

(12) 特許協力条約に基づいて公開された国際出願

(19) 世界知的所有権機関  
国際事務局

(43) 国際公開日  
2016年11月3日(03.11.2016)



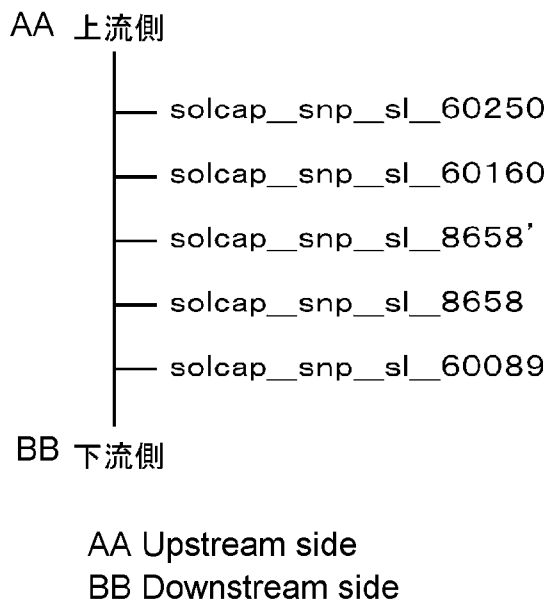
(10) 国際公開番号  
WO 2016/174795 A1

- (51) 国際特許分類:  
C12Q 1/68 (2006.01) A01H 5/00 (2006.01)  
A01H 1/02 (2006.01) C12N 15/00 (2006.01)
- (21) 国際出願番号: PCT/JP2015/084750
- (22) 国際出願日: 2015年12月11日(11.12.2015)
- (25) 国際出願の言語: 日本語
- (26) 国際公開の言語: 日本語
- (30) 優先権データ:  
特願 2015-093528 2015年4月30日(30.04.2015) JP
- (71) 出願人: タキイ種苗株式会社(TAKII & COMPANY LIMITED) [JP/JP]; 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町180 Kyoto (JP).
- (72) 発明者: 吉田 拓司(YOSHIDA Takuji); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町180 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 有本龍平(ARIMOTO Ryohei); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町180 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 遠藤 誠(ENDO Makoto); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町180 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 青池 仁美(AOIKE Hitomi); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町180 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP).
- (74) 代理人: 辻丸 光一郎, 外(TSUJIMARU Koichiro et al.); 〒6008813 京都府京都市下京区中堂寺南町134 京都リサーチパーク1号館301号室 Kyoto (JP).
- (81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, KE, KG, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LU, LY, MA, MD, ME, MG, MK, MN, MW, MX, MY, MZ, NA, NG, NI, NO, NZ, OM, PA, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, SA, SC, SD, SE, SG, SK, SL, SM, ST, SV, SY, TH, TJ, TM, TN, TR, TT, TZ, UA, UG, US, UZ, VC, VN, ZA, ZM, ZW.
- (84) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の広域保護が可能): ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, ST, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーラシア (AM, AZ, BY, KG, KZ, RU, TJ, TM), ヨーロッパ (AL, AT, BE, BG, CH, CY, CZ, DE, DK, EE, ES, FI, FR, GB, GR, HR, HU, IE, IS, IT, LT, LU, LV, MC, MK, MT, NL, NO, PL, PT, RO, RS, SE, SI, SK, SM, TR), OAPI (BF, BJ, CF, CG, CI, CM, GA, GN, GQ, GW, KM, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

[続葉有]

(54) Title: MARKER FOR LEAF MOLD RESISTANCE IN TOMATO PLANT, LEAF MOLD-RESISTANT TOMATO PLANT, METHOD FOR PRODUCING LEAF MOLD-RESISTANT TOMATO PLANT, AND METHOD FOR SCREENING FOR LEAF MOLD-RESISTANT TOMATO PLANT

(54) 発明の名称: トマト植物の葉かび病抵抗性マーカー、葉かび病抵抗性トマト植物、葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法、および葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法



(57) Abstract: Provided are a novel leaf mold-resistant tomato plant including a gene locus for excellent leaf mold resistance, and a screening method for a leaf mold-resistant tomato plant. This marker for leaf mold resistance in a tomato plant is characterized in comprising at least one gene locus for leaf mold resistance selected from a gene locus for leaf mold resistance on the first chromosome and a gene locus for leaf mold resistance on the sixth chromosome, where the gene locus for leaf mold resistance on the first chromosome is identified by at least one SNP marker selected from the group consisting of solcap\_snp\_sl\_60160, solcap\_snp\_sl\_8658, and solcap\_snp\_sl\_8658', and the gene locus for leaf mold resistance on the sixth chromosome is identified by at least one SNP marker selected from the group consisting of solcap\_snp\_sl\_25252, solcap\_snp\_sl\_25252', solcap\_snp\_sl\_35221, SG\_70, and SG-70'.

(57) 要約:

[続葉有]

WO 2016/174795 A1



## 添付公開書類:

- 国際調査報告 (条約第 21 条(3))
- 規則 13 の 2 に基づいて明細書とは別に提出された、寄託された生物材料に関する表示 (規則 13 の 2.4(d)(i)及び 48.2(a)(viii))

- 明細書の別個の部分として表した配列リスト (規則 5.2(a))

---

新たな優性の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物、および葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法を提供する。本発明のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカーは、第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第 6 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、`solcap_snp_sl_60160`、`solcap_snp_sl_8658`、および`solcap_snp_sl_8658`からなる群から選択された少なくとも 1 つの SNP マーカーで特定され、前記第 6 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、`solcap_snp_sl_25252`、`solcap_snp_sl_25252`、`solcap_snp_sl_35221`、`SG_70`、および`SG_70`からなる群から選択された少なくとも 1 つの SNP マーカーで特定されることを特徴とする。

## 明 細 書

### 発明の名称：

トマト植物の葉かび病抵抗性マーカー、葉かび病抵抗性トマト植物、葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法、および葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法

### 技術分野

[0001] 本発明は、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカー、葉かび病抵抗性トマト植物、葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法、および葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法に関する。

### 背景技術

[0002] トマト栽培において、葉かび病菌による病害は、世界的に深刻な問題となっている。葉かび病菌に感染した植物体は、ほとんどの成葉が枯れ、その果実を収穫できないことが報告されている（非特許文献1）。このため、農薬による防除が行われるが、多大な労力と費用が必要である。

[0003] 葉かび病に対する抵抗性遺伝子を利用して、葉かび病菌に抵抗性を示す品種の育成が試みられている。しかしながら、これらの抵抗性遺伝子を含むトマト植物に対して感染可能な葉かび病菌が出現し、問題となっている（非特許文献2および3）。

### 先行技術文献

#### 非特許文献

[0004] 非特許文献1：“LEAF MOLD OF GREENHOUSE TOMATOES”，University of Illinois report on PLANT DISEASE, Integrated Pest Management at the University of Illinois, August 1989

非特許文献2：Junichiro Enya et.al., “The first occurrence of leaf mold of tomato caused by race 4.9 and 4.9.11 of *Passalora fulva* (syn. *Fulvia fulva*) in Japan”，J.Gen.Plant.Pathol., Springer, 2009, vol.75, pp.76-79

非特許文献3：「トマト葉かび病レース2.9、4.9、2.5.9、4.5.9の発生について」、平成26年度病害虫発生予察特殊報第1号、栃木県農業環境指導センター、2014.7.24

## 発明の概要

### 発明が解決しようとする課題

[0005] そこで、本発明は、新たな優性の葉かび病抵抗性を示すトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー、優性の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物、それを用いた葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法、および葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法の提供を目的とする。

### 課題を解決するための手段

[0006] 前記目的を達成するために、本発明のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカーは、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーで特定されることを特徴とする。

[0007] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つ

のSNPマーカで特定され、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からの群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とする。

[0008] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法は、下記(a)および(b)工程を含むことを特徴とする。

(a) 前記本発明の葉かび病抵抗性トマト植物と、他のトマト植物とを交雑する工程

(b) 前記(a)工程より得られたトマト植物またはその後代系統から、葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程

[0009] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法は、交雑により葉かび病抵抗性トマト植物を生産するための親として、被検トマト植物から、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカとして第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程を含み、

前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からの群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定され、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からの群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とする。

### 発明の効果

[0010] 本発明者らは、鋭意研究の結果、トマト植物について、優性の葉かび病抵

抗性を示す葉かび病抵抗性マーカーとして、2つの葉かび病抵抗性遺伝子座を見出した。そして、第1の新たな葉かび病抵抗性遺伝子座（以下、「第1の抵抗性遺伝子座」ともいう。）は、第1染色体上に座乗し、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定（以下、「規定」ともいう。）されることを見出した。また、第2の新たな葉かび病抵抗性遺伝子座（以下、「第2の抵抗性遺伝子座」ともいう。）は、第6染色体上に座乗し、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーで特定されることを見出した。さらに、前記葉かび病抵抗性マーカーを含むトマト植物は、優性の葉かび病抵抗性を示す。このため、本発明のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカーによれば、例えば、葉かび病抵抗性トマト植物を簡単にスクリーニングできる。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含むため、例えば、葉かび病抵抗性を示すことが可能である。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、優性の抵抗性遺伝子座を含むことから、他のトマト植物との交雑によっても、優性の葉かび病抵抗性を示す後代を得ることができる。さらに、前記葉かび病抵抗性マーカーを含むトマト植物は、例えば、前記先行技術文献の葉かび病抵抗性遺伝子を含むトマト植物に対して感染可能な葉かび病菌に対しても抵抗性を示す。このため、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、従来のような農薬による防除が不要であるため、例えば、前記農薬散布の労力および費用の問題も回避できる。

### 図面の簡単な説明

[0011] [図1]図1は、第1染色体におけるSNP (single nucleotide polymorphism) マーカーの相対的な座乗位置を示す模式図である。

[図2]図2は、第6染色体におけるSNPマーカの相対的な座乗位置を示す模式図である。

### 発明を実施するための形態

#### [0012] 1. トマト植物の葉かび病抵抗性マーカー

本発明のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー（以下、「抵抗性マーカー」ともいう。）は、前述のように、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定されることを特徴とする。本発明の抵抗性マーカーは、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定されることが特徴であり、その他の構成および条件は、特に制限されない。

[0013] 本発明において、「トマト植物」は、ナス属SolanumのSubgenus Solimum sensu strictoにおけるSection

n Lycopersiconに分類される植物であり、具体例として、S. lycopersicum、S. peruvianum、S. arcanum Peralta、S. chilense、S. corneliomulleri、S. huaylasense Peralta、S. cheesmaniae (L. Riley) Fosberg、S. chmielewskii、S. galapagense S. C. Darwin & Peralta、S. habrochaites、S. neorickii、S. pennelli、S. pimpinellifolium等があげられ、好ましくは、交雑が容易なS. lycopersicumである。

[0014] 本発明において、前記葉かび病菌は、例えば、糸状菌等があげられる。前記糸状菌は、例えば、フルビア・フルバ (Fulvia fulva) 等があげられる。前記フルビア・フルバは、例えば、パサロラ・フルバ (Passalora fulva)、クラドスポリウム・フルバム (Cladosporium fulvum) ともいう。

[0015] 本発明において、「葉かび病抵抗性」は、例えば、「葉かび病耐性」ともいう。前記抵抗性は、例えば、葉かび病の病原菌の感染による病害の発生および進行に対する阻害能または抑制能を意味し、具体的に、例えば、病害の未発生、発生した病害の進行の停止、および、発生した病害の進行の抑制（「阻害」ともいう。）等のいずれでもよい。

[0016] 本発明の葉かび病抵抗性マーカーは、前述のように、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む。前記葉かび病抵抗性マーカーを含むトマト植物が第1の抵抗性遺伝子座を含む場合、前記葉かび病抵抗性を有するトマト植物は、例えば、第1染色体に代えて、第1染色体以外のどの染色体上に、前記第1の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。つまり、前記第1の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物は、第2染色体、第3染色体、第4染色体、第5染色体、第6染色体、第7染色体、第8染色体、第9染色体、第10染色体、第11染色体、第12染色体のいずれかの染色体上に、前記第1の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。また、前記葉かび病抵抗性マーカーを含むトマト植物が第

2の抵抗性遺伝子座を含む場合、前記葉かび病抵抗性を有するトマト植物は、例えば、第6染色体に代えて、第6染色体以外のどの染色体上に、前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。つまり、前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物は、第1染色体、第2染色体、第3染色体、第4染色体、第5染色体、第7染色体、第8染色体、第9染色体、第10染色体、第11染色体、第12染色体のいずれかの染色体上に、前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。前記葉かび病抵抗性を有するトマト植物が前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含む場合、前記葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物は、同じ染色体上に前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよいし、異なる染色体上に前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。

[0017] 葉かび病抵抗性遺伝子座とは、葉かび病抵抗性を供与する量的形質遺伝子座または遺伝子領域を意味する。前記量的形質遺伝子座 (Quantitative Traits Loci; QTL) は、一般に、量的形質の発現に関与する染色体領域を意味する。QTLは、染色体上の特定の座を示す分子マーカーを使用して規定できる。前記分子マーカーを使用してQTLを規定する技術は、当該技術分野において周知である。

[0018] 本発明において、前記葉かび病抵抗性遺伝子座の規定に使用する分子マーカーは、特に制限されない。前記分子マーカーは、例えば、SNPマーカー、AFLP (分子増幅断片長多型、amplified fragment length polymorphism) マーカー、RFLP (restriction fragment length polymorphism) マーカー、マイクロサテライトマーカー、SCAR (sequence-characterized amplified region) マーカーおよびCAPS (cleaved amplified polymorphic sequence) マーカー等があげられる。

[0019] 本発明において、前記SNPマーカーは、例えば、1個のSNPを前記SNPマーカーとしてもよいし、2個以上のSNPの組合せを前記SNPマーカーとしてもよい。

[0020] 本発明の抵抗性マーカーは、前記第1の抵抗性遺伝子座のみを含んでもよ

いし、前記第2の抵抗性遺伝子座のみを含んでもよい。前記抵抗性マーカーを含むトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の両者を含むことにより、葉かび病抵抗性がより向上する。具体的には、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座のそれぞれが抵抗性および罹病性のヘテロ接合型であるトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物より高い葉かび病抵抗性を示し、また、前記第2の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物と同等の葉かび病抵抗性を示す。また、これにより、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を他の抵抗性を有するトマト植物と交雑することにより、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性とを有するトマト植物を容易に製造することができる。したがって、本発明の抵抗性マーカーは、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むことが好ましい。以下、それぞれの抵抗性遺伝子座について説明する。

[0021] (1) 第1の抵抗性遺伝子座

本発明において、前記第1の抵抗性遺伝子座は、前述のように、(1-1) 前記SNPマーカーによって特定される。前記第1の抵抗性遺伝子座は、さらに、(1-2) 前記SNPマーカーを含む塩基配列によって規定されてもよいし、(1-3) 2つの前記SNPマーカーの部位間の領域の塩基配列によって規定されてもよいし、これらの組合せにより規定されてもよい。前記組合せによって規定する場合、前記組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。また、前記第1の抵抗性遺伝子座は、前記(1-1) により特定されているが、前記第1の抵抗性遺伝子座は、これに限定されず、例えば、前記(1-1) に代えて、前記(1-2) または前記(1-3) で特定されてもよいし、前記(1-2) および前記(1-3) の組合せで特定されてもよい。

前記(1-1) および前記(1-2) の組合せ

前記(1-1) および前記(1-3) の組合せ

前記（１－１）、前記（１－２）および前記（１－３）の組合せ

[0022] （１－１）SNPマーカーによる特定

前記第１の抵抗性遺伝子座は、前記（１－１）に示すように、前記SNPマーカーによって規定される。前記SNPマーカーは、特に制限されず、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'等があげられる。なお、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'を除く、「solcap\_\_snp\_\_sl\_\_番号」で表されるSNPマーカーの表記は、当該技術分野における当業者であれば、本願の出願時の技術常識から理解可能であり、ナス科植物ゲノム研究国際コンソーシアムのwebサイト (<http://solgenomics.net/>) で閲覧できる。なお、これらのSNP解析は、例えば、下記参考文献１～３を参照できる（以下、同様）。また、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'は、本発明者らが新たに同定したSNPマーカーであり、当該技術分野における当業者であれば、後述するこれらのSNPマーカーを含む塩基配列に基づき、前記SNPマーカーの座乗位置を特定できる。

参考文献１：Hamilton JP, Sim SC, Stoffel K, Van Deynze A, Buell CR, et al. (2012) "Single Nucleotide Polymorphism Discovery in Cultivated Tomato via Sequencing by Synthesis." , The Plant Genome 5.

