Industria y Comercio
SUPERINTENDENCIA

Radicación	14 69935 0000 0000	2014-04-02 09:07:49	
Trámite	11	PCT-PATENTE DE INVENCION CAPITULOS I Y II	
Evento	379	FASE NACIONAL INCLUIDO CAPITULO II	
Actuación	411	PRESENTACION	Folios: 282
Dependencia	2020	DIRECCION DE NUEVAS CREACIONES	
Pago #1	35505	$ 872200.0	
Pago #2	35506	$ 883400	

DIRECCIÓN DE NUEVAS CREACIONES
SOLICITUD FASE NACIONAL - PCT

1	**Titulo de la Invención** (200 caractares o espacios máximos)
	METODOS PARA LA OBTENCION DE PLANTAS DE PALMA DE ACEITE DE ALTO RENDIMIENTO

2	**Datos del Solicitante / Titular**			
	Nombre:	SIME DARBY MALAYSIA BERHAD	**Dirección Electrónica:**	sic@castellanosyco.co
	Dirección:	19th Floor, Wisma Sime Darby, Jalan Raja Laut, 50350 Kuala Lumpur, MALASIA	**Domicilio/País de constitución:**	MALASIA - KUALA LUMPUR - KUALA LUMPUR

Identificación:

- ☐ CEDULA DE CIUDADANIA
- ☐ CEDULA DE EXTRANJERIA
- ☒ EMPRESA EXTRANJERA
- ☐ NIT
- ☐ PASAPORTE

Número: 90004803704-

3	**Solicitantes**		
	Apellidos - Nombres o Razón Social	**Tipo**	**Identificación**
1.	SIME DARBY MALAYSIA BERHAD	NN	90004803704

4	Datos del Inventor			
	Nombre:	TONY ENG KEONG OOI	**Dirección Electrónica:**	sic@castellanosyco.co
	Dirección:	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA	**Domicilio/País de constitución:**	MALASIA - SELANGOR - SERENDAH
	Identificación: ☐ CEDULA DE CIUDADANIA ☐ CEDULA DE EXTRANJERIA ☐ EMPRESA EXTRANJERA ☐ NIT ☐ PASAPORTE ☒ No Aplica **Número:** -			

5	Inventor(es)	
	Apellidos - Nombres	**Domicilio**
1.	OOI TONY ENG KEONG	MALASIA
2.	DAIM LEONA DANIELA JEFFERY	MALASIA
3.	YEAP WAN CHIN	MALASIA
4.	NG BOON ZEAN	MALASIA
5.	LEE FONG CHIN	MALASIA
6.	OTHMAN AINUL MASNI BT	MALASIA
7.	KULAVEERASINGAM HARIKRISHNA A/L	MALASIA
8.	BASIRAN MOHD. NAZIR	MALASIA

9.	MOHAMED MOHAIMI	MALASIA

6	Datos Inventor(es)

	País de Residencia	Departamento/Estado	Ciudad	Dirección
1.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
2.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
3.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA

4.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
5.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
6.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
7.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
8.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA
9.	MALASIA	SELANGOR	SERENDAH	c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang, Selangor Darul Ehsan, MALASIA

7	**Datos del Representante Legal / Apoderado**		
Nombre:	MARGARITA CASTELLANOS ABONDANO	**Dirección Electrónica:**	sic@castellanosyco.co
Dirección:	CALLE 94A 7A 09	**Domicilio/País de constitución:**	COLOMBIA - BOGOTA D.C. - BOGOTA D.C.

Identificación:

☒ CEDULA DE CIUDADANIA
☐ CEDULA DE EXTRANJERIA
☐ EMPRESA EXTRANJERA
☐ NIT
☐ PASAPORTE

Número:	39779654-

Presentación de Poder

Año de Radicación	
Número de Radicación	

8	**Datos Solicitud: PCT / WO**		
Número Solicitud:	PCT/MY2012/000071	**Fecha Solicitud:**	30/03/2012
Número Publicacion:	WO 2013/039375 A2	**Fecha Publicacion:**	21/03/2013

9	**Declaraciones de prioridad**	☒ SI ☐ NO

	(33) País de origen	**Codigo del país**	**(31) No. Solicitud**	**(32) Fecha** _
1.	MALASIA	MY	PI 2011004343	13/09/2011

10	**Reivindicaciones**			
Número reivindicaciones:	53	**Pago Reivindicaciones:**	Si	

11 Reducción de tasas.

Declaro que carezco de medios económicos para presentar la solicitud de patente.

☐ SI ☒ NO

Nota: En caso de ser persona natural y carecer de medios económicos, y por lo tanto, aplique la reducción de tasas a que se refiere la resolucón vigente en tarifas, debe firmar la presente solicitud bajo la gravedad de juramento.

☐ Micro, pequeñas y medianas empresas
☐ Universidades públicas o privadas
☐ Entidades sin ánimo de lucro

Debe aportar los documentos que se indican en el numeral 17 de anexos

12 Documentos Anexos

☒ Reivindicaciones
☒ Descripción
☐ Dibujos y/o Figuras
☒ Resumen
☐ Certificado Depósito Material Biológico
☐ Uso de Conocimiento tradicional
☒ Listado de secuencias
☐ Artes finales 12 x 12 cm
☐ Poderes, si fuere el caso
☐ Copia de la primera solicitud si se reivindica prioridad
☐ Traducción simple de la primera solicitud, si se reivindica prioridad
☒ Otros Anexos

MÉTODOS PARA LA OBTENCIÓN DE PLANTAS DE PALMA DE ACEITE DE ALTO RENDIMIENTO

CAMPO TÉCNICO

Esta solicitud se refiere a métodos para la obtención de plantas de alto rendimiento, y más particularmente a métodos para la obtención de plantas de palma de aceite que son de alto rendimiento con respeto a la producción de aceite de palma.

ANTECEDENTES DEL ARTE

La palma africana de aceite *Elaeis guineensis* Jacq. Es un cultivo de aceite de los alimentos importante. Las plantas de palma aceitera son monoicas, .e., plantas individuales que producen tanto flores masculinas como femeninas, y se caracteriza por series alternantes de inflorescencias masculinas y femeninas. La inflorescencia masculina se compone de numerosas espiguillas, y no pueden soportar más de 100.000 flores. La palma de aceite naturalmente es de polinización cruzada por insectos y el viento. La inflorescencia femenina es un espádice que contiene varios miles de flores transmitidas por espiguillas espinosas. Un grupo lleva 500 a 4000 frutos. El fruto de la palma de aceite es una drupa sésil que es de forma redonda u ovalada o alargada y está compuesta de un exocarpio, un mesocarpio que contiene el aceite de palma y un endocarpio alrededor de la almendra.

El aceite de palma es importante tanto por su alto rendimiento como por la alta calidad de su aceite. En cuanto al rendimiento, la palma de aceite es el cultivo de aceite para alimentos de más alto rendimiento, con un promedio reciente de rendimiento de 3,67 toneladas por hectárea al año y con las mejores progenies conocidas para producir cerca de 10 toneladas por hectárea al año. La palma de aceite también se conoce como la planta más eficiente para el aprovechamiento de la energía solar en la producción de aceite. En cuanto a la calidad, la palma de aceite se cultiva tanto para aceite de palma, que se produce en el tejido del mesocarpio y el aceite de almendra de palma, que se produce en la almendra. El aceite de palma, en particular, es un aceite balanceado, tiene casi igual proporción de ácidos grasos saturados (≈55% incluyendo 45% de ácido palmítico) y ácidos grasos insaturados (≈45%), e incluye el beta-caroteno. El aceite de

almendra de palma es más saturado que el aceite de mesocarpio. Ambos son bajos en ácidos grasos libres. La producción combinada de aceite de palma y el aceite de almendra de palma es de unos 50 millones de toneladas por año, y la demanda se espera que aumente considerablemente en el futuro con el aumento de la población mundial y el consumo per cápita de aceites y grasas.

Aunque la palma de aceite es el cultivo de aceite para alimentos de más alto rendimiento, la producción de los cultivos de aceite de palma actuales está bien por debajo de sus máximos teóricos. Por otra parte, los métodos convencionales para la identificación de palmas potenciales de alto rendimiento para uso en cruzamientos para generar progenies con rendimientos más altos requieren el cultivo de palmas y la medición de la producción del aceite a través de muchos años, lo cual necesita mucho tiempo y labor intensiva. Además, las técnicas de reproducción convencionales para la propagación de la palma de aceite para la producción del aceite también requieren de mucho tiempo y labor intensiva, particularmente porque las palmas más productivas, y por lo tanto las más relevantes comercialmente, muestran un fenotipo híbrido que hacen la propagación de las mismas mediante cruces híbridos directos poco prácticos. En consecuencia, existe una necesidad de mejorar los rendimientos de la palma de aceite a través de métodos mejorados para la obtención e identificación de las palmas de alto rendimiento.

Los enfoques transgénicos ofrecen soluciones potenciales al problema general de la necesidad de aumentar los rendimientos de las plantas. Por ejemplo, la modificación transgénica de los cultivos tales como soya y maíz mediante la introducción de genes resistentes a las plagas derivadas a partir de otros organismos ahora es bien conocida como un medio para aumentar los rendimientos del cultivo. Por otra parte, también se han divulgado métodos para aumentar los rendimientos de la planta mediante el aumento o la generación en las actividades de la planta de proteínas particulares, por ejemplo, por Schon *et al*., WO 2010/046221. Sin embargo, la modificación transgénica de los cultivos plantea preocupaciones potenciales en cuanto a los efectos perjudiciales no deseados sobre los individuos y los ecosistemas.

La proteómica, que abarca el estudio del complemento de la proteína de un genoma, ofrece también soluciones potenciales al problema general de aumentar los

rendimientos de la planta. Por ejemplo, el análisis por electroforesis en gel de diferencia ("DIGE"), que corresponde a electroforesis en gel en dos dimensiones empleando colorantes sensibles de etiquetado fluorescente, descritos por Mackintosh *et al., 3* Proteómics 2273-88 (2003), ha sido empleada exitosamente en los análisis de la expresión de la proteína en el arroz y el girasol, como se describe por Teshima *et al*., Regulatory Toxicology & Pharmacology (artículo en prensa), y Hajduch *et al*., 6 Journal of Proteome Research 3232-41 (2007), respectivamente. En el arroz, este enfoque se utilizó para diferenciar un cultivo de otros, y también se llevan a cabo para comparar la expresión de proteínas alergénicas. En el girasol, varias pistas en los ensayos del aceite de la semilla se han identificado por otras investigaciones. Sin embargo, dadas las muchas diferencias en la genética y el metabolismo del arroz, el girasol y la palma de aceite, y la naturaleza altamente específica de la expresión de proteínas, estos estudios en el arroz y el girasol no se espera que sean de utilidad con respecto a la mejora de los rendimientos de la palma de aceite a través de métodos mejorados para la obtención e identificación de las palmas de alto rendimiento.

DESCRIPCIÓN DE LA INVENCIÓN

Se proporciona un método para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento. El método comprende determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite. La proteína se selecciona del grupo que consiste de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de

la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis. El método también comprende determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite. El método también comprende seleccionar la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

También se proporciona un método para predecir el rendimiento del aceite de una planta de prueba de palma de aceite. El método comprende determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de por lo menos una planta de prueba de palma de aceite. La proteína se selecciona del grupo que consiste de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea

sitchensis. El método también incluye la determinación de si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite. El método también incluye la predicción del rendimiento de aceite de la planta de prueba de palma de aceite con base en la diferencia.

También se proporciona un kit para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento. El kit comprende un anticuerpo para la detección de una proteína seleccionada del grupo que consiste de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis. El kit también comprende un extracto de un tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite.

Los métodos y kits descritos se basan en una combinación ventajosa de proteómica, para identificar marcadores para los rasgos de alto y bajo rendimiento de aceite de palma en las poblaciones de reproducción y por lo tanto para aumentar el ritmo de identificación de las palmas de alto rendimiento, y las técnicas de reproducción

convencionales, para generar progenie de mayor rendimiento del mismo. Las aplicaciones incluyen identificar las plantas parentales de palma de alto rendimiento para usarlas en la generación de progenie de mayor rendimiento y predecir los rendimientos del aceite de palma de las plantas de prueba, en ambos casos sin la necesidad de recolectar los datos de rendimiento en aceite de las palmas en el transcurso de los años. Asimismo, aunque los métodos y kits son muy adecuados para su solicitud a las técnicas convencionales de reproducción, proporcionan una base para aumentar el ritmo de obtención de las palmas de alto rendimiento, sin depender de los transgénicos, los métodos y los kits también se pueden aplicar para mejorar la eficiencia de la propagación de la palma de aceite por cultivo de tejido o aproximaciones transgénicas también.

BREVE DESCRIPCIÓN DE LOS DIBUJOS

La Figura 1 es una imagen escaneada de un gel analítico de electroforesis en gel de diferencia con fluorescencia en dos dimensiones (“DIGE”) que corresponde a la proteína del mesocarpio de una palma H2 de alto rendimiento y de una palma h1 de bajo rendimiento, ambas evaluadas a las 12 semanas después de la polinización.

La Figura 2 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H14 y la palma de bajo rendimiento h6, ambas evaluadas a las 12 semanas después de la polinización.

La Figura 3 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H6 y la palma de bajo rendimiento h9, ambas evaluadas a las 12 semanas después de la polinización.

La Figura 4 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H2 y la palma de bajo rendimiento h1, ambas evaluadas a las 16 semanas después de la polinización.

La Figura 5 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de una palma de alto rendimiento H4 y la palma de bajo rendimiento h6, ambas evaluadas a las 16 semanas después de la polinización.

La Figura 6 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H6 y la palma de bajo rendimiento h9, ambas evaluadas a las 16 semanas después de la polinización.

La Figura 7 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H2 y la palma de bajo rendimiento h1, ambas evaluadas a las 18 semanas después de la polinización.

La Figura 8 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H4 y la palma de bajo rendimiento h6, ambas evaluadas a las 18 semanas después de la polinización.

La Figura 9 es una imagen escaneada de un gel analítico DIGE que corresponde a la proteína del mesocarpio de la palma de alto rendimiento H6 y la palma de bajo rendimiento h9, ambas evaluadas a las 18 semanas después de la polinización.

La Figura 10A-M es una lista de las secuencias de las cuarenta y cinco proteínas únicas expresadas diferencialmente en este documento, abreviada en un formato amino ácido en una letra.

MEJOR MODO DE LLEVAR A CABO LA INVENCIÓN

La solicitud describe los métodos para la obtención de plantas de palma de aceite de alto rendimiento, los métodos para predecir el rendimiento en aceite de las plantas de palma de aceite y los kits para obtener plantas de palma de aceite de alto rendimiento. Como se describe en este documento, el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de palma de aceite se puede usar para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento y para predecir el rendimiento en aceite de una planta de palma de aceite de prueba. Las proteínas útiles en este sentido incluyen 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo

H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis. En consecuencia, la solicitud proporciona los métodos para la obtención de plantas de palma de aceite de alto rendimiento que comprenden la determinación del nivel de una de las proteínas indicadas anteriormente en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de aceite de palma, la determinación de si hay una diferencia entre el nivel de la proteína del tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta de referencia de la palma de aceite, y seleccionar la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener el alto rendimiento de la planta de la palma de aceite. Por otra parte, la solicitud proporciona los métodos para la predicción del rendimiento en aceite de las plantas de palma de aceite, que comprende determinar el nivel de una de las proteínas descritas anteriormente en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de prueba de palma de aceite, determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite, y predecir el rendimiento en aceite de la planta de prueba de palma de aceite con base en la diferencia. Además, la solicitud proporciona kits para la obtención de plantas de palma de aceite de alto rendimiento que comprenden un anticuerpo para la detección de una de las proteínas antes mencionadas y el extracto de un tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite.

Definiciones

El término “planta madre de palma de aceite”, tal como se usa en este documento, significa una planta de palma de aceite a partir de la cual ha sido generada una progenie, está generada o podrá ser generada durante el curso de la implementación de los métodos para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento como se divulga aquí o utilizando los kits para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento como aquí se describe.

El término “planta de prueba de palma de aceite”, como se usa en este documento, significa una planta de la palma de aceite que ha sido sometida, se somete, o va a ser sometida a una etapa de determinación del nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la misma durante el curso de la implementación de los métodos para predecir el rendimiento en aceite de la planta como se describe en este documento.

El término “planta de referencia de la palma de aceite”, como se usa en este documento, significa una planta de palma de aceite usada como una base de comparación para determinar rasgos de producción de la palma de aceite. La planta de referencia de palma de aceite que puede ser, por ejemplo, una planta de palma de aceite que produce cantidades altas, promedio, o bajas, de aceite de palma dependiendo del contexto de la aplicación particular. Por ejemplo, la planta de referencia de palma de aceite puede ser una planta de palma de aceite que produce 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2 o 1 toneladas de palma por hectárea por año.

Los términos “alto rendimiento”, “bajo rendimiento” y "rendimiento en aceite", como se usa en este documento con respecto a los métodos y kits descritos en este documento, se refieren a rendimientos de aceite de palma en el tejido del mesocarpio de los frutos de las plantas de palma de aceite.

El término “homólogo” y “homólogos", como se usa en este documento, se refieren a dos o más genes que tienen secuencias de ADN muy similares o de dos o más proteínas que tienen secuencias de aminoácidos muy similares. Tales genes o proteínas se pueden considerar que son homólogas con base en que compartan, por ejemplo, una

identidad de secuencia de 60%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, o mayor. Los términos homólogo y homólogos abarcan tales genes o proteínas similares, si los genes o proteínas se derivan a partir de una especie única, y pueden representar genes o proteínas estructuralmente y funcionalmente similares de las especies, o a partir de especies diferentes y por lo tanto pueden representar genes ortólogos o proteínas derivadas de un ancestro común.

Método para la obtención de plantas de palma de aceite de alto rendimiento

Como se señaló anteriormente, se proporciona un método para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento. El método comprende: (i) determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite (ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta de referencia de la palma de aceite, y (iii) seleccionar la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

Proteínas

De acuerdo con este método, la proteína se selecciona del grupo que consiste de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-

de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis.

En algunas formas de implementación, la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 1, la proteína de estrés abscísico de maduración comprende la SEQ ID NO: 2, la actina 6 comprende la SEQ ID NO: 3, la actina E comprende la SEC ID NO: 4, el precursor de la biotina carboxilasa comprende la SEQ ID NO: 5, el ácido cafeico O-metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 6, la catalasa 2 comprende la SEC ID NO: 7, el ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis comprende la SEQ ID NO: 8, la proteína como la fibrilina comprende la SEQ ID NO: 9, la quinona reductasa 1 como-flavodoxina comprende la SEQ ID NO: 10, la fructosa- bifosfato aldolasa comprende la SEQ ID NO: 11, el gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa comprende la SEQ ID NO: 12, el ortólogo H0825G02.11 comprende la SEQ ID NO: 13, la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa comprende la SEQ ID NO: 14, la Lea1P comprende SEC ID NO: 15, la proteína sintasa de metionina comprende la SEQ ID NO: 16, la peroxirredoxina mitocondrial comprende la SEQ ID NO: 17, el ortólogo Os02g0753300 comprende la SEQ ID NO: 18, el ortólogo Os05g0482700 comprende la SEQ ID NO: 19, el ortólogo Os12g0163700 comprende SEC ID NO: 20, el ortólogo OSJNBb0085F13.17 comprende la SEQ ID NO: 21, el ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 comprende la SEQ ID NO:. 22, el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas comprende la SEQ ID NO: 23, el ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa comprende la SEQ ID NO: 24, el ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera comprende la SEQ ID NO: 25, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa comprende la SEQ ID NO: 26, la prolina iminopeptidasa comprende la SEQ ID NO: 27, el transportador de proteína comprende la SEQ ID NO: 28, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica comprende la SEQ ID NO: 29, la proteína de unión a la Ran GTPasa comprende la SEQ ID NO: 30, la triosafosfato isomerasa cloroplástica comprende la SEQ ID NO: 31, la subunidad catalítica

A de la protón ATPasa tipo-V comprende la SEQ ID NO: 32, el regulador de la actividad de ribonucleasa A comprende la SEQ ID NO: 33, la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo comprende la SEQ ID NO: 34, la proteína ribosomal L10 comprende la SEQ ID NO: 35, la deshidrogenasa tipo cadena corta comprende la SEQ ID NO: 36, la lipocalína inducida por la temperatura comprende la SEQ ID NO: 37, y el ortólogo desconocido-proteína-de-Picea sitchensis-comprende la SEQ ID NO: 38.

Las proteínas mencionadas anteriormente se pueden agrupar de acuerdo con la función, e.g., el metabolismo de los lípidos, el metabolismo de no lípidos, funciones diferentes del metabolismo. Por ejemplo, precursor de la biotina carboxilasa y la fructuosa bifosfato aldolasa funcionan principalmente en el metabolismo de los lípidos. Por el contrario la 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, proteína sintasa de metionina, prolina iminoopeptidasa, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V funcionan principalmente en el metabolismo de no lípidos. También en contraste las proteínas restantes como la proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, Ortólogo H0825G02.11, Lea1P, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis., funcionan principalmente en capacidades no metabólicas.

Por consiguiente, en algunas implementaciones, la proteína es una proteína que funciona principalmente en el metabolismo de lípidos seleccionada del grupo que consiste

del precursor de la biotina carboxilasa y la fructuosa bifosfato aldolasa. Por otra parte, en algunas formas de implementación la proteína es una proteína que funciona principalmente en el metabolismo de no lípido se selecciona del grupo que consiste de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, proteína sintasa de metionina, prolina iminopeptidasa, proteína de unión a la Ran GTPasa, , triosafosfato isomerasa cloroplástica y subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V. adicionalmente en alguna implementaciones la proteína es una proteína que funciona principalmente en una capacidad no metabólica seleccionada del grupo que consiste de proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, Ortólogo H0825G02.11, Lea1P, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis.

Determinación del Nivel de proteína

El nivel de una de las proteínas señaladas anteriormente en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta madre de palma de aceite se puede determinar en una preparación de proteínas a partir del tejido del mesocarpio, e.g., una preparación cruda, una preparación purificada mínimamente, o una preparación altamente purificada de las proteínas del mesocarpio. La preparación puede incluir las proteínas totales del mesocarpio, o un subconjunto de proteínas del mesocarpio, e.g., proteínas solubles, proteínas insolubles, proteínas que tienen un punto isoeléctrico entre pH 4 a 7, o proteínas que tienen puntos isoeléctricos más altos o más bajos. El tejido del mesocarpio

en sí mismo se puede obtener y probar en una etapa de desarrollo particular de la fruta de la cual éste se deriva, en un momento siguiente a la polinización (“post-polinización”), e.g., 11-19 semanas después de la polinización, 11-17 semanas después de la polinización, 15-19 semanas después de la polinización, 11-13 semanas después de la polinización, 15-17 semanas después de la polinización, 17-19 semanas después de la polinización, 12 semanas después de la polinización, 16 semanas después de la polinización, o 18 semanas después de la polinización. El nivel de la proteína se puede expresar en términos cuantitativos absolutos, e.g., masa de proteínas por la masa de tejido del mesocarpio, o en términos relativos, e.g., la intensidad de la señal de proteína relativa a la intensidad de la señal de referencia.

En algunas implementaciones, la etapa de determinar el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite es llevada a cabo por un sistema de detección con base en anticuerpos, por ejemplo por inmunoblot, dot-blot, o prueba de inmuno-ensayo unida a enzimas, de acuerdo con los métodos bien conocidos en el arte. La detección basada en el anticuerpo se puede llevar a cabo, por ejemplo, mediante el uso de anticuerpos monoclonales o anticuerpos policlonales producidos contra la proteína. Los anticuerpos se pueden preparar por métodos que son bien conocidos en el arte o se pueden obtener de los proveedores comerciales. La detección basada en anticuerpos se puede llevar a cabo cuantitativamente.

En algunas formas de implementación la etapa de determinar el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite se lleva a cabo por la detección basada en fluorescencia, por ejemplo por etiquetado CyDye de proteínas totales en una muestra, seguido de la separación y la detección de la proteína, e.g., por análisis en gel preparativo DIGE, de acuerdo con los métodos conocidos en el arte.

En algunas implementaciones, los niveles se determinan para más de una de las proteínas mencionadas anteriormente. Por ejemplo, en algunas formas de implementación los niveles se determinan para una combinación de entre dos y treinta y ocho de las proteínas indicadas anteriormente. Por ejemplo, en algunas implementación los noveles se determinan por las combinaciones de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13,

14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, o 38 de las proteínas indicadas anteriormente.

A modo de ejemplo con respecto a la determinación de los niveles para una combinación de dos de las proteínas antes señaladas, en algunas implementaciones los niveles se determinaron para 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa y una de las siguientes: proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis. En otras implementación los niveles se determinaron para cada una de las otras combinaciones posibles de las proteínas antes mencionadas.

Determinación de la diferencia entre los niveles de proteína

La etapa de determinar si existe una diferencia entre el nivel de una de las proteínas señaladas anteriormente en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de palma de aceite se puede llevar a cabo por comparación de los respectivos niveles de la proteína, por ejemplo como se determina mediante la

detección con base en anticuerpo o con base en la fluorescencia como se describió anteriormente, y la comprobación de una diferencia entre ellos. En algunas formas de implementación de esta comparación se considera relevante una diferencia significativa biológica y/o estadísticamente con base, por ejemplo, en el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la palma de aceite madre que sea mayor (o, alternativamente, menor) que la de la planta de referencia de palma de aceite, por ejemplo, mayor que 1,1 veces, 1.25 veces, 1,5 veces, 2 veces, 4 veces, o más, con valores de p, de por ejemplo, < 0,025, < 0,05 o < 0.1. como será claro para alguien de ordinario versado en el arte, la comparación se puede facilitar mediante el uso de software para determinar y comparar la intensidad de señal, por ejemplo mediante el uso de software Image Quant (versión 6.0, Amersham Biosciences), seguido de un análisis de variación biológica usando el software DeCyderTM 2D versión 6.5 (Amersham Biosciences).

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de 5 metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la

polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la actina 6 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la actina 6 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la actina 6 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la actina 6 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la actina E en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la actina E en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la actina E en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la actina E en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel del precursor de la biotina carboxilasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del precursor de la biotina carboxilasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del precursor de la biotina carboxilasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del precursor de la biotina carboxilasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la después de la polinización de la misma es menor que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es

menor que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de Lea1P en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de Lea1P en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de Lea1P en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de Lea1P en el tejido del mesocarpio de

la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la peroxirredoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en

el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de

aceite es que el nivel de ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo OSJNBb0085F13.17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo OSJNBb0085F13.17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo OSJNBb0085F13.17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo OSJNBb0085F13.17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas

implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción-de-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo de- proteína de predicción de Populus

trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de

aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de

la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de proteína de unión a la Ran GTPasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del proteína de unión a la Ran GTPasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del proteína de unión a la Ran GTPasa en

el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del proteína de unión a la Ran GTPasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de proteína ribosomal L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de

la planta madre de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del proteína ribosomal L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del proteína ribosomal L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del proteína ribosomal L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de lipocalína-inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del lipocalína-inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del lipocalína-inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del lipocalína-

inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis a en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel del ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, las diferencias entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite están determinadas por más de una de las proteínas mencionadas anteriormente. Por ejemplo, en algunas formas de implementación las diferencias están determinadas para una combinación de entre dos y treinta y ocho de las proteínas indicadas anteriormente. También, por ejemplo, en algunas implementaciones las diferencias se determinan para combinaciones de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, o 38 de las proteínas antes mencionadas, e.g., cada combinación posible.

Selección de la progenie

La etapa de selección de la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del

mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento se puede llevar a cabo, por ejemplo, mediante la selección de una planta madre de palma de aceite para la propagación con base en la diferencia y el cruce de la planta con otra planta de palma de aceite, e.g., otra planta de palma de aceite que también muestra la misma o una diferencia similar con respecto a una de las proteínas indicadas anteriormente, mediante las técnicas convencionales de reproducción para obtener la progenie correspondiente a la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

Como es bien conocido en el arte, el tipo de fruta tiene un rasgo monogénico en la palma de aceite que es importante, con respecto a la reproducción y la producción comercial del aceite de palma. En concreto, las palmas de aceite bien sea de dos tipos de frutas distintos se usan generalmente en la reproducción y la producción de semillas a través del cruce a fin de generar las palmas para la producción comercial del aceite (también denominados “materiales de siembra comercial” o de “plantas de producción agrícola"). El primer tipo de fruta es *duramadre* (genotipo: SH SH + +), que se caracteriza por una cáscara gruesa que corresponde del 28 al 35% del peso de la fruta, sin anillos de fibras negras alrededor del almendra de la fruta. Para las frutas *duramadre*, la relación del mesocarpio a la fruta varía de 50 a 60%, con un contenido de aceite extraíble en proporción al peso de los racimos de 18 a 24%. El segundo tipo de fruta es *pisifera* (genotipo: sh-sh-), que se caracteriza por la ausencia de una cáscara, los vestigios de las cuales están representados por un anillo de fibras alrededor de una almendra pequeña. En consecuencia, para las frutas *pisifera*, la relación del mesocarpio a la fruta es de 90 a 100%. La relación del aceite del mesocarpio al racimo es comparable a la *duramadre* en 16 a 28%. Sin embargo las *pisifera*s usualmente son femeninas estériles puesto que la mayoría de los racimos abortan en la etapa temprana de desarrollo.

El entrecruzamiento de la *duramadre y la pisifera* da lugar a palmas con un tercer tipo de fruta, *la tenera* (Genotipo: + sh- sh). Las frutas t*enera* tienen cascaras delgadas de 8 a 10% del peso de la fruta, correspondiente a un espesor de 0,5 a 4 mm, alrededor de la cual hay un anillo característico de fibras negras. Para las frutas *tenera*, La relación del mesocarpio a la fruta es comparativamente alta en el rango de 60 a 80%.

Las palmas de *Tenera* comercial generalmente producen más racimos de fruta que las *duramadres*, aunque el peso promedio de los racimos es más bajo. La relación del aceite extraíble al racimo está en el rango de 20 a 30%, el más alto de los tres tipos de fruta, y por lo tanto las *Teneras* se utilizan típicamente como materiales de plantación comercial.

Las poblaciones reproductoras de palma de *duramadre* usadas en el sudeste de Asia incluyen Serdang Avenue, Ulu Remis (que incorporan algo del material Serdang Avenue), Johor Labis y Elmina state, incluyendo Deli Dumpy, todas las cuales se derivan de la *duramadre* Deli. Las poblaciones reproductoras de *pisifera* usadas para la producción de las semillas generalmente se agrupan como Yangambi, AVROS, Binga y URT. Otras poblaciones de *duramadre* y *Pisiferas* se usan en África y América del Sur.

Por consiguiente, en algunas implementaciones, la planta madre de palma de aceite es una palma *duramadre* seleccionada del grupo que consiste de la *duramadre* Deli, *duramadre* Serdang Avenue, *duramadre Ulu Remis*, *duramadre* Johor Labis, *duramadre* Elmina State, *duramadre* Deli Dumpy. Alternativamente, en algunas formas implementación la planta madre de la palma de aceite es una palma *pisifera* seleccionada del grupo que consiste de *pisifera* Yangambi, *pisifera* AVROS, *pisifera* Binga y *pisifera URT*.

La reproducción de palma de aceite se dirige principalmente a seleccionar palmas para abastecer la producción de palmas madre *duramadre y pisifera* mejoradas para la producción de materiales de siembra comercial de *tenera* superior. Tales materiales están en gran parte en forma de semillas aunque el uso de cultivos de tejido para la propagación de clones se sigue desarrollando. En general, las poblaciones reproductoras de *duramadre* madre son generadas por el cruce entre las palmas de *duramadre* seleccionadas. Con base en el tipo de herencia mono génica del tipo de fruta, el 100% de las palmas resultantes serán *duramadre*. Después de varios años de registrar el rendimiento y la confirmar las características del racimo y la fruta, las *duramadre* se seleccionaron para la reproducción con base en el fenotipo. Por el contrario, las palmas *pisifera* son normalmente femeninas estériles y por lo tanto las poblaciones reproductoras de esta se deben generar por el cruce entre las *Tenera*s seleccionadas o mediante el cruce de las *Tenera*s seleccionadas con *pisifera*s seleccionadas. El cruce de la *tenera* x

tenera generará 25% de *duramadres*, 50% de *Teneras* y 25% de *pisifera*s. El cruce *tenera* x *pisifera* generará 50% de *Teneras* y 50% de *pisifera*s. El rendimiento potencial de las *pisifera*s luego se determina indirectamente mediante la progenie de prueba con las *duramadres* élite, i.e., por entrecruzamiento de *duramadres* y *pisifera*s para generar *Tenera*s, y luego determinar los fenotipos de rendimiento de las frutas de las *Tenera*s a lo largo del tiempo. A partir de esto, se seleccionan *pisifera*s con buena capacidad general de combinación con base en el desempeño de sus progenies *tenera*. El entrecruzamiento entre madres seleccionadas también se lleva a cabo con las progenies que se vallan a trasladar hasta el siguiente ciclo de reproducción. Esto permite la introducción de nuevos genes en el programa de reproducción para aumentar la variabilidad genética. Usando este esquema general, los objetivos prioritarios de selección incluyen alto rendimiento de aceite por unidad de área en términos de alto rendimiento de racimo de fruta fresca y alta relación de aceite a racimo (cáscara fina, mesocarpio grueso), alto rendimiento precoz (precocidad), el aceite y buenas cualidades del aceite, entre otras características.

Por consiguiente, en algunas implementaciones, la planta madre de palma de aceite es una planta madre de reproducción de *duramadre.* La progenie comprende una planta de palma de aceite seleccionada del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *duramadre* y una planta de producción agrícola *Tenera*, y la planta de palma de aceite de alto rendimiento se selecciona del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *duramadre* y una planta de producción agrícola *tenera.* Por ejemplo, en algunas implementaciones el método se lleva a cabo con el propósito de generar madres mejoradas de reproducción de *duramadre,* en cuyo caso la planta madre de reproducción de la madre de *duramadre* se cruza con otra planta madre de reproducción de *duramadre* para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento directamente entre la progenie, la cual también será de plantas madre de reproducción de *duramadre*. También, por ejemplo, en algunas implementaciones el método se lleva a cabo con el propósito de generar plantas de producción agrícola de *tenera* mejoradas, en cuyo caso la planta madre de reproducción de la madre de *duramadre* se cruza con una planta madre de reproducción de *pisifera* para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento directamente entre la progenie, las cuales serán plantas de producción agrícola de *tenera*.

Alternativamente, en algunas implementaciones la planta madre de palma de aceite es una planta madre de reproducción de *tenera* la progenie comprende una planta de palma de aceite seleccionada del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *tenera,* una planta madre de reproducción de *pisifera*, y una planta de producción agrícola de *tenera*, y la planta de palma de aceite de alto rendimiento se selecciona del grupo que consiste en una planta madre de reproducción de *tenera* y una planta de producción agrícola de *tenera*. Por ejemplo, en algunas implementaciones el método se lleva a cabo con el propósito de generar madres mejoradas de reproducción de *tenera*, en cuyo caso la planta madre de reproducción de la madre *tenera* se cruza con otra planta madre de reproducción de *tenera* para obtener una planta *tenera* de alto rendimiento directamente entre la progenie, de los cuales el 25% será *duramadre, el* 50% será *tenera* y el 25% será *pisifera*. También, por ejemplo, en algunas implementación el método se lleva a cabo con el propósito de generar plantas mejoradas de producción agrícola de *tenera*, en cuyo caso la planta madre de reproducción de la madre *tenera* se cruza con una planta madre de reproducción de *pisifera*, para producir una progenie correspondiente al 50% de *tenera* y 50% de *pisifera*. La *pisifera* resultante de esta cruce a su vez puede ser utilizada como madre de reproducción de *pisifera* para la generación de plantas de producción agrícola de *tenera*.

Las plantas progenie se pueden cultivar por los métodos convencionales, e.g., se pueden cultivar plántulas en bolsas de polietileno en instalaciones de pre-vivero y vivero, levantadas durante unos 12 meses, y luego se siembran como plántulas, con la progenie que se conoce o predice que tiene altos rendimientos, elegida para su cultivo posterior.

Como será claro a partir de lo anterior, la etapa de selección de la progenie de la planta madre de la palma de aceite también puede estar basada en las diferencias entre los niveles de más de una de las proteínas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y los niveles de las proteínas en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la etapa de selección se basa en las diferencias con respecto a una combinación de dos a treinta y ocho de las proteínas indicadas anteriormente. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la etapa de selección se basa en las diferencias con respecto a combinaciones de 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15,

16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, o 38 de las proteínas anteriormente mencionadas, e.g., cada combinación posible.

Proteínas adicionales

En algunas formas de implementación, además de determinar una diferencia con respecto a una o más de una de las proteínas indicadas anteriormente, también se determina una diferencia con respecto a una o más proteínas adicionales seleccionadas del grupo que consiste de proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I, proteína de la familia ABC1, glutatión peroxidasa, glutatión S-transferasa, glutatión-S-transferasa THETA, fosfolipasa D, y Vier F-Box proteína 2. En algunas formas de implementación, la proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I comprende la SEQ ID NO: 39, la proteína de la familia ABC1 comprende la SEQ ID NO: 40, la glutatión peroxidasa comprende la SEQ ID NO: 41, la glutatión S-transferasa comprende la SEQ ID NO: 42, la glutatión -S-transferasa THETA comprende la SEQ ID NO: 43, la fosfolipasa D comprende la SEC ID NO: 44, y el Vier F-Box proteína 2 comprende la SEC ID NO: 45.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 o 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel

de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la proteína de la familia ABC1 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de la familia ABC1 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la proteína de la familia ABC1 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de la familia ABC1 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de glutatión peroxidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de glutatión peroxidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de glutatión peroxidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de glutatión peroxidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta

de la planta madre de palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 12 semanas después de la polinización de la misma. También, por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización es menor que el nivel de la glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma. Como un ejemplo adicional, en algunas implementaciones la diferencia es que el nivel de la glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la glutatión S-transferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la glutatión-S-transferasa THETA en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la glutatión-S-transferasa THETA en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la glutatión-S-transferasa THETA en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la glutatión-S-transferasa THETA en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la fosfolipasa D en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización

de la misma es menor que el nivel de la fosfolipasa D en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la fosfolipasa D en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la fosfolipasa D en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 16 semanas después de la polinización de la misma.

En algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de proteína adicional en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de la Vier F-Box proteína 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la Vier F-Box proteína 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma. Por ejemplo, en algunas implementaciones, la diferencia es que el nivel de la Vier F-Box proteína 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la Vier F-Box proteína 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 18 semanas después de la polinización de la misma.

Método para la obtención de aceite de palma

Se describe un método para la obtención de aceite de palma de una planta de palma de aceite de alto rendimiento. El método incluye las etapas de obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento como se explicó anteriormente; y extraer el aceite de palma a partir de una fruta de la planta de palma de aceite de alto rendimiento. La etapa de extraer el aceite de palma se puede llevar a cabo por los métodos convencionales, e.g., recolección de los racimos de fruta seguido de la extracción del aceite, dentro de las 24 horas, a partir de las frutas frescas y no lesionadas de la misma.

Método para predecir el rendimiento en aceite de una planta de prueba de palma de aceite

Como señaló anteriormente, también se proporciona un método para predecir el rendimiento en aceite de una planta de prueba de palma de aceite.

El método comprende: (i) determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de prueba de la palma de aceite, (ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta de referencia de la palma de aceite, y (iii) predecir el rendimiento en aceite en la planta de prueba de la palma de aceite con base en la diferencia.

Las proteínas descritas anteriormente como se utilizan en el método para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento también son útiles en el método para predecir el rendimiento en aceite de una planta de prueba de la palma de aceite.

La etapa de determinación del nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de prueba de la palma de aceite también se puede llevar a cabo de manera similar a la descrita anteriormente, e.g., con base en la electroforesis en gel de diferencia con fluorescencia en dos dimensiones, detección a base de anticuerpos, detección de inmuno-blot, o la detección dot-blot, y/o con respecto a más de una de las proteínas, excepto que el nivel de la proteína en el tejido de la mesocarpio de la fruta se determina con respecto a una fruta de una planta de prueba de la palma de aceite en lugar de una planta madre de la palma de aceite.

La etapa que determina si existe una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite también se puede llevar a cabo como se describió anteriormente, por ejemplo, con base en el nivel de la proteína del mesocarpio de la planta de prueba de la palma de aceite que es mayor (o, alternativamente, menor) que la de la planta de referencia de palma de aceite, por ejemplo, mayor que 1,1 veces, 1.25 veces, 1,5 veces, 2 veces, 4 veces, o más, con valores de p, de por ejemplo, < 0,025, < 0,05 o < 0.1. Por otra

parte, la diferencia se puede basar en cualquiera de las diferencias específicas señaladas anteriormente con respecto a cada proteína específica, e.g., en algunas implementaciones, la diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite es que el nivel de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma. En adición, se pueden determinar diferencias con respecto a los niveles de más de una de las proteínas.

La etapa de predicción se puede llevar a cabo, por ejemplo, con base en la cantidad de la diferencia en el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite, y/o con base en las correlaciones entre los niveles de expresión de la proteína y el rendimiento. La etapa de predicción también se puede llevar a cabo, por ejemplo, con base en las diferencias con respecto a los niveles de más de una de las proteínas.

Kit para la obtención de una planta de palmas de aceite de alto rendimiento

Como se señaló anteriormente, también se puede proporcionar un kit para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento. El kit comprende: (i) un anticuerpo para la detección de una proteína; y (ii) un extracto de un tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de palma de aceite. Las proteínas descritas anteriormente así como son útiles en el método para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento también son útiles en el kit para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento. Además, se ha señalado anteriormente, que los anticuerpos contra las proteínas antes mencionadas se pueden preparar por los métodos que son bien conocidos en el arte, o se pueden obtener de los proveedores comerciales.

En algunas formas de implementación, el kit comprende además las instrucciones que indican el uso de los anticuerpos para determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta madre de palma de aceite y el nivel de la proteína en el extracto del tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite. La etapa para determinar si hay tal diferencia también se puede llevar a cabo como se describió anteriormente. En algunas formas de implementación, el kit además comprende instrucciones que indican la selección de la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento. La etapa de selección de la progenie de la planta madre de la palma de aceite también se puede llevar a cabo como se describió anteriormente. Además, en algunas formas de implementación, el kit comprende por lo menos otro anticuerpo para la detección de por lo menos otra de las proteínas.

Los siguientes ejemplos son para propósitos de ilustración y no pretenden limitar el alcance de las reivindicaciones.

Ejemplo 1

Electroforesis en gel de diferencia en dos dimensiones e identificación de proteínas.

Objetivos

Los objetivos incluyen la identificación de proteínas que se expresan diferencialmente en el tejido del mesocarpio de la palma de aceite a través de características de alto y bajo rendimiento a lo largo del tiempo del desarrollo de la fruta.

Métodos

Poblaciones tamizadas:

Se usaron dos poblaciones tamizadas de plantas de palma de aceite, una población tamizada de alto rendimiento y una población tamizada de bajo rendimiento, cada una constaba de tres plantas de palma individual. Las poblaciones tamizadas se

derivaron de cruces de *duramadre* Serdang Avenue (por lo menos el 75% de *duramadre* Serdang Avenue) y *pisifera* AVROS (Por lo menos el 75% de *pisifera AVROS*) para producir la progenie *tenera*. Más específicamente, la población tamizada de alto rendimiento se derivó de una población de plantas de palma de aceite que previamente había sido determinada por producir cantidades relativamente altas de aceite de palma, en concreto más de 10 toneladas de aceite de palma por hectárea por año, y por lo tanto tiene un fenotipo de alto rendimiento, también denominado fenotipo H. La Población tamizada de bajo rendimiento se derivó de una población de plantas de palma de aceite que previamente había sido determinada por producir cantidades relativamente bajas de aceite de palma, específicamente inferior a 6 toneladas de palma por hectárea por año, y por lo tanto tiene en fenotipo de rendimiento bajo, también denominado fenotipo h. Las determinaciones de los rendimientos para las poblaciones de alto rendimiento y bajo rendimiento se definieron mediante datos estadísticos recolectados durante 4 años por los reproductores confiables de palma de aceite. Para las poblaciones tamizadas de alto rendimiento, tres palmas de alto rendimiento de las mismas se designaron como H2, H4 y H6. Para la población tamizada de bajo rendimiento, las tres palmas de bajo rendimiento de la misma se designaron h1, h6 y h9.

Comparaciones:

Cada una de las tres palmas de alto rendimiento y las tres palmas de bajo rendimiento de las poblaciones tamizadas se muestrearon en tres puntos de tiempo, 12 semanas después de la polinización (tiempo “a"), 16 semanas después de la polinización (tiempo “b"), y 18 semanas después de la polinización (tiempo “c"), para proporcionar las siguientes comparaciones:

1. Alto rendimiento (12 semanas) v. Bajo rendimiento (12 semanas) (también denominado “Ha vs ha”)
2. Alto rendimiento (16 semanas) v. Bajo rendimiento (16 semanas) (también denominado “Hb vs hb”)
3. Alto rendimiento (18 semanas) v. Bajo rendimiento (18 semanas) (también denominado “Hc vs hc”)
4. Alto rendimiento (12 semanas) v. Alto rendimiento (16 semanas) (también denominado “Ha vs Ha”)

5. Alto rendimiento (12 semanas) v. Alto rendimiento (18 semanas) (también denominado “Ha vs Hc”)
6. Bajo rendimiento (12 semanas) v. Bajo rendimiento (16 semanas) (también denominado “ha vs hb”)
7. Bajo rendimiento (12 semanas) v. Bajo rendimiento (18 semanas) (también denominado “ha vs hc”)

Específicamente, el tejido del mesocarpio se obtuvo a partir de los frutillos de cada una de las palmas en cada momento. Para referencia, la depositación de aceite en el endospermo comienza aproximadamente a las 12 semanas post-polinización y está casi completa a las 16 semanas post-polinización, mientras que la depositación de aceite en el tejido del mesocarpio comienza aproximadamente a las 15 semanas post-polinización y continúa hasta la madurez de la fruta en aproximadamente 20 semanas post-polinización. Los puntos de tiempo de 12, 16 y 18 semanas post-polinización se escogieron porque las 12 semanas de post-polinización marcan el comienzo de la depositación de aceite en el endospermo, pero precede el comienzo de la depositación de aceite en el tejido del mesocarpio, 16 semanas post-polinización marca el punto de más alto nivel de expresión de la transcripción en el tejido del mesocarpio, siguiendo la iniciación de la biosíntesis de aceite después de la polinización, y 18 semanas post-polinización marca el momento al cual la expresión de la transcripción se espera que disminuya puesto que las frutas maduran.

Preparación de muestras de proteína:

Las muestras de proteína total del mesocarpio se extrajeron de los frutillos de palma de aceite se extrajeron de cada una de las tres plantas de palma alto rendimiento y de cada una de las tres plantas de palma de bajo rendimiento a las 12, 16, y 18 semanas post-polinización con base en un método modificado de extracción de proteínas de He *et al*, 7 Forestry Studies en China 20, 20-23 (2005). Las muestras de proteínas se re-suspendieron en buffer de lisis de células 2D (30mM Tris-HCl, pH=8,8, que contiene 7 M de urea, 2 M de tiourea y 4% de CHAPS). La mezcla se sometió a ultrasonidos a 4°C seguido de agitación durante 30 minutos a temperatura ambiente. La muestra se centrifugó durante 30 minutos a 14.000 rpm y se recogió el sobrenadante. La

concentración de proteína de la fracción sobrenadante se midió utilizando el método del ensayo Bio-Rad proteína (Bradford, 1976).

Estándar interno:

Se hizo un estándar interno mezclando una cantidad igual de proteína de cada muestra, i.e., proteína total del mesocarpio de cada una de las tres palmas de alto rendimiento y las tres palmas de bajo rendimiento, en cada uno de los tres momnetos12, 16, y 18 semanas post-polinización. El estándar interno se hizo coincidir y normalizar los patrones de proteína a lo largo de los geles de diferencia, con lo cual se niega el problema de la variación inter-gel. Esta aproximación permitió la cuantificación exacta de las diferencias entre las muestras con una significancia estadística asociada. Las comparaciones cuantitativas de las proteínas se realizaron entre muestras con base en el cambio relativo de cada proteína *in situ* a su propio estándar interno en el gel.

Etiquetado CyDye:

Para cada muestra, 30µg de proteína se mezclaron con 1,0µl de CyDye diluido, se mantuvieron en la oscuridad en hielo durante 30 min. Las muestras de cada par de comparación se etiquetaron con Cy3 y Cy5 respectivamente. El estándar interno se etiquetó con Cy2. La reacción de etiquetado se detuvo mediante la adición de 1,0µl de lisina 10 mM a cada muestra, y se incubó en la oscuridad en hielo durante 15 min adicionales. Las tres muestras etiquetadas luego se mezclaron. Se agregó el buffer de la muestra 2X 2-D (8 M urea, 4% CHAPS, 20 mg/ml de DTT, 2% farmalitos y cantidad traza de azul de bromofenol), 100µl de la solución consecutiva y buffer de rehidratación (7 M urea, 2 M tiourea, 4% CHAPS, 20 mg/ml de DTT, 1% farmalitos y cantidades traza de azul de bromofenol) a la mezcla de etiquetado para completar un volumen total 250 µl. Las muestras se mezclaron bien y se centrifugaron. Luego las muestras se cargaron en tiras inmovilizadas de un gel de gradiente de pH (“IPG”) alojadas en un soporte de tiras.

Geles de electroforesis en gel de diferencia:

Los geles analíticos de electroforesis en gel de diferencia (“DIGE”) fueron diseñados para contener las muestras emparejadas apropiadas para facilitar el análisis de

gel en la última parte del experimento. Un total de nueve geles DIGE fueron producidos con las muestras de emparejamiento como sigue:

Gel 1: H2A, h1a, y estándar interno
Gel 2: H4a, h6a, y estándar interno
Gel 3: H6a, h9a, y estándar interno
Gel 4: H2b, h1b, y estándar interno
Gel 5: H4b, h6b, y estándar interno
Gel 6: H6b, h9b, y estándar interno
Gel 7: H2c, h1c, y estándar interno
Gel 8: H4c, h6c, y estándar interno
Gel 9: H6c, h9c, y estándar interno tanto los geles de 1-3, 4-6 y 7-9 corresponden a las comparaciones de alto vs bajo rendimiento
Palmas en 12, 16, y 18 semanas post-polinización, respectivamente.

Enfoque isoeléctrico y electroforesis en gel SDS-poliacrilamida:

Después de cargar las muestras etiquetadas sobre las tiras IPG de pH 4-7, se condujo el foco isoeléctro ("IEF") siguiendo un protocolo conocido de Amersham Biosciences, electroforesis 2-D**:**

Principios y Métodos, pp. 43-72 (2004). Una vez terminado el IEF, las tiras de IPG se incubaron en buffer 1 de equilibrio recién hecho (50 mM Tris-HCl, pH 8.8, que contiene 6 M de urea, 30% de glicerol, 2% SDS, cantidades traza de azul de bromofenol y 10 mg/ml DTT) por 15 minutos con agitación suave. Luego las tiras de IPG se enjuagaron con buffer-2 de equilibrio recién hecho (50 mM Tris-HCl, pH 8.8, que contiene 6 M de urea, 30% de glicerol, 2% SDS, cantidades traza de azul de bromofenol y 45 mg/ml DTT) por 10 minutos con agitación suave. Las tiras de IPG se enjuagaron en el buffer de corrida del gel de electroforesis ("SDS-PAGE") gel de poliacrilamida SDS y luego se transfirieron a geles con 12% de SDS-PAGE. Los geles SDS-PAGE se corrieron a 15°C hasta que el frente del color corrió fuera de los geles.

Escaneo de la imagen y análisis de datos:

Las imágenes del gel se escanearon inmediatamente siguiendo el SDS- PAGE utilizando Typhoon TRIO (Amersham Biosciences) de acuerdo con los métodos conocidos para el uso del mismo. Las imágenes escaneadas luego se analizaron mediante el software Image Quant (versión 6.0, Amersham Biosciences), seguido por el análisis de variación biológica ("BVA") usando el software DeCyderTM 2Dversión 6.5 (Amersham Biosciences).

Resultados

Resultados de los geles analíticos 2D-DIGE:

Resultados para geles analíticos 2D-DIGE se muestran en las Figs. 1-9, correspondiente a las comparaciones de (1) H2a vs. h1a, (2) H4a vs. h6a, (3) H6a vs. h9a, (4) H2b. h1b, (5) H4b vs. h6b, (6) H6b. h9b, (7) H2c vs. h1c, (8) H4c. h6c, y (9) H6c vs. h9c, respectivamente.

Se usaron geles analíticos DIGE para el análisis BVA del gel cruzado, como sigue:

i) Hb vs hb, correspondientes a (H2b, H4b, H6b) vs (h1b, h6b, h9b)
ii) Ha vs ha, correspondientes a (H2a, H4a, H6a) vs (h1a,h6a, h9a)
iii) Hc vs hc, correspondientes a (H2c, H4c, H6c) vs (h1c, h6c, h9c)
iv) Ha vs hb vs hc, correspondientes a (H2a, H4a, H6a) vs (H2b, H4b, H6b) vs (H2c, H4c, H6c)
v) ha vs hc vs hb, correspondientes a (h1a, h6a, h9a) vs (h1b, h6b, h9b) vs (h1c, h6c, h9c)

Con base en los geles múltiples de emparejamiento para la comparación y la implementación del análisis estadístico de los cambios en la abundancia de proteína, el análisis BVA proporciona una identificación exacta de la expresión diferencial de las manchas de proteínas. Para efectos de determinar la significación estadística en este análisis, el valor $p < 0,1$ se aplicó debido al tamaño pequeño de la muestra (n=3) para cada gel con el gel de comparación. El número encontrado de proteínas que se expresaron diferencialmente en este análisis se redujo a aquellos con relaciones de expresión de > 1,5 veces el cambio. Las manchas de proteínas correspondientes en los

geles cotejados por el ojo para asegurar una buena calidad/resolución de las manchas o rayas artificiales. Los puntos seleccionados posteriormente se recogieron para su identificación a través de espectrometría de masas ("MS").

De acuerdo con estos métodos se detectaron las manchas de 84 proteínas como expresadas diferencialmente a partir de análisis BVA 2D-DIGE en uno o más de los análisis indicados anteriormente, tal como se muestra en las figs. 1-9 como manchas de proteínas que se encierran en círculos y se numeran.

Las 84 manchas se fueron reduciendo hasta 61 manchas para la identificación por espectrometría de masas vía MALDI-ToF/ToF. Los criterios de selección aquí practicados se basaron en i) la visibilidad de las manchas en gel DIGE, ii) diferencias en la expresión de proteínas mayores de 1,5 veces, y iii) la aparición de isoformas de proteínas. Las manchas candidatas que no fueron claramente visibles en el gel DIGE que tuvieron menos de 1,5 veces de cambio en la expresión, o que fueron redundantes con base en una isoforma de la misma que ya había sido identificada, no se seleccionaron para otros análisis.

Geles preparativos 2D-DIGE:

Se corrieron tres geles preparativos con 3 etiquetas CyDye. Las muestras de las proteínas totales de las palmas individuales se mezclaron para propósitos de identificación, puesto que las muestras individuales no incluyen suficiente proteína. Las muestras seleccionadas para los geles preparativos fueron los siguientes:

Gel 1: H4a, h6a, mezcla de otras Ha/ha
Gel 2: H4b, h6b, mezcla de otras Hb/hb
Gel 3: H2c, h1c, mezcla de otras Hc/hc

Los geles preparativos se usaron para recoger todas las manchas de las 61 proteínas de interés. Para cada mancha recogida, la identidad de la proteína correspondiente se determinó mediante MS. Específicamente, cada proteína se sometió a MALDI-ToF/ToF, se determinaron las secuencias de aminoácidos de fragmentos de péptidos de las mismas, las secuencias se compararon con la base de datos no

redundante NCBI para la identificación del homólogo más cercano, y se asignó una identidad a la proteína con base a la identidad del homólogo más cercano.

Este análisis dio como resultado 45 identificaciones de proteínas únicas que corresponde a las proteínas de la palma de aceite que son homólogas a las proteínas previamente identificadas en palma de aceite o de otros organismos, como se muestra en la Tabla 1, y que se expresan diferencialmente con respecto a las palmas de alto o de bajo rendimiento y/o a través de los momentos de 12, 16, y 18 semanas post-polinización, como se muestra en la Tabla 2, y que por lo tanto se relaciona con los rasgos de rendimiento alto/bajo en la palma de aceite. En concreto, de las 61 manchas de proteínas, 8 parejas de rendimiento no tuvieron el índice de confianza, i.e., los puntajes del índice de confianza para las parejas entre cada una de las manchas de las 8 proteínas y las proteínas homólogas más cercanas en la base de datos de no redundancia NCBI estuvieron por debajo de 80%. Estas 8 manchas de proteínas, no se consideraron más. Por otra parte, las 8manchas de proteínas producían Identificaciones repetitivas, i.e., las identificaciones fueron redundantes con respecto a otras manchas de la proteína. Estas 8 manchas de proteínas tampoco se consideraron más. Las identificaciones de las 45 proteínas únicas restantes corresponden a las siguientes proteínas de la palma de aceite: 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa que comprende la SEQ ID NO: 1, la proteína de estrés abscísico de maduración que comprende la SEQ ID NO: 2, la actina 6 que comprende la SEQ ID NO: 3, la actina E que comprende la SEC ID NO: 4, el precursor de la biotina carboxilasa que comprende la SEQ ID NO: 5, el ácido caféico O-metiltransferasa que comprende la SEQ ID NO: 6, la catalasa 2 que comprende la SEC ID NO: 7, el ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis que comprende la SEQ ID NO: 8, la proteína como la fibrilina que comprende la SEQ ID NO: 9, la quinona reductasa 1 como-flavodoxina que comprende la SEQ ID NO: 10, la fructosa- bifosfato aldolasa que comprende la SEQ ID NO: 11, el gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa que comprende la SEQ ID NO: 12, el ortólogo H0825G02.11 que comprende la SEQ ID NO: 13, la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa que comprende la SEQ ID NO: 14, la Lea1P que comprende SEC ID NO: 15, la proteína sintasa de metionina que comprende la SEQ ID NO: 16, la peroxirredoxina mitocondrial que comprende la SEQ ID NO: 17, el ortólogo Os02g0753300 que comprende la SEQ ID NO: 18, el ortólogo Os05g0482700 que comprende la SEQ ID NO: 19, el ortólogo Os12g0163700 que comprende SEC ID NO: 20,

el ortólogo OSJNBb0085F13.17 que comprende la SEQ ID NO: 21, el ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 que comprende la SEQ ID NO:. 22, el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas que comprende la SEQ ID NO: 23, el ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa que comprende la SEQ ID NO: 24, el ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera que comprende la SEQ ID NO: 25, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa que comprende la SEQ ID NO: 26, la prolina iminopeptidasa que comprende la SEQ ID NO: 27, el transportador de proteína que comprende la SEQ ID NO: 28, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica que comprende la SEQ ID NO: 29, la proteína de unión a la Ran GTPasa que comprende la SEQ ID NO: 30, la triosafosfato isomerasa cloroplástica que comprende la SEQ ID NO: 31, la subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V que comprende la SEQ ID NO: 32, el regulador de la actividad de ribonucleasa A que comprende la SEQ ID NO: 33, la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo que comprende la SEQ ID NO: 34, la proteína ribosomal L10 que comprende la SEQ ID NO: 35, la deshidrogenasa tipo cadena corta que comprende la SEQ ID NO: 36, la lipocalína inducida por la temperatura que comprende la SEQ ID NO: 37, el ortólogo desconocido-proteína-de-Picea sitchensis- que comprende la SEQ ID NO: 38, la proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I que comprende la SEQ ID NO: 39, la proteína de la familia ABC1 que comprende la SEQ ID NO: 40, la glutatión peroxidasa que comprende la SEQ ID NO: 41, la glutatión S-transferasa que comprende la SEQ ID NO: 42, la glutatión -S-transferasa THETA que comprende la SEQ ID NO: 43, la fosfolipasa D que comprende la SEC ID NO: 44, y el Vier F-Box proteína 2 que comprende la SEC ID NO: 45. Las secuencias de las 45 proteínas se proporcionan en Fig. 10A-M. Es de destacar que la SEC ID NO: 1, 3-6, 8-12, 17-21, 24-28, 31-33, 35-41, 43 y 44 corresponden a secuencias de aminoácidos de proteínas de longitud completa, como se deduce por las secuencias de nucleótidos determinantes de las transcripciones de los correspondientes mRNA, las cuales en sí mismas se identifican con base en las secuencias de aminoácido de varios fragmentos de peptídicos no consecutivos de las proteínas según se determinada por MS. En contraste, las SEQ ID NOS: 2, 7, 13-16, 22, 23, 29, 30, 34, 42, y 45 corresponden a secuencias de la proteína de longitud no completa, i.e., las secuencias N- terminal o C-terminal de las proteínas de longitud completa correspondiente no han sido determinadas, o las secuencias de aminoácidos de

varios fragmentos de péptidos no consecutivos de las proteínas según se determina por MS.

Ejemplo 2

Funciones de las 45 proteínas únicas expresadas diferencialmente

Las 45 proteínas únicas expresadas diferencialmente identificadas en el Ejemplo 1 fueron anotadas con base en la predicción de la función molecular, la ruta involucrada y la clasificación de la enzima, como se muestra en la Tabla 1. Sorprendentemente, de las 45 proteínas, solamente tres están relacionadas funcionalmente con el metabolismo de los lípidos. Las tres proteínas son la fosfolipasa D, el precursor de la biotina carboxilasa, y fructosa-bifosfato aldolasa. Por otra parte, solamente 17 han sido mapeadas exitosamente a las rutas así llamadas KEGG, i.e., las rutas para las que las proteínas de la misma tienen un papel en el metabolismo de los carbohidratos, los aminoácidos, los lípidos, los nucleótidos, la energía o metabolitos secundarios, de acuerdo con la base de datos de rutas KEGG (Kyoto Enciclopedia of genes and genomes), disponible en: http://www.genome.jp/keg/pathway,html (último acceso noviembre 2010). Las 17 proteínas incluyen las tres proteínas señaladas anteriormente del metabolismo lípidos y la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, la proteína sintasa de metionina, prolina iminopeptidasa, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, glutatión peroxidasa, glutatión S-transferasa, glutatión -S- transferasa THETA y Vier F-Box Proteína 2. Las 28 proteínas restantes expresadas diferencialmente no se conocían por estar involucradas en la biosíntesis de aceite. Las proteínas restantes incluyen proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, Ortólogo H0825G02.11, Lea1P, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera,

polipéptido naciente asociado al complejo alfa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis, proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I, y proteína de la familia ABC1.

Ejemplo 3

Detección con base en dot-blot de Varias de las 45 proteínas únicas expresadas diferencialmente

Objetivos

Los objetivos incluyen validar las proteínas conductoras obtenidas a partir del experimento DIGE del Ejemplo 1 en las poblaciones más grandes de palmas de aceite de alto y bajo rendimiento.

Métodos

Muestras: se usaron tejidos del mesocarpio de 8 palmas de alto y bajo rendimiento obtenidas a través de 6 momentos de tiempo, es decir, 12, 14, 16, 18, 20 y 22 semanas post-polinización.

Anticuerpos: se obtuvieron de varios proveedores anticuerpos contra 27 de las 45 proteínas únicas expresadas diferencialmente, como se indica en la Tabla 3.

Extracción de la proteínas (extracción TCA): el buffer de extracción TCA (contiene 10% TCA (10 g), 0,007% DTT (70 mg), y acetona (hasta 100 ml) y se almacena a -20°C) se agrega previamente enfriado a -20°C (0,2 g + 0,5 ml) a las muestras del mesocarpio en la forma de polvo fino. Las muestras se muelen adicionalmente, utilizando un mini-molino de plástico. Las muestras se mezclan y se trituran bien. A continuación, se añade 1 ml de buffer y las muestras se incuban a -20°C durante 1 hora. Las muestras luego se someten

a centrifugación a velocidad máxima (13,2 g) a 4ºC durante 15 min. Los tubos se colocan en hielo y el sobrenadante se elimina mediante el uso de una pipeta. Se añade un volumen de 1,8 ml de buffer de lavado (que contiene 0,007% de DTT (70 mg) y acetona (hasta 100 ml) y se almacena a -20°C) y los sedimentos se re-suspenden y se trituran mediante el uso de las puntas de la pipeta. Las muestras se incuban a -20°C durante 1 hora. Las muestras se someten de nuevo a centrifugación a máxima velocidad a 4ºC durante 15 min. Se elimina el sobrenadante y las etapas de lavado se repiten por tres veces. Los polvos de la muestra se secan al aire sobre hielo durante 30 min. Los polvos de la muestra seca a continuación se re-suspendieron en 500µl de buffer de lisis/USB (que contiene 9M de urea (5,4 g), 4% de CHAPS (0,4 g), 1% de DTT (0,1 g), 1% de anfolitos pH 3-10 (250µl), 35 mM de Tris base (0.0424g), agua estéril MilliQ (hasta 10 ml), se filtra a través de una membrana de tamaño de poro de 0,2 µm y se almacena a -20°C). Las muestras se incubaron a 37°C durante 1 hora con agitación continua. Las muestras sometieron a centrifugación a velocidad máxima a temperatura ambiente durante 15 min. Los sobrenadantes se transfirieron a tubos limpios y se almacenaron a -80°C. Los pellets se almacenaron a -80°C como reserva, para uso posterior. Para eluir la proteína del pellets, se puede agregar una cantidad adicional de 500µl de buffer de lisis/USB, seguido de incubación de ll pellets a temperatura ambiente durante 1 hora con agitación, se transfieren los sobrenadantes de reserva a tubos de microcentrífuga limpios, y finalmente, el almacenamiento a -80°C.

Cuantificación de proteínas (ensayo de Bradford): Las muestras correspondientes a la dilución de 5 veces de las proteínas stocks se prepararon para la cuantificación. La concentración del stock BSA fue 1,4 µg/µl. Se usaron seis puntos de diluciones en serie de 2 veces para construir la curva estándar. Las concentraciones obtenidas para las muestras están en el rango de 0,244 µg/µl (la más baja) a 2,934 µg/µl (la mayor). Tras determinar las concentraciones de los stocks de proteína, se prepararon los stocks de trabajo (330µl) a una concentración final de 0,2 µg/µl mediante el uso del buffer PBS (+ 10% de glicerol) para el Dot-Blotting sobre la membrana:

Tamizado de Dot-blot:

Arreglos de Dot-blot utilizando un replicador de 386 pin: Para cada blot, se cortó una membrana de nitrocelulosa de 2,95 x 4,6 pulgadas y se pegaron sobre placas de pozo

único. Una placa se apiló con la membrana en la parte superior de la otra placa desocupada y luego la guía estampada se apiló sobre ambas placas. Las muestras de proteínas se prepararon en dos concentraciones, 0,20 µg/µl y 0,02 µg/µl (dilución 10x). El replicador se sumergió en la placa de 386 pozos y se agitó. El replicador fue levantado y los pines de guía se encajaron en las ranuras de guía en la guía de estampado. Luego el blot se estampó y se secó con ventilador. Cuando la membrana se secó completamente, el procedimiento de estampado se repitió por un total de 5 rondas (equivalente a estampar 0,20 µg o 0,02 µg de proteína en cada mancha puesto que los pines del replicador entregan 0,2µl de muestra), secando la membrana después de cada aplicación. Luego se permitió que las membranas se secaran al aire durante toda la noche. Las membranas se retiraron de las placas y se cortaron para reducir el tamaño. Las membranas se mantuvieron intercaladas entre papel protector original y se almacenaron en contenedores herméticos en un lugar seco hasta su uso.

Preparación para el tamizado: las membranas individuales se recortaron sobre laminillas de vidrio, dos sobre cada laminilla, con sus espaldas enfrentadas hacia el interior. Las membranas recortadas se sumerge en un recipiente lleno con PBS-T al 0,1% (pH 7,4) frío y se agitaron aproximadamente a la velocidad 7 sobre un agitador magnético durante 40 minutos. El PBS-T al 0,1% se remplazó con PBS-T al 0,05% frío y se continuaron los lavados durante 15 minutos. El PBS-T 0,05% se remplazó con PBS-T al 0.05% recién preparado y frío, la agitación se continuó durante 7 minutos, y luego se repitieron las etapas de reemplazo y de agitación.

Incubación de anticuerpos: las membranas se ponen en incubación en recipientes limpios y de tamaño apropiado, y las burbujas atrapadas por debajo de las membranas se eliminan. Un volumen de 1 ml de PBS-T al 0,05% se pipeteó sobre las membranas en blanco y se diluyó 1 ml de anticuerpo en PBS-T al 0,05% sobre las membranas correspondientes. Las membranas se agitaron para asegurar que toda la superficie de las membranas estuviera cubierta. Los contenedores fueron cubiertos con toallas plegadas en C húmedas antes de envolver con film transparente para mantener la humedad. Las membranas se incubaron entonces durante toda la noche sobre un agitador de laboratorio Belly Dancer a 4°C o a temperatura ambiente durante 2 a 3 horas dependiendo de las condiciones optimizadas para los anticuerpos individuales. Los sueros usados se retuvieron para otros experimentos o se descartaron en una botella para ser esterilizado

en autoclave. Las membranas se recortan en laminillas de vidrio. Las membranas se lavaron en PBS-T al 0,05% en frío durante 15 min, y después se lavaron dos veces con PBS-T al 0,05% durante 7 min cada vez. Las membranas de incubación se colocaron en recipientes de incubación limpios para asegurar que no queden burbujas atrapados por debajo de las membranas. Se añadió un volumen de 1 ml de anticuerpo secundario diluido en PBS-T al 0,05% a cada membrana. Para cada uno de los anticuerpos secundarios con las señales de fondo, se realizó la pre-adsorción con BSA al 1% agitando a temperatura ambiente durante 40 min. Los contenedores fueron cubiertos en un patrón similar desde arriba y se incubaron durante 2,5 horas en un agitador de laboratorio Belly Dancer a temperatura ambiente. El anticuerpo secundario se desechó y a continuación, las etapas de lavado descritas anteriormente se repitieron durante 15 min, 7 min, y 7 min, cada ronda con PBS-T al 0,05% fresco y frío.

Desarrollo y documentación: Las membranas se dejaron en recipientes de incubación, y se aseguró que no hubiera burbujas atrapados debajo de las membranas, y cualquier remanente de PBS-T al 0,05% se quitó de las membranas. Se preparó NBT/BCIP fresco de acuerdo con las instrucciones del fabricante utilizando Buffer (100 mM Tris [pH 9,0], NaCl 150 mM, $MgCl_2$ 1 mM) de fosfatasa alcalina (AP). Se añadió un volumen de 1,5 ml de solución de NBT/BCIP a cada membrana, seguido de incubación en un agitador de laboratorio Belly Dancer hasta que se desarrolló bien el color púrpura de los controles positivos (aproximadamente 30 a 45 min). Luego se detuvieron las reacciones mediante lavado y remojo de las membranas en agua. Las membranas desarrolladas se escanearon mediante el uso de un papel de escáner HP (mientras que la membrana se mantenía húmeda) con el software HP Director y las imágenes resultantes se guardaron en formato TIFF. Se configuraron de la siguiente manera: (a) Destacados: 255, (b) 50 Sombreados, (c) tonos medios: 2.00; (d) enfoque: Medio; (e) Resolución: 150; y (f) Nivel de blanco: 240. Las imágenes escaneadas, además se procesaron mediante el uso del software Adobe Photoshop C84 Extended & Olympus Micro para capturar automáticamente y transformar las densidades de las manchas, a hojas de cálculo de Microsoft Excel. Los datos generados a partir de inmuno-ensayos Dot-blot se analizaron utilizando la prueba estadística de Mann Whitney.

Resultados:

Los resultados de los inmuno-ensayos dot-blot indicaron diferencias significativas en la expresión de 11 de las 27 proteínas ensayadas, como se muestra en la Tabla 4. En concreto, en el tejido del mesocarpio probado 12 semanas post-polinización las proteínas del ácido cafeico O-metiltransferasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, proteína de la familia ABC1, polipéptido nacientes asociados al complejo alfa, glutatión peroxidasa y fructosa-bifosfato aldolasa resultaron ser expresadas diferencialmente. En el tejido del mesocarpio probado 14 semanas post-polinización, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa y las proteínas ribosomales L10 se encuentran expresadas diferencialmente entre las palmas de alto y bajo rendimiento. En el tejido del mesocarpio probado 16 semanas post-polinización, la triosafosfato isomerasa cloroplástica se expresa diferencialmente. En el tejido del mesocarpio probado 20 semanas post-polinización, la glutatión-S-transferasa-THETA y el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas se expresan diferencialmente en los mesocarpios de rendimientos altos y bajos. Y en el tejido del mesocarpio probado 22 semanas post-polinización, la proteína de la subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa y la proteína pequeña de choque térmico de 17,6 kDa clase I están expresadas diferencialmente entre las palmas de alto y de bajo rendimiento.

Aplicabilidad industrial

Los métodos y kits descritos en este documento son útiles para obtener palmas de aceite de alto rendimiento y para la predecir el rendimiento en aceite de las plantas de prueba de palma de aceite, y por lo tanto para mejorar la producción comercial del aceite de palma.

REIVINDICACIONES

1. Un método para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento, que comprende:

(i) determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite, en el que la proteína se selecciona del grupo que consiste de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis;

(ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite y el nivel de la proteína

en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta de referencia de la palma de aceite; y

(iii) seleccionar la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

2. El método de la reivindicación 1, en el que la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 1, la proteína de estrés abscísico de maduración comprende la SEQ ID NO: 2, la actina 6 comprende la SEQ ID NO: 3, la actina E comprende la SEC ID NO: 4, el precursor de la biotina carboxilasa comprende la SEQ ID NO: 5, el ácido cafeico O-metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 6, la catalasa 2 comprende la SEC ID NO: 7, el ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis comprende la SEQ ID NO: 8, la proteína como la fibrilina comprende la SEQ ID NO: 9, la quinona reductasa 1 como-flavodoxina comprende la SEQ ID NO: 10, la fructosa- bifosfato aldolasa comprende la SEQ ID NO: 11, el gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa comprende la SEQ ID NO: 12, el ortólogo H0825G02.11 comprende la SEQ ID NO: 13, la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa comprende la SEQ ID NO: 14, la Lea1P comprende SEC ID NO: 15, la proteína sintasa de metionina comprende la SEQ ID NO: 16, la peroxirredoxina mitocondrial comprende la SEQ ID NO: 17, el ortólogo Os02g0753300 comprende la SEQ ID NO: 18, el ortólogo Os05g0482700 comprende la SEQ ID NO: 19, el ortólogo Os12g0163700 comprende SEC ID NO: 20, el ortólogo OSJNBb0085F13.17 comprende la SEQ ID NO: 21, el ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 comprende la SEQ ID NO:. 22, el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas comprende la SEQ ID NO: 23, el ortólogo de-proteína de predicción de Populus trichocarpa comprende la SEQ ID NO: 24, el ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera comprende la SEQ ID NO: 25, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa comprende la SEQ ID NO: 26, la prolina iminopeptidasa comprende la SEQ ID NO: 27, el transportador de

proteína comprende la SEQ ID NO: 28, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica comprende la SEQ ID NO: 29, la proteína de unión a la Ran GTPasa comprende la SEQ ID NO: 30, la triosafosfato isomerasa cloroplástica comprende la SEQ ID NO: 31, la subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V comprende la SEQ ID NO: 32, el regulador de la actividad de ribonucleasa A comprende la SEQ ID NO: 33, la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo comprende la SEQ ID NO: 34, la proteína ribosomal L10 comprende la SEQ ID NO: 35, la deshidrogenasa tipo cadena corta comprende la SEQ ID NO: 36, la lipocalína inducida por la temperatura comprende la SEQ ID NO: 37, y el ortólogo desconocido-proteína-de-Picea sitchensis-comprende la SEQ ID NO: 38.

3. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

4. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de estrés abscísico de maduración en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

5. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la actina 6 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel

de la actina 6 en el Tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

6. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la actina E en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la actina E en la Tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

7. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de precursor de la biotina carboxilasa del tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del precursor de la biotina carboxilasa en el tejido del mesocarpio de la fruta del precursor de la biotina carboxilasa de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

8. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ácido cafeico O-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

9. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la catalasa 2 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

10. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de proteína-hipotética-conservada-de-Ricinus-communis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

11. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de proteína como la fibrilina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de palma de aceite referencia 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

12. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la quinona reductasa 1 como-flavodoxina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

13. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de fructosa- bifosfato aldolasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

14. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

15. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo H0825G02.11 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

16. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del Subunidad grande de la ribulosa-1,5 -bifosfato carboxilasa/oxigenasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 17 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

17. El método de las reivindicaciones 1 o 2, donde la diferencia es que el nivel de la Lea1P en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite es 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del Lea1P en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

18. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la palma de aceite planta madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la proteína sintasa de metionina en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

19. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la peroxirredoxina mitocondrial en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

20. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os02g0753300 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

21. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo Os05g0482700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

22. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo Os12g0163700 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

23. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo OSJNBb0085F13.17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del ortólogo OSJNBb0085F13. 17 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

24. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

25. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización la misma es menor que el nivel del ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

26. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor al nivel ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

27. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera- en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización del mismo es mayor que el nivel del ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera- en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

28. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del polipéptido naciente asociado al complejo alfa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

29. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la prolina iminopeptidasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma.

30. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel del transportador de proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

31. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica en el tejido del mesocarpio de la fruta del tejido el aceite de palma planta de referencia 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

32. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la proteína de unión a la Ran GTPasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la proteína de unión a la Ran GTPasa en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

33. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de la palma de aceite madre 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la triosafosfato isomerasa cloroplástica en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

34. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

35. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del regulador de la actividad de la ribonucleasa A en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

36. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de poliproteína pol del retroelemento como ortólogo en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

37. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la proteína ribosomal L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma es menor que el nivel de la proteína ribosómica L10 en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

38. El método de las reivindicaciones 1 o 2, donde la diferencia es que el nivel de la deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite 15 a 19 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la corta de la deshidrogenasa tipo cadena corta en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 11 a 13 semanas después de la polinización de la misma.

39. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel de la lipocalína-inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel de la lipocalína-inducida por la temperatura en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

40. El método de las reivindicaciones 1 o 2, en el que la diferencia es que el nivel del ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma es mayor que el nivel del ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite 15 a 17 semanas después de la polinización de la misma.

41. El método de las reivindicaciones 1 o 2, que además comprende:

(i) determinar el nivel de por lo menos otra de las proteínas en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta madre de la palma de aceite;

(ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la otra proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de palma de aceite y el nivel de la otra proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de una planta de referencia de la palma de aceite; y

(iii) seleccionar la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base también en la diferencia con respecto a los niveles de las otras proteínas para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

42. El método de la reivindicación 1 o 2, en el que la diferencia se determina por una técnica seleccionada del grupo que consiste de electroforesis en gel de diferencia de fluorescencia en dos dimensiones, detección con base en el anticuerpo, detección por inmuno-blot, y detección por dot-blot.

43. El método de una cualquiera de las reivindicaciones 1 a 42, en el que:

La planta madre de la palma de aceite es una planta madre de reproducción de *duramadre*; la progenie comprende una planta de palma de aceite seleccionada del grupo que consiste en una planta madre de reproducción de *duramadre* y una plante de producción agrícola de *tenera;* y

La planta de palma de aceite de alto rendimiento se selecciona del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *duramadre* y una planta de producción agrícola de *tenera*.

44. El método de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 42, en el que:

La planta madre de la palma de aceite es una planta madre de reproducción de *tenera;*

La progenie comprende una planta de palma de aceite seleccionada del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *tenera,* una planta madre de reproducción *pisifera,* y una planta de reproducción agrícola de *tenera*; y

La planta de palma de aceite de alto rendimiento se selecciona del grupo que consiste de una planta madre de reproducción de *tenera* y una planta madre de producción agrícola de *tenera*.

45. Un método para la obtención del aceite de palma a partir de la planta que palma de aceite de alto rendimiento que comprende:

(i) la obtención de la planta de palma de aceite de alto rendimiento por el método de cualquiera de las reivindicaciones 1 a 44; y

(ii) la extracción del aceite de palma a partir de la fruta de la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

46. Un método para predecir el rendimiento en aceite de una planta de prueba de palma de aceite, que comprende:

(i) determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de prueba de la palma de aceite, en el que la proteína se selecciona del grupo que consiste de 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E, precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo

cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis;

(ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de la planta de referencia de la palma de aceite; y

(iii) predecir el rendimiento en aceite de la planta de prueba de la palma de aceite con base en la diferencia.

47. El método de la reivindicación 46, en el que 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 1, la proteína de estrés abscísico de maduración comprende la SEQ ID NO: 2, la actina 6 comprende la SEQ ID NO: 3, la actina E comprende la SEC ID NO: 4, el precursor de la biotina carboxilasa comprende la SEQ ID NO: 5, el ácido cafeico O-metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 6, la catalasa 2 comprende la SEC ID NO: 7, el ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis comprende la SEQ ID NO: 8, la proteína como la fibrilina comprende la SEQ ID NO: 9, la quinona reductasa 1 como-flavodoxina comprende la SEQ ID NO: 10, la fructosa- bifosfato aldolasa comprende la SEQ ID NO: 11, el gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa comprende la SEQ ID NO: 12, el ortólogo H0825G02.11 comprende la SEQ ID NO: 13, la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa comprende la SEQ ID NO: 14, la Lea1P comprende SEC ID NO: 15, la proteína sintasa de metionina comprende la SEQ ID NO: 16, la peroxirredoxina mitocondrial comprende la SEQ ID NO: 17, el ortólogo Os02g0753300 comprende la SEQ ID NO: 18, el ortólogo Os05g0482700 comprende la SEQ ID NO: 19, el ortólogo Os12g0163700 comprende SEC ID NO: 20, el ortólogo OSJNBb0085F13.17 comprende la SEQ ID NO: 21, el ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 comprende la SEQ ID NO:. 22, el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas comprende la SEQ ID NO: 23, el ortólogo de-

proteína de predicción de Populus trichocarpa comprende la SEQ ID NO: 24, el ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera comprende la SEQ ID NO: 25, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa comprende la SEQ ID NO: 26, la prolina iminopeptidasa comprende la SEQ ID NO: 27, el transportador de proteína comprende la SEQ ID NO: 28, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica comprende la SEQ ID NO: 29, la proteína de unión a la Ran GTPasa comprende la SEQ ID NO: 30, la triosafosfato isomerasa cloroplástica comprende la SEQ ID NO: 31, la subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V comprende la SEQ ID NO: 32, el regulador de la actividad de ribonucleasa A comprende la SEQ ID NO: 33, la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo comprende la SEQ ID NO: 34, la proteína ribosomal L10 comprende la SEQ ID NO: 35, la deshidrogenasa tipo cadena corta comprende la SEQ ID NO: 36, la lipocalína inducida por la temperatura comprende la SEQ ID NO: 37, y el ortólogo desconocido-proteína-de-Picea sitchensis-comprende la SEQ ID NO: 38.

48. El método de las reivindicaciones 46 o 47, que comprende además:

(i) determinar el nivel de por lo menos otra de las proteínas en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de prueba de la palma de aceite;

(ii) determinar si hay una diferencia entre el nivel de la otra proteína en el tejido del mesocarpio de la planta de prueba de la palma de aceite y el nivel de la otra proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta de referencia de la palma de aceite; y

(iii) predecir el rendimiento en aceite de la planta de prueba de la palma de aceite también con base en la diferencia respeto de los niveles de las otras proteínas.

49. Un kit para la obtención de una planta de palma de aceite de alto rendimiento que comprende: un anticuerpo para la detección de una proteína seleccionada del grupo que consiste de 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, proteína de estrés abscísico de maduración, actina 6, actina E,

precursor de la biotina carboxilasa, ácido cafeico O-metiltransferasa, catalasa 2, ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis, proteína como la fibrilina, quinona reductasa 1 como-flavodoxina, fructosa- bifosfato aldolasa, gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa, Ortólogo H0825G02.11, Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa, Lea1P, proteína sintasa de metionina, peroxirredoxina mitocondrial, ortólogo Os02g0753300, ortólogo Os05g0482700, ortólogo Os12g0163700, ortólogo OSJNBb0085F13.17, ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901, ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas, ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa, ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera, polipéptido naciente asociado al complejo alfa, prolina iminopeptidasa, transportador de proteína, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica, proteína de unión a la Ran GTPasa, triosafosfato isomerasa cloroplástica, subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V, regulador de la actividad de la ribonucleasa A, poliproteína pol del retroelemento como ortólogo, proteína ribosomal L10, deshidrogenasa tipo cadena corta, lipocalína-inducida por la temperatura, y ortólogo de la proteína desconocida-de-Picea sitchensis; y un extracto de un tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite.

50. El kit de la reivindicación 49, en el 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 1, la proteína de estrés abscísico de maduración comprende la SEQ ID NO: 2, la actina 6 comprende la SEQ ID NO: 3, la actina E comprende la SEC ID NO: 4, el precursor de la biotina carboxilasa comprende la SEQ ID NO: 5, el ácido cafeico O-metiltransferasa comprende la SEQ ID NO: 6, la catalasa 2 comprende la SEC ID NO: 7, el ortólogo de proteína- hipotética-conservada-de-Ricinus-communis comprende la SEQ ID NO: 8, la proteína como la fibrilina comprende la SEQ ID NO: 9, la quinona reductasa 1 como-flavodoxina comprende la SEQ ID NO: 10, la fructosa- bifosfato aldolasa comprende la

SEQ ID NO: 11, el gliceraldehído 3-fosfato deshidrogenasa comprende la SEQ ID NO: 12, el ortólogo H0825G02.11 comprende la SEQ ID NO: 13, la Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa comprende la SEQ ID NO: 14, la Lea1P comprende SEC ID NO: 15, la proteína sintasa de metionina comprende la SEQ ID NO: 16, la peroxirredoxina mitocondrial comprende la SEQ ID NO: 17, el ortólogo Os02g0753300 comprende la SEQ ID NO: 18, el ortólogo Os05g0482700 comprende la SEQ ID NO: 19, el ortólogo Os12g0163700 comprende SEC ID NO: 20, el ortólogo OSJNBb0085F13.17 comprende la SEQ ID NO: 21, el ortólogo de-proteína de predicción-de- Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 comprende la SEQ ID NO:. 22, el ortólogo de-proteínas de predicción de Physcomitrella patenas-subsp.-patenas comprende la SEQ ID NO: 23, el ortólogo de- proteína de predicción de Populus trichocarpa comprende la SEQ ID NO: 24, el ortólogo-de-isoforma-1-de-proteína-hipotética-de-Vitis-vinifera comprende la SEQ ID NO: 25, el polipéptido naciente asociado al complejo alfa comprende la SEQ ID NO: 26, la prolina iminopeptidasa comprende la SEQ ID NO: 27, el transportador de proteína comprende la SEQ ID NO: 28, ortólogo del homólogo de la proteína putativa-de resistencia-a la enfermedad-NBS-LRR-del grupo-Oryza-sativa-japónica comprende la SEQ ID NO: 29, la proteína de unión a la Ran GTPasa comprende la SEQ ID NO: 30, la triosafosfato isomerasa cloroplástica comprende la SEQ ID NO: 31, la subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V comprende la SEQ ID NO: 32, el regulador de la actividad de ribonucleasa A comprende la SEQ ID NO: 33, la poliproteína pol del retroelemento como ortólogo comprende la SEQ ID NO: 34, la proteína ribosomal L10 comprende la SEQ ID NO: 35, la deshidrogenasa tipo cadena corta comprende la SEQ ID NO: 36, la lipocalína inducida por la temperatura comprende la SEQ ID NO: 37, y el ortólogo desconocido-proteína-de-Picea sitchensis-comprende la SEQ ID NO: 38.

51. El kit de las reivindicaciones 49 o 50, en el que el kit además comprende instrucciones que indican el uso del anticuerpo para determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta

madre de palma de aceite y el nivel de la proteína en el extracto del tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite.

52. El kit de la reivindicación 51, en el que el kit además comprende instrucciones que indican la selección de la progenie de la planta madre de la palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento.

53. El kit de las reivindicaciones 49 o 50, que además comprende por lo menos otro anticuerpo para la detección de por lo menos una de las proteínas

(12) INTERNATIONAL APPLICATION PUBLISHED UNDER THE PATENT COOPERATION TREATY (PCT)

(19) World Intellectual Property Organization
International Bureau

(43) International Publication Date
21 March 2013 (21.03.2013)

WIPO | PCT

(10) International Publication Number
WO 2013/039375 A2

(51) International Patent Classification:
G01N 33/569 (2006.01)

(21) International Application Number:
PCT/MY2012/000071

(22) International Filing Date:
30 March 2012 (30.03.2012)

(25) Filing Language: English

(26) Publication Language: English

(30) Priority Data:
PI 2011004343 13 September 2011 (13.09.2011) MY

(71) Applicant *(for all designated States except US)*: **SIME DARBY MALAYSIA BERHAD** [MY/MY]; 19th Floor, Wisma Sime Darby, Jalan Raja Laut, 50350 Kuala Lumpur (MY).

(72) Inventors; and

(75) Inventors/Applicants *(for US only)*: **OOI, Tony Eng Keong** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **DAIM, Leona Daniela Jeffrey** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **YEAP, Wan Chin** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **NG, Boon Zean** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **LEE, Fong Chin** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **OTHMAN, Ainul Masni Bt** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **KULAVEERASINGAN, Harikrishna A/L** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **BASIRAN, Mohd. Nazir** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY). **MOHAMED, Mohaimi** [MY/MY]; c/o Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd, 1st Floor, Block B, UPM-MTDC Technology, Centre III, Universiti Putra Malaysia, 43400 Serdang Selangor Darul Ehsan (MY).

(74) Agent: **KHOR, Pauline Hong Ping**; c/o Rahmat Lim & Partners, Suite 33.01, Level 33, The Gardens, North Tower, Mid Valley City, Lingkaran Syed Putra 59200 Kuala Lumpur (MY).

(81) Designated States *(unless otherwise indicated, for every kind of national protection available)*: AE, AG, AL, AM, AO, AT, AU, AZ, BA, BB, BG, BH, 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, IS, JP, KE, KG, KM, 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, PE, PG, PH, PL, PT, QA, RO, RS, RU, RW, 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.

[Continued on next page]

(54) Title: METHODS FOR OBTAINING HIGH-YIELDING OIL PALM PLANTS

(57) Abstract: Methods are provided for obtaining a high-yielding oil palm plant, comprising determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant, determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant, and selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant. Also provided are methods for predicting oil yield of a test oil palm plant and kits for obtaining a high-yielding oil palm plant.

WO 2013/039375 A2

(84) **Designated States** *(unless otherwise indicated, for every kind of regional protection available)*: ARIPO (BW, GH, GM, KE, LR, LS, MW, MZ, NA, RW, SD, SL, SZ, TZ, UG, ZM, ZW), Eurasian (AM, AZ, BY, KG, KZ, MD, RU, TJ, TM), European (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, ML, MR, NE, SN, TD, TG).

Declarations under Rule 4.17:

— *as to applicant's entitlement to apply for and be granted a patent (Rule 4.17(ii))*

— *of inventorship (Rule 4.17(iv))*

Published:

— *without international search report and to be republished upon receipt of that report (Rule 48.2(g))*

Title: Methods for Obtaining High-Yielding Oil Palm Plants

Technical Field

This application relates to methods for obtaining high-yielding plants, and more particularly to methods for obtaining oil palm plants that are high-yielding with respect to producing palm oil.

Background Art

The African oil palm *Elaeis guineensis* Jacq. is an important oil-food crop. Oil palm plants are monoecious, i.e. single plants produce both male and female flowers, and are characterized by alternating series of male and female inflorescences. The male inflorescence is made up of numerous spikelets, and can bear well over 100,000 flowers. Oil palm is naturally cross-pollinated by insects and wind. The female inflorescence is a spadix which contains several thousands of flowers borne on thorny spikelets. A bunch carries 500 to 4,000 fruits. The oil palm fruit is a sessile drupe that is spherical to ovoid or elongated in shape and is composed of an exocarp, a mesocarp containing palm oil, and an endocarp surrounding a kernel.

Oil palm is important both because of its high yield and because of the high quality of its oil. Regarding yield, oil palm is the highest yielding oil-food crop, with a recent average yield of 3.67 tonnes per hectare per year and with best progenies known to produce about 10 tonnes per hectare per year. Oil palm is also the most efficient plant known for harnessing the energy of sunlight for producing oil. Regarding quality, oil palm is cultivated for both palm oil, which is produced in the mesocarp, and palm kernel oil, which is produced in the kernel. Palm oil in particular is a balanced oil, having almost equal proportions of saturated fatty acids (≈ 55%

including 45% of palmitic acid) and unsaturated fatty acids (≈ 45%), and it includes beta carotene. The palm kernel oil is more saturated than the mesocarp oil. Both are low in free fatty acids. The current combined output of palm oil and palm kernel oil is about 50 million tonnes per year, and demand is expected to increase substantially in the future with increasing global population and per capita consumption of oils and fats.

Although oil palm is the highest yielding oil-food crop, current oil palm crops produce well below their theoretical maximum. Moreover, conventional methods for identifying potential high-yielding palms for use in crosses to generate progeny with higher yields require cultivation of palms and measurement of production of oil thereby over the course of many years, which is both time and labor intensive. In addition, conventional breeding techniques for propagation of oil palm for oil production are also time and labor intensive, particularly because the most productive, and thus commercially relevant, palms exhibit a hybrid phenotype which makes propagation thereof by direct hybrid crosses impractical. Accordingly, a need exists to improve oil palm yields through improved methods for obtaining and identifying high-yielding palms.

Transgenic approaches offer potential solutions to the general problem of the need to increase plant yields. For example, transgenic modification of crops such as soy and corn by the introduction of pest resistance genes derived from other organisms is now well known as a means for increasing crop yields. Moreover, methods for increasing plant yields by increasing or generating in the plant activities of particular proteins have also been disclosed, for example by Schön et al., WO 2010/046221. However, transgenic modification of crops raises potential concerns regarding unintended detrimental effects on individuals and ecosystems.

Proteomics, which encompasses the study of the protein complement of a genome, also offers potential solutions to the general problem of increasing plant yields. For example, difference gel electrophoresis ("DIGE") analysis, corresponding to two dimensional gel electrophoresis employing sensitive fluorescent labeling dyes, as described by Mackintosh et al., 3 Proteomics 2273-88 (2003), has been successfully employed in protein expression analyses in rice and sunflower, as described by Teshima et al., Regulatory Toxicology & Pharmacology (article in press), and Hajduch et al., 6 Journal of Proteome Research 3232-41 (2007), respectively. In rice, this approach was used to differentiate one cultivar from others, and also to compare expression of allergen proteins. In sunflower, several leads in seed oil traits have been identified for further investigation. However, given the many differences in the genetics and metabolism of rice, sunflower, and oil palm, and the highly specific nature of protein expression, these studies in rice and sunflower would not be expected to be useful with respect to improving oil palm yields through improved methods for obtaining and identifying high-yielding palms.

Disclosure of Invention

A method is provided for obtaining a high-yielding oil palm plant. The method comprises determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant. The protein is selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate

carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog. The method also comprises determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant. The method also comprises selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant.

Also provided is a method for predicting oil yield of a test oil palm plant. The method comprises determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of the test oil palm plant. The protein is selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate

carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog. The method also includes determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant. The method also includes predicting the oil yield of the test oil palm plant based on the difference.

Also provided is a kit for obtaining a high-yielding oil palm plant. The kit comprises an antibody for detection of a protein selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin,

Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog. The kit also comprises an extract of a mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant.

The disclosed methods and kits are based on an advantageous combination of proteomics, to identify markers for high and low-yielding traits in current oil palm breeding populations and thus to increase the pace of identification of high yielding palms, and conventional breeding techniques, to generate higher-yielding progeny therefrom. Applications include identifying high-yielding parental palm plants for use in generating higher-yielding progeny and predicting palm oil yields of test palms, in both cases without need for collecting oil yield data from palms over the course of years. Also, although the methods and kits are well suited for application to conventional breeding techniques, thus providing a basis for increasing the pace of obtaining high-yielding palms without relying on transgenics, the methods and kits can also be applied to improve the efficiency of propagation of oil palm by tissue culture or transgenic approaches too.

Brief Description of Drawings

FIG. 1 is a scanned image of a two-dimensional fluorescence difference gel electrophoresis ("DIGE") analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H2 and low-yielding palm h1, both tested at 12 weeks post-pollination.

FIG. 2 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H4 and low-yielding palm h6, both tested at 12 weeks post-pollination.

FIG. 3 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H6 and low-yielding palm h9, both tested at 12 weeks post-pollination.

FIG. 4 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H2 and low-yielding palm h1, both tested at 16 weeks post-pollination.

FIG. 5 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H4 and low-yielding palm h6, both tested at 16 weeks post-pollination.

FIG. 6 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H6 and low-yielding palm h9, both tested at 16 weeks post-pollination.

FIG. 7 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H2 and low-yielding palm h1, both tested at 18 weeks post-pollination.

FIG. 8 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H4 and low-yielding palm h6, both tested at 18 weeks post-pollination.

FIG. 9 is a scanned image of a DIGE analytical gel corresponding to mesocarp protein of high-yielding palm H6 and low-yielding palm h9, both tested at 18 weeks post-pollination.

FIG. 10A-M is a list of sequences of the forty-five unique differentially expressed proteins identified herein, abbreviated in one-letter amino acid format.

Best Mode for Carrying Out the Invention

The application is drawn to methods for obtaining high-yielding oil palm plants, methods for predicting oil yield of test oil palm plants, and kits for obtaining high-yielding oil palm plants. As disclosed herein, the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of an oil palm plant can be used for obtaining a high-yielding oil palm plant and for predicting oil yield of a test oil palm plant. Proteins useful in this regard include 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog. Accordingly, the application provides methods for obtaining high-yielding oil palm plants comprising determining the level of one of the above-noted proteins in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm

plant, determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant, and selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant. Moreover, the application provides methods for predicting oil yield of test oil palm plants comprising determining the level of one of the above-noted proteins in mesocarp tissue of a fruit of the test oil palm plant, determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant, and predicting the oil yield of the test oil palm plant based on the difference. In addition, the application provides kits for obtaining high-yielding oil palm plants comprising an antibody for detection of one of the above-noted proteins and an extract of a mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant.

Definitions

The term "parental oil palm plant," as used herein, means an oil palm plant from which progeny have been generated, are generated, or will be generated during the course of carrying out methods for obtaining a high-yielding oil palm plant as disclosed herein or using kits for obtaining a high-yielding oil palm plant as disclosed herein.

The term "test oil palm plant," as used herein, means an oil palm plant which has been subjected, is subjected, or will be subjected to a step of determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit thereof during the course of carrying out methods for predicting oil yield of the plant as disclosed herein.

The term "reference oil palm plant," as used herein, means an oil palm plant used as a basis for comparison in determining oil palm yield traits. The reference oil palm plant can be, for example, an oil palm plant that produces high, average, or low amounts of palm oil, depending on the context of the particular application. For example, the reference oil palm plant can be an oil palm plant that produces 10, 9, 8, 7, 6, 5, 4, 3, 2, or 1 tonnes of palm per hectare per year.

The terms "high-yielding," "low-yielding," and "oil yield," as used herein with respect to the methods and kits disclosed herein, refer to yields of palm oil in mesocarp tissue of fruits of palm oil plants.

The term "homologs" and "homologous," as used herein, refers to two or more genes having highly similar DNA sequences or two or more proteins having highly similar amino acid sequences. Such genes or proteins may be considered to be homologous based on sharing, for example, 60%, 70%, 75%, 80%, 85%, 90%, 91%, 92%, 93%, 94%, 95%, 96%, 97%, 98%, 99%, or greater sequence identity. The terms homologs and homologous encompass such highly similar genes or proteins, whether the genes or proteins are derived from a single species, and thus may represent structurally and functionally similar genes or proteins of the species, or from different species, and thus may represent orthologous genes or proteins derived from a common ancestor.

Method for Obtaining a High-Yielding Oil Palm Plant

As noted above, a method is provided for obtaining a high-yielding oil palm plant. The method comprises: (i) determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant; (ii) determining whether there is a difference between the level of the

protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant; and (iii) selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant.

Proteins

In accordance with this method, the protein is selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog.

In some embodiments, the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase comprises SEQ ID NO: 1, the abscisic stress ripening protein comprises SEQ ID NO: 2, the actin 6 comprises SEQ ID NO: 3, the actin E comprises SEQ ID NO: 4, the biotin carboxylase precursor comprises SEQ ID NO: 5, the caffeic acid O-methyltransferase comprises SEQ ID NO: 6, the catalase 2 comprises SEQ ID NO: 7, the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog comprises SEQ ID NO: 8, the fibrillin-like protein comprises SEQ ID NO: 9, the flavodoxin-like quinone reductase 1 comprises SEQ ID NO: 10, the fructose-bisphosphate aldolase comprises SEQ ID NO: 11, the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 12, the H0825G02.11 ortholog comprises SEQ ID NO: 13, the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase comprises SEQ ID NO: 14, the Lea1P comprises SEQ ID NO: 15, the methionine synthase protein comprises SEQ ID NO: 16, the mitochondrial peroxiredoxin comprises SEQ ID NO: 17, the Os02g0753300 ortholog comprises SEQ ID NO: 18, the Os05g0482700 ortholog comprises SEQ ID NO: 19, the Os12g0163700 ortholog comprises SEQ ID NO: 20, the OSJNBb0085F13.17 ortholog comprises SEQ ID NO: 21, the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog comprises SEQ ID NO: 22, the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog comprises SEQ ID NO: 23, the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog comprises SEQ ID NO: 24, the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog comprises SEQ ID NO: 25, the nascent polypeptide associated complex alpha comprises SEQ ID NO: 26, the proline iminopeptidase comprises SEQ ID NO: 27, the protein transporter comprises SEQ ID NO: 28, the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog comprises SEQ ID NO: 29, the Ran GTPase binding protein comprises SEQ ID NO: 30, the chloroplastic triosephosphate isomerase comprises SEQ ID NO: 31, the V-

type proton ATPase catalytic subunit A comprises SEQ ID NO: 32, the regulator of ribonuclease activity A comprises SEQ ID NO: 33, the retroelement pol polyprotein-like ortholog comprises SEQ ID NO: 34, the ribosomal protein L10 comprises SEQ ID NO: 35, the short chain type dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 36, the temperature-induced lipocalin comprises SEQ ID NO: 37, and the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog comprises SEQ ID NO: 38.

The above-noted proteins can be grouped according to function, e.g. lipid metabolism, non-lipid metabolism, and functions other than metabolism. For example, biotin carboxylase precursor and fructose-bisphosphate aldolase function primarily in lipid metabolism. In contrast, 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, methionine synthase protein, proline iminopeptidase, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, and V-type proton ATPase catalytic subunit A function primarily in non-lipid metabolism. Also in contrast, the remaining proteins, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, H0825G02.11 ortholog, Lea1P, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short

chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog, function primarily in non-metabolic capacities.

Accordingly, in some embodiments the protein is a protein that functions primarily in lipid metabolism selected from the group consisting of biotin carboxylase precursor and fructose-bisphosphate aldolase. Moreover, in some embodiments the protein is a protein that functions primarily in non-lipid metabolism selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, methionine synthase protein, proline iminopeptidase, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, and V-type proton ATPase catalytic subunit A. In addition, in some embodiments the protein is a protein that functions primarily in a non-metabolic capacity selected from the group consisting of abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, H0825G02.11 ortholog, Lea1P, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog.

Determining level of protein

The level of one of the above-noted proteins in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant may be determined in a preparation of proteins from mesocarp tissue, e.g. a crude preparation, a minimally purified preparation, or a highly purified preparation of mesocarp proteins. The preparation may include total mesocarp proteins, or a subset of mesocarp proteins, e.g. soluble proteins, insoluble proteins, proteins having an isoelectric point between pH 4 to 7, or proteins having higher or lower isoelectric points. The mesocarp tissue itself may be obtained and tested at a particular developmental stage of the fruit from which it is derived, at any time following pollination ("post-pollination"), e.g. 11-19 weeks post-pollination, 11-17 weeks post-pollination, 15-19 weeks post-pollination, 11-13 weeks post-pollination, 15-17 weeks post-pollination, 17-19 weeks post-pollination, 12 weeks post-pollination, 16 weeks post-pollination, or 18 weeks post-pollination. The level of the protein may be expressed in absolute quantitative terms, e.g. mass protein per mass mesocarp tissue, or in relative terms, e.g. intensity of signal of protein relative to intensity of signal of reference.

In some embodiments the step of determining the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant is carried out by antibody-based detection, for example by immunoblot, dot-blot, or enzyme-lined immunosorbent assay, in accordance with methods that are well known in the art. The antibody-based detection may be carried out, for example, by use of monoclonal antibodies or polyclonal antibodies raised against the protein. The antibodies may be prepared by methods that are well known in the art or obtained from commercial vendors. The antibody-based detection may be carried out quantitatively.

In some embodiments the step of determining the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant is carried out by fluorescence-based detection, for example by CyDye labeling of total proteins in a sample, followed by separation and detection of the protein, e.g. by DIGE preparative gel analysis, in accordance with known methods.

In some embodiments, levels are determined for more than one of the above-noted proteins. For example, in some embodiments levels are determined for a combination of two to thirty-eight of the above-noted proteins. Also for example, in some embodiments levels are determined for combinations of 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, or 38 of the above-noted proteins. By way of example with respect to determining levels for a combination of two of the above-noted proteins, in some embodiments levels are determined for 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase and one of the following: abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group

ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, or unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog. In other embodiments levels are determined for each of the other possible combinations of the above-noted proteins.

Determining difference between levels of protein

The step of determining whether there is a difference between the level of one of the above-noted proteins in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant may be carried out by comparing the respective levels of the protein, for example as determined by antibody-based or fluorescence-based detection as described above, and checking for a difference therebetween. In some embodiments such a comparison is considered to reveal a biologically and/or statistically significant difference based, for example, on the level of the protein in the mesocarp tissue of the parental oil palm being higher (or alternatively, lower) than that of the reference oil palm plant by, for example, greater than 1.1 fold, 1.25 fold, 1.5 fold, 2 fold, 4 fold, or more, with p values of, for example, <0.025, <0.05, or <0.1. As will be apparent to one of ordinary skill, the comparison may be facilitated by use of software for determining and comparing signal intensities, for example by use of Image Quant software (version 6.0, Amersham BioSciences), followed by Biological Variation Analysis using DeCyderTM 2D software version 6.5 (Amersham BioSciences).

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue

of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the abscisic stress ripening protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the abscisic stress ripening protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the abscisic stress ripening protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the abscisic stress ripening protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of

the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof

is higher than the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks

after pollination thereof is higher than the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some

embodiments the difference is that the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the difference is that the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is lower than the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is lower than the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the

fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue

of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after

pollination thereof is higher than the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the methionine synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the methionine synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the methionine synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the methionine synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp

tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the Os02g0753300 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os02g0753300 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the Os02g0753300 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os02g0753300 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the predicted-protein-of-

Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue

of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level

of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some

embodiments the difference is that the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than

the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the

mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination

thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue

of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, differences between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant are determined for more than one of the above-noted proteins. For example, in some embodiments differences are determined for a combination of two to thirty-eight of the above-noted proteins. Also for example, in some embodiments differences are determined for combinations of 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, or 38 of the above-noted proteins, e.g. each possible combination.

Selecting progeny

The step of selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant

and the level of the protein in mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant to obtain the high-yielding oil palm plant may be carried out, for example, by choosing a parental oil palm plant for propagation based on the difference and crossing the plant with another oil palm plant, e.g. another oil palm plant also exhibiting the same or a similar difference with respect to one of the above-noted proteins, by conventional breeding techniques to obtain progeny corresponding to the high-yielding oil palm plant.

As is well known in the art, fruit type is a monogenic trait in oil palm that is important with respect to breeding and commercial production of palm oil. Specifically, oil palms with either of two distinct fruit types are generally used in breeding and seed production through crossing in order to generate palms for commercial production of oil (also termed "commercial planting materials" or "agricultural production plants"). The first fruit type is *dura* (genotype: sh+ sh+), which is characterized by a thick shell corresponding to 28 to 35% of the fruit by weight, with no ring of black fibres around the kernel of the fruit. For *dura* fruits, the mesocarp to fruit ratio varies from 50 to 60%, with extractable oil content in proportion to bunch weight of 18 to 24%. The second fruit type is *pisifera* (genotype: sh- sh-), which is characterized by the absence of a shell, the vestiges of which are represented by a ring of fibres around a small kernel. Accordingly, for *pisifera* fruits, the mesocarp to fruit ratio is 90 to 100%. The mesocarp oil to bunch ratio is comparable to the *dura* at 16 to 28%. *Pisiferas* are however usually female sterile as the majority of bunches abort at an early stage of development.

Crossing *dura* and *pisifera* gives rise to palms with a third fruit type, the *tenera* (genotype: sh+ sh-). *Tenera* fruits have thin shells of 8 to 10 % of the fruit by weight, corresponding to a thickness of 0.5 to 4 mm, around which is a characteristic ring of black fibres. For *tenera* fruits, the ratio of mesocarp to fruit is comparatively high, in the range of 60 to 80%.

Commercial *tenera* palms generally produce more fruit bunches than *duras*, although mean bunch weight is lower. The extractable oil to bunch ratio is in the range of 20 to 30%, the highest of the three fruit types, and thus *tenera* are typically used as commercial planting materials.

Dura palm breeding populations used in Southeast Asia include Serdang Avenue, Ulu Remis (which incorporated some Serdang Avenue material), Johor Labis, and Elmina estate, including Deli Dumpy, all of which are derived from Deli *dura*. *Pisifera* breeding populations used for seed production are generally grouped as Yangambi, AVROS, Binga and URT. Other *dura* and *pisifera* populations are used in Africa and South America.

Accordingly, in some embodiments the parental oil palm plant is a *dura* palm selected from the group consisting of Deli *dura*, Serdang Avenue *dura*, Ulu Remis *dura*, Johor Labis *dura*, Elmina estate *dura*, and Deli Dumpy *dura*. Alternatively, in some embodiments the parental oil palm plant is a *pisifera* palm selected from the group consisting of Yangambi *pisifera*, AVROS *pisifera*, Binga *pisifera*, and URT *pisifera*.

Oil palm breeding is primarily aimed at selecting for improved parental *dura* and *pisifera* breeding stock palms for production of superior *tenera* commercial planting materials. Such materials are largely in the form of seeds although the use of tissue culture for propagation of clones continues to be developed. Generally, parental *dura* breeding populations are generated by crossing among selected *dura* palms. Based on the monogenic inheritance of fruit type, 100% of the resulting palms will be *duras*. After several years of yield recording and confirmation of bunch and fruit characteristics, *duras* are selected for breeding based on phenotype. In contrast, *pisifera* palms are normally female sterile and thus breeding populations thereof must be generated by crossing among selected *teneras* or by crossing selected *teneras* with selected *pisiferas*. The *tenera* x *tenera* cross will generate 25% *duras*, 50% *teneras* and 25% *pisiferas*.

The *tenera* x *pisifera* cross will generate 50% *teneras* and 50% *pisiferas*. The yield potential of *pisiferas* is then determined indirectly by progeny testing with the elite *duras*, i.e. by crossing *duras* and *pisiferas* to generate *teneras*, and then determining yield phenotypes of the fruits of the *teneras* over time. From this, *pisiferas* with good general combining ability are selected based on the performance of their *tenera* progenies. Intercrossing among selected parents is also carried out with progenies being carried forward to the next breeding cycle. This allows introduction of new genes into the breeding programme to increase genetic variability. Using this general scheme, priority selection objectives include high oil yield per unit area in terms of high fresh fruit bunch yield and high oil to bunch ratio (thin shell, thick mesocarp), high early yield (precocity), and good oil qualities, among other traits.

Accordingly, in some embodiments, the parental oil palm plant is a *dura* breeding stock plant, the progeny comprises an oil palm plant selected from the group consisting of a *dura* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant, and the high-yielding oil palm plant is selected from the group consisting of a *dura* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant. For example, in some embodiments the method is carried out with the purpose of generating improved *dura* breeding stock, in which case the parental *dura* breeding stock plant is crossed with another *dura* breeding stock plant to obtain a high yielding oil palm plant directly among the progeny, which will also be *dura* breeding stock plants. Also for example, in some embodiments the method is carried out with the purpose of generating improved *tenera* agricultural production plants, in which case the parental *dura* breeding stock plant is crossed with a *pisifera* breeding stock plant to obtain a high yielding oil palm plant directly among the progeny, which will be *tenera* agricultural production plants.

Alternatively, in some embodiments the parental oil palm plant is a *tenera* breeding stock plant, the progeny comprises an oil palm plant selected from the group consisting of a *tenera* breeding stock plant, a *pisifera* breeding stock plant, and a *tenera* agricultural production plant, and the high-yielding oil palm plant is selected from the group consisting of a *tenera* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant. For example, in some embodiments the method may be carried out with the purpose of generating improved *tenera* breeding stock, in which case the parental *tenera* breeding stock plant is crossed with another *tenera* breeding stock plant, to obtain a *tenera* high yielding palm plant directly among the progeny, of which 25% will be *dura*, 50% will be *tenera*, and 25% will be *pisifera*. Also for example, in some embodiments the method is carried out with the purpose of generating improved *tenera* agricultural production plants, in which case the parental *tenera* breeding stock plant is crossed with a *pisifera* breeding stock plant, to yield progeny corresponding to 50% *tenera* and 50% *pisifera*. The *pisifera* resulting from this cross can in turn be used as *pisifera* breeding stock for generation of *tenera* agricultural production plants.

