

(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
2015 年 1 月 8 日(08.01.2015)



(10) 国際公開番号

WO 2015/002318 A1

- (51) 国際特許分類:
C12N 15/09 (2006.01) *C12Q 1/68* (2006.01)
A01H 1/02 (2006.01)
- (21) 国際出願番号: PCT/JP2014/067982
- (22) 国際出願日: 2014 年 7 月 4 日(04.07.2014)
- (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 2013-141865 2013 年 7 月 5 日(05.07.2013) 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 1 8 0 Kyoto (JP).
- (72) 発明者: 福永 寛(FUKUNAGA Yutaka); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町 1 8 0 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 横川 武弘(YOKOKAWA Takehiro); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町 1 8 0 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 小杉 一夫(KOSUGI Kazuo); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町 1 8 0 タキイ種苗株式会社内 Kyoto (JP). 有本 龍平(ARIMOTO Ryo-

hei); 〒6008686 京都府京都市下京区梅小路通猪熊東入南夷町 1 8 0 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 1 8 0 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 1 8 0 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 1 3 4 京都市サーチパーク 1 号館 3 0 1 号室 Kyoto (JP).

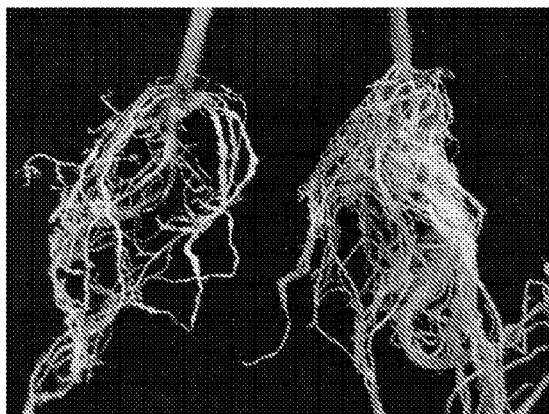
(81) 指定国 (表示のない限り、全ての種類の国内保護が可能): AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, BN, BR, BW, BY, BZ, CA, CH, CL, CN, CO, CR, CU, CZ, DE, DK, DM, DO, DZ, EC, EE, EG, ES, FI, GB, GD, GE, GH, GM, GT, HN, HR, HU, ID, IL, IN, IR, IS, JP, KE, KG, KN, KP, KR, KZ, LA, LC, LK, LR, LS, LT, LU, LY, MA, MD, ME, 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.

[続葉有]

(54) Title: ROOT-KNOT NEMATODE RESISTANCE MARKER FOR TOMATO PLANT, ROOT-KNOT NEMATODE RESISTANT TOMATO PLANT, PRODUCTION METHOD FOR ROOT-KNOT NEMATODE RESISTANT TOMATO PLANT, AND SCREENING METHOD FOR ROOT-KNOT NEMATODE RESISTANT TOMATO PLANT

(54) 発明の名称: トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法、およびネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法

[図1]



AA 根こぶ程度 4
(B バリア)

根こぶ程度 0 BB
(寄託系統)

AA: Degree of root knot 4 (B barrier)
BB: Degree of root knot 0 (Deposited line)

(57) Abstract: Provided is a root-knot nematode resistance marker for a tomato plant, the tomato plant demonstrating dominant root-knot nematode resistance. Also provided is a novel root-knot nematode resistant tomato plant demonstrating a root-knot nematode resistance that has a dominant root-knot nematode resistance gene locus and that is not dependent on the temperature conditions of a growing environment. Also provided is a production method for a root-knot nematode resistant tomato plant, the production method using the root-knot nematode resistant tomato plant. Also provided is a screening method for a root-knot nematode resistant tomato plant. The root-knot nematode resistant tomato plant of the present invention has a root-knot nematode resistance gene locus on the fourth chromosome. The root-knot nematode resistance gene locus can be specified as, for example, *solcap_snp_sl_21346*, *solcap_snp_sl_21364*, *TK43*, *YU06*, *YK66*, *TY38*, *AR02*, *HT12*, *solcap_snp_sl_64250*, *solcap_snp_sl_21383*, *solcap_snp_sl_21385*, and *solcap_snp_sl_21390*. Progeny tomato plants of the variety provided with the root-knot nematode resistance can be obtained by crossbreeding the root-knot nematode resistant tomato plant of the present invention with other tomato plants.

[続葉有]

(57) 要約:



WO 2015/002318 A1



(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, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), ユーロパ (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).

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))

優性のネコブセンチュウ抵抗性を示すトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー、優性のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座であり、生育環境の温度条件に依存することなくネコブセンチュウ抵抗性を示す新たなネコブセンチュウ抵抗性トマト植物、それを用いたネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法、およびネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法を提供する。本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、第 4 染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有する。前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、例えば、solcap_snp_sl_21346、solcap_snp_sl_21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap_snp_sl_64250、solcap_snp_sl_21383、solcap_snp_sl_21385、およびsolcap_snp_sl_21390で特定できる。本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物と、他のトマト植物とを交雑することによって、ネコブセンチュウ抵抗性を備える後代のトマト植物の品種が得られる。

明 細 書

発明の名称：

トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー、ネコブセンチュウ抵抗性
トマト植物、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法、およびネコ
ブセンチュウ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、トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法、およびネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウによる虫害は、世界的に深刻な問題となっている。前記ネコブセンチュウに寄生された植物体は、生育不良および枯死等により収穫が減少し、その結果、被害額は１０００億円以上にも上ると見積もられている（非特許文献１）。このため、前記ネコブセンチュウの寄生を防止するために、前記ネコブセンチュウの駆除として、土壌の熱処理、殺ネコブセンチュウ剤による土壌の消毒処理等が行われているが、この方法には、多大な労力と費用が必要である。

[0003] そこで、近年、このような問題に対して、前記ネコブセンチュウに対する抵抗性遺伝子を利用して、各種ネコブセンチュウに抵抗性を示す品種の育成が試みられている。具体的には、Solanum peruvianum由来の抵抗性遺伝子Mi-1により、サツマイモネコブセンチュウ、アレナリアネコブセンチュウおよびジャワネコブセンチュウ等に対して抵抗性を示す品種の育成が報告されている。しかしながら、前記抵抗性遺伝子Mi-1を有する品種は、土壌温度が２８℃以上の環境下では、前記抵抗性遺伝子Mi-1が機能しないという問題が明らかとなっている（非特許文献２）。

[0004] このため、さらに、温度条件に依存しない抵抗性遺伝子に関しても研究がすすめられており、抵抗性遺伝子が温度条件に依存しないネコブセンチュウ

抵抗性のトマト野生種 S. peruvianum P1270435、P1126443、LA1708およびLA2157に由来する抵抗性遺伝子として、Mi-2、Mi-3、Mi-4、Mi-5、Mi-6、Mi-7、Mi-8、Mi-9等が報告されている。このうち、Mi-3は12番染色体に座乗し、Mi-9は6番染色体に座乗することが報告されている（非特許文献1、3、4、5）。しかしながら、これらの抵抗性遺伝子を有する S. peruvianum は、一般的に食用として栽培されているトマト植物品種 Solanum lycopersicum との交雑親和性が低いため、前記抵抗性遺伝子を有する S. lycopersicum の採種が非常に困難である。

[0005] このため、市販されているトマト品種においては、ネコブセンチュウ抵抗性の付与に、前述のような温度依存の問題があるものの、交雑および胚培養を経て抵抗性個体が選抜された抵抗性遺伝子Mi-1のみが用いられているのが現状である。

先行技術文献

非特許文献

[0006] 非特許文献1: Teresa Bleve-Zacheo et al., The Contribution of Biotechnology to Root-Knot Nematode Control in Tomato Plants Pest Technology (2007) volume 1 issue 1, pp 1-16

非特許文献2: Yinlei Wang et. al., Mapping of a Heat-Stable Gene for Resistance to Southern Root-Knot Nematode in *Solanum lycopersicum* Plant Molecular Biology Reporter April 2013, Volume 31, Issue 2, pp 352-362

非特許文献3: J. Yaghoobi et al., Mapping a new nematode resistance locus in *Lycopersicon peruvianum* Theoretical and applied genetics (1995) 91, pp457-464

非特許文献4: G. B. Cap et al., Inheritance of heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita* in *Lycopersicon peruvianum* a

nd its relationship to the Mi gene Theoretical and applied genetics (1993) 85, pp777–783

非特許文献5: J. C. Veremis et al., Mapping a novel heat-stable resistance to Meloidogyne in Lycopersicon peruvianum Theoretical and applied genetics (1999) 98, pp274–280

発明の概要

発明が解決しようとする課題

- [0007] そこで、本発明は、優性のネコブセンチュウ抵抗性を示すトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー、優性のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含み、生育環境の温度条件に依存することなくネコブセンチュウ抵抗性を示す新たなネコブセンチュウ抵抗性トマト植物、それを用いたネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法、およびネコブセンチュウ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

- [0008] 前記目的を達成するために、本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーは、第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むことを特徴とする。
- [0009] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有することを特徴とする。
- [0010] 本発明のネコブセンチュウ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）前記本発明のネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を選抜する工程
- [0011] 本発明のスクリーニング方法は、交雑によりネコブセンチュウ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、トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーとして第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性

遺伝子座を含むトマト植物を選抜する工程を含むことを特徴とする。

発明の効果

[0012] 本発明者らは、鋭意研究の結果、トマト植物について、優性のネコブセンチュウ抵抗性を示すネコブセンチュウ抵抗性マーカー（以下、「抵抗性マーカー」ともいう。）として、第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を見出した。また、前記抵抗性マーカーを有するトマト植物は、優性のネコブセンチュウ抵抗性を示す。このため、本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーによれば、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を簡便にスクリーニングできる。また、本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、前記第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むため、例えば、生育環境の温度条件に依存することなく、ネコブセンチュウ抵抗性を示すことが可能である。また、本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、優性の抵抗性遺伝子座を有することから、他のトマト植物との交雑によっても、優性のネコブセンチュウ抵抗性を示す後代を得ることができる。また、従来のような土壌処理が不要であるため、例えば、前記土壌処理による労力および費用の問題も回避できる。

図面の簡単な説明

[0013] [図1]図1は、実施例1におけるトマト植物の根こぶ程度の評価基準を示す写真である。

[図2]図2は、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。

発明を実施するための形態

[0014] 1. トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー

本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーは、前述のように、第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むことを特徴とする。本発明は、第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むことが特徴であり、その他の構成および条件は、特に制限されない。

[0015] 本発明において、「トマト植物」は、ナス属 Solanum の Subge

nus Solmum sensu stricoにおけるSection Lycopersion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. habrochaetes、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。

[0016] 本発明において、前記ネコブセンチュウは、例えば、サツマイモネコブセンチュウ、アレナリアネコブセンチュウ、ジャワネコブセンチュウ、ナンヨウネコブセンチュウ等が例示できる。

[0017] 本発明において、「ネコブセンチュウ抵抗性」は、例えば、「ネコブセンチュウ耐性」ともいう。前記抵抗性は、例えば、ネコブセンチュウの寄生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。

[0018] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーは、前記第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むが、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物は、例えば、第4染色体に代えて、第4染色体以外のどの染色体上に、前記第4染色体上の前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有してもよい。つまり、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物は、第1染色体、第2染色体、第3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4染色体上の前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有してもよい。