参考文献２：Sim S-C, Durstewitz G, Plieske J, Wieseke R, Ganai MW, et al., (2012) "Development of a Large SNP Genotyping Array and Generation of High-Density." , Genetic Maps in Tomato. PLoS ONE 7 (7)

参考文献３：Blanca J, Canizares J, Cordero L, Pascual L, Diez MJ, et al., (2012) "Variation Revealed by SNP Genotyping and Morphology Provides Insight into the Origin of the Tomato." , PLoS ONE 7 (10)

[0023] 前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160（以下、「SNP（a）」ともいう。）は、例えば、配列番号１におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、Tである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基がTの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合

、葉かび病罹病性であることを示す。また、前記配列番号1の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号1

5' -TGATGGAGGAAACATTACATTCTAATATTTTCGCAGCAAACATCTACAC[I]GTTTGATGCTTTT  
AATGTATCAGCCTGTTATTCAGAA-3'

[0024] 前記SNP(a)は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号6の塩基配列は、例えば、前記SNP(a)を除き、ハインツ(品種名、Heinz 1706)の塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記SNP(a)に対応する多型である。つまり、例えば、前記下線部の塩基がTの場合、葉かび病抵抗性であり、T以外の塩基(例えば、C)の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記SNP(a)は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号6

5' -GTGATGGAGGAAACATTACATTCTAATATTTTCGCAGCAAACATCTACAC[I]GTTTGATGCTTT  
TAATGTATCAGCCTGTTATTCAGAAGCTGTCTTCGTTT-3'

[0025] 前記solcap\_snp\_sl\_8658(以下、「SNP(b)」ともいう。)は、例えば、配列番号2におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、Tである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基がTの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、T以外の塩基(例えば、C)の場合、葉かび病罹病性であることを示す。また、前記配列番号2の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号2

5' -TTTTGGTTAAGTGTGGTGTCC[GACCAATTTATGCACAT[I]TTGATTAATCTACTGAGCACTTGCTACCTACTA-3'

[0026] 前記SNP(b)は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号7の塩基配列は、例えば、前記SNP(a)

b) および後述する `solcap__snp__sl__8658'` を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記 SNP (b) に対応する多型である。つまり、例えば、前記下線部の塩基が T の場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、T 以外の塩基 (例えば、C) の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記 SNP (b) は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号 7

5' -TACTCAAACCTTTTTGGTTAAGTGTGGTGTCCGACCAATTTATGCACATTTTGATTAATCTACTGAGCACTTGCTACCTACTACCTATATATGTATTGGG-3'

[0027] 前記 `solcap__snp__sl__8658'` (以下、「SNP (b')」ともいう。) は、例えば、前記配列番号 2 における四角で囲んだ塩基が、C である多型を示す。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基が C の場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、C 以外の塩基 (例えば、T) の場合、葉かび病罹病性であることを示す。

[0028] 前記 SNP (b') は、例えば、前述の web サイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。前記配列番号 7 の塩基配列は、例えば、前記 SNP (b) および SNP (b') を除き、ハインツの塩基配列であり、四角で囲んだ塩基が、前記 SNP (b') に対応する多型である。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基が C の場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、C 以外の塩基 (例えば、T) の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記 SNP (b') は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

[0029] 前記染色体における前記 SNP マーカーの座乗位置は、特に制限されない。前記 SNP マーカーは、図 1 に示すように、例えば、トマト植物の第 1 染色体上において、上流側 (`solcap__snp__sl__60250` 側) から下流側 (`solcap__snp__sl__60089` 側) にかけて、`solcap__snp__sl__60250`、`solcap__snp__sl__60160`、`solcap__snp__sl__8658'`、`solcap__snp__sl__8658`、および `solcap__snp__sl__60089` が、この

順序で座乗している。なお、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089は、トマト植物の第1染色体における前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658の座乗位置を示すのに使用している。solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089については、後述する。

[0030] 前記第1の抵抗性遺伝子座が含む前記SNPマーカの個数は、特に制限されず、例えば、前記SNPマーカのうち、いずれか1個、2個、または3個であってもよい。なお、これら3種類の多型（SNPマーカ）と葉かび病抵抗性との関連性は、これまでに報告されておらず、本発明者らにより初めて見出された、葉かび病抵抗性に関与する新規の多型である。

[0031] 前記SNPマーカの組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。

2個の組合せ

SNP (a) およびSNP (b) の組合せ

SNP (a) およびSNP (b') の組合せ

SNP (b) およびSNP (b') の組合せ

3個の組合せ

SNP (a)、SNP (b)、およびSNP (b') の組合せ

前記組合せのうち、葉かび病抵抗性との相関性がより高いことから、好ましくは、例えば、以下の組合せである。

SNP (a) およびSNP (b) の組合せ

SNP (b) およびSNP (b') の組合せ

SNP (a)、SNP (b)、およびSNP (b') の組合せ

[0032] (1-2) SNPマーカを含む塩基配列による特定

前記第1の抵抗性遺伝子座は、前記(1-2)に示すように、例えば、前記SNPマーカを含む塩基配列によって規定されてもよい。前記第1の抵抗性遺伝子座は、例えば、前記塩基配列からなるものでもよいし、前記塩基

配列を含むものでもよい。

[0033] 前記SNPマーカを含む塩基配列は、特に制限されず、例えば、下記（a）および（b）のポリヌクレオチド等があげられる。前記（a）のポリヌクレオチドは、前記SNP（a）のSNPマーカを含む塩基配列、前記（b）のポリヌクレオチドは、前記SNP（b）および前記SNP（b'）のSNPマーカの少なくとも一方を含む塩基配列に相当する。

[0034] 前記（a）のポリヌクレオチドは、前記SNP（a）、すなわち、`solcap__snp__sl__60160`を含む塩基配列であり、例えば、下記（a1）、（a2）、または（a3）のポリヌクレオチドである。前記（a2）および前記（a3）は、それぞれ、前記第1の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記（a1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（a1）配列番号1の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（a2）前記（a1）の50番目の塩基（T）以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および／または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

（a3）前記（a1）の50番目の塩基（T）以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0035] 前記（a1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号1におけるかっこで囲んだ下線部の50番目の塩基（T）が、前記`solcap__snp__sl__60160`の多型に対応する塩基である。また、前記（a1）のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0036] 前記（a2）のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、1～18個、1～13個、1～10個、1～9個、1個、2個、3個、または4個である。本発明において、塩基数等の個数の数値範囲は、例えば、その範囲に属する正の整数を全て開示するものである。つまり、例えば、「1～5個」との記載は、「1、2、3、4、5個」の全ての開示を意

味する（以下、同様）。

[0037] 前記（a 3）のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、80%以上、85%以上、89%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。前記「同一性」は、2つの塩基配列をアライメントすることによって求めることができる（以下、同様）。

[0038] 前記（b）のポリヌクレオチドは、前記SNP（b）および前記SNP（b'）の少なくとも一方、すなわち、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'の少なくとも一方を含む塩基配列である。前記（b）のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP（b）を含む塩基配列である場合、前記（b）のポリヌクレオチドは、例えば、下記（b 1）、（b 2）、または（b 3）のポリヌクレオチドである。前記（b 2）および前記（b 3）は、それぞれ、前記第1の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記（b 1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（b 1）配列番号2の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（b 2）前記（b 1）の40番目の塩基（T）以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および／または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

（b 3）前記（b 1）の40番目の塩基（T）以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0039] 前記（b 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号2におけるかっこで囲んだ下線部の40番目の塩基（T）が、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658の多型に対応する塩基である。また、前記（b 1）のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0040] 前記（b 2）のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、1～15個、1～12個、1～9個、1～8個、1個、2個、3個

または4個である。

[0041] 前記(b3)のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、80%以上、85%以上、89%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0042] 前記(b)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP(b')を含む塩基配列である場合、前記(b)のポリヌクレオチドは、例えば、下記(b1')、(b2')、または(b3')のポリヌクレオチドである。前記(b2')および前記(b3')は、それぞれ、前記第1の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(b1')と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(b1') 配列番号2の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b2') 前記(b1')の22番目の塩基(C)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b3') 前記(b1')の22番目の塩基(C)以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0043] 前記(b1')のポリヌクレオチドにおいて、配列番号2における四角で囲んだ22番目の塩基(C)が、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'の多型に対応する塩基である。また、前記(b1')のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0044] 前記(b2')のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、(b2)のポリヌクレオチドの「1もしくは数個」の説明を援用できる。

[0045] 前記(b3')のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、(b3)のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。

[0046] 前記(b)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP(b)およびSNP(b')を含む塩基配列である場合、前記(b)のポリ

ヌクレオチドは、例えば、下記 (b 1'')、(b 2'')、または (b 3'') のポリヌクレオチドである。前記 (b 2'') および前記 (b 3'') は、それぞれ、前記第 1 の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記 (b 1'') と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(b 1'') 配列番号 2 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b 2'') 前記 (b 1'') の 22 番目の塩基 (C) および 40 番目の塩基 (T) 以外の塩基配列において、1 もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および／または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b 3'') 前記 (b 1'') の 22 番目の塩基 (C) および 40 番目の塩基 (T) 以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0047] 前記 (b 1'') のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 2 におけるかっこで囲んだ下線部の 40 番目の塩基 (T) および四角で囲んだ 22 番目の塩基 (C) が、それぞれ、前記 `solcap__snp__sl__8658` および前記 `solcap__snp__sl__8658'` の多型に対応する塩基である。また、前記 (b 1'') のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22282 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0048] 前記 (b 2'') のポリヌクレオチドにおいて、前記「1 もしくは数個」は、例えば、(b 2) のポリヌクレオチドの「1 もしくは数個」の説明を援用できる。

[0049] 前記 (b 3'') のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、(b 3) のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。

[0050] 前記第 1 の抵抗性遺伝子座が含む前記 SNP マーカーを含む塩基配列の個数は、特に制限されず、例えば、前記 (a) および (b) のポリヌクレオチドのうち、いずれか 1 個、または 2 個であってもよい。

[0051] 前記 SNP マーカーを含む塩基配列の組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。

前記 (a) のポリヌクレオチドおよび前記 (b) のポリヌクレオチドの組合せ

[0052] (1-3) 2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列による特定

前記第1の抵抗性遺伝子座は、前記(1-3)に示すように、例えば、前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列によって規定されてもよい。前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列は、特に制限されず、例えば、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列等があげられる。

[0053] 前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250は、例えば、配列番号11におけるかっこで囲んだ下線部の塩基の多型を示す。後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物において、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250は、Gである多型を示すが、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250は、例えば、G以外の塩基、すなわち、A、T、またはCでもよい。また、前記配列番号11の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号11

5' -GATGAACATATGGAGAAATACTGTAGTGAGTAAATATTTGAGAATAAGCA[G]ATAGATGTAAGAT  
AAAATGAATACATGACAAGA-3'

[0054] 前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号12の塩基

配列は、例えば、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 2 5 0` を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 2 5 0` に対応する多型である。このように、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 2 5 0` は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号 1 2

5' -GATGAACTATGGAGAAATACTGTAGTGAGTAAATATTTGAGAATAAGCA[G]ATAGATGTAAGAT  
AAAATGAATACATGACAAGA-3'

[0055] 前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` は、例えば、配列番号 1 3 におけるかっこで囲んだ下線部の塩基の多型を示す。後述する受託番号 F E R M B P - 2 2 2 8 2 で寄託されたトマト植物において、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` は、C である多型を示すが、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` は、例えば、C 以外の塩基、すなわち、A、T、または G でもよい。また、前記配列番号 1 3 の塩基配列は、例えば、後述する受託番号 F E R M B P - 2 2 2 8 2 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号 1 3

5' -TTTTCGTGTTCGTATTTAGAACTTCTTAATGAAAAT[C]CTGGCTCAGCAGCTGGTAGTTAGTAG  
AGTGATTTGTGGGTGTATAT-3'

[0056] 前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号 1 4 の塩基配列は、例えば、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` に対応する多型である。このように、前記 `s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 0 0 8 9` は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号 1 4

5' -TTTTCGTGTTCGTATTTAGAACTTCTTAATGAAAAT[C]CTGGCTCCGCCGCTGGTAGTTAGTAG

AGTGATTTGTGGGTGTATAT-3'

[0057] 前記領域は、前述のように、例えば、前記2つのSNPマーカの部位によって、上流側端部と下流側端部とを特定できる。前記領域は、例えば、前記2つのSNPマーカの部位間であればよく、例えば、前記2つのSNPマーカの部位の両方または一方を含んでもよいし、含まなくてもよい。また、前記領域が、前記SNPマーカの部位を含む場合、前記領域の前記上流側端部と前記下流側端部とは、前記SNPマーカの部位となるが、前記上流側端部と前記下流側端部との塩基は、例えば、前述した塩基配列における下線部の塩基でもよいし、それ以外の塩基でもよい。