Progeny plants may be cultivated by conventional approaches, e.g. seedlings may be cultivated in polyethylene bags in pre-nursery and nursery settings, raised for about 12 months, and then planted as seedlings, with progeny that are known or predicted to exhibit high yields chosen for further cultivation.

As will be apparent from the foregoing, the step of selecting progeny of the parental oil palm plant may also be based on differences between levels of more than one of the proteins in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the levels of the proteins in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant to obtain the high-yielding oil palm plant. For example, in some embodiments the step of selecting is based on differences with respect to a

combination of two to thirty-eight of the above-noted proteins. Also for example, in some embodiments the step of selecting is based on differences with respect to combinations of 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 23, 24, 25, 26, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 34, 35, 36, 37, or 38 of the above-noted proteins, e.g. each possible combination.

Additional proteins

In some embodiments, in addition to determining a difference with respect to one or more than one of the above-noted proteins, a difference is also determined with respect to one or more additional proteins selected from the group consisting of 17.6 kDa class I small heat shock protein, ABC1 family protein, glutathione peroxidase, glutathione S-transferase, glutathione-S-transferase theta, phospholipase D, and VIER F-Box Proteine 2. In some embodiments, the 17.6 kDa class I small heat shock protein comprises SEQ ID NO: 39, the ABC1 family protein comprises SEQ ID NO: 40, the glutathione peroxidase comprises SEQ ID NO: 41, the glutathione S-transferase comprises SEQ ID NO: 42, the glutathione-S-transferase theta comprises SEQ ID NO: 43, the phospholipase D comprises SEQ ID NO: 44, and the VIER F-Box Proteine 2 comprises SEQ ID NO: 45.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the 17.6 kDa class I small heat shock protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 17.6 kDa class I small heat shock protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the

17.6 kDa class I small heat shock protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 or 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 17.6 kDa class I small heat shock protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the ABC1 family protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the ABC1 family protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the ABC1 family protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than the level of the ABC1 family protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the glutathione peroxidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the glutathione peroxidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the glutathione peroxidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is higher than

the level of the glutathione peroxidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 12 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 12 weeks after pollination thereof. Also for example, in some embodiments the difference is that the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof. As a further example, in some embodiments the difference is that the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glutathione S-transferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the glutathione-

S-transferase theta in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the glutathione-S-transferase theta in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the glutathione-S-transferase theta in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the glutathione-S-transferase theta in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the phospholipase D in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the phospholipase D in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof. For example, in some embodiments the difference is that the level of the phospholipase D in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 16 weeks after pollination thereof is lower than the level of the phospholipase D in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 16 weeks after pollination thereof.

In some embodiments, the difference between the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the additional protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the VIER F-Box Proteine 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the VIER F-Box Proteine 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof. For example,

in some embodiments the difference is that the level of the VIER F-Box Proteine 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 18 weeks after pollination thereof is higher than the level of the VIER F-Box Proteine 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 18 weeks after pollination thereof.

Method for obtaining palm oil

A method for obtaining palm oil from a high-yielding oil palm plant is also disclosed. The method includes the steps of obtaining a high-yielding oil palm plant as explained above; and isolating palm oil from a fruit of the high-yielding oil palm plant. The step of isolating palm oil may be carried out by conventional approaches, e.g. harvesting of fruit bunches followed by extraction of oil, within 24 hours, from the fresh and non-wounded fruits thereof.

Method for Predicting Oil Yield of a Test Oil Palm Plant

As noted above, also provided is a method for predicting oil yield of a test oil palm plant. The method comprises: (i) determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of the test oil palm plant; (ii) determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant; and (iii) predicting the oil yield of the test oil palm plant based on the difference.

The proteins described above as being useful in the method for obtaining a high-yielding oil palm plant are also useful in the method for predicting oil yield of a test oil palm plant.

The step of determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of the test oil palm plant may also be carried out similarly as described above, e.g. based on two-dimensional

fluorescence difference gel electrophoresis, antibody-based detection, immunoblot detection, or dot-blot detection, and/or with respect to more than one of the proteins, except that the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit is determined with respect to a fruit of a test oil palm plant rather than a parental oil palm plant.

The step of determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in the mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant may also be carried as described above, based for example on the level of the protein of the mesocarp of the test oil palm plant being higher (or alternatively, lower) than that of the reference oil palm plant by, for example, greater than 1.1 fold, 1.25 fold, 1.5 fold, 2 fold, 4 fold, or more, with p values of, for example, <0.025, <0.05, or <0.1. Moreover, the difference may be based on any of the specific differences noted above with respect to each specific protein, e.g. in some embodiments the difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant is that the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof. In addition, differences may be determined with respect to levels of more than one of the proteins.

The predicting step may be carried out, for example, based on the amount of the difference in the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant, and/or based on correlations between levels of expression of the protein and yield. The predicting step

also may be carried out, for example, based on differences with respect to the levels of more than one of the proteins.

Kit for Obtaining a High-Yielding Oil Palm Plant

As noted above, also provided is a kit for obtaining a high-yielding oil palm plant. The kit comprises: (i) an antibody for detection of a protein; and (ii) an extract of a mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant. The proteins described above as being useful in the method for obtaining a high-yielding oil palm plant are also useful in the kit for obtaining a high-yielding oil palm plant. Also, as noted above, antibodies to the above-noted proteins may be prepared by methods that are well known in the art or obtained from commercial vendors.

In some embodiments, the kit further comprises instructions indicating use of the antibody for determining whether there is a difference between the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant and the level of the protein in the extract of the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant. The step of determining whether there is such a difference may also be carried as described above. In some embodiments, the kit also further comprises instructions indicating selection of progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant. The step of selecting progeny of the parental oil palm plant may also be carried out as described above. In addition, in some embodiments, the kit further comprises at least another antibody for detection of at least another of the proteins.

The following examples are for purposes of illustration and are not intended to limit the scope of the claims.

Example 1

Two-Dimensional Difference Gel Electrophoresis and Identification of Proteins

Objectives

Objectives included identifying proteins that are differentially expressed in oil palm mesocarp tissue across high- and low-yielding traits and across time of fruit development.

Methods

Screening populations:

Two screening populations of oil palm plants, a high-yielding screening population and a low-yielding screening population, each consisting of three individual palm plants, were used. The screening populations were derived from crosses of Serdang Avenue *dura* (at least 75% of Serdang Avenue *dura*) and AVROS *pisifera* (at least 75% of AVROS *pisifera*) to yield *tenera* progeny. More specifically, the high-yielding screening population was derived from a population of oil palm plants that had previously been determined to yield relatively high amounts of palm oil, specifically more than 10 tonnes of palm oil per hectare per year, and thus to have a high-yielding phenotype, also termed an H phenotype. The low-yielding screening population was derived from a population of oil palm plants that had previously been determined to yield relatively low amounts of palm oil, specifically lower than 6 tonnes of palm per hectare per year, and thus to have a low-yielding phenotype, also termed an h phenotype. The yield determinations for the high-yielding and low-yielding populations were defined by 4-year statistical data collected by reliable oil palm breeders. For the high-yielding screening populations, the three high-yielding palms thereof were designated H2, H4, and H6. For the

low-yielding screening population, the three low-yielding palms thereof were designated h1, h6, and h9.

Comparisons:

Each of the three high-yielding palms and the three low-yielding palms of the screening populations were sampled across three time points, 12 weeks post-pollination (time "a"), 16 weeks post-pollination (time "b"), and 18 weeks post-pollination (time "c"), to provide for the following comparisons:

1. High yield (12 weeks) v. Low yield (12 weeks) (also termed "Ha vs ha")
2. High yield (16 weeks) v. Low yield (16 weeks) (also termed "Hb vs hb")
3. High yield (18 weeks) v. Low yield (18 weeks) (also termed "Hc vs hc")
4. High yield (12 weeks) v. High yield (16 weeks) (also termed "Ha vs Hb")
5. High yield (12 weeks) v. High yield (18 weeks) (also termed "Ha vs Hc")
6. Low yield (12 weeks) v. Low yield (16 weeks) (also termed "ha vs hb")
7. Low yield (12 weeks) v. Low yield (18 weeks) (also termed "ha vs hc")

Specifically, mesocarp tissue was obtained from fruitlets of each of the palms at each of the time points. For reference, oil deposition in the endosperm starts at approximately 12 weeks post-pollination and is almost complete by 16 weeks post-pollination, whereas oil deposition in the mesocarp starts at approximately 15 weeks post-pollination and continues until fruit maturity at about 20 weeks post-pollination. The time points of 12, 16, and 18 weeks post-pollination were chosen because 12 weeks post-pollination marks the start of oil deposition in endosperm but precedes the start of oil deposition in mesocarp, 16 weeks post-pollination marks the point of highest transcript expression level in mesocarp, following the initiation of oil biosynthesis after

pollination, and 18 weeks post-pollination marks the time at which transcript expression would be expected to decrease as the fruit matures.

Preparation of protein samples:

Samples of total mesocarp protein were extracted from oil palm fruitlets from each of the three high-yielding palm plants and each of the three low-yielding palm plants at 12, 16, and 18 weeks post-pollination based on a modified protein extraction method of He et al, 7 Forestry Studies in China 20, 20-23 (2005). The protein samples were resuspended in 2-D cell lysis buffer (30 mM Tris-HCl, pH 8.8, containing 7 M urea, 2M thiourea and 4% CHAPS). The mixture was sonicated at 4°C followed by shaking for 30 minutes at room temperature. The samples were centrifuged for 30 minutes at 14,000 rpm and the supernatant was collected. Protein concentration of the supernatant fraction was measured using Bio-Rad protein assay method (Bradford, 1976).

Internal standard:

An internal standard was made by mixing an equal amount of protein from each sample, i.e. total mesocarp protein from each of the three high-yielding palms and three low-yielding palms, at each of the three time points of 12, 16, and 18 weeks post-pollination. The internal standard was used to match and normalize protein patterns across different gels, thereby negating the problem of inter-gel variation. This approach allowed accurate quantification of differences between samples with an associated statistical significance. Quantitative comparisons of protein between samples were made based on the relative change of each protein spot to its own in-gel internal standard.

CyDye labeling:

For each sample, 30µg of protein was mixed with 1.0 µl of diluted CyDye, and kept in dark on ice for 30 min. Samples from each pairwise comparison were labeled with Cy3 and Cy5 respectively. The internal standard was labeled with Cy2. The labeling reaction was stopped by adding 1.0 µl of 10 mM lysine to each sample, and incubating in dark on ice for an additional 15 min. The three labeled samples were then mixed together. The 2X 2-D Sample buffer (8 M urea, 4% CHAPS, 20 mg/ml DTT, 2% pharmalytes and trace amount of bromophenol blue), 100 µl de-streak solution and rehydration buffer (7 M urea, 2 M thiourea, 4% CHAPS, 20 mg/ml DTT, 1% pharmalytes and trace amount of bromophenol blue) were added to the labeling mix to make the total volume of 250 µl. Samples were mixed well and spun down. Then samples were loaded onto immobilized pH gradient gel ("IPG") strips housed in a strip holder.

Difference gel electrophoresis gels:

Difference gel electrophoresis ("DIGE") analytical gels were designed to contain the appropriate sample pairings in order to facilitate gel analysis in the later part of the experiment. A total of nine DIGE gels were produced with the sample pairings as follow:

Gel 1: H2a, h1a, and internal standard

Gel 2: H4a, h6a, and internal standard

Gel 3: H6a, h9a, and internal standard

Gel 4: H2b, h1b, and internal standard

Gel 5: H4b, h6b, and internal standard

Gel 6: H6b, h9b, and internal standard

Gel 7: H2c, h1c, and internal standard

Gel 8: H4c, h6c, and internal standard

Gel 9: H6c, h9c, and internal standard

Accordingly, gels 1-3, 4-6, and 7-9 correspond to comparisons of high- versus low-yielding palms at 12, 16, and 18 weeks post-pollination, respectively.

Isoelectric focusing and SDS-polyacrylamide gel electrophoresis:

After loading the labeled samples onto IPG strips of pH 4-7, isoelectric focusing ("IEF") was conducted following a known protocol of Amersham BioSciences, 2-D Electrophoresis: Principles and Methods, pp. 43-72 (2004). Upon finishing the IEF, the IPG strips were incubated in freshly made equilibration buffer-1 (50 mM Tris-HCl, pH 8.8, containing 6 M urea, 30% glycerol, 2% SDS, trace amount of bromophenol blue and 10 mg/ml DTT) for 15 minutes with gentle shaking. Then the IPG strips were rinsed in the freshly made equilibration buffer-2 (50 mM Tris-HCl, pH 8.8, containing 6 M urea, 30% glycerol, 2% SDS, trace amount of bromophenol blue and 45 mg/ml DTT) for 10 minutes with gentle shaking. The IPG strips were rinsed in the SDS- polyacrylamide gel electrophoresis ("SDS-PAGE") gel running buffer and then transferred into 12% SDS-PAGE gels. The SDS-PAGE gels were run at 15° C until the dye front ran out of the gels.

Image scan and data analysis:

Gel images were scanned immediately following SDS-PAGE using Typhoon TRIO (Amersham BioSciences) in accordance with known methods for use thereof. The scanned images were then analyzed by Image Quant software (version 6.0, Amersham BioSciences),

followed by Biological Variation Analysis ("BVA") using DeCyderTM 2D software version 6.5 (Amersham BioSciences).

Results

Results from 2D-DIGE analytical gels:

Results for 2D-DIGE analytical gels are shown in FIGS. 1-9, corresponding to comparisons of (1) H2a vs. h1a, (2) H4a vs. h6a, (3) H6a vs. h9a, (4) H2b vs. h1b, (5) H4b vs. h6b, (6) H6b vs. h9b, (7) H2c vs. h1c, (8) H4c vs. h6c, and (9) H6c vs. h9c, respectively.

The DIGE analytical gels were used for cross-gel BVA analysis as follows:

i) Hb vs hb , corresponding to (H2b, H4b, H6b) vs (h1b, h6b, h9b)

ii) Ha vs ha, corresponding to (H2a, H4a, H6a) vs. (h1a, h6a, h9a)

iii) Hc vs hc, corresponding to (H2c, H4c, H6c) vs. (h1c, h6c, h9c)

iv) Ha vs Hb vs Hc, corresponding to (H2a, H4a, H6a) vs. (H2b, H4b, H6b) vs. (H2c, H4c, H6c)

v) ha vs hb vs hc, corresponding to (h1a, h6a, h9a) vs. (h1b, h6b, h9b) vs. (h1c, h6c, h9c)

Based on matching multiple gels for comparison and conducting statistical analysis of protein-abundance changes, the BVA analysis provides an accurate indication of the differential expression of protein spots. For purposes of determining statistical significance in this analysis, p value < 0.1 was applied due to the small sample size (n=3) for each gel-to-gel comparison. The number of differentially expressed proteins found in this analysis was narrowed down to those with expression ratios of > 1.5 fold change. The corresponding protein spots in the gels were cross-checked by eye to ensure good quality/resolution spots with no artificial streaks. The screened spots were subsequently picked for identification via mass spectrometry ("MS").

In accordance with these methods, 84 protein spots were detected as differentially expressed from 2D-DIGE BVA analysis in one or more of the above-noted analyses, as shown as in FIGS. 1-9 as protein spots that are circled and numbered.

The 84 spots were narrowed down further to 61 spots for mass spectrometry identification via MALDI-ToF/ToF. The selection criteria practiced here was based on i) visibility of the spots on the DIGE gel, ii) differences in protein expression greater than 1.5 fold, and iii) the occurrence of protein isoforms. Candidate spots that were not clearly visible on the DIGE gel, that had lower than 1.5 fold change in expression, or that were redundant based on an isoform thereof having been identified already, were not selected for further analysis.

2D-DIGE preparative gels:

Three preparative gels were run with 3 CyDye labeling. Samples of total protein from individual palms were mixed for identification purposes, because individual samples did not include sufficient protein. Samples selected for preparative gels were as follows:

Gel 1: H4a, h6a, mix of other Ha/ha

Gel 2: H4b, h6b, mix of other Hb/hb

Gel 3: H2c, h1c, mix of other Hc/hc

The preparative gels were used for spot-picking all of the 61 protein spots of interest. For each picked spot, the identity of the corresponding protein was determined by MS. Specifically, each protein was subjected to MALDI-ToF/ToF, amino acid sequences of peptide fragments thereof were determined, the sequences were compared to the NCBI non-redundant database for identification of the nearest homolog, and an identity was assigned to the protein based on the identity of the nearest homolog.

This analysis resulted in 45 unique protein identifications corresponding to oil palm proteins that are homologous to proteins previously identified in oil palm or other organisms, as shown in TABLE 1, and that are differentially expressed with respect to high- or low-yielding palms and/or across the time points of 12, 16, and 18 weeks post-pollination, as shown in TABLE 2, and that thus are related to high/low yielding traits in oil palm. Specifically, of the 61 protein spots, 8 yielded matches of no confidence, i.e. the confidence index scores for the matches between each of the 8 protein spots and the nearest homologous proteins in the NCBI non-redundant database were below 80%. These 8 protein spots were not considered further. Moreover, 8 protein spots yielded repetitive identifications, i.e. the identifications were redundant with respect to other protein spots. These 8 protein spots also were not considered further. The remaining 45 unique protein identifications correspond to the following oil palm proteins: 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase comprising SEQ ID NO: 1, abscisic stress ripening protein comprising SEQ ID NO: 2, actin 6 comprising SEQ ID NO: 3, actin E comprising SEQ ID NO: 4, biotin carboxylase precursor comprising SEQ ID NO: 5, caffeic acid O-methyltransferase comprising SEQ ID NO: 6, catalase 2 comprising SEQ ID NO: 7, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog comprising SEQ ID NO: 8, fibrillin-like protein comprising SEQ ID NO: 9, flavodoxin-like quinone reductase 1 comprising SEQ ID NO: 10, fructose-bisphosphate aldolase comprising SEQ ID NO: 11, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase comprising SEQ ID NO: 12, H0825G02.11 ortholog comprising SEQ ID NO: 13, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase comprising SEQ ID NO: 14, Lea1P comprising SEQ ID NO: 15, methionine synthase protein comprising SEQ ID NO: 16, mitochondrial peroxiredoxin comprising SEQ ID NO: 17, Os02g0753300 ortholog comprising SEQ ID NO: 18, Os05g0482700 ortholog comprising SEQ

ID NO: 19, Os12g0163700 ortholog comprising SEQ ID NO: 20, OSJNBb0085F13.17 ortholog comprising SEQ ID NO: 21, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog comprising SEQ ID NO: 22, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog comprising SEQ ID NO: 23, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog comprising SEQ ID NO: 24, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog comprising SEQ ID NO: 25, nascent polypeptide associated complex alpha comprising SEQ ID NO: 26, proline iminopeptidase comprising SEQ ID NO: 27, protein transporter comprising SEQ ID NO: 28, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog comprising SEQ ID NO: 29, Ran GTPase binding protein comprising SEQ ID NO: 30, chloroplastic triosephosphate isomerase comprising SEQ ID NO: 31, V-type proton ATPase catalytic subunit A comprising SEQ ID NO: 32, regulator of ribonuclease activity A comprising SEQ ID NO: 33, retroelement pol polyprotein-like ortholog comprising SEQ ID NO: 34, ribosomal protein L10 comprising SEQ ID NO: 35, short chain type dehydrogenase comprising SEQ ID NO: 36, temperature-induced lipocalin comprising SEQ ID NO: 37, unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog comprising SEQ ID NO: 38, 17.6 kDa class I small heat shock protein comprising SEQ ID NO: 39, ABC1 family protein comprising SEQ ID NO: 40, glutathione peroxidase comprising SEQ ID NO: 41, glutathione S-transferase comprising SEQ ID NO: 42, glutathione-S-transferase theta comprising SEQ ID NO: 43, phospholipase D comprising SEQ ID NO: 44, and VIER F-Box Proteine 2 comprising SEQ ID NO: 45. The sequences of the 45 proteins are provided in FIG. 10A-M. Of note, SEQ ID NOs: 1, 3-6, 8-12, 17-21, 24-28, 31-33, 35-41, 43, and 44 correspond to amino acid sequences of full length proteins, as deduced by determining nucleotide sequences of the corresponding mRNA transcripts, which themselves were identified based on amino acid sequences of various non-

consecutive peptide fragments of the proteins as determined by MS. In contrast, SEQ ID NOs: 2, 7, 13-16, 22, 23, 29, 30, 34, 42, and 45 correspond to non-full length protein sequences, i.e. the N- and or C-terminal sequences of the corresponding full length protein have not been determined, or amino acid sequences of various non-consecutive peptide fragments of the proteins as determined by MS.

Example 2

Functions of the 45 Unique Differentially Expressed Proteins

The 45 unique differentially expressed proteins identified in Example 1 were annotated based on predicted molecular function, pathway involvement and enzyme classification, as shown in TABLE 1. Surprisingly, of the 45 proteins, only three are functionally related to lipid metabolism. The three proteins are phospholipase D, biotin carboxylase precursor, and fructose-bisphosphate aldolase. Moreover, only 17 have been successfully mapped to so-called KEGG Pathways, i.e. pathways for which the proteins thereof play a role in metabolism of carbohydrates, amino acids, lipids, nucleotides, energy, or secondary metabolites, in accordance with the KEGG (Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes) pathway database, available at: http://www. genome.jp/keg/pathway,html (last accessed Nov. 2010). The 17 proteins include the three above-noted lipid metabolism proteins and 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, methionine synthase protein, proline iminopeptidase, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, glutathione peroxidase, glutathione S-transferase, glutathione-S-transferase theta, and VIER F-Box Proteine 2. The

remaining 28 differentially expressed proteins were not known to be involved in oil biosynthesis. The remaining proteins include abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, H0825G02.11 ortholog, Lea1P, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog, 17.6 kDa class I small heat shock protein, and ABC1 family protein.

Example 3

Dot Blot-Based Detection of Various of the 45 Unique Differentially Expressed Proteins

Objectives

Objectives included validating protein leads obtained from the DIGE experiment of Example 1 in larger populations of high and low yielding oil palms.

Methods

Samples: Mesocarp tissues of 8 high and 8 low yielding palms obtained across 6 time points, namely 12, 14, 16, 18, 20 and 22 weeks post-pollination, were used.

Antibodies: Antibodies against 27 of the 45 unique differentially expressed proteins were obtained from various suppliers, as indicated in Table 3.

Protein extraction (TCA extraction): TCA extraction buffer (containing 10% TCA (10g), 0.007% DTT (70 mg), and acetone (to 100 ml) and stored at -20°C) pre-cooled at -20° C (0.2g + 0.5 ml) was added to mesocarp samples in the form of fine powder. Samples were ground further using a mini plastic grinder. Samples were mixed and mashed well. Then another 1 ml of buffer was added and samples were incubated at -20°C for 1 hour. Samples were then subjected to centrifugation at maximum speed (13.2g) at 4°C for 15 min. Tubes were placed on ice and supernatant was removed by use of a pipette. A volume of 1.8 ml wash buffer (containing 0.007% DTT (70 mg) and acetone (to 100 ml) and stored at -20°C) was added and pellets were resuspended and crushed by use of pipette tips. Samples were incubated at -20°C for 1 hour. Samples were again subjected to centrifugation at maximum speed at 4°C for 15 min. Supernatant was removed and washing steps were repeated for a total of three times. Sample powders were air-dried on ice for 30 min. Dried sample powders were then resuspended in 500 µl of lysis / USB buffer (containing 9M urea (5.4g), 4% CHAPS (0.4g), 1% DTT (0.1g), 1% ampholytes pH 3-10 (250 µl), 35 mM Tris Base (0.0424g), sterile MilliQ water (to 10 ml), all filtered through 0.2 µm pore size membrane and stored at -20°C). Samples were incubated at 37°C for 1 hour with continuous shaking. Samples were subjected to centrifugation at max speed at room temperature for 15 min. Supernatants were transferred to clean tubes and stored at

-80°C. Pellets were stored at -80°C as back-up for further use. To further elute protein from pellet, an additional 500 µl of lysis / USB buffer can be added, followed by incubation of the pellet at room temperature for 1 hour with shaking, transfer of the back-up supernatants to clean microcentrifuge tubes, and finally storage at -80°C.

Protein quantification (Bradford assay): Samples corresponding to 5-fold dilutions of protein stocks were prepared for quantification. The BSA stock concentration was 1.4 µg/µl. Six points of 2-fold serial dilutions were used to construct the standard curve. Concentrations obtained for samples ranged from 0.244 µg/µl (lowest) to 2.934 µg/µl (highest). Having determined the concentrations of protein stocks, working stocks (330µl) at a final concentration of 0.2 µg/µl were prepared by use of PBS buffer (+10% glycerol) for dot-blotting onto membrane.

Dot-blot screening:

Dot-blot arrays using a 386 pin replicator: For each blot, a nitrocellulose membrane was cut to 2.95 x 4.6 inches and pasted onto single well plates. A plate was stacked with membrane on top of another empty plate and then the stamping guide was stacked over both plates. Protein samples were prepared in two concentrations, 0.20 µg/µl and 0.02 µg/µl (10x dilution). The replicator was dipped into the 386-well plate and swirled. The replicator was lifted and the guiding pins were slotted into the guide slots on the stamping guide. The blot was then stamped and fan dried. When the membrane was fully dried, the stamping procedure was repeated for a total of 5 rounds (equivalent to stamping 0.20 µg or 0.02 µg of protein on each spot since replicator pins delivers 0.2 µl of sample), with the membrane being fan dried after each application. Membranes were then allowed to air dry overnight. Membranes were removed

from plates and cut down to size. The membranes were kept sandwiched between the original protective paper and stored in air-tight containers in a dry environment until use.

Preparation for screening: Individual membranes were clipped onto glass slides, two on each slide, with their backs facing inward. The clipped membranes were dipped into a container filled with cold 0.1% PBS-T (pH 7.4) and stirred at about speed 7 on a magnetic stirrer for 40 minutes. The 0.1% PBS-T was replaced with cold 0.05% PBS-T and washing was continued for 15 minutes. The 0.05% PBS-T was replaced with fresh cold 0.05% PBS-T, stirring was continued for 7 minutes, and then the replacement and stirring steps were repeated.

Antibody incubations: Membranes were laid in clean and appropriately sized incubation containers, and any bubbles trapped underneath the membranes were removed. A volume of 1 ml of PBS-T 0.05% was pipetted onto blank membranes and 1 ml antibody was diluted in PBS-T 0.05% onto corresponding membranes. The membranes were shaken to ensure that the whole surface of membranes was covered. Containers were covered with wet c-fold towels before wrapping with cling-film to keep in moisture. The membranes were then incubated overnight on a Belly Dancer laboratory shaker at 4°C or at room temperature for 2 to 3 hours depending on optimized conditions for individual antibodies. Used sera were retained for further experiments or discarded into a bottle to be autoclaved. Membranes were clipped onto glass slides. Membranes were washed in cold 0.05% PBS-T for 15 min, and then were twice washed in fresh 0.05% PBS-T for 7 min each time. Membranes were laid back into clean incubation containers to ensure that no bubbles were trapped underneath the membranes. A volume of 1 ml of secondary antibody diluted in 0.05% PBS-T was added to each membrane. For secondary antibodies with background signals, pre-adsorption was performed with 1% BSA with shaking at room temperature for 40 min. Containers were covered in a similar pattern as above and

incubated for 2.5 hours on a Belly Dancer laboratory shaker at room temperature. Secondary antibody was discarded and then the above-described washing steps were repeated for 15 min, 7 min, and 7 min, each round with fresh, cold 0.05% PBS-T.

Development and documentation: Membranes were laid back in incubation containers, it was ensured that no bubbles were trapped underneath the membranes, and any remaining 0.05% PBS-T was flicked off of the membranes. Fresh NBT/BCIP was prepared according to manufacturer guidelines using alkaline phosphatase (AP) buffer (100 mM Tris [pH 9.0], 150 mM NaCl, 1 mM MgCl2). A volume of 1.5 ml of NBT/BCIP solution was added to each membrane, followed by incubation on a Belly Dancer laboratory shaker until the purple color of the positive controls was well developed (approximately 30-45 min). The reactions were then stopped by rinsing and soaking membranes in water. The developed membranes were scanned by use of an HP paper scanner (while the membrane remained wet) with HP Director software and the resulting images were saved in TIFF format. Settings were as follows: (a) Highlights: 255; (b) Shadows: 50; (c) Midtones: 2.00; (d) Sharpen: Medium; (e) Resolution: 150; and (f) White Level: 240. Scanned images were further processed by use of Adobe Photoshop C84 Extended & Olympus Micro software to automatically capture and transform spot densities into Microsoft Excel spreadsheets. Data generated from dot-blot immunoassays were analyzed using the Mann Whitney statistical test.

Results:

Result of the dot-blot immunoassays indicated significant differences in the expression of 11 out of the 27 proteins assayed, as shown in TABLE 4. Specifically, in mesocarp tested 12 weeks post-pollination the proteins caffeic acid O-methyltransferase, chloroplastic

triosephosphate isomerase, ABC1 family protein, nascent polypeptide-associated complex alpha, glutathione peroxidase and fructose-bisphosphate aldolase were found to be differentially expressed. In mesocarp tested 14 weeks post-pollination, nascent polypeptide-associated complex alpha and ribosomal L10 proteins were found to be differentially expressed between high and low yielding palms. In mesocarp tested 16 weeks post-pollination, chloroplastic triosephosphate isomerase was differentially expressed. In mesocarp tested 20 weeks post-pollination, glutathione-S-transferase theta and predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog were differentially expressed in mesocarps of high and low yielders. And in mesocarp tested 22 weeks post-pollination, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase protein and 17.6 kDa class I small heat shock protein were differentially expressed between high and low yielding palms.

Industrial Applicability

The methods and kits disclosed herein are useful for obtaining high-yielding oil palms and for predicting oil yields of test oil palm plants, and thus for improving commercial production of palm oil.

TABLE 1. Forty-five unique differentially expressed proteins.

Protein	Spot #	Top Ranked Protein Name [Species]	Accession #	Function	Pathways/Metabolism	Enzyme Class
SEQ ID NO: 1	65	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, putative, expressed [Oryza sativa]	gi|108862992	Catalyzes methionine formation in amino-acid biosynthesis pathway	Cysteine and methionine metabolism; biosynthesis of plant hormones	EC2.1.1.14 5--methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase
SEQ ID NO: 2	78	abscisic stress ripening protein [Musa acuminata subsp. burmannicoides]	gi|219963178	Stress related protein	-	-
SEQ ID NO: 3	22	actin 6 [Populus trichocarpa]	gi|224117708	Housekeeping, monomeric subunit of microfilaments	-	-
SEQ ID NO: 4	76	actin E [Elaeis guineensis]	gi|48527433	Actin	-	-
SEQ ID NO: 5	67	biotin carboxylase precursor [Glycine max]	gi|3219361	Component of acetyl CoA carboxylase & involved in fatty acid biosynthesis	Fatty acid biosynthesis; pyruvate; propanoate metabolism	EC6.3.4.14 biotin carboxylase
SEQ ID NO: 6	23	caffeic acid O-methyltransferase [Vanilla planifolia]	gi|45444737	-	Biosynthesis of secondary metabolites	2.1.1.68 Transferases, methyltransferase
SEQ ID NO: 7	9	catalase 2 [Elaeis guineensis]	gi|192910916	Hydrogen peroxidase metabolism activity	Energy; methane; amino acid and tryptophan metabolism	EC1.11.1.6 Catalase
SEQ ID NO: 8	59	conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	gi|223539131	-	-	-
SEQ ID NO: 9	73	fibrillin-like protein [Elaeis guineensis]	gi|32250939	Fibrillin= microfibrils surrounding amorphous elastin	--	-
SEQ ID NO: 10	46	FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1) [Arabidopsis thaliana]	gi|15239652	Quinone reductase family, involved in redox and auxin response	-	-
SEQ ID NO: 11	74	fructose-bisphosphate aldolase [Elaeis guineensis]	gi|192910908	-	Carbohydrate metabolism, energy metabolism	EC4.1.2.13 Lyases, Aldehydelyases

SEQ ID NO: 12	26	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]	gi|82400215	Intermediate in glycolysis, gluconeogenesis and photosynthesis	Carbohydrate metabolism, glycolysis and gluconeogenesis, energy metabolism, carbon fixation in photosynthesis	EC1.2.1.9 GAP (NADP); EC1.2.1.12 GAP A; EC1.2.1.59 GAP2 (NAD(P)); EC1.2.1.13 GAP2 (NADP+ phosphorylating); EC1.2.1.12 GAPDHS (spermatogenic)
SEQ ID NO: 13	19	H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar-group)]	gi|116309131	Contains transposase domain; Transposase= enzyme binds to end of transposon to catalyze movement of transposon	-	-
SEQ ID NO: 14	56	large subunit of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase [Chlorogonium elongatum]	gi|74267421	RuBisCO= used in Calvin cycle to catalyze carbon fixation	Glyoxylate and dicarboxylate metabolism; photosynthesis carbon fixation	EC4.1.1.39 ribulose-bisphosphate carboxylase
SEQ ID NO: 15	48	Lea1P [Daucus carota]	gi|10945667	A small nuclear ribonucleoprotein (snRNP), required in prespliceosome formation	-	-
SEQ ID NO: 16	5	methionine synthase protein [Sorghum bicolor]	gi|18483235	Oxidoreductases family	Cysteine and methionine metabolism	EC2.1.1.13; methionine synthase
SEQ ID NO: 17	51	mitochondrial peroxiredoxin [Pisum sativum]	gi|47775654	Antioxidant enzyme; regulates changes in phosphorylation, redox & oligomerization	Unclassified	EC1.11.1.15 Peroxiredoxin; EC1.8.98.2 Peroxiredoxin-(S-hydroxy-S-oxocystein) reductase
SEQ ID NO: 18	58	Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115448731	Homolog= A. thaliana lipid-associated family protein	-	-
SEQ ID NO: 19	66	Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115464537	Unknown protein	-	-
SEQ ID NO: 20	68	Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115487492	Homologous to ACTG2-actin gamma 2	-	-

SEQ ID NO: 21	7	OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|38345312	Heat shock protein 90 homolog	NOD-like receptor signaling pathway	-
SEQ ID NO: 22	34	predicted protein [Ostreococcus lucimarinus CCE9901]	gi|145345862	Contains a p23-like domain and several HSP90 binding sites	-	-
SEQ ID NO: 23	79	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	gi|168027637	Ortholog of Glutathione S-transferase theta from A. thaliana	-	-
SEQ ID NO: 24	20	predicted protein [Populus trichocarpa]	gi|224129424	-	-	-
SEQ ID NO: 25	55	PREDICTED: hypothetical protein isoform 1 [Vitis vinifera]	gi|225434277	Contains a cystathione beta-synthase (CBS) domain	-	-
SEQ ID NO: 26	33	PREDICTED: similar to nascent polypeptide associated complex alpha-like protein 1 [Arabidopsis thaliana]	gi|225470846	-	-	-
SEQ ID NO: 27	24	proline iminopeptidase, putative [Ricinus communis]	gi|223538638	-	Amino acid metabolism	EC3.4.11.5 Hydrolases, Aminopeptidases
SEQ ID NO: 28	39	protein transporter [Elaeis guineensis]	gi|192910836	Transmembrane protein that helps certain substances to cross the membrane	-	-
SEQ ID NO: 29	12	putative NBS-LRR disease resistance protein homologue [Oryza sativa Japonica Group]	gi|38636971	Nucleotide-binding sequence-leucine rich region, plant defensive system	-	-
SEQ ID NO: 30	32	Ran GTPase binding protein, putative [Ricinus communis]	gi|223534074	Ran=Ras-related nuclear protein. Involved in transportation of cell nucleus during interphase	Purine metabolism	EC3.1.5.1 dGTPase; EC3.6.5.3 protein-synthesizing GTPase; EC3.6.5.5 dynamic GTPase; EC3.6.5.2 small monomeric GTPase; EC3.6.5.4 signal recognition particle GTPase
SEQ ID NO: 31	37	Triosephosphate isomerase, chloroplastic [Spinacia oleracea]	gi|1174745	Involved in glycolysis and energy production.	Glycolysis/gluconeogenesis; fructose and mannose metabolism; inositol phosphate metabolism	EC5.3.1.1 triosephosphate isomerase (TIM)

SEQ ID NO: 32	13	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Daucus carota]	gi|137460	Catalyzes ATP to ADP to release energy	Energy metabolism; photosynthesis	EC3.6.3.9 ATP1A Na+/K+ exchanging ATPase alpha subunit; EC3.6.3.14 ATPF F-type H+-transporting ATPase subunit a,b and c
SEQ ID NO: 33	84	regulator of ribonuclease activity A [Zea mays]	gi|195638112	Inhibits the endonuclease activity	-	-
SEQ ID NO: 34	36	retroelement pol polyprotein-like [Arabidopsis thaliana]	gi|9759493	Transposons via RNA intermediates.	-	-
SEQ ID NO: 35	72	ribosomal protein L10 [Elaeis guineensis]	gi|192910684	Mitochodrial protein, key protein for large ribosomal subunit assembly and protein synthesis	Ribosome	-
SEQ ID NO: 36	75	short chain type dehydrogenase, putative [Ricinus communis]	gi|223550344	NAD or NADP-dependent oxidoreductases	Unclassified	EC1.1.1.100 Short chain type dehydrogenase
SEQ ID NO: 37	53	temperature-induced lipocalin [Elaeis guineensis]	gi|192911934	Lipocalin=proteins that transport lipid & steroids. TIL is responsive to heat stress	-	-
SEQ ID NO: 38	38	unknown [Picea sitchensis]	gi|224285125	Contains conserved region of 3-oxoacyl-(acyl-carrier-protein) reductase & Rossmann-fold NAD(P)(+)-binding proteins	-	-
SEQ ID NO: 39	81	17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (AA 1-156) [Arabidopsis thaliana]	gi|15220832	Induced by heat stress and involved in chaperone functions by protecting the proteins from irreversible denaturation	-	-
SEQ ID NO: 40	49	ABC1 family protein [Arabidopsis thaliana]	gi|79325958	ABC1= novel chaperonins in electron transfer	-	-

SEQ ID NO: 41	54	glutathione peroxidase [Triticum monococcum subsp. aegilopoides]	gi|148529480	-	Metabolism of other amino acids, lipid metabolism	EC1.11.1.9 Oxidoreductases, Peroxidases
SEQ ID NO: 42	41	glutathione S-transferase [Matricaria chamomilla]	gi|17385642	-	Metabolism of other amino acids	EC2.5.1.18 Transferases
SEQ ID NO: 43	43	glutathione-s-transferase theta, gst, putative [Ricinus communis]	gi|223528475	-	-	-
SEQ ID NO: 44	63	phospholipase D [Oryza sativa Japonica Group]	gi|1020415	Located in plasma membrane and catalyzes hydrolysis of phosphatidylcholine	Glycerophospholipid; ether lipid; arachidonic acid; linoleic acid; alphalinoleic acid metabolism	EC3.1.4.4 phospholipase D; EC3.1.4.11 phospholipase C, delta
SEQ ID NO: 45	30	VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana]	gi|18409012	Involved in polyubiquitination (marks protein for degradation by proteosome)	Ubiquitin mediated proteolysis; Wnt and p53 signaling pathway	EC6.3.2.19 ubiquitin-protein ligase

TABLE 2. Details of differential expression of the forty-five proteins.

