того, передбаченими є кавунові рослини, регенеровані з такої клітинної культури або тканинної культури, причому регенерована рослина (або її потомство, наприклад, отримане після самозапилення регенерованої рослини) містить мутантний алель *wor1*. Таким чином, в одному аспекті кавунова рослина, яка містить мутантний алель *wor1* в одній або декількох копіях є вегетативно розмноженою кавуною рослиною.

В іншому аспекті клітини та тканини за винаходом (та необов'язково також клітинна або тканинна культура), яка містить *wor1* в одній або декількох копіях, представляють собою клітину або тканину, яка не розмножується.

Способи відповідно до винаходу

Передбаченим є спосіб продукування безкісточкового триплоїдного кавунового плода, причому зазначений спосіб включає:

забезпечення триплоїдної гібридної (F1) кавунової рослини або насінини, яка містить щонайменше один, переважно два або переважно три копії мутантного алеля *wor1*,

висаджування та висівання зазначених триплоїдних гібридних рослин в полі, переважно без висаджування або висівання диплоїдних рослин-запилювачів на тому самому полі, та необов'язково

збирання безкісточкових кавунових плодів, продукованих на триплоїдних рослинах, внаслідок чого плоди переважно продукують без запилення жіночих квіток.

В одному аспекті триплоїдна гібридна рослина зі стадії 1 переважно не прищеплюється на інший кореневий пагін.

Як зазначалось, більше немає необхідності продукувати диплоїдні рослини-запилювачі, для індукування зав'язування плодів на жіночих квітах триплоїдних рослин. Це означає, що все поле може бути засіяним або пересадженим, по суті, лише насінням або трансплантатами триплоїдного насіння або рослин F1. Таким чином, врожайність безкісточкових кавунових плодів з гектара значно зростає. Крім того, висівання та висаджування значно спрощуються, оскільки висівається або висаджується лише один генотип.

Таким чином, спосіб може також бути описаний як спосіб отримання безкісточкових кавунових плодів, причому зазначений спосіб включає вирощування триплоїдної рослини яка містить щонайменше один, переважно два, більш переважно три копії мутантного алеля *wor1* та збирання плодів, продукованих зазначеними рослинами. Плоди розвиваються переважно без запилення жіночих квіток, тобто за відсутності життєздатного пилку. Для зав'язування плодів, більше не потрібні комахи, такі як бджоли, тобто відсутня необхідність в розміщенні бджолиних вуликів на полях або поруч із ними.

Зібрані триплоїдні плоди можуть бути запаковані для продажу в свіжому вигляді або для переробки. В представлений документ включені плоди які містять один, два або три алелі *wor1* отримані за вищезазначеним способом. Необов'язково, детектування мутантного алеля *wor1* наприклад шляхом детектування мутантного алеля *wor1* з використанням ДНК, РНК або протеїн детектування, як описується де-небудь, наприклад за допомогою ПЛР, генотипування або маркерного аналізу маркерів, зв'язане з (або близько зв'язане з) алелем *wor1*, можна відрізнати такі плоди. Таким чином, в одному варіанті здійснення, передбаченими є зібрані триплоїдні плоди (тобто *wor1/WOP1/WOP1* або *wor1/wor1/WOP1* або *wor1/wor1/wor1*), такі як упаковані цілі плоди або частини плоду та/або оброблені плоди або частини плоду.

Крім того, передбаченим є спосіб продукування необов'язкової партенокарпічної культивованої кавунової рослини, який включає стадії

введення мутацій в популяцію кавунових рослин або забезпечення мутантної популяції кавунових рослин;

відбір рослини, яка продукує безкісточкові плоди без запилення жіночих квіток та яка продукує насінний плід після запилення жіночих квіток та/або відбір рослини, яка містить мутантний алель гену *WOP1*;

необов'язково перевірку якщо рослина, відібрана на стадії b) містить мутантний алель гену

WOP1; та

необов'язково вирощування рослини отриманої на стадії с).

Представлений винахід охоплює рослину кавуна отриману за вищезазначеним способом.

Популяція кавунових рослин відповідно до а) переважно являє собою один генотип культивованої селекційної лінії або сорту кавуна, який є оброблений / був оброблений (або підданий впливу) мутагенним агентом, або потомство такої популяції наприклад отриманої після самозапилення індивідів популяції для продукування рослин M2, M3 або наступного покоління. Наприклад, це може бути TILLING популяція.

На стадії b) рослини перевіряють на фенотип, тобто на необов'язкову партенокарпічність, та/або рослини (або частини рослин або їх ДНК) перевіряють на присутність мутантного алеля гена WOP1, тобто алеля, який або має знижену експресію або відсутність експресії протеїну WOP1 або алеля, що кодує мутантний протеїн WOP1. Що стосується скринінгу фенотипу, мається на увазі, що без запилення жіночих квіток, повинні розвинутися безкісточкові плоди; при запиленні жіночих квіток повинні розвинутися насіннєві плоди. Зазначений фенотиповий скринінг може бути виконаний в кілька стадій. Наприклад, перші рослини можуть бути вирощені в середовищі, де немає комах, та чоловічі квітки можуть бути видалені. Жіночі квітки можна спостерігати візуально за цвітінням та розвитком плодів (за відсутності пилку). Розвинені плоди можуть бути розрізані навпіл, при дозріванні, щоб перевірити, чи вони безкісточкові. Відібрані рослини можуть, наприклад, бути вегетативно розмножені для підтвердження фенотипу партенокарпії та/або, наприклад, для ручного запилення квітки, щоб побачити, чи зав'язуються плоди під час запилення (необов'язкова партенокарпія). Що стосується скринінгу рослин на присутність мутантного алеля гена WOP1, то це може бути зроблене за допомогою різних способів, які виявляють ДНК, РНК або протеїн wor1, наприклад, за допомогою конструювання ПЛР-праймерів, які ампліфікують частину кодуючої ділянки або всю кодуєчу ділянку для ампліфікації геномної ДНК, щоб визначити, чи містить рослина мутацію в геномній ДНК, або за допомогою інших способів.

Стадія с) може включати різні способи для визначення наявності мутантного алеля wor1. Наприклад, може бути проведене дослідження на алелізм з рослинами, депонованими в даному документі. Альтернативно або додатково може бути проведений маркерний аналіз або аналіз послідовності ділянки хромосоми 4, яка містить локус WOP1, або може бути використана ПЛР або ПЛР-РЧ для ампліфікації алеля wor1 (або його частини) або мРНК (кДНК). Також може бути проведений генетичний аналіз для визначення рецесивної спадковості.

Також передбачено застосування необов'язкової партенокарпічної кавунової рослини яка продукує безкісточкові кавунові плоди, переважно без запилення жіночих квіток рослини. Крім того, передбаченим є застосування мутантного алеля wor1 для отримання необов'язкових партенокарпічних кавунових рослин та/або безкісточкових кавунових плодів за відсутності запилення жіночих квіток. Аналогічним чином, в представленому документі розглядається застосування мутантного алеля wor1 гена WOP1 за винаходом для отримання необов'язкових партенокарпічних кавунових рослин.

В одному аспекті рослини, частини рослин та рослинні клітини за винаходом не отримують виключно за допомогою переважно біологічного процесу, як визначено правилом 28 (2) ЕРС (Європейської патентної конвенції).

В одному аспекті рослини не є ГМО (не генетично модифіковані).

В одному аспекті мутантний алель гена WOP1 містить мутацію, індуковану людиною, тобто мутацію, введену за допомогою способів мутагенезу, такими як хімічний мутагенез або УФ-мутагенез, або способів цільового мутагенезу.

В одному аспекті, передбаченою є виділений мутантний протеїн WOP1 та виділений протеїн WOP1 немутантного типу або виділена молекула нуклеїнової кислоти, що кодує мутантний протеїн WOP1 або протеїн WOP1 немутантного типу. Крім того, в представленому документі передбаченим є антитіло, здатне зв'язувати протеїн WOP1 мутантного або немутантного типу.

Способи виявлення:

В одному аспекті передбаченим є спосіб скринінгу для ідентифікування та/або відбору насіння, рослин або частин рослини або ДНК з таких насіння, рослин або частин рослини, які містять у своєму геномі мутантний алель гена, який кодує протеїн WOP1.

Спосіб містить скринінг на рівні ДНК, РНК (або кДНК) або протеїну з використанням відомих способів, для виявлення присутності мутантного алеля. Існує багато способів визначення присутності мутантного алеля гена.

Таким чином, передбаченим є спосіб скринінгу та/або відбору рослин, рослинного матеріалу або частин рослини, або отриманої з них ДНК, або РНК, або протеїну на присутність мутантного алеля wor1, який включає одну або більше з наступних стадій:

визначення того, чи знижена або припинена експресія ендogenousного гену WOP1;
визначення того, чи знижена або скасована кількість протеїну WOP1 немутантного типу;
визначення присутності мутантної мРНК, кДНК або геномної ДНК, що кодує мутантний протеїн WOP1;

5 визначення присутності мутантного протеїну WOP1;
визначення наявності у рослини або її потомства модифікованої морфології листя, як показано на Фігурі 3;

визначення того, чи є рослини або їх потомство необов'язково партенокарпічними.

10 Можуть використовуватися звичайні способи, такі як ПЛР-РЧ, ПЛР, аналізи на основі антитіл, секвенування, аналізи генотипування, фенотипування для стадій e та f тощо.

Рослини або рослинний матеріал або частини рослин можуть бути рослинами кавуна, огірка або дині або рослинними матеріалами або частинами рослин, такими як листя, частини листя, клітини, плоди, частини плодів, зав'язі, стебло, гіпокотиль, насінина, частини насіння, насіневі оболонки, ембріон тощо.

15 Наприклад, якщо існує одно-нуклеотидна різниця (одно-нуклеотидний поліморфізм, SNP) між алелем немутантного типу та мутантним алелем, може бути використаний аналіз генотипування SNP, для визначення того, чи містить рослина, частина рослини чи клітина нуклеотид немутантного типу чи мутантний нуклеотид у своєму геномі. Наприклад, SNP може бути легко виявленим за допомогою KASP-аналізу (дивіться всесвітню комп'ютерну мережу krbioscience.co.uk) або інших аналізів генотипування SNP. Для розробки KASP-аналізу можуть
20 бути відібрані, наприклад, 70 пар основ проти ходу транскрипції та 70 пар основ за ходом транскрипції SNP, та також можуть бути сконструйовані два алель-специфічні прямі праймери та один алель-специфічний зворотний праймер. Дивіться, наприклад Allen et al. 2011, Plant Biotechnology J. 9, 1086-1099, особливо p097-1098 для способу KASP-аналізу.

25 Так само можуть бути використані інші аналізи генотипування. Наприклад, так само можуть бути використані аналіз генотипування TaqMan SNP, аналіз плавлення з високою роздільною здатністю (HRM), масиви SNP-генотипування (наприклад, Fluidigm, Illumina тощо) або секвенування ДНК.

Крім того, передбаченим є спосіб визначення, або виявлення або аналізу, чи містить клітина
30 або кавунова рослина або частина рослини мутантний алель гену WOP1, який кодує протеїн з SEQ ID NO: 32, або протеїн, який містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 32, передбачений в даному документі. В одному аспекті, спосіб містить визначення експресії алеля, та/або визначення кодувочої послідовності алеля та/або визначення частини кодувочої послідовності алеля (наприклад генотипу SNP алеля), та/або
35 визначення амінокислотної послідовності продукovanого протеїну та/або кількості продукovanого протеїну. Те саме стосується способу визначення, виявлення або аналізу, чи містить клітина або рослина огірка або дині або частина рослини мутантний алель гену WOP1, що кодує протеїн з SEQ ID NO: 33, або протеїн, що містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 33 (oripok) або протеїн з SEQ ID NO: 34, або
40 протеїн, що містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до SEQ ID NO: 34 (диня).

Для визначення, чи містить рослина або її частина мутантний алель wop1 за винаходом, можуть використовуватись різні способи. Як зазначалось, може бути визначений рівень мРНК (або кДНК) алелі немутантного типу або може бути визначений рівень протеїну немутантного
45 типу, щоб побачити, чи є зниженою або відсутньою експресія алелі немутантного типу. Крім того, також може бути проаналізована кодувоча послідовність або її частина, наприклад, якщо вже відомо, який мутантний алель може бути присутнім, може бути розроблений аналіз для виявлення мутації, наприклад, аналіз генотипування SNP може, наприклад, відрізнати присутність мутантного алеля в кавуні від алеля немутантного типу, наприклад, генотипування
50 для SNP16a.