[0058] 前記領域を規定する前記2つのSNPマーカは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' およびsolcap\_\_snp\_\_sl

l\_\_8658の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の組合せ

- [0059] 前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列によって、前記第1の抵抗性遺伝子座を規定する場合、前記第1の抵抗性遺伝子座は、さらに、前記領域の塩基配列において、前記領域に座乗する前記SNPマーカを含むことが好ましい。具体的には、前記第1の抵抗性遺伝子座は、前記領域の塩基配列において、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを含むことが好ましい。
- [0060] 前記領域に座乗する前記SNPマーカは、例えば、前記染色体上において、前記領域を規定する前記2つのSNPマーカの部位のうち一方または両方の部位でもよいし、前記領域を規定する2つのSNPマーカの部位間に座乗するSNPマーカでもよい。前者を、前記領域の末端のSNPマーカともいい、後者を、前記領域の内部のSNPマーカともいう。前記領域に座乗するSNPマーカは、例えば、前記領域の末端のSNPマーカおよび前記領域の内部のSNPマーカの両方であってもよい。
- [0061] 前記領域の内部のSNPマーカは、例えば、前記領域を規定する上流側の前記SNPマーカの部位と下流側の前記SNPマーカの部位との間に座乗しているSNPマーカがあげられ、例えば、図1に示す前記SNPマーカの座乗位置に基づき、適宜決定できる。前記2つのSNPマーカの部位間における前記SNPマーカの個数は、例えば、1個以上であればよく、具体例としては、前記領域を規定するSNPマーカの部位間に座乗する全てのSNPマーカである。
- [0062] 前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列と前記領域の塩基配列における前記SNPマーカとの組合せは、特に制限されず、例えば、下記条件(i)があげられる。

条件 (i)

前記染色体における、solcap\_snp\_sl\_60250およびsolcap\_snp\_sl\_60089の部位間の領域の塩基配列を含み、且つ、

前記領域の塩基配列において、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを含む

[0063] 前記条件 (i) において、前記領域の内部におけるSNPマーカーの数は、特に制限されず、例えば、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658' のうち、いずれか1個、または2個以上、すなわち、2個、3個でもよい。前記SNPマーカーが2個以上の場合、その組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せがあげられる。

2個の組合せ

SNP (a) およびSNP (b) の組合せ

SNP (a) およびSNP (b') の組合せ

SNP (b) およびSNP (b') の組合せ

3個の組合せ

SNP (a)、SNP (b)、およびSNP (b') の組合せ

[0064] (2) 第2の抵抗性遺伝子座

本発明において、前記第2の抵抗性遺伝子座は、前述のように、(2-1) 前記SNPマーカーによって規定される。前記第2の抵抗性遺伝子座は、さらに、(2-2) 前記SNPマーカーを含む塩基配列によって規定されてもよいし、(2-3) 2つの前記SNPマーカーの部位間の領域の塩基配列によって規定されてもよいし、これらの組合せにより規定されてもよい。前記組合せによって規定する場合、前記組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。また、前記第2の抵抗性遺伝子座は、前記(2

－ 1 ) により特定されているが、前記第 2 の抵抗性遺伝子座は、これに限定されず、例えば、前記 ( 2 - 1 ) に代えて、前記 ( 2 - 2 ) または ( 2 - 3 ) で特定されてもよいし、これらの組合せで特定されてもよい。

前記 ( 2 - 1 ) および前記 ( 2 - 2 ) の組合せ

前記 ( 2 - 1 ) および前記 ( 2 - 3 ) の組合せ

前記 ( 2 - 1 ) 、前記 ( 2 - 2 ) および前記 ( 2 - 3 ) の組合せ

[0065] ( 2 - 1 ) SNP マーカーによる特定

前記第 2 の抵抗性遺伝子座は、前記 ( 2 - 1 ) に示すように、例えば、前記 SNP マーカーによって規定されてもよい。前記 SNP マーカーは、特に制限されず、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、SG\_\_70' 等があげられる。なお、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252' を除く、「solcap\_\_snp\_\_sl\_\_番号」で表される SNP マーカーは、前述の web サイトで閲覧できる。また、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、SG\_\_70、および SG\_\_70' は、本発明者らが新たに同定した SNP マーカーであり、当該技術分野における当業者であれば、後述するこれらの SNP マーカーを含む塩基配列に基づき、前記 SNP マーカーの座乗位置を特定できる。

[0066] 前記 solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252 (以下、「SNP (c)」ともいう。) は、例えば、配列番号 3 におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、G である多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基が G の場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、G 以外の塩基 (例えば、A) の場合、葉かび病罹病性であることを示す。また、前記配列番号 3 の塩基配列は、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22282 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号 3

5' -TGGGTGTCGTA AAAAGTCTCATAATTGAGATCTC[G]CGTTTGATATTGCCATTA AAATCGCGTTGCTAACT-3'

[0067] 前記 SNP (c) は、例えば、前述の web サイト等のデータベース上の公知

の情報からも特定できる。配列番号8の塩基配列は、例えば、前記SNP (c) および後述するsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記SNP (c) に対応する多型である。つまり、例えば、前記下線部の塩基がGの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、G以外の塩基（例えば、A）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記SNP (c) は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号8

5' -TCAAGTTTGACAATGTGTGGGTGTCGTA AAAAGTCTCATAATTGAGATCTC[G]CGTTTGATATTGCCATTA AAAATCG  
CGTTGCTAACTCTTGT TTTGTTAAT-3'

[0068] 前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'（以下、「SNP (c' )」ともいう。）は、例えば、前記配列番号3における四角で囲んだ塩基が、Tである多型を示す。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基がTの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。

[0069] 前記SNP (c' )は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。前記配列番号8の塩基配列は、例えば、前記SNP (c) および前記SNP (c' )を除き、ハインツの塩基配列であり、四角で囲んだ塩基が、前記SNP (c' )に対応する多型である。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基がTの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記SNP (c' )は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

[0070] 前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221（以下、「SNP (d) 」ともいう。）は、例えば、配列番号4におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、Aである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基がAの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、A以外の塩基（例えば、G）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。また、前記配列番号4の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト

植物から得ることができる。

配列番号4

5' -TCTAATACCATCTGCAAGTTTCTGAGCCTC[A]TCTGACTTCAGCGGACATCTACTTAAG-3'

[0071] 前記SNP (d) は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号9の塩基配列は、例えば、前記SNP (d) を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記SNP (d) に対応する多型である。つまり、例えば、前記下線部の塩基がAの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、A以外の塩基（例えば、G）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記SNP (d) は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号9

5' -CTCGAAATTGATAAGTTTTCTCTAATACCATCTGCAAGTTTCTGAGCCTC[A]TCTGACTTCAGCGGACATCTACTTAAGGTCTGTAAAACAATCAACTTTAT-3'

[0072] 前記SG\_\_70 (以下、「SNP (e)」ともいう。) は、例えば、配列番号5におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、Aである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基がAの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、A以外の塩基（例えば、G）の場合、葉かび病罹病性であることを示す。また、前記配列番号5の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号5

5' -ATAGTGAGTCAAACAATTGTACATTACATATCAATCACT[A]TGTTATCACAACCTCCAAGTATTACTAGCTTAA[A]CATC-3'

[0073] 前記SNP (e) は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号10の塩基配列は、例えば、前記SNP (e) および後述するSG\_\_70' を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記SNP (e) に対応する多型である。つまり、例えば、前記下線部の塩基がAの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、A以外の塩基（例えば、G）の場合、葉かび病罹病性であること

を示す。このように、前記SNP (e) は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号10

5' -GAACCAAATCCATTAGCCCAATGCGTTCTTATTCTTGGCATTGAAAATCTGAAAATGAGATAGTGAGTCAAACAAC  
TGTACATTACATATCAATCACT[A]TGTATCACAACCTCCAAGTACTAGCTTAA[G]ACATCAGCTAAGGCTTAATCTT  
CAGCTTCTGAAGTTGTTGAAAGAAAAATATGCTTCGTATCG-3'

[0074] 前記SG\_\_70' (以下、「SNP (e') 」ともいう。) は、例えば、配列番号5における四角で囲んだ塩基が、Gである多型を示す。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基がGの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、G以外の塩基 (例えば、A) の場合、葉かび病罹病性であることを示す

[0075] 前記SNP (e') は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。前記配列番号10の塩基配列は、例えば、前記SNP (e) および前記SNP (e') を除き、ハインツの塩基配列であり、四角で囲んだ塩基が、前記SNP (e') に対応する多型である。つまり、例えば、前記四角で囲んだ塩基がGの場合、トマト植物は、葉かび病抵抗性であり、G以外の塩基 (例えば、A) の場合、葉かび病罹病性であることを示す。このように、前記SNP (e') は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

[0076] 前記染色体における前記SNPマーカの座乗位置は、特に制限されない。前記SNPマーカは、図2に示すように、例えば、トマト植物の第6染色体上において、上流側 (solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325側) から下流側 (SL10401\_\_823側) にかけて、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、SG\_\_70'、およびSL10401\_\_823が、この順序で座乗している。なお、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSL10401\_\_823は、トマト植物の第6染色体におけるsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'

、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'の座乗位置を示すのに使用している。solcap\_snp\_sl\_25325およびSL10401\_823については、後述する。

[0077] 前記第2の抵抗性遺伝子座が含む前記SNPマーカの個数は、特に制限されず、例えば、前記SNPマーカのうち、いずれか1個、または2個以上、すなわち、2個、3個、4個、または5個全てであってもよい。なお、これら5種類の多型（SNPマーカ）と葉かび病抵抗性との関連性は、これまでに報告されておらず、本発明者らにより初めて見出された、葉かび病抵抗性に関与する新規の多型である。

[0078] 前記SNPマーカの組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。

#### 2個の組合せ

SNP (c) および SNP (c') の組合せ

SNP (c) および SNP (d) の組合せ

SNP (c) および SNP (e) の組合せ

SNP (c) および SNP (e') の組合せ

SNP (c') および SNP (d) の組合せ

SNP (c') および SNP (e) の組合せ

SNP (c') および SNP (e') の組合せ

SNP (d) および SNP (e) の組合せ

SNP (d) および SNP (e') の組合せ

SNP (e) および SNP (e') の組合せ

#### 3個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、および SNP (d) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、および SNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、および SNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、および SNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、および SNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

4個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

5個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

前記組合せのうち、葉かび病抵抗性との相関性がより高いことから、好ましくは、例えば、以下の組合せである。

SNP (c) およびSNP (c') の組合せ

SNP (e) およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

[0079] (2-2) SNPマーカーを含む塩基配列による特定

前記第2の抵抗性遺伝子座は、前記(2-2)に示すように、例えば、前

記SNPマーカを含む塩基配列によって規定されてもよい。前記第2の抵抗性遺伝子座は、例えば、前記塩基配列からなるものでもよいし、前記塩基配列を含むものでもよい。

[0080] 前記SNPマーカを含む塩基配列は、特に制限されず、例えば、下記(c)、(d)および(e)のポリヌクレオチド等があげられる。前記(c)のポリヌクレオチドは、前記SNP(c)および前記SNP(c')のSNPマーカの少なくとも一方を含む塩基配列、前記(d)のポリヌクレオチドは、前記SNP(d)のSNPマーカを含む塩基配列、前記(e)のポリヌクレオチドは、前記SNP(e)および前記SNP(e')のSNPマーカの少なくとも一方を含む塩基配列に相当する。

[0081] 前記(c)のポリヌクレオチドは、前記SNP(c)および前記SNP(c')の少なくとも一方、すなわち、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'の少なくとも一方を含む塩基配列である。前記(c)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカとして前記SNP(c)を含む塩基配列である場合、前記(c)のポリヌクレオチドは、例えば、下記(c1)、(c2)、または(c3)のポリヌクレオチドである。前記(c2)および前記(c3)は、それぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(c1)と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(c1) 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c2) 前記(c1)の34番目の塩基(G)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c3) 前記(c1)の34番目の塩基(G)以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0082] 前記(c1)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号3におけるかっこで囲んだ下線部の34番目の塩基(G)が、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252の多型に対応する塩基である。また、前記(c1)のポリヌク

レオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0083] 前記(c2)のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、1~14個、1~11個、1~8個、1~4個、1個、2個、または3個である。

[0084] 前記(c3)のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、80%以上、85%以上、89%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0085] 前記(c)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP(c')を含む塩基配列である場合、前記(c)のポリヌクレオチドは、例えば、下記(c1')、(c2')、または(c3')のポリヌクレオチドである。前記(c2')および前記(c3')は、それぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(c1')と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(c1') 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c2') 前記(c1')の46番目の塩基(T)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c3') 前記(c1')の46番目の塩基(T)以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0086] 前記(c1')のポリヌクレオチドにおいて、配列番号3における四角で囲んだ46番目の塩基(T)が、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'の多型に対応する塩基である。また、前記(c1')のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0087] 前記(c2')のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、(c2)のポリヌクレオチドの「1もしくは数個」の説明を援用できる。

- [0088] 前記(c 3')のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、(c 3)のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。
- [0089] 前記(c)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP(c)およびSNP(c')を含む塩基配列である場合、前記(c)のポリヌクレオチドは、例えば、下記(c 1'')、(c 2'')、または(c 3'')のポリヌクレオチドである。前記(c 2'')および前記(c 3'')は、それぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(c 1'')と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。
- (c 1'') 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド
- (c 2'') 前記(c 1'')の34番目の塩基(G)および46番目の塩基(T)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド
- (c 3'') 前記(c 1'')の34番目の塩基(G)および46番目の塩基(T)以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド
- [0090] 前記(c 1'')のポリヌクレオチドにおいて、配列番号3におけるかっこで囲んだ下線部の34番目の塩基(G)および四角で囲んだ46番目の塩基(T)が、それぞれ、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252および前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'の多型に対応する塩基である。また、前記(c 1'')のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。
- [0091] 前記(c 2'')のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、(c 2)のポリヌクレオチドの「1もしくは数個」の説明を援用できる。
- [0092] 前記(c 3'')のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、(c 3)のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。
- [0093] 前記(d)のポリヌクレオチドは、前記SNP(d)、すなわち、sol

cap\_\_snp\_\_sl\_\_35221を含む塩基配列であり、例えば、下記（d1）、（d2）、または（d3）のポリヌクレオチドである。前記（d2）および前記（d3）は、それぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記（d1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（d1）配列番号4の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（d2）前記（d1）の31番目の塩基（A）以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および／または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

（d3）前記（d1）の31番目の塩基（A）以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0094] 前記（d1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号4におけるかっこで囲んだ下線部の31番目の塩基（A）が、前記solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221の多型に対応する塩基である。また、前記（d1）のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0095] 前記（d2）のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、1～12個、1～9個、1～8個、1～4個、1個、2個、または3個である。

[0096] 前記（d3）のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、80%以上、85%以上、89%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0097] 前記（e）のポリヌクレオチドは、前記SNP（e）および前記SNP（e'）の少なくとも一方、すなわち、SG\_\_70およびSG\_\_70'の少なくとも一方を含む塩基配列である。前記（e）のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP（e）を含む塩基配列である場合、前記（e）のポリヌクレオチドは、例えば、下記（e1）、（e2）、または（e3）のポリヌクレオチドである。前記（e2）および前記（e3）は、それ

ぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(e1)と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(e1) 配列番号5の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e2) 前記(e1)の40番目の塩基(A)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e3) 前記(e1)の40番目の塩基(A)以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0098] 前記(e1)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号5におけるかっこで囲んだ下線部の40番目の塩基(A)が、前記SG\_70の多型に対応する塩基である。また、前記(e1)のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0099] 前記(e2)のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、1~16個、1~12個、1~9個、1~8個、1個、2個、3個、または4個である。