[0019] ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座とは、ネコブセンチュウ抵抗性を供与す

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。

[0020] 本発明において、前記ネコブセンチュウ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。

[0021] 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。

[0022] 本発明において、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、例えば、（1）前記*SNP*マーカーによって規定（以下、「特定」ともいう。）されてもよいし、（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、（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。

前記（1）および前記（2）の組合せ

前記（1）および前記（3）の組合せ

前記（2）および前記（3）の組合せ

前記（1）、前記（2）および前記（3）の組合せ

[0023] （1）*SNP*マーカーによる特定

前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前記（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__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、ARO2、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、solcap__snp__sl__21390等があげられる。なお、「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。また、TK43、YU06、YK66、TY38、ARO2、およびHT12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。なお、これらのSNP解析は、例えば、下記文献を参照できる。

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

文献：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)

文献：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)

[0024] 前記solcap__snp__sl__21346（以下、「SNP(a)」

ともいう。)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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基（例えば、A）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。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-22251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' -CCAGAATTTATCGTGGTGGA[G]GTTCTTGGAAGTGCATGGAG-3'

[0025] 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1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、Gの場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基（例えば、A）の場合、ネコブセンチュウ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1

5' -ATGCTTTCTTCAACTCCGACTTCTGTAATACCAGAATTTATCGTGGTGGA[G]GTTCCGGGAAGTGCATGGAGGAAGGTTTTAACCCAGTTCAATCCATATA-3'

[0026] 前記solcap__snp__sl__21364（以下、「SNP(b)」ともいう。)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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。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-22251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' -GTTAGTAGCAATTCA[T]GATGATCGATGGATC-3'

[0027] 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8の塩基配列は、例えば、前記SNP (b) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、ネコブセンチュウ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8

5' -TGGTGAAGAAGCTTGATCGAGTTGGTGCCCGCCTTGTTAGTAGCAATTCA[I]GATGATCGATGG
ATCAATCAATCAATCAACTATGCCTCAATTCCAAACGA-3'

[0028] 前記TK43（以下、「SNP (c)」ともいう。）は、例えば、配列番号18におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、TAである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基が、TAの場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、TA以外の塩基（例えば、AC）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号18の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251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18

5' -AAGAAGGTGAATATT[TA]ACTGTATGATCCCCA-3'

[0029] 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9の塩基配列は、例えば、前記SNP (c) 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、TAの場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、TA以外の塩基（例えば、AC）の場合、ネコブセンチュウ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 9

5' -TAACAAAAGGCAAATTAATGGGAACAAGGGACTGACATCAGGAGCTTCCAAAGTCATATTTTAGG
TCTTAGGCAAAGAAGGTGATAATT[TA]ACTGTATGATCCCCATCAGGCCTTCAAAGACATTGCTAAAA
-3'

[0030] 前記 Y U O 6 (以下、「SNP (d)」ともいう。)は、例えば、配列番号 19 におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、C である多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基が、C の場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、C 以外の塩基 (例えば、T) の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号 19 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 5 1 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 19

5' -GGTAAGGATAGCTAAAGATATGGTGGAAAAGTGTAGAGGCTTACCTCTTGCAAT[C]GTTGTATT
GAGCGGACTACTTTACATAAAAGGGGGCTAGACCAATGGCAAAAAGTGAAAGATCACT-3'

[0031] 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 10 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、C の場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、C 以外の塩基 (例えば、T) の場合、ネコブセンチュウ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 10

5' -AGCTAAAGATATGGTGGAAAAGTGTAGAGGCTTACCTCTTGCAAT[C]GTTGTATTGAGCGGACT
ACTTTACATAAAAGGGGGCTAGACCAATGGCAAAAAGTGAA-3

[0032] 前記 Y K 6 6 (以下、「SNP (e)」ともいう。)は、例えば、配列番号 21 におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、C である多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基が、C の場合、ネコブセンチュウ抵抗性であ

り、C以外の塩基（例えば、G）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号21の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251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21

5' -CTCAAACATTCAG[C]CAAAGACGTCTATCA-3'

[0033] 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12の塩基配列は、例えば、前記SNP(e)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、Cの場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、C以外の塩基（例えば、G）の場合、ネコブセンチュウ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12

5' -TATTCATGAACAAAAACAGTGAGAAAAATGTGTCATACGACTCAAACATTCAG[C]CAAAGACGTCTATCAATATTGTCCAGTTATTAATAATAACTTTTTTTTTTCTGTTTGC-3'

[0034] 前記TY38（以下、「SNP(f)」ともいう。）は、例えば、配列番号22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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、A以外の塩基（例えば、C）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号22の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251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22

5' -CTAGACAACCTCTTCTATTAG[A]ACACCATAAACAGAAATGTC-3'

[0035] 前記SNP(f)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2の塩基配列は、例えば、前記SNP(

f)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(f)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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、A以外の塩基(例えば、C)の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記SNP(f)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2

5' -CGTACAGCTGCATAGCTTTCTCAATCTCCTTATTCCTAGACAACCTCTTCTATTAG[A]ACGCCAT
AAACAGAAATGTCCAGCACAAAACCCAATTTCTTCATTTTATCCAACAGTTGC-3'

[0036] 前記ARO2(以下、「SNP(g)」ともいう。)は、例えば、配列番号23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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基(例えば、A)の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号23の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251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23

5' -GGCATTGACAGTGCT[G]ATGAAGATGATGAAA-3'

[0037] 前記SNP(g)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11の塩基配列は、例えば、前記SNP(g)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(g)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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基(例えば、A)の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記SNP(g)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11

5' -GCTGTGCAATGACTTTTGCATTCAGGTCCTGGAACCTGGGGCATTGACAGTGCT[G]ATGAAGAT

GATGAAATCTCACACCACGGAAGAAGCTGTAAAAGCATTATTT-3'

- [0038] 前記 H T 1 2 (以下、「SNP (h)」ともいう。)は、例えば、配列番号 2 4 におけるかっこで囲んだ下線部の塩基が、Cである多型を示す。つまり、例えば、前記下線部の塩基が、Cの場合、ネコブセンチュウ抵抗性であり、C以外の塩基(例えば、A)の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号 2 4 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 5 1 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 4

5' -GAAAAGCACCTAGAGGAATAAAAAC[C]AATTGGATTATGCACGAGTACCGCC-3'

- [0039] 前記 SNP (h) 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 (h) 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 (h) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基(例えば、T)の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記 SNP (h) 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。なお、前記配列番号 7 の塩基配列は、例えば、前記配列番号 2 4 の塩基配列を含む DNA 鎖の相補鎖における塩基配列である。つまり、例えば、前記配列番号 7 における SNP (h) の G は、前記配列番号 2 4 における SNP (h) の C と相補的な塩基である。

配列番号 7

5' -TTGCCAGCAGAGCGGTCCACGTTGGCGAGGCGGTACTCGTGCATAATCCAATT[G]GTTTTTATACCTCTGGGTGCTTTTCCGGCATAGAACAAGTGCC-3'

- [0040] 前記 s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 4 2 5 0 (以下、「SNP (i)」ともいう。)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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G以外の塩基(例えば、A)の場合、

ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号 13 の塩基配列は、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 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 13

5' -AGGGTTTGAAGACGA[G]GCAAGAATCTGGCAT-3'

[0041] 前記 SNP (i) 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 3 の塩基配列は、例えば、前記 SNP (i) 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 (i) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、G 以外の塩基（例えば、A）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記 SNP (i) 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 3

5' -TTGGAGATCGGGTCAGCTTGTGTGCCACAGAGGAGAGGGTTTGAAGACGA[G]GCAAGAATCTGGCATCTTATGCAACAAAAACCTTTAGATCAAGGGAAATT-3'

[0042] 前記 solcap__snp__sl__21383（以下、「SNP (j)」ともいう。）は、例えば、配列番号 14 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T 以外の塩基（例えば、A）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号 14 の塩基配列は、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 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 14

5' -ATTATAGTCTTACTT[T]AATGAATAAGCAACT-3'

[0043] 前記 SNP (j) 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 4 の塩基配列は、例えば、前記 SNP (j) 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 (j) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、A）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記SNP (j) 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4

5' -CGAAATGCTCTTTTTTCCTTTACACCATGTGACTGATTATAGTCTTACTT[I]AATGAATAAGCA
ACTGAATACAAAAATTATCACCTCTATATAGATACAGT-3'

[0044] 前記solcap__snp__sl__21385（以下、「SNP (k)」ともいう。）は、例えば、配列番号16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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号16の塩基配列は、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251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16

5' -AGAATCCTACGCCTGTAAATCTATCGACAAAAACCT[I]CTCATTGATTCCACCGACCGTGAGTG
TCTCGATAAAGAACCC-3'

[0045] 前記SNP (k) 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5の塩基配列は、例えば、前記SNP (k) 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 (k) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T以外の塩基（例えば、C）の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記SNP (k) 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5

5' -TCTCCGGCGACCGGAGAATCCTACGCCTGTAAATCTATCGATAAAAAACCT[I]CTCATTGATTCC

ACCGACCGTGAGTGTCTCGATAAAGAACCCAAAATTCT-3'

- [0046] 前記 `solcap__snp__sl__21390` (以下、「SNP (1)」ともいう。) は、例えば、配列番号 20 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T 以外の塩基 (例えば、C) の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。また、前記配列番号 20 の塩基配列は、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 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 20

5' -GCAATATTTGGTTCC[I]TTAATCCCCTCTTGG-3'

- [0047] 前記 SNP (1) 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 (1) 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 (1) 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、ネコブセンチュウ抵抗性であり、T 以外の塩基 (例えば、C) の場合、ネコブセンチュウ罹病性であることを示す。このように、前記 SNP (1) 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' -AGTGGCTTTATGCTCTACTAGGGAGCACGGGCGCTGCAATATTTGGTTCC[I]TTAATCCCCTCTTGGCCTATGTCATTGCATTGATTGTAACAGCATATTAC-3'

- [0048] 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 2 に示すように、例えば、トマト植物の第 4 染色体上において、上流側 (`solcap__snp__sl__21346` 側) から下流側 (`solcap__snp__sl__21390` 側) にかけて、`solcap__snp__sl__21346`、`solcap__snp__sl__21364`、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、`solcap__snp__sl__64250`、`solcap__snp__sl__2`

1383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390が、この順序で座乗している。

[0049] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が有する前記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、5個、6個、7個、8個、9個、10個、11個、または12個全てであってもよい。なお、これら12種類の多型（SNPマーカ）とネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性に関与する新規の多型である。

[0050] 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。

solcap__snp__sl__21346およびsolcap__snp__sl__21364の組合せ

TK43およびYU06の組合せ

YK66、TY38、AR02、およびHT12の組合せ

solcap__snp__sl__64250およびsolcap__snp__sl__21383の組み合わせ

solcap__snp__sl__21385およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ

solcap__snp__sl__21346およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ

solcap__snp__sl__21346、TY38、およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ

solcap__snp__sl__21364およびsolcap__snp__sl__21385の組合せ

solcap__snp__sl__21364、TY38、およびsolcap__snp__sl__21385の組合せ

YU06およびsolcap__snp__sl__64250の組合せ

YU06、TY38、およびsolcap__snp__sl__64250の組合せ

前記組合せのうち、ネコブセンチュウ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。

YK66、TY38、AR02、およびHT12の組合せ

solcap__snp__sl__21346、TY38、およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ

solcap__snp__sl__21364、TY38、およびsolcap__snp__sl__21385の組合せ

YU06、TY38、およびsolcap__snp__sl__64250の組合せ

[0051] (2) SNPマーカーを含む塩基配列による特定

前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前記(2)に示すように、例えば、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。前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、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。