Спосіб відбору рослини, який включає стадії:

а) ідентифікування рослини, яка має мутацію в алелі, що кодує ген, який кодує протеїн WOP1, де алель гену немутантного типу кодує протеїн WOP1, що містить щонайменше 95 %, 96 %, 97 % або 98 % ідентичність послідовності до будь-яким з протеїнів, вибраних з групи: SEQ
55 ID NO: 32 або SEQ ID NO: 33 або SEQ ID NO: 34, та необов'язково

б) визначення того, чи є рослина або рослина-потомок, утворена шляхом самозапліднення, необов'язково партенокарпічним та необов'язково

с) відбору рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля стадії а).

Спосіб продукування рослини, який включає стадії:

60 а) введення мутацій в популяцію рослин,

b) відбору рослини, яка продукує безкісточкові плоди за відсутності запилення та плоди з насінням після запилення та/або яка містить мутантний алель *wop1*,

c) необов'язково, перевірки, чи рослина, відібрана на стадії b) має мутацію в алелі, який кодує протеїн WOP1, що кодує ген та відбір рослини, яка містить таку мутацію, та необов'язково

5 d) вирощування/культивування рослини отриманої на стадії c),

де алель немутантного типу гену кодує протеїн WOP1, який містить щонайменше 95 % ідентичності послідовності з будь-яким одним з протеїнів, вибраних з групи: SEQ ID NO: 32 або SEQ ID NO: 33 або SEQ ID NO: 34.

Спосіб продукування рослини, який включає стадії:

10 a) введення чужорідної молекули нуклеїнової кислоти в рослину, де чужорідна молекула нуклеїнової кислоти є вибраною з групи, що складається з

i) молекул ДНК, які кодують щонайменше одну антисенсову РНК, що призводить до зниження експресії ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1;

15 ii) молекули ДНК, які за допомогою ефекту ко-супресії призводять до зниження експресії ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1;

iii) молекули ДНК, які кодують щонайменше один рибозим, який розщеплює специфічні транскрипти ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1;

20 iv) молекули ДНК, які одночасно кодують щонайменше одну антисенсову РНК та щонайменше одну сенсову РНК, де зазначена антисенсова РНК та зазначена сенсова РНК утворюють дволанцюгову молекулу РНК, що призводить до зниження експресії ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1 (технологія РНКі);

25 v) молекули нуклеїнової кислоти, введені за допомогою мутагенезу *in vivo*, що призводить до мутації або вставки гетерологічної послідовності в ендogenousний ген, який кодує протеїн WOP1, де мутація або вставка призводить до зниження експресії гену, що який кодує протеїн WOP1 або в результаті призводить до синтезу протеїну WOP1 з втратою функції або зниженням функції;

vi) молекули нуклеїнової кислоти, які кодують антитіло, де антитіло призводить до зниження активності ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1, завдяки зв'язуванню антитіла з ендogenousним протеїном WOP1;

30 vii) молекули ДНК, які містять транспозони, де інтеграція даних транспозонів призводить до мутації або вставки в ендogenousний ген, який кодує протеїн WOP1, що призводить до зниження експресії ендogenousного гену, який кодує протеїн WOP1, або призводить до синтезу неактивного циклін-SDS-подібного протеїну;

35 viii) молекули Т-ДНК, які через вставку в ендogenousний ген, який кодує циклін-SDS-подібний протеїн, призводять до зниження експресії ендogenousного гену, який кодує циклін-SDS-подібний протеїн, або призводять до синтезу втраченої функції або зниженої функції протеїну WOP1;

ix) молекули нуклеїнової кислоти, які кодують ендонуклеази рідкісного розщеплення або індивідуально підібрані ендонуклеази рідкісного розщеплення, переважно мегануклеаза, TALENs або система CRISPR/Cas

40 b) вибору рослини, де рослина або потомство рослини, отримане шляхом самозапліднення, продукує безкісточкові плоди за відсутності запилення та плоди з насінням після запилення, необов'язково

c) перевірки, чи рослина, відібрана на стадії b), має знижену активність протеїну WOP1 в порівнянні з рослинами немутантного типу, в геном яких не були інтегровані чужорідні молекули нуклеїнової кислоти, необов'язково

45 d) вирощування/культивування рослин отриманих на стадії c).

Рослина, отримана за будь-яким зі способів, наведених вище, є включеною в даний документ.

50 В одному аспекті, передбаченим є генетично модифікована рослина та частина рослини, внаслідок чого рослина має знижену експресію або не має експресію ендogenousного гену WOP1, наприклад, шляхом сайленсінга ендogenousного гену WOP1. Такою рослиною може бути будь-яка рослина, в одному аспекті це кавун, диня або огірок. Проте, це також може бути кукурудза, соя, пшениця, ріпак, помідори, бавовна тощо.

55 В іншому аспекті, передбаченою є рослина та частина рослини, що містять мутацію в ендogenousному гені WOP1, наприклад, індуковану мутацію, згенеровану, наприклад, цільовим мутагенезом, за допомогою якого експресія гену або знижується або скасовується, або експресований ген кодує знижену функцію або втрату функції протеїну WOP1 в порівнянні з протеїном немутантного типу. Такою рослиною може бути будь-яка рослина, в одному аспекті це кавун, диня або огірок, як описано. Проте, це також може бути кукурудза, соя, пшениця, рапс, помідори, бавовна, перець тощо. Оскільки ген WOP1 в інших видах може мати меншу ідентичність послідовності до гену WOP1 Cucurbitaceae, в даному аспекті винаходу, ген WOP1 є

геном, який кодує протеїн, що містить щонайменше 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ідентичність послідовності з SEQ ID NO: 32. Необов'язково ген WOP1 є геном, що кодує протеїн, що містить щонайменше 60 %, 65 %, 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 %, 95 % ідентичність послідовності з SEQ ID NO: 32, при цьому протеїн містить консервативний домен SEQ ID NO: 35 або послідовність, що містить щонайменше 70 %, 75 %, 80 %, 85 %, 90 % 95 % ідентичність послідовності з SEQ ID NO: 35. Фахівець у даній галузі може ідентифікувати ортологи гену WOP1 у таких інших видів, наприклад, у перці або томатах, та тим самим створюють необов'язкові партенокарпічні рослини перцю чи томату. Всі варіанти здійснення, описані в даному документі для кавуна, огірка та дині, однаково застосовуються до інших видів сільськогосподарських культур, з тією різницею, що ген WOP1 може, таким чином, кодувати протеїн із менш ніж 95 % ідентичністю послідовності до протеїну кавуна WOP1 немутантного типу SEQ ID NO: 32.

Інформація про депозит

Диплоїдне насіння рослин *Citrullus lanatus*, яке серегує щодо мутантного алеля *wop1*, було депонованим Nunhems B.V. за Будапештським Договором під номером доступу NCIMB42533 в NCIMB Ltd., Ferguson Building, Craibstone Estate, Bucksburn Aberdeen AB21 9YA, Scotland, UK, 27 січня 2016 року. Насіння було продуковане самозапиленням гетерозиготної рослини щодо мутантного алеля *wop1* (тобто WOP1/*wop1*). Депоноване насіння складається з 25 % WOP1/WOP1 (гомозиготного алеля немутантного типу WOP1), 50 % WOP1/*wop1* (гетерозиготного) та 25 % *wop1/wop1* (гомозиготного щодо мутантного алеля *wop1*) рослин.

Диплоїдне насіння рослин *Citrullus lanatus*, яке серегує щодо мутантного алеля циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном (мутантний алель *emb1*) було депонованим Nunhems B.V. за Будапештським Договором під номером доступу NCIMB 42532 в NCIMB Ltd., Ferguson Building Craibstone Estate Bucksburn Aberdeen AB21 9YA, Scotland, UK, 27 січня 2016 року. Депоноване насіння отримували із самозапиленого зворотного схрещування рослини, гомозиготній щодо мутантного алеля *emb1* з рослиною, гомозиготною щодо *emb1* алеля немутантного типу. Таким чином, 25 % від депонованого насіння є гомозиготним щодо мутантного алеля *emb1* та продукують безкісточкові плоди, 50 % є гетерозиготними щодо мутантного алеля та 25 % є гомозиготними щодо алелю немутантного типу, який кодує циклін-SDS-подібний протеїн немутантного типу.

Заявник просить, щоб зразки біологічного матеріалу та будь-яких матеріалів, отриманих із зазначених зразків, були доступними тільки призначеному експерту відповідно до правила 32(1) ЕПС або відповідного законодавства країн або договорів, які мають подібні правила та положення, щодо зазначення про надання патенту або протягом 20 років з дати подання заявки, якщо заявка відхилена, залишена, відкликана або вважається відкликаною.

Доступ до депозитів буде доступний протягом періоду дії даної заявки особам, визначеним Уповноваженою особою з питань патентів та товарних знаків, які мають право на них за вимогою.

З урахуванням 37 C.F.R. § 1.808(b), всі обмеження, які накладаються вкладником на доступність одного або декількох депозитів, будуть безповоротно зняті після видачі патенту шляхом надання доступу до депозитів. Депозити будуть зберігатися протягом періоду 30 років, або протягом 5 років після останнього запиту, або протягом можливого періоду строку дії патенту залежно від того, який з них є довшим, та буде замінено, якщо він стане нежиттєздатним протягом цього періоду. Заявник не відмовляється від будь-яких прав, наданих за цим патентом, на дану заявку або Закон про захист сортів рослин (7 USC 2321 та далі).

Опис послідовності

SEQ ID NO 1 – 24 та SEQ ID NO 29: Послідовності з *Citrullus lanatus*, які містять одонуклеотидні поліморфізми на хромосомі 4, зазначені SNP є поліморфними між рослинами, які включають мутантний алель *wop1*, та рослини, які втратили мутантний алель *wop1* насіння, депонованого під номером NCIMB42533.

SEQ ID NO 25: Геномна послідовність немутантного типу циклін-SDS-подібного протеїну, який кодується геном (геном *Emb1*) з *Citrullus lanatus*.

SEQ ID NO 26: Амінокислотна послідовність SDS-подібного протеїну з *Citrullus lanatus*. Амінокислотна послідовність може бути отримана з кодуєчої послідовності з SEQ ID NO 25.

SEQ ID NO 27: мРНК послідовність мутантного алеля циклін-SDS-подібного протеїну з *Citrullus lanatus*.

SEQ ID NO 28: Амінокислотна послідовність мутантного алеля SDS-подібного протеїну. Амінокислотна послідовність може бути отримана з SEQ ID NO 27.

SEQ ID NO 30: кДНК та геномна ДНК кавуна, яка кодує мутантний WOP1 протеїн з SEQ ID NO: 31.

SEQ ID NO 31: Амінокислотна послідовність мутантного протеїну WOP1, яка містить S143N мутацію, як виявлено в насінні депонованій під номером NCIMB42533.

SEQ ID NO 32: Амінокислотна послідовність немутантного типу WOP1 протеїну кавуна.

SEQ ID NO 33: *Cucumis sativus* немутантного типу WOP1 протеїн.

5 SEQ ID NO 34: *Cucumis melo* немутантного типу WOP1 протеїн.

SEQ ID NO 35: консервативний домен "myb-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу", який міститься в протеїні WOP1s з SEQ ID NO: 32, SEQ ID NO: 33 та SEQ ID NO: 34

SEQ ID NO 36-38: пара праймерів для аналізу експресії гену WOP1 та отриманий в результаті ампліфікований продукт.

10 SEQ ID NO 39-41: пара праймерів для аналізу експресії гену WOP1 та отриманий в результаті ампліфікований продукт.

Приклади

Безпосередній скринінг мутантних рослин

15 Мутантну популяцію встановлювали, обробляючи приблизно 10 000 кавунового насіння з інбредної диглоїдної лінії EMS декілька годин та потім промивали насіння проточною водогінною водою протягом 30 хвилин. Після цього насіння зберігали вологим до посіву в ґрунт. M1 рослини були вирощені з мутагенізованого насіння, самозапилювали та збирали насіння (покоління M2).

20 M2 родини вирощувалися в теплиці для захисту від комах та регулярно відстежувалися щодо зав'язку плодів.

Мутантні рослини, які продукують безкісточкові плоди були виділеними. Одна з даних мутантних рослин була позначена wor1.

25 Розмноження wor1 мутантної рослини здійснювали шляхом прищеплення паростків wor1 мутантної рослини до кореневого пагону немутагенізованої кавунової рослини. Рослина була проаналізована для підтвердження того, що зав'язок плодів не відбувався від випадкового запилення комах або від гермафродитних квітів. Рослинний фенотип був підтверджений в двох сезонах вирощування. Запилення жіночих квіток призводило до нормальних, насінневих плодів, у той час як за відсутності запилення розвивалися безкісточкові плоди.