[0100] 前記(e3)のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、80%以上、85%以上、89%以上、90%以上、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0101] 前記(e)のポリヌクレオチドが、前記SNPマーカーとして前記SNP(e')を含む塩基配列である場合、前記(e)のポリヌクレオチドは、例えば、下記(e1')、(e2')、または(e3')のポリヌクレオチドである。前記(e2')および前記(e3')は、それぞれ、前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記(e1')と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(e1') 配列番号5の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e2') 前記(e1')の75番目の塩基(G)以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および/または付加された塩基

配列からなるポリヌクレオチド

(e 3') 前記 (e 1') の 75 番目の塩基 (G) 以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0102] 前記 (e 1') のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 5 における四角で囲んだ 75 番目の塩基 (G) が、前記 S G\_\_70' の多型に対応する塩基である。また、前記 (e 1') のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 F E R M B P - 2 2 2 8 2 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0103] 前記 (e 2') のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、(e 2) のポリヌクレオチドの「1もしくは数個」の説明を援用できる。

[0104] 前記 (e 3') のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、(e 3) のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。

[0105] 前記 (e) のポリヌクレオチドが、前記 S N P マーカーとして前記 S N P (e) および S N P (e') を含む塩基配列である場合、前記 (e) のポリヌクレオチドは、例えば、下記 (e 1'')、(e 2'')、または (e 3'') のポリヌクレオチドである。前記 (e 2'') および前記 (e 3'') は、それぞれ、前記第 2 の抵抗性遺伝子座において、前記葉かび病抵抗性に関して前記 (e 1'') と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(e 1'') 配列番号 5 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e 2'') 前記 (e 1'') の 40 番目の塩基 (A) および 75 番目の塩基 (G) 以外の塩基配列において、1もしくは数個の塩基が欠失、置換、挿入および／または付加された塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e 3'') 前記 (e 1'') の 40 番目の塩基 (A) および 75 番目の塩基 (G) 以外の塩基配列に対して、80%以上の同一性を有する塩基配列からなるポリヌクレオチド

[0106] 前記 (e 1'') のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 5 におけるかっこで囲んだ下線部の 40 番目の塩基 (A) および四角で囲んだ 75 番目の塩

基 (G) が、それぞれ、前記 S G \_ 7 0 および前記 S G \_ 7 0' の多型に対応する塩基である。また、前記 ( e 1' ) のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 F E R M B P - 2 2 2 8 2 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0107] 前記 ( e 2' ) のポリヌクレオチドにおいて、前記「1もしくは数個」は、例えば、( e 2 ) のポリヌクレオチドの「1もしくは数個」の説明を援用できる。

[0108] 前記 ( e 3' ) のポリヌクレオチドにおいて、前記「同一性」は、例えば、( e 3 ) のポリヌクレオチドの「同一性」の説明を援用できる。

[0109] 前記第2の抵抗性遺伝子座が含む前記 S N P マーカーを含む塩基配列の個数は、特に制限されず、例えば、前記 ( c ) 、 ( d ) および ( e ) のポリヌクレオチドのうち、いずれか1個、または2個以上、すなわち、2個、または3個全てであってもよい。

[0110] 前記 S N P マーカーを含む塩基配列の組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。

2個の組合せ

( c ) のポリヌクレオチドおよび ( d ) のポリヌクレオチドの組合せ

( c ) のポリヌクレオチドおよび ( e ) のポリヌクレオチドの組合せ

( d ) のポリヌクレオチドおよび ( e ) のポリヌクレオチドの組合せ

3個の組合せ

( c ) のポリヌクレオチド、 ( d ) のポリヌクレオチド、および ( e ) のポリヌクレオチドの組合せ

[0111] ( 2 - 3 ) 2つの S N P マーカーの部位間の領域の塩基配列による特定

前記第2の抵抗性遺伝子座は、前記 ( 2 - 3 ) に示すように、例えば、前記2つの S N P マーカーの部位間の領域の塩基配列によって規定されてもよい。前記2つの S N P マーカーの部位間の領域の塩基配列は、特に制限されず、例えば、前記染色体における、 s o l c a p \_ s n p \_ s l \_ 2 5 3 2 5、 s o l c a p \_ s n p \_ s l \_ 2 5 2 5 2、 s o l c a p \_ s n p \_ s

l\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、SG\_70'、およびSL10401\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列、solcap\_snp\_sl\_25325、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSL10401\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列等があげられる。

[0112] 前記solcap\_snp\_sl\_25325は、例えば、配列番号15におけるかっこで囲んだ下線部の塩基の多型を示す。後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物において、前記solcap\_snp\_sl\_25325は、Gである多型を示すが、前記solcap\_snp\_sl\_25325は、例えば、G以外の塩基、すなわち、A、T、またはCでもよい。また、前記配列番号15の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号15

5' -TCACGAGCAGCAAGAAAGCTATTATCGCTAGTATCCAATA[G]TACGAAAGAGAACTCCATCC AACATGT-3'

[0113] 前記solcap\_snp\_sl\_25325は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号16の塩基配列は、例えば、前記solcap\_snp\_sl\_25325を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記solcap\_snp\_sl\_25325に対応する多型である。このように、前記solcap\_snp\_sl\_25325は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号16

5' -TCCAATGGCATCACGAGCAGCAAGAAAGCTATTATCGCGAGTATCCAATA[G]TACGAAAGAGAA CACTCCATCCAACATGTCAACAAAATTTTCTCCATACT-3'

[0114] 前記SL10401\_\_823は、例えば、配列番号17におけるかっこで囲んだ下線部の塩基の多型を示す。後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物において、前記SL10401\_\_823は、Tである多型を示すが、前記SL10401\_\_823は、例えば、T以外の塩基、すなわち、A、G、またはCでもよい。また、前記配列番号17の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物から得ることができる。

配列番号17

5' -TACATTCTGTTTTATTTGTTCCCTTACTTGTCT[I]AGTTGGGCTCATATCTCATTTTGAATGTAA  
ATTACAGGTGCAAGACAA-3'

[0115] 前記SL10401\_\_823は、例えば、前述のwebサイト等のデータベース上の公知の情報からも特定できる。配列番号18の塩基配列は、例えば、前記SL10401\_\_823を除き、ハインツの塩基配列であり、かっこで囲んだ下線部の塩基が、前記SL10401\_\_823に対応する多型である。このように、前記SL10401\_\_823は、例えば、公知のハインツの塩基配列の情報から、その位置を特定できる。

配列番号18

5' -TACATTCTGTTTTATTTGTTCCCTTACTTGTCT[I]AGTTGGGCTCATATCTCATTTTGAATGTAA  
ATTACAGGTGCAAGACAA-3'

[0116] 前記領域は、前述のように、例えば、前記2つのSNPマーカの部位によって、上流側端部と下流側端部とを特定できる。前記領域は、例えば、前記2つのSNPマーカの部位間であればよく、例えば、前記2つのSNPマーカの部位の両方または一方を含んでもよいし、含まなくてもよい。また、前記領域が、前記SNPマーカの部位を含む場合、前記領域の前記上流側端部と前記下流側端部とは、前記SNPマーカの部位となるが、前記上流側端部と前記下流側端部との塩基は、例えば、前述した塩基配列における下線部の塩基でもよいし、それ以外の塩基でもよい。

[0117] 前記領域を規定する前記2つのSNPマーカは、特に制限されず、例え

ば、以下の組合せが例示できる。

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSG\_\_70の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSG\_\_70'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSL10401\_\_823の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびSG\_\_70の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびSG\_\_70'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252およびSL10401\_\_823の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'およびSG\_\_70の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'およびSG\_\_70'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'およびSL10401\_\_823の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221およびSG\_\_70の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221およびSG\_\_70'の組合せ

solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221およびSL10401\_\_823の組合せ

組合せ

SG\_\_70およびSG\_\_70'の組合せ

SG\_\_70およびSL10401\_\_823の組合せ

SG\_\_70'およびSL10401\_\_823の組合せ

- [0118] 前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列によって、前記第2の抵抗性遺伝子座を規定する場合、前記第2の抵抗性遺伝子座は、さらに、前記領域の塩基配列において、前記領域に座乗する前記SNPマーカを含むことが好ましい。具体的には、前記第2の抵抗性遺伝子座は、前記領域の塩基配列において、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカを含むことが好ましい。
- [0119] 前記領域に座乗する前記SNPマーカは、例えば、前記染色体上において、前記領域を規定する前記2つのSNPマーカの部位のうち一方または両方の部位でもよいし、前記領域を規定する2つのSNPマーカの部位間に座乗するSNPマーカでもよい。前者を、前記領域の末端のSNPマーカともいい、後者を、前記領域の内部のSNPマーカともいう。前記領域に座乗するSNPマーカは、例えば、前記領域の末端のSNPマーカおよび前記領域の内部のSNPマーカの両方であってもよい。
- [0120] 前記領域の内部のSNPマーカは、例えば、前記領域を規定する上流側の前記SNPマーカの部位と下流側の前記SNPマーカの部位との間に座乗しているSNPマーカがあげられ、例えば、図2に示す前記SNPマーカの座乗位置に基づき、適宜決定できる。前記2つのSNPマーカの部位間における前記SNPマーカの個数は、例えば、1個以上であればよく、具体例としては、前記領域を規定するSNPマーカの部位間に座乗する全てのSNPマーカである。
- [0121] 前記2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列と前記領域の塩基配列における前記SNPマーカとの組合せは、特に制限されず、例えば、下

記条件 (ii) があげられる。

条件 (ii)

前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325 および SL10401\_\_823 の部位間の領域の塩基配列を含み、且つ、

前記領域の塩基配列において、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカを含む

[0122] 前記条件 (ii) において、前記領域の内部におけるSNPマーカの数には、特に制限されず、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' のうち、いずれか1個、または2個以上、すなわち、2個、3個、4個、5個でもよい。前記SNPマーカが2個以上の場合、その組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せがあげられる。

2個の組合せ

SNP (c) およびSNP (c') の組合せ

SNP (c) およびSNP (d) の組合せ

SNP (c) およびSNP (e) の組合せ

SNP (c) およびSNP (e') の組合せ

SNP (c') およびSNP (d) の組合せ

SNP (c') およびSNP (e) の組合せ

SNP (c') およびSNP (e') の組合せ

SNP (d) およびSNP (e) の組合せ

SNP (d) およびSNP (e') の組合せ

SNP (e) およびSNP (e') の組合せ

3個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、およびSNP (d) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

4個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e) の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c)、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

SNP (c')、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

5個の組合せ

SNP (c)、SNP (c')、SNP (d)、SNP (e)、およびSNP (e') の組合せ

[0123] 本発明の抵抗性マーカーによれば、例えば、トマト植物に対して、葉かび病抵抗性を付与することができる。本発明において、トマト植物の前記葉かび病抵抗性の程度は、例えば、下記参考情報4に記載の方法を参照し、発病指数により表わすことができる。この方法による前記発病指数の算出は、後述する実施例1の説明を援用でき、例えば、発病指数1以下を耐病性、発病

指数2以上を罹病性と設定できる。

参考情報4：南信試病害虫土壤肥料部、“トマトのトマト葉かび病防除にエコショットが有効である”、[online]、長野県、[平成27年3月3日検索]、インターネット〈URL：<http://www.pref.nagano.lg.jp/nogi/sanogyo/nogyo/gijutsu/fukyugijutsu/200802/200802fukyu.html>〉

[0124] 本発明の抵抗性マーカーは、例えば、さらに、他の抵抗性マーカーを含んでもよい。前記他の抵抗性は、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性、うどんこ病抵抗性等があげられる。

[0125] 2. 葉かび病抵抗性トマト植物

本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、前述のように、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーで特定されることを特徴とする。本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群か

ら選択された少なくとも一つのSNPマーカーで特定されることを特徴とし、その他の構成および条件は、特に制限されない。本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む前記本発明の抵抗性マーカーを含むことから、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーの説明を援用できる。本発明において、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座は、例えば、それぞれ、本発明の抵抗性マーカーにおける第1の抵抗性遺伝子座および第2の抵抗性遺伝子座と読み替え可能である。本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカー等の説明を援用できる。

[0126] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、葉かび病に抵抗性を示す。

[0127] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物において、前記葉かび病抵抗性は、前記第1染色体上の第1の抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の第2の抵抗性遺伝子座の少なくとも一方によってもたらされる。本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、前記第1の抵抗性遺伝子座および第2の抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含み、前記第1の抵抗性遺伝子座を第1染色体上に、前記第2の抵抗性遺伝子座を第6染色体上に含む。しかしながら、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物が第1の抵抗性遺伝子座を含む場合、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、第1染色体に代えて、第1染色体以外のどの染色体上に、前記第1の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。つまり、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、第2染色体、第3染色体、第4染色体、第5染色体、第6染色体、第7染色体、第8染色体、第9染色体、第10染色体、第11染色体、第12染色体のいずれかの染色体上に前記第1の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物が第2の抵抗性遺伝子座を含む場合、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、第6染色体に代えて、第6染色体以外のどの染色体上に、前記第2の葉かび病抵抗性遺伝子座を含んでもよい。つまり、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、第1染色体、第2染色体、第3染色体、第

4染色体、第5染色体、第7染色体、第8染色体、第9染色体、第10染色体、第11染色体、第12染色体のいずれかの染色体上に前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物が前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含む場合、本発明のトマト植物は、同じ染色体上に前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよいし、異なる染色体上に前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含んでもよい。

[0128] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物において、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座は、それぞれ、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおける前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の説明を援用できる。

[0129] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、前記第1の抵抗性遺伝子座のみを含んでもよいし、前記第2の抵抗性遺伝子座のみを含んでもよい。前述のように、前記抵抗性マーカーを含むトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の両者を含むことにより、葉かび病抵抗性がより向上する。具体的には、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座のそれぞれが抵抗性および罹病性のヘテロ接合型であるトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物より高い葉かび病抵抗性を示し、また、前記第2の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物と同等の葉かび病抵抗性を示す。また、これにより、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を他の抵抗性を有するトマト植物と交雑することにより、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性とを有するトマト植物を容易に取得することができる。したがって、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むことが好ましい。

[0130] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、一例として、受託番号FERMBP-22282で寄託されたトマト植物 (*S. lycopersicum*

) またはその後代系統があげられる。前記寄託トマト植物は、例えば、前記第 1 染色体上に前記第 1 の抵抗性遺伝子座を、前記第 6 染色体上に、前記第 2 の抵抗性遺伝子座を含む。寄託の情報を以下に示す。

寄託の種類：国際寄託

寄託機関名：独立行政法人製品評価技術基盤機構 特許生物寄託センター

あて名：日本国 〒292-0818 千葉県木更津市かずさ鎌足2-5-8 120号室

受託番号：FERM BP-22282

識別のための表示：T a k i i 7

受領日：2015年1月28日

[0131] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、トマト植物に、前記第 1 の抵抗性遺伝子座および前記第 2 の抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を導入することによっても製造できる。前記トマト植物への前記葉かび病抵抗性遺伝子座の導入方法は、特に制限されず、例えば、従来公知の遺伝子工学的手法があげられる。導入する前記葉かび病抵抗性遺伝子座は、前述の葉かび病抵抗性遺伝子座が例示できる。

