

【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】令和1年5月9日(2019.5.9)

【公表番号】特表2018-518948(P2018-518948A)

【公表日】平成30年7月19日(2018.7.19)

【年通号数】公開・登録公報2018-027

【出願番号】特願2017-557972(P2017-557972)

【国際特許分類】

A 01 H 5/00 (2018.01)

A 01 H 6/34 (2018.01)

C 12 Q 1/6876 (2018.01)

C 12 Q 1/6858 (2018.01)

【F I】

A 01 H 5/00 Z N A A

A 01 H 6/34

C 12 Q 1/6876 Z

C 12 Q 1/6858 Z

【手続補正書】

【提出日】平成31年3月27日(2019.3.27)

【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】

キュウリの近縁野生種に由来する遺伝子移入断片を3番染色体上にホモ接合型またはヘテロ接合型で含んでなる栽培Cucumis sativus var. sativus植物であつて、前記遺伝子移入断片が、配列番号1の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーSNP_01と配列番号27の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーSNP_27との間に位置する量的形質遺伝子座(QTL)を含んでなり、該QTLがキュウリ果実収量の増加をもたらすものであり、該QTLが受託番号NCIMB42346で寄託された種子に存在するQTLである、植物。

【請求項2】

前記キュウリ果実収量の増加が、同一環境下で生育させた場合における、前記遺伝子移入断片を欠く遺伝的対照系列に比較して、前記遺伝子移入断片を含んでなる植物系統の有意に高い植物あたりの着果数(FrPP)の平均、および/または同一環境下で生育させた場合における、前記遺伝子移入断片を欠く遺伝的対照系列に比較して、前記遺伝子移入断片を含んでなる植物系統の有意に高い植物あたりの果実重量(GrPP)の平均として表現型的に表わされる、請求項1に記載の植物。

【請求項3】

前記3番染色体上の遺伝子移入断片が、

a) 配列番号1の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーSNP_01のTCまたはTT遺伝子型；

b) 配列番号2の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーSNP_02のTCまたはTT遺伝子型；

c) 配列番号3の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーSNP_03のTCまたはTT遺伝子型；

- d) 配列番号 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 4 の T C または T T 遺伝子型 ;
- e) 配列番号 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 5 の G A または G G 遺伝子型 ;
- f) 配列番号 6 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 6 の T C または T T 遺伝子型 ;
- g) 配列番号 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 7 の T C または T T 遺伝子型 ;
- h) 配列番号 8 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 8 の T C または T T 遺伝子型 ;
- i) 配列番号 9 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 0 9 の C T または C C 遺伝子型 ;
- j) 配列番号 1 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 0 の C T または C C 遺伝子型 ;
- k) 配列番号 1 1 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 1 の T G または T T 遺伝子型 ;
- l) 配列番号 1 2 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 2 の A G または A A 遺伝子型 ;
- m) 配列番号 1 3 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 3 の T C または T T 遺伝子型 ;
- n) 配列番号 1 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 4 の A G または A A 遺伝子型 ;
- o) 配列番号 1 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 5 の C T または C C 遺伝子型 ;
- p) 配列番号 1 6 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 6 の C T または C C 遺伝子型 ;
- q) 配列番号 1 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 7 の G A または G G 遺伝子型 ;
- r) 配列番号 1 8 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 8 の C T または C C 遺伝子型 ;
- s) 配列番号 1 9 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 1 9 の G A または G G 遺伝子型 ;
- t) 配列番号 2 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 0 の C T または C C 遺伝子型 ;
- u) 配列番号 2 1 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 1 の A C または A A 遺伝子型 ;
- v) 配列番号 2 2 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 2 の T C または T T 遺伝子型 ;
- w) 配列番号 2 3 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 3 の C T または T T 遺伝子型 ;
- x) 配列番号 2 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 4 の G A または G G 遺伝子型 ;
- y) 配列番号 2 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 5 の G A または G G 遺伝子型 ;
- z) 配列番号 2 6 の 2 5 1 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 6 の G A または G G 遺伝子型 ;
- a a) 配列番号 2 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーク - S N P _ 2 7 の A G または A A 遺伝子型 ; および隨意に
- b b) マーク - S N P _ 0 1 と S N P _ 2 7 との間の全てのキュウリ近縁野生種ゲノム特異的マーク -

からなる群より選択される少なくとも 1 個の、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 または 2 に記載の植物。