[0052] 前記SNPマーカーを含む塩基配列は、特に制限されず、例えば、下記(a)～(k)および(l)のポリヌクレオチド等があげられる。前記(a)～(k)および(l)のポリヌクレオチドは、それぞれ、前記SNP(a)～前記SNP(k)および前記SNP(l)のSNPマーカーを含む塩基配列に相当する。

[0053] 前記(a)のポリヌクレオチドは、前記SNP(a)、すなわち、solcap__snp__sl__21346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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ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15の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(a 2) 前記 (a 1) の 21 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

(a 3) 前記 (a 1) の 21 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

[0054] 前記 (a 1) のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 15 におけるかっこで囲んだ下線部の 21 番目の塩基 (G) が、前記 `solcap__snp__sl__21346` の多型に対応する塩基である。また、前記 (a 1) のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0055] 前記 (a 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、1～8個、好ましくは、1～6個、より好ましくは、1～5個、さらに好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2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）。

[0056] 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、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）。

[0057] 前記 (a 1) のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 15 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 15 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 29 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 29 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 15 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 45 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記 (a 1) が、配列番号 29 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記 (a 2) および (a 3) は

、21番目を45番目に読み替えることができる。

配列番号29

5' -tcttcaactccgacttctgtaataCCAGAATTTATCGTGGTGGGA[G]GTTCTTGGAAGTGCATGG
AGgaagggttttaaccccagttcaat-3'

[0058] 前記(b)のポリヌクレオチドは、前記SNP(b)、すなわち、s o l
c a p__s n p__s l__21364を含む塩基配列であり、例えば、下記(b
1)、(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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座
において、前記ネコブセンチュウ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17の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b2) 前記(b1)の16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

(b3) 前記(b1)の16番目の塩基(T)以外の塩基配列に対して、8
0%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

[0059] 前記(b1)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号17におけるかっこ
で囲んだ下線部の16番目の塩基(T)が、前記s o l c a p__s n p__s
l__21364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-22251で寄
託されたトマト植物から得ることができる。

[0060] 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、1～6個、好ましくは、1～5個、より好ましくは、1～4個、さらに
好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0061] 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好
ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%
以上、98%以上、99%以上である。

[0062] 前記（b 1）のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 17 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 17 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 31 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 31 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 17 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 48 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記（b 1）が、配列番号 31 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記（b 2）および（b 3）は、16 番目を 48 番目に読み替えることができる。

配列番号 31

5' -tgaagaagcttgatcgagttggtgcccgccttGTTAGTAGCAATTCA[I]GATGATCGATGGATC
aatcaatcaatcaactatg-3'

[0063] 前記（c）のポリヌクレオチドは、前記 SNP（c）、すなわち、TK43 を含む塩基配列であり、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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ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 18 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（c 2）前記（c 1）の 16 番目の塩基（T）および 17 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

（c 3）前記（c 1）の 16 番目の塩基（T）および 17 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

[0064] 前記（c 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 18 におけるかっこで囲んだ下線部の 16 番目の塩基（T）および 17 番目の塩基（A）が、前記 TK43 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-22251 で寄託さ

れたトマト植物から得ることができる。

[0065] 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、1～6個、好ましくは、1～5個、より好ましくは、1～4個、さらに好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0066] 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0067] 前記(c1)のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号18の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号18の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号32の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号32の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号18の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の50番目および51番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記(c1)が、配列番号32の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記(c2)および(c3)は、16番目を50番目に、17番目を51番目に、それぞれ読み替えることができる。

配列番号32

5' -aatggaacaagggactgacatcaggagcttccaAAGAAGGTGAATATT[IA]ACTGTATGATCC
CCAtcaggccttcaaagacattgctaaaa-3'

[0068] 前記(d)のポリヌクレオチドは、前記SNP(d)、すなわち、YUO6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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ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19の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(d2) 前記(d1)の55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

(d 3) 前記 (d 1) の 55 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

[0069] 前記 (d 1) のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 19 におけるかっこで囲んだ下線部の 55 番目の塩基 (C) が、前記 YU06 の多型に対応する塩基である。また、前記 (d 1) のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0070] 前記 (d 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、1～24 個、好ましくは、1～18 個、より好ましくは、1～13 個、さらに好ましくは、1～12 個、1～6 個、特に好ましくは、1 個、2 個または 3 個である。

[0071] 前記 (d 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0072] 前記 (e) のポリヌクレオチドは、前記 SNP (e)、すなわち、YK66 を含む塩基配列であり、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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ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 21 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e 2) 前記 (e 1) の 16 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

(e 3) 前記 (e 1) の 16 番目の塩基 (C) 以外の塩基配列に対して、8

0%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

[0073] 前記(e1)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号21におけるかっこで囲んだ下線部の16番目の塩基(C)が、前記YK66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-22251で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0074] 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、1~6個、好ましくは、1~5個、より好ましくは、1~4個、さらに好ましくは、1~3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0075] 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0076] 前記(e1)のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号21の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号21の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号34の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号34の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号21の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の60番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記(e1)が、配列番号34の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記(e2)および(e3)は、16番目を60番目に読み替えることができる。

配列番号34

5' -ttttattcatgaacaaaaaacagtgagaaaaatgtgtcatatcgactcaaaactcattcag[C]CAAGACGTCTATCAatattgtccagttattaataataactttttt-3'

[0077] 前記(f)のポリヌクレオチドは、前記SNP(f)、すなわち、TY38を含む塩基配列であり、例えば、下記(f1)、(f2)、または(f3)のポリヌクレオチドがあげられる。前記(f2)および前記(f3)は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセン

チュウ抵抗性に関して前記（f 1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（f 1）配列番号 22 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（f 2）前記（f 1）の 21 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

（f 3）前記（f 1）の 21 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

[0078] 前記（f 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 22 におけるかっこで囲んだ下線部の 21 番目の塩基（A）が、前記 T Y 38 の多型に対応する塩基である。また、前記（f 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 5 1 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0079] 前記（f 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、1～8個、好ましくは、1～6個、より好ましくは、1～5個、さらに好ましくは、1～4個、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0080] 前記（f 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0081] 前記（f 1）のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 22 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 22 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 25 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 25 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 22 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 34 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記（f 1）が、配列番号 25 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記（f 2）および（f 3）は

、 2 1 番目を 3 4 番目に読み替えることができる。

配列番号 2 5

5' -aatctccttatttcCTAGACAACCTCTTCTATTAG[A]ACACCATAAACAGAAATGTCcagcacaaa
acccaattttcttcatTTTTATC-3'

[0082] 前記 (g) のポリヌクレオチドは、前記 SNP (g)、すなわち、A R O 2 を含む塩基配列であり、例えば、下記 (g 1)、(g 2)、または (g 3) のポリヌクレオチドである。前記 (g 2) および前記 (g 3) は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記 (g 1) と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(g 1) 配列番号 2 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(g 2) 前記 (g 1) の 1 6 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

(g 3) 前記 (g 1) の 1 6 番目の塩基 (G) 以外の塩基配列に対して、8 0 %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

[0083] 前記 (g 1) のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 2 3 におけるかっこで囲んだ下線部の 1 6 番目の塩基 (G) が、前記 A R O 2 の多型に対応する塩基である。また、前記 (g 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 5 1 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0084] 前記 (g 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 ～ 6 個、好ましくは、1 ～ 5 個、より好ましくは、1 ～ 4 個、さらに好ましくは、1 ～ 3 個、特に好ましくは、1 個または 2 個である。

[0085] 前記 (g 3) のポリヌクレオチドにおいて、前記同一性は、例えば、8 0 %以上、好ましくは、8 5 %以上、より好ましくは、8 9 %以上、さらに好ましくは、9 0 %以上、特に好ましくは、9 5 %以上、9 6 %以上、9 7 %以上、9 8 %以上、9 9 %以上である。

[0086] 前記（g 1）のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 2 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 2 3 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 2 6 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 2 6 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 2 3 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 6 9 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記（g 1）が、配列番号 2 6 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記（g 2）および（g 3）は、1 6 番目を 6 9 番目に読み替えることができる。

配列番号 2 6

5' -gctattgtattgacgctgtgcaatgacttttgcattcaggtcctggaacttggGGCATTGACAGT
GCT[G]ATGAAGATGATGAAActcacaccacagaagaagctgtaaaagcattatttgctatttcagca
ctaataaga-3'

[0087] 前記（h）のポリヌクレオチドは、前記 SNP（h）、すなわち、HT 1 2 を含む塩基配列であり、例えば、下記（h 1）、（h 2）、または（h 3）のポリヌクレオチドである。前記（h 2）および前記（h 3）は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記（h 1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（h 1）配列番号 2 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（h 2）前記（h 1）の 2 6 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

（h 3）前記（h 1）の 2 6 番目の塩基（C）以外の塩基配列に対して、8 0 %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

[0088] 前記（h 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 2 4 におけるかっこで囲んだ下線部の 2 6 番目の塩基（C）が、前記 HT 1 2 の多型に対応する塩基である。また、前記（h 1）のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号 FERM BP-22251 で寄託されたトマト植物から得ること

ができる。

[0089] 前記 (h 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 ~ 10 個、好ましくは、1 ~ 8 個、より好ましくは、1 ~ 6 個、さらに好ましくは、1 ~ 5 個、1 ~ 3 個、特に好ましくは、1 個または 2 個である。

[0090] 前記 (h 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、好ましくは、85 % 以上、より好ましくは、89 % 以上、さらに好ましくは、90 % 以上、特に好ましくは、95 % 以上、96 % 以上、97 % 以上、98 % 以上、99 % 以上である。

[0091] 前記 (h 1) のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号 24 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 24 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 27 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 27 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 24 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 50 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記 (h 1) が、配列番号 27 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記 (h 2) および (h 3) は、26 番目を 50 番目に読み替えることができる。

配列番号 27

5' -agaaggcacttgtgtttctatgccgGAAAAGCACCTAGAGGAATAAAAAAC[C]AATTGGATTATGC
ACGAGTACCGCC-3'

[0092] 前記 (i) のポリヌクレオチドは、前記 SNP (i)、すなわち、s o l
c a p __ s n p __ s l __ 6 4 2 5 0 を含む塩基配列であり、例えば、下記 (i 1)、(i 2)、または (i 3) のポリヌクレオチドである。前記 (i 2) および前記 (i 3) は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記 (i 1) と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(i 1) 配列番号 13 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(i 2) 前記 (i 1) の 16 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

(i 3) 前記(i 1)の16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

[0093] 前記(i 1)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号13におけるかっこで囲んだ下線部の16番目の塩基(G)が、前記solcap__snp__sl__64250の多型に対応する塩基である。また、前記(i 1)のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0094] 前記(i 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、1～6個、好ましくは、1～5個、より好ましくは、1～4個、さらに好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0095] 前記(i 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0096] 前記(i 1)のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号13の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号13の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号28の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号28の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号13の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の25番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記(i 1)が、配列番号28の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記(i 2)および(i 3)は、16番目を25番目に読み替えることができる。