[0132] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物について、葉かび病抵抗性以外の特徴、例えば、形質的、生態的特徴等は、特に限定されない。

[0133] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、さらに、他の抵抗性を有してもよい。前記他の抵抗性は、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性、うどんこ病抵抗性等があげられる。

[0134] 本発明において、「植物体」は、植物全体を示す植物個体および前記植物個体の部分のいずれの意味であってもよい。前記植物個体の部分は、例えば、器官、組織、細胞または栄養繁殖体等があげられ、いずれでもよい。前記器官は、例えば、花卉、花冠、花、葉、種子、果実、莖、根等があげられる。前記組織は、例えば、前記器官の部分である。前記植物体の部分は、例えば、一種類の器官、組織および／または細胞でもよいし、二種類以上の器官、組織および／または細胞でもよい。

[0135] 3. 葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法

つぎに、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法（以下、「製造方法」ともいう。）について説明する。なお、以下の方法は、例示であって、本発明は、これらの方法に制限されない。本発明において、製造方法は、例えば、育成方法ということもできる。また、本発明において、前記葉かび病抵抗性遺伝子座は、前記本発明の抵抗性マーカーと言い換えることができる。

[0136] 本発明の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法は、前述のように、下記（a）および（b）工程を含むことを特徴とする。

（a）本発明の葉かび病抵抗性トマト植物と、他のトマト植物とを交雑する工程

（b）前記（a）工程より得られた（1以上の）トマト植物またはその後代系統から、葉かび病抵抗性を備えるトマト植物を選抜する工程

[0137] 本発明の製造方法は、前記本発明の葉かび病トマト植物を親として使用することが特徴であって、その他の工程および条件は、何ら制限されない。本発明の製造方法は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカー等の説明を援用できる。

[0138] 前記（a）工程において、第一の親として使用する葉かび病抵抗性トマト植物は、前記本発明の葉かび病抵抗性トマト植物であればよい。前記葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前述のような受託番号FERM BP-22282で寄託されたトマト植物またはその後代系統が好ましい。前記（a）工程において、第一の親として使用する葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、後述する本発明のスクリーニング方法により得ることもできる。このため、前記葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前記（a）工程に先立って、例えば、被検トマト植物（以下、「候補トマト植物」ともいう。）から、下記（x）工程により選抜して準備してもよい。

（x）（1以上の）被検トマト植物から、前記本発明の葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程

[0139] 前記 (x) 工程において、前記葉かび病抵抗性トマト植物の選抜は、前記葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜とすることができる。このため、前記 (x) 工程は、例えば、下記 (x 1) 工程および (x 2) 工程により行うことができる。

(x 1) 前記 (1 以上の) 被検トマト植物の染色体上における、前記葉かび病抵抗性遺伝子座の有無を検出する検出工程

(x 2) 前記葉かび病抵抗性遺伝子座の存在により、前記被検トマト植物を、葉かび病抵抗性トマト植物として選抜する選抜工程

[0140] 前記 (x) 工程における前記選抜は、前述のように、例えば、前記葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜であり、具体的には、前記被検トマト植物について、前記葉かび病抵抗性遺伝子座を検出することによって、前記葉かび病抵抗性トマト植物を選抜できる。前記葉かび病抵抗性遺伝子座の検出は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおいて説明したように、前記第 1 の抵抗性遺伝子座を規定する、(1-1) 前記 SNP マーカー、(1-2) 前記 SNP マーカーを含む塩基配列、(1-3) 前記 2 つの SNP マーカーの部位間の領域の塩基配列、およびこれらの組合せ、ならびに前記第 2 の抵抗性遺伝子座を規定する、(2-1) 前記 SNP マーカー、(2-2) 前記 SNP マーカーを含む塩基配列、(2-3) 前記 2 つの SNP マーカーの部位間の領域の塩基配列、およびこれらの組合せを用いて検出できる。

[0141] 前記 (x) 工程における前記選抜について、以下の具体例をあげるが、本発明は、これらには限定されない。また、前記葉かび病抵抗性遺伝子座に関しては、前記本発明の抵抗性マーカーにおける説明を援用できる。

[0142] 前記 (x) 工程における前記選抜は、例えば、前記第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第 6 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_

s l \_\_ 8 6 5 8' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、s o l c a p \_\_ s n p \_\_ s l \_\_ 2 5 2 5 2、s o l c a p \_\_ s n p \_\_ s l \_\_ 2 5 2 5 2'、s o l c a p \_\_ s n p \_\_ s l \_\_ 3 5 2 2 1、S G \_\_ 7 0、およびS G \_\_ 7 0' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーで特定される。

[0143] 前記(x)工程における前記選抜は、例えば、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座のみを含む葉かび病抵抗性トマト植物選抜でもよいし、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座のみを含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であってもよい。前述のように、前記抵抗性マーカーを含むトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座の両者を含むことにより、葉かび病抵抗性がより向上する。具体的には、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座のそれぞれが抵抗性および罹病性のヘテロ接合型であるトマト植物は、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物より高い葉かび病抵抗性を示し、また、前記第2の抵抗性遺伝子座が抵抗性のホモ接合型であるトマト植物と同等の葉かび病抵抗性を示す。また、これにより、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を他の抵抗性を有するトマト植物と交雑することにより、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性とを有するトマト植物を容易に取得することができる。したがって、前記(x)工程における前記選抜は、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であることが好ましい。

[0144] (1) 第1の抵抗性遺伝子座

前記(x)工程における選抜が、前記第1の抵抗性遺伝子座の選抜である場合、前記第1の抵抗性遺伝子座は、前述のように、(1-1)前記SNPマーカーによって選抜される。前記第1の抵抗性遺伝子座は、さらに、(1-2)前記SNPマーカーを含む塩基配列によって選抜されてもよいし、(

1-3) 2つの前記SNPマーカの部位間の領域の塩基配列によって選抜されてもよいし、これらの組合せにより選抜されてもよい。前記組合せによって選抜する場合、前記組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。また、前記第1の抵抗性遺伝子座は、前記(1-1)により選抜されているが、前記第1の抵抗性遺伝子座は、これに限定されず、例えば、前記(1-1)に代えて、前記(1-2)または(1-3)で選抜されてもよいし、前記(1-2)および前記(1-3)の組合せで選抜されてもよい。

前記(1-1)および前記(1-2)の組合せ

前記(1-1)および前記(1-3)の組合せ

前記(1-1)、前記(1-2)および前記(1-3)の組合せ

[0145] (1-1) SNPマーカによる選抜

前記第1の抵抗性遺伝子座において、前記選択されるSNPマーカは、特に制限されず、例えば、前記本発明の抵抗性マーカにおける「(1-1) SNPマーカによる特定」の説明を援用できる。

[0146] 具体例として、前記(x)工程における前記選抜は、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658で特定される第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物、好ましくは、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'で特定される第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜があげられる。

[0147] (1-2) SNPマーカを含む塩基配列による選抜

前記(x)工程における前記選抜は、例えば、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子が、前記(a)および(b)の少なくとも一方のポリヌクレオチドで特定される。前記(a)および(b)のポリヌクレオチドは、例えば、前記本発明の抵抗性マーカにおける「(1-2) S

N P マーカーを含む塩基配列による特定」の説明を援用でききる。

[0148] 具体例として、前記 (x) 工程における前記選抜は、例えば、前記 (a) および (b) のポリヌクレオチドで特定される第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜があげられる。

[0149] (1-3) 2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列による選抜  
前記 (x) 工程における前記選抜は、例えば、前記第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列を含む。前記2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおける「(1-3) 2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列による特定」の説明を援用できる。

[0150] 具体例として、前記 (x) 工程における前記選抜は、例えば、さらに、前記領域の塩基配列において、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーを含む第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜があげられる。

[0151] また、前記 (x) 工程における前記選抜は、例えば、前記条件 (i) を満たす第 1 染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜でもよい。

[0152] 前記第 1 の抵抗性遺伝子座の有無を検出する染色体は、好ましくは、第 1 染色体である。

[0153] (2) 第 2 の抵抗性遺伝子座

前記選抜が、前記第 2 の抵抗性遺伝子座の選抜である場合、前記第 2 の抵

抗性遺伝子座は、前述のように、(2-1) 前記SNPマーカーによって選抜される。前記第2の抵抗性遺伝子座は、さらに、(2-2) 前記SNPマーカーを含む塩基配列によって選抜されてもよいし、(2-3) 2つの前記SNPマーカーの部位間の領域の塩基配列によって選抜されてもよいし、これらの組合せにより選抜されてもよい。前記組合せによって選抜する場合、前記組合せは、特に制限されず、例えば、以下の組合せが例示できる。また、前記第2の抵抗性遺伝子座は、前記(2-1) により選抜されているが、前記第2の抵抗性遺伝子座は、これに限定されず、例えば、前記(2-1) に代えて、前記(2-2) または(2-3) で選抜されてもよいし、これらの組合せで選抜されてもよい。

前記(2-1) および前記(2-2) の組合せ

前記(2-1) および前記(2-3) の組合せ

前記(2-1)、前記(2-2) および前記(2-3) の組合せ

[0154] (2-1) SNPマーカーによる選抜

前記第2の抵抗性遺伝子座において、前記選択されるSNPマーカーは、特に制限されず、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおける「(2-1) SNPマーカーによる特定」の説明を援用できる。

[0155] 具体例として、前記(x) 工程における前記選抜は、例えば、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、およびSG\_\_70で特定される第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物、好ましくは、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'で特定される第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜があげられる。

[0156] (2-2) SNPマーカーを含む塩基配列による選抜

前記(x) 工程における前記選抜は、例えば、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記(c)、(d) および(e) か

らなる群から選択された少なくとも1つで特定される。前記(c)、(d)および(e)のポリヌクレオチドは、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおける「(2-2) SNPマーカーを含む塩基配列による特定」の説明を援用でききる。

[0157] 具体例として、前記(x)工程における前記選抜は、例えば、前記(c)、(d)および(e)のポリヌクレオチドで特定される前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜があげられる。

[0158] (2-3) 2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列による選抜  
前記(x)工程における前記選抜は、例えば、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、SG\_\_70'、およびSL10401\_\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列を含む。前記2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカーにおける「(2-3) 2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列による特定」の説明を援用できる。

[0159] 具体例として、前記(x)工程における前記選抜は、例えば、さらに、前記領域の塩基配列において、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーを含む前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜があげられる。

[0160] また、前記(x)工程における前記選抜は、例えば、前記条件(ii)を満たす前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含むトマト植物の選抜でもよい。

[0161] 前記第2の抵抗性遺伝子座の有無を検出する染色体は、好ましくは、第6

染色体である。

- [0162] また、前記（a）工程において、他方の親として使用するトマト植物は、特に制限されず、例えば、既知の葉かび病抵抗性遺伝子を含むトマト植物でもよいし、他の抵抗性を有するトマト植物でもよいし、前記本発明の葉かび病抵抗性トマト植物でもよい。前記他の抵抗性を有するトマト植物は、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物、うどんこ病抵抗性トマト植物等があげられる。
- [0163] 前記（a）工程において、前記葉かび病抵抗性トマト植物と前記他のトマト植物との交雑方法は、特に制限されず、公知の方法が採用できる。
- [0164] 前記（b）工程において、葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する対象は、例えば、前記（a）工程より得られたトマト植物でもよいし、さらに、そのトマト植物から得られた後代系統でもよい。具体的に、前記対象は、例えば、前記（a）工程の交雑によって得られたF<sub>1</sub>のトマト植物でもよいし、その後代系統でもよい。前記後代系統は、例えば、前記（a）工程の交雑によって得られたF<sub>1</sub>のトマト植物の自殖交雑後代または戻し交雑後代でもよいし、前記F<sub>1</sub>のトマト植物と他のトマト植物とを交雑することによって得られたトマト植物であってもよい。
- [0165] 前記（b）工程において、葉かび病抵抗性トマト植物の選抜は、例えば、葉かび病抵抗性を、直接的または間接的に確認することにより行うことができる。
- [0166] 前記（b）工程において、前記直接的な確認は、得られた前記F<sub>1</sub>のトマト植物またはその後代系統について、例えば、葉かび病抵抗性を、前述のような発病指数によって評価することで行える。具体的には、例えば、前記F<sub>1</sub>のトマト植物またはその後代系統に対して、例えば、葉かび病菌を接種して、葉かび病抵抗性を、前記発病指数によって評価することで確認できる。この場合、例えば、1以下の発病度を示す前記F<sub>1</sub>のトマト植物またはその後代系統を、葉かび病抵抗性トマト植物として選抜できる。
- [0167] また、前記（b）工程において、前記間接的な確認による選抜は、例えば

、下記（b 1）および（b 2）工程によって行うことができる。

（b 1）前記（a）工程より得られた（1以上の）トマト植物またはその後代系統について、染色体上における、葉かび病抵抗性遺伝子座の有無を検出する検出工程

（b 2）前記葉かび病抵抗性遺伝子座の存在により、前記（a）工程により得られた（1以上の）トマト植物またはその後代系統を、葉かび病抵抗性トマト植物として選抜する選抜工程

[0168] 前記（b）工程における葉かび病抵抗性トマト植物の選抜は、例えば、前記（x）工程において説明した方法と同様であり、前記葉かび病抵抗性遺伝子座の有無の検出によって、より具体的には、前記分子マーカーを使用した前記葉かび病抵抗性遺伝子座の有無の検出によって、行うことができる。

[0169] 本発明の製造方法は、前記（b）工程において選抜された葉かび病抵抗性トマト植物を、さらに育成することが好ましい。

[0170] このように、前記葉かび病抵抗性が確認された前記トマト植物またはその後代系統を、葉かび病抵抗性トマト植物として選抜できる。

[0171] 本発明の製造方法は、さらに、交雑により得られた前記後代系統から、種子を採取する採種工程を含んでもよい。

[0172] 4. 葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法

本発明の葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法（以下、「スクリーニング方法」ともいう。）は、交雑により葉かび病抵抗性トマト植物を生産するための親として、（1以上の）被検トマト植物から、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーとして第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカーで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl

\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とする。

[0173] 本発明のスクリーニング方法は、被検トマト植物から、葉かび病抵抗性マーカとして第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程を含み、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定され、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とし、その他の工程および条件は、特に制限されない。本発明のスクリーニング方法によれば、前記本発明の抵抗性マーカによって、葉かび病抵抗性の親を得ることができる。本発明のスクリーニング方法は、例えば、前記本発明の抵抗性マーカ一等の説明を援用できる。

[0174] 前記親の選抜は、例えば、前記本発明の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法における前記(x)工程の説明を援用できる。

## 実施例

[0175] 以下、実施例を用いて本発明を詳細に説明するが、本発明は実施例に記載された態様に限定されるものではない。

[0176] [実施例1]

新規な葉かび病抵抗性トマト植物について、葉かび病抵抗性遺伝子座の遺伝様式の解析、前記葉かび病抵抗性遺伝子座の特定、および前記葉かび病抵抗性遺伝子座と葉かび病抵抗性との相関を確認することで、前記葉かび病抵

