

【公報種別】特許法第 17 条の 2 の規定による補正の掲載

【部門区分】第 1 部門第 1 区分

【発行日】平成30年11月22日(2018.11.22)

【公表番号】特表2017-534275(P2017-534275A)

【公表日】平成29年11月24日(2017.11.24)

【年通号数】公開・登録公報2017-045

【出願番号】特願2017-520459(P2017-520459)

【国際特許分類】

A 0 1 H 5/00 (2018.01)

A 0 1 H 1/00 (2006.01)

C 1 2 Q 1/68 (2018.01)

A 0 1 H 5/10 (2018.01)

A 0 1 H 5/08 (2018.01)

C 1 2 N 15/09 (2006.01)

【F I】

A 0 1 H 5/00 Z

A 0 1 H 1/00 Z N A Z

C 1 2 Q 1/68 A

A 0 1 H 5/10

A 0 1 H 5/08

C 1 2 N 15/00 A

【手続補正書】

【提出日】平成30年10月9日(2018.10.9)

【手続補正 1】

【補正対象書類名】特許請求の範囲

【補正対象項目名】全文

【補正方法】変更

【補正の内容】

【特許請求の範囲】

【請求項 1】

6 番染色体上に野生キュウリまたはキュウリの近縁野生種に由来する移入断片をホモ接合型またはヘテロ接合型で含んでなる栽培キュウリ変種サティウス(sativus)植物体であって、前記移入断片によってキュウリ果実収量が増加しており、前記移入断片が、NCIMB 42262として寄託された種子から栽培された栽培植物体を栽培キュウリ植物と交配することにより得ることができるものであり、6 番染色体上の前記移入断片が

- 、
- a) 配列番号 12 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_12 の AG 遺伝型または AA 遺伝型、
  - b) 配列番号 13 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_13 の AG 遺伝型または AA 遺伝型、
  - c) 配列番号 14 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_14 の AG 遺伝型または GG 遺伝型、
  - d) 配列番号 15 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_15 の CT 遺伝型または TT 遺伝型、
  - e) 配列番号 16 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_16 の AG 遺伝型または AA 遺伝型、
  - f) 配列番号 17 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_17 の CT 遺伝型または TT 遺伝型、
  - g) 配列番号 18 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_18 の CT 遺伝型または CC 遺伝型、
  - h) 配列番号 19 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_19 の AC 遺伝型または AA 遺伝型、
  - i) 配列番号 20 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_20 の AC 遺伝型または AA 遺伝型、
  - j) 配列番号 21 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_21 の AG 遺伝型または GG 遺伝型、
  - k) 配列番号 22 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_22 の CT 遺伝型または CC 遺伝型、
  - l) 配列番号 23 内の一塩基多型マーカー SNP\_\_23 の AG 遺伝型または AA 遺伝型、

m) 配列番号 24 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 24 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 n) 配列番号 25 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 25 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 o) 配列番号 26 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 26 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 p) 配列番号 27 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 27 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 q) 配列番号 28 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 28 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 r) 配列番号 29 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 29 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 s) 配列番号 30 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 30 の G T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 からなる群より選択されるマーカーのうちの少なくとも 1 個のマーカー、好ましくは少なくとも 2 個または 3 個のマーカーを検出する分子マーカーアッセイによって検出可能である、植物体。

【請求項 2】

前記のキュウリ果実収量の増加が、同じ環境下で栽培されたときの前記移入断片を持っていない遺伝的対照系統と比較して、前記移入断片を含んでなる前記植物系統の有意に高い植物体当たりの平均果実数 ( F r P P )、および / または同じ環境下で栽培されたときの前記移入断片を持っていない遺伝的対照系統と比較して、前記移入断片を含んでなる前記植物系統の有意に高い植物体当たりの平均果実重量 ( G r P P ) として表現型の上で表される、請求項 1 に記載の植物体。

【請求項 3】

6 番染色体上の前記移入断片が、

a) 配列番号 12 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 12 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 b) 配列番号 13 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 13 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 c) 配列番号 14 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 14 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 d) 配列番号 15 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 15 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 e) 配列番号 16 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 16 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 f) 配列番号 17 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 17 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 g) 配列番号 18 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 18 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 h) 配列番号 19 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 19 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 i) 配列番号 20 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 20 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 j) 配列番号 21 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 21 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 k) 配列番号 22 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 22 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 l) 配列番号 23 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 23 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 m) 配列番号 24 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 24 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 n) 配列番号 25 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 25 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 o) 配列番号 26 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 26 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 p) 配列番号 27 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 27 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 q) 配列番号 28 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 28 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 r) 配列番号 29 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 29 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 s) 配列番号 30 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 30 の G T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 からなる群より選択されるマーカーのうちの少なくとも 3 個のマーカーを検出する分子マーカーアッセイによって検出可能である、請求項 1 または 2 に記載の植物体。