Ген WOP1 представляє собою єдиний рецесивний ген.

30 Гомозиготний мутант wor1 був знову схрещений з вихідною немутагенізованою кавуною інбредною лінією, (покоління BC1). 25 % рослин, вирощених із самозапилюваного покоління BC1 продукували безкісточкові плоди без запилення. Результати показують, що wor1 мутація є обумовленою єдиним рецесивним геном.

Ідентифікація гену, яка викликає фенотип безкісточкового плоду

35 Пилок з мутанта wor1 також використовувався для схрещування з кавуною інбредною лінією для встановлення популяції F2, яку піддавали картуванню. F2 індивідууми були фенотипованими для продукування безкісточкових плодів за відсутності запилення жіночих квіток. З відібраних F2 індивідуумів, F2:3 родини були фенотипованими за одним і тим самим способом.

40 З використанням даних генотипування та фенотипування, мутантний алель wor1 був картований до хромосоми 4, між SNP1a та SNP24, зокрема між SNP1 та SNP24, швидше за все, між SNP3 та SNP23.

Подальша ідентифікація гена WOP1

45 Здійснювали секвенування всього геному, та мутантний алель wor1 був ідентифікованим, як такий, що лежить між SNP16 та SNP17. На даній ділянці SNP був ідентифікованим в кодуючу послідовність гена, SNP16a, що призводило в результаті до амінокислотного заміщення в невеликому протеїні, який містить myb-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу. Дана мутація була унікальною в мутантній популяції, та була знайдена лише в одній мутантній рослині, мутантній рослині wor1.

50 Протеїновий WOP1 мутант

MREEHSNWFSRWEEELPSPDELMPLSQTLITPDLALAFDIQNPSNSSPPLPCSPPLSNPLPGSGNGI
AQPNSADFGDSADLGSGAASDEPARTLKRPRLVWTPQLHKRFVDAVAHLGIKNAVPKTIMQLM
SVDGLTRENVA~~NHLQKYRL~~YLKRMQGLSSGGGGGGGGLVASSDPATDHLFASSPVPHLLHSA
RTSSDHFLPFVPMATLQQHHHHQQQMAAAAAVAVHPQLQPPYHRQVGHFGSPNGQFEHPFLA
RQSQPIHRMGAPVPNSVPNYIEDLESANASGGRKVLTLFPTGDD (SEQ ID NO: 31)

Протеїн WOP1 немутантного типу

MREEHSNWFSRWEEELPSPDELMPLSQTLLITPDLALAFDIQNPSNSSPPLPCSPPLSNPLPGSGNGI
 AQPNSADFGDSADLGSGAASDEPARTLK[RPRVLVWTPQLHKRFVDAVAHLGIKNAVPKTIMQLM]
 [SVDGLTRENVASHLQKYRL]YLKRMQGLSSGGGGGGGGGLVASSDPATDHLFASSPVPPHLLHSA
 RTSSDHFLPFVPMATLQQHHHHQQQMAAAAAVAVHPQLQPPYHRQVGHFGSPPNGQFEHPFLA
 RQSQPIHRMGAPVPNSVPNYIEDLESANASGGRKVLTLFPTGDD (SEQ ID NO: 32)

Протеїн містив консервативний туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу (виділений лініями вище), та амінокислотне заміщення було в SHAQKYF мотиві домена. Даний мотив представляє собою консервативний мотив, який має амінокислоти SH[A/L]QKY[R/F]L та є частиною альфа-спіралі.

SIFT-аналіз (Pauline and Henikoff 2003, NAR 31, 3812-3814) підтвердив, що мутантний WOP протеїн, як і є передбаченим, має зниження функції або втрату функції.

Необов'язковий партенокарпічний фенотип, спів-сегрегований з мутантним алелем wor1, та в рослинах, гомозиготних щодо мутації (wor1/wor1) краю листка та пластинки листка, як було виявлено, є модифікованими, дивіться, фігуру 3. Даний фенотип також спостерігався у більшості рослин гетерозиготних щодо мутантного алеля (WOP1/wor1), та здається є викликаним мутантним wor1 алелем. Модифікована морфологія листків може, таким чином, бути використана як фенотипічна ознака для розрізнення рослин гомозиготних або гетерозиготних для мутантного алеля wor1 від рослин, які втратили мутантний алель wor1, та містить тільки немутантного типу алель (WOP1/WOP1). З 10 інбредних ліній зворотного схрещування, 8 містили модифіковану морфологію листя та містили алель wor1 в гомозиготній або гетерозиготній формі. Дві інбредні лінії зворотного схрещування гетерозиготні щодо мутантного алеля wor1 не могли бути чітко відокремлені від немутантного типу рослини, що вказує на те, що генетичний фон може впливати на експресію морфології, коли алель знаходиться в гетерозиготній формі.

Ортологи гену WOP1 були ідентифікованими з використанням протеїн BLAST аналізу.

Протеїн WOP1 огірка

MREEHSNWFSRWEEELPSPDELMPLSQTLLITPDLALAFDIQNPSNSSPPLPCSPPLSNPLPGSGNGI
 IVPPNSADFGDSADLGSGAASDEPARTLK[RPRVLVWTPQLHKRFVDAVAHLGIKNAVPKTIMQLM]
 [SVDGLTRENVASHLQKYRL]YLKRMQGLSGGGGGGGGAALVGSSDPATDHLFASSPVPPHLLHSA
 RTSSDHFLPFVPMATLQQHHHHQQQMAAAAAVAGHTQLQPPYHRQVGHFGSPPNGQFEHPFLA
 RQSQPIHRMGTPVHNSVPNYIEDLESANATGGRKVLTLFPTGDD (SEQ ID NO: 33)

Протеїн WOP1 дині

MREEHSNWFSRWEEELPSPDELMPLSQTLLITPDLALAFDIQNPSNSSPPLPCSPPLSNPLPGSGNGI
 VPPNSADFGDSADLGSGAASDEPARTLK[RPRVLVWTPQLHKRFVDAVAHLGIKNAVPKTIMQLMS
 VDGLTRENVASHLQKYRLYLKRMQGLSGGGAGGGGAALVGSSDPATDHLFASSPVPPHLLHSAR
 TSSDHFLPFVPMATLQQHHHHQQQMAAAAAVAGHTQLQPPYHRQVGHFGSPPNGQFEHPFLAR
 QSQPIHRMGTSVHNSVPNYIEDLESANATGGRKVLTLFPTGDD (SEQ ID NO: 34)

Дані два протеїни також містять туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу (виділений лініями вище). Протеїни, кожен, мають 95,3 % ідентичність послідовності до немутантного типу кавунового WOP1 протеїну (SEQ ID NO: 32), та містить 98,7 % ідентичність послідовності до кожної іншої з використанням програми Needle з веб-сайту ebi.ac.uk з параметрами за замовчуванням).

Аналіз експресії гену WOP1 в кавуні:

ПЛР-РЧ аналіз здійснювали для того, щоб визначати експресію мРНК в wor1 мутантній рослині та в WOP1 немутантного типу рослині. Зразки тканини відбирали з тканини молодого листа, тканини зав'язі відкритих квіток, тканини зав'язі на 3-4 та 5-6 дні після запилення/розвиток плода як немутантного типу, так і мутантної рослини.

Дві комбінації праймерів (A6254-6255 та A6256-6257) використовувались для вимірювання експресії WOP1. Комбінації праймерів ампліфікують різними частинами із мРНК/кДНК. Як контроль додавали два гени "домашнього господарства" (CIPP2A та CIYLS8).

A6254 CCTACACGACGCTCTTCCAAGAGGAGCTTCCATCTCCAG (SEQ ID NO: 36)

A6255 CTGCCTGAACCGCTCTTCCAGCCCCAAATCGGCAGAATC (SEQ ID NO: 37)

Ампліфікований фрагмент (нуклеотиди з 38 до 250 з SEQ ID NO: 30):

AAGAGGAGCTTCCATCTCCAGATGAATTGATGCCTCTTTCTCAAACCCCTAATAACCCCCGAT
CTAGCTTTGGCCTTTGATATTCAGAATCCCAGCAATAGCAGTCCGCCGTTGCCTTGTCCATCT
CCGCCGCTTTTCGAATCCTCTGCCTGGCTCTGGCAACGGAATTGCGCAGCCCCAACTCGGCGGA
TTTCGGCGATTCTGCCGATTTGGGCT (SEQ ID NO: 38)

A6256 CCTACACGACGCTCTTCCGTGGCTTGCTTGCTTCCTC (SEQ ID NO: 39)

A6265 CTGCTGAACCGCTCTTCCGATGATAAGGCGGCTGGAG (SEQ ID NO: 40)

Ампліфікований фрагмент (нуклеотиди з 500 до 712 з SEQ ID NO: 30):

GTGGCTTGGTTGCTTCCTCCGATCCCGCCACTGACCATTTGTTTGCCAGCTCCCCAGTTCCAC
CCCAATTTGCTTCACTCTGCTCGCACCAGTTCAGACCATTTCTTGCCCTTTGTTCCCATGGCCAC
TCTGCAGCAGCACCACCATCACCAGCAGCAGATGGCCGCTGCTGCTGCTGCTCGCCGTCCATC
CGCAGCTCCAGCCGCCTTATCATC (SEQ ID NO: 41)

Експресія була нормалізованою до одного з генів "домашнього господарства". Зразок молодого листка немутантного типу був визначений як 100 %. Експресія wor1 мутантного алеля була по суті подібною до експресії WOP1 алеля немутантного типу у молодого листка та в розвитку тканини зав'язі. Для обох пар праймерів були отримані аналогічні результати. Зазначене демонструє, що мутація wor1 в кодуючій послідовності не впливає на експресію гену WOP1.

ПЕРЕЛІК ПОСЛІДОВНОСТЕЙ

- 15 <110> Nunhems B.V.
- <120> Партенокарпічні кавунові рослини
- <130> 181935W001
- 20 <140> PCT/EP2017/074809
- <141> 2017-09-17
- <150> EP16191903.0
- 25 <151> 2016-09-30
- <160> 41
- <170> PatentIn version 3.5
- 30 <210> 1
- <211> 151
- <212> ДНК
- <213> Citrullus lanatus
- 35 <400> 1
- tagcttttcaa ttagaatttc ttatgaaaat tgtttacgta tcaattatca ttgtcatttt 60
- gctagttttta ccttttaaagt ttaattgata caattgtaaa tctcaccatg tttttcaaac 120
- 40 gaaatctaaa agagtataaa ttgatacaat t 151
- <210> 2
- 45 <211> 151

<212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 <400> 2
 5 agaagarggc gaagttgagg aaagagctca gagccctaag aagaggagca gaggaaattg 60
 ctaaggacgc attgttcaac aaaaaggtgt gcagggtagt gcaacctgaa gaagaaatac 120
 aaacgcatag acttcctgat cctcaagtag a 151
 10

 <210> 3
 <211> 151
 <212> ДНК
 15 <213> Citrullus lanatus

 <400> 3
 taaaatgggtt gttcaaggaa ggttattgaa agatgataat ttgattttca agtcaaacga 60
 20 taataggaga cgcaccaaag aatcaaaagg gatTTTTgag tgaaaattat tatttaaaat 120
 gtttcctaat tggttataag gatgtttttc c 151

 25 <210> 4
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 30 <400> 4
 ccgagagcga gattctgagc gagagcgaga gagcgagagt ctgagcgaga gagtgagatt 60
 ctggcgaggg acttcccgga aagtagaatc cgtcaaggcg agcggcgact gagagagaga 120
 35 caacgggaaa caaaggtaaa gagagagtgt g 151

 <210> 5
 <211> 151
 40 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 <400> 5
 aagcagcagg catttttagtt aattaaacga aaacttacgg gaattaggat tcattaactt 60
 45 aaattaacta aagttaattt taaaaaatag tggaattgggt ttaacttaag tttaattaac 120
 taattaataa tataaaactt aatcagcttt g 151

 50
 <210> 6
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus
 55
 <400> 6
 aaaatttacc tttagagttt ggactcgctg ccactggaaa tcgactcact cactagcact 60
 gatctgagac ttttacaaaa atggagaaag actttttacat gagttggtaa cacatacggg 120
 60 gaccaactcc aacaaacaat catcgctta c 151

5 <210> 7
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 <400> 7
 10 cacctcttag atgcagggtt gatagttttt ggactcgtag tgcactagtt agacgcctaa 60
 ttttcttcat aaagggttctc aacttttctt aatttgagtt ctaaagtgat tttcagtgag 120
 taaagaagtg attccccgag tcttatttat a 151