【請求項 4】

前記 Q T L を含んでなり、下記 a) 、 b) 、 c) 、または d) :

a) 配列番号 1 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 1 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 2 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 2 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 3 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 3 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 4 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 5 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 6 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 6 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 7 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 8 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 8 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 9 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 9 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 0 の C T もしくは C C 遺伝子型；または

b) 配列番号 1 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 0 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 1 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 1 の T G もしくは T T 遺伝子型；配列番号 1 2 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 2 の A G もしくは A A 遺伝子型；配列番号 1 3 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 3 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 1 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 4 の A G もしくは A A 遺伝子型；配列番号 1 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 5 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 6 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 6 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 7 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 1 8 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 8 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 9 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 1 9 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 2 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 0 の C T もしくは C C 遺伝子型；または

c) 配列番号 2 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 0 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 2 1 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 1 の A C もしくは A A 遺伝子型；配列番号 2 2 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 2 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 2 3 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 3 の C T もしくは T T 遺伝子型；配列番号 2 4 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 4 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 2 5 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 5 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 2 6 の 2 5 1 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 6 の G A もしくは G G 遺伝子型；配列番号 2 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 2 7 の A G もしくは A A 遺伝子型；または

d) 配列番号 6 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 6 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 7 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 7 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 8 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 8 の T C もしくは T T 遺伝子型；配列番号 9 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _ 0 9 の C T もしくは C C 遺伝子型；配列番号 1 0 の 7 5 番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカー S N P _

10のC TもしくはC C遺伝子型；配列番号11の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 1のT GもしくはT T遺伝子型；配列番号12の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 2のA GもしくはA A遺伝子型；配列番号13の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 3のT CもしくはT T遺伝子型；配列番号14の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 4のA GもしくはA A遺伝子型；配列番号15の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 5のC TもしくはC C遺伝子型；配列番号16の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 6のC TもしくはC C遺伝子型；配列番号17の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 7のG AもしくはG G遺伝子型；配列番号18の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 8のC TもしくはC C遺伝子型；配列番号19の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 1 9のG AもしくはG G遺伝子型；配列番号20の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 2 0のC TもしくはC C遺伝子型；配列番号21の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 2 1のA CもしくはA A遺伝子型；配列番号22の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 2 2のT CもしくはT T遺伝子型；配列番号23の75番目のヌクレオチドにおける一塩基多型マーカーS N P _ 2 3のC TもしくはT T遺伝子型、の群の1つから選択される少なくとも1個、2個、3個、4個、または5個のマーカーを含んでなる、請求項1～3のいずれか一項に記載の植物。

【請求項5】

前記遺伝子移入断片がヘテロ接合型で存在し、前記1つ以上のS N Pマーカーがヘテロ接合性S N P遺伝子型を有する、請求項1～4のいずれか一項に記載の植物。

【請求項6】

前記遺伝子移入断片がホモ接合型で存在し、前記1つ以上のS N Pマーカーがホモ接合性S N P遺伝子型を有する、請求項1～4のいずれか一項に記載の植物。

【請求項7】

前記植物が、次の型のキュウリ：スライスキュウリ、長形キュウリ、およびヨーロッパ温室キュウリの1つである、請求項1～6のいずれか一項に記載の植物。

【請求項8】

前記植物が単交雑F1雑種または近交系統である、請求項1～7のいずれか一項に記載の植物。

【請求項9】

前記植物がユーラシアキュウリ群の栽培キュウリであり、前記遺伝子移入断片が、*Cucumis sativus* var. *hardwickii*、*C. sativus* var. *sikkimensis*、または*Cucumis sativus* var. *xishuangbannensis*に由来するものである、請求項1～8のいずれか一項に記載の植物。

【請求項10】

前記植物が单為結実性である、請求項1～9のいずれか一項に記載の植物。

【請求項11】

3番染色体上の前記遺伝子移入断片が、受託番号N C I M B 4 2 3 4 6で寄託された種子から生育させた植物を別のキュウリ植物と交配することによって得られるものである、請求項1～10のいずれか一項に記載の植物。

【請求項12】

請求項1～11のいずれか一項に記載の植物が生育することができる、種子。

【請求項13】

請求項1～11のいずれか一項に記載の植物から収穫される、キュウリ果実。

【請求項14】

少なくとも1つの組換え3番染色体を含んでなり、該組換え3番染色体がキュウリの近縁野生種に由来する遺伝子移入断片を含んでなり、該遺伝子移入断片が増強された果実収量をもたらすQ T Lを含んでなる、請求項1～13のいずれか一項に記載の植物または種

子の植物細胞培養物または組織培養物。

【請求項 1 5】

3番染色体上に遺伝子移入断片を含んでなる栽培C. sativus var. sativus植物を同定する方法であって、該遺伝子移入断片がNCIMB42346に見られるものであるか、またはそれに由来するより小さい断片であり、

a) 栽培C. sativus var. sativus植物の集団を用意すること；

b) 前記集団を

前記3番染色体上の遺伝子移入断片を検出するためのSNP_01～SNP_27からなる群より選択される少なくとも1つのSNPマーカーを検出する分子マーカーアッセイを用いてスクリーニングすること；

c) 下記：

i) 前記3番染色体上の遺伝子移入断片を検出するための前記SNP_01～SNP_27のSNPマーカーのうちの少なくとも1個；または

ii) 前記3番染色体上の遺伝子移入断片を検出するためのSNP_01～SNP_27から選択される少なくとも2個、3個、もしくは4個の連続したマーカーを含んでなる植物を同定および/または選択すること