【請求項 4】

2 番染色体上に移入断片をホモ接合型またはヘテロ接合型でさらに含んでなり、前記移入断片によってキュウリ果実収量が増加し、且つ、前記移入断片が、

a) 配列番号 1 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 01 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 b) 配列番号 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 02 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 c) 配列番号 3 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 03 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 d) 配列番号 4 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 04 の G T 遺伝型または G G 遺伝型、  
 e) 配列番号 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 05 の A C 遺伝型または C C 遺伝型、  
 f) 配列番号 6 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 06 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 g) 配列番号 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 07 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、

h) 配列番号 8 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 8 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 i) 配列番号 9 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 9 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 j) 配列番号 1 0 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 0 の G T 遺伝型または G G 遺伝型、  
 k) 配列番号 1 1 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 1 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 からなる群より選択されるマーカーのうちの少なくとも 1 個のマーカー、好ましくは少なくとも 2 個または 3 個のマーカーを検出する分子マーカーアッセイによって検出可能である、請求項 1 ~ 3 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 5】

6 番染色体上の前記移入断片が、

a) 配列番号 1 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 2 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 b) 配列番号 1 3 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 3 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 c) 配列番号 1 4 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 4 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 d) 配列番号 1 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 5 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 e) 配列番号 1 6 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 6 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 f) 配列番号 1 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 7 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 g) 配列番号 1 8 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 8 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 h) 配列番号 1 9 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 9 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 i) 配列番号 2 0 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 0 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 j) 配列番号 2 1 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 1 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 k) 配列番号 2 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 2 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 l) 配列番号 2 3 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 3 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 m) 配列番号 2 4 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 4 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 n) 配列番号 2 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 5 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 o) 配列番号 2 6 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 6 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 p) 配列番号 2 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 7 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 q) 配列番号 2 8 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 8 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 r) 配列番号 2 9 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 2 9 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 および

s) 配列番号 3 0 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 3 0 の G T 遺伝型または T T 遺伝型  
 からなる群より選択される少なくとも 2 連続、3 連続、または 4 連続のマーカーを検出する分子マーカーアッセイによって検出可能である、請求項 1 ~ 4 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 6】

2 番染色体上の前記移入断片が、

a) 配列番号 1 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 1 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 b) 配列番号 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 2 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 c) 配列番号 3 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 3 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 d) 配列番号 4 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 4 の G T 遺伝型または G G 遺伝型、  
 e) 配列番号 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 5 の A C 遺伝型または C C 遺伝型、  
 f) 配列番号 6 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 6 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 g) 配列番号 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 7 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 h) 配列番号 8 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 8 の C T 遺伝型または T T 遺伝型、  
 i) 配列番号 9 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 0 9 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 j) 配列番号 1 0 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 0 の G T 遺伝型または G G 遺伝型、  
 k) 配列番号 1 1 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 1 の A G 遺伝型または A A 遺伝型  
 からなる群より選択される少なくとも 2 連続、3 連続、または 4 連続のマーカーを検出する分子マーカーアッセイによって検出可能である、請求項 4 または 5 に記載の植物体。

【請求項 7】

前記マーカーのうちの少なくとも 1 個、2 個、または 3 個のマーカーが、

配列番号 1 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 1 2 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、

配列番号 13 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 13 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 配列番号 18 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 18 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 19 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 19 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 配列番号 20 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 20 の A C 遺伝型または A A 遺伝型、  
 配列番号 21 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 21 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 配列番号 22 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 22 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 23 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 23 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 配列番号 24 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 24 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 25 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 25 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 配列番号 26 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 26 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 28 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 28 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 30 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 30 の G T 遺伝型または T T 遺伝型  
 からなる群より選択されて検出される、請求項 1 ～ 6 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 8】

前記少なくとも 1 個、2 個、または 3 個のマーカーが、  
 配列番号 13 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 13 の A G 遺伝型または A A 遺伝型、  
 配列番号 18 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 18 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 28 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 28 の C T 遺伝型または C C 遺伝型  
 からなる群より選択される、請求項 1 ～ 7 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 9】