配列番号28

5' -acagaggagAGGGTTTGAAGACGA[G]GCAAGAATCTGGCATcttatgcaacaaaaaccttta-3',

[0097] 前記(j)のポリヌクレオチドは、前記SNP(j)、すなわち、sol

cap__snp__sl__21383を含む塩基配列であり、例えば、下記（j 1）、（j 2）、または（j 3）のポリヌクレオチドがあげられる。前記（j 2）および前記（j 3）は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記（j 1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（j 1）配列番号14の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（j 2）前記（j 1）の16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

（j 3）前記（j 1）の16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である。

[0098] 前記（j 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号14におけるかっこで囲んだ下線部の16番目の塩基（T）が、前記solcap__snp__sl__21383の多型に対応する塩基である。また、前記（j 1）のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0099] 前記（j 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、1～6個、好ましくは、1～5個、より好ましくは、1～4個、さらに好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0100] 前記（j 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0101] 前記（j 1）のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号14の塩基配列からなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号14の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号33の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号33の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号14の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の35番目の

塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記（j 1）が、配列番号 33 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記（j 2）および（j 3）は、16 番目を 35 番目に読み替えることができる。

配列番号 33

5' -cctttacaccatgtgactgATTATAGTCTTACTT[I]AATGAATAAGCAACTgaatacaaaaa-3'

[0102] 前記（k）のポリヌクレオチドは、前記 SNP（k）、すなわち、s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 8 5 を含む塩基配列であり、例えば、下記（k 1）、（k 2）、または（k 3）のポリヌクレオチドがあげられる。前記（k 2）および前記（k 3）は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記（k 1）と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

（k 1）配列番号 16 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（k 2）前記（k 1）の 37 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

（k 3）前記（k 1）の 37 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

[0103] 前記（k 1）のポリヌクレオチドにおいて、配列番号 16 におけるかっこで囲んだ下線部の 37 番目の塩基（T）が、前記 s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 8 5 の多型に対応する塩基である。また、前記（k 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 5 1 で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0104] 前記（k 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、1～16 個、好ましくは、1～12 個、より好ましくは、1～9 個、さらに好ましくは、1～8 個、1～4 個、特に好ましくは、1 個、2 個または 3 個である。

[0105] 前記（k 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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0106] 前記(1)のポリヌクレオチドは、前記SNP(1)、すなわち、solcap__snp__sl__21390を含む塩基配列であり、例えば、下記(11)、(12)、または(13)のポリヌクレオチドがあげられる。前記(12)および前記(13)は、それぞれ、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座において、前記ネコブセンチュウ抵抗性に関して前記(11)と同等の機能を有するポリヌクレオチドである。

(11) 配列番号20の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(12) 前記(11)の16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

(13) 前記(11)の16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

[0107] 前記(11)のポリヌクレオチドにおいて、配列番号20におけるかっこで囲んだ下線部の16番目の塩基(T)が、前記solcap__snp__sl__21390の多型に対応する塩基である。また、前記(11)のポリヌクレオチドは、例えば、後述する受託番号FERM BP-22251で寄託されたトマト植物から得ることができる。

[0108] 前記(12)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、1～6個、好ましくは、1～5個、より好ましくは、1～4個、さらに好ましくは、1～3個、特に好ましくは、1個または2個である。

[0109] 前記(13)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、好ましくは、85%以上、より好ましくは、89%以上、さらに好ましくは、90%以上、特に好ましくは、95%以上、96%以上、97%以上、98%以上、99%以上である。

[0110] 前記(11)のポリヌクレオチドは、例えば、配列番号20の塩基配列が

らなるポリヌクレオチドの他に、例えば、前記配列番号 20 の塩基配列を含むポリヌクレオチド、すなわち、配列番号 30 の塩基配列からなるポリヌクレオチドであってもよい。配列番号 30 の塩基配列において、大文字の配列が、配列番号 20 の塩基配列に対応し、かっこで囲んだ下線部の 21 番目の塩基が、前記多型に対応する塩基である。前記 (11) が、配列番号 30 の塩基配列からなるポリヌクレオチドの場合、前記 (12) および (13) は、16 番目を 21 番目に読み替えることができる。

配列番号 30

5' -gcgctGCAATATTTGGTTCC[I]TTAATCCCCTCTTGGcctatgtcattgcattgattgtaa-3',

[0111] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が有する、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) ~ (k) および (l) 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、3 個、4 個、5 個、6 個、7 個、8 個、9 個、10 個、11 個、または 12 個全てであってもよい。

[0112] 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) および前記 (b) の組合せ

前記 (c) および前記 (d) の組合せ

前記 (i) および前記 (j) の組合せ

前記 (k) および前記 (l) の組合せ

前記 (e) ~ 前記 (g)、および前記 (h) の組合せ

前記 (a) および前記 (l) の組合せ

前記 (a)、前記 (f)、および前記 (l) の組合せ

前記 (b) および前記 (k) の組合せ

前記 (b)、前記 (f)、および前記 (k) の組合せ

前記 (d) および前記 (i) の組合せ

前記 (d)、前記 (f)、および前記 (i) の組合せ

前記組合せのうち、ネコブセンチュウ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。

前記（e）～前記（g）、および前記（h）の組合せ

前記（a）、前記（f）、および前記（l）の組合せ

前記（b）、前記（f）、および前記（k）の組合せ

前記（d）、前記（f）、および前記（i）の組合せ

[0113] （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

前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前記（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__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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。

[0114] 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。

[0115] 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__21346およびTK43の組合せ

solcap__snp__sl__21364およびYK66の組合せ
 YU06およびsolcap__snp__sl__64250の組合せ
 HT12およびsolcap__snp__sl__21385の組合せ
 solcap__snp__sl__21383およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ
 solcap__snp__sl__21346およびsolcap__snp__sl__21390の組合せ
 solcap__snp__sl__21364およびsolcap__snp__sl__21385の組合せ

前記組合せのうち、ネコブセンチュウ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。

YU06およびsolcap__snp__sl__64250の組合せ

[0116] 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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を規定する場合、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、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マーカを有することが好ましい。具体的には、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前記領域の塩基配列において、例えば、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有することが好ましい。

[0117] 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前記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

記領域に座乗する前記SNPマーカーは、例えば、前記領域の末端のSNPマーカーおよび前記領域の内部のSNPマーカーの両方であってもよい。

[0118] 前記領域の内部のSNPマーカーは、例えば、前記領域を規定する上流側の前記SNPマーカーの部位と下流側の前記SNPマーカーの部位との間に座乗しているSNPマーカーがあげられ、例えば、図2に示す前記SNPマーカーの座乗位置に基づき、適宜決定できる。前記2つのSNPマーカーの部位間における前記SNPマーカーの個数は、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マーカーの部位間に座乗する全てのSNPマーカーである。

[0119] 前記2つのSNPマーカー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マーカーとの組合せは、特に制限されず、例えば、下記条件(i)～(v)があげられ、ネコブセンチュウ抵抗性と高い相関性がより高いことから、好ましくは、前記条件(i)である。

条件(i)

前記染色体における、YU06およびsolcap__snp__sl__64250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、YK66、TY38、AR02、およびHT12からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーを有する

条件(ii)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21364およびYK66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、TK43およびYU06の少なくとも一方のSNPマーカーを有する

条件(iii)

前記染色体における、HT12およびsolcap__snp__sl__21385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__64250およびsolcap__snp__sl__21383の少なくとも一方のSNPマ

ーカーを有する

条件 (iv)

前記染色体における、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 4 6 および T K 4 3 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、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 4 6 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 6 4 の少なくとも一方 S N P マーカーを有する

条件 (v)

前記染色体における、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 3 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 9 0 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、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 5 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 9 0 の少なくとも一方の S N P マーカーを有する

[0120] 前記条件 (i) において、前記領域の内部における S N P マーカーの数は、特に制限されず、例えば、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、および H T 1 2 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 個でもよい。前記 S N P 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

Y K 6 6 および T Y 3 8 の組合せ

Y K 6 6 および A R 0 2 の組合せ

Y K 6 6 および H T 1 2 の組合せ

T Y 3 8 および A R 0 2 の組合せ

T Y 3 8 および H T 1 2 の組合せ

A R 0 2 および H T 1 2 の組合せ

3 個の組合せ

Y K 6 6、T Y 3 8、および A R 0 2 の組合せ

Y K 6 6、T Y 3 8、およびH T 1 2の組合せ

Y K 6 6、A R 0 2、およびH T 1 2の組合せ

T Y 3 8、A R 0 2、およびH T 1 2の組合せ

4 個の組合せ

Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、およびH T 1 2の組合せ

[0121] 前記条件 (ii) において、前記領域の内部における S N P マーカーの数は、特に制限されず、例えば、T K 4 3 および Y U 0 6 のうち、いずれか 1 個、または両方である。

[0122] 前記条件 (iii) において、前記領域内部における S N P マーカーの数は、特に制限されず、例えば、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 6 4 2 5 0 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 3 のうち、いずれか 1 個、または両方である。

[0123] 前記条件 (iv) において、前記領域内部における S N P マーカーの数は、特に制限されず、例えば、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 4 6 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 6 4 のうち、いずれか 1 個、または両方である。

[0124] 前記条件 (v) において、前記領域内部における S N P マーカーの数は、特に制限されず、例えば、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 5 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 9 0 のうち、いずれか 1 個または両方である。

[0125] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、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と前記領域の塩基配列における前記 S N P マーカーとの組合せが、前記条件 (i) の場合、さらに、前記 (ii) ~ (iv) および (v) からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たしてもよい。前記条件の組合せとしては、例えば、以下の組合せが例示できる。

2 つの条件

前記条件 (i) と、前記条件 (ii) ~ (v) のいずれか一つとの組合せ

3 つの条件

前記条件 (i) と、前記条件 (ii) と、前記条件 (iii) ~ (v) のいずれか一つとの組合せ

前記条件 (i) と、前記条件 (iii) と、前記条件 (iv) または前記条件 (v) との組合せ

前記条件 (i) と、前記条件 (iv) と、前記条件 (v) との組合せ
4つの条件

前記条件 (i) と、前記条件 (ii) と、前記条件 (iii) と、前記条件 (iv) または前記条件 (v) との組合せ

前記条件 (i) と、前記条件 (iv) と、前記条件 (v) と、前記条件 (ii) または前記条件 (iii) との組合せ

5つの条件

前記条件 (i) と、前記条件 (ii) と、前記条件 (iii) と、前記条件 (iv) と、前記条件 (v) との組合せ

[0126] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーによれば、例えば、トマト植物に対して、ネコブセンチュウ抵抗性を付与することができる。本発明において、トマト植物の前記ネコブセンチュウ抵抗性の程度は、例えば、下記文献に記載の方法に準じて、発病度（根こぶ程度）により表わすことができる。この方法による前記発病度の算出は、後述する実施例1の説明を援用でき、例えば、根こぶ程度1以下を耐病性、根こぶ程度2以上を罹病性と設定できる。

文献：著者 相場 聡ら，線虫学実験法，（2004） pp103-105

[0127] 2. ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物

本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、前述のように、第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有することを特徴とする。本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有す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。本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含む前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マ

ーカーを有することから、例えば、前記本発明のトマト植物のネコブセンチュウ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4染色体上の前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、例えば、本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーと読み替え可能である。