Protein	Spot #	Top Ranked Protein Name [Species]	Week 12 (High vs Low)	Week 16 (High vs Low)	Week 18 (High vs Low)	High (Week 12 vs 16)	High (Week 12 vs 18)	Low (Week 12 vs 16)	Low (Week 12 vs 18)
SEQ ID NO: 1	65	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, putative, expressed [Oryza sativa]	Upregulated in high	-	-	Upregulated in H12	Upregulated in H12	Upregulated in L12	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 2	78	abscisic stress ripening protein [Musa acuminata subsp. burmannicoides]	-	-	-	Upregulated in H12	Upregulated in H12	Upregulated in L12	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 3	22	actin 6 [Populus trichocarpa]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	-
SEQ ID NO: 4	76	actin E [Elaeis guineensis]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 5	67	biotin carboxylase precursor [Glycine max]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 6	23	caffeic acid O-methyltransferase [Vanilla planifolia]	Upregulated in low	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	Upregulated in H12	-	Upregulated in L12

SEQ ID NO: 7	9	catalase 2 [Elaeis guineensis]	Upregulated in high	-	Upregulated in high	Upregulated in H12	Upregulated in H12	Upregulated in L12	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 8	59	conserved hypothetical protein [Ricinus communis]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 9	73	fibrillin-like protein [Elaeis guineensis]	Upregulated in high	-	-	Upregulated in H12	-	-	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 10	46	FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1) [Arabidopsis thaliana]	Upregulated in low	-	Upregulated in low	Upregulated in H16	-	-	-
SEQ ID NO: 11	74	fructose-bisphosphate aldolase [Elaeis guineensis]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 12	26	glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]	-	Upregulated in low	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 13	19	H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar-group)]	-	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H18	Upregulated in L16	-
SEQ ID NO: 14	56	large subunit of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase [Chlorogonium elongatum]	-	-	Upregulated in high	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 15	48	Lea1P [Daucus carota]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	-	-	-
SEQ ID NO: 16	5	methionine synthase protein [Sorghum bicolor]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	-
SEQ ID NO: 17	51	mitochondrial peroxiredoxin [Pisum sativum]	Upregulated in high	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18

SEQ ID NO: 18	58	Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Upregulated in high	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 19	66	Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	Upregulated in H12	-	-
SEQ ID NO: 20	68	Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 21	7	OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 22	34	predicted protein [Ostreococcus lucimarinus CCE9901]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	-	-	-
SEQ ID NO: 23	79	predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens]	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	-
SEQ ID NO: 24	20	predicted protein [Populus trichocarpa]	Upregulated in low	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H18	-	-
SEQ ID NO: 25	55	PREDICTED: hypothetical protein isoform 1 [Vitis vinifera]	Upregulated in high	-	-	Upregulated in H12	Upregulated in H12	-	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 26	33	PREDICTED: similar to nascent polypeptide associated complex alpha-like protein 1 [Arabidopsis thaliana]	Upregulated in high	-	Upregulated in high	Upregulated in H12	Upregulated in H12	-	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 27	24	proline iminopeptidase, putative [Ricinus communis]	-	Upregulated in high	Upregulated in high	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 28	39	protein transporter [Elaeis guineensis]	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	-

SEQ ID NO: 29	12	putative NBS-LRR disease resistance protein homologue [Oryza sativa Japonica Group]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	-
SEQ ID NO: 30	32	Ran GTPase binding protein, putative [Ricinus communis]	Upregulated in high	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 31	37	Triosephosphate isomerase, chloroplastic [Spinacia oleracea]	-	Upregulated in low	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 32	13	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Daucus carota]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	-
SEQ ID NO: 33	84	regulator of ribonuclease activity A [Zea mays]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 34	36	retroelement pol polyprotein-like [Arabidopsis thaliana]	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H16	-	-	-
SEQ ID NO: 35	72	ribosomal protein L10 [Elaeis guineensis]	Upregulated in low	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 36	75	short chain type dehydrogenase, putative [Ricinus communis]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 37	53	temperature-induced lipocalin [Elaeis guineensis]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	-	-	-
SEQ ID NO: 38	38	unknown [Picea sitchensis]	-	Upregulated in high	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	Upregulated in L18
SEQ ID NO: 39	81	17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (AA 1-156) [Arabidopsis thaliana]	-	-	-	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	Upregulated in L18

SEQ ID NO: 40	49	ABC1 family protein [Arabidopsis thaliana]	-	Upregulated in high	Upregulated in low	Upregulated in H16	Upregulated in H12	-	-
SEQ ID NO: 41	54	glutathione peroxidase [Triticum monococcum subsp. aegilopoides]	-	Upregulated in high	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 42	41	glutathione S-transferase [Matricaria chamomilla]	Upregulated in low	Upregulated in low	Upregulated in low	Upregulated in H16	Upregulated in H18	Upregulated in L16	-
SEQ ID NO: 43	43	glutathione-s-transferase theta, gst, putative [Ricinus communis]	Upregulated in low	-	Upregulated in high	Upregulated in H16	Upregulated in H18	-	-
SEQ ID NO: 44	63	phospholipase D [Oryza sativa Japonica Group]	-	Upregulated in low	-	Upregulated in H12	-	-	Upregulated in L12
SEQ ID NO: 45	30	VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana]	-	-	Upregulated in high	-	-	-	Upregulated in L12

TABLE 3. Antibodies against 27 of the 45 unique differentially expressed proteins.

Antibody No.	**Protein Spot No.**	**Antibody Ref. No.**	**Antibody Name**	**Company**
1	5	AB9209	MTR antibody	Abcam
2	7	AB19104	HSP90 antibody	Abcam
3	9 & 14	AS09501	Catalase	Agrisera
4	13	AS09503	V-ATPase B, vacuolar H+ ATPase subunit B	Agrisera
5	22 & 76	A0480-200 µl	Anti-actin (plant), Clone 10-B3	Sigma Aldrich
6	23 & 25	AB51984	COMT	Abcam
7	24	GW22303B-50 µg	Chicken Anti-XPNPEP (X-prolyl aminopeptidase (aminopeptidase P)1)(N-193)	GenWay
8	26	10494-1-AP	GAPDH	
9	30	AB90146	HECT E3 ubiquitin ligase antibody	Abcam
10	32	AS07217	FtsZ, prokaryotic cell division GTPase	Agrisera
11	33	ABIN337196	Nascent-polypeptide-associated+Complex+Alpha+Polypeptide+(NACA) (Human)	Antibodies-online

12	37	AB58329	Triosephosphate isomerase antibody		Abcam
13	41 & 42	AS09479	GST class-phi, glutathione S transferase		Agrisera
14	43 & 79	AB55188	glutathione s-transferase theta 1		Abcam
15	48	SC-102147	U2 snRNP A (F-22)		Santa-Cruz
16	49	AB18180	ABCA1 antibody [AB.H10]		Abcam
17	51	AS05093	PrxQ, peroxiredoxin, thioredoxin reductase		Agrisera
18	53 & 82	AB61866	Prostaglandin D Synthase (Lipocalin) antibody		Abcam
19	54	AS04055	GPX, chloroplastic glutathione peroxidase		Agrisera
20	56	AS03037	RbcL, Rubisco large subunit, form I and form II		Agrisera
21	63	AS09556	PLD, phospholipase D		Agrisera
22	65	M4697-50	Anti-MTR (5-Methyltetrahydrofolate-homocysteine Methyltransferase)		US Biological
23	67	GTX110062	MCCC1		GeneTex Inc
24	68	ABIN229498	0 actin, Gamma 2, Smooth muscle enteric ACTG2		Antibodies-online
25	72	17013-1-AP	RPL10		Proteintech Group
26	74	AS08294	ALD, fructose-1,6 bisphosphate aldolase		Agrisera
27	80, 81 & 83	AS07254	HSP17.6 cytosolic class I HSP 17.6		Agrisera

TABLE 4. Dot-blot immunoassay results, as supported by Mann Whitney test.

Antibody No.	Antibody Name (Ref. No.)	Protein Spot No.	Top Ranked Protein Name (Species)	Accession No.	Differential Expression
1	COMT (AB51984)	23 & 25	Caffeic acid O-methyltransferase (Vanilla planifolia)	gi/45444737	Week 12
2	TIM (AB58329)	37	Triosephosphate isomerase, chloroplastic (Spinacia oleracea)	gi/1174745	Weeks 12 & 16
3	GST theta (AB55188)	43	Glutathione-s-transferase theta, gst, putative (Ricinus communis)	gi/223528475	Week 20
4	GST theta (AB55188)	79	Predicted protein (Physcomitrella patens subsp. Patens)	gi/168027637	Week 20
5	ABCA1 (AB18180)	49	ABC1 family protein (Arabidopsis thaliana)	gi/79325958	Week 12
6	NACA (ABIN337196)	33	Predicted: Similar to nascent polypeptide associated complex alpha-like protein 1	gi/225470846	Weeks 12 & 14
7	GPX (AS04055)	54	Glutathione peroxidase (Triticum monococcum subsp. aegilopoides)	gi/148529480	Week 12
8	RbcL(AS03037)	56	Large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase	gi/74267421	Week 22
9	RPL10 (17013-1-AP)	72	Ribosomal protein L10 (Elaeis guineensis)	gi/192910684	Week 14
10	ALD (AS08294)	74	Fructose-bisphosphate aldolase (Elaeis guineensis)	gi/192910908	Week 12
11	HSP17.6 (AS07254)	80, 81 & 83	17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (Arabidopsis thaliana)	gi/15220832	Week 22

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
SEQUENCE LISTING

<110> Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd

<120> Methods for Obtaining High-Yielding Oil Palm Plants

<130> RDQL-J4432

<160> 45

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 210
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 1

```
Met Ala Ser His Val Val Gly Tyr Pro Arg Met Gly Pro Lys Arg Glu
1               5                  10                  15

Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp Gly Lys Ser Ser Ala Ala
            20                  25                  30

Asp Leu Gln Lys Val Ser Gln Asp Leu Arg Cys Ser Ile Trp Lys Gln
        35                  40                  45

Met Ser Asp Ala Gly Val Lys Tyr Ile Pro Ser Asn Thr Phe Ser Tyr
    50                  55                  60

Tyr Asp Gln Val Leu Asp Ala Thr Ala Met Leu Gly Ala Val Pro Gln
65                  70                  75                  80

Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Gly Glu Ile Gly Phe Asp Thr Tyr Phe Ser
                85                  90                  95

Met Ala Arg Gly Asn Ala Ser Val Pro Ala Met Glu Met Thr Lys Trp
            100                 105                 110

Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro Glu Leu Ala Pro Asp Thr
        115                 120                 125

Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val Ser Glu Tyr Lys Glu Ala
    130                 135                 140

Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val Leu Ile Gly Pro Val Thr
145                 150                 155                 160

Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly Val Glu Lys Ala Phe Pro
                165                 170                 175
```

Leu Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro Val Tyr Lys Glu Val Ile
180 185 190

Ala Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp Val Gln Phe Asp Glu Pro
195 200 205

His Leu
210

<210> 2
<211> 68
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (68)..(68)

<400> 2

Met Glu His Leu Gly Glu Met Gly Ala Val Ala Ala Gly Ala Phe Ala
1 5 10 15

Leu Tyr Glu Lys His Glu Ala Lys Lys His Pro Glu His Ala His Arg
20 25 30

His Lys Ile Glu Glu Glu Ile Ala Ala Ala Val Ala Val Gly Ser Gly
35 40 45

Gly Tyr Ala Phe His Glu His His Glu Lys Lys Ala Ala Lys Lys Glu
50 55 60

Ala Glu Glu Ser
65

<210> 3
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 3

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
35 40 45

```
Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
    50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Met Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300
```

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Thr
305 310 315 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
325 330 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
340 345 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Gly Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
355 360 365

Pro Ser Ile Val His Arg Lys Cys Phe
370 375

<210> 4
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 4

Met Ala Glu Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
35 40 45

Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
50 55 60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Thr Asn
65 70 75 80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
85 90 95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
100 105 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
115 120 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
130 135 140

```
Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Thr His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Phe Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Gly Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Ser
305                 310                 315                 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
                325                 330                 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
            340                 345                 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Glu Glu Tyr Asp Glu Cys Gly
        355                 360                 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
    370                 375

<210>  5
<211>  535
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 5

```
Met Asp Ser Met Ile Ala Cys Lys Ser Gly Cys Leu Pro Pro Gly Leu
1               5                  10                  15

Phe Ile Arg Pro Thr Arg Gly Ile Arg Ser Ser Gln Cys Ser Phe Met
            20                  25                  30

Val Gly Asn Asp Pro Lys Phe Cys Lys Ile Ser Phe Pro Arg Lys Arg
        35                  40                  45

Thr Ala Cys Ala Ile Arg Lys Ser Lys Lys Asn Gly Gly Ala Leu Asn
    50                  55                  60

Ala Thr Cys Tyr Asp Glu Lys Ile Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile
65                  70                  75                  80

Ala Val Arg Val Ile Arg Thr Ala His Glu Met Gly Ile Pro Cys Val
                85                  90                  95

Ala Val His Ser Thr Ile Asp Gln Asp Ala Leu His Val Arg Leu Ala
            100                 105                 110

Asp Glu Ala Val Cys Ile Gly Glu Ala Pro Ser Ser Gln Ser Tyr Leu
        115                 120                 125

Phe Ile Pro Asn Val Leu Ser Ala Ala Val Ser Arg Gly Cys Thr Met
    130                 135                 140

Leu His Pro Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Gly Phe Val Asp
145                 150                 155                 160

Ile Cys Lys Glu His Gly Ile Asn Phe Ile Gly Pro Asn Pro Asp Ser
                165                 170                 175

Ile Arg Val Met Gly Asp Lys Ser Thr Ala Arg Glu Thr Met Lys Lys
            180                 185                 190

Ala Gly Val Pro Thr Val Pro Gly Ser Asp Gly Leu Leu Gln Ser Thr
        195                 200                 205

Glu Glu Ala Val Lys Leu Ala His Glu Ile Gly Phe Pro Val Met Ile
    210                 215                 220

Lys Ala Thr Ala Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Arg Leu Ala Tyr Glu
225                 230                 235                 240
```

```
Pro Glu Gln Phe Val Lys Leu Leu Gln Gln Ala Lys Ser Glu Ala Ala
                245                 250                 255

Ala Ala Phe Gly Asn Asp Gly Val Tyr Leu Glu Lys Tyr Ile Gln Asn
            260                 265                 270

Pro Arg His Ile Glu Phe Gln Val Leu Ala Asp Lys Tyr Gly Asn Val
        275                 280                 285

Val His Phe Gly Glu Arg Asp Cys Ser Ile Gln Arg Arg Asn Gln Lys
    290                 295                 300

Leu Leu Glu Glu Ala Pro Ser Pro Ala Leu Thr Pro Glu Leu Arg Lys
305                 310                 315                 320

Ala Met Gly Asp Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Ser Ile Gly Tyr Ile
                325                 330                 335

Gly Val Gly Thr Val Glu Phe Leu Leu Asp Glu Arg Gly Ser Phe Tyr
            340                 345                 350

Phe Met Glu Met Asn Thr Arg Ile Gln Val Glu His Pro Val Thr Glu
        355                 360                 365

Met Ile Ser Ser Thr Asp Leu Ile Glu Glu Gln Ile Arg Val Ala Leu
    370                 375                 380

Gly Glu Arg Leu Thr Tyr Lys Gln Glu Asp Ile Val Leu Arg Gly His
385                 390                 395                 400

Ser Ile Glu Cys Arg Ile Asn Ala Glu Asp Ala Phe Lys Gly Phe Arg
                405                 410                 415

Pro Gly Pro Gly Lys Ile Thr Ser Tyr Leu Pro Ser Gly Gly Pro Phe
            420                 425                 430

Val Arg Met Asp Ser His Val Tyr Pro Gly Tyr Val Val Pro Pro Ser
        435                 440                 445

Tyr Asp Ser Leu Leu Gly Lys Leu Ile Val Trp Ala Pro Thr Arg Glu
    450                 455                 460

Lys Ala Ile Glu Arg Met Lys Arg Ala Leu Asp Asp Thr Ile Ile Thr
465                 470                 475                 480

Gly Ile Pro Thr Thr Ile Glu Tyr His Lys Leu Ile Leu Asp Ile Glu
```

485 490 495

Asp Phe Arg Asn Gly Lys Val Asp Thr Ala Phe Ile Pro Lys His Glu
500 505 510

Lys Asp Leu Thr Ala Pro His Lys Leu Val Leu Ser Thr Ser Glu Lys
515 520 525

Glu Leu Ala Gly Val Gly Ala
530 535

<210> 6
<211> 367
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 6

Met Gly Ser Ile Glu Lys Gln Gly Met Pro Ala Pro Ser Val Glu Asn
1 5 10 15

Gln Ala Gly Asp Glu Ala Ser Cys Met Tyr Ala Leu Gln Leu Ala Ser
20 25 30

Ser Ser Ile Leu Pro Met Thr Leu Lys Ala Ala Ile Glu Leu Gly Val
35 40 45

Leu Glu Ile Ile Ala Lys Ala Gly Ser Val Gly Lys Leu Ser Pro Ala
50 55 60

Gln Val Ala Ala Gln Leu Pro Thr Glu Asn Pro Met Ala Ala Thr Met
65 70 75 80

Leu Asp Arg Met Leu Arg Leu Leu Ala Ser Tyr Asn Ile Leu Thr Cys
85 90 95

Ser Val Glu Val Asp Ala Asp Gly Lys Pro Leu Arg Arg Tyr Gly Pro
100 105 110

Ala Pro Val Cys Lys Trp Leu Thr Lys Asn Glu Asp Gly Val Ser Met
115 120 125

Ala Ala Leu Thr Leu Met Asn Gln Asp Lys Val Leu Met Glu Ser Trp
130 135 140

Tyr Tyr Leu Lys Asp Ala Val Leu Asp Gly Gly Ile Pro Phe Asn Lys
145 150 155 160

Ala Tyr Gly Met Thr Ala Phe Glu Tyr His Gly Thr Asp Pro Arg Phe

165 170 175

Asn Lys Val Phe Asn Glu Gly Met Lys Asn His Ser Ile Ile Ile Thr
180 185 190

Lys Lys Leu Leu Glu Phe Tyr Lys Gly Phe Glu Asp Val Asn Val Leu
195 200 205

Val Asp Val Gly Gly Gly Ile Gly Ala Thr Leu His Met Ile Thr Ser
210 215 220

Lys Tyr Pro His Ile Lys Gly Ile Asn Phe Asp Leu Pro His Val Ile
225 230 235 240

Ser Glu Ala Pro Pro Phe Pro Gly Val Glu His Ile Gly Gly Asp Met
245 250 255

Phe Ala Ser Val Pro Ser Gly Asp Ala Ile Leu Met Lys Trp Ile Met
260 265 270

His Asp Trp Ser Asp Glu His Cys Ala Lys Ile Leu Glu Asn Cys Tyr
275 280 285

Lys Ala Leu Pro Asn Asn Gly Lys Val Ile Leu Cys Glu Cys Ile Leu
290 295 300

Pro Val Ala Pro Glu Pro Val Pro Ser Ala Gln Gly Val Phe His Val
305 310 315 320

Asp Met Ile Met Leu Ala His Asn Pro Gly Gly Lys Glu Arg Thr Glu
325 330 335

Lys Glu Tyr Gln Asp Leu Ala Lys Gly Ala Gly Phe Thr Gly Phe Lys
340 345 350

Ala Gln Tyr Cys Phe Ser Thr Ala Trp Val Leu Glu Phe Thr Lys
355 360 365

<210> 7
<211> 326
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (326)..(326)

<400> 7

```
Met Asp Pro Tyr Lys Phe Arg Pro Ser Ser Ala Asn Asn Ser Pro Phe
1               5                  10                  15

Trp Thr Thr Asn Ser Gly Ala Pro Val Trp Asn Asn Asn Ser Ser Leu
            20                  25                  30

Thr Val Gly Asn Arg Gly Pro Ile Leu Leu Glu Asp Tyr His Val Ile
        35                  40                  45

Glu Lys Leu Ala Gln Phe Asp Arg Glu Arg Ile Pro Glu Arg Val Val
    50                  55                  60

His Ala Arg Gly Ala Ser Ala Lys Gly Phe Phe Glu Val Thr His Asp
65                  70                  75                  80

Val Ser His Leu Thr Cys Ala Asp Phe Leu His Ala Pro Gly Val Gln
                85                  90                  95

Thr Pro Val Ile Val Arg Phe Ser Thr Val Ile His Glu Arg Gly Ser
            100                 105                 110

Pro Glu Thr Leu Arg Asp Pro Arg Gly Phe Ala Val Lys Phe Tyr Thr
        115                 120                 125

Arg Glu Gly Asn Phe Asp Leu Val Gly Asn Asn Phe Pro Val Phe Phe
    130                 135                 140

Val Arg Asp Gly Ile Lys Phe Pro Asp Met Val His Ala Leu Lys Pro
145                 150                 155                 160

Asn Pro Lys Ser His Ile Gln Glu Asn Trp Arg Ile Val Asp Phe Phe
                165                 170                 175

Ser His His Pro Glu Ser Leu His Met Phe Thr Phe Leu Phe Asp Asp
            180                 185                 190

Val Gly Val Pro Ala Asp Tyr Arg His Met Asp Gly Ser Gly Val Asn
        195                 200                 205

Thr Tyr Thr Leu Ile Asn Lys Glu Gly Lys Ala Arg Tyr Val Lys Phe
    210                 215                 220

His Trp Arg Pro Thr Cys Gly Val Lys Cys Leu Leu Glu Asp Glu Ala
225                 230                 235                 240

Val Ile Val Gly Gly Asn Asn His Ser His Ala Thr Lys Asp Leu Tyr
                245                 250                 255
```

Asp Ser Ile Ala Ala Gly Asn Tyr Pro Glu Trp Lys Leu Phe Ile Gln
260 265 270

Thr Ile Asp Pro Asp His Glu Asp Arg Phe Asp Phe Asp Pro Leu Asp
275 280 285

Val Thr Lys Thr Trp Pro Glu Asp Ile Leu Pro Leu Gln Pro Val Gly
290 295 300

Arg Met Val Leu Asn Lys Asn Ile Asp Asn Phe Phe Ala Glu Asn Glu
305 310 315 320

Gln Leu Ala Phe Cys Pro
325

<210> 8
<211> 170
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 8

Met Ala Ala Ile Ala Asn Ser Phe Val Ser Ile Arg Asp Leu Arg Pro
1 5 10 15

Pro Ala Leu Ser Gly Cys Pro Leu Lys Pro Ser Pro Gln Ser Leu Val
20 25 30

Ser Cys Ser Pro Met Asn Leu Ser Leu Ser Thr Ile Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Ala Lys Ile Ala Thr Tyr Lys Ser Arg Ile Thr Val Gln Ala Ala Tyr
50 55 60

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

Val Leu Gly Gly Ile Ile Val Gly Thr Leu Gly Cys Val Tyr Ala Pro
85 90 95

Gln Ile Ser Lys Ile Leu Ala Gly Ala Asp Arg Lys Asp Leu Met Arg
100 105 110

Lys Leu Pro Lys Phe Ile Tyr Asp Glu Glu Lys Ala Leu Glu Arg Thr
115 120 125

Arg Lys Ile Leu Ala Asp Lys Ile Glu Gln Leu Asn Ser Ala Ile Asp
130 135 140

```
Asp Val Ser Ser Gln Leu Arg Ala Asp Asp Gly Pro Asn Gly Val Ala
145                 150                 155                 160

Val Ala Ser Asp Glu Val Glu Ala Ala Ile
                165                 170
```

<210> 9
<211> 328
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 9

```
Met Ala Gly Val Ala Ser Trp Lys Pro Met Ala Leu Lys Ala Pro Pro
1               5                   10                  15

Ala Ala Pro Pro Leu Arg Tyr His Ser Ser Ile His Pro Ile Pro Ile
            20                  25                  30

Gly Ala Pro Ala Ser Val Phe Gln Lys Ala Pro Ile Leu Arg Ser Ala
        35                  40                  45

Met Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ala Pro Ile Arg Pro Arg Ala Ile Ala
    50                  55                  60

Asp Asp Glu Glu Trp Gly Gly Glu Leu Gly Glu Glu Glu Gly Ala Ala
65                  70                  75                  80

Ala Gly Gly Leu Ala Val Ala Glu Gln Glu Glu Glu Glu Val Lys Val
                85                  90                  95

Glu Pro Ile Glu Val Gly Glu Leu Lys Arg Lys Leu Met Asp Leu Leu
            100                 105                 110

Tyr Gly Thr Asp Arg Gly Leu Gln Ala Ser Ser Glu Thr Arg Ala Glu
        115                 120                 125

Ile Val Glu Val Ile Asn Gln Leu Glu Val Arg Asn Pro Thr Pro Ala
    130                 135                 140

Pro Thr Glu Ala Leu Thr Leu Leu Asn Gly Lys Trp Ile Leu Ala Tyr
145                 150                 155                 160

Thr Ser Phe Ser Pro Leu Phe Pro Leu Leu Gly Ser Ala Arg Leu Pro
                165                 170                 175

Glu Leu Val Lys Val Glu Glu Ile Ser Gln Thr Ile Asp Ser Glu Asn
            180                 185                 190
```

```
Phe Thr Val Gln Asn Ser Val Gln Phe Ala Val Pro Leu Ala Thr Thr
        195                 200                 205

Ser Val Thr Thr Asn Ala Lys Phe Glu Val Arg Ser Pro Lys Arg Val
    210                 215                 220

Gln Ile Lys Phe Glu Glu Gly Ile Ile Gly Thr Pro Gln Leu Thr Asp
225                 230                 235                 240

Ser Ile Val Leu Pro Glu Lys Val Glu Phe Leu Gly Gln Asn Ile Asp
                245                 250                 255

Leu Ser Pro Phe Lys Ser Val Ile Thr Ser Val Gln Asn Ala Ala Ser
            260                 265                 270

Ser Val Ala Arg Thr Ile Ser Glu Arg Pro Pro Trp Lys Ile Ser Ile
        275                 280                 285

Asn Asn Asp Asn Ala Gln Ser Trp Leu Leu Thr Thr Tyr Leu Asp Glu
    290                 295                 300

Glu Leu Lys Ile Ser Arg Ala Asp Gly Gly Gly Ile Phe Leu Leu Ile
305                 310                 315                 320

Lys Glu Gly Ser Ser Leu Leu Asn
                325
```

<210> 10
<211> 203
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 10

```
Met Ala Thr Lys Val Tyr Ile Val Tyr Tyr Ser Met Tyr Gly His Val
1               5                   10                  15

Glu Lys Leu Ala Glu Glu Ile Lys Arg Gly Ala Ser Thr Val Gly Gly
            20                  25                  30

Val Glu Ala Lys Met Trp Gln Val Pro Glu Thr Leu Pro Glu Glu Val
        35                  40                  45

Leu Gly Lys Met Gly Ala Pro Pro Lys Ser Asp Val Pro Ile Ile Thr
    50                  55                  60

Pro Asn Glu Leu Ala Glu Ala Asp Gly Ile Ile Phe Gly Phe Pro Thr
65                  70                  75                  80
```

```
Arg Phe Gly Met Met Ala Ala Gln Phe Lys Ala Phe Leu Asp Ala Thr
                85                  90                  95

Gly Gly Leu Trp Arg Ala Gln Gln Leu Ala Gly Lys Pro Ala Gly Ile
            100                 105                 110

Phe Tyr Ser Thr Gly Ser Gln Gly Gly Gly Gln Glu Thr Thr Pro Leu
        115                 120                 125

Thr Ala Ile Thr Gln Leu Val His His Gly Met Ile Phe Val Pro Ile
    130                 135                 140

Gly Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Met Phe Glu Met Glu Lys Val Lys Gly
145                 150                 155                 160

Gly Ser Pro Tyr Gly Ala Gly Thr Tyr Ala Gly Asp Gly Ser Arg Phe
                165                 170                 175

Pro Ser Glu Leu Glu Leu Glu Gln Ala Phe His Gln Gly Lys Tyr Phe
            180                 185                 190

Ala Gly Ile Ala Lys Lys Phe Lys Ser Ser Ser
        195                 200
```

<210> 11
<211> 358
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 11

```
Met Ser Ala Tyr Cys Gly Lys Tyr His Asp Glu Leu Ile Lys Asn Ala
1               5                   10                  15

Ala Tyr Ile Gly Thr Pro Gly Lys Gly Ile Leu Ala Ala Asp Glu Ser
            20                  25                  30

Thr Gly Thr Ile Gly Lys Arg Leu Ala Ser Ile Asn Val Glu Asn Val
        35                  40                  45

Glu Glu Asn Arg Arg Ala Leu Arg Glu Leu Leu Phe Cys Thr Pro Gly
    50                  55                  60

Ala Leu Gln Tyr Leu Ser Gly Val Ile Leu Phe Glu Glu Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80

Gln Lys Thr Lys Asp Gly Lys Pro Phe Val Glu Val Leu Lys Glu Gly
                85                  90                  95
```

```
Gly Val Leu Pro Gly Ile Lys Val Asp Lys Gly Thr Ile Glu Leu Ala
          100                 105                 110

Gly Thr Asn Gly Glu Thr Thr Thr Gln Gly His Asp Asp Leu Ala Lys
      115                 120                 125

Arg Cys Gln Lys Tyr Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Phe Ala Lys Trp Arg
  130                 135                 140

Ala Val Leu Lys Ile Gly Pro Thr Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ile Asp
145                 150                 155                 160

Leu Asn Ala His Gly Leu Ala Arg Tyr Ala Ile Ile Cys Gln Glu Asn
              165                 170                 175

Gly Leu Val Pro Ile Val Glu Pro Glu Ile Leu Val Asp Gly Pro His
          180                 185                 190

Asp Ile Lys Arg Cys Ala Asp Val Thr Glu Arg Val Leu Ala Ala Cys
      195                 200                 205

Tyr Lys Ala Leu Asn Asp His His Val Leu Leu Glu Gly Thr Leu Leu
  210                 215                 220

Lys Pro Asn Met Val Thr Pro Gly Ser Glu Ser Ala Lys Val Ala Pro
225                 230                 235                 240

Glu Val Val Ala Glu Tyr Ala Val Arg Ala Leu Gln Arg Thr Val Pro
              245                 250                 255

Ala Ala Val Pro Ala Ile Val Phe Leu Ser Gly Gly Gln Ser Glu Glu
          260                 265                 270

Glu Ala Thr Leu Asn Leu Asn Ala Met Asn Lys Leu Gly Gly Lys Lys
      275                 280                 285

Pro Trp Ser Leu Ser Phe Ser Phe Gly Arg Ala Leu Gln Gln Ser Thr
  290                 295                 300

Leu Lys Ala Trp Ala Gly Lys Val Glu Asn Val Glu Lys Ala Arg Ala
305                 310                 315                 320

Ala Phe Leu Ala Arg Cys Lys Ala Asn Ser Glu Ala Thr Leu Gly Lys
              325                 330                 335

Tyr Glu Gly Asp Ala Ala Gly Gly Glu Gly Val Ser Glu Ser Leu His
          340                 345                 350
```

Val Lys Asp Tyr Lys Tyr
355

<210> 12
<211> 206
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 12

Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu Lys Glu Tyr Lys Ser Asp Ile Asn
1 5 10 15

Val Val Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala Pro Leu Ala
20 25 30

Lys Val Ile His Asp Lys Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu Met Thr Thr
35 40 45

Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly Pro Ser Ser
50 55 60

Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile Ile Pro Ser
65 70 75 80

Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro Ala Leu Asn
85 90 95

Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val Asp Val Ser
100 105 110

Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Ser Ala Thr Tyr Asp Gln
115 120 125

Ile Lys Asp Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Met Lys Gly Ile
130 135 140

Leu Gly Tyr Val Asp Glu Asp Leu Val Ser Thr Asp Phe Leu Gly Asp
145 150 155 160

Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala Leu Asn Gly
165 170 175

Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp Gly Tyr Ser
180 185 190

Ser Arg Val Val Asp Leu Ile Arg His Ile His Gly Thr Gln
195 200 205

<210> 13
<211> 116
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS
<222> (14)..(15)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (20)..(21)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (30)..(31)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (38)..(39)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (49)..(50)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (70)..(71)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (78)..(79)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (108)..(109)

<220>
<221> NON_TER
<222> (116)..(116)

<400> 13

Met Asp Leu Gly Lys Ser Ala Ser Thr Ser Ala Thr Leu Lys Phe Tyr
1 5 10 15

Tyr Glu Leu Arg Tyr Val Pro Phe Gln Cys Pro Ser Ser Arg Arg Ile
20 25 30

Gln Pro Leu Gln Ala Arg Glu Leu Ala Glu Ala His Glu Asp Leu Thr
35 40 45

Lys Leu Ser Cys Pro Glu Leu Asp Leu Arg Glu Ile Leu Asp Gln Gly
50 55 60

Ala Ala Ser Asp Val Arg Phe Glu Val Ala Glu Leu Glu Arg Glu Lys

65 70 75 80

Ala Val Glu Thr Leu Arg Gly Arg Glu Val Trp Phe Ser Ser Tyr Leu
85 90 95

Gln Ser Cys Cys Thr Ser Met Ala Arg Val Cys Arg Ser Met Ser Pro
100 105 110

Leu Ala Glu Lys
115

<210> 14
<211> 56
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (23)..(24)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (31)..(32)

<220>
<221> NON_TER
<222> (56)..(56)

<400> 14

Asp Tyr Arg Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Val Val Arg Asp Thr
1 5 10 15

Asp Val Leu Ala Ala Phe Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ser
20 25 30

Gln Ala Glu Thr Gly Glu Val Lys Gly His Tyr Leu Asn Val Thr Ala
35 40 45

Gly Thr Ala Glu Glu Met Leu Lys
50 55

<210> 15
<211> 81
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<222> (10)..(11)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (34)..(35)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (45)..(46)

<220>
<221> NON_TER
<222> (81)..(81)

<400> 15

Met Ala Ser His Gln Asp Thr Ser Tyr Lys Asp Gln Thr Gly Ser Tyr
1 5 10 15

Val Ser Asp Lys Ala Ser Ala Ala Arg Ser Cys Glu Thr Gly Gln Ala
20 25 30

Ala Lys Glu Lys Ala Ser Gln Met Gly Glu Ser Ala Lys Thr Gly Gly
35 40 45

Val Ile Ser Ser Ala Ala Glu Gln Val Lys Gly Met Ala Gln Gly Ala
50 55 60

Thr Glu Ala Val Lys Asn Thr Phe Gly Met Gly Gly Gly Asn Glu Glu
65 70 75 80

Lys

<210> 16
<211> 413
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (413)..(413)

<400> 16

Met Gly Pro Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp
1 5 10 15

Gly Lys Ser Ser Ala Asp Asp Leu Gln Lys Val Ala Ala Asp Leu Arg
20 25 30

```
Cys Ser Ile Trp Lys Gln Met Ala Asp Ala Gly Ile Lys Tyr Ile Pro
        35                  40                  45

Ser Asn Thr Phe Ser Tyr Tyr Asp Gln Val Leu Asp Thr Thr Ala Met
    50                  55                  60

Leu Gly Ala Val Pro Gln Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Ala Glu Ile Gly
65                  70                  75                  80

Phe Asp Thr Tyr Phe Ser Met Ala Arg Gly Asn Ala Leu Val Pro Ala
                85                  90                  95

Met Glu Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro
            100                 105                 110

Glu Leu Ala Pro Asp Thr Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val
        115                 120                 125

Ser Glu Tyr Lys Glu Ala Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val
    130                 135                 140

Leu Ile Gly Pro Val Thr Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly
145                 150                 155                 160

Val Glu Lys Ser Phe Ala Thr Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro
                165                 170                 175

Ile Tyr Gln Glu Val Ile Met Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp
            180                 185                 190

Ile Gln Phe Asp Glu Pro Thr Leu Val Met Asp Leu Asp Ala His Gln
        195                 200                 205

Leu Glu Ala Phe Thr Lys Ala Tyr Ser Glu Leu Glu Ser Ser Phe Ser
    210                 215                 220

Gly Leu Asn Val Leu Val Glu Thr Tyr Phe Ala Asp Val Pro Ala Glu
225                 230                 235                 240

Ala Tyr Lys Thr Ile Thr Thr Leu Asn Gly Val Ser Gly Phe Gly Phe
                245                 250                 255

Asp Leu Val Arg Gly Thr Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys Ser Ala Gly
            260                 265                 270