 15 <210> 8
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus
 20 <400> 8
 aaatgaagtt aaaccgaaaa aagtgtgctt tcggagtagc ttcaggcaag tttctaggct 60
 25 tcatggtcaa tcatagagga attaaagcaa atctagacaa gatacgagct gtcctggaga 120
 tggagtctcc taagacacta aagcaacttc a 151

 30 <210> 9
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 <400> 9
 35 aagggtgatt gtacaagaga aggatttgta gctaagaatg gacataagga aagagagagg 60
 acgcatgata gtatgcgatt aaggcagacg catggtatta tatggtaagc tgaaacgtat 120
 40 agtagtatgc gtttaagact taaacaccta g 151

 <210> 10
 <211> 151
 <212> ДНК
 45 <213> Citrullus lanatus

 <400> 10
 atgtttgatt gaaaccaaaa accagaagaa ttcgaagctc aaccaatcc caagaaagag 60
 50 gagttggaag tgggtgaaaac gggagaagaa gaagaagaac aacaacaaca acaagatgct 120
 gaatcttact gttcgaagtt tactgggtag a 151

 55 <210> 11
 <211> 151
 <212> ДНК
 <213> Citrullus lanatus

 60 <400> 11
 gtttggtgaa tatctgaaac atacaaaatg gatttaattg tgtagataaa ttcattgttt 60

	agaaactttc aaattgaatt gaaatttcaa attaaaatga tgtttcatgt acaaatttaa	120
5	catgtatgaa agttaaattt gtagtttctt c	151
	<210> 12	
	<211> 151	
	<212> ДНК	
10	<213> Citrullus lanatus	
	<220>	
	<221> misc_feature	
15	<222> (146)..(146)	
	<223> н являє собою а, с, г, або т	
	<400> 12	
20	ttttgttatc tacttttctaa aagtgttcta aaaaaccaat caatggtttg gaaactagtt	60
	ttcaaaaatt tattttttggt tttaaaaatt tgacgaaaaa ttcaaaagtt tctttaagaa	120
	aggttgaagc tatagtaaag aatttntgag g	151
25	<210> 13	
	<211> 151	
	<212> ДНК	
30	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 13	
	caaaagttgc atgatatagt aatagccaaa cacataatgt aatgttaagt atccgaaggt	60
	cgtagtaatt ctcttgactt acattaacag caacaatgga aggaaaaaaa aacccaaata	120
35	agtacccaaa aattaaagaa tactttctat g	151
	<210> 14	
40	<211> 151	
	<212> ДНК	
	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 14	
45	ttgtagaaat taaaccaca aatgatagaa atcgaactct cacatttgta cgattattac	60
	aatttgtaaca attatattag tctgagagtt caattttaac atttgataaa gtttgaagtc	120
50	tcaattttta aaattaanaag tttaagggga t	151
	<210> 15	
	<211> 151	
	<212> ДНК	
55	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 15	
	tggagtcacc ctctgtcggc catattctcg catttccccg tcaatcagtt gcagcgctcc	60
60	agccttcacg gtgcggcctt aatcgcagtt cacagcattg tggcatcgtc atagttgtcg	120

	cgccgcagca tcttggtcgt cgcgccccag c	151
5	<210> 16 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
10	<400> 16 actttttctaa aaaacaacca ttacttatgc aatatgattg attcctaatt tcttgaaacc	60
	aagttaataa gcataacatt aagattagtc atgatcaact ttttctaata acctagctat	120
15	ttaattaata gagattcaat gctatagatc c	151
20	<210> 17 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
	<400> 17 atgtaattag agtaagtatc catatgaaat atgatccaat cgatatttga aataattaac	60
25	aaacttgcta ctaaagaaaa ctttagcttt taaacctaca caaatttaat atatgaaata	120
	cacttttgat ctggttgaat tccaattcta a	151
30	<210> 18 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
35	<400> 18 ttactcaaa ttttaaaaaa cttgttttgt ttttagaacg gtgaaaatta ccataattta	60
	aaaattggaa ggaaccaata taaattttta aggaaaaaaa aacaaaaaaa ttaaaacaaa	120
40	atcgttgcaa aaagaccttt aattatattg a	151
45	<210> 19 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
50	<400> 19 tctaccaatc ttactctatt aattctccca atttttatta gaaaaattct aagaaaattc	60
	ttattcccat aagcggttcc caciaaccag atctttgcgc gagtcatagc gaggaagatc	120
	tcttgaaaaa gaaagactac aaggagaaga c	151
55	<210> 20 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
60	<400> 20	

	aacattttac tataaaatfff ggaaacacat tcacatatta tattttcttta cataaaaaatt	60
	attgtttgta tttaatcaat ttcaataaaa attaactttg agagactaaa ttttaagattt	120
5	attaaaaata cataaattaa aattggacaa t	151
	<210> 21	
	<211> 151	
10	<212> ДНК	
	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 21	
15	aacatcctaa aactatgagt ttagccacgg atagacatca aatacataca ttcatatgag	60
	ttctcaagca taaaagtaaa agagaaagag aaacttagga agaaagactc tcgaattgct	120
	tccccgcggt gaattccttc gatctccact t	151
20	<210> 22	
	<211> 151	
	<212> ДНК	
	<213> Citrullus lanatus	
25	<400> 22	
	cttttcaggt ggctactcct aaacattttct ttacaggtgg gtgcttctag catgacagtt	60
	ttacgtagta tttggcagag ttactggctc gataagcatg gggatgccat ggagagcggt	120
30	gttgatcagc ttgcacgaag tctatcagag a	151
	<210> 23	
35	<211> 151	
	<212> ДНК	
	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 23	
40	atatgtcatt aataaattgc taactagact aaaaatttag atgtctaaac acatatgttg	60
	cttaggtgtg ccaaataatc ggattgatat atatggaaat ttacgatcat agaataatta	120
	tttagggcc attttttttaa ttgacgttta a	151
45	<210> 24	
	<211> 151	
	<212> ДНК	
50	<213> Citrullus lanatus	
	<400> 24	
	tcagatgagt gacgttcaat ttgtctatft tattgtacaa tcaatgatca caacaaagct	60
55	atttatatft tcaatcattc tattttttgtt gtatagtaat tttgttatat agtaatttcg	120
	ttatcctaaa ctattttcat tcttctaagt a	151
60	<210> 25	
	<211> 5135	

<212> ДНК
<213> Citrullus lanatus

5 <220>
<221> экзон
<222> (1018) .. (2088)

10 <220>
<221> CDS
<222> (1018) .. (2088)

15 <220>
<221> Интрон
<222> (2089) .. (2185)

20 <220>
<221> экзон
<222> (2186) .. (2353)

25 <220>
<221> CDS
<222> (2186) .. (2353)

30 <220>
<221> Интрон
<222> (2354) .. (3098)

35 <220>
<221> экзон
<222> (3099) .. (3265)

40 <220>
<221> CDS
<222> (3099) .. (3265)

45 <220>
<221> Интрон
<222> (3266) .. (4324)

50 <220>
<221> экзон
<222> (4325) .. (4607)

55 <220>
<221> CDS
<222> (4325) .. (4604)

<400> 25
50 aaacattcat acttttgaag aaaattagta tattatttat ttatattata ttacagatt 60
atatttgat ttttttttaa atatttattg aattttttat aatataataa aaatgtcgac 120
atgtcaacac aaaattaatt tcatattatg aattagaagt aggaataag agtatgtttg 180
55 gaataaattt tcaagtattt aatttttaaaa ataagtcact tcaaaagaaa tataagtgtt 240
tggcaaccac tcaaactgta ttttaaaagc cattagtgtc tttattataa atacttttct 300
60 tatcaaaaagt gtttaaatga aaataaaaagt ttgaagacat ttcttttcta ggttaatcga 360

	atggcttcta aatttaagat ttatcaaag tatatgggtat gtttggttca aaagagtttt	420
	tgagcttata attaaagaac atcaatctca tgacttatca attttttgta atgtgtat	480
5	aaaaaaaaa agaaataaaa aagaaaaaga aaagaaaaac attttgtaat aggaccctac	540
	aattaaacaa tttaggacat gtctaggag tgattctaaa atagttaa atccactttt	600
	tattattgaa atcactttta aatatttcaa atcttcctaaa cacaaaattt attatataaa	660
10	aattatactt aaaaatgtaa aattaaat taaattaatt tggagtgtat taatatatgt	720
	tttggggata tatccatttc aaaatcactc caaatatgaa tttcataaaa ttaaagttga	780
15	atatttgaaa gtagaagact aaaatggaaa agaatataga ggtgaggggc caaatgata	840
	tttaactaaa taattattat tattttattag attagcacga gaggaggtga cagtgagga	900
	ccctctccaa aaaaaaaaaa aactcacttc caattcaca ttctcttttg cttcctaact	960
20	tccataactg ctctgctttc catcacgaaa ctcatcttca tcttcttcat tcgaaca	1017
	atg aag tcc aag aag cca agg gca aat ccc aaa ccc gaa tcc tac tct	1065
25	Met Lys Ser Lys Lys Pro Arg Ala Asn Pro Lys Pro Glu Ser Tyr Ser	
	1 5 10 15	
	ccg ccg aag aag aag ctc cgt tct cag ctt cca cgg cgc aga cgc tct	1113
	Pro Pro Lys Lys Lys Leu Arg Ser Gln Leu Pro Arg Arg Arg Arg Ser	
30	20 25 30	
	cgg att tct cct ttt ttc tgc tcc ttg gac tcc gat tcc cct gct cct	1161
	Arg Ile Ser Pro Phe Phe Cys Ser Leu Asp Ser Asp Ser Pro Ala Pro	
	35 40 45	
35	tct acc acc att gct ttt gct tct tct tcc ttt gct gcc gcc gaa tcc	1209
	Ser Thr Thr Ile Ala Phe Ala Ser Ser Ser Phe Ala Ala Ala Glu Ser	
	50 55 60	
40	agc tcc act tcc ttc cac gca ggc gga cct gag gtt tct agc cag ctc	1257
	Ser Ser Thr Ser Phe His Ala Gly Gly Pro Glu Val Ser Ser Gln Leu	
	65 70 75 80	
	aac gcg tgt ttt gga ttc cag agg ccg aat ttg cgg aag aga cga ttt	1305
45	Asn Ala Cys Phe Gly Phe Gln Arg Pro Asn Leu Arg Lys Arg Arg Phe	
	85 90 95	
	ggt tcg ggt ggt gtt aat ttg gat gaa gtt tcg aag aag gag gtt gga	1353
	Gly Ser Gly Gly Val Asn Leu Asp Glu Val Ser Lys Lys Glu Val Gly	
50	100 105 110	
	gta ggg agt aat gtg gaa gtg tct gaa tcg tct tgc gtt gaa tca aat	1401
	Val Gly Ser Asn Val Glu Val Ser Glu Ser Ser Cys Val Glu Ser Asn	
	115 120 125	
55	tct gga gtt gat ttt ggt gtt ctc gga cca agc act agc tcc agg ttg	1449
	Ser Gly Val Asp Phe Gly Val Leu Gly Pro Ser Thr Ser Ser Arg Leu	
	130 135 140	
60	aag att aga agt gat ttt agg aga act att gac gaa aat gaa gat cca	1497
	Lys Ile Arg Ser Asp Phe Arg Arg Thr Ile Asp Glu Asn Glu Asp Pro	
	145 150 155 160	