抗性遺伝子座が、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーとなること、前記抵抗性遺伝子座を含むトマト植物が、葉かび病抵抗性トマト植物であること、ならびに前記トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーを使用し、葉かび病抵抗性トマト植物をスクリーニングできることを確認した。

[0177] (1) 寄託系統

葉かび病抵抗性を示す新規トマト植物を開発するために、タキイ種苗株式会社農場で継代育種により採取された大量のトマト系統の種子について、育種を行い、葉かび病抵抗性の試験を行った。その結果、葉かび病抵抗性を示す、新規の葉かび病抵抗性トマト系統 (S. lycopersicum) を製造 (以下、「生産」ともいう。) した。この新規葉かび病抵抗性トマト植物は、受託番号 FERM BP-22282 で寄託した。以下、この葉かび病抵抗性トマト植物を寄託系統という。

[0178] (2) 葉かび病抵抗性

前記寄託系統のトマト植物 (受託番号 FERM BP-22282) と、葉かび病罹病性トマト植物「桃太郎 (タキイ種苗株式会社、S. lycopersicum)」 (以下、「罹病性トマト植物」ともいう。) とを交雑することによって、114 個体の F2 分離集団 (以下、「114 系統」ともいう。) を生産した。さらに、前記 114 系統をそれぞれ自殖させることによって、自殖後代 F3 を生産した。各系統の F3 をそれぞれ 9~15 個体使用し、以下に示すように、葉かび病菌の接種試験を行った。なお、前記寄託系統は、後述するように、第 1 染色体上の solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、および solcap\_snp\_sl\_8658' を抵抗性のホモ接合型で含み、且つ第 6 染色体上の solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、および SG\_70' を抵抗性のホモ接合型で含む。また、前記罹病性トマト植物は、後述するように、第 1 染色体上の solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、および solcap\_s

np\_\_sl\_\_8658' を罹病性のホモ接合型で含み、且つ第6染色体上の solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' を罹病性のホモ接合型で含む。

[0179] 葉かび病菌の接種試験は、下記参考文献5に記載の方法を参照し、以下のように行った。

参考文献5：黒柳悟ら、「トマト葉かび病抵抗性遺伝子 (Cf-9) に連鎖したDNAマーカーの開発」、愛知農総試研報、2010年、42巻、15-22頁

[0180] 前記葉かび病菌は、Wageningen大学から分与された系統（葉かび病菌系統1）を使用した。まず、V8（登録商標）野菜ジュース（キャンベルスープカンパニー社製）を含むV8寒天培地に、前記葉かび病菌系統1を植菌した。前記植菌後、20℃で、2週間培養した。つぎに、滅菌水を用いて、培養後の培地から前記葉かび病菌系統1の分生胞子を回収した。さらに、前記分生胞子が、 $1 \times 10^5$ 個/mLとなるように滅菌水で希釈し、分生胞子懸濁液を調製し、接種源として使用した。前記接種試験には、本葉2枚が展開したトマト植物を使用した。前記トマト植物1個体当たり1mLの前記分生胞子懸濁液を噴霧することにより、前記葉かび病菌系統1を前記トマト植物に接種した。前記接種後20℃、12時間日長の条件下で、接種後のトマト植物を2週間生育した。そして、生育したトマト植物について、以下のように発病調査を行った。なお、前記葉かび病菌系統1は、葉かび病抵抗性遺伝子であるCf (resistance gene to *Cladosporium fulvum*) 2、4、5、9、および11を含むトマト植物に対しても感染可能な葉かび病菌であることが知られている。

[0181] 発病調査は、前記参考情報4の方法を参照し、発病指数を、以下の基準にしたがって評価した。

発病指数0：孢子形成が認められない（高い抵抗性）

発病指数1：孢子形成が認められるが、病斑面積が葉面積の50%未満であ

る（抵抗性）

発病指数 2：孢子形成が認められ、病斑面積が葉面積の 50%以上である（罹病性）

[0182] そして、F3の各個体について発病指数を求め、下記式より、それぞれ対応するF2の114系統の各個体の発病指数とした。

発病指数 =  $[(0 \times n_0) + (1 \times n_1) + (2 \times n_2)] / \text{調査個体数}$

前記式において、「0、1、2」は、それぞれ発病指数を示し、「 $n_0$ 、 $n_1$ 、 $n_2$ 」は、それぞれ、発病指数0、発病指数1、発病指数2の個体数を示す。

[0183] その結果、F2の発病指数と、各発病指数に該当する個体の出現頻度の関係は、以下の通りであった。

発病指数 = 0	:	25 個体
$0 < \text{発病指数} \leq 0.1$	:	1 個体
$0.1 < \text{発病指数} \leq 0.5$	:	22 個体
$0.5 < \text{発病指数} \leq 1.0$	:	32 個体
$1.0 < \text{発病指数} \leq 1.5$	:	11 個体
$1.5 < \text{発病指数} < 2.0$	:	9 個体
<u>発病指数 = 2</u>	:	<u>14 個体</u>
合計		114 個体

[0184] これらの結果から、前記受託系統（受託番号 FERM BP-22282）の葉かび病抵抗性は、少数の抵抗性遺伝子座によって支配されていると推察された。

[0185] (3) 新規な葉かび病抵抗性遺伝子座

つぎに、前記114系統から、常法により、それぞれの系統のDNAを抽出した。そして、前記DNAについて、SOLCAPのSNPアッセイ（前記参考文献1～3参照）でジェノタイピングを行い、ソフトウェア（Join Map）を用いた連鎖地図の作成、およびソフトウェア（Win QTL cartographer）を用いた連鎖解析をおこなった。

[0186] また、ナス科植物ゲノム研究国際コンソーシアムのwebサイト (<http://solgenomics.net/>) で公開されているトマトゲノムシーケンスを利用し、葉かび病抵抗性トマト植物（寄託系統）と葉かび病罹病性トマト植物（桃太郎）の両親間で多型検索を行い、それぞれに特異的に存在する多型を同定した。さらに、前記F 2分離集団で、前記多型をホモ接合で含む個体および前記多型をヘテロ接合で含む個体が現れた多型をSNPマーカーとして同定した。そして、同定した前記SNPマーカーを用いて、同様に連鎖解析を行った。

[0187] その結果、第1染色体および第6染色体において、前記発病指数と相関性の高い領域が、それぞれ1箇所特定された。前記第1染色体上の領域は、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160で特定されるSNPを含む領域であった。また、前記第6染色体上の領域は、SG\_\_70で特定されるSNPを含む領域であった。この結果から、新規な葉かび病抵抗性遺伝子座は、第1染色体および第6染色体に座乗することが明らかとなった。

[0188] （4）新規な葉かび病抵抗性遺伝子座と葉かび病抵抗性

前記114系統から、前記第1染色体上のsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含み、且つ前記第6染色体上のSG\_\_70を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含む個体を、それぞれ5個体ずつ選抜した。そして、前記114系統に代えて前記選抜したトマト植物を用い、葉かび病菌系統1に代えて、葉かび病菌系統1～4を用いた以外は、前記（2）と同様にして、発病指数を求めた。また、前記選抜したトマト植物に代えて、前記寄託系統または前記罹病性トマト植物を用いた以外は、同様にして発病指数を求めた。なお、葉かび病菌系統2は、岩手県のトマト栽培圃場において、葉かび病を自然発症したトマト植物から採取した葉かび病菌である。また、前記葉かび病菌系統2は、Cf-2、4、5、9、および11を、それぞれ含むトマト植物に対して、前記（2）と同様の接種試験を行うことにより、Cf-2および9を含むトマト植物に対して、感染可能であることを確認している。なお、前記葉かび病菌系統2と同様の感染性を示す葉か

び病菌は、例えば、熊本県病害虫防除所から入手できる。前記葉かび病菌系統3は、福島県のトマト栽培圃場において、葉かび病を自然発症したトマト植物から採取した葉かび病菌である。また、前記葉かび病菌系統3は、C f - 2、4、5、9、および11を、それぞれ含むトマト植物に対して、前記(2)と同様の接種試験を行うことにより、C f - 4および9を含むトマト植物に対して、感染可能であることを確認している。前記葉かび病菌系統3と同様の感染性を示す葉かび病菌は、例えば、野菜茶業研究所から入手できる。前記葉かび病菌系統4は、Wageningen大学から入手した葉かび病菌であり、また、C f - 2、4および5を含むトマト植物に対して、感染可能な葉かび病菌であることが知られている。

[0189] 前記寄託系統および前記罹病性トマト植物の結果を表1に示す。表1において、Aは、前記SNPマーカーを抵抗性のホモ接合型で含むことを示し、Bは、前記SNPマーカーを罹病性のホモ接合型で含むことを示す(以下、同様)。前記表1に示すように、前記罹病性トマト植物は、前記第1染色体上のsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160を罹病性のホモ接合型で含み、且つ前記第6染色体上のSG\_\_70を罹病性のホモ接合型で含んでいた。そして、前記罹病性トマト植物は、いずれの葉かび病菌系統に対しても、発病指数が2であり、葉かび病に対し罹病性であった。これに対して、前記寄託系統は、前記第1染色体上のsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160を抵抗性のホモ接合型で含み、且つ前記第6染色体上のSG\_\_70を抵抗性のホモ接合型で含んでいた。また、前記寄託系統は、いずれの葉かび病菌系統に対しても、発病指数が0であり、葉かび病に対し高い抵抗性を示した。これらの結果から、前記第1染色体上のsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160により特定される抵抗性遺伝子座、および前記第6染色体上のSG\_\_70により特定される抵抗性遺伝子座が、葉かび病抵抗性を担っていることが確認できた。また、前記第1染色体上のsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160により特定される抵抗性遺伝子座、および前記第6染色体上のSG\_\_70により特定される抵抗性遺伝子座が、葉かび病抵抗性を担っていること

から、これらの抵抗性遺伝子座が、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーとなること、ならびに前記トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーを使用し、葉かび病抵抗性トマト植物をスクリーニングできることがわかった。さらに、前記葉かび病菌系統1～4は、いずれも既知の葉かび病抵抗性遺伝子を含むトマト植物に対して感染可能な葉かび病菌であることから、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座は、既知の葉かび病抵抗性遺伝子を含むトマト植物に対して感染可能な葉かび病菌に対しても有効であることがわかった。

[0190] [表1]

系統名	solcap_snp_sl_60160	SG_70	葉カビ病菌の系統			
			系統1	系統2	系統3	系統4
寄託系統	A	A	0	0	0	0
罹病性トマト植物	B	B	2	2	2	2

[0191] つぎに、異なる遺伝子型のトマト植物に前記葉かび病菌系統1を接種した結果を表2に示す。表2において、Hは、前記SNPマーカーをヘテロ接合型で含むことを示す（以下、同様）。表2に示すように、前記葉かび病菌系統1に対して、solcap\_snp\_sl\_60160を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含み、且つSG\_70を罹病性のホモ接合型で含むトマト植物において、solcap\_snp\_sl\_60160を罹病性のホモ接合型で含むトマト植物は、葉に多数の灰白色の斑および一部の枯れが観察されたのに対し、solcap\_snp\_sl\_60160を抵抗性のホモ接合型およびヘテロ接合型で含むトマト植物では、葉に若干の灰白色の斑が観察されるにとどまった。そして、solcap\_snp\_sl\_60160を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含み、且つSG\_70を罹病性のホモ接合型で含むトマト植物では、発病指数が、それぞれ1、1、2であった。また、solcap\_snp\_sl\_60160を罹病性のホモ接合型で含み、且つSG\_70を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含むトマト植物において、SG\_70を罹病性のホモ接合型では、葉に多数の灰白色の斑、および一部の枯れが観察されたのに対し、SG\_70をヘ

テロ接合型で含むトマト植物では、葉に若干の灰白色の斑が観察されるにとどまり、さらに、SG\_70を抵抗性のホモ接合型で含むトマト植物では、葉に灰白色の斑が観察されなかった。また、solcap\_snp\_sl\_60160を罹病性のホモ接合型で含み、且つSG\_70を抵抗性のホモ接合型、ヘテロ接合型、または罹病性のホモ接合型で含むトマト植物では、発病指数が、それぞれ0、1、2であった。そして、solcap\_snp\_sl\_60160を抵抗性のホモ接合型またはヘテロ接合型で含み、且つSG\_70を抵抗性のホモ接合型またはヘテロ接合型で含むトマト植物は、発病指数が0であり、葉かび病に対して高い抵抗性を示した。さらに、表3～5に示すように、前記異なる遺伝子型のトマト植物に前記葉かび病菌系統2～4を接種した場合においても、同様の結果が得られた。これらの結果から、前記第1の抵抗性遺伝子座は、葉かび病に対して抵抗性を担い、且つ優性遺伝することがわかった。また、前記第2の抵抗性遺伝子座は、葉かび病に対して高い抵抗性を担い、且つ不完全優性遺伝することがわかった。また、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を組み合わせることにより、葉かび病に対してより高い抵抗性がえられ、例えば、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座をヘテロ接合型で含むトマト植物においても、葉かび病に対して高い抵抗性がえられることがわかった。このため、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物と他の抵抗性を有するトマト植物とを交雑することにより、例えば、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性とを有するトマト植物を容易に生産できることがわかった。

[0192] [表2]

葉カビ病菌系統1 (レース2.4.5.9.11)		SG_70		
		A	H	B
solcap_snp_sl_60160	A	0	0	1
	H	0	0	1
	B	0	1	2

[0193]

[表3]

葉カビ病菌系統2 (レース2.9)		SG_70		
		A	H	B
solcap_snp_sl_60160	A	0	0	1
	H	0	0	1
	B	0	1	2

[0194] [表4]

葉カビ病菌系統3 (レース4.9)		SG_70		
		A	H	B
solcap_snp_sl_60160	A	0	0	1
	H	0	0	1
	B	0	1	2

[0195] [表5]

葉カビ病菌系統4 (レース2.4.5)		SG_70		
		A	H	B
solcap_snp_sl_60160	A	0	0	1
	H	0	0	1
	B	0	1	2

[0196] (5) 第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座

前記114系統から、前記第1染色体上のsolcap\_snp\_sl\_60160をヘテロ接合型で含み、且つ前記第6染色体上のSG\_70を罹病性のホモ接合型で含む個体を選抜した(第1のF2選抜系統)。つぎに、前記第1のF2選抜系統をそれぞれ自殖させることによって、第1の自殖後代F3を生産した。そして、前記第1の自殖後代F3について、前記(3)と同様の方法により、SNPアッセイを行い、solcap\_snp\_sl\_60160、ならびにsolcap\_snp\_sl\_60160近傍のSNPマーカーであるsolcap\_snp\_sl\_60303、solcap\_snp\_sl\_60250、solcap\_snp\_sl\_8658、solcap\_snp\_sl\_8658'、solcap\_snp\_sl\_60089、およびsolcap\_snp\_sl\_60043に対応する多型の塩基を特定した。これらの個体について、前記(2)と同様にして、葉かび病菌の接種試験を行った。また、前記寄託系統および前記罹病性トマト植物についても、同様にSNPアッセイおよび接種試験を行った。得られた