Phe Pro Ser Gly Lys Tyr Leu Phe Ala Gly Val Val Asp Gly Arg Asn
        275                 280                 285
```

Ile Trp Ala Asn Asp Leu Ala Ser Ser Leu Ser Ser Leu Gly Val Leu
290 295 300

Glu Ala Ile Val Gly Lys Asp Asn Leu Val Val Ser Thr Ser Cys Ser
305 310 315 320

Leu Met His Thr Ala Val Asp Leu Val Asn Glu Thr Lys Leu Asp Gly
325 330 335

Glu Ile Lys Ser Trp Leu Ala Phe Ala Ala Gln Lys Val Val Glu Val
340 345 350

Asn Ala Leu Ala Lys Ala Leu Ala Gly His Lys Asp Glu Ala Phe Phe
355 360 365

Ser Ala Asn Ala Ala Ala Gln Ala Ser Arg Lys Ser Ser Pro Arg Val
370 375 380

Thr Asn Glu Glu Val Gln Thr Ala Ala Ala Ala Leu Lys Gly Ser Asp
385 390 395 400

His Cys Arg Ala Thr Asn Val Ser Ala Arg Leu Asp Ala
405 410

<210> 17
<211> 197
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 17

Met Ala Ser Ala Leu Met Arg Ala Arg Arg Ser Ala Ala Leu Pro Ser
1 5 10 15

Ala Ala Val Met Ala Leu Arg Arg Ala Phe Ala Ala Ala Ser Val Gly
20 25 30

Cys Asp Ile Val Ser Ala Ala Pro Gly Val Ala Leu Gln Lys Ala Arg
35 40 45

Ser Trp Asp Glu Gly Val Ser Ser Lys Phe Ser Thr Thr Pro Leu Lys
50 55 60

Asp Ile Phe Leu Gly Lys Gln Val Val Val Phe Gly Leu Pro Gly Ala
65 70 75 80

Phe Thr Gly Val Cys Ser Ala Gln His Val Pro Ser Tyr Lys Asn Asn
85 90 95

Ile Asp Lys Phe Lys Ala Lys Gly Ile Asp Ser Val Ile Cys Val Ala
100 105 110

Val Asn Asp Pro Tyr Val Leu Asn Gly Trp Ala Glu Asn Leu Gln Ala
115 120 125

Lys Glu Ala Ile Asp Phe Tyr Gly Asp Phe Asp Gly Ser Phe His Lys
130 135 140

Ser Leu Glu Leu Asp Leu Asp Leu Ser Ala Ala Leu Leu Gly His Arg
145 150 155 160

Ser Gln Arg Trp Ser Ala Tyr Val Val Asp Gly Lys Ile Lys Val Leu
165 170 175

Asn Val Glu Lys Val Pro Ser Glu Phe Lys Val Ser Gly Gly Glu Val
180 185 190

Ile Leu Gly Gln Phe
195

<210> 18
<211> 195
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 18

Met Met Lys Gly Thr Lys Lys Ala Ile Phe Leu Phe Leu Leu Leu Ser
1 5 10 15

Ser Leu Val Ile Ile Ser His Cys Val Thr Pro Leu Thr Ile Lys Pro
20 25 30

Val Asn Arg Asp Asp Asp Glu Tyr Gln Cys Val Tyr Thr Val Tyr Ile
35 40 45

Arg Thr Gly Ser Ile Trp Lys Gly Gly Thr Asp Ser Val Ile Ser Leu
50 55 60

Val Leu Ala Gly Ser Asp Gly Trp Gly Val Ala Ile Thr Asp Ile Glu
65 70 75 80

Ser Trp Gly Gly Ile Met Glu Ala Gly His Asn Tyr Phe Glu Arg Gly
85 90 95

Asn Leu Asp Ile Phe Ser Gly Arg Gly Pro Cys Leu Ser Thr Pro Pro
100 105 110

Cys Trp Met Asn Leu Thr Ser Asp Gly Ser Gly Ser His His Gly Trp
115 120 125

Tyr Cys Asn Tyr Val Glu Val Thr Thr Thr Gly Pro His Met Gly Cys
130 135 140

Ala Gln Gln Leu Phe Thr Val Glu Gln Trp Leu Ala Thr Asp Ala Ala
145 150 155 160

Pro Tyr Gln Leu Tyr Ala Thr Arg Asp Ser Cys Thr Gly Arg Gly Asn
165 170 175

Ala Glu Glu Glu Pro Lys Ile Gly Asp Arg Ile Gly Arg His Val Thr
180 185 190

His Val Ala
195

<210> 19
<211> 559
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 19

Met Gly Ser Ser Glu Phe Ser Trp Lys Leu Ala Asp His Pro Lys Leu
1 5 10 15

Pro Lys Gly Lys Thr Val Ala Val Val Val Leu Asp Gly Trp Gly Glu
20 25 30

Ala Asn Pro Asp Lys Tyr Asn Cys Ile His Val Ala Glu Thr Pro Ala
35 40 45

Met Asp Ser Leu Lys Lys Gly Ala Pro Asp Arg Trp Arg Leu Val Arg
50 55 60

Ala His Gly Thr Ala Val Gly Leu Pro Thr Glu Asp Asp Met Gly Asn
65 70 75 80

Ser Glu Val Gly His Asn Ala Leu Gly Ala Gly Arg Ile Tyr Ala Gln
85 90 95

Gly Ala Lys Leu Val Asp Leu Ala Leu Ala Ser Gly Lys Ile Tyr Glu
100 105 110

Gly Glu Gly Phe Lys Tyr Ile Lys Glu Cys Phe Asp Gln Gly Thr Leu
115 120 125

His Leu Ile Gly Leu Leu Ser Asp Gly Gly Val His Ser Arg Leu Asp
130 135 140

Gln Leu Gln Leu Leu Leu Lys Gly Ala Ser Glu Asn Gly Ala Lys Arg
145 150 155 160

Ile Arg Val His Val Leu Thr Asp Gly Arg Asp Val Leu Asp Gly Ser
165 170 175

Ser Val Gly Phe Val Glu Thr Leu Glu Asn Asp Leu Leu Lys Leu Arg
180 185 190

Glu Lys Gly Val Asp Ala Gln Ile Ala Ser Gly Gly Gly Arg Met Tyr
195 200 205

Val Thr Met Asp Arg Tyr Glu Asn Asp Trp Gly Val Val Lys Arg Gly
210 215 220

Trp Asp Ala Gln Val Leu Gly Glu Ala Pro His Lys Phe Gln Ser Ala
225 230 235 240

Val Glu Ala Val Lys Lys Leu Arg Glu Val Pro Lys Ala Asn Asp Gln
245 250 255

Tyr Leu Ala Pro Phe Val Ile Val Asp Glu Ser Gly Lys Ala Val Gly
260 265 270

Pro Ile Val Asp Gly Asp Ala Val Val Thr Phe Asn Phe Arg Ala Asp
275 280 285

Arg Met Val Met Leu Ala Lys Ala Leu Glu Tyr Glu Asp Phe Asp Lys
290 295 300

Phe Asp Arg Val Arg Phe Pro Lys Ile Gln Tyr Ala Gly Met Leu Gln
305 310 315 320

Tyr Asp Gly Glu Leu Lys Leu Pro Ser His Tyr Leu Val Ser Pro Pro
325 330 335

Glu Ile Glu Arg Thr Ser Gly Glu Tyr Leu Val His Asn Gly Ile Arg
340 345 350

Thr Phe Ala Cys Ser Glu Thr Val Lys Phe Gly His Val Thr Phe Phe
355 360 365

Trp Asn Gly Asn Arg Ser Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Met Glu Glu Tyr

370 375 380

Val Glu Ile Pro Ser Asp Ala Gly Ile Thr Phe Asn Val Lys Pro Lys
385 390 395 400

Met Lys Ala Val Glu Ile Ala Glu Lys Ala Arg Asp Ala Ile Leu Ser
405 410 415

Arg Lys Phe Asp Gln Val Arg Val Asn Leu Pro Asn Gly Asp Met Val
420 425 430

Gly His Thr Gly Asp Ile Glu Ala Thr Val Val Ala Cys Lys Ala Ala
435 440 445

Asp Asp Ala Val Lys Met Ile Leu Asp Ala Ile Glu Gln Val Gly Gly
450 455 460

Ile Tyr Val Val Thr Ala Asp His Gly Asn Ala Glu Asp Met Val Lys
465 470 475 480

Arg Asn Lys Ser Gly Gln Pro Gln Leu Asp Lys Asn Gly Asp Ile Gln
485 490 495

Ile Leu Thr Ser His Thr Leu Gln Pro Val Pro Val Ala Ile Gly Gly
500 505 510

Pro Gly Leu Ala Pro Gly Val Gly Phe Arg Lys Asp Val Pro Asn Gly
515 520 525

Gly Leu Ala Asn Ile Ala Ala Thr Val Met Asn Leu His Gly Phe Glu
530 535 540

Ala Pro Ser Asp Tyr Glu Pro Thr Leu Ile Glu Val Val Asp Asn
545 550 555

<210> 20
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 20

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly

35 40 45

Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
50 55 60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65 70 75 80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
85 90 95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Ile Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
100 105 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
115 120 125

Phe Asp Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
130 135 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145 150 155 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
165 170 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
180 185 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
195 200 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
210 215 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ala Val Glu Lys
225 230 235 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
245 250 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
260 265 270

Ser Pro Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
275 280 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
290 295 300

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Gly Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Thr
305 310 315 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
325 330 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
340 345 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Thr Lys Ala Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
355 360 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
370 375

<210> 21
<211> 702
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 21

Met Ala Asp Ile Gln Met Gly Glu Ala Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala
1 5 10 15

Glu Ile Asn Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn
20 25 30

Lys Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ser Ser Asp Ala Leu
35 40 45

Asp Lys Ile Arg Tyr Glu Gly Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala
50 55 60

Gln Pro Glu Leu Phe Ile Arg Leu Val Pro Asp Lys Ala Asn Lys Thr
65 70 75 80

Leu Ser Ile Ile Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val
85 90 95

Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu
100 105 110

Ala Leu Gln Ala Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val
115 120 125

Gly Phe Tyr Ser Ala Tyr Leu Val Ala Glu Lys Val Val Val Thr Thr
130 135 140

Lys His Asn Asp Asp Glu Gln Tyr Ile Trp Glu Ser Gln Ala Gly Gly
145 150 155 160

Ser Phe Thr Val Thr Arg Asp Val Ser Gly Glu Gln Leu Gly Arg Gly
165 170 175

Thr Lys Ile Thr Leu Tyr Leu Lys Glu Asp Gln Leu Asp Tyr Leu Glu
180 185 190

Glu Arg Arg Leu Lys Asp Leu Val Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser
195 200 205

Tyr Pro Ile Tyr Leu Trp Thr Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser
210 215 220

Asp Asp Glu Asp Glu Glu Thr Lys Lys Glu Glu Glu Gly Asp Val Glu
225 230 235 240

Asn Ile Asp Glu Glu Lys Glu Thr Lys Ser Lys Lys Lys Lys Val Lys
245 250 255

Glu Val Leu His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp
260 265 270

Leu Arg Lys Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ser Phe Tyr
275 280 285

Lys Ser Leu Thr Asn Asp Trp Glu Asp His Leu Ala Val Lys His Phe
290 295 300

Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Ile Leu Phe Val Pro Lys
305 310 315 320

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Met Asn Asn Ile
325 330 335

Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu
340 345 350

Ile Pro Glu Tyr Leu Gly Phe Val Lys Gly Val Val Asp Ser Asp Asp
355 360 365

Leu Pro Leu Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu
370 375 380

```
Lys Val Ile Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Leu Phe Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ile Ala Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe
                405                 410                 415

Ser Lys Asn Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Arg Ala
            420                 425                 430

Lys Leu Ala Asp Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu
        435                 440                 445

Met Thr Ser Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Asp Gln Lys
    450                 455                 460

Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser
465                 470                 475                 480

Pro Phe Leu Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Phe Met
                485                 490                 495

Val Asp Ala Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Tyr Asp
            500                 505                 510

Gly Lys Lys Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Ile Asp Glu
        515                 520                 525

Ser Glu Asp Glu Lys Lys Arg Lys Glu Glu Lys Lys Ala Ala Phe Glu
    530                 535                 540

Ser Leu Cys Lys Val Met Lys Asp Ile Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys
545                 550                 555                 560

Val Val Val Ser Asp Arg Ile Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr
                565                 570                 575

Gly Glu Tyr Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln
            580                 585                 590

Ala Leu Lys Asp Asn Ser Met Gly Ser Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr
        595                 600                 605

Met Glu Ile Asn Pro Glu Asn Gly Ile Met Glu Glu Met Arg Lys Arg
    610                 615                 620

Ala Glu Ala Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu
625                 630                 635                 640
```

```
Leu Phe Glu Thr Ala Ile Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro
                645                 650                 655

Asn Thr Phe Ala Gly Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser
            660                 665                 670

Ile Asp Glu Asp Glu Ala Ala Gly Asp Asp Thr Asp Met Pro Ala Leu
        675                 680                 685

Glu Glu Asp Gly Asn Glu Glu Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
    690                 695                 700


<210>  22
<211>  26
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis


<220>
<221>  NON_TER
<222>  (1)..(1)

<220>
<221>  NON_CONS
<222>  (6)..(7)

<220>
<221>  NON_TER
<222>  (26)..(26)

<400>  22

Met Lys Trp Cys Glu Arg Val Tyr Leu Thr Ile Glu Leu Pro Asp Ala
1               5                   10                  15

Lys Asp Ala Glu Val Thr Ile Glu Ala Arg
            20                  25


<210>  23
<211>  29
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis


<220>
<221>  NON_TER
<222>  (1)..(1)

<220>
<221>  NON_CONS
<222>  (21)..(22)

<220>
<221>  NON_TER
<222>  (29)..(29)
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<400> 23

Tyr Ile Ala Asn Lys Phe Glu Gly Gln Gly Thr Pro Ile Tyr Gly Ser
1 5 10 15

Thr Pro Val Glu Lys Val Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg
20 25

<210> 24
<211> 707
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 24

Met Ala Ser Ser Ser Ala Gln Ile His Val Leu Gly Ser Ala Ala Ala
1 5 10 15

Phe Pro Ser Ser Arg Lys Pro Ser Ala Arg Ile Ser Ser Ser Lys Ser
20 25 30

Leu Phe Phe Gly Asn Arg His Ser Asn Gly Ile Asn Gly Ala Phe Leu
35 40 45

Ser Ile Arg Arg Gly Ala Gly Arg Gly Asn Arg Gly Tyr Gly Gly Pro
50 55 60

Leu Arg Val Val Ser Glu Lys Val Val Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr
65 70 75 80

Asn Ser Ala Val Ala Ala Met Glu Gly Gly Lys Pro Thr Ile Val Thr
85 90 95

Asn Ala Glu Gly Gln Arg Thr Thr Pro Ser Val Val Ala Tyr Thr Lys
100 105 110

Asn Gly Asp Arg Leu Val Gly Gln Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Val
115 120 125

Asn Pro Glu Asn Thr Phe Phe Ser Val Lys Arg Phe Ile Gly Arg Lys
130 135 140

Met Ser Glu Val Asp Glu Glu Ser Lys Gln Val Ser Tyr Arg Val Val
145 150 155 160

Lys Asp Glu Asn Gly Asn Val Lys Leu Glu Cys Pro Ala Ile Gly Lys
165 170 175

Gln Phe Ala Ala Glu Glu Ile Ser Ala Gln Val Leu Arg Lys Leu Val

```
180                 185                 190

Asp Asp Ala Ser Lys Phe Leu Asn Asp Lys Val Thr Lys Ala Val Val
        195                 200                 205

Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Thr Ala Thr Lys Asp
    210                 215                 220

Ala Gly Arg Ile Ala Gly Leu Asp Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro
225                 230                 235                 240

Thr Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Gly Phe Glu Lys Lys Asn Asn Glu Thr
                245                 250                 255

Ile Leu Val Phe Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Val Ser Val Leu
            260                 265                 270

Glu Val Gly Asp Gly Val Phe Glu Val Leu Ser Thr Ser Gly Asp Thr
        275                 280                 285

His Leu Gly Gly Asp Asp Phe Asp Lys Arg Val Val Asp Trp Leu Ala
    290                 295                 300

Gly Asn Phe Lys Arg Asp Glu Gly Ile Asp Leu Leu Lys Asp Lys Gln
305                 310                 315                 320

Ala Leu Gln Arg Leu Thr Glu Thr Ala Glu Lys Ala Lys Met Glu Leu
                325                 330                 335

Ser Ser Leu Thr Gln Thr Asn Ile Ser Leu Pro Phe Ile Thr Ala Thr
            340                 345                 350

Ala Asp Gly Pro Lys His Ile Glu Thr Thr Ile Thr Arg Ala Lys Phe
        355                 360                 365

Glu Glu Leu Cys Ser Asp Leu Leu Asp Arg Leu Arg Thr Pro Val Asp
    370                 375                 380

Asn Ala Leu Lys Asp Ala Lys Leu Ser Phe Lys Asp Ile Asp Glu Val
385                 390                 395                 400

Ile Leu Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Ala Val Gln Glu Leu Val
                405                 410                 415

Lys Lys Met Thr Gly Lys Glu Pro Asn Val Thr Val Asn Pro Asp Glu
            420                 425                 430
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

```
Val Val Ala Leu Gly Ala Ala Val Gln Ala Gly Val Leu Ala Gly Asp
        435                 440                 445

Val Ser Asp Ile Val Leu Leu Asp Val Thr Pro Leu Ser Leu Gly Leu
    450                 455                 460

Glu Thr Leu Gly Gly Val Met Thr Lys Ile Ile Pro Arg Asn Thr Thr
465                 470                 475                 480

Leu Pro Thr Ser Lys Ser Glu Val Phe Ser Thr Ala Ala Asp Gly Gln
                485                 490                 495

Thr Ser Val Glu Ile Asn Val Leu Gln Gly Glu Arg Glu Phe Val Arg
            500                 505                 510

Asp Asn Lys Ser Leu Gly Ser Phe Arg Leu Asp Gly Ile Pro Pro Ala
        515                 520_________________525

Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Lys Phe Asp Ile Asp Ala Asn
    530                 535                 540

Gly Ile Leu Ser Val Thr Ala Val Asp Lys Gly Thr Gly Lys Lys Gln
545                 550                 555                 560

Asp Ile Thr Ile Thr Gly Ala Ser Thr Leu Pro Gly Asp Glu Val Asp
                565                 570                 575

Arg Met Val Lys Glu Ala Glu Arg Tyr Ala Lys Glu Asp Lys Glu Lys
            580                 585                 590

Arg Asp Ala Ile Asp Thr Lys Asn Gln Ser Glu Ser Val Val Tyr Gln
        595                 600                 605

Thr Glu Lys Gln Leu Lys Glu Leu Gly Asp Lys Val Pro Ala Ala Val
    610                 615                 620

Lys Glu Lys Val Glu Ala Lys Leu Lys Glu Leu Lys Asp Ala Ile Ala
625                 630                 635                 640

Gly Gly Ser Thr Gln Ser Met Lys Asp Ala Met Ala Ala Leu Asn Gln
                645                 650                 655

Glu Val Met Gln Leu Gly Gln Ser Leu Tyr Asn Gln Pro Gly Ala Ala
            660                 665                 670

Gly Ala Gly Pro Ala Pro Gly Ala Asp Ala Gly Ser Ala Gly Ser Thr
        675                 680                 685
```

Gly Lys Gly Pro Asp Asp Gly Gly Asp Val Ile Asp Ala Asp Phe Thr
690 695 700

Asp Ser Lys
705

<210> 25
<211> 205
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 25

Met Gln Gly Ala Leu Gln Ala Ile Arg Ala Gln Gly Asn Val Leu Lys
1 5 10 15

Cys Ala Val Leu Arg His Val Arg Ile Met Asn Pro Ala Met Leu Pro
20 25 30

Thr Ala Ile Ser Arg Phe Glu Ser Thr Ser Pro Ala Gln Leu Glu Glu
35 40 45

His Gly Phe Glu Ser Thr Thr Ile Ser Asp Val Leu Lys Ala Lys Gly
50 55 60

Lys Gly Ala Asp Gly Ser Trp Leu Trp Cys Thr Thr Asp Asp Thr Val
65 70 75 80

Tyr Asp Ala Val Lys Ser Met Thr Gln His Asn Val Gly Ala Leu Val
85 90 95

Val Val Lys Pro Gly Ala Asp Lys Ala Ile Ala Gly Ile Ile Thr Glu
100 105 110

Arg Asp Tyr Leu Arg Lys Ile Ile Val Gln Gly Arg Ser Ser Lys Ser
115 120 125

Thr Lys Val Gly Asp Ile Met Thr Glu Glu Asn Lys Leu Ile Thr Val
130 135 140

Thr Pro Asp Thr Lys Val Leu Gln Ala Met Gln Leu Met Thr Asp Asn
145 150 155 160

Arg Ile Arg His Ile Pro Val Ile Asp Ala Lys Gly Met Met Gly Met
165 170 175

Val Ser Ile Gly Asp Val Val Arg Ala Val Val Thr Glu His Arg Glu
180 185 190

```
Glu Leu Asp Arg Leu Asn Ala Tyr Ile Gln Gly Gly Tyr
        195                 200                 205


<210>  26
<211>  201
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis

<400>  26

Met Thr Ala Gln Thr Gln Glu Glu Leu Leu Ala Ala His Leu Glu Gln
1               5                  10                  15

Gln Lys Ile Asp Tyr Asp Glu Pro Val Val Glu Asp Glu Asp Asp Asp
            20                  25                  30

Glu Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp Lys Asp Glu Asp Asp Ala Glu Gly
        35                  40                  45

Gln Ala Gly Asp Ala Ser Gly Arg Ser Lys Gln Ser Arg Ser Glu Lys
    50                  55                  60

Lys Ser Arg Lys Ala Met Leu Lys Leu Gly Met Lys Pro Ile Pro Gly
65                  70                  75                  80

Val Ser Arg Val Thr Val Lys Lys Ser Lys Asn Ile Leu Phe Val Ile
                85                  90                  95

Ser Lys Pro Asp Val Phe Lys Ser Pro Thr Ser Asp Thr Tyr Val Ile
            100                 105                 110

Phe Gly Glu Ala Lys Ile Glu Asp Leu Ser Ser Gln Leu Gln Thr Gln
        115                 120                 125

Ala Ala Glu Gln Phe Lys Ala Pro Asp Leu Ser His Val Ile Ser Lys
    130                 135                 140

Pro Glu Thr Ser Ala Met Ala Gln Asp Asp Glu Glu Val Asp Glu Thr
145                 150                 155                 160

Gly Val Glu Pro Lys Asp Ile Glu Leu Val Met Thr Gln Ala Gly Val
                165                 170                 175

Ser Arg Ser Lys Ala Val Lys Ala Leu Lys Ala Ala Asp Gly Asp Ile
            180                 185                 190

Val Thr Ala Ile Met Glu Leu Thr Asn
        195                 200
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<210> 27
<211> 312
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 27

Met Glu Thr Ser Lys Glu Ser Gln Glu Leu Asn Arg Ser Leu Tyr Pro
1 5 10 15

His Ile Glu Pro Tyr Ser Ser Gly Phe Leu Lys Val Ser Asp Ile His
20 25 30

Thr Leu Tyr Trp Glu Gln Ser Gly Asn Pro Asn Gly His Pro Val Val
35 40 45

Phe Leu His Gly Gly Pro Gly Ala Gly Thr Ser Ala Ser Asn Arg Arg
50 55 60

Phe Phe Asp Pro Glu Phe Tyr Arg Ile Ile Leu Phe Asp Gln Arg Gly
65 70 75 80

Ser Gly Lys Ser Thr Pro His Ala Cys Leu Glu Asp Asn Thr Thr Trp
85 90 95

Asp Leu Val Asn Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu His Leu Glu Ile Pro
100 105 110

Glu Trp Gln Val Thr Gly Ile Ile Leu Arg Gly Ile Phe Leu Leu Arg
115 120 125

Lys Lys Glu Leu Asp Trp Phe Tyr Glu Gly Gly Ala Ala Ala Ile Phe
130 135 140

Pro Asp Ala Trp Glu Pro Phe Arg Asp Phe Ile Pro Glu Asn Glu Arg
145 150 155 160

Asn Asn Phe Ile Val Ala Tyr His Lys Arg Leu Asn Ser Asp Asp Asn
165 170 175

His Ile Gln Val Thr Ala Ala Lys Ile Trp Thr Thr Trp Glu Leu Met
180 185 190

Thr Ala His Leu Ile Gln Asn Glu Glu Asn Ile Lys Arg Gly Glu Asp
195 200 205

Asp Asp Phe Ser Leu Ala Phe Ala Arg Ile Glu Asn His Tyr Phe Val
210 215 220

```
Asn Lys Gly Phe Phe Pro Ser Asp Ser Tyr Leu Leu Asp Asn Val Asp
225                 230                 235                 240

Lys Ile Arg His Ile Ser Thr Val Ile Val Gln Gly Arg Tyr Asp Val
                245                 250                 255

Cys Cys Pro Met Met Ser Ala Trp Asp Leu His Lys Ala Trp Pro Glu
            260                 265                 270

Ala Glu Leu Lys Val Val Pro Asp Ala Gly His Ser Ala Asn Glu Ile
        275                 280                 285

Gly Ile Ala Ala Glu Leu Val Ala Ala Asn Glu Lys Phe Lys Asn Ile
    290                 295                 300

Leu Lys Ser Gly Gly Phe Lys Met
305                 310
```

<210> 28
<211> 289
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 28

```
Met Ala Ser Ser Gly Pro Asp His Leu Phe Asn Leu Arg Asn Ser Phe
1               5                   10                  15

Tyr Leu Gly Ala Tyr Gln Asp Ala Ile Asn Lys Ser Asp Ile Pro Asn
            20                  25                  30

Leu Ser Gly Asp Asp Ala Val Glu Arg Asp Ser Ile Val Tyr Arg Ser
        35                  40                  45

Tyr Ile Ala Leu Gly Ser Tyr Gln Leu Val Ile Asn Glu Ile Asp Ser
    50                  55                  60

Ser Ala Pro Thr Ala Leu Gln Ala Val Lys Leu Leu Ala Leu Tyr Leu
65                  70                  75                  80

Ala Gly Asp Lys Glu Ser Ala Ile Ala Ser Leu Gln Glu Trp Leu Asn
                85                  90                  95

Asp Ala Ala Ile Gly Asn Asn His Val Leu Arg Leu Ile Ala Gly Ile
            100                 105                 110

Ile Tyr Met His Glu Gln Asn Tyr Val Glu Ala Leu Lys His Thr Asn
        115                 120                 125
```

Ser Gly Gly Thr Met Glu Leu His Ala Leu Asn Val Gln Ile Tyr Leu
130 135 140

Lys Met His Arg Ser Asp Tyr Ala Glu Lys Gln Leu Lys Ile Met Leu
145 150 155 160

Gln Ile Asp Glu Asp His Thr Leu Thr Gln Leu Ala Asn Ala Trp Val
165 170 175

Asn Leu Ala Val Gly Gly Ser Lys Ile Gln Glu Ala Tyr Leu Ile Tyr
180 185 190

Gln Asp Phe Ser Glu Lys Asn Gln Met Thr Pro Leu Ile Leu Asn Gly
195 200 205

Lys Ala Val Cys Cys Leu His Met Gly Arg Phe Asp Glu Ala Glu Ser
210 215 220

Leu Leu Leu Asp Ala Leu Asn Lys Asp Ala Lys Asp Ala Glu Thr Leu
225 230 235 240

Ala Asn Leu Val Val Cys Ser Leu His Leu Gly Lys Ser Ala Ala Arg
245 250 255

Tyr Leu Asn Gln Leu Lys Leu Ser His Pro Asp His Met Leu Val Gln
260 265 270

Arg Ala Ser Ser Ala Glu Asp Ser Phe Glu Arg Ala Val Gln Ser Ile
275 280 285

Ala

<210> 29
<211> 224
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (48)..(49)

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<220>
<221> NON_CONS
<222> (56)..(57)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (85)..(86)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (106)..(107)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (143)..(144)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (155)..(156)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (168)..(169)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (173)..(174)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(193)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (199)..(200)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (210)..(211)

<220>
<221> NON_TER
<222> (224)..(224)

<400> 29

Glu Arg Gln Glu Ile Asp Arg Ser Ala Met Val Gly Ala Leu Ala Ser
1 5 10 15

Ala Ser Thr Gly Val Met Asn Ser Val Ile Ala Lys Leu Ser Lys Leu
20 25 30

Leu Glu Asp Glu Tyr Ala Lys Ala His Val Val Glu Glu Ser Lys Arg
35 40 45

Leu Arg Asp Thr Leu Gln Asp Lys Tyr Leu Val Val Ile Asp Asp Val

50 55 60

Trp Ala Thr Glu Ala Trp Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Leu Ser Asn
65 70 75 80

Asn Cys Asp Ser Arg Cys Ser Tyr His Gly Gly Tyr Val Tyr His Met
85 90 95

Glu Pro Leu Ser Phe Val Asp Ser Lys Arg Val Leu Ala Ala Ile Gly
100 105 110

Ser Ala Leu Ala Lys Asp Pro Asn Ala Gly Asn Met Arg Arg Ser Leu
115 120 125

Ile Gln Pro Val Asp Val Gln Tyr Gly Lys Pro Val Ala Cys Arg Glu
130 135 140

Asn Val Ile Met Ala Thr Asn Leu Ser Leu Lys Met Gln Ser Leu Glu
145 150 155 160

Glu Leu Gln Thr Phe Asp Ile Phe Thr Tyr Ser Ser Arg Trp Met Asn
165 170 175

Met Leu Ala Cys Leu Thr Glu Leu Asp Leu Thr Leu Cys Ser Thr Lys
180 185 190

Leu Gln His Leu Met Ile Lys Cys Leu Asn Gly Ala Ser Asp Leu Gly
195 200 205

Ile Arg Ser Val Asn Tyr Glu Ile Glu Val Asn Leu Gly Glu Val Arg
210 215 220

<210> 30
<211> 176
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (46)..(47)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (66)..(67)

<220>
<221> NON_CONS

<222> (82)..(83)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (103)..(104)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (120)..(121)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (130)..(131)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (151)..(152)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (161)..(162)

<220>
<221> NON_TER
<222> (176)..(176)

<400> 30

Phe Gln Lys Asp Met Ser Phe Arg Phe Val Thr Pro Ala Tyr Gly Cys
1 5 10 15

Thr Gln Ile Gly Lys Asn Asp Ser Leu Lys Asp Val Leu Met Trp Gly
20 25 30

Glu Gly Val Glu Gly Gly Asn Ile Gly Gly Met Val Gln Arg Val Asn
35 40 45

Met Asp Val Gly Met Pro Lys Val Val Glu Ser Leu Asp Asp Val His
50 55 60

Ile Lys Phe Asn Ala Val Gly Gly Lys Leu Phe Thr Trp Gly Asp Gly
65 70 75 80

Asp Lys Ser Ile Ser Val Thr Asp Gln Ser Ser Cys Ser Gly Cys Arg
85 90 95

Met Pro Phe Gly Leu Thr Arg His Asn Cys Tyr Asn Cys Gly Leu Leu
100 105 110

Phe Cys His Ser Cys Ser Ser Lys Met Ser Lys Pro Gly Thr His Gly
115 120 125

Ser Lys Asp Gln Gly Glu His Gln His His Val Glu Thr Val Ser Ser
130 135 140

Leu Ser Ala Gly Leu Pro Arg Ala Met Ser Glu Lys Ile Ser Ala Gly
145 150 155 160

Arg Gly Gly Val Glu Leu Ser Val Ser Gln Asn Thr Pro Ala Tyr Lys
165 170 175

<210> 31
<211> 307
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 31

Met Ala Ala Ala Ser Ser Leu Val Pro Gln Phe Ser Gly Leu Ala Val
1 5 10 15

Ala Arg Glu Arg Ala Pro Ser Leu Ser Ser Ile Leu Phe Phe His Asp
20 25 30

Ala Ser Ser Gln Arg Arg Pro Phe Ser Thr Arg Arg Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Val Val Ala Met Ala Gly Thr Gly Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp
50 55 60

Lys Cys Asn Gly Met Lys Asp Ser Ile Ser Lys Leu Val Ala Asp Leu
65 70 75 80

Asn Asp Ala Lys Met Glu Asn Asp Val Asp Val Ala Val Ala Pro Pro
85 90 95

Phe Ile Tyr Ile Asp Gln Val Asn Asn Ser Leu Thr Asp Arg Ile Asp
100 105 110

Ile Ser Ala Gln Asn Cys Trp Val Gly Lys Gly Gly Ala Phe Thr Gly
115 120 125

Glu Ile Ser Ala Glu Gln Leu Ile Asp Met Gly Cys Lys Trp Val Ile
130 135 140

Leu Gly His Ser Glu Arg Arg His Ile Ile Gly Glu Asp Asp Gln Phe
145 150 155 160

Ile Gly Lys Lys Ala Ala Tyr Ala Leu Ser Gln Asn Leu Lys Val Ile
165 170 175

Ala Cys Ile Gly Glu Lys Leu Glu Glu Arg Glu Ala Gly Lys Thr Phe
180 185 190

Val Cys Phe Gln Gln Met Gln Ala Phe Ala Asp Ser Ile Thr Ser
195 200 205

Glu Asn Val Val Ile Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr
210 215 220

Lys Val Ala Thr Pro Glu Gln Ala Gln Glu Val His Val Ala Val
225 230 235 240

Asp Trp Leu Lys Lys Asn Ile Ser Ala Glu Val Ala Ser Ser Thr
245 250 255

Ile Ile Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Ser Asn Cys Ser Glu Leu
260 265 270

Lys Gln Glu Asp Ile Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu
275 280 285

Gly Pro Glu Phe Ala Thr Ile Val Asn Ser Val Thr Ser Lys Lys
290 295 300

Ala Val
305

10> 32
11> 621
12> PRT
13> Elaeis guineensis

00> 32

Ala Tyr Gly Asp Arg Leu Thr Thr Phe Glu Asp Ser Glu Lys Glu
5 10 15

Glu Tyr Gly Tyr Val Arg Lys Val Ser Gly Pro Val Val Val Ala
20 25 30

Gly Met Gly Gly Ala Ala Met Tyr Glu Leu Val Arg Val Gly His
35 40 45

Asn Leu Ile Gly Glu Ile Ile Arg Leu Glu Gly Asp Ser Ala Thr
50 55 60

Gln Val Tyr Glu Glu Thr Ala Gly Leu Met Val Asn Asp Pro Val
70 75 80

Arg Thr His Lys Pro Leu Ser Val Glu Leu Gly Pro Gly Ile Leu
85 90 95

Glu Val Cys Phe Gln Gln Met Gln Ala Phe Ala Asp Ser Ile Thr Ser
195 200 205

Trp Glu Asn Val Val Ile Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr
210 215 220

Gly Lys Val Ala Thr Pro Glu Gln Ala Gln Glu Val His Val Ala Val
225 230 235 240

Arg Asp Trp Leu Lys Lys Asn Ile Ser Ala Glu Val Ala Ser Ser Thr
245 250 255

Arg Ile Ile Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Ser Asn Cys Ser Glu Leu
260 265 270

Ala Lys Gln Glu Asp Ile Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu
275 280 285

Lys Gly Pro Glu Phe Ala Thr Ile Val Asn Ser Val Thr Ser Lys Lys
290 295 300

Val Ala Val
305

<210> 32
<211> 621
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 32

Met Ala Tyr Gly Asp Arg Leu Thr Thr Phe Glu Asp Ser Glu Lys Glu
1 5 10 15

Ser Glu Tyr Gly Tyr Val Arg Lys Val Ser Gly Pro Val Val Val Ala
20 25 30

Asp Gly Met Gly Gly Ala Ala Met Tyr Glu Leu Val Arg Val Gly His
35 40 45

Asp Asn Leu Ile Gly Glu Ile Ile Arg Leu Glu Gly Asp Ser Ala Thr
50 55 60

Ile Gln Val Tyr Glu Glu Thr Ala Gly Leu Met Val Asn Asp Pro Val
65 70 75 80

Leu Arg Thr His Lys Pro Leu Ser Val Glu Leu Gly Pro Gly Ile Leu
85 90 95

Gly Asn Ile Phe Asp Gly Ile Gln Arg Pro Leu Lys Thr Ile Ala Leu
100 105 110

Lys Ser Gly Asp Val Tyr Ile Pro Arg Gly Val Ser Val Pro Ala Leu
115 120 125

Asp Lys Asp Thr Leu Trp Glu Phe Glu Pro Lys Lys Leu Ala Ala Gly
130 135 140

Asp Leu Leu Thr Gly Gly Asp Leu Tyr Ala Thr Val Phe Glu Asn Thr
145 150 155 160

Leu Met Gln His His Val Ala Leu Pro Pro Gly Ser Met Gly Lys Ile
165 170 175

Thr Tyr Ile Ala Pro Ala Gly Gln Tyr Ser Leu Lys Asp Thr Val Leu
180 185 190

Glu Leu Glu Phe Gln Gly Val Lys Lys Gln Phe Thr Met Leu Gln Thr
195 200 205

Trp Pro Val Arg Thr Pro Arg Pro Val Ala Ala Lys Leu Ala Ala Asp
210 215 220

Thr Pro Leu Leu Thr Gly Gln Arg Val Leu Asp Ala Leu Phe Pro Ser
225 230 235 240

Val Leu Gly Gly Thr Cys Ala Ile Pro Gly Ala Phe Gly Cys Gly Lys
245 250 255

Thr Val Ile Ser Gln Ala Leu Ser Lys Tyr Ser Asn Ser Asp Thr Val
260 265 270

Val Tyr Val Gly Cys Gly Glu Arg Gly Asn Glu Met Ala Glu Val Leu
275 280 285

Met Asp Phe Pro Gln Leu Thr Met Thr Leu Pro Asp Gly Arg Glu Glu
290 295 300

Ser Val Met Lys Arg Thr Thr Leu Val Ala Asn Thr Ser Asn Met Pro
305 310 315 320

Val Ala Ala Arg Glu Ala Ser Ile Tyr Thr Gly Ile Thr Ile Ala Glu
325 330 335

Tyr Phe Arg Asp Met Gly Tyr Asn Val Ser Met Met Ala Asp Ser Thr
340 345 350

Ser Arg Trp Ala Glu Ala Leu Arg Glu Ile Ser Gly Arg Leu Ala Glu
355 360 365

Met Pro Ala Asp Ser Gly Tyr Pro Ala Tyr Leu Ala Ala Arg Leu Ala
370 375 380

Ser Phe Tyr Glu Arg Ala Gly Lys Val Lys Cys Leu Gly Gly Pro Asp
385 390 395 400

Arg Thr Gly Ser Val Thr Ile Val Gly Ala Val Ser Pro Pro Gly Gly
405 410 415

Asp Phe Ser Asp Pro Val Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Val Gln Val
420 425 430