UA 128012 C2

	atc gat caa gcg gat aat gga gtt gtg aag ttt caa ttg acg gat gct	1545
	Ile Asp Gln Ala Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Gln Leu Thr Asp Ala	
	165 170 175	
5	gat gtc tcg tcg aag ctt tgt gaa aag gga gct gtg cca ctc act cct	1593
	Asp Val Ser Ser Lys Leu Cys Glu Lys Gly Ala Val Pro Leu Thr Pro	
	180 185 190	
10	tgt gga gag tct tgc gct gag tct atc ttc cag agc gtt tgt tcg ttc	1641
	Cys Gly Glu Ser Cys Ala Glu Ser Ile Phe Gln Ser Val Cys Ser Phe	
	195 200 205	
15	gaa gag aaa gga tta gac gtt gaa gaa aac aga cta tgg gaa ttt cag	1689
	Glu Glu Lys Gly Leu Asp Val Glu Glu Asn Arg Leu Trp Glu Phe Gln	
	210 215 220	
20	tta cca gaa cta ccg aga aat gag atc aat gaa act ttc act gtt tcg	1737
	Leu Pro Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ile Asn Glu Thr Phe Thr Val Ser	
	225 230 235 240	
25	aag tcg gat tcg acg ata gaa cag tgg cct aat agc ttg aag ttt gaa	1785
	Lys Ser Asp Ser Thr Ile Glu Gln Trp Pro Asn Ser Leu Lys Phe Glu	
	245 250 255	
30	tcg gat ctt gct tgc acg gag caa ttc tct tat gag aat gtt tcg gaa	1833
	Ser Asp Leu Ala Cys Thr Glu Gln Phe Ser Tyr Glu Asn Val Ser Glu	
	260 265 270	
35	tac tct agc cag gcg ttg tcc gag ctt caa tca aca att cta ttg gag	1881
	Tyr Ser Ser Gln Ala Leu Ser Glu Leu Gln Ser Thr Ile Leu Leu Glu	
	275 280 285	
40	acg tct gat act gac tgc tca gat tac act cct tca att ttt ttg gaa	1929
	Thr Ser Asp Thr Asp Cys Ser Asp Tyr Thr Pro Ser Ile Phe Leu Glu	
	290 295 300	
45	tcc gga agc gaa ttt tca gag aaa tcg aac gac gac gca gct cct tcg	1977
	Ser Gly Ser Glu Phe Ser Glu Lys Ser Asn Asp Asp Ala Ala Pro Ser	
	305 310 315 320	
50	tca aca ttt agc atg ttg ctg cag tac aga cgc gac ttt cta aac tta	2025
	Ser Thr Phe Ser Met Leu Leu Gln Tyr Arg Arg Asp Phe Leu Asn Leu	
	325 330 335	
55	aat gcc tct cca gac atc aga act agc tcg tct att gaa gaa gag aaa	2073
	Asn Ala Ser Pro Asp Ile Arg Thr Ser Ser Ser Ile Glu Glu Glu Lys	
	340 345 350	
60	gta gat caa tct acg gtaattcgct atcttcatgc ttccttgacg tttcatttgc	2128
	Val Asp Gln Ser Thr	
	355	
65	aacaaacctg aagctaataca aacaactata tatatatatt atttgatttt aaattag	2185
70	att ttg aga ttt gaa gaa ttg gac gat gaa gaa gcc tat cta atg ttc	2233
	Ile Leu Arg Phe Glu Glu Leu Asp Asp Glu Glu Ala Tyr Leu Met Phe	
	360 365 370	
75	aga agt aga gaa aga cgc caa ttg att att cgc gac tac gta gag gag	2281
	Arg Ser Arg Glu Arg Arg Gln Leu Ile Ile Arg Asp Tyr Val Glu Glu	

UA 128012 C2

	375	380	385	
	tat cgg tcc aca acg gat tat ggc gat ctc att ctc cag caa cgg tca			2329
	Tyr Arg Ser Thr Thr Asp Tyr Gly Asp Leu Ile Leu Gln Gln Arg Ser			
5	390	395	400	405
	aat gtg gtc caa tgg ata gtt gaa gtaagtcctt gataccaaac caccgtgttt			2383
	Asn Val Val Gln Trp Ile Val Glu			
	410			
10	ctctcaataa ttcctgaatt agcatgagat attttgctcc ggttttccat tttcatcggt			2443
	aatagcattg gtattctgag acattggaac tgtttagtgt atcgaggtag tttgaagcac			2503
15	tgactctcat atttcaattt gcaactgaatc gctaattagt tcttaacatc tcataaaatg			2563
	agttcccttg ccttatttgc tatggaactt tatccgacag cgtacttttc tgatttggct			2623
	atcccaacaa tgtgatttac taatgaaaat tacaaagtca ttaccatgat catactttcc			2683
20	actacttaaa agccagcagt ttatgatcctt gcacctgtta catctagttg ttataagctc			2743
	attctaacga atgaggcctg ccaccagcac aacgcactctg gcactctgaa tcaactaagt			2803
25	ttaactgatt tttcatttct tttcttactt ctgcttgaat atattttctg tttgtttttc			2863
	atcttaataa tagaatacag attcataacc gcgagatttg tgcttattac tgtggatggt			2923
	gacattttct taggaatact ccaatgtagt tgcattttca tcatctgttg acgtttctag			2983
30	ttcaaggaat acattcttta tactatTTTT attccttttc tgcgttaata cttgtcacca			3043
	accaattggg tcaaattttt tacattatgt tgctttgttt tgttgaatga tgcag cga			3101
				Arg
35				
	tcg aga gat tcc aaa ctt cat cag gag acg aca ttt tta gga gtt acc			3149
	Ser Arg Asp Ser Lys Leu His Gln Glu Thr Thr Phe Leu Gly Val Thr			
	415	420	425	430
40	ctc ctg gac cag att ctg agc aga gga ttc ttc aaa gct gga aga cac			3197
	Leu Leu Asp Gln Ile Leu Ser Arg Gly Phe Phe Lys Ala Gly Arg His			
	435	440	445	
45	ctt caa att ctg ggc ata gca tgt cta act ttg gcg act aga att gaa			3245
	Leu Gln Ile Leu Gly Ile Ala Cys Leu Thr Leu Ala Thr Arg Ile Glu			
	450	455	460	
	gaa aat cag tca tac agc tg gtgacttttt ttctatcttt tgtctatttg			3295
50	Glu Asn Gln Ser Tyr Ser Trp			
	465			
	tgtgcatctc agttttaact atataacaag tgttgttctt atctactgta acttcaactt			3355
55	aacttcgtta gtatgatgaa tattgcttga aaacaaactg tatgccagtt ggtcttcttg			3415
	tttcgatcca agggagtga attgggtaag ttaggatcga atgctaagta gtactagaaa			3475
	taataatcag aaagaattgt attaaagtaa ttgaatctaa tagtcttgaa tattttttct			3535
60	aaagttcaaa gtgtcgagcc tgaaagcttt gcgtttacat ggaccaaagt aatgttgtga			3595

	atataatcgta ggtcctctta tagcaattat gtaacaaata atagccatac attagtgtcg	3655
5	atacacacca cccgtacggt actgtagtgc aatattgcc aacactatc tttcagttct	3715
	tatgttaaca attcatgtgc acagaagaga cccgagaccc accaagaaaa cattatcttt	3775
	gacttgata tagaactcta agtcgagtca aatgtaaaac aattcttttt cttctcttct	3835
10	ctttctcaaa cttccttttg tagccttcat ttatctttga cttgcaattt acatgcaaaa	3895
	tgtaaataa ttgtgatttg ttttaattaaa tagagccttg tgaattgaga aggtatccaa	3955
15	gctagctggt gggctctcgag cttggtggat atatttataa agctatgata ggactgattt	4015
	gttttatttt tgggcatttc aggggtgcagc aaaggaatat ccgtgtagag agcaacacgt	4075
	acagaagatc tgaagttggt ggcatggaat ggcttggtga agaagtctta aagttccatt	4135
20	gtttcttggc aactgtttac aacttcttat ggtacatctt cctttgacta acttgaccat	4195
	tggtgggaag ggaaaaagt ttccctttcg tgcattccatt ttcaataaac tccttcggcc	4255
25	cattaacaat ttgaatctac tgcgaataac atgctttatt taattttctt tttttgaaaa	4315
	ttatcttag g ttc tac ctg aaa gct gct gga gct gac tcg aat ttg gag	4364
	Phe Tyr Leu Lys Ala Ala Gly Ala Asp Ser Asn Leu Glu	
	470 475 480	
30	aat cga gct aag aac ttt gcg gag ctg gtt ctt tca gac aaa gtc caa	4412
	Asn Arg Ala Lys Asn Phe Ala Glu Leu Val Leu Ser Asp Lys Val Gln	
	485 490 495	
35	ttt tgt tat ttc cct tca act att gca gct gcg gtt gtc atc ttg gcg	4460
	Phe Cys Tyr Phe Pro Ser Thr Ile Ala Ala Ala Val Val Ile Leu Ala	
	500 505 510	
40	tcc cta gga gaa aaa caa gat gca cca agt caa cga gtc att gag gta	4508
	Ser Leu Gly Glu Lys Gln Asp Ala Pro Ser Gln Arg Val Ile Glu Val	
	515 520 525 530	
45	cat aaa tac aaa tac ctg tta gag aga aaa ctc ctt tat ctt tat att	4556
	His Lys Tyr Lys Tyr Leu Leu Glu Arg Lys Leu Leu Tyr Leu Tyr Ile	
	535 540 545	
	gac cca att gaa caa ata aac aag tat ttt gaa atc gag aag aaa ctt	4604
	Asp Pro Ile Glu Gln Ile Asn Lys Tyr Phe Glu Ile Glu Lys Lys Leu	
	550 555 560	
50	taa agttttacaa aaacaccata atctaaatcc aattagattc aactgtaatg	4657
	taaagtacaa taataaaata catataccat aaggaaatgg taggttatag tgtttgtttc	4717
55	aattagatat tcaatttata tattagttag tggtgttaat ctccctgaat atttcttact	4777
	aacttgagga aggtctcctg tcttctggaa acccttccat gcccaaaatt tcagccttct	4837
	gctattccca ttaagtcaaa catgtaatga gtttactttt ctttctcctt ctaattatta	4897
60	attattttta ataatttatt tgtctaattc attttctgta gtctgaaccc acgaacttgc	4957

```

ttatcacaaa atccaaaacc aaaaacccca tcacaatttt ggaaatcttt ttgagaactg      5017
ctactataac catgtaattt ctttcaaaat ctacaaaaat agaaataaca cttatttaga      5077
5  ctatctgtgg tactatctca taacatctgg tgcattgtgg ctttgcagac gcatgtca      5135

<210> 26
<211> 562
10 <212> PRT
    <213> Citrullus lanatus

<400> 26

15 Met Lys Ser Lys Lys Pro Arg Ala Asn Pro Lys Pro Glu Ser Tyr Ser
    1          5          10          15

20 Pro Pro Lys Lys Lys Leu Arg Ser Gln Leu Pro Arg Arg Arg Arg Ser
    20          25          30

25 Arg Ile Ser Pro Phe Phe Cys Ser Leu Asp Ser Asp Ser Pro Ala Pro
    35          40          45

30 Ser Thr Thr Ile Ala Phe Ala Ser Ser Ser Phe Ala Ala Ala Glu Ser
    50          55          60

35 Ser Ser Thr Ser Phe His Ala Gly Gly Pro Glu Val Ser Ser Gln Leu
    65          70          75          80

35 Asn Ala Cys Phe Gly Phe Gln Arg Pro Asn Leu Arg Lys Arg Arg Phe
    85          90          95

40 Gly Ser Gly Gly Val Asn Leu Asp Glu Val Ser Lys Lys Glu Val Gly
    100          105          110

45 Val Gly Ser Asn Val Glu Val Ser Glu Ser Ser Cys Val Glu Ser Asn
    115          120          125

50 Ser Gly Val Asp Phe Gly Val Leu Gly Pro Ser Thr Ser Ser Arg Leu
    130          135          140

55 Lys Ile Arg Ser Asp Phe Arg Arg Thr Ile Asp Glu Asn Glu Asp Pro
    145          150          155          160

60 Ile Asp Gln Ala Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Gln Leu Thr Asp Ala
    165          170          175

    Asp Val Ser Ser Lys Leu Cys Glu Lys Gly Ala Val Pro Leu Thr Pro
    180          185          190