[0128] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、ネコブセンチュウに抵抗性を示す。

[0129] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物において、前記ネコブセンチュウ抵抗性は、第4染色体上の前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座によってもたらされる。本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を第4染色体上に有するが、例えば、第4染色体に代えて、第4染色体以外のどの染色体上に、前記第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有してもよい。つまり、本発明のネコブセンチュウ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4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有してもよい。

[0130] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物において、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、例えば、前記本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーにおけるネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の説明を援用できる。

[0131] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、生育温度8～40℃の範囲において、ネコブセンチュウ抵抗性を機能させることができる。つまり、Mi-1等の従来の抵抗性遺伝子がネコブセンチュウ抵抗性を機能できない生育温度、例えば、28℃以上、具体的には30～35℃においても、ネコブセンチュウ抵抗性を機能させることができる。

[0132] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、一例として、受託番号FERM BP-22251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。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-22251

識別のための表示：Takii3

受領日：2013年5月8日

[0133] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、トマト植物に、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座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ネコブセンチュウ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。導入する前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前述のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が例示できる。

[0134] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物について、ネコブセンチュウ抵抗性以外の特徴、例えば、形質的、生態的特徴等は、特に限定されない。

[0135] 本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、さらに、他の抵抗性を有してもよい。

[0136] 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、茎、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。

[0137] 3. ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法

つぎに、本発明のネコブセンチュウ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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーと言い換えることができる。

[0138] 本発明のネコブセンチュウ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）本発明のネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性を備えるトマト植物を選抜する工程

[0139] 本発明の製造方法は、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性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、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物等の説明を援用できる。

[0140] 前記（a）工程において、第一の親として使用するネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物であればよい。前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、前述のような受託番号 F E R M B P - 2 2 2 5 1 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ネコブセンチュウ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、前記ネコブセンチュウ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（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）被検トマト植物から、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を選抜する工程

[0141] 前記（x）工程において、前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の選抜は、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜ということができる。このため、前記（x）工程は、例えば、下記（x 1）工程お

よび（×２）工程により行うことができる。

（×１）前記被検トマト植物の染色体上における、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の有無を検出する検出工程

（×２）前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の存在により、前記被検トマト植物を、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物として選抜する選抜工程

[0142] 前記（×）工程における前記選抜は、前述のように、例えば、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有する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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を検出することによって、前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を選抜できる。前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の検出は、例えば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーにおいて説明したように、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を規定する、（１）前記SNPマーカー、（２）前記SNPマーカーを含む塩基配列、（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。

[0143] 前記（×）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、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座に関しては、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーにおける説明を援用できる。

[0144] （１）SNPマーカーによる特定

前記（×）工程における前記選抜は、例えば、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である。前記選択されるSNPマーカーは、特に制限されず、例えば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーにおける「（１）SNPマーカーによる特

定」の説明を援用できる。

[0145] 具体例として、前記（x）工程における前記選抜は、例えば、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、およびH T 1 2からなる群から選択された少なくとも一つのS N Pマーカで特定されるネコブセンチュウ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。

[0146] （２）S N Pマーカを含む塩基配列による特定

前記（x）工程における前記選抜は、例えば、前記（a）～（k）および（l）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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である。前記（a）～（k）および（l）のポリヌクレオチドは、例えば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカにおける「（２）S N Pマーカを含む塩基配列による特定」の説明を援用できる。

[0147] 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（e）～（g）および（h）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ネコブセンチュウ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。

[0148] （３）２つのS N Pマーカの部位間の領域の塩基配列による特定

前記（x）工程における前記選抜は、例えば、前記染色体における、s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 4 6、s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 6 4、T K 4 3、Y U 0 6、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、H T 1 2、s o l c a p__s n p__s l__6 4 2 5 0、s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 8 3、s o l c a p__s n p__s l__2 1 3 8 5、およびs o l c a p__s n p__s l__2 1 3 9 0からなる群から選択された２つのS N Pマーカの部位間の領域の塩基配列を含むネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である。前記２つのS N Pマーカの部位間の領域の塩基配列は、例えば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカにおける「（３）２つのS N Pマーカ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。

- [0149] 具体例として、前記（x）工程における前記選抜は、例えば、前記領域の塩基配列において、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーを有するネコブセンチュウ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。
- [0150] また、前記（x）工程における前記選抜は、例えば、前記条件（i）を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜でもよい。
- [0151] また、前記（x）工程における前記選抜は、例えば、さらに、前記（ii）～（iv）および前記（v）からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜であってもよい。
- [0152] 前記ネコブセンチュウ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4染色体である。
- [0153] 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、既知のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子を有する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、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物でもよい。
- [0154] 前記（a）工程において、前記ネコブセンチュウ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。
- [0155] 前記（b）工程において、ネコブセンチュウ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F1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 1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 1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。

[0156] 前記(b)工程において、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の選抜は、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性を、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。

[0157] 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 1のトマト植物またはその後代系統について、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性を、前述のような発病度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 1のトマト植物またはその後代系統に対して、例えば、ネコブセンチュウを接種して、ネコブセンチュウ抵抗性を、前記発病度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 1のトマト植物またはその後代系統を、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物として選抜できる。

[0158] 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、ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の有無を検出する検出工程

(b 2) 前記ネコブセンチュウ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トマト植物またはその後代系統を、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物として選抜する選抜工程

[0159] 前記(b)工程におけるネコブセンチュウ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、前記ネコブセンチュウ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ネコブセンチュウ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。

[0160] 本発明の製造方法は、前記(b)工程において選抜されたネコブセンチュウ

ウ抵抗性トマト植物を、さらに育成することが好ましい。

[0161] このように、前記ネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物として選抜できる。

[0162] 本発明の製造方法は、さらに、前記交雑系統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。

[0163] 4. ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法

本発明のネコブセンチュウ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、前述のように、交雑によりネコブセンチュウ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、トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーとして第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を選抜する工程を含むことを特徴とする。

[0164] 本発明のスクリーニング方法は、被検トマト植物から、ネコブセンチュウ抵抗性マーカーとして第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有する植物を選抜する工程を含む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。本発明のスクリーニング方法によれば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性マーカーによって、ネコブセンチュウ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、前記本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー等の説明を援用できる。

[0165] 前記親の選抜は、例えば、前記本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法における前記（×）工程の説明を援用できる。

実施例

[0166] 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。

[0167] [実施例1]

新規なネコブセンチュウ抵抗性トマト植物について、ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の遺伝様式の解析を行った。

[0168] ネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性の試験を行った。その結果、28℃以上でネコブセンチュウ抵抗性を示す、新規のネコブセンチュウ抵抗性トマト系統 (S. lycopersicum) を得た。この新規ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、受託番号FERM BP-22251で寄託した。以下、このネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を寄託系統という。

[0169] 前記寄託系統のトマト植物（受託番号FERM BP-22251）と、ネコブセンチュウ罹病性トマト植物「ベスパ（タキイ種苗株式会社、S. lycopersicum）」とを交雑することによって、141個体のF2分離集団（以下、「141系統」ともいう。）を得た。また、前記寄託系統のトマト植物と、ネコブセンチュウ罹病性トマト植物「影武者（タキイ種苗株式会社、S. lycopersicum）」とを交雑することによって、70個体のF2分離集団（以下、「70系統」ともいう。）を得た。ベスパおよび影武者は、ネコブセンチュウ耐病性のMi-1を保有するが、28℃以上でネコブセンチュウ罹病性を示す複合耐病性台木である。前記141系統および前記70系統に対して、以下に示すように、ネコブセンチュウの接種試験を行った。対照区として、ヘルパーM（タキイ種苗株式会社、S. lycopersicum）、アンカーT（タキイ種苗株式会社、S. lycopersicum）、影武者、ベスパ、マニーメーカー（S. lycopersicum）、前記寄託系統のトマト植物をそれぞれ20個体用いた。ヘルパーMおよびアンカーTは、ネコブセンチュウ耐病性のMi-1を保有するが、28℃以上でネコブセンチュウ罹病性を示す複合耐病性台木である。また、マニーメーカーは、Mi-1を保有しないネコブセンチュウ罹病性を示す穂木である。

[0170] ネコブセンチュウの接種試験は、文献「線虫学実験法（日本線虫学会）2004年3月25日発行」に記載の方法に準じて、以下のように行った。

[0171] 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、 $30^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ 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。

[0172] 発病調査は、前記非特許文献4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が被害は目立たない

根こぶ程度2：一見して根こぶが認められる。大きな根こぶやつながった根こぶは少ない

根こぶ程度3：大小の根こぶが多数認められる。根こぶに覆われて太くなった根も見られるが、根こぶは、根領域全体の50%以下

根こぶ程度4：多くの根が根こぶだらけで太くなっている

[0173] これらの結果を、表1に示す。表1に示すように、前記141系統において、根こぶ程度が1以下である個体は105個体であり、全体の74%を占めた。また、前記70系統において、根こぶ程度が1以下である個体は50個体であり、全体の71%を占めた。前記141系統および前記70系統の根こぶ程度と、その個体の出現頻度との関係から、前記寄託系統のネコブセンチュウ抵抗性の遺伝様式は、1因子の優性であることがわかった。また、同条件で試験したM i - 1を保有するヘルパーM、アンカーT、影武者、およびベスパ、ならびにM i - 1を保有しないマニーメーカーは、 $30^{\circ}\text{C} \pm 1^{\circ}\text{C}$ の生育条件に依存して罹病性を示し、前記寄託系統は、抵抗性を示すことが確認できた。根こぶ程度の評価基準として、根こぶ程度0および根こぶ程

度 4 の個体の代表例を図 1 の写真に示す。

[0174] [表1]

	根こぶ程度					個体の 合計	根こぶ程度 1 以下の割合
	0	1	2	3	4		
F2 分離集団 (141 系統)	101 個体	4 個体	3 個体	8 個体	25 個体	141 個体	74%
F2 分離集団 (70 系統)	35 個体	15 個体	0 個体	19 個体	1 個体	70 個体	71%
寄託系統	17 個体	3 個体	0 個体	0 個体	0 個体	20 個体	100%
ヘルパーM	0 個体	0 個体	2 個体	1 個体	17 個体	20 個体	0%
アンカーT	0 個体	0 個体	1 個体	0 個体	19 個体	20 個体	0%
影武者	0 個体	0 個体	1 個体	4 個体	15 個体	20 個体	0%
ベスパ	0 個体	0 個体	2 個体	2 個体	16 個体	20 個体	0%
マニーメーカー	0 個体	0 個体	0 個体	0 個体	20 個体	20 個体	0%

[0175] [実施例 2]

前記実施例 1 における F 2 分離集団の前記 1 4 1 系統について、新規なネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座の特定を行った。

[0176] 前記 1 4 1 系統からそれぞれ抽出した DNA について、SOLCAP の SNP アッセイ（下記文献参照）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。

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

文献：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)

文献：Blanca J, Canizares J, Cordero L, Pascual L, Diez MJ, et al. (2012) Variation Revealed by SNP Genotyping a

nd Morphology Provides Insight into the Origin of the Tomato
 . PLoS ONE 7(10)

[0177] 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、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物（寄託系統）とネコブセンチュウ罹病性トマト植物（マニーメーカー）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F₂分離集団で、前記多型をホモ接合で保有する個体および前記多型をヘテロ接合で保有する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。