Phe Trp Gly Leu Asp Lys Lys Leu Ala Gln Arg Lys His Phe Pro Ser
435 440 445

Val Asn Trp Leu Ile Ser Tyr Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Leu Glu Ser
450 455 460

Phe Tyr Glu Lys Phe Asp Pro Asp Phe Ile Asp Ile Arg Thr Lys Ala
465 470 475 480

Arg Glu Val Leu Gln Arg Glu Asp Asp Leu Asn Glu Ile Val Gln Leu
485 490 495

Val Gly Lys Asp Ala Leu Ala Glu Ser Asp Lys Ile Thr Leu Glu Thr
500 505 510

Ala Lys Leu Leu Arg Glu Asp Tyr Leu Ala Gln Asn Ala Phe Thr Pro
515 520 525

Tyr Asp Lys Phe Cys Pro Phe Tyr Lys Ser Val Trp Met Met Arg Asn
530 535 540

Ile Ile His Phe Asn Ala Leu Ala Asn Gln Ala Val Glu Arg Gly Ala
545 550 555 560

Gly Ser Asp Gly Gln Lys Ile Thr Tyr Ser Val Ile Lys His Arg Leu
565 570 575

Gly Asp Leu Phe Tyr Arg Leu Val Ser Gln Lys Phe Glu Asp Pro Ala
580 585 590

Glu Gly Glu Glu Val Leu Val Ala Lys Phe Lys Lys Leu Tyr Asp Asp

595 600 605

Leu Ser Ala Gly Phe Arg Asn Leu Glu Asp Glu Thr Arg
610 615 620

<210> 33
<211> 168
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 33

Met Ala Ala Leu Pro Leu Ala Thr Ala Glu Val Cys Asp Ala Asn Ala
1 5 10 15

His Leu Ile Gln Asn Gly Glu Leu Arg Ala Leu Gln Pro Ile Phe Gln
20 25 30

Ile Tyr Gly Arg Arg Gln Val Phe Ala Gly Pro Ile Val Thr Leu Lys
35 40 45

Val Phe Glu Asp Asn Val Leu Val Arg Glu Phe Leu Glu Glu Lys Gly
50 55 60

Asn Gly Arg Val Leu Val Val Asp Gly Gly Gly Ser Met Arg Cys Ala
65 70 75 80

Ile Leu Gly Gly Asn Pro Val Gln Gln Ala Gln Asn Asn Gly Trp Ala
85 90 95

Gly Ile Val Val Asn Gly Cys Ile Arg Asp Val Asp Glu Ile Asn Gly
100 105 110

Cys Asp Ile Gly Val Arg Ala Leu Ala Ser His Pro Met Lys Ala Asn
115 120 125

Lys Lys Gly Phe Gly Glu Lys His Val Pro Val Asn Ile Ala Gly Thr
130 135 140

Arg Ile Cys Asp Gly Glu Trp Leu Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Leu
145 150 155 160

Val Ser Arg Met Glu Leu Thr Val
165

<210> 34
<211> 192
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<220>
<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (57)..(58)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (75)..(76)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (86)..(87)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (134)..(135)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (148)..(149)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (166)..(167)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (179)..(180)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(192)

<400> 34

Met Thr Ile Asp Ser Glu Leu Leu Thr Asn Ile Ser His Arg Asp Val
1 5 10 15

Ala Arg Met Lys Ala Asp Leu Ala Thr Cys Lys Gln Glu Gly Met Thr
20 25 30

Met Glu Gly Tyr Tyr Gly Lys Ile Cys Ala Ser His His Met Thr Gly
35 40 45

Asn Leu Glu Leu Leu Ser Asp Met Arg Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Ala
50 55 60

```
Arg Tyr Phe Leu Thr Ile Val Asp Asp Tyr Ser Ser Asp Asn Gly Thr
65                  70                  75                  80

Glu Phe Leu Cys Met Arg Phe Gln Ser Tyr Leu Pro Ile Gln Phe Trp
                85                  90                  95

Gly Glu Cys Ile Leu Ser Ala Ala Tyr Leu Ile Asn Arg Thr Pro Ser
            100                 105                 110

Met Leu Leu Gln Gly Lys Ser Pro Tyr Glu Met Leu Tyr Lys Leu Phe
        115                 120                 125

Asp Leu Glu Glu Gln Lys Val Asn Gln Thr Phe Ser Ile Val Asn Leu
    130                 135                 140

Pro Pro Gly Lys Glu Glu Val Tyr Met Lys Leu Pro Gln Gly Phe Gln
145                 150                 155                 160

Cys Asp Asp Pro Ser Lys Ala Met Ala Phe Leu Thr Gln Glu Leu Met
                165                 170                 175

Trp Leu Lys Gln Leu Ala Asp Ile Leu Thr Lys Ala Leu Gly Glu Lys
            180                 185                 190

<210>  35
<211>  321
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis

<400>  35

Met Thr Val Lys Leu Ser Lys Ser Glu Lys Lys Ile Glu Tyr Asp Lys
1               5                   10                  15

Lys Leu Cys Arg Leu Leu Asp Glu Tyr Ser Gln Val Leu Ile Ala Ala
            20                  25                  30

Ala Asp Asn Val Gly Ser Asn Gln Leu Gln Asn Ile Arg Lys Gly Leu
        35                  40                  45

Arg Gly Asp Ser Val Val Leu Met Gly Lys Asn Thr Leu Ile Arg Arg
    50                  55                  60

Cys Ile Lys Ile His Ala Glu Lys Thr Gly Asn Lys Asp Tyr Leu Asn
65                  70                  75                  80

Leu Leu Pro Leu Leu Val Gly Asn Val Gly Leu Ile Phe Thr Lys Gly
                85                  90                  95
```

Asp Leu Lys Glu Val Arg Glu Glu Val Ala Lys Tyr Lys Val Gly Ala
100 105 110

Pro Ala Arg Val Gly Leu Val Ala Pro Ile Asp Val Val Val Pro Pro
115 120 125

Gly Asn Thr Gly Leu Asp Pro Ser Gln Thr Ser Phe Phe Gln Val Leu
130 135 140

Asn Ile Pro Thr Lys Ile Asn Lys Gly Thr Val Glu Ile Ile Thr Pro
145 150 155 160

Val Glu Leu Ile Arg Lys Gly Asp Lys Val Gly Ser Ser Glu Ala Ala
165 170 175

Leu Leu Ala Lys Leu Gly Ile Arg Pro Phe Ser Tyr Gly Leu Val Ile
180 185 190

Gln Ala Val Tyr Asp Asn Gly Ser Val Phe Ser Pro Glu Val Leu Asp
195 200 205

Leu Thr Glu Asp Asp Leu Val Glu Lys Phe Ala Ala Gly Val Ser Met
210 215 220

Val Thr Ser Leu Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Pro Thr Leu Val Ala Ala
225 230 235 240

Pro His Met Phe Ile Asn Ala Tyr Lys Asn Val Leu Ala Val Ala Ile
245 250 255

Ala Thr Glu Tyr Thr Phe Glu Gln Ala Glu Lys Val Lys Glu Tyr Leu
260 265 270

Lys Asp Pro Ser Lys Phe Ala Val Ala Val Pro Val Glu Ala Ala Ala
275 280 285

Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ala Ala Ala Lys Glu Glu Glu Lys Lys
290 295 300

Glu Glu Pro Ala Glu Glu Ser Asp Glu Asp Met Gly Phe Ser Leu Phe
305 310 315 320

Asp

<210> 36
<211> 176
<212> PRT

<213> Elaeis guineensis

<400> 36

Met Ile Lys Thr Ala Val Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val
1 5 10 15

Asn Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys
20 25 30

Pro Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Leu Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu
35 40 45

Cys Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Lys Gly Lys
50 55 60

Ile Ile Asn Met Thr Ser Val Ile Gly Leu Thr Gly Asn Ile Gly Gln
65 70 75 80

Ala Asn Tyr Ser Ala Ala Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr
85 90 95

Val Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala
100 105 110

Pro Gly Phe Ile Ala Ser Asp Met Thr Ala Lys Leu Gly Ala Asp Ile
115 120 125

Glu Thr Lys Phe Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Phe Gly Gln Pro
130 135 140

Glu Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala
145 150 155 160

Asn Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Leu Val Met
165 170 175

<210> 37
<211> 188
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 37

Met Ala Thr Thr Ser Thr Lys Glu Met Thr Val Val Lys Gly Leu Asp
1 5 10 15

Val Glu Arg Tyr Met Gly Arg Trp Tyr Glu Ile Ala Ser Phe Pro Ser
20 25 30

Phe Phe Gln Pro Lys Asn Gly Glu Asn Thr Arg Ala Thr Tyr Thr Leu
35 40 45

Asn Ser Asp Gly Thr Val His Val Leu Asn Glu Thr Trp Ser Asp Gly
50 55 60

Lys Arg Asp Ala Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Lys Ala Asn Pro Asn Ser
65 70 75 80

Asp Glu Ala Lys Leu Lys Val Lys Phe Tyr Val Pro Pro Phe Phe Pro
85 90 95

Ile Ile Pro Val Thr Gly Asp Tyr Trp Val Leu Tyr Ile Asp Asp Asp
100 105 110

Tyr Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Gln Pro Ser Arg Lys Tyr Leu Trp Ile
115 120 125

Leu Cys Arg Gln Thr His Met Asp Asp Glu Val Tyr Asn Leu Leu Leu
130 135 140

Glu Lys Ala Lys Glu Glu Gly Tyr Asp Val Lys Lys Leu His Lys Thr
145 150 155 160

Pro Gln Ala Asp Pro Pro Pro Glu Ala Glu Ala Gly Pro Lys Asp Thr
165 170 175

Lys Gly Ile Trp Trp Ile Lys Ser Leu Phe Gly Lys
180 185

<210> 38
<211> 319
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 38

Met Ala Ala Ser Ile Ala Phe Asn Pro His Val Ile Pro Ala Arg Ser
1 5 10 15

Ala Ala Pro Arg Arg Val Ala Pro Leu Gln Thr Leu Ser Ala Ala Pro
20 25 30

Arg Leu Ala Ala Arg Ser Leu Cys Phe Lys Ser Ser Leu Arg Ser Asp
35 40 45

Gly Thr Ala Ala Phe Ser Gly Val Arg Thr Gln Ala Ala Val Val Glu
50 55 60

```
Gln Ala Ser Ile Glu Gln Ala Gln Asn Val Glu Ala Pro Val Ala Ile
65                  70                  75                  80

Val Thr Gly Gly Ser Arg Gly Ile Gly Lys Ala Ile Ala Leu Ala Leu
                85                  90                  95

Gly Lys Ala Gly Cys Lys Val Leu Ile Asn Tyr Ala Thr Ser Thr Glu
            100                 105                 110

Glu Ala Glu Glu Val Ser Lys Glu Ile Glu Ala Ser Gly Gly Gln Ala
        115                 120                 125

Ile Ile Phe Phe Gly Asp Ile Ser Lys Glu Asp Asp Val Glu Ser Met
    130                 135                 140

Ile Lys Ile Ala Ala Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val Asn
145                 150                 155                 160

Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys Ser
                165                 170                 175

Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Val Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu Cys
            180                 185                 190

Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Lys Gly Lys Ile
        195                 200                 205

Ile Asn Ile Ala Ser Val Val Gly Leu Thr Gly Asn Ala Gly Gln Ala
    210                 215                 220

Asn Tyr Ser Ala Ser Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr Val
225                 230                 235                 240

Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala Pro
                245                 250                 255

Gly Phe Ile Ala Ser Pro Met Thr Ala Gln Leu Gly Glu Asp Val Glu
            260                 265                 270

Lys Lys Ile Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Tyr Gly Gln Pro Glu
        275                 280                 285

Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala Asp
    290                 295                 300

Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Met Val Met
305                 310                 315
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<210> 39
<211> 155
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 39

Met Ser Leu Ile Pro Arg Gly Trp Gly Phe Gly Ser Ser Ile Phe Asp
1 5 10 15

Pro Trp Asp Ser Phe Glu Gly Phe Pro Phe Asn Ser Ser Leu Ser Ser
20 25 30

Phe Pro Arg Pro Ser Phe Pro Ser Glu Ser Ser Ala Phe Ala Asn Ala
35 40 45

Arg Ile Asp Trp Lys Glu Thr Pro Glu Ala His Val Phe Lys Ala Asp
50 55 60

Leu Pro Gly Leu Lys Lys Glu Glu Val Lys Val Glu Val Glu Glu Gly
65 70 75 80

Asn Val Leu Gln Ile Ser Gly Glu Arg Ser Arg Glu Gln Glu Glu Lys
85 90 95

Thr Asp Thr Trp His Arg Val Glu Arg Ser Ser Gly Lys Phe Leu Arg
100 105 110

Arg Phe Arg Leu Pro Glu Asn Ala Lys Met Asp Arg Val Lys Ala Ala
115 120 125

Met Glu Asn Gly Val Leu Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Glu Val Lys
130 135 140

Lys Leu Glu Val Arg Ser Ile Glu Ile Ser Gly
145 150 155

<210> 40
<211> 667
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 40

Met Glu Phe Tyr Thr Thr Cys Leu Pro Arg Ser Ser Met Ser Tyr Cys
1 5 10 15

Ala His Pro Arg Leu Ser Pro Pro Val Pro Arg Ser Lys Gln Phe Leu
20 25 30

```
Ser Phe Arg Ile Lys Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Val Pro Ala Pro
        35                  40                  45

Pro Ala Thr Thr Pro Ser Ser Ser Arg Asn Gly Asn Ile Thr Thr Lys
    50                  55                  60

Ser Leu Thr Glu Lys Leu Ser Ser Ala Met Asp Gln Leu Asp Ile Glu
65                  70                  75                  80

Arg Gly Val Cys Ile Pro Phe Arg Lys Tyr Thr Pro Glu Thr Val Arg
                85                  90                  95

Asn Lys Val Leu Glu Ser Arg Gly Ala Ile Leu Ser Leu Ile Gly Arg
            100                 105                 110

Gly Val Glu Ile Val Trp Asn Leu Gly Leu Tyr Trp Ser Ala Leu Thr
        115                 120                 125

Tyr Asp Cys Leu Val Gly Arg Asp Glu Glu Val Val Pro Tyr Arg Ala
    130                 135                 140

Arg Gln Leu Arg Asn Leu Leu Cys Asn Leu Gly Pro Ser Phe Ile Lys
145                 150                 155                 160

Ala Gly Gln Val Leu Ala Asn Arg Pro Asp Ile Ile Arg Glu Asp Tyr
                165                 170                 175

Met Asn Glu Leu Cys Ile Leu Gln Asp Asp Val Pro Pro Phe Pro Asn
            180                 185                 190

Gln Glu Ala Phe Ser Ile Ile Glu Glu Glu Leu Gly Gln Pro Leu Glu
        195                 200                 205

Lys Val Phe Ser Arg Ile Ser Ser Glu Thr Ile Ala Ala Ala Ser Leu
    210                 215                 220

Gly Gln Val Tyr Arg Ala Thr Leu Arg Glu Thr Arg Glu Asp Val Ala
225                 230                 235                 240

Ile Lys Val Gln Arg Pro Gly Ile Glu Pro Ile Ile Tyr Arg Asp Leu
                245                 250                 255

Phe Leu Phe Arg Thr Leu Ala Ser Phe Leu Asn Gly Ile Ser Leu Gln
            260                 265                 270

Lys Leu Gly Cys Asn Ala Glu Leu Ile Val Asp Glu Phe Gly Glu Lys
        275                 280                 285
```

```
Leu Leu Glu Glu Leu Asp Tyr Thr Leu Glu Ala Arg Asn Ile Glu Asp
    290                 295                 300

Phe Leu Glu Asn Phe Lys Asn Asp Pro Thr Val Lys Ile Pro Arg Val
305                 310                 315                 320

Tyr Lys Gln Leu Ser Gly Arg Arg Val Leu Val Met Glu Trp Ile Asp
                325                 330                 335

Gly Ile Arg Cys Thr Asp Pro Glu Ala Val Lys Glu Ala Gly Ile Asp
            340                 345                 350

Val Asn Gly Phe Leu Thr Val Gly Val Ser Ala Ala Leu Arg Gln Leu
        355                 360                 365

Leu Glu Phe Gly Leu Phe His Gly Asp Pro His Pro Gly Asn Ile Phe
    370                 375                 380

Ala Met Arg Asp Gly Arg Ile Ala Tyr Val Asp Phe Gly Asn Val Ala
385                 390                 395                 400

Val Leu Ser Gln Gln Asn Lys Gln Ile Leu Ile Asp Ala Val Val His
                405                 410                 415

Ala Val Asn Glu Asp Tyr Ala Glu Met Ala Asn Asp Phe Thr Arg Leu
            420                 425                 430

Gly Phe Leu Ala Ser Gly Thr Asp Val Ser Pro Ile Ile Pro Ala Leu
        435                 440                 445

Glu Ala Ile Trp Gln Asn Ser Ala Gly Lys Gly Leu Ala Asp Phe Asn
    450                 455                 460

Phe Arg Ser Val Thr Gly Lys Phe Asn Gln Leu Val Tyr Asn Tyr Pro
465                 470                 475                 480

Ile Arg Ile Pro Glu Arg Phe Ser Leu Val Ile Arg Ser Leu Leu Thr
                485                 490                 495

Gln Glu Gly Ile Cys Phe Thr Leu Lys Pro Asp Phe Lys Phe Leu Glu
            500                 505                 510

Val Ala Tyr Pro Tyr Ile Ala Lys Arg Leu Leu Thr Asp Pro Asn Pro
        515                 520                 525

Ala Leu Arg Glu Arg Leu Ile Gln Val Leu Phe Lys Asp Gly Leu Phe
    530                 535                 540
```

```
Gln Trp Lys Arg Leu Glu Asn Leu Ile Val Leu Ala Lys Glu Asn Val
545                 550                 555                 560

Ala Lys Met Asn Gln Asn Pro Ala Leu Gln Val Thr Asn Thr Gln Asn
                565                 570                 575

Ser Arg Asn Trp Gln Val Glu Lys Lys Leu Asp Leu Thr Glu Thr Ile
            580                 585                 590

Lys Asp Gly Ala Arg Met Phe Leu Ile Asp Ala Gly Ile Arg Arg Gln
        595                 600                 605

Leu Ile Met Ala Leu Thr Glu Asp Ser Lys Leu His Ile Gln Glu Leu
    610                 615                 620

Val Asp Val Tyr Arg Leu Val Glu Asp Asp Val Asp Ile Pro Ala Val
625                 630                 635                 640

Ala Phe Glu Val Leu Gln Asp Leu Pro Ser Val Thr Arg Asp Leu Met
                645                 650                 655

Leu Ser Trp Ser Glu Ala Val Leu Ser Asp Arg
            660                 665


<210>  41
<211>  170
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis

<400>  41

Met Ala Gly Asn Ser Ser Gln Ala Thr Gln Thr Val His Asp Phe Thr
1               5                   10                  15

Val Lys Asp Ala Arg Gly Asn Asp Val Asn Leu Gly Thr Tyr Lys Gly
            20                  25                  30

Lys Val Leu Leu Ile Val Asn Val Ala Ser Gln Cys Gly Leu Thr Asn
        35                  40                  45

Ser Asn Tyr Thr Glu Leu Thr Ala Leu Tyr Glu Lys Tyr Lys Asp Lys
    50                  55                  60

Gly Leu Glu Ile Leu Ala Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly Ala Gln Glu
65                  70                  75                  80

Pro Gly Ser Asn Glu Gln Ile Leu Glu Phe Ala Cys Thr Arg Phe Lys
                85                  90                  95
```

```
Ala Glu Tyr Pro Ile Phe Asp Lys Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala
            100                 105                 110

Ala Pro Ile Tyr Lys Phe Leu Lys Ser Ser Lys Gly Gly Leu Phe Gly
        115                 120                 125

Glu Ser Ile Lys Trp Asn Phe Ser Lys Phe Leu Val Asp Lys Glu Gly
    130                 135                 140

His Val Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser Ile Glu
145                 150                 155                 160

Lys Asp Val Lys Lys Leu Leu Gly Leu Asn
                165                 170

<210>  42
<211>  37
<212>  PRT
<213>  Elaeis guineensis

<220>
<221>  NON_TER
<222>  (1)..(1)

<220>
<221>  NON_CONS
<222>  (7)..(8)

<220>
<221>  NON_CONS
<222>  (19)..(20)

<220>
<221>  NON_CONS
<222>  (28)..(29)

<220>
<221>  NON_TER
<222>  (37)..(37)

<400>  42

Gly Ile Glu Tyr Glu Tyr Lys Ser Ser Leu Leu Leu Glu Met Asn Pro
1               5                   10                  15

Val His Lys Phe Trp Ala Asp Phe Val Asp Lys Lys Gly Glu Glu Gln
            20                  25                  30

Glu Thr Ala Lys Lys
        35

<210>  43
```

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

<211> 216
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 43

Met Gly Val Lys Val Tyr Gly Pro Thr Met Ser Thr Cys Thr Ala Arg
1 5 10 15

Val Leu Leu Cys Leu Glu Glu Val Gly Ala Glu Tyr Glu Leu Val Pro
20 25 30

Ile Asn Leu Ser Thr Gly Glu His Lys Gln Pro Ala His Leu Ala Arg
35 40 45

Asn Pro Phe Gly Gln Val Pro Ala Phe Glu Asp Gly Ala Leu Met Leu
50 55 60

His Glu Ser Arg Ala Ile Ala Arg Tyr Val Ser Arg Lys Tyr Lys Ser
65 70 75 80

Ser Gly Ala Asp Leu Leu Lys Glu Gly Gly Leu Glu Glu Ser Ala Met
85 90 95

Val Asp Val Trp Leu Glu Val Glu Ser His Gln Phe Asp Pro Ala Ile
100 105 110

Gly Pro Ile Phe Phe Gln Ser Phe Ile Val Pro Met Ile Gly Gly Val
115 120 125

Pro Asp Gln Thr Val Ile Asn Thr Asn Leu Glu Lys Leu Cys Lys Val
130 135 140

Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Lys Thr Lys Tyr Leu Ala Gly
145 150 155 160

Asp Phe Phe Ser Leu Ala Asp Leu Ser His Val Pro Leu Leu Tyr Tyr
165 170 175

Phe Met Gly Ser Pro His Ala Ser Val Val Asn Ser Arg Pro His Val
180 185 190

Lys Ala Trp Trp Glu Ala Val Ser Ser Arg Pro Ala Cys Lys Lys Val
195 200 205

Thr Ser Ala Met Pro Gly Ser Ala
210 215

<210> 44

<211> 813
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 44

Met Ala Gln Ile Leu Leu His Gly Thr Leu His Val Thr Ile Phe Glu
1 5 10 15

Ala Asn Ser Leu Ser Asn Pro Asn Arg Ala Ser Gly Gly Ala Pro Lys
20 25 30

Phe Ile Arg Gln Leu Val Glu Gly Ile Glu Asp Thr Ile Gly Leu Gly
35 40 45

Lys Gly Ser Ser Lys Leu Tyr Ala Thr Ile Asp Leu Glu Lys Ala Arg
50 55 60

Val Gly Arg Thr Arg Leu Ile Thr Lys Glu Pro Val Asn Pro Arg Trp
65 70 75 80

Tyr Glu Ser Phe His Ile Tyr Cys Ala His Met Ser Ala Asn Val Ile
85 90 95

Phe Thr Val Lys Phe Asp Asn Pro Ile Gly Ala Ser Leu Ile Gly Arg
100 105 110

Ala Tyr Leu Pro Val Thr Glu Ile Leu Asn Gly Glu Glu Val Asp Arg
115 120 125

Trp Ile Glu Ile Cys Asp Glu Asp Arg Asn Pro Leu Asp Gly Gly Ala
130 135 140

Arg Ile His Val Lys Val Gln Tyr Phe Asp Ile Ser Lys Asp Arg Asn
145 150 155 160

Trp Ala Arg Gly Ile Arg Ser Ala Lys Tyr Pro Gly Val Pro Tyr Thr
165 170 175

Phe Phe Ser Gln Arg Gln Gly Cys Lys Val Thr Leu Tyr Gln Asp Ala
180 185 190

His Val Pro Asp Asn Phe Ile Pro Lys Ile Pro Leu Ala Asp Gly Lys
195 200 205

Tyr Tyr Glu Pro His Arg Cys Trp Glu Asp Ile Phe Asp Ala Ile Ser
210 215 220

Asn Ala Gln His Leu Ile Tyr Ile Thr Gly Trp Ser Val Tyr Thr Glu

225 230 235 240

Ile Thr Leu Val Arg Asp Ala Lys Arg Gln Lys Pro Gly Gly Asp Val
245 250 255

Thr Leu Gly Glu Leu Leu Lys Arg Lys Ala Ser Glu Gly Val Arg Val
260 265 270

Leu Met Leu Val Trp Asp Asp Arg Thr Ser Val Gly Leu Leu Lys Lys
275 280 285

Asp Gly Leu Met Ala Thr His Asp Glu Glu Thr Ala Asn Tyr Phe Gln
290 295 300

Asp Thr Asp Val His Cys Val Leu Cys Pro Arg Asn Pro Asp Asp Gly
305 310 315 320

Gly Ser Phe Val Gln Asp Leu Gln Ile Ser Thr Met Phe Thr His His
325 330 335

Gln Lys Ile Val Val Val Asp His Glu Met Pro Asn Lys Ser Ser Gln
340 345 350

Gln Arg Arg Ile Val Ser Phe Val Gly Gly Ile Asp Leu Cys Asp Gly
355 360 365

Arg Tyr Asp Thr Gln Phe His Ser Leu Phe Arg Thr Leu Asp Thr Ala
370 375 380

His His Asp Asp Phe His Gln Pro Asn Phe Ala Asp Ala Ser Ile Lys
385 390 395 400

Lys Gly Gly Pro Arg Glu Pro Trp His Asp Ile His Ser Arg Leu Glu
405 410 415

Gly Pro Ile Ala Trp Asp Val Leu Tyr Asn Phe Glu Gln Arg Trp Arg
420 425 430

Lys Gln Gly Gly Lys Asp Leu Leu Val Gln Leu Arg Asp Leu Ala Asp
435 440 445

Ile Val Ile Pro Pro Ser Pro Val Met Phe Pro Glu Asp Arg Glu Thr
450 455 460

Trp Asn Val Gln Leu Phe Arg Ser Ile Asp Gly Gly Ala Ala Phe Gly
465 470 475 480

RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt

```
Phe Pro Glu Thr Pro Glu Asp Ala Ala Arg Ala Gly Leu Val Ser Gly
                485                 490                 495

Lys Asp Asn Ile Ile Asp Arg Ser Ile Gln Asp Ala Tyr Ile Asn Ala
            500                 505                 510

Ile Arg Arg Ala Lys Asn Phe Ile Tyr Ile Glu Asn Gln Tyr Phe Leu
        515                 520                 525

Gly Ser Ser Phe Gly Trp Arg Ala Asp Asp Ile Lys Pro Glu Glu Val
    530                 535                 540

Gly Ala Leu His Leu Ile Pro Lys Glu Leu Ser Leu Lys Ile Val Ser
545                 550                 555                 560

Lys Ile Glu Ala Gly Glu Arg Phe Thr Val Tyr Val Val Val Pro Met
                565                 570                 575

Trp Pro Glu Gly Val Pro Glu Ser Gly Ser Val Gln Ala Ile Leu Asp
            580                 585                 590

Trp Gln Arg Arg Thr Met Glu Met Met Tyr Thr Asp Ile Ile Leu Ala
        595                 600                 605

Leu Gln Ala Lys Gly Ile Glu Ala Asn Pro Lys Asp Tyr Leu Thr Phe
    610                 615                 620

Phe Cys Leu Gly Asn Arg Glu Val Lys Lys Gly Gly Glu Tyr Glu Pro
625                 630                 635                 640

Glu Glu Gln Pro Glu Ala Asp Thr Asp Tyr Ser Arg Ala Gln Gln Ala
                645                 650                 655

Arg Arg Phe Met Ile Tyr Val His Thr Lys Met Met Ile Val Asp Asp
            660                 665                 670

Glu Tyr Ile Ile Ile Gly Ser Ala Asn Ile Asn Gln Arg Ser Met Asp
        675                 680                 685

Gly Ala Arg Asp Ser Glu Ile Ala Met Gly Ala Tyr Gln Pro Phe Tyr
    690                 695                 700

Leu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Arg Gly Arg Ile His Gly Phe Arg Met
705                 710                 715                 720

Ala Leu Trp Tyr Glu His Leu Gly Met Leu Asp Asp Ala Phe Leu His
                725                 730                 735
```

Pro Glu Ser Val Glu Cys Val Gln Lys Val Asn Arg Ile Ala Asp Lys
740 745 750

Tyr Trp Asp Leu Tyr Ser Ser Asp Asn Leu Asp Arg Asp Leu Pro Gly
755 760 765

His Leu Leu Ser Tyr Pro Ile Gly Val Ser Ser Asp Gly Val Ile Thr
770 775 780

Glu Leu Pro Gly Met Glu Phe Phe Pro Asp Thr Arg Ala Arg Val Leu
785 790 795 800

Gly Thr Lys Ala Asp Tyr Leu Pro Pro Ile Leu Thr Thr
805 810

<210> 45
<211> 92
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (37)..(38)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (58)..(59)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (71)..(72)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (83)..(84)

<220>
<221> NON_TER
<222> (92)..(92)

<400> 45

Leu Ser Leu Asp Ala Lys Ser Glu Ile Leu Pro Phe Leu Pro Cys Ile
1 5 10 15

```
Phe Asn Arg Phe Asp Ser Val Thr Lys Glu Ile Thr Asp Leu Gly Met
            20                  25                  30

Glu Ser Phe Ala Arg Leu Ser Cys Gly Ser Cys Thr Phe Gly Ala Lys
        35                  40                  45

Gly Ile Asn Ala Met Leu Glu His Cys Lys Leu Gln Val Thr Asp Ile
    50                  55                  60

Gly Leu Phe Gly Ile Ser Lys Arg Ile Gly Asp Gln Gly Leu Met Ser
65                  70                  75                  80