```

UA 128012 C2

	Cys	Gly	Glu	Ser	Cys	Ala	Glu	Ser	Ile	Phe	Gln	Ser	Val	Cys	Ser	Phe	
			195					200					205				
5																	
	Glu	Glu	Lys	Gly	Leu	Asp	Val	Glu	Glu	Asn	Arg	Leu	Trp	Glu	Phe	Gln	
		210					215					220					
10																	
	Leu	Pro	Glu	Leu	Pro	Arg	Asn	Glu	Ile	Asn	Glu	Thr	Phe	Thr	Val	Ser	
	225					230					235					240	
15																	
	Lys	Ser	Asp	Ser	Thr	Ile	Glu	Gln	Trp	Pro	Asn	Ser	Leu	Lys	Phe	Glu	
					245					250					255		
20																	
	Ser	Asp	Leu	Ala	Cys	Thr	Glu	Gln	Phe	Ser	Tyr	Glu	Asn	Val	Ser	Glu	
				260					265					270			
25																	
	Tyr	Ser	Ser	Gln	Ala	Leu	Ser	Glu	Leu	Gln	Ser	Thr	Ile	Leu	Leu	Glu	
			275					280					285				
30																	
	Thr	Ser	Asp	Thr	Asp	Cys	Ser	Asp	Tyr	Thr	Pro	Ser	Ile	Phe	Leu	Glu	
		290					295					300					
35																	
	Ser	Gly	Ser	Glu	Phe	Ser	Glu	Lys	Ser	Asn	Asp	Asp	Ala	Ala	Pro	Ser	
	305					310					315					320	
40																	
	Ser	Thr	Phe	Ser	Met	Leu	Leu	Gln	Tyr	Arg	Arg	Asp	Phe	Leu	Asn	Leu	
					325					330					335		
45																	
	Asn	Ala	Ser	Pro	Asp	Ile	Arg	Thr	Ser	Ser	Ser	Ile	Glu	Glu	Glu	Lys	
				340					345					350			
50																	
	Val	Asp	Gln	Ser	Thr	Ile	Leu	Arg	Phe	Glu	Glu	Leu	Asp	Asp	Glu	Glu	
			355					360					365				
55																	
	Ala	Tyr	Leu	Met	Phe	Arg	Ser	Arg	Glu	Arg	Arg	Gln	Leu	Ile	Ile	Arg	
		370					375					380					
60																	
	Asp	Tyr	Val	Glu	Glu	Tyr	Arg	Ser	Thr	Thr	Asp	Tyr	Gly	Asp	Leu	Ile	
	385					390					395					400	
65																	
	Leu	Gln	Gln	Arg	Ser	Asn	Val	Val	Gln	Trp	Ile	Val	Glu	Arg	Ser	Arg	
					405					410					415		
70																	
	Asp	Ser	Lys	Leu	His	Gln	Glu	Thr	Thr	Phe	Leu	Gly	Val	Thr	Leu	Leu	
				420					425					430			

	Asp	Gln	Ile	Leu	Ser	Arg	Gly	Phe	Phe	Lys	Ala	Gly	Arg	His	Leu	Gln	
				435					440				445				
5	Ile	Leu	Gly	Ile	Ala	Cys	Leu	Thr	Leu	Ala	Thr	Arg	Ile	Glu	Glu	Asn	
		450					455					460					
10	Gln	Ser	Tyr	Ser	Trp	Phe	Tyr	Leu	Lys	Ala	Ala	Gly	Ala	Asp	Ser	Asn	
	465					470					475					480	
15	Leu	Glu	Asn	Arg	Ala	Lys	Asn	Phe	Ala	Glu	Leu	Val	Leu	Ser	Asp	Lys	
					485					490					495		
20	Val	Gln	Phe	Cys	Tyr	Phe	Pro	Ser	Thr	Ile	Ala	Ala	Ala	Val	Val	Ile	
				500					505					510			
25	Leu	Ala	Ser	Leu	Gly	Glu	Lys	Gln	Asp	Ala	Pro	Ser	Gln	Arg	Val	Ile	
			515					520					525				
30	Glu	Val	His	Lys	Tyr	Lys	Tyr	Leu	Leu	Glu	Arg	Lys	Leu	Leu	Tyr	Leu	
		530					535					540					
35	Tyr	Ile	Asp	Pro	Ile	Glu	Gln	Ile	Asn	Lys	Tyr	Phe	Glu	Ile	Glu	Lys	
	545					550				555						560	
	Lys	Leu															
40	<210>	27															
	<211>	1673															
	<212>	PHK															
	<213>	Штучна послідовність															
45	<220>																
	<221>	мPHK															
	<222>	(1)..(1673)															
50	<220>																
	<221>	CDS															
	<222>	(1)..(1098)															
55	<400>	27															
	aug	aag	ucc	aag	aag	cca	agg	gca	aaU	ccc	aaa	ccc	gaa	ucc	uac	ucu	48
	Met	Lys	Ser	Lys	Lys	Pro	Arg	Ala	Asn	Pro	Lys	Pro	Glu	Ser	Tyr	Ser	
	1				5					10				15			
60	ccg	ccg	aag	aag	aag	cuc	cgu	ucu	cag	cuu	cca	cgg	cgc	aga	cgc	ucu	96
	Pro	Pro	Lys	Lys	Lys	Leu	Arg	Ser	Gln	Leu	Pro	Arg	Arg	Arg	Arg	Ser	
				20					25					30			

	cgg auu ucu ccu uuu uuc ugc ucc uug gac ucc gau ucc ccu gcu ccu	144
	Arg Ile Ser Pro Phe Phe Cys Ser Leu Asp Ser Asp Ser Pro Ala Pro	
	35 40 45	
5	ucu acc acc auu gcu uuu gcu ucu ucu ucc uuu gcu gcc gcc gaa ucc	192
	Ser Thr Thr Ile Ala Phe Ala Ser Ser Ser Phe Ala Ala Ala Glu Ser	
	50 55 60	
10	agc ucc acu ucc uuc cac gca ggc gga ccu gag guu ucu agc cag cuc	240
	Ser Ser Thr Ser Phe His Ala Gly Gly Pro Glu Val Ser Ser Gln Leu	
	65 70 75 80	
15	aac gcg ugu uuu gga uuc cag agg ccg aaU uug cgg aag aga cga uuu	288
	Asn Ala Cys Phe Gly Phe Gln Arg Pro Asn Leu Arg Lys Arg Arg Phe	
	85 90 95	
20	ggu ucg ggu ggu guu aaU uug gau gaa guu ucg aag aag gag guu gga	336
	Gly Ser Gly Gly Val Asn Leu Asp Glu Val Ser Lys Lys Glu Val Gly	
	100 105 110	
25	gua ggg agu aaU gug gaa gug ucu gaa ucg ucu ugc guu gaa uca aaU	384
	Val Gly Ser Asn Val Glu Val Ser Glu Ser Ser Cys Val Glu Ser Asn	
	115 120 125	
30	ucu gga guu gau uuu ggu guu cuc gga cca agc acu agc ucc agg uug	432
	Ser Gly Val Asp Phe Gly Val Leu Gly Pro Ser Thr Ser Ser Arg Leu	
	130 135 140	
35	aag auu aga agu gau uuu agg aga acu auu gac gaa aaU gaa gau cca	480
	Lys Ile Arg Ser Asp Phe Arg Arg Thr Ile Asp Glu Asn Glu Asp Pro	
	145 150 155 160	
40	auc gau caa gcg gau aaU gga guu gug aag uuu caa uug acg gau gcu	528
	Ile Asp Gln Ala Asp Asn Gly Val Val Lys Phe Gln Leu Thr Asp Ala	
	165 170 175	
45	gau guc ucg ucg aag cuu ugu gaa aag gga gcu gug cca cuc acu ccu	576
	Asp Val Ser Ser Lys Leu Cys Glu Lys Gly Ala Val Pro Leu Thr Pro	
	180 185 190	
50	ugu gga gag ucu ugc gcu gag ucu auc uuc cag agc guu ugu ucg uuc	624
	Cys Gly Glu Ser Cys Ala Glu Ser Ile Phe Gln Ser Val Cys Ser Phe	
	195 200 205	
55	gaa gag aaa gga uua gac guu gaa gaa aac aga cua ugg gaa uuu cag	672
	Glu Glu Lys Gly Leu Asp Val Glu Glu Asn Arg Leu Trp Glu Phe Gln	
	210 215 220	
60	uua cca gaa cua ccg aga aaU gag auc aaU gaa acu uuc acu guu ucg	720
	Leu Pro Glu Leu Pro Arg Asn Glu Ile Asn Glu Thr Phe Thr Val Ser	
	225 230 235 240	
65	aag ucg gau ucg acg aua gaa cag ugg ccu aaU agc uug aag uuu gaa	768
	Lys Ser Asp Ser Thr Ile Glu Gln Trp Pro Asn Ser Leu Lys Phe Glu	
	245 250 255	
70	ucg gau cuu gcu ugc acg gag caa uuc ucu uau gag aaU guu ucg gaa	816
	Ser Asp Leu Ala Cys Thr Glu Gln Phe Ser Tyr Glu Asn Val Ser Glu	
	260 265 270	
75	uac ucu agc cag gcg uug ucc gag cuu caa uca aca auu cua uug gag	864

	Tyr Ser Ser Gln Ala Leu Ser Glu Leu Gln Ser Thr Ile Leu Leu Glu	
	275 280 285	
5	acg ucu gau acu gac ugc uca gau uac acu ccu uca auu uuu uug gaa Thr Ser Asp Thr Asp Cys Ser Asp Tyr Thr Pro Ser Ile Phe Leu Glu	912
	290 295 300	
10	ucc gga agc gaa uuu uca gag aaa ucg aac gac gac gca gcu ccu ucg Ser Gly Ser Glu Phe Ser Glu Lys Ser Asn Asp Asp Ala Ala Pro Ser	960
	305 310 315 320	
15	uca aca uuu agc aug uug cug cag uac aga cgc gac uuu cua aac uua Ser Thr Phe Ser Met Leu Leu Gln Tyr Arg Arg Asp Phe Leu Asn Leu	1008
	325 330 335	
	aa u gcc ucu cca gac auc aga acu agc ucg ucu auu gaa gaa gag aaa Asn Ala Ser Pro Asp Ile Arg Thr Ser Ser Ser Ile Glu Glu Glu Lys	1056
	340 345 350	
20	gua gau caa ucu acg aa u ug g acg aug aag aag ccu auc uaa Val Asp Gln Ser Thr Asn Trp Thr Met Lys Lys Pro Ile	1098
	355 360 365	
25	uguucagaag uagagaaaga cgccaauuga uuauucgcga cuacguagag gaguaucggu	1158
	ccacaacgga uuauggcgau cucauucucc agcaacgguc aaaugugguc caauggauag	1218
	uugaacgauc gagagauucc aaacuucauc aggagacgac auuuuuagga guuaccucc	1278
30	uggaccagau ucugagcaga ggauucuuca aagcuggaag acaccuucua auucugggca	1338
	uagcaugucu aacuuggcg acuagaaug aagaaaauca gucauacagc ugguucuacc	1398
35	ugaaagcugc ugagcugac ucgaauuugg agaaucgagc uaagaacuuu gcgagcugc	1458
	uucuuucaga caaaguccaa uuuuguuauu ucccuucaac uauugcagcu gcgguuguca	1518
	ucuuggcguc ccuaggagaa aaacaagaug caccaaguca acgagucauu gagguacaaua	1578
40	aa u a c a a a u a c c u g u u a g a g a g a a a c u c c u u a u c u u u a u a u g a c c c a a u g a a c a a a	1638
	u a a a c a a g u a u u u g a a a u c g a g a g a a a c u u u a a	1673
45	<210> 28 <211> 365 <212> PRT <213> Штучна послідовність	
50	<220> <223> Синтетичний конструкт <400> 28	
55	Met Lys Ser Lys Lys Pro Arg Ala Asn Pro Lys Pro Glu Ser Tyr Ser 1 5 10 15	
60	Pro Pro Lys Lys Lys Leu Arg Ser Glu Leu Pro Arg Arg Arg Arg Ser 20 25 30	

UA 128012 C2

	Arg	Ile	Ser	Pro	Phe	Phe	Cys	Ser	Leu	Asp	Ser	Asp	Ser	Pro	Ala	Pro	
			35					40					45				
5	Ser	Thr	Thr	Ile	Ala	Phe	Ala	Ser	Ser	Ser	Phe	Ala	Ala	Ala	Glu	Ser	
		50					55					60					
10	Ser	Ser	Thr	Ser	Phe	His	Ala	Gly	Gly	Pro	Glu	Val	Ser	Ser	Gln	Leu	
	65					70					75					80	
15	Asn	Ala	Cys	Phe	Gly	Phe	Gln	Arg	Pro	Asn	Leu	Arg	Lys	Arg	Arg	Phe	
					85					90					95		
20	Gly	Ser	Gly	Gly	Val	Asn	Leu	Asp	Glu	Val	Ser	Lys	Lys	Glu	Val	Gly	
				100					105					110			
25	Val	Gly	Ser	Asn	Val	Glu	Val	Ser	Glu	Ser	Ser	Cys	Val	Glu	Ser	Asn	
			115					120					125				
30	Ser	Gly	Val	Asp	Phe	Gly	Val	Leu	Gly	Pro	Ser	Thr	Ser	Ser	Arg	Leu	
	130						135					140					
35	Lys	Ile	Arg	Ser	Asp	Phe	Arg	Arg	Thr	Ile	Asp	Glu	Asn	Glu	Asp	Pro	
	145					150					155					160	
40	Ile	Asp	Gln	Ala	Asp	Asn	Gly	Val	Val	Lys	Phe	Gln	Leu	Thr	Asp	Ala	
					165					170					175		
45	Asp	Val	Ser	Ser	Lys	Leu	Cys	Glu	Lys	Gly	Ala	Val	Pro	Leu	Thr	Pro	
				180					185					190			
50	Cys	Gly	Glu	Ser	Cys	Ala	Glu	Ser	Ile	Phe	Gln	Ser	Val	Cys	Ser	Phe	
			195					200					205				
55	Glu	Glu	Lys	Gly	Leu	Asp	Val	Glu	Glu	Asn	Arg	Leu	Trp	Glu	Phe	Gln	
		210					215					220					
60	Leu	Pro	Glu	Leu	Pro	Arg	Asn	Glu	Ile	Asn	Glu	Thr	Phe	Thr	Val	Ser	
	225					230					235					240	
65	Lys	Ser	Asp	Ser	Thr	Ile	Glu	Gln	Trp	Pro	Asn	Ser	Leu	Lys	Phe	Glu	
					245					250					255		
70	Ser	Asp	Leu	Ala	Cys	Thr	Glu	Gln	Phe	Ser	Tyr	Glu	Asn	Val	Ser	Glu	
				260					265					270			