少なくとも 1 個、2 個、または 3 個のマーカーが、  
 a) 配列番号 2 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 02 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 b) 配列番号 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 05 の A C 遺伝型または C C 遺伝型、  
 c) 配列番号 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 07 の A G 遺伝型または G G 遺伝型、  
 d) 配列番号 9 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 09 の C T 遺伝型または C C 遺伝型、および  
 e) 配列番号 10 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 10 の G T 遺伝型または G G 遺伝型  
 からなる群より選択されて検出される、請求項 4 ～ 8 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 10】

少なくとも次のマーカー：  
 配列番号 6 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 06 の C T 遺伝型または T T 遺伝型  
 が検出される、請求項 4 ～ 9 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 11】

次のマーカー：  
 配列番号 5 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 05 の A C 遺伝型または C C 遺伝型、  
 配列番号 7 内の一塩基多型マーカー S N P \_\_ 07 の A G 遺伝型または G G 遺伝型  
 のうちのさらに少なくとも 1 つが検出される、請求項 10 に記載の植物体。

【請求項 12】

前記植物体が次のキュウリ品種：ピクルス型キュウリ、スライス型キュウリ、長形キュウリ、短形キュウリ、ヨーロッパ温室型キュウリ、ベイトアルファ型キュウリ、東洋つる棚型キュウリ、アジア型キュウリのうちの 1 つである、請求項 1 ～ 11 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 13】

前記植物体が単交配 F1 雑種または純系である、請求項 1 ～ 12 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 14】

前記植物体が一斉機械収穫に適している、請求項 1 ～ 13 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 15】

前記植物体が野生キュウリ植物または在来種ではない、または前記植物体がユーラシア

型キュウリ群、東アジア型キュウリ群またはシーシュアンバンナ型キュウリ群の栽培キュウリである、請求項 1 ～ 1 4 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 1 6】

前記植物体が受粉せずに種なし果実をつける、請求項 1 ～ 1 5 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 1 7】

前記植物体が主に雌性型または完全に雌性型である、請求項 1 ～ 1 6 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 1 8】

前記植物体がつけた果実の形態学的特徴に関して前記植物体が均一である、請求項 1 ～ 1 7 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 1 9】

前記植物体が食用できるほど成熟したときに少なくとも 1 0 c m の平均果実長および / または 2 以上である果実の直径に対する長さの比率を有する果実をつける、請求項 1 ～ 1 8 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 2 0】

6 番染色体上の前記移入断片が、受託番号 N C I M B 4 2 2 6 2 として寄託された種子の 6 番染色体上に見られる断片またはそれより短い断片である、請求項 1 ～ 1 9 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 2 1】

6 番染色体上の前記移入断片のサイズが、1 0 M b 以下、好ましくは 8 M b 以下、より好ましくは 3 M b 以下である、請求項 1 ～ 2 0 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 2 2】

前記移入断片のサイズが、少なくとも 0 . 5 M b または少なくとも 1 M b である、請求項 2 1 に記載の植物体。

【請求項 2 3】

前記植物体が無限伸育型キュウリである、請求項 1 ～ 2 2 のいずれか一項に記載の植物体。

【請求項 2 4】

請求項 1 ～ 2 3 のいずれか一項に記載の植物体が育ち得る、種子。

【請求項 2 5】

請求項 1 ～ 2 4 のいずれか一項に記載の植物体から収穫される、キュウリ果実。

【請求項 2 6】

前記果実が食用に適した収穫時に苦味を持たない、請求項 2 5 に記載の果実。

【請求項 2 7】

前記果実が食用に適した収穫時に薄い果皮を有する、請求項 2 5 または 2 6 に記載の果実。

【請求項 2 8】

少なくとも 1 本の組換え 6 番染色体であって、野生キュウリ植物またはキュウリの近縁野生種に由来する移入断片を含んでなり、該移入断片が果実収量を増加させる Q T L を備えるものである前記組換え 6 番染色体を含んでなる、請求項 1 ～ 2 7 のいずれか一項に記載の植物体または種子の植物細胞、組織、または植物部分。