を含んでなる、方法。

【請求項 1 6】

栽培キュウリ植物が、3番染色体上に、果実収量の増加をもたらすQTLを含んでなる遺伝子移入断片を含んでなるか否かを検出する方法であって、

a) 栽培キュウリまたは植物部位を用意すること、

b) 前記植物もしくは前記植物部位または前記植物もしくは植物部位から得られるDNAを、SNP_01～SNP_27および/またはマーカーSNP_01とSNP_27との間の全てのキュウリ近縁野生種ゲノム特異的マーカーからなる群より選択される少なくとも1個のSNPマーカーを検出する分子マーカーアッセイを用いてスクリーニングすること

を含んでなる、方法。

【請求項 1 7】

3番染色体上に収量QTLを含んでなるキュウリの近縁野生種を同定する方法であって

A) キュウリの近縁野生種系統または幾つかの系統を用意すること；

B) 前記系統を、SNP_01～SNP_27からなる群より選択される少なくとも1個のSNPマーカーを検出する分子マーカーアッセイを用いてスクリーニングすること；

C) 以下のマーカー：

a) 配列番号1または配列番号1と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_01のTCまたはTT遺伝子型；

b) 配列番号2または配列番号2と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_02のTCまたはTT遺伝子型；

c) 配列番号3または配列番号3と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_03のTCまたはTT遺伝子型；

d) 配列番号4または配列番号4と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_04のTCまたはTT遺伝子型；

e) 配列番号5または配列番号5と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_05のGAまたはGG遺伝子型；

f) 配列番号6または配列番号6と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_06のTCまたはTT遺伝子型；

g) 配列番号7または配列番号7と少なくとも85%の配列同一性を含んでなるそのバリエントの一塩基多型マーカーSNP_07のTCまたはTT遺伝子型；

h) 配列番号8または配列番号8と少なくとも85%の配列同一性を含んでな

るそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 0 8 の T C または T T 遺伝子型；

i) 配列番号 9 または配列番号 9 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 0 9 の C T または C C 遺伝子型；

j) 配列番号 1 0 または配列番号 1 0 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 0 の C T または C C 遺伝子型；

k) 配列番号 1 1 または配列番号 1 1 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 1 の T G または T T 遺伝子型；

l) 配列番号 1 2 または配列番号 1 2 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 2 の A G または A A 遺伝子型；

m) 配列番号 1 3 または配列番号 1 3 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 3 の T C または T T 遺伝子型；

n) 配列番号 1 4 または配列番号 1 4 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 4 の A G または A A 遺伝子型；

o) 配列番号 1 5 または配列番号 1 5 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 5 の C T または C C 遺伝子型；

p) 配列番号 1 6 または配列番号 1 6 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 6 の C T または C C 遺伝子型；

q) 配列番号 1 7 または配列番号 1 7 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 7 の G A または G G 遺伝子型；

r) 配列番号 1 8 または配列番号 1 8 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 8 の C T または C C 遺伝子型；

s) 配列番号 1 9 または配列番号 1 9 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 1 9 の G A または G G 遺伝子型；

t) 配列番号 2 0 または配列番号 2 0 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 0 の C T または C C 遺伝子型；

u) 配列番号 2 1 または配列番号 2 1 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 1 の A C または A A 遺伝子型；

v) 配列番号 2 2 または配列番号 2 2 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 2 の T C または T T 遺伝子型；

w) 配列番号 2 3 または配列番号 2 3 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 3 の C T または T T 遺伝子型；

x) 配列番号 2 4 または配列番号 2 4 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 4 の G A または G G 遺伝子型；

y) 配列番号 2 5 または配列番号 2 5 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 5 の G A または G G 遺伝子型；

z) 配列番号 2 6 または配列番号 2 6 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 6 の G A または G G 遺伝子型；

a a) 配列番号 2 7 または配列番号 2 7 と少なくとも 8 5 % の配列同一性を含んでなるそのバリアントの一塩基多型マーカー S N P _ 2 7 の A G または A A 遺伝子型；

b b) マーカー S N P _ 0 1 と S N P _ 2 7 との間の全てのキュウリ近縁野生種ゲノム特異的マーカー

の少なくとも 1 個または複数を含んでなる b) からの系統を同定および / または選択すること

を含んでなる、方法。