## [0198] (6) 第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座

前記114系統から、前記第1染色体上のsolcap\_snp\_sl\_60160を罹病性のホモ接合型で含み、且つ前記第6染色体上のSG\_70をヘテロ接合型で含む個体を選抜した(第2のF2選抜系統)。つぎに、前記第2のF2選抜系統をそれぞれ自殖させることによって、第2の自殖後代F3を生産した。そして、前記第2の自殖後代F3について、前記(3)と同様の方法により、SNPアッセイを行い、SG\_70、ならびにSG\_70近傍のSNPマーカであるsolcap\_snp\_sl\_25325、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70'およびSL10401\_823に対応する多型の塩基を特定した。これらの個体について、前記(2)と同様にして、葉かび病菌の接種試験を行った。また、前記寄託系統および前記罹病性トマト植物についても、同様にSNPアッセイおよび接種試験を行った。得られた結果の内、前記第2の自殖後代F3において、特定した前記SNPマーカ-の遺伝子型が互いに異なる7個体(植物体X6-1~7)、前記寄託系統、および前記罹病性トマト植物の結果を表7に示す。また、前記表7において、AおよびHは、網掛けで示している。前記表7に示すように、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'が、抵抗性のホモ接合型(A)またはヘテロ接合型(H)である個体においては、いずれの個体も、発病指数が1以下であった。これらの結果から、前記第2の抵抗性遺伝子座において、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'が葉かび病抵抗性と高い相関性を示すSNPマーカ-であることが確認できた。また、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'と高い相関性を示

すことから、前記第6染色体上において、前記SNPマーカを含む領域であるsolcap\_snp\_sl\_25325およびSL10401\_823の部位間の領域が、葉かび病抵抗性と高い相関性を示すことがわかった。これらの結果から、SNPマーカであるsolcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'で特定される抵抗性遺伝子座、ならびにsolcap\_snp\_sl\_25325およびSL10401\_823の部位間の領域で特定される抵抗性遺伝子座が、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカとなること、ならびに前記トマト植物の葉かび病抵抗性マーカを使用し、葉かび病抵抗性トマト植物をスクリーニングできることがわかった。

[0199] [表7]

系統名	solcap_snp_sl_25325	solcap_snp_sl_25252	solcap_snp_sl_25252'	solcap_snp_sl_35221	SG_70	SG_70'	SL10401_823	発病指数
X6-1	H	H	H	H	H	H	B	1
X6-2	A	H	H	H	H	H	B	1
X6-3	B	H	H	H	H	H	H	1
X6-4	B	H	H	H	H	H	B	1
X6-5	A	A	A	A	A	A	H	0
X6-6	H	A	A	A	A	A	A	0
X6-7	B	B	B	B	B	B	H	2
寄託系統	A	A	A	A	A	A	A	0
罹病性トマト植物	B	B	B	B	B	B	B	2

[0200] [実施例2]

新規な葉かび病抵抗性遺伝子座が、既知の葉かび病抵抗性遺伝子であるCf-2、4、5、9、および11と異なることを確認した。

[0201] 前記114系統に代えて、前記寄託系統、前記罹病性トマト植物、および下記表8に示すCf遺伝子をホモ接合型で含むトマト植物を用い、前記葉かび病菌系統1に代えて、葉かび病菌系統1~6を用いた以外は、前記実施例1(2)と同様にして、発病指数を求めた。なお、前記表8に示すように、Vetomoldは、Cf-2を、Purdue 135は、Cf-4を、Ontario7717は、Cf-5を、Ontario7719は、Cf-9を、Ontario7716は、Cf-4および11を、それぞれ葉かび病抵抗性遺伝子として含む。また、前記表8に示すように、既知の葉かび病抵抗性遺伝子を含む各トマト植物は、Plant Gene Resources of Canada (PGRC) から入手した。また、葉かび病菌系統5は、

岐阜県のトマト栽培圃場において、葉かび病を自然発症したトマト植物から採取した葉かび病菌である。また、前記葉かび病菌系統5は、C f - 2、4、5、9、および11を、それぞれ含むトマト植物に対して、前記実施例1(2)と同様の接種試験を行うことにより、C f 遺伝子を含むトマト植物に対して、感染できないことを確認している。なお、前記葉かび病菌系統5と同様の感染性を示す葉かび病菌としては、例えば、農業生物資源ジーンバンクにおいて、MAFF番号712002等で登録されている葉かび病菌が利用できる。前記葉かび病菌系統6は、滋賀県トマト栽培圃場において、葉かび病を自然発症したトマト植物から採取した葉かび病菌である。また、前記葉かび病菌系統6は、C f - 2、4、5、9、および11を、それぞれ含むトマト植物に対して、前記実施例1(2)と同様の接種試験を行うことにより、C f - 2および4を含むトマト植物に対して、感染可能であることを確認している。なお、前記葉かび病菌系統6と同様の感染性を示す葉かび病菌としては、例えば、農業生物資源ジーンバンクにおいて、MAFF番号726530等で登録されている葉かび病菌が利用できる。

[0202] これらの結果を表8に示す。前記表8に示すように、前記罹病性トマト植物は、葉かび病菌系統1～6に対して、発病指数が2であり、葉かび病に対し罹病性であった。これに対し、前記寄託系統は、葉かび病菌系統1～6に対して、発病指数が0であり、葉かび病に対し抵抗性であった。Vetomoldは、葉かび病菌系統3および5に対し抵抗性であるが、葉かび病菌系統1、2、4、および6に対し罹病性であった。Purdue 135は、葉かび病菌系統2および5に対し抵抗性であるが、葉かび病菌系統1、3、4、および6に対し罹病性であった。Ontario7717は、葉かび病菌系統2、3、5および6に対し抵抗性であるが、葉かび病菌系統1および4に対し罹病性であった。Ontario7719は、葉かび病菌系統4～6に対し抵抗性であるが、葉かび病菌系統1～3に対し罹病性であった。Ontario7716は、葉かび病菌系統2～6に対し抵抗性であるが、葉かび病菌系統1に対し罹病性であった。したがって、前記寄託系統が含む、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座

は、葉かび病抵抗性遺伝子であるCf-2、4、5、9、および11と異なるものであることがわかった。

[0203] [表8]

系統名	入手元	抵抗性遺伝子	葉カビ病菌の系統					
			系統1 (レース2.4.5. 9.11.23)	系統2 (レース2.9)	系統3 (レース4.9)	系統4 (レース2.4.5)	系統5 (レース0)	系統6 (レース2.4)
寄託系統	—	—	0	0	0	0	0	0
罹病性トマト植物	タキイ種苗	なし	2	2	2	2	2	2
Vetomold	PGRC	Cf-2	2	2	0	2	0	2
Purdue 135	PGRC	Cf-4	2	0	2	2	0	2
Ontario7717	PGRC	Cf-5	2	0	0	2	0	0
Ontario7719	PGRC	Cf-9	2	2	2	0	0	0
Ontario7716	PGRC	Cf-4、11	2	0	0	0	0	0

[0204] [実施例3]

前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含む本発明のトマト植物と他の抵抗性を有するトマト植物とを交雑することにより、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性とを有するトマト植物を容易に生産できることを確認した。

[0205] うどんこ病およびネコブセンチュウ抵抗性遺伝子であるO1-4を含むLA2172 (Tomato Genetics Resource Center (TGRC) から入手) を、桃太郎と交雑し、F1を生産した。さらに、前記F1を桃太郎と交雑することで生産した戻し交配第1代BC1について、下記参考文献6に記載のDNAマーカーでO1-4をヘテロ接合型で含むトマト植物を選抜した(選抜BC1系統)。前記選抜BC1系統を桃太郎と交雑することで生産した戻し交配第2代BC2について、前記DNAマーカーでO1-4をヘテロ接合型で含むトマト植物を選抜した(選抜BC2系統)。そして、同様の交雑および選抜を、さらに3回行いO1-4をヘテロ接合型で含むトマト植物を選抜した(選抜BC5系統)。そして、前記選抜BC5系統に対し、自殖採種を2回行った。そして、生産した系統について、前記DNAマーカーでO1-4を抵抗性のホモ接合型で含むトマト植物を選抜し、これをB系統とした。

参考文献6: Alireza Seifi et.al., “Linked, if Not the Same, Mi-1 Homologues Confer Resistance to Tomato Powdery Mildew and Root-Knot Nematodes”, MPMI, 2011, Vol.24, No.4, pp.441-450

[0206] そして、前記寄託系統を、前記B系統と交雑し、F1を生産した。生産したF1について、前記実施例1(2)と同様にして、発病指数を求めた。また、生産したF1について、前記実施例1(3)と同様にして、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221に対応する多型の塩基を特定した。さらに、生産したF1について、下記のネコブセンチュウの接種試験により発病度である根こぶ程度を、また、うどんこ病菌の接種試験により、うどんこ病の発病度を求めた。

[0207] ネコブセンチュウの接種試験は、下記参考文献7に記載の方法に準じて、以下のように行った。

参考文献7：線虫学実験法（日本線虫学会）2004年3月25日発行

[0208] 前記ネコブセンチュウは、山梨県内のトマト栽培ハウスから採取したサツマイモネコブセンチュウの単一卵塊に由来するものを使用した。まず、栽培用カップに殺菌土壌を入れ、30℃±1℃に設定した恒温器内で、無ネコブセンチュウのトマト幼苗2個体を30日間生育させた。生育したトマト30日苗の株の周りの土壌に、ガラス棒で、直径10mm、深さ20mmの接種用穴を3箇所空けた。そして、前記ネコブセンチュウを、200頭/mLになるように清澄水に懸濁し、駒込ピペットで、前記ネコブセンチュウの前記懸濁液1mLを吸い取り、前記接種用穴に、穴当たり前記懸濁液1mLを注いで接種し、さらに同条件で生育を行った。接種から40日後、生育した個体から根を採取し、水洗し、以下のように発病調査を行った。

[0209] 発病調査は、下記参考文献8の方法に準じて行い、発病指数として根こぶの程度を、以下の基準にしたがって評価した。

根こぶ程度0：根こぶなし

根こぶ程度1：根こぶがわずかに認められる

根こぶ程度2：一見して根こぶが認められる

参考文献8：G.B.Cap et al., "Inheritance of heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita* in *Lycopersicon peruvianum* and its relationship to the Mi gene", *Theoretical and Applied Genetics*, Springer, 1993

, volume 85, pp. 777-783

- [0210] また、うどんこ病菌の接種試験は、前記参考文献6に記載の方法に準じて、以下のように行った。
- [0211] 前記うどんこ病菌は、滋賀県内のトマト栽培ハウスで、うどんこ病を自然発病したトマト植物から採取した。そして、採取したうどんこ病菌について、分生孢子濃度が、 $2.5 \times 10^4$ 個/mLとなるように希釈し、分生孢子懸濁液を調製し、接種源として使用した。そして、前記ネコブセンチュウを接種したトマト幼苗に、前記トマト植物1個体当たり1 mLの前記分生孢子懸濁液をハンドスプレーで均一に噴霧した。接種から20日後、以下のように発病調査を行った。
- [0212] 発病調査は、発病指数としてうどんこ病の発病度を、以下の基準に従って評価した。
- 発病度0：症状なし
- 発病度1：接種した葉にわずかにうどんこ病菌の孢子形成が見られる
- 発病度2：接種した葉に多くのうどんこ病菌の孢子形成が見られる
- [0213] ネコブセンチュウおよびうどんこ病菌を接種した各個体について、それぞれ前の基準に従って根こぶ程度およびうどんこ病の発病度を調査し、下記式より、各個体の根こぶ程度およびうどんこ病の発病度を求めた。
- $$\text{発病度} = [ (0 \times n_0) + (1 \times n_1) + (2 \times n_2) ] / \text{調査個体数}$$
- ネコブセンチュウの接種試験における発病度の場合、前記式において、「0、1、2」は、それぞれ根こぶ程度を示し、「 $n_0$ 、 $n_1$ 、 $n_2$ 」は、それぞれ、根こぶ程度0、根こぶ程度1、根こぶ程度2の個体数を示す。また、うどんこ病の発病度の場合、前記式において、「0、1、2」は、それぞれうどんこ病の発病度を示し、「 $n_0$ 、 $n_1$ 、 $n_2$ 」は、それぞれ、発病度0、発病度1、発病度2の個体数を示す。
- [0214] また、前記F1に代えて、前記寄託系統および前記B系統を用いた以外は、同様にして、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221に対応する多型の塩基を特定し、また、発病

指数、根こぶ程度、およびうどんこ病の発病度を求めた。

[0215] これらの結果を表9に示す。前記表9に示すように、葉かび病抵抗性を有する寄託系統と、ネコブセンチュウおよびうどんこ病抵抗性を有するB系統とを交雑することにより生産したF1は、solcap\_snp\_sl\_60160およびsolcap\_snp\_sl\_35221が、共にヘテロ接合型であった。また、前記F1は、葉かび病、ネコブセンチュウおよびうどんこ病に対して高い抵抗性を有していた。これらの結果から、前記第1の抵抗性遺伝子座および前記第2の抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を他の抵抗性を有するトマト植物と交雑することにより、高い葉かび病抵抗性と他の抵抗性を有するトマト植物を容易に生産できることがわかった。

[0216] [表9]

系統名	solcap_snp_sl_60160	solcap_snp_sl_35221	発病指数 (葉かび病)	根こぶ程度 (ネコブセンチュウ)	発病度 (うどんこ病)
寄託系統	A	A	0	2	2
B系統	B	B	2	0	0
F1	H	H	0	0	0

[0217] 以上、実施形態および実施例を参照して本発明を説明したが、本発明は、上記実施形態および実施例に限定されるものではない。本発明の構成や詳細には、本発明の範囲内で当業者が理解し得る様々な変更をすることができる。

[0218] この出願は、2015年4月30日に出願された日本出願特願2015-093528を基礎とする優先権を主張し、その開示のすべてをここに取り込む。

**産業上の利用可能性**

[0219] 以上のように、本発明のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカーによれば、例えば、葉かび病抵抗性トマト植物を簡便にスクリーニングできる。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含むため、例えば、葉かび病抵抗性を示すことが可能である。また、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、優性の抵抗性遺伝子

座を含むことから、他のトマト植物との交雑によっても、優性の葉かび病抵抗性を示す後代を得ることができる。さらに、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、例えば、前記先行技術文献の葉かび病抵抗性遺伝子を含むトマト植物に対して感染可能な葉かび病菌に対しても抵抗性を示す。このため、本発明の葉かび病抵抗性トマト植物は、従来のような農薬による防除が不要であるため、例えば、前記農薬散布の労力および費用の問題も回避できる。

## 請求の範囲

- [請求項1] 第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、
- 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定され、
- 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とする、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカ。
- [請求項2] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658で特定される、請求項1記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカ。
- [請求項3] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' で特定される、請求項1または2記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカ。
- [請求項4] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、下記(a)および(b)の少なくとも一方のポリヌクレオチドで特定される、請求項1から3のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカ。
- (a) 下記(a1)のポリヌクレオチド
  - (a1) 配列番号1の塩基配列からなるポリヌクレオチド
  - (b) 下記(b1)のポリヌクレオチド