UA 128012 C2

	Tyr Ser Ser Gln Ala Leu Ser Glu Leu Gln Ser Thr Ile Leu Leu Glu	
	275 280 285	
5	Thr Ser Asp Thr Asp Cys Ser Asp Tyr Thr Pro Ser Ile Phe Leu Glu	
	290 295 300	
10	Ser Gly Ser Glu Phe Ser Glu Lys Ser Asn Asp Asp Ala Ala Pro Ser	
	305 310 315 320	
15	Ser Thr Phe Ser Met Leu Leu Gln Tyr Arg Arg Asp Phe Leu Asn Leu	
	325 330 335	
20	Asn Ala Ser Pro Asp Ile Arg Thr Ser Ser Ser Ile Glu Glu Glu Lys	
	340 345 350	
25	Val Asp Gln Ser Thr Asn Trp Thr Met Lys Lys Pro Ile	
	355 360 365	
30	<210> 29 <211> 151 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
35	<400> 29 attggtttgt gactcggatt cagaggaatt gttattggaa gagaagctat catttatgca tgaaacgagg catgcattcg gaaggactgc cctgctctta agtggagggtg cttcacttgg agcttttcat acaggagtgtg tcaaaactct g	60 120 151
40	<210> 30 <211> 906 <212> ДНК <213> Citrullus lanatus	
45	<400> 30 atgagggaag aacactcgaa ttggttctct aggtgggaag aggagcttcc atctccagat gaattgatgc ctctttctca aaccctaata acccccgatc tagctttggc ctttgatatt cagaatccca gcaatagcag tccgccgttg ccttgtccat ctccgccgct ttcgaatcct ctgcctggct ctggcaacgg aattgcgcag cccaactcgg cggatttcgg cgattctgcc gatttgggct ccggcgccgc cagcgacgag ccggctcgga ccctcaagcg accacgcctt gtttggacgc ctcagctcca caagcgattc gtcgatgctg ttgctcattt agggataaaa aatgccgtcc ccaagaccat aatgcagctc atgagtgtcg atggcttgac ccgagagaac gtagctaacc atttgcagaa gtaccgcctc tatctcaagc ggatgcaggg gttgtcctcc ggcggcggcg gtggtggtgg tggcttggtt gcttctctcg atcccgcac tgaccatttg	60 120 180 240 300 360 420 480 540

```

tttgccagct ccccgattcc accccatttg cttcactctg ctgcaccag ttcagaccat      600
ttcttgccct ttgttcccat ggccactctg cagcagcacc accatcacca gcagcagatg      660
5  gccgctgctg ctgctgtcgc cgtccatccg cagctccagc cgccttatca tcggcaggtc      720
gggcatttcg ggtcaccgcc gaatggccag tttagcatc catttttagc tagacagtcc      780
cagcctatcc atagaatggg agcaccagtg cctaattcag ttcctaatta catagaggat      840
10 ttggaatcag ccaatgccag tggaggaaga aaagttctca ccttatttcc tactggggat      900
gattga                                                                    906

15  <210> 31
    <211> 301
    <212> PRT
    <213> Citrullus lanatus мутантний протеїн wop1
20  <400> 31

Met Arg Glu Glu His Ser Asn Trp Phe Ser Arg Trp Glu Glu Glu Leu
1          5          10          15

25  Pro Ser Pro Asp Glu Leu Met Pro Leu Ser Gln Thr Leu Ile Thr Pro
          20          25          30

30  Asp Leu Ala Leu Ala Phe Asp Ile Gln Asn Pro Ser Asn Ser Ser Pro
          35          40          45

35  Pro Leu Pro Cys Pro Ser Pro Pro Leu Ser Asn Pro Leu Pro Gly Ser
          50          55          60

40  Gly Asn Gly Ile Ala Gln Pro Asn Ser Ala Asp Phe Gly Asp Ser Ala
65          70          75          80

45  Asp Leu Gly Ser Gly Ala Ala Ser Asp Glu Pro Ala Arg Thr Leu Lys
          85          90          95

    Arg Pro Arg Leu Val Trp Thr Pro Gln Leu His Lys Arg Phe Val Asp
          100          105          110

50  Ala Val Ala His Leu Gly Ile Lys Asn Ala Val Pro Lys Thr Ile Met
          115          120          125

55  Gln Leu Met Ser Val Asp Gly Leu Thr Arg Glu Asn Val Ala Asn His
          130          135          140

60  Leu Gln Lys Tyr Arg Leu Tyr Leu Lys Arg Met Gln Gly Leu Ser Ser
          145          150          155          160

```

UA 128012 C2

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Leu Val Ala Ser Ser Asp Pro Ala
 165 170 175
 5 Thr Asp His Leu Phe Ala Ser Ser Pro Val Pro Pro His Leu Leu His
 180 185 190
 10 Ser Ala Arg Thr Ser Ser Asp His Phe Leu Pro Phe Val Pro Met Ala
 195 200 205
 15 Thr Leu Gln Gln His His His His Gln Gln Gln Met Ala Ala Ala Ala
 210 215 220
 20 Ala Val Ala Val His Pro Gln Leu Gln Pro Pro Tyr His Arg Gln Val
 225 230 235 240
 Gly His Phe Gly Ser Pro Pro Asn Gly Gln Phe Glu His Pro Phe Leu
 245 250 255
 25 Ala Arg Gln Ser Gln Pro Ile His Arg Met Gly Ala Pro Val Pro Asn
 260 265 270
 30 Ser Val Pro Asn Tyr Ile Glu Asp Leu Glu Ser Ala Asn Ala Ser Gly
 275 280 285
 35 Gly Arg Lys Val Leu Thr Leu Phe Pro Thr Gly Asp Asp
 290 295 300
 <210> 32
 <211> 301
 40 <212> PRT
 <213> Citrullus lanatus протеїн немутантного типу WOP1
 <400> 32
 45 Met Arg Glu Glu His Ser Asn Trp Phe Ser Arg Trp Glu Glu Glu Leu
 1 5 10 15
 50 Pro Ser Pro Asp Glu Leu Met Pro Leu Ser Gln Thr Leu Ile Thr Pro
 20 25 30
 Asp Leu Ala Leu Ala Phe Asp Ile Gln Asn Pro Ser Asn Ser Ser Pro
 35 40 45
 55 Pro Leu Pro Cys Pro Ser Pro Pro Leu Ser Asn Pro Leu Pro Gly Ser
 50 55 60
 60 Gly Asn Gly Ile Ala Gln Pro Asn Ser Ala Asp Phe Gly Asp Ser Ala

UA 128012 C2

[illegible]

<212> PRT

<213> Cucumis sativus

<400> 33

5

Met Arg Glu Glu His Ser Asn Trp Phe Ser Arg Trp Glu Asp Glu Leu
1 5 10 15

10

Pro Ser Pro Asp Glu Leu Met Pro Leu Ser Gln Thr Leu Ile Thr Pro
20 25 30

15

Asp Leu Ala Leu Ala Phe Asp Ile Gln Asn Pro Ser Asn Ser Ser Pro
35 40 45

20

Pro Leu Pro Cys Pro Ser Pro Pro Leu Ser Asn Pro Leu Pro Gly Ser
50 55 60

25

Gly Asn Gly Ile Val Pro Pro Asn Ser Ala Asp Phe Gly Asp Ser Ala
65 70 75 80

Asp Leu Gly Ser Gly Ala Ala Ser Asp Glu Pro Ala Arg Thr Leu Lys
85 90 95

30

Arg Pro Arg Leu Val Trp Thr Pro Gln Leu His Lys Arg Phe Val Asp
100 105 110

35

Ala Val Ala His Leu Gly Ile Lys Asn Ala Val Pro Lys Thr Ile Met
115 120 125

40

Gln Leu Met Ser Val Asp Gly Leu Thr Arg Glu Asn Val Ala Ser His
130 135 140

Leu Gln Lys Tyr Arg Leu Tyr Leu Lys Arg Met Gln Gly Leu Ser Gly
145 150 155 160

45

Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Ala Leu Val Gly Ser Ser Asp Pro Ala
165 170 175

50

Thr Asp His Leu Phe Ala Ser Ser Pro Val Pro Pro His Leu Leu His
180 185 190

55

Ser Ala Arg Thr Ser Ser Asp His Phe Leu Pro Tyr Val Pro Met Ala
195 200 205

60

Thr Leu Gln Gln His His His His Gln Gln Gln Met Ala Ala Ala Ala
210 215 220

UA 128012 C2

	Ala	Val	Ala	Gly	His	Thr	Gln	Leu	Gln	Pro	Pro	Tyr	His	Arg	Gln	Val	
	225					230					235					240	
5	Gly	His	Phe	Gly	Ser	Pro	Pro	Asn	Gly	Gln	Phe	Glu	His	Pro	Phe	Leu	
					245					250					255		
10	Ala	Arg	Gln	Ser	Gln	Pro	Ile	His	Arg	Met	Gly	Thr	Pro	Val	His	Asn	
				260					265					270			
15	Ser	Val	Pro	Asn	Tyr	Ile	Glu	Asp	Leu	Glu	Ser	Ala	Asn	Ala	Thr	Gly	
			275					280					285				
20	Gly	Arg	Lys	Val	Leu	Thr	Leu	Phe	Pro	Thr	Gly	Asp	Asp				
	290						295					300					
	<210>	34															
	<211>	301															
	<212>	PRT															
	<213>	Cucumis melo															
25	<400>	34															
30	Met	Arg	Glu	Glu	His	Ser	Asn	Trp	Phe	Ser	Arg	Trp	Glu	Glu	Glu	Leu	
	1				5					10					15		
35	Pro	Ser	Pro	Asp	Glu	Leu	Met	Pro	Leu	Ser	Gln	Thr	Leu	Ile	Thr	Pro	
				20					25					30			
40	Asp	Leu	Ala	Leu	Ala	Phe	Asp	Ile	Gln	Asn	Pro	Ser	Asn	Ser	Ser	Pro	
			35					40					45				
45	Pro	Leu	Pro	Cys	Pro	Ser	Pro	Pro	Leu	Ser	Asn	Pro	Leu	Pro	Gly	Ser	
		50					55				60						
50	Gly	Asn	Gly	Ile	Val	Pro	Pro	Asn	Ser	Ala	Asp	Phe	Gly	Asp	Ser	Ala	
	65					70					75					80	
55	Asp	Leu	Gly	Ser	Gly	Ala	Ala	Ser	Asp	Glu	Pro	Ala	Arg	Thr	Leu	Lys	
					85					90					95		
60	Arg	Pro	Arg	Leu	Val	Trp	Thr	Pro	Gln	Leu	His	Lys	Arg	Phe	Val	Asp	
				100					105					110			
65	Ala	Val	Ala	His	Leu	Gly	Ile	Lys	Asn	Ala	Val	Pro	Lys	Thr	Ile	Met	
			115					120					125				
70	Gln	Leu	Met	Ser	Val	Asp	Gly	Leu	Thr	Arg	Glu	Asn	Val	Ala	Ser	His	
	130						135					140					