Val Ala Lys Asn Leu Val Ala Cys Thr Leu Arg Arg
                85                  90
```

Claims

1. A method for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising:

(i) determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant, wherein the protein is selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde-3-phosphate-dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog;

(ii) determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant; and

(iii) selecting progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant.

2. The method of claim 1, wherein the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase comprises SEQ ID NO: 1, the abscisic stress ripening protein comprises SEQ ID NO: 2, the actin 6 comprises SEQ ID NO: 3, the actin E comprises SEQ ID NO: 4, the biotin-carboxylase precursor comprises SEQ ID NO: 5, the caffeic acid O-methyltransferase comprises SEQ ID NO: 6, the catalase 2 comprises SEQ ID NO: 7, the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog comprises SEQ ID NO: 8, the fibrillin-like protein comprises SEQ ID NO: 9, the flavodoxin-like quinone reductase 1 comprises SEQ ID NO: 10, the fructose-bisphosphate aldolase comprises SEQ ID NO: 11, the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 12, the H0825G02.11 ortholog comprises SEQ ID NO: 13, the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase comprises SEQ ID NO: 14, the Lea1P comprises SEQ ID NO: 15, the methionine synthase protein comprises SEQ ID NO: 16, the mitochondrial peroxiredoxin comprises SEQ ID NO: 17, the Os02g0753300 ortholog comprises SEQ ID NO: 18, the Os05g0482700 ortholog comprises SEQ ID NO: 19, the Os12g0163700 ortholog comprises SEQ ID NO: 20, the OSJNBb0085F13.17 ortholog comprises SEQ ID NO: 21, the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog comprises SEQ ID NO: 22, the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog comprises SEQ ID NO: 23, the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog

comprises SEQ ID NO: 24, the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog comprises SEQ ID NO: 25, the nascent polypeptide associated complex alpha comprises SEQ ID NO: 26, the proline iminopeptidase comprises SEQ ID NO: 27, the protein transporter comprises SEQ ID NO: 28, the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog comprises SEQ ID NO: 29, the Ran GTPase binding protein comprises SEQ ID NO: 30, the chloroplastic triosephosphate isomerase comprises SEQ ID NO: 31, the V-type proton ATPase catalytic subunit A comprises SEQ ID NO: 32, the regulator of ribonuclease activity A comprises SEQ ID NO: 33, the retroelement pol polyprotein-like ortholog comprises ~~SEQ ID NO: 34, the ribosomal protein L10 comprises SEQ ID NO: 35, the short chain type~~ dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 36, the temperature-induced lipocalin comprises SEQ ID NO: 37, and the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog comprises SEQ ID NO: 38.

3. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

4. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the abscisic stress ripening protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the abscisic stress ripening protein in the

mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof.

5. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the actin 6 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

~~6. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the actin E in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.~~

7. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the biotin carboxylase precursor in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

8. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of caffeic acid O-methyltransferase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of caffeic acid O-methyltransferase in the

mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof.

9. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the catalase 2 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof.

10. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

11. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fibrillin-like protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

12. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is lower than the level of the flavodoxin-like quinone reductase 1

in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof.

13. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the fructose-bisphosphate aldolase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

14. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

15. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the H0825G02.11 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

16. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the

large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 17 to 19 weeks after pollination thereof.

17. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Lea1P in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

~~18. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the methionine~~ synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the methionine synthase protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

19. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the mitochondrial peroxiredoxin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof.

20. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the Os02g0753300 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os02g0753300 ortholog in the

mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

21. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the Os05g0482700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

22. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Os12g0163700 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

23. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the OSJNBb0085F13.17 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

24. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the

parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

25. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

26. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 17 weeks after pollination thereof.

27. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

28. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the nascent polypeptide associated complex alpha in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 19 weeks after pollination thereof.

29. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the proline iminopeptidase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof.

30. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the protein transporter in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

31. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

32. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is higher than the level of the Ran GTPase binding protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

33. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the chloroplastic triosephosphate isomerase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

34. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is lower than the level of the V-type proton ATPase catalytic subunit A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

35. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the regulator of ribonuclease activity A in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

36. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the retroelement pol polyprotein-like ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

37. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof is lower than the level of the ribosomal protein L10 in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

38. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 19 weeks after pollination thereof is higher than the level of the short chain type dehydrogenase in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 11 to 13 weeks after pollination thereof.

39. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the temperature-induced lipocalin in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

40. The method of claims 1 or 2, wherein the difference is that the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof is higher than the level of the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant 15 to 17 weeks after pollination thereof.

41. The method of claims 1 or 2, further comprising:

~~(i) determining the level of at least another of the proteins in the mesocarp tissue of the~~ fruit of the parental oil palm plant;

(ii) determining whether there is a difference between the level of the other protein in the mesocarp tissue of the fruit of the parental oil palm plant and the level of the other protein in the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant; and

(iii) selecting the progeny of the parental oil palm plant based also on the difference with respect to the levels of the other protein to obtain the high-yielding oil palm plant.

42. The method of claim 1 or 2, wherein the difference is determined by a technique selected from the group consisting of two-dimensional fluorescence difference gel electrophoresis, antibody-based detection, immunoblot detection, and dot-blot detection.

43. The method of any one of claims 1 to 42, wherein:

the parental oil palm plant is a *dura* breeding stock plant;

the progeny comprises an oil palm plant selected from the group consisting of a *dura* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant; and

the high-yielding oil palm plant is selected from the group consisting of a *dura* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant.

44. The method of any one of claims 1 to 42, wherein:

the parental oil palm plant is a *tenera* breeding stock plant;

the progeny comprises an oil palm plant selected from the group consisting of a *tenera* breeding stock plant, a *pisifera* breeding stock plant, and a *tenera* agricultural production plant; and

the high-yielding oil palm plant is selected from the group consisting of a *tenera* breeding stock plant and a *tenera* agricultural production plant.

45. A method for obtaining palm oil from a high-yielding oil palm plant comprising:

(i) obtaining the high-yielding oil palm plant by the method of any one of claims 1 to 44; and

(ii) isolating palm oil from a fruit of the high-yielding oil palm plant.

46. A method for predicting oil yield of a test oil palm plant comprising:

(i) determining the level of a protein in mesocarp tissue of a fruit of the test oil palm plant, wherein the protein is selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase

2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog;

(ii) determining whether there is a difference between the level of the protein in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant and the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant; and

(iii) predicting the oil yield of the test oil palm plant based on the difference.

47. The method of claim 46, wherein the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase comprises SEQ ID NO: 1, the abscisic stress ripening protein comprises SEQ ID NO: 2, the actin 6 comprises SEQ ID NO: 3, the actin E comprises SEQ ID NO: 4, the biotin carboxylase precursor comprises SEQ ID NO: 5, the caffeic acid O-

methyltransferase comprises SEQ ID NO: 6, the catalase 2 comprises SEQ ID NO: 7, the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog comprises SEQ ID NO: 8, the fibrillin-like protein comprises SEQ ID NO: 9, the flavodoxin-like quinone reductase 1 comprises SEQ ID NO: 10, the fructose-bisphosphate aldolase comprises SEQ ID NO: 11, the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 12, the H0825G02.11 ortholog comprises SEQ ID NO: 13, the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase comprises SEQ ID NO: 14, the Lea1P comprises SEQ ID NO: 15, the methionine synthase protein comprises SEQ ID NO: 16, the mitochondrial peroxiredoxin comprises SEQ ID NO: 17, the Os02g0753300 ortholog comprises SEQ ID NO: 18, the Os05g0482700 ortholog comprises SEQ ID NO: 19, the Os12g0163700 ortholog comprises SEQ ID NO: 20, the OSJNBb0085F13.17 ortholog comprises SEQ ID NO: 21, the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog comprises SEQ ID NO: 22, the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog comprises SEQ ID NO: 23, the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog comprises SEQ ID NO: 24, the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog comprises SEQ ID NO: 25, the nascent polypeptide associated complex alpha comprises SEQ ID NO: 26, the proline iminopeptidase comprises SEQ ID NO: 27, the protein transporter comprises SEQ ID NO: 28, the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog comprises SEQ ID NO: 29, the Ran GTPase binding protein comprises SEQ ID NO: 30, the chloroplastic triosephosphate isomerase comprises SEQ ID NO: 31, the V-type proton ATPase catalytic subunit A comprises SEQ ID NO: 32, the regulator of ribonuclease activity A comprises SEQ ID NO: 33, the retroelement pol polyprotein-like ortholog comprises SEQ ID NO: 34, the ribosomal protein L10 comprises SEQ ID NO: 35, the short chain type dehydrogenase comprises SEQ ID

NO: 36, the temperature-induced lipocalin comprises SEQ ID NO: 37, and the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog comprises SEQ ID NO: 38.

48. The method of claims 46 or 47, further comprising:

(i) determining the level of at least another of the proteins in the mesocarp tissue of the fruit of the test oil palm plant;

(ii) determining whether there is a difference between the level of the other protein in the mesocarp tissue of the test oil palm plant and the level of the other protein in the mesocarp tissue ~~of the fruit of the reference oil palm plant; and~~

(iii) predicting the oil yield of the test oil palm plant based also on the difference with respect to the levels of the other protein.

49. A kit for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising:

an antibody for detection of a protein selected from the group consisting of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, abscisic stress ripening protein, actin 6, actin E, biotin carboxylase precursor, caffeic acid O-methyltransferase, catalase 2, conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog, fibrillin-like protein, flavodoxin-like quinone reductase 1, fructose-bisphosphate aldolase, glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase, H0825G02.11 ortholog, large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, Lea1P, methionine synthase protein, mitochondrial peroxiredoxin, Os02g0753300 ortholog, Os05g0482700 ortholog, Os12g0163700 ortholog, OSJNBb0085F13.17 ortholog, predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog, predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog, predicted-protein-

of-Populus-trichocarpa ortholog, hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog, nascent polypeptide associated complex alpha, proline iminopeptidase, protein transporter, putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog, Ran GTPase binding protein, chloroplastic triosephosphate isomerase, V-type proton ATPase catalytic subunit A, regulator of ribonuclease activity A, retroelement pol polyprotein-like ortholog, ribosomal protein L10, short chain type dehydrogenase, temperature-induced lipocalin, and unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog; and

an extract of a mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm plant.

50. The kit of claim 49, wherein the 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase comprises SEQ ID NO: 1, the abscisic stress ripening protein comprises SEQ ID NO: 2, the actin 6 comprises SEQ ID NO: 3, the actin E comprises SEQ ID NO: 4, the biotin carboxylase precursor comprises SEQ ID NO: 5, the caffeic acid O-methyltransferase comprises SEQ ID NO: 6, the catalase 2 comprises SEQ ID NO: 7, the conserved-hypothetical-protein-of-Ricinus-communis ortholog comprises SEQ ID NO: 8, the fibrillin-like protein comprises SEQ ID NO: 9, the flavodoxin-like quinone reductase 1 comprises SEQ ID NO: 10, the fructose-bisphosphate aldolase comprises SEQ ID NO: 11, the glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 12, the H0825G02.11 ortholog comprises SEQ ID NO: 13, the large subunit of ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase comprises SEQ ID NO: 14, the Lea1P comprises SEQ ID NO: 15, the methionine synthase protein comprises SEQ ID NO: 16, the mitochondrial peroxiredoxin comprises SEQ ID NO: 17, the Os02g0753300 ortholog comprises SEQ ID NO: 18, the Os05g0482700 ortholog comprises SEQ ID NO: 19, the Os12g0163700 ortholog comprises SEQ ID NO: 20, the OSJNBb0085F13.17 ortholog comprises

SEQ ID NO: 21, the predicted-protein-of-Ostreococcus-lucimarinus-CCE9901 ortholog comprises SEQ ID NO: 22, the predicted-protein-of-Physcomitrella patens-subsp.-patens ortholog comprises SEQ ID NO: 23, the predicted-protein-of-Populus-trichocarpa ortholog comprises SEQ ID NO: 24, the hypothetical-protein-isoform-1-of-Vitis-vinifera ortholog comprises SEQ ID NO: 25, the nascent polypeptide associated complex alpha comprises SEQ ID NO: 26, the proline iminopeptidase comprises SEQ ID NO: 27, the protein transporter comprises SEQ ID NO: 28, the putative-NBS-LRR-disease-resistance-protein-homologue-of-Oryza-sativa-Japonica-Group ortholog comprises SEQ ID NO: 29, the Ran GTPase binding protein comprises ~~SEQ ID NO: 30, the chloroplastic triosephosphate isomerase comprises SEQ ID NO: 31, the V-~~ type proton ATPase catalytic subunit A comprises SEQ ID NO: 32, the regulator of ribonuclease activity A comprises SEQ ID NO: 33, the retroelement pol polyprotein-like ortholog comprises SEQ ID NO: 34, the ribosomal protein L10 comprises SEQ ID NO: 35, the short chain type dehydrogenase comprises SEQ ID NO: 36, the temperature-induced lipocalin comprises SEQ ID NO: 37, and the unknown-protein-of-Picea-sitchensis ortholog comprises SEQ ID NO: 38.

51. The kit of claims 49 or 50, wherein the kit further comprises instructions indicating use of the antibody for determining whether there is a difference between the level of the protein in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant and the level of the protein in the extract of the mesocarp tissue of the fruit of the reference oil palm plant.

52. The kit of claim 51, wherein the kit further comprises instructions indicating selection of progeny of the parental oil palm plant based on the difference to obtain the high-yielding oil palm plant.

53. The kit of claims 49 or 50, further comprising at least another antibody for detection of at least another of the proteins.

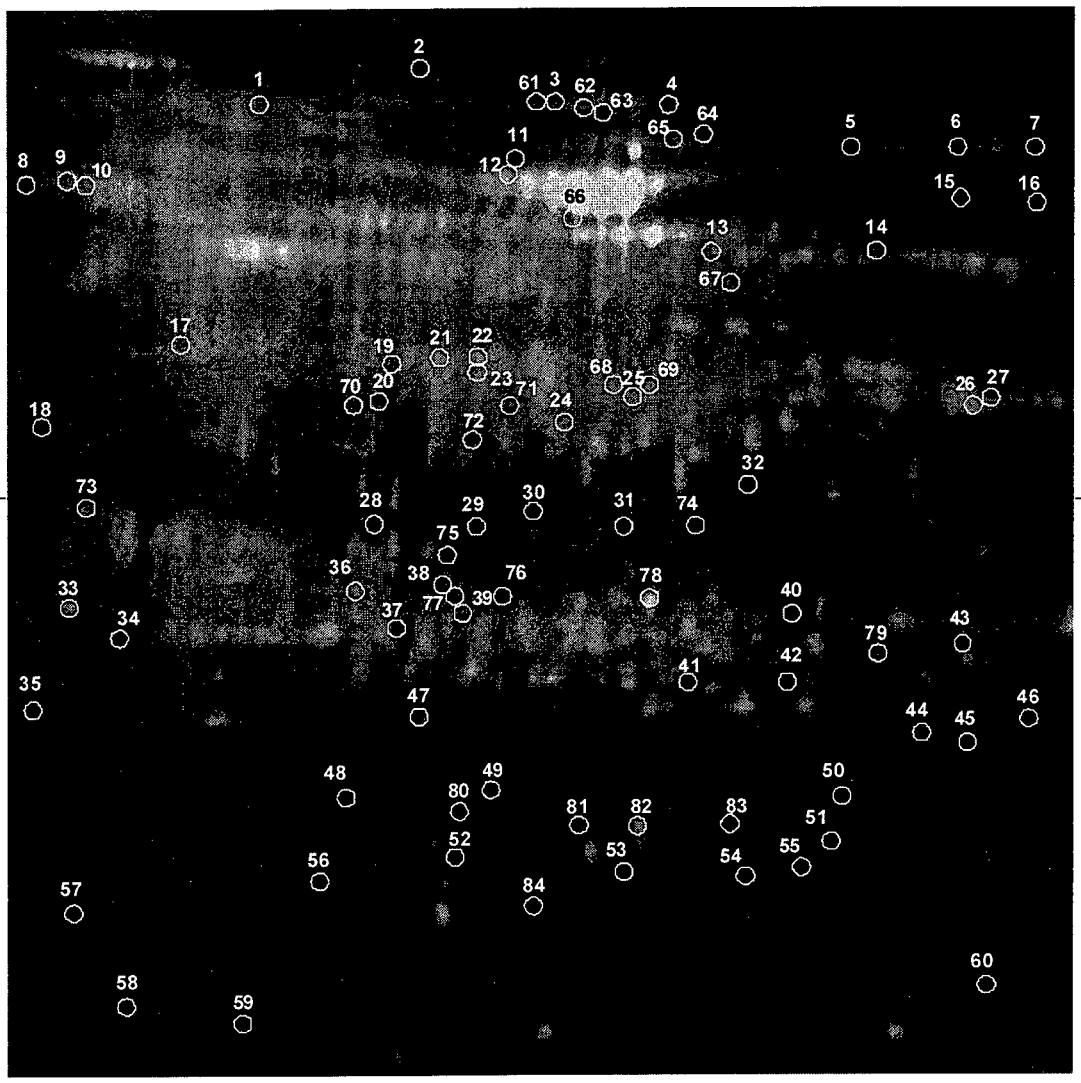

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84

FIG. 1: H2a / h1a.

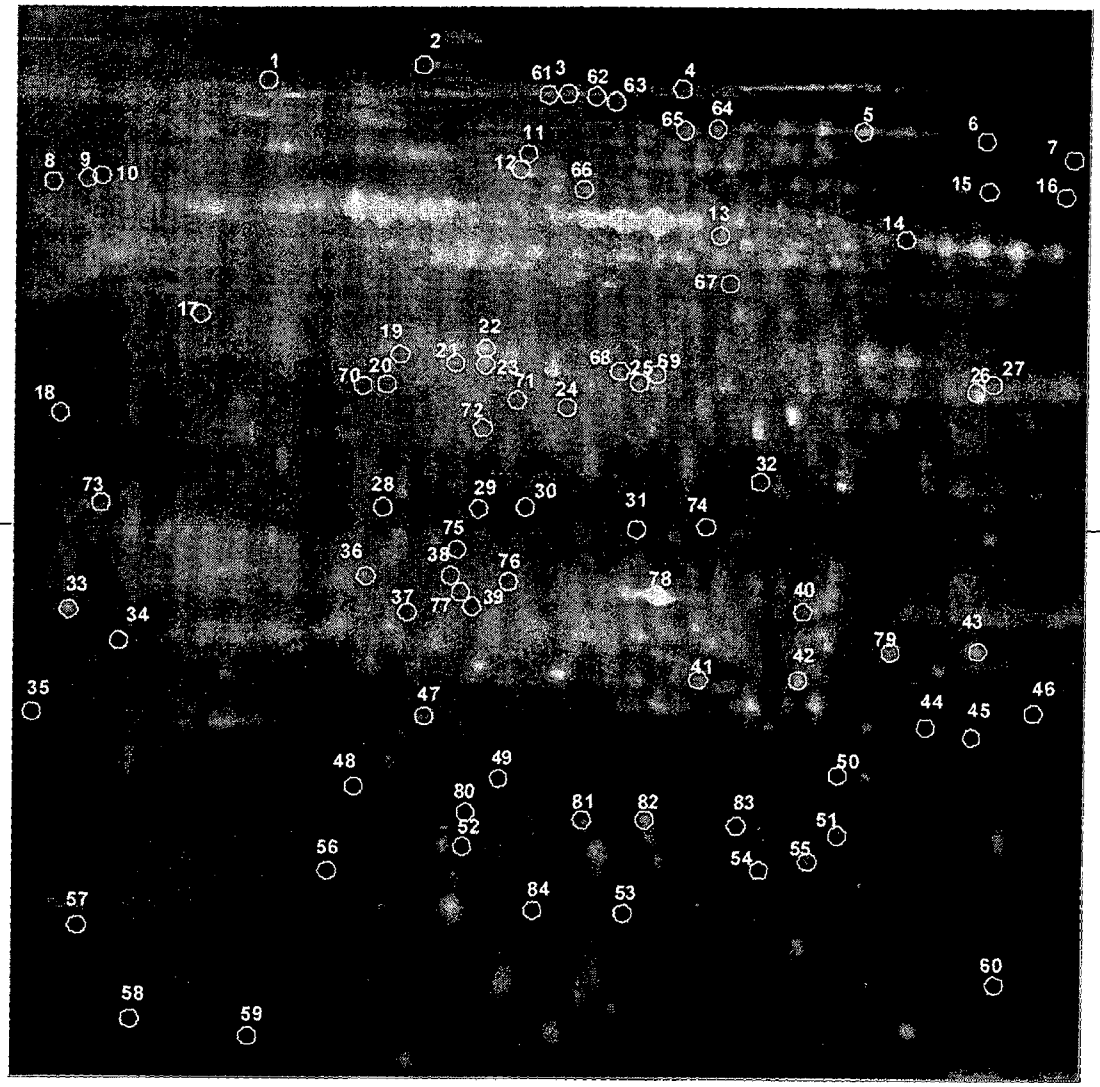

1
2
61
3
62
63
4
65
64
5
6
7
8
9
10
11
12
66
15
16
13
14
67
17
19
22
21
23
70
20
71
24
68
25
69
26
27
18
72
32
73
28
29
30
31
74
75
36
38
76
33
37
77
39
78
40
34
43
79
42
41
35
47
44
45
46
48
49
50
80
81
82
83
51
52
56
54
55
57
84
53
60
58
59

FIG. 2: H4a / h6a.

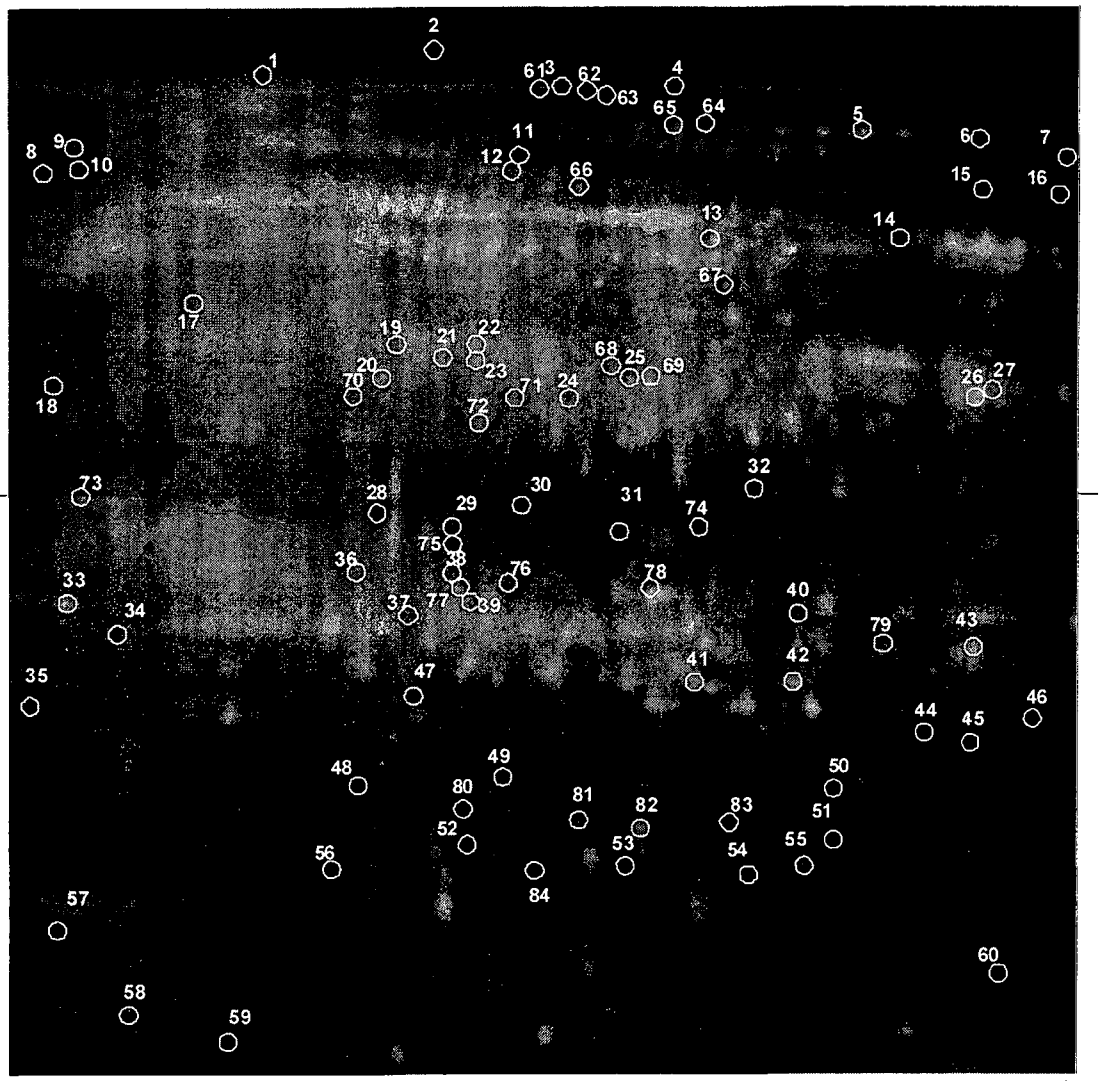

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84

FIG. 3: H6a / h9a.

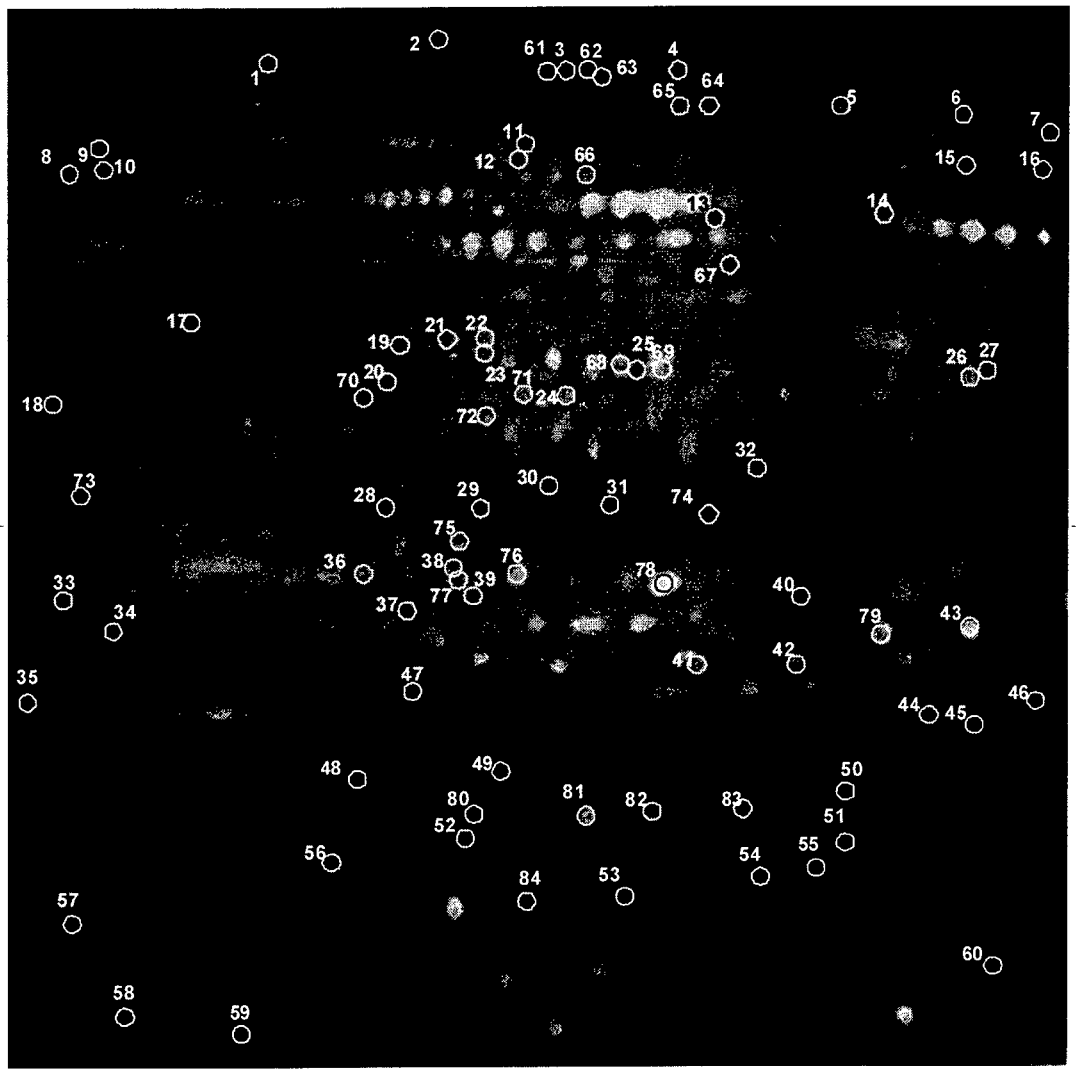

1
2
61
3
62
63
4
65
64
5
6
7
8
9
10
11
12
66
15
16
14
67
17
19
21
22
25
69
68
26
27
70
20
23
71
24
18
72
32
73
28
29
30
31
74
75
36
38
76
78
40
33
34
39
77
37
79
43
42
41
35
47
44
45
46
48
49
50
80
81
82
83
51
52
56
54
55
84
53
57
60
58
59

FIG. 4: H2b / h1b.

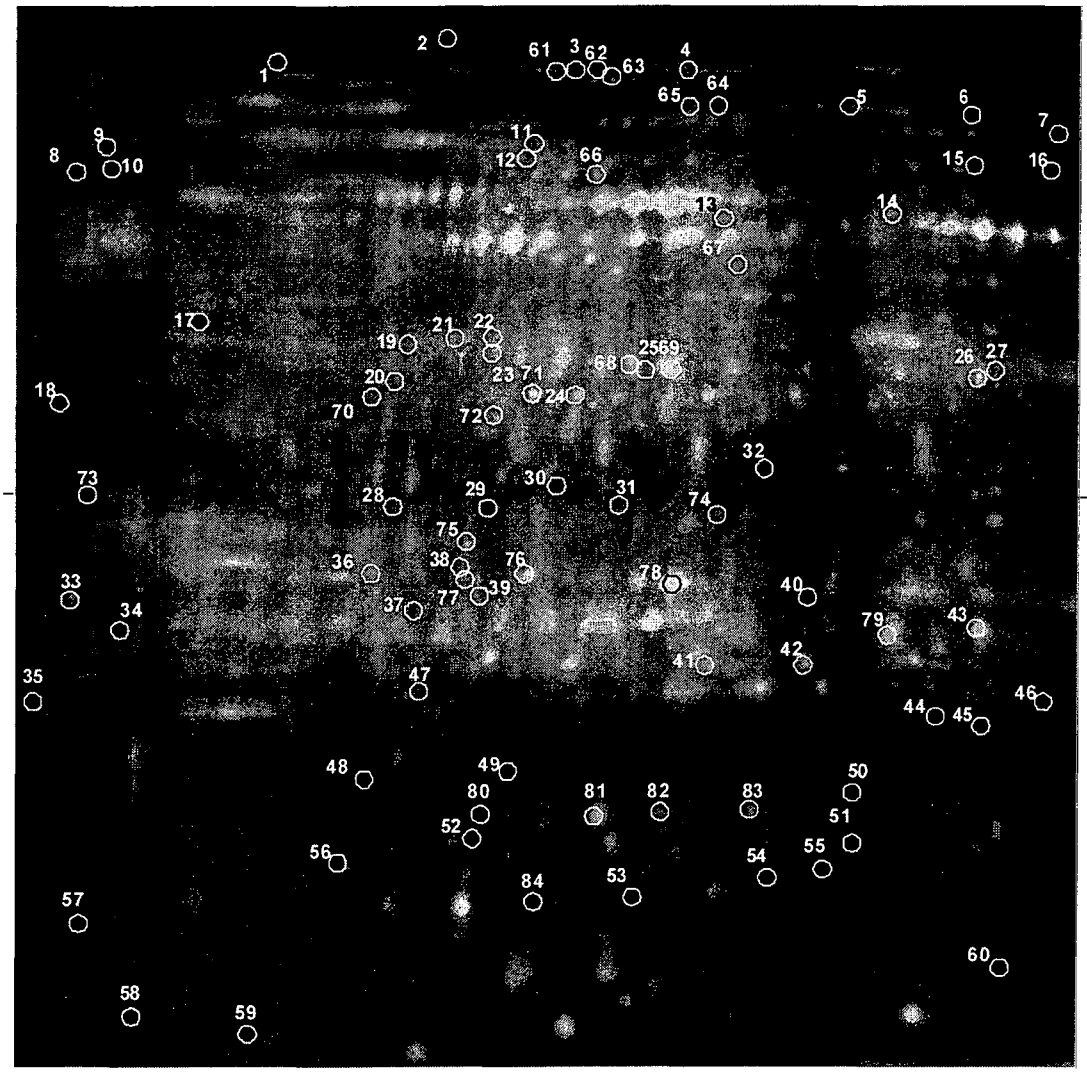

1
2
61
3
62
63
4
64
65
5
6
7
8
9
10
11
12
66
15
16
13
14
67
17
19
21
22
2569
68
26
27
18
20
23
71
24
70
72
32
73
28
29
30
31
74
75
36
38
76
78
40
33
34
37
77
39
79
43
42
41
35
47
44
45
46
48
49
80
81
82
83
50
51
52
56
54
55
84
53
57
60
58
59

FIG. 5: H4b / h6b.

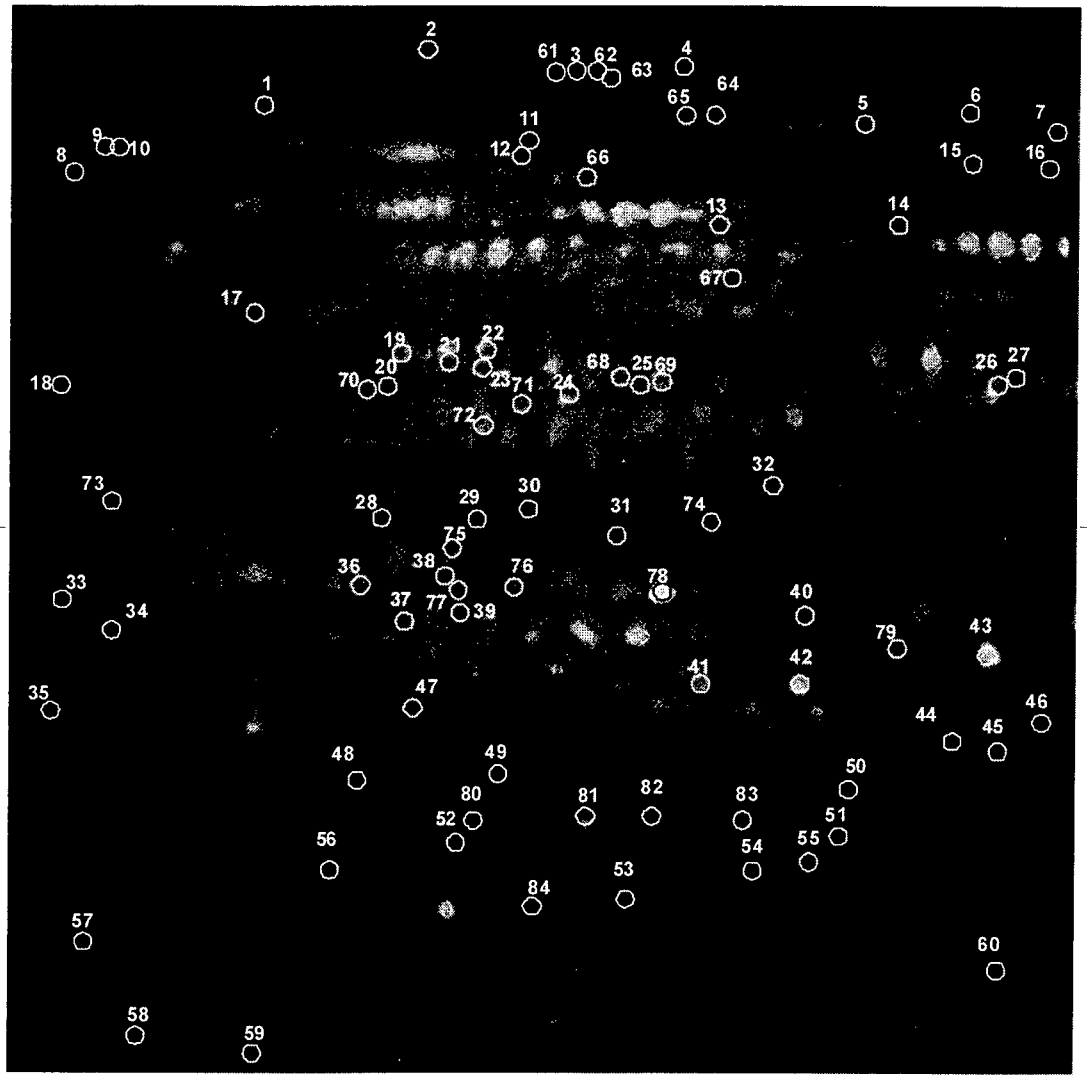

2
61
3
62
4
63
1
65
64
5
6
7
11
8
9
10
12
66
15
16
13
14
67
17
18
19
21
22
20
70
23
71
24
68
25
69
26
27
72
32
73
28
29
30
31
74
75
36
38
76
78
33
37
77
39
40
34
79
43
42
41
35
47
44
46
45
48
49
50
80
81
82
83
52
51
56
54
55
53
84
57
60
58
59

FIG. 6: H6b / h9b.

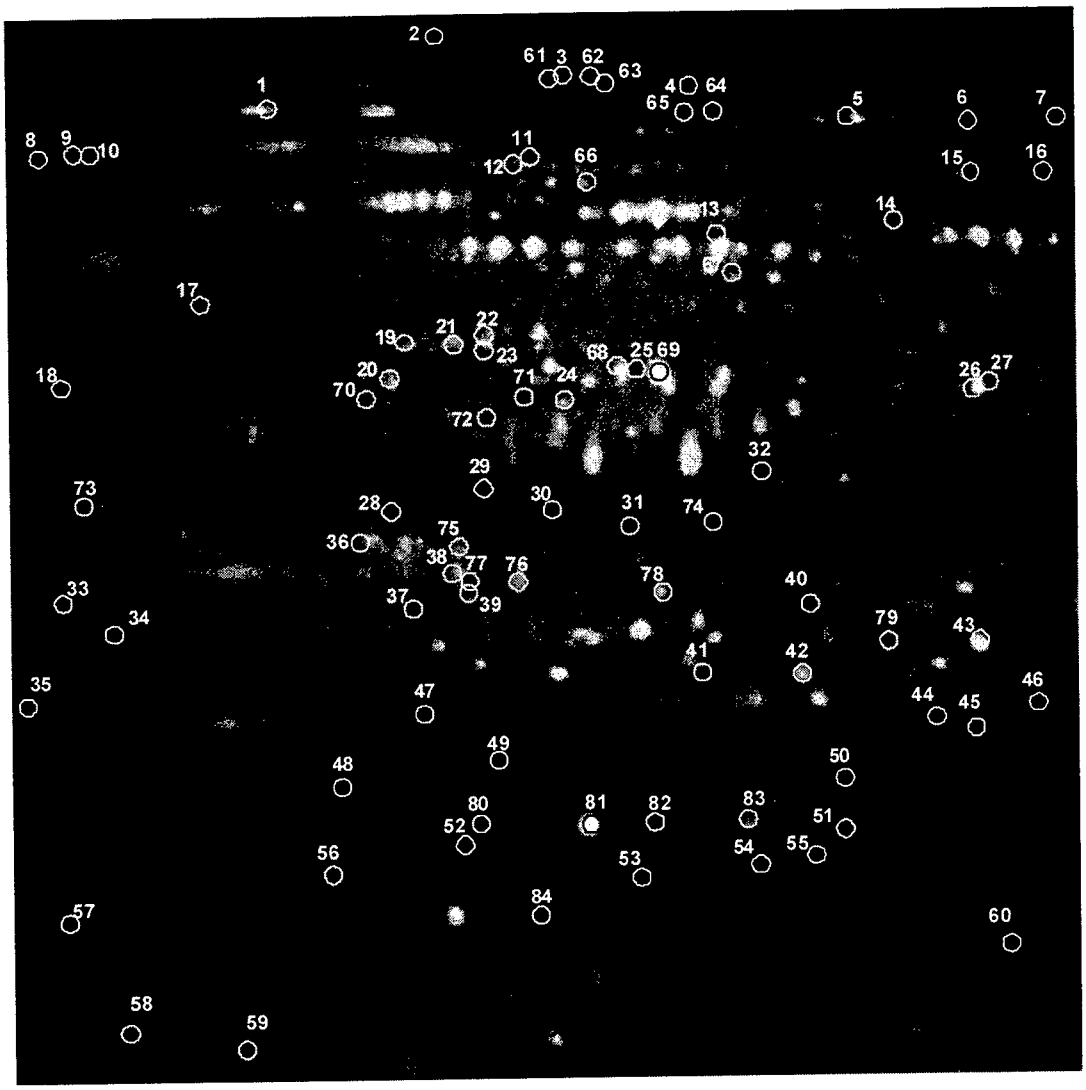

1
2
3
4
5
6
7
8
9
10
11
12
13
14
15
16
17
18
19
20
21
22
23
24
25
26
27
28
29
30
31
32
33
34
35
36
37
38
39
40
41
42
43
44
45
46
47
48
49
50
51
52
53
54
55
56
57
58
59
60
61
62
63
64
65
66
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84

FIG. 7: H2c / h1c.

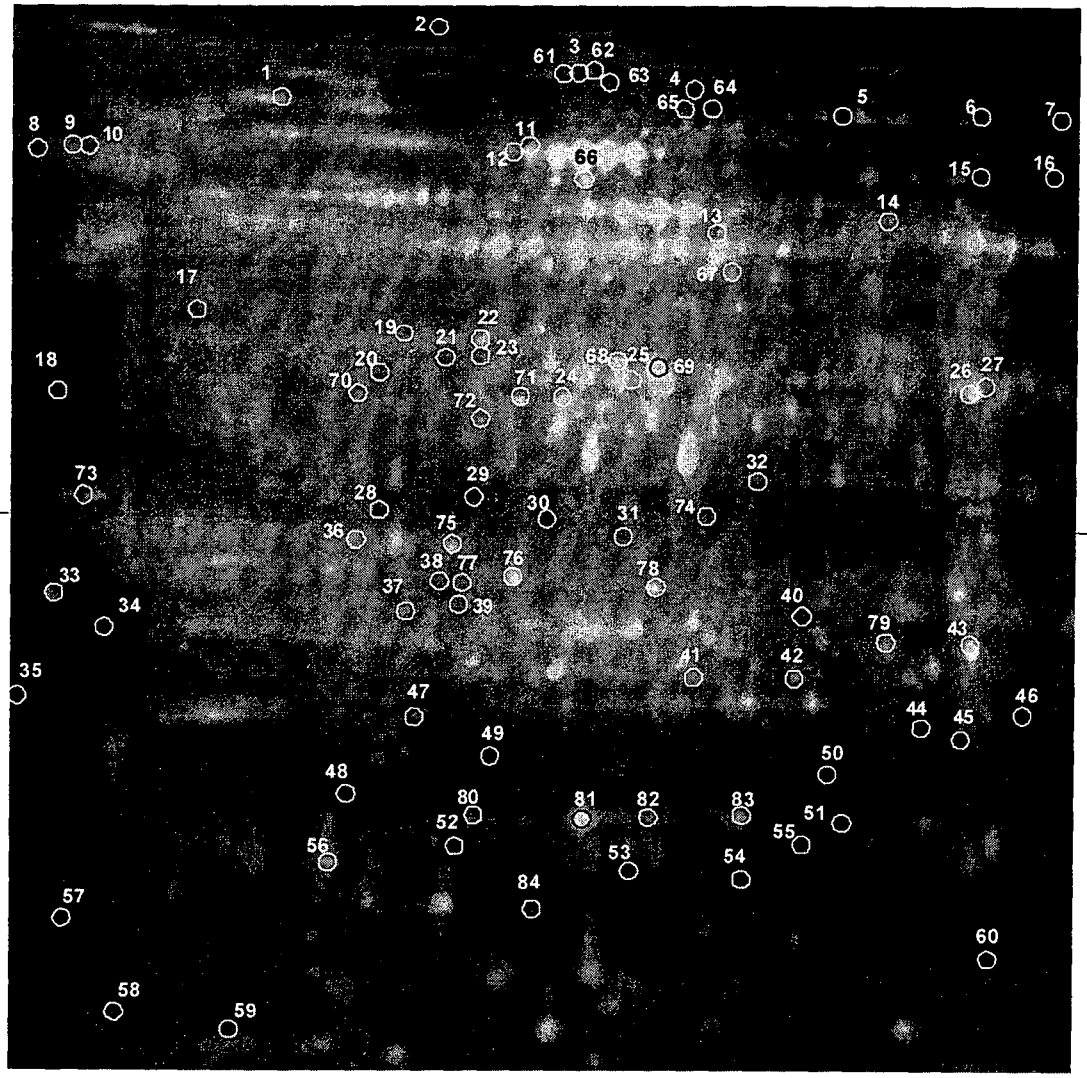

2
61
3
62
1
63
4
64
65
5
6
7
8
9
10
11
12
66
15
16
14
13
17
67
19
22
21
23
18
20
68
25
69
26
27
70
71
24
72
73
29
32
28
30
31
74
36
75
38
77
76
78
33
37
39
40
79
43
34
41
42
35
47
44
45
46
49
50
48
80
81
82
83
51
52
55
56
53
54
84
57
60
58
59

FIG. 8: H4c / h6c.