[0178] その結果、第4染色体において、根こぶ程度と相関の高い領域が1箇所特定された。前記領域は、SNPマーカーsolcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390で特定されるSNPを含む領域である。この結果から、新規なネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、第4染色体に座乗することが明らかとなった。前述のように、既知のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座は、第6番染色体または第12番染色体に座乗するため、本発明におけるネコブセンチュウ遺伝子座は、既知の抵抗性遺伝子座とは異なる新規の抵抗性遺伝子座であることが明らかとなった。

[0179] [実施例3]

前記実施例1の前記141系統と同様の方法により、新たに、F₂分離集団96個体（以下、96系統という）を得た。そして、前記96系統について、前記実施例2と同様の方法により、SNPアッセイを行い、SNPマーカーsolcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、H

T12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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、前記実施例1と同様にして、ネコブセンチュウの接種試験を行った。この結果を表2に示す。表2において、抵抗性ホモは、前記SNPマーカを抵抗性型ホモ接合で保有する個体を示し、ヘテロは、前記SNPマーカをヘテロ接合で保有する個体を示し、罹病性ホモは、前記SNPマーカを罹病性型ホモ接合で保有する個体を示す。表2に示すように、抵抗性ホモおよびヘテロは、いずれの個体も、根こぶ程度が1以下であった。この結果から、前記SNPマーカが、ネコブセンチュウ抵抗性を担っていることが確認できた。

[0180] [表2]

	根こぶ程度					個体の 合計	根こぶ程度 1以下の割合
	0	1	2	3	4		
抵抗性ホモ	22 個体	3 個体	0 個体	0 個体	0 個体	25 個体	100%
ヘテロ	40 個体	5 個体	0 個体	0 個体	0 個体	45 個体	100%
罹病性ホモ	0 個体	0 個体	1 個体	6 個体	19 個体	26 個体	0%

[0181] つぎに、前記SNPマーカを抵抗性型ホモ接合で保有する個体と、前記SNPマーカを罹病性型ホモ接合で保有する個体を、前記F2分離集団96系統からそれぞれ3個体ずつ選抜し、自殖交配を行い、F3集団6系統の種子を得た。

[0182] 前記F3集団6系統の種子を用いて、各系統10個体を、前記実施例1と同様にして、アレナリアネコブセンチュウ (*M. arenaria*)、ジャワネコブセンチュウ (*M. javanica*) の接種試験およびこれらに対する抵抗性の評価を行った。

[0183] その結果、前記SNPマーカを抵抗性型ホモ接合で保有する全ての供試個体で、根こぶ程度が1以下となり、抵抗性であることが確認できた。また、前記SNPマーカを罹病性型ホモ接合で保有する全ての供試個体で、根こぶ程度が3以上となり、罹病性であることが確認できた。このことから、

前記抵抗性遺伝子座に座乗する抵抗性遺伝子は、サツマイモネコブセンチュウのみならず、アレナリアネコブセンチュウ、ジャワネコブセンチュウにも抵抗性を示すことが明らかとなった。

[0184] [実施例 4]

前記実施例 1 の前記 70 系統と同様の方法により、新たに、F2 分離集団 62 個体（以下、「62 系統」ともいう。）を得た。そして、前記 62 系統について、前記実施例 2 と同様の方法により、SNP アッセイを行い、SNP マーカー `solcap__snp__sl__21346`、`solcap__snp__sl__21364`、TK43、YU06、YK66、TY38、ARO2、HT12、`solcap__snp__sl__64250`、`solcap__snp__sl__21383`、`solcap__snp__sl__21385`、および `solcap__snp__sl__21390` 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、前記実施例 1 と同様にして、ネコブセンチュウの接種試験を行った。この結果を表 3 に示す。表 3 において、抵抗性ホモは、前記 SNP マーカーを抵抗性型ホモ接合で保有する個体を示し、ヘテロは、前記 SNP マーカーをヘテロ接合で保有する個体を示し、罹病性ホモは、前記 SNP マーカーを罹病性型ホモ接合で保有する個体を示す。表 3 に示すように、抵抗性ホモおよびヘテロは、いずれの個体も、根こぶ程度が 1 以下であった。この結果から、前記 SNP マーカーが、ネコブセンチュウ抵抗性を担っていることが確認できた。

[0185] [表 3]

	根こぶ程度					個体の 合計	根こぶ程度 1 以下の割合
	0	1	2	3	4		
抵抗性ホモ	11 個体	2 個体	0 個体	0 個体	0 個体	13 個体	100%
ヘテロ	32 個体	2 個体	0 個体	0 個体	0 個体	34 個体	100%
罹病性ホモ	0 個体	0 個体	0 個体	4 個体	11 個体	15 個体	0%

[0186] つぎに、前記 SNP マーカーを抵抗性型ホモ接合で保有する個体と、前記 SNP マーカーを罹病性型ホモ接合で保有する個体を、前記 F2 分離集団 62 系統からそれぞれ 3 個体ずつ選抜し、自殖交配を行い、F3 集団 6 系統の

種子を得た。

[0187] 前記F 3集団6系統の種子を用いて、各系統10個体を、前記実施例1と同様にして、アレナリアネコブセンチュウ (*M. arenaria*)、ジャワネコブセンチュウ (*M. javanica*) の接種試験およびこれらに対する抵抗性の評価を行った。

[0188] その結果、前記SNPマーカーを抵抗性型ホモ接合で保有する全ての供試個体で、根こぶ程度が1以下となり、抵抗性であることが確認できた。また、前記SNPマーカーを罹病性型ホモ接合で保有する全ての供試個体で、根こぶ程度が3以上となり、罹病性であることが確認できた。このことから、前記抵抗性遺伝子座に座乗する抵抗性遺伝子は、サツマイモネコブセンチュウのみならず、アレナリアネコブセンチュウ、ジャワネコブセンチュウにも抵抗性を示すことが明らかとなった。

[0189] [実施例5]

F 2分離集団を作製し、前記SNPマーカーとネコブセンチュウ抵抗性との相関性を確認した。

[0190] 前記実施例1の前記141系統と同様の方法により、新たに、F 2分離集団を得た。そして、得られた前記F 2分離集団について、前記実施例2と同様の方法により、SNPマーカー *solcap__snp__sl__21346* および *solcap__snp__sl__21390* に対応する多型の塩基を特定した。さらに、前記F 2分離集団から、特定した前記SNPマーカーの遺伝子型が互いに異なる7個体（植物体1～7、以下、「7系統」ともいう。）を選択した。そして、前記7系統について、前記実施例2と同様の方法により、SNPアッセイを行い、SNPマーカー、*solcap__snp__sl__21364*、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、*solcap__snp__sl__64250*、*solcap__snp__sl__21383*、および *solcap__snp__sl__21385* 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、前記実施例1と同様にして、ネコブセンチュウの接種試験を行った。この結果を表4に示す。表

4において、Aは、前記SNPマーカを抵抗性型ホモ接合で保有することを示し、Hは、前記SNPマーカをヘテロ接合で保有することを示し、Bは、前記SNPマーカを罹病性型ホモ接合で保有することを示す。また、表4において、AおよびHは、網掛けで示している。表4に示すように、YK66、TY38、AR02、およびHT12が、抵抗性型ホモ接合（A）またはヘテロ接合（H）である個体においては、いずれの個体も、根こぶ程度が1以下であった。これらの結果から、前記SNPマーカの中でも、YK66、TY38、AR02、およびHT12が、ネコブセンチュウ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、YK66、TY38、AR02、およびHT12と高い相関性を示すことから、前記SNPマーカを含む領域であるYU06およびsolcap__snp__sl__64250の部位間の領域が、ネコブセンチュウ抵抗性と高い相関性を示すことがわかった。

[0191]

[表4]

	solcap_snp sl 21346	solcap_snp sl 21364	TK43	YU06	YK66	TY38	AR02	HT12	solcap_snp sl 64250	solcap_snp sl 21383	solcap_snp sl 21385	solcap_snp sl 21390	根こぶ程度
植物体1	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	A	0
植物体2	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	H	0
植物体3	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	B	3
植物体4	B	B	B	B	H	H	H	H	H	H	H	H	0
植物体5	H	H	H	H	H	H	H	H	B	B	B	B	0
植物体6	B	B	B	B	B	B	B	B	H	H	H	H	3
植物体7	H	H	H	H	B	B	B	B	B	B	B	B	4

[0192] 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。

[0193] この出願は、2013年7月5日に提出された日本出願特願2013-141865を基礎とする優先権を主張し、その開示の全てをここに取り込む。

産業上の利用可能性

[0194] 以上のように、本発明のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーによれば、例えば、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を簡単にスクリーニングできる。また、本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、前記第4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むため、例えば、生育環境の温度条件に依存することなく、ネコブセンチュウ抵抗性を示すことが可能である。また、本発明のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物は、例えば、優性の抵抗性遺伝子座を有することから、他のトマト植物との交雑によっても、優性のネコブセンチュウ抵抗性を示す後代を得ることができる。また、従来のような土壌処理が不要であるため、例えば、前記土壌処理による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4染色体上のネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むことを特徴とする、トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。
- [請求項2] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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、請求項1記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。
- [請求項3] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、YK66、TY38、AR02、およびHT12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、請求項2記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。
- [請求項4] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記(a)～(k)および(l)からなる群から選択された少なくとも1つのポリヌクレオチドで特定される、請求項1記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。
- (a) 下記(a1)のポリヌクレオチド
 - (a1) 配列番号15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17の塩基配列からなるポリヌクレオチド
 - (c) 下記(c1)のポリヌクレオチド
 - (c1) 配列番号18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19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

(e 1) 配列番号 2 1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(f) 下記 (f 1) のポリヌクレオチド

(f 1) 配列番号 2 2 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(g) 下記 (g 1) のポリヌクレオチド

(g 1) 配列番号 2 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(h) 下記 (h 1) のポリヌクレオチド

(h 1) 配列番号 2 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(i) 下記 (i 1) のポリヌクレオチド

(i 1) 配列番号 1 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(j) 下記 (j 1) のポリヌクレオチド

(j 1) 配列番号 1 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(k) 下記 (k 1) のポリヌクレオチド

(k 1) 配列番号 1 6 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(l) 下記 (l 1) のポリヌクレオチド

(l 1) 配列番号 2 0 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項5] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記 (e) ~ (g) および (h) 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 4 記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。

[請求項6] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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 記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカー。

[請求項7] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記領域の塩基配列におい

て、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有する、請求項6記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカ。

[請求項8] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記条件(i)を満たす、請求項6または7記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカ。

条件(i)

前記染色体における、YU06およびsolcap__snp__sl__64250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、YK66、TY38、AR02、およびHT12からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有する

[請求項9] さらに、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記(ii)～(iv)および(v)からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たす、請求項8記載のトマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカ。

条件(ii)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21364およびYK66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、TK43およびYU06の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件(iii)

前記染色体における、HT12およびsolcap__snp__sl__21385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__64250およびsolcap__snp__sl__21383の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件 (iv)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21346およびTK43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__21346およびsolcap__snp__sl__21364の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件 (v)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21383およびsolcap__snp__sl__21390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__21385およびsolcap__snp__sl__21390の少なくとも一方のSNPマーカを有する

[請求項10] 第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有することを特徴とする、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項11] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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、請求項10記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項12] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、YK66、TY38、AR02、およびHT12からなる群から選択された少なくとも一つのS