5 Leu Gln Lys Tyr Arg Leu Tyr Leu Lys Arg Met Gln Gly Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Gly Gly Ala Gly Gly Gly Ala Ala Leu Val Gly Ser Ser Asp Pro Ala
 165 170 175
 10 Thr Asp His Leu Phe Ala Ser Ser Pro Val Pro Pro His Leu Leu His
 180 185 190
 15 Ser Ala Arg Thr Ser Ser Asp His Phe Leu Pro Phe Val Pro Met Ala
 195 200 205
 20 Thr Leu Gln Gln His His His His Gln Gln Gln Met Ala Ala Ala Ala
 210 215 220
 25 Ala Val Ala Gly His Thr Gln Leu Gln Pro Pro Tyr His Arg Gln Val
 225 230 235 240
 Gly His Phe Gly Ser Pro Pro Asn Gly Gln Phe Glu His Pro Phe Leu
 245 250 255
 30 Ala Arg Gln Ser Gln Pro Ile His Arg Met Gly Thr Ser Val His Asn
 260 265 270
 35 Ser Val Pro Asn Tyr Ile Glu Asp Leu Glu Ser Ala Asn Ala Thr Gly
 275 280 285
 40 Gly Arg Lys Val Leu Thr Leu Phe Pro Thr Gly Asp Asp
 290 295 300
 45 <210> 35
 <211> 54
 <212> PRT
 <213> штучна
 <220>
 <223> mib-подібний ДНК-зв'язуючий домен SHAQKYF
 50 <400> 35
 55 Arg Pro Arg Leu Val Trp Thr Pro Gln Leu His Lys Arg Phe Val Asp
 1 5 10 15
 Ala Val Ala His Leu Gly Ile Lys Asn Ala Val Pro Lys Thr Ile Met
 20 25 30
 60 Gln Leu Met Ser Val Asp Gly Leu Thr Arg Glu Asn Val Ala Ser His

	35	40	45	
5	Leu Gln Lys Tyr Arg Leu 50			
10	<210> 36 <211> 39 <212> ДНК <213> штучна			
15	<220> <223> ПЛР праймер <400> 36 сстасасгас gctcttccaa gaggagcttc catctccag			39
20	<210> 37 <211> 37 <212> ДНК <213> штучна			
25	<220> <223> ПЛР праймер <400> 37 ctgctgaacc gctcttccag сссааатсгг сагаатс			37
30				
35	<210> 38 <211> 213 <212> ДНК <213> штучна <220> <223> ампліфікований фрагмент			
40	<400> 38 aagaggagct tccatctcca gatgaattga tgcctctttc tcaaacccta ataacccccg atctagcttt ggcctttgat attcagaatc ccagcaatag cagtccgccg ttgccttgtc			60 120
45	catctccgcc gctttcgaat cctctgcctg gctctggcaa cggaattgсg саgсссаact cggcggattt cggcgattct gccgatttgg gct			180 213
50	<210> 39 <211> 37 <212> ДНК <213> штучна			
55	<220> <223> ПЛР праймер <400> 39 сстасасгас gctcttccgt ggcttggttg cttcctc			37
60				

	<210>	40	
	<211>	37	
	<212>	ДНК	
	<213>	штучна	
5	<220>		
	<223>	ПЛР праймер	
	<400>	40	
10	ctgctgaacc gctcttccga tgataaggcg gctggag		37
	<210>	41	
	<211>	213	
15	<212>	ДНК	
	<213>	штучна	
	<220>		
	<223>	ампліфікований ПЛР фрагмент	
20	<400>	41	
	gtggcttggg tgcttctctc gatcccgcca ctgaccattt gtttgccagc tccccagttc		60
	caccccattht gcttctactct gctcgcacca gttcagacca tttcttgccc tttgttccca		120
25	tggccactct gcagcagcac caccatcacc agcagcagat ggccgctgct gctgctgtcg		180
	ccgtccatcc gcagctccag ccgccttatc atc		213
30			

ФОРМУЛА ВИНАХОДУ

1. Кавунова рослина або частина рослини, яка містить щонайменше одну копію мутантного алеля гена з назвою WOP1, причому зазначений ген кодує протеїн з SEQ ID NO: 32 та причому зазначений протеїн містить туб-подібний домен зв'язування ДНК SHAQKYF-класу з SEQ ID NO: 35, причому зазначений мутантний алель кодує мутантний WOP1-протеїн і причому зазначений мутантний WOP1-протеїн містить принаймні одну амінокислоту з амінокислот 47-54 SEQ ID NO: 35, заміщену іншою амінокислотою, причому зазначений мутантний алель надає необов'язкову партенокарпію, коли мутантний алель знаходиться в гомозиготній формі.
2. Рослина або частина рослини за п. 1, де зазначена рослина або частина рослини є диплоїдною та є гомозиготною щодо мутантного алеля.
3. Рослина або частина рослини за п. 1, де кавунова рослина є диплоїдною, триплоїдною або тетраплоїдною.
4. Рослина або частина рослини за п. 3, де диплоїдна рослина або частина рослини містить дві копії, триплоїдна рослина або частина рослини містить три копії та тетраплоїдна рослина або частина рослини містить чотири копії мутантного алеля.
5. Рослина або частина рослини за будь-яким одним з пп. 1-4, де зазначена рослина або частина рослини додатково містить ген, який надає чоловічу стерильність, або ген, який надає стеноспермокарпію.
6. Частина рослини за будь-яким одним з пп. 1-4, де частина рослини являє собою клітину, квітку, листок, стебло, паросток, сім'язачаток, пилоч, корінь, кореневий пагін, пагін, плід, протопласт, зародок, пиляк.
7. Рослина за будь-яким одним з пп. 1-4, де рослина являє собою вегетативно розмножену рослину, яка є розмноженою з частини рослини за п. 6.
8. Рослина або частина рослини за п. 1, де амінокислота 47 не є серином.
9. Насінина, з якої може бути вирощена рослина або частина рослини, відповідно до будь-якого з попередніх пунктів.
10. Плід, продукований рослиною за будь-яким одним з попередніх пунктів, де плід є безкісточковим та продукованим за відсутності запилення.

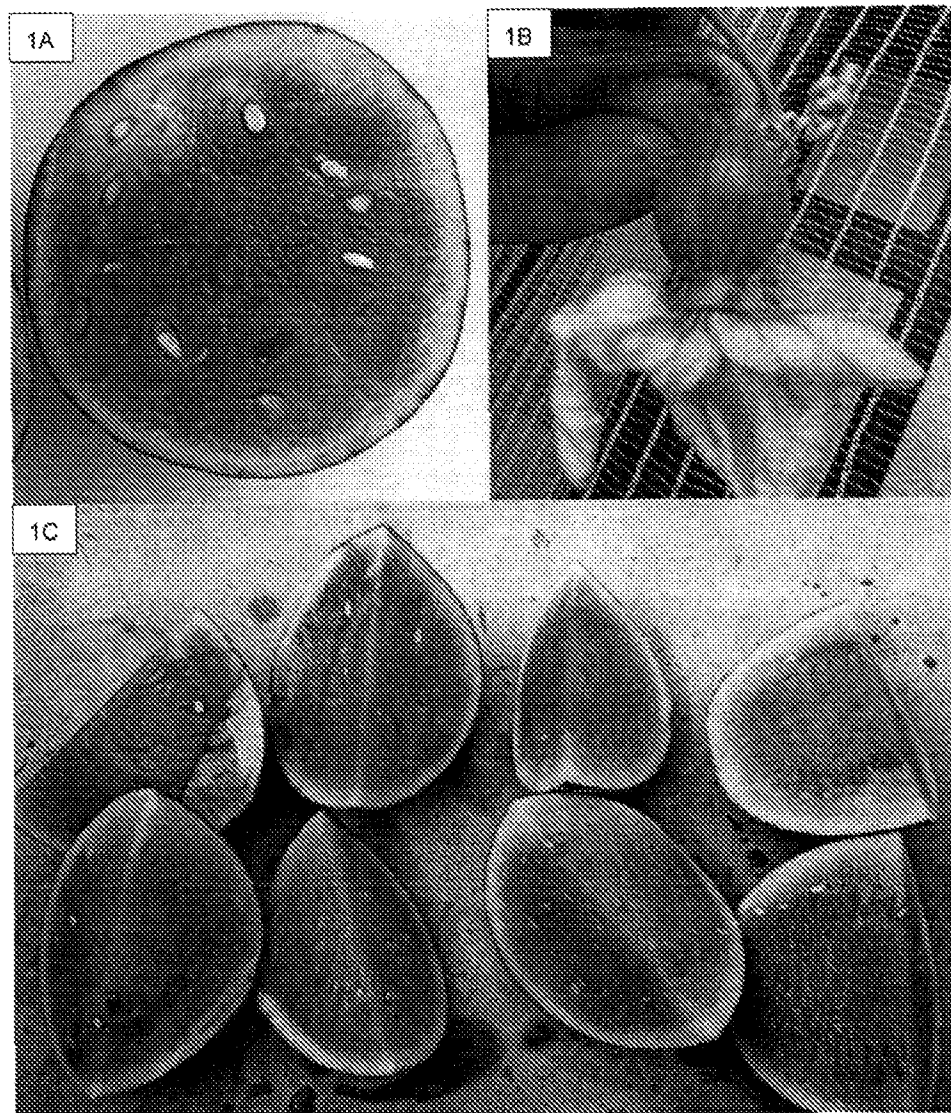


Fig. 1

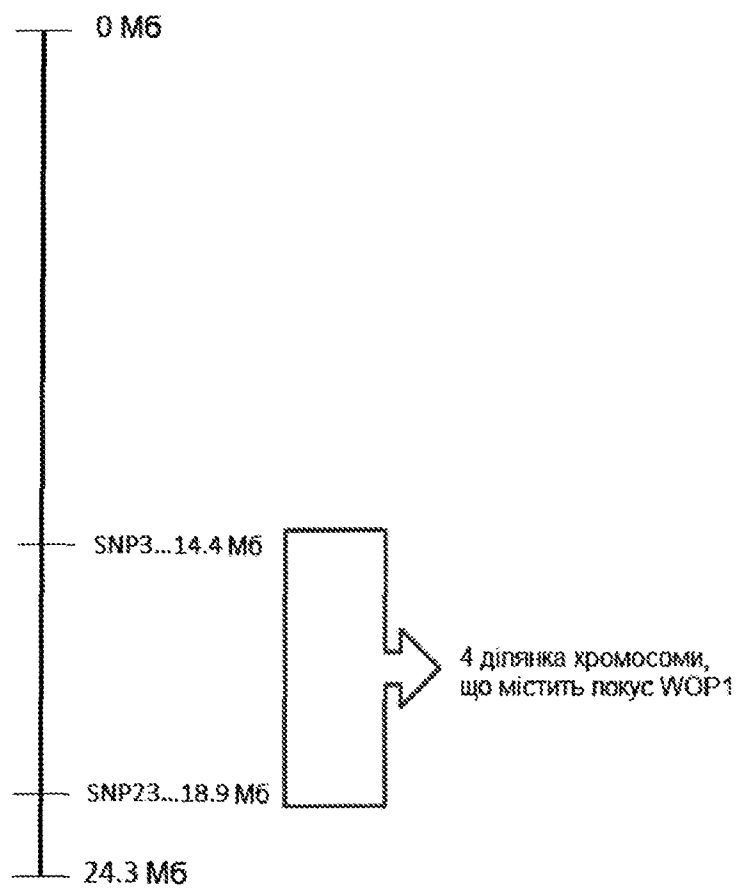


Fig. 2

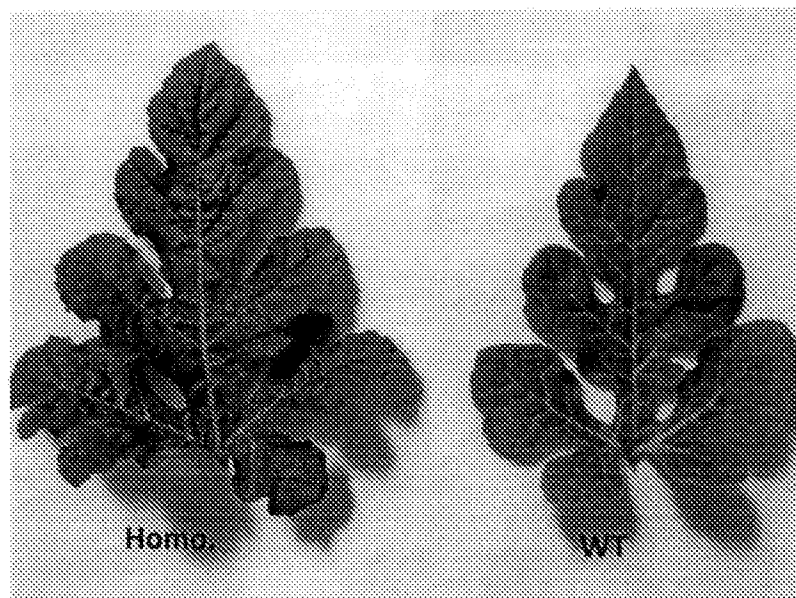


Fig. 3