【請求項 2 9】

野生キュウリ植物またはキュウリの近縁野生種に由来する移入断片であって、果実収量を増加させるアレルを備える前記移入断片を含んでなる組換え 6 番染色体の、増加した果実収量を有するキュウリ品種を育種するための使用であって、前記組換え 6 番染色体が、受託番号 N C I M B 4 2 2 6 2 として寄託された種子に見られるような組換え 6 番染色体であるか、またはこの組換え 6 番染色体に由来するものである、使用。

【請求項 3 0】

移入断片を持っていない遺伝的対照キュウリ植物体と比較して果実収量を増加させる移

入断片を6番染色体上に含んでなる栽培キュウリ植物体を作製するための、受託番号NCIMB42262として寄託された種子またはそれらの子孫に見られる前記6番染色体の使用。

【請求項31】

増加した果実収量を含んでなる栽培キュウリ植物体を作製するための、受託番号NCIMB42262として寄託された種子またはそれらの子孫から栽培された植物体の使用であって、前記果実収量の増加が前記植物体または子孫の6番染色体から得られた移入断片によって付与される、使用。

【請求項32】

6番染色体上の移入断片であって、NCIMB42262に見られるようなものである前記移入断片、または該移入断片に由来する、より短い断片である前記移入断片を含んでなる栽培キュウリ変種サティウス(sativus)植物体を特定するための方法であって、

a) 栽培キュウリ変種サティウス(sativus)植物体の集団を提供すること、  
b) 次のものからなる群より選択される少なくとも1個のSNPマーカを検出する分子マーカーアッセイを使用して前記集団をスクリーニングすること；

6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12～SNP\_\_30、

c) 次のものを含んでなる植物体を特定および/または選抜すること；

i) 6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12～SNP\_\_30のSNPマーカのうち少なくとも1個のマーカ、または

ii) 6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12～SNP\_\_30より選択される少なくとも2連続、3連続、または4連続のマーカ、または

iii) 6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12、SNP\_\_13、SNP\_\_18～SNP\_\_26、SNP\_\_28およびSNP\_\_30からなる群より選択される少なくとも1個、2個、または3個のマーカ、または

iv) 6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_13、SNP\_\_18およびSNP\_\_28より選択される少なくとも1個、2個、または3個のマーカを含んでなる、方法。

【請求項33】

果実収量を増加させる移入断片を含んでなるキュウリF1雑種植物体を作製するための方法であって、

a) 収量を増加させるアレルを備える移入断片であって、NCIMB42262にある通りである前記移入断片、またはより短い断片である前記移入断片を有する組換え6番染色体をホモ接合型で含んでなる第1純系キュウリ植物体を提供すること、

b) 第2純系キュウリ植物体を提供すること、

c) (a)の前記キュウリ植物体を(b)の前記キュウリ植物体と交配すること、

d) 前記交配に由来するF1雑種の種子を収集すること

を含んでなる、方法。

【請求項34】

NCIMB42262の子孫を作製するための方法であって、

a) 受託番号NCIMB42262として寄託された種子から植物体を栽培すること、

b) 子孫種子を作製するために前記植物体を1回以上自殖させること、または前記植物体を別のキュウリ植物体と1回以上交配すること、

c) 次のものからなる群より選択される少なくとも1個のSNPマーカを検出する分子マーカーアッセイを用いて前記子孫種子または前記種子から栽培された植物体または前記種子もしくは植物体の部分をスクリーニングすること；

6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12～SNP\_\_30；

d) 次のものを含んでなる子孫植物体を特定および/または選抜すること；

i) 6番染色体上の前記移入断片を検出するためのSNP\_\_12～SNP\_\_30のSNPマーカのうち少なくとも1個のマーカ、または

i i ) 6 番染色体上の前記移入断片を検出するための S N P \_\_ 1 2 ~ S N P \_\_ 3 0 より選択される少なくとも 2 連続、3 連続、または 4 連続のマーカー、または

i i i ) 6 番染色体上の前記移入断片を検出するための S N P \_\_ 1 2、S N P \_\_ 1 3、S N P \_\_ 1 8 ~ S N P \_\_ 2 6、S N P \_\_ 2 8 および S N P \_\_ 3 0 からなる群より選択される少なくとも 1 個、2 個、または 3 個のマーカー、または

i v ) 6 番染色体上の前記移入断片を検出するための S N P \_\_ 1 3、S N P \_\_ 1 8 および S N P \_\_ 2 8 より選択される少なくとも 1 個、2 個、または 3 個のマーカーを含んでなる、方法。

【請求項 3 5】

請求項 3 4 に記載の方法によって作製された子孫植物体。