N P マーカーで特定される、請求項 1 1 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項13] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記 (a) ~ (k) および (l) 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 0 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

(a) 下記 (a 1) のポリヌクレオチド

(a 1) 配列番号 1 5 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b) 下記 (b 1) のポリヌクレオチド

(b 1) 配列番号 1 7 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c) 下記 (c 1) のポリヌクレオチド

(c 1) 配列番号 1 8 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(d) 下記 (d 1) のポリヌクレオチド

(d 1) 配列番号 1 9 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e) 下記 (e 1) のポリヌクレオチド

(e 1) 配列番号 2 1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(f) 下記 (f 1) のポリヌクレオチド

(f 1) 配列番号 2 2 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(g) 下記 (g 1) のポリヌクレオチド

(g 1) 配列番号 2 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(h) 下記 (h 1) のポリヌクレオチド

(h 1) 配列番号 2 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(i) 下記 (i 1) のポリヌクレオチド

(i 1) 配列番号 1 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(j) 下記 (j 1) のポリヌクレオチド

(j 1) 配列番号 1 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(k) 下記 (k 1) のポリヌクレオチド

(k 1) 配列番号 1 6 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(I) 下記 (I 1) のポリヌクレオチド

(I 1) 配列番号 20 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項14] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記 (e) ~ (g) および (h) 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 13 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項15] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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 10 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項16] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記領域の塩基配列における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカーを有する、請求項 15 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項17] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記条件 (i) を満たす、請求項 15 または 16 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

条件 (i)

前記染色体における、YU06 および solcap__snp__sl__64250 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、YK66、TY38、AR02、およ

びHT12からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカ
ーを有する

[請求項18] さらに、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記(ii)～(iv)
)および(v)からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満
たす、請求項17記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

条件(ii)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21364およ
びYK66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、TK43およびYU06の少なくとも
一方のSNPマーカ―を有する

条件(iii)

前記染色体における、HT12およびsolcap__snp__sl__
21385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__642
50およびsolcap__snp__sl__21383の少なくとも一
方のSNPマーカ―を有する

条件(iv)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21346およ
びTK43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__213
46およびsolcap__snp__sl__21364の少なくとも一
方のSNPマーカ―を有する

条件(v)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21383およ
びsolcap__snp__sl__21390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__213
85およびsolcap__snp__sl__21390の少なくとも一

方のSNPマーカを有する

[請求項19] 前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物が、受託番号FERMBP-22251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10から18のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項20] 前記ネコブセンチュウ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10から19のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項21] 前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物が、種子である、請求項10から20のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物。

[請求項22] 下記(a)および(b)工程を含むことを特徴とする、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

(a) 請求項10から21のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ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、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を選抜する工程

[請求項23] 前記(a)工程に先立って、下記(x)工程を有する、請求項22記載のネコブセンチュウ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10から21のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物を選抜する工程

[請求項24] 前記(x)工程における前記選抜が、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座

を有するトマト植物の選抜である、請求項 2 3 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項25] 前記 (x) 工程における前記選抜が、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、および H T 1 2 からなる群から選択された少なくとも一つの S N P マーカーで特定されるネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項 2 4 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項26] 前記 (x) 工程における前記選抜が、下記 (a) ~ (k) および (l) 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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項 2 3 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

(a) 下記 (a 1) のポリヌクレオチド

(a 1) 配列番号 1 5 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b) 下記 (b 1) のポリヌクレオチド

(b 1) 配列番号 1 7 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c) 下記 (c 1) のポリヌクレオチド

(c 1) 配列番号 1 8 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(d) 下記 (d 1) のポリヌクレオチド

(d 1) 配列番号 1 9 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e) 下記 (e 1) のポリヌクレオチド

(e 1) 配列番号 2 1 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(f) 下記 (f 1) のポリヌクレオチド

(f 1) 配列番号 2 2 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(g) 下記 (g 1) のポリヌクレオチド

(g 1) 配列番号 2 3 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(h) 下記 (h 1) のポリヌクレオチド

(h 1) 配列番号 2 4 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(i) 下記(i 1)のポリヌクレオチド

(i 1) 配列番号13の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(j) 下記(j 1)のポリヌクレオチド

(j 1) 配列番号14の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(k) 下記(k 1)のポリヌクレオチド

(k 1) 配列番号16の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(l) 下記(l 1)のポリヌクレオチド

(l 1) 配列番号20の塩基配列からなるポリヌクレオチド

[請求項27] 前記(x)工程における前記選抜が、前記(e)～(g)および(h)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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項26記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項28] 前記(x)工程における前記選抜が、前記染色体における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項23記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項29] 前記(x)工程における前記選抜が、前記領域の塩基配列において、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からな

る群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有するネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項28記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項30] 前記(x)工程における前記選抜が、下記条件(i)を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項28または29記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

条件(i)

前記染色体における、YU06およびsolcap__snp__sl__64250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、YK66、TY38、AR02、およびHT12からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有する

[請求項31] さらに、前記(x)工程における前記選抜が、下記(ii)～(iv)および(v)からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項30記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

条件(ii)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21364およびYK66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、TK43およびYU06の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件(iii)

前記染色体における、HT12およびsolcap__snp__sl__21385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__64250およびsolcap__snp__sl__21383の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件 (iv)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21346およびTK43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__21346およびsolcap__snp__sl__21364の少なくとも一方のSNPマーカを有する

条件 (v)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21383およびsolcap__snp__sl__21390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__21385およびsolcap__snp__sl__21390の少なくとも一方のSNPマーカを有する

[請求項32]

前記 (b) 工程における前記選抜が、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項22から31のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項33]

前記 (b) 工程における前記選抜が、YK66、TY38、AR02、およびHT12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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項32記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項34]

前記 (b) 工程における前記選抜が、下記 (a) ~ (k) および (l

）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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項 22 から 31 のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

(a) 下記 (a 1) のポリヌクレオチド

(a 1) 配列番号 15 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(b) 下記 (b 1) のポリヌクレオチド

(b 1) 配列番号 17 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(c) 下記 (c 1) のポリヌクレオチド

(c 1) 配列番号 18 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(d) 下記 (d 1) のポリヌクレオチド

(d 1) 配列番号 19 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(e) 下記 (e 1) のポリヌクレオチド

(e 1) 配列番号 21 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(f) 下記 (f 1) のポリヌクレオチド

(f 1) 配列番号 22 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(g) 下記 (g 1) のポリヌクレオチド

(g 1) 配列番号 23 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(h) 下記 (h 1) のポリヌクレオチド

(h 1) 配列番号 24 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(i) 下記 (i 1) のポリヌクレオチド

(i 1) 配列番号 13 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(j) 下記 (j 1) のポリヌクレオチド

(j 1) 配列番号 14 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(k) 下記 (k 1) のポリヌクレオチド

(k 1) 配列番号 16 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

(l) 下記 (l 1) のポリヌクレオチド

(l 1) 配列番号 20 の塩基配列からなるポリヌクレオチド

- [請求項35] 前記（b）工程における前記選抜が、前記（e）～（g）および（h）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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項34記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項36] 前記（b）工程における前記選抜が、前記染色体における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項22から31のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項37] 前記（b）工程における前記選抜が、前記領域の塩基配列において、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有するネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項36記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。
- [請求項38] 前記（b）工程における前記選抜が、下記条件（i）を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項36または37記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法

。

条件 (i)

前記染色体における、Y U 0 6 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 6 4 2 5 0 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、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、および H T 1 2 からなる群から選択された少なくとも一つの S N P マーカーを有する

[請求項39]

さらに、前記 (b) 工程における前記選抜が、下記 (ii) ~ (iv) および (v) からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たすネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を有するトマト植物の選抜である、請求項 3 8 記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

条件 (ii)

前記染色体における、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 6 4 および Y K 6 6 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、T K 4 3 および Y U 0 6 の少なくとも一方の S N P マーカーを有する

条件 (iii)

前記染色体における、H T 1 2 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 5 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、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 6 4 2 5 0 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 8 3 の少なくとも一方の S N P マーカーを有する

条件 (iv)

前記染色体における、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 4 6 および T K 4 3 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、s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 4 6 および s o l c a p _ _ s n p _ _ s l _ _ 2 1 3 6 4 の少なくとも一方の S N P マーカーを有する

条件 (v)

前記染色体における、solcap__snp__sl__21383およびsolcap__snp__sl__21390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__21385およびsolcap__snp__sl__21390の少なくとも一方のSNPマーカーを有する

[請求項40] 前記 (a) 工程の前記ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物が、受託番号FERM BP-22251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22から39のいずれか一項に記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物の製造方法。

[請求項41] 交雑によりネコブセンチュウ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、トマト植物のネコブセンチュウ抵抗性マーカーとして第4染色体上にネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座を含むトマト植物を選抜する工程を含むことを特徴とする、ネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

[請求項42] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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、請求項41記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

[請求項43] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、YK66、TY38、AR02、およびHT12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、請求項42記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

[請求項44] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記（a）～（k）および（l）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41記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

（a） 下記（a1）のポリヌクレオチド

（a1） 配列番号15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17の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（c） 下記（c1）のポリヌクレオチド

（c1） 配列番号18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19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21の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（f） 下記（f1）のポリヌクレオチド

（f1） 配列番号22の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（g） 下記（g1）のポリヌクレオチド

（g1） 配列番号23の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（h） 下記（h1）のポリヌクレオチド

（h1） 配列番号24の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（i） 下記（i1）のポリヌクレオチド

（i1） 配列番号13の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（j） 下記（j1）のポリヌクレオチド

（j1） 配列番号14の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（k） 下記（k1）のポリヌクレオチド

（k1） 配列番号16の塩基配列からなるポリヌクレオチド

（l） 下記（l1）のポリヌクレオチド

（l1） 配列番号20の塩基配列からなるポリヌクレオチド

- [請求項45] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記（e）～（g）および（h）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44記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。
- [請求項46] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記染色体における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390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41記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。
- [請求項47] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、前記領域の塩基配列における、solcap__snp__sl__21346、solcap__snp__sl__21364、TK43、YU06、YK66、TY38、AR02、HT12、solcap__snp__sl__64250、solcap__snp__sl__21383、solcap__snp__sl__21385、およびsolcap__snp__sl__21390からなる群から選択された少なくとも一つのSNPマーカを有する、請求項46記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。
- [請求項48] 前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記条件（i）を満たす、請求項46または47記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。
- 条件（i）
- 前記染色体における、YU06およびsolcap__snp__sl__64250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、Y K 6 6、T Y 3 8、A R 0 2、およびH T 1 2 からなる群から選択された少なくとも一つのS N P マーカーを有する

[請求項49] さらに、前記ネコブセンチュウ抵抗性遺伝子座が、下記 (ii) ~ (iv) および (v) からなる群から選択された少なくとも一つの条件を満たす、請求項48記載のネコブセンチュウ抵抗性トマト植物のスクリーニング方法。

条件 (ii)

前記染色体における、s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 6 4 およびY K 6 6 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、T K 4 3 およびY U 0 6 の少なくとも一方のS N P マーカーを有する

条件 (iii)

前記染色体における、H T 1 2 およびs o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 8 5 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、s o l c a p _ s n p _ s l _ 6 4 2 5 0 およびs o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 8 3 の少なくとも一方のS N P マーカーを有する

条件 (iv)