- (b1) 配列番号2の塩基配列からなるポリヌクレオチド
- [請求項5] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記(a)および(b)のポリヌクレオチドで特定される、請求項4記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項6] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項1から3のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項7] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項6記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項8] 前記トマト植物の葉かび病抵抗性マーカーが、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む、請求項1から7のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項9] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、およびSG\_\_70で特定される、請求項1から8のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項10] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'で特定される、請求項1から9のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。

- [請求項11] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、(c)、(d)および(e)からなる群から選択された少なくとも一つのポリヌクレオチドで特定される、請求項1から10のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- (c) 下記(c1)のポリヌクレオチド
  - (c1) 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド
  - (d) 下記(d1)のポリヌクレオチド
  - (d1) 配列番号4の塩基配列からなるポリヌクレオチド
  - (e) 下記(e1)のポリヌクレオチド
  - (e1) 配列番号5の塩基配列からなるポリヌクレオチド
- [請求項12] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、(c)、(d)および(e)のポリヌクレオチドで特定される、請求項11記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項13] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSL10401\_\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカーの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項1から10のいずれか一項に記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項14] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSL10401\_\_823の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項13記載のトマト植物の葉かび病抵抗性マーカー。
- [請求項15] 第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方の葉かび病抵抗性遺伝子座を含み、  
前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_sn

p\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定され、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70' からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカで特定されることを特徴とする、葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項16] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658で特定される、請求項15記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項17] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658' で特定される、請求項15または16記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項18] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、下記(a)および(b)の少なくとも一方のポリヌクレオチドで特定される、請求項15から17のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

(a) 下記(a1)のポリヌクレオチド

(a1) 配列番号1の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b) 下記(b1)のポリヌクレオチド

(b1) 配列番号2の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項19] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記(a)および(b)のポリヌクレオチドで特定される、請求項18記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項20] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およ

びsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項15から17のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項21] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60250およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_60089の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項20記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項22] 前記葉かび病抵抗性トマト植物が、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む、請求項15から21のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項23] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、およびSG\_\_70で特定される、請求項15から22のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項24] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'で特定される、請求項15から23のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項25] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、(c)、(d)および(e)からなる群から選択された少なくとも一つのポリヌクレオチドで特定される、請求項15から24のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

(c) 下記(c1)のポリヌクレオチド

(c1) 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(d) 下記(d1)のポリヌクレオチド

(d1) 配列番号4の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e) 下記 (e1) のポリヌクレオチド

(e1) 配列番号5の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項26] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、(c)、(d)および(e)のポリヌクレオチドで特定される、請求項25記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項27] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSL10401\_\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項15から24のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項28] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSL10401\_\_823の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項27記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項29] 前記葉かび病抵抗性トマト植物が、受託番号FERM BP-22282で特定されるトマト植物またはその後代系統である、請求項15から28のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項30] 前記葉かび病抵抗性トマト植物が、植物体またはその部分である、請求項15から29のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項31] 前記葉かび病抵抗性トマト植物が、種子である、請求項15から30のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物。

[請求項32] 下記(a)および(b)工程を含むことを特徴とする、葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

(a) 請求項15から31のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物と、他のトマト植物とを交雑する工程

(b) 前記(a)工程より得られたトマト植物またはその後代系統か

ら、葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程

[請求項33] 前記(a)工程に先立って、下記(x)工程を含む、請求項32記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

(x)被検トマト植物から、請求項15から31のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程

[請求項34] 前記(x)工程における前記選抜が、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、

前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定され、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_25252、solcap\_snp\_sl\_25252'、solcap\_snp\_sl\_35221、SG\_70、およびSG\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定される、請求項33記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項35] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160およびsolcap\_snp\_sl\_8658で特定される、請求項34記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項36] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_8658'で特定される、請求項34または35記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項37] 前記(x)工程における前記選抜が、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、

前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、下記(a)および(b)の少なくとも一方のポリヌクレオチドで特定される、請求項34から36のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

(a) 下記(a1)のポリヌクレオチド

(a1) 配列番号1の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b) 下記(b1)のポリヌクレオチド

(b1) 配列番号2の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項38] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記(a)および(b)のポリヌクレオチドで特定される、請求項37記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項39] 前記(x)工程における前記選抜が、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_snp\_sl\_60250、solcap\_snp\_sl\_60160、solcap\_snp\_sl\_8658、およびsolcap\_snp\_sl\_60089からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項34から36のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項40] 前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_snp\_sl\_60250およびsolcap\_snp\_sl\_60089の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項39記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項41] 前記(x)工程における前記選抜が、前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む前記葉かび病抵抗性トマト植物の選抜である、請求項34から40のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

- [請求項42] 前記（x）工程における前記選抜が、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、およびSG\_\_70で特定される、請求項34から41のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項43] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'で特定される、請求項34から42のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項44] 前記（x）工程における前記選抜が、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、（c）、（d）および（e）からなる群から選択された少なくとも一つのポリヌクレオチドで特定される、請求項34から43のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。
- （c） 下記（c1）のポリヌクレオチド
  - （c1） 配列番号3の塩基配列からなるポリヌクレオチド
  - （d） 下記（d1）のポリヌクレオチド
  - （d1） 配列番号4の塩基配列からなるポリヌクレオチド
  - （e） 下記（e1）のポリヌクレオチド
  - （e1） 配列番号5の塩基配列からなるポリヌクレオチド
- [請求項45] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、（c）、（d）および（e）のポリヌクレオチドで特定される、請求項44記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項46] 前記（x）工程における前記選抜が、前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座を含む葉かび病抵抗性トマト植物の選抜であり、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSL10401\_\_823からなる群から選択された2つのSNPマーカの部位間の領域の塩基配列を含む、請求項34から43のいずれか一項に記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

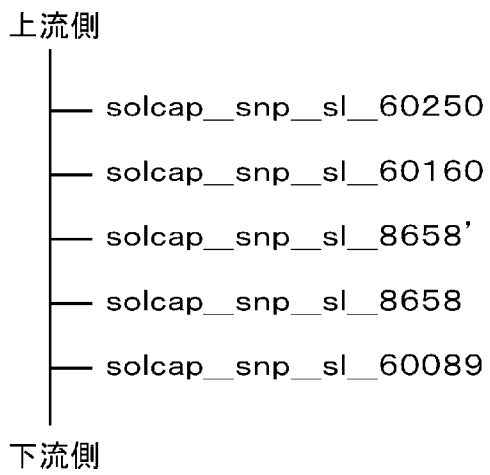
[請求項47] 前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25325およびSL10401\_\_823の部位間の領域の塩基配列を含む、請求項46記載の葉かび病抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項48] 交雑により葉かび病抵抗性トマト植物を生産するための親として、被検トマト植物から、トマト植物の葉かび病抵抗性マーカとして第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座および第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座の少なくとも一方を含む葉かび病抵抗性トマト植物を選抜する工程を含み、

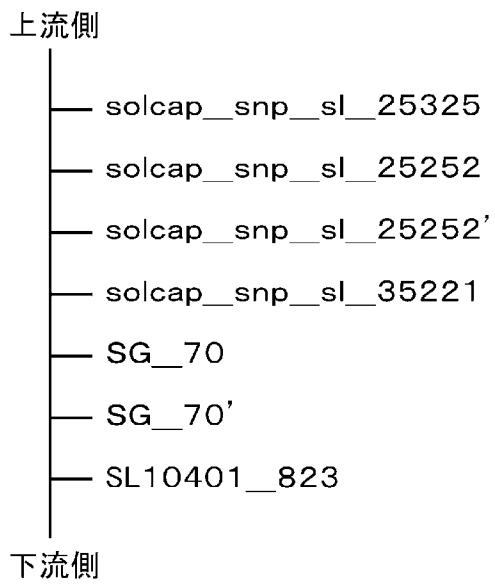
前記第1染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_60160、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658、およびsolcap\_\_snp\_\_sl\_\_8658'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定され、

前記第6染色体上の葉かび病抵抗性遺伝子座が、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_25252'、solcap\_\_snp\_\_sl\_\_35221、SG\_\_70、およびSG\_\_70'からなる群から選択された少なくとも1つのSNPマーカで特定されることを特徴とする、葉かび病抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

[図1]



[図2]



**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.  
PCT/JP2015/084750

**A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER**  
C12Q1/68(2006.01)i, A01H1/02(2006.01)i, A01H5/00(2006.01)i, C12N15/00(2006.01)n

According to International Patent Classification (IPC) or to both national classification and IPC

**B. FIELDS SEARCHED**

Minimum documentation searched (classification system followed by classification symbols)  
C12Q1/68, A01H1/02, A01H5/00, C12N15/00

Documentation searched other than minimum documentation to the extent that such documents are included in the fields searched

Jitsuyo Shinan Koho	1922-1996	Jitsuyo Shinan Toroku Koho	1996-2016
Kokai Jitsuyo Shinan Koho	1971-2016	Toroku Jitsuyo Shinan Koho	1994-2016

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)  
JSTPlus/JMEDPlus/JST7580(JDreamIII), CAPplus/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS(STN), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, DWPI(Thomson Innovation)

**C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT**

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	HAANSTRA, J.P.W. et al., Mapping strategy for resistance genes against <i>Cladosporium fulvum</i> on the short arm of Chromosome 1 of tomato: Cf-ECP5 near the Hcr9 Milky Way cluster, <i>Theor Appl Genet.</i> , 2000 Sep, 101(4), p.661-8	1-48
A	SOUMPOUROU, E. et al., The <i>Solanum pimpinellifolium</i> Cf-ECP1 and Cf-ECP4 genes for resistance to <i>Cladosporium fulvum</i> are located at the Milky Way locus on the short arm of chromosome 1, <i>Theor Appl Genet.</i> , 2007 Nov, 115(8), p.1127-36	1-48

Further documents are listed in the continuation of Box C.       See patent family annex.

* Special categories of cited documents:	"T" later document published after the international filing date or priority date and not in conflict with the application but cited to understand the principle or theory underlying the invention
"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance	"X" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered novel or cannot be considered to involve an inventive step when the document is taken alone
"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date	"Y" document of particular relevance; the claimed invention cannot be considered to involve an inventive step when the document is combined with one or more other such documents, such combination being obvious to a person skilled in the art
"L" document which may throw doubts on priority claim(s) or which is cited to establish the publication date of another citation or other special reason (as specified)	"&" document member of the same patent family
"O" document referring to an oral disclosure, use, exhibition or other means	
"P" document published prior to the international filing date but later than the priority date claimed	

Date of the actual completion of the international search 22 February 2016 (22.02.16)	Date of mailing of the international search report 01 March 2016 (01.03.16)
--	--

Name and mailing address of the ISA/ Japan Patent Office 3-4-3, Kasumigaseki, Chiyoda-ku, Tokyo 100-8915, Japan	Authorized officer  Telephone No.
--	---

**INTERNATIONAL SEARCH REPORT**

International application No.

PCT/JP2015/084750

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	DIXON, M.S. et al., Accession No. AF053996, DEFINITION: <i>Lycopersicon pimpinellifolium</i> Hcr2-2A (Hcr2-2A) gene, complete cds., Database GenBank[online], 1998 Nov 20 uploaded, [retrieved on 2016 Feb 19], <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/af053996">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/af053996</a>	1-48

A. 発明の属する分野の分類 (国際特許分類 (IPC)) Int.Cl. C12Q1/68(2006.01)i, A01H1/02(2006.01)i, A01H5/00(2006.01)i, C12N15/00(2006.01)n			
B. 調査を行った分野 調査を行った最小限資料 (国際特許分類 (IPC)) Int.Cl. C12Q1/68, A01H1/02, A01H5/00, C12N15/00			
最小限資料以外の資料で調査を行った分野に含まれるもの 日本国実用新案公報 1922-1996年 日本国公開実用新案公報 1971-2016年 日本国実用新案登録公報 1996-2016年 日本国登録実用新案公報 1994-2016年			
国際調査で使用した電子データベース (データベースの名称、調査に使用した用語) JSTPlus/JMEDPlus/JST7580 (JDreamIII), Cplus/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS (STN), GenBank/EMBL/DBJ/GeneSeq, DWPI (Thomson Innovation)			
C. 関連すると認められる文献			
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求項の番号	
A	HAANSTRA, J. P. W. et al., Mapping strategy for resistance genes against <i>Cladosporium fulvum</i> on the short arm of Chromosome 1 of tomato: Cf-ECP5 near the Hcr9 Milky Way cluster, <i>Theor Appl Genet.</i> , 2000 Sep, 101(4), p. 661-8	1-48	
A	SOUNPOUROU, E. et al., The <i>Solanum pimpinellifolium</i> Cf-ECP1 and Cf-ECP4 genes for resistance to <i>Cladosporium fulvum</i> are located at the Milky Way locus on the short arm of chromosome 1, <i>Theor Appl Genet.</i> , 2007 Nov, 115(8), p. 1127-36	1-48	
<input checked="" type="checkbox"/> C欄の続きにも文献が列挙されている。 <span style="margin-left: 200px;"><input type="checkbox"/> パテントファミリーに関する別紙を参照。</span>			
* 引用文献のカテゴリー 「A」特に関連のある文献ではなく、一般的技術水準を示すもの 「E」国際出願日前の出願または特許であるが、国際出願日以後に公表されたもの 「L」優先権主張に疑義を提起する文献又は他の文献の発行日若しくは他の特別な理由を確立するために引用する文献 (理由を付す) 「O」口頭による開示、使用、展示等に言及する文献 「P」国際出願日前で、かつ優先権の主張の基礎となる出願		の日の後に公表された文献 「T」国際出願日又は優先日後に公表された文献であって出願と矛盾するものではなく、発明の原理又は理論の理解のために引用するもの 「X」特に関連のある文献であって、当該文献のみで発明の新規性又は進歩性がないと考えられるもの 「Y」特に関連のある文献であって、当該文献と他の1以上の文献との、当業者にとって自明である組合せによって進歩性がないと考えられるもの 「&」同一パテントファミリー文献	
国際調査を完了した日 22.02.2016		国際調査報告の発送日 01.03.2016	
国際調査機関の名称及びあて先 日本国特許庁 (ISA/J P) 郵便番号 100-8915 東京都千代田区霞が関三丁目4番3号		特許庁審査官 (権限のある職員) 渡邊 潤也	4 B   3 1 3 1
		電話番号 03-3581-1101 内線	3 4 4 8

C (続き) . 関連すると認められる文献		
引用文献の カテゴリー*	引用文献名 及び一部の箇所が関連するときは、その関連する箇所の表示	関連する 請求項の番号
A	DIXON, M. S. et al., Accession No. AF053996, DEFINITION: Lycopersicon pimpinellifolium Hcr2-2A (Hcr2-2A) gene, complete cds., Database GenBank[online], 1998 Nov 20 uploaded, [retrieved on 2016 Feb 19], <a href="http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/af053996">http://www.ncbi.nlm.nih.gov/nuccore/af053996</a>	1-48