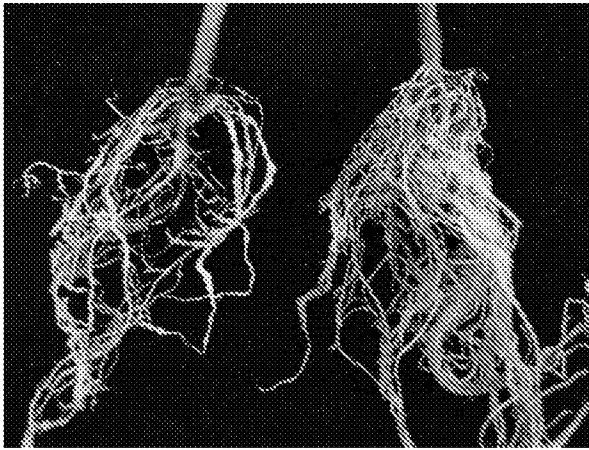
前記染色体における、s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 4 6 およびT K 4 3 の部位間の領域の塩基配列を含み、且つ、
前記領域の塩基配列において、s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 4 6、およびs o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 6 4 の少なくとも一方のS N P マーカーを有する

条件 (v)

前記染色体における、s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 8 3 およびs o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 9 0 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、s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3
8 5 および s o l c a p _ s n p _ s l _ 2 1 3 9 0 の少なくとも一
方の S N P マーカーを有する

[図1]



根こぶ程度4
(Bバリア)

根こぶ程度0
(寄託系統)

[図2]

上流側

— solcap_snp_sl_21346
— solcap_snp_sl_21364
— TK43
— YU06
— YK66
— TY38
— AR02
— HT12
— solcap_snp_sl_64250
— solcap_snp_sl_21383
— solcap_snp_sl_21385
— solcap_snp_sl_21390

下流側

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2014/067982

A. CLASSIFICATION OF SUBJECT MATTER

C12N15/09(2006.01)i, A01H1/02(2006.01)i, C12Q1/68(2006.01)i

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)

C12N15/09, A01H1/02, C12Q1/68

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	1996-2014
Kokai Jitsuyo Shinan Koho	1971-2014	Toroku Jitsuyo Shinan Koho	1994-2014

Electronic data base consulted during the international search (name of data base and, where practicable, search terms used)

CAPLUS/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS (STN), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq,
UniProt/GeneSeq, CiNii, WPI

C. DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	WO 2008/091153 A1 (WAGENINGEN UNIVERSITEIT), 31 July 2008 (31.07.2008), sequence no.28, 30, 32, 34; page 25, table 1; fig. 1; claims 22 to 23 & US 2010/0162437 A1 & EP 2111411 A & CN 101679492 A	1-49
A	WO 2008/091154 A1 (COOPERATIE AVEBE U.A.), 31 July 2008 (31.07.2008), sequence no.20, 41, 56; page 75, table 1 & US 2010/0146662 A1 & EP 1949785 A1 & EP 2152063 A & AU 2008208141 A & MX 2009007712 A & CA 2674940 A & CN 101662932 A	1-49

☒ Further documents are listed in the continuation of Box C.

☐ See patent family annex.

* Special categories of cited documents:

"A" document defining the general state of the art which is not considered to be of particular relevance

"E" earlier application or patent but published on or after the international filing date

"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)

"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

"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

"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

"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

"&" document member of the same patent family

Date of the actual completion of the international search
22 September, 2014 (22.09.14)

Date of mailing of the international search report
07 October, 2014 (07.10.14)

Name and mailing address of the ISA/
Japanese Patent Office

Authorized officer

Facsimile No.

Telephone No.

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2014/067982

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	US 2004/0006787 A1 (GREGORY B. MARTIN), 08 January 2004 (08.01.2004), sequence no.138; claims 9 to 14 (Family: none)	1-49
A	WO 01/18191 A2 (THE UNIVERSITY COURT OF THE UNIVERSITY OF GLASGOW), 15 March 2001 (15.03.2001), sequence no.10, 30; claims 22 to 24, 29 & GB 9920816 D & AU 6859500 A	1-49
A	VOS P. et al., The tomato Mi-1 gene confers resistance to both root-knot nematodes and potato aphids., Nat Biotechnol, 1998, Vol.16, No.13, p.1365-1369	1-49
A	JP 2001-500006 A (Keygene N.V.), 09 January 2001 (09.01.2001), & JP 2008-289481 A & US 6613962 B1 & EP 823481 A1 & EP 937155 A & EP 1493817 A1 & WO 1998/006750 A2 & DE 69731221 D & DE 69731221 T & DE 69740090 D & AU 4454097 A & PL 331542 A & BR 9711048 A & IL 128198 A & NZ 334077 A & CA 2262411 A & TR 9900277 T & AU 735063 B & RU 2221044 C & AT 279523 T & DK 937155 T & ES 2231891 T & PT 937155 E & HU 9902900 A & KR 10-2000-0029896 A & MX 9901354 A & AT 493499 T & DK 1493817 T & ES 2356630 T & PT 1493817 E	1-49
A	JP 2005-237380 A (Seminis Vegetable Seeds, Inc.), 08 September 2005 (08.09.2005), & JP 2009-183308 A & JP 2011-41569 A & US 2005/0278804 A1 & US 2010/0212048 A1 & EP 1563727 A1 & EP 2316261 A2 & WO 2005/079342 A2 & CA 2556186 A & KR 10-2007-0024489 A & CN 1946285 A & BRA PI0507688 & ZA 200606879 A & AU 2005214722 A & NZ 549538 A & IL 177460 A & KR 10-2010-0117688 A & MA 29128 B & MX PA06009273 A & IL 213779 D & IL 215927 D	1-49
A	YAGHOUBI J. et al., Fine mapping of the nematode resistance gene Mi-3 in Solanum peruvianum and construction of a S. lycopersicum DNA contig spanning the locus., Mol Genet Genomics, 2005, Vol.274, No.13, p.60- 69	1-49

INTERNATIONAL SEARCH REPORT

International application No.

PCT/JP2014/067982

C (Continuation). DOCUMENTS CONSIDERED TO BE RELEVANT

Category*	Citation of document, with indication, where appropriate, of the relevant passages	Relevant to claim No.
A	JABLONSKA B. et al., The Mi-9 Gene from Solanum arcanum Conferring Heat-Stable Resistance to Root-Knot Nematodes Is a Homolog of Mi-1., Plant Physiol, 2007, Vol.143, No.2, p.1044-1054	1-49
A	ARENS P. et al., Development and evaluation of robust molecular markers linked to disease resistance in tomato for distinctness, uniformity and stability testing., Theor Appl Genet, 2010, Vol.120, No.3, p.655-664	1-49

A. 発明の属する分野の分類（国際特許分類（I P C））

Int.Cl. C12N15/09(2006.01)i, A01H1/02(2006.01)i, C12Q1/68(2006.01)i

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（I P C））

Int.Cl. C12N15/09, A01H1/02, C12Q1/68

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	1 9 2 2 - 1 9 9 6 年
日本国公開実用新案公報	1 9 7 1 - 2 0 1 4 年
日本国実用新案登録公報	1 9 9 6 - 2 0 1 4 年
日本国登録実用新案公報	1 9 9 4 - 2 0 1 4 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）

CAplus/MEDLINE/EMBASE/BIOSIS(STN), GenBank/EMBL/DDBJ/GeneSeq, UniProt/GeneSeq, CiNii, WPI

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	WO 2008/091153 A1 (WAGENINGEN UNIVERSITEIT) 2008.07.31, 配列番号 28, 30, 32, 34、第 25 頁表 1、図 1、請求項 22-23 & US 2010/0162437 A1 & EP 2111411 A & CN 101679492 A	1-49
A	WO 2008/091154 A1 (COOPERATIE AVEBE U.A.) 2008.07.31, 配列番号 20, 41, 56、第 75 頁表 1 & US 2010/0146662 A1 & EP 1949785 A1 & EP 2152063 A & AU 2008208141 A & MX 2009007712 A & CA 2674940 A & CN 101662932 A	1-49

☒ C 欄の続きにも文献が列挙されている。☐ パテントファミリーに関する別紙を参照。

* 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

2 2 . 0 9 . 2 0 1 4

国際調査報告の発送日

0 7 . 1 0 . 2 0 1 4

国際調査機関の名称及びあて先

日本国特許庁（I S A / J P）

郵便番号 1 0 0 - 8 9 1 5

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）

上 條 肇

電話番号 0 3 - 3 5 8 1 - 1 1 0 1 内線 3 4 8 8

4 N

9 4 5 3

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	US 2004/0006787 A1 (GREGORY B. MARTIN) 2004.01.08, 配列番号 138、請求項 9-14 (ファミリーなし)	1-49
A	WO 01/18191 A2 (THE UNIVERSITY COURT OF THE UNIVERSITY OF GLASGOW) 2001.03.15, 配列番号 10, 30、請求項 22-24, 29 & GB 9920816 D & AU 6859500 A	1-49
A	VOS P. et al., The tomato Mi-1 gene confers resistance to both root-knot nematodes and potato aphids., Nat Biotechnol, 1998, Vol.16, No.13, p.1365-1369	1-49
A	JP 2001-500006 A (ケイヘーネ・エヌ・ブイ) 2001.01.09, & JP 2008-289481 A & US 6613962 B1 & EP 823481 A1 & EP 937155 A & EP 1493817 A1 & WO 1998/006750 A2 & DE 69731221 D & DE 69731221 T & DE 69740090 D & AU 4454097 A & PL 331542 A & BR 9711048 A & IL 128198 A & NZ 334077 A & CA 2262411 A & TR 9900277 T & AU 735063 B & RU 2221044 C & AT 279523 T & DK 937155 T & ES 2231891 T & PT 937155 E & HU 9902900 A & KR 10-2000-0029896 A & MX 9901354 A & AT 493499 T & DK 1493817 T & ES 2356630 T & PT 1493817 E	1-49
A	JP 2005-237380 A (セミニス・ベジタブル・シーズ・インコーポレ イテッド) 2005.09.08, & JP 2009-183308 A & JP 2011-41569 A & US 2005/0278804 A1 & US 2010/0212048 A1 & EP 1563727 A1 & EP 2316261 A2 & WO 2005/079342 A2 & CA 2556186 A & KR 10-2007-0024489 A & CN 1946285 A & BRA PI0507688 & ZA 200606879 A & AU 2005214722 A & NZ 549538 A & IL 177460 A & KR 10-2010-0117688 A & MA 29128 B & MX PA06009273 A & IL 213779 D & IL 215927 D	1-49
A	YAGHOUBI J. et al., Fine mapping of the nematode resistance gene Mi-3 in Solanum peruvianum and construction of a S. lycopersicum DNA contig spanning the locus., Mol Genet Genomics, 2005, Vol.274, No.13, p.60-69	1-49

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	JABLONSKA B. et al., The Mi-9 Gene from Solanum arcanum Conferring Heat-Stable Resistance to Root-Knot Nematodes Is a Homolog of Mi-1., Plant Physiol, 2007, Vol.143, No.2, p. 1044-1054	1-49
A	ARENS P. et al., Development and evaluation of robust molecular markers linked to disease resistance in tomato for distinctness, uniformity and stability testing., Theor Appl Genet, 2010, Vol.120, No. 3, p.655-664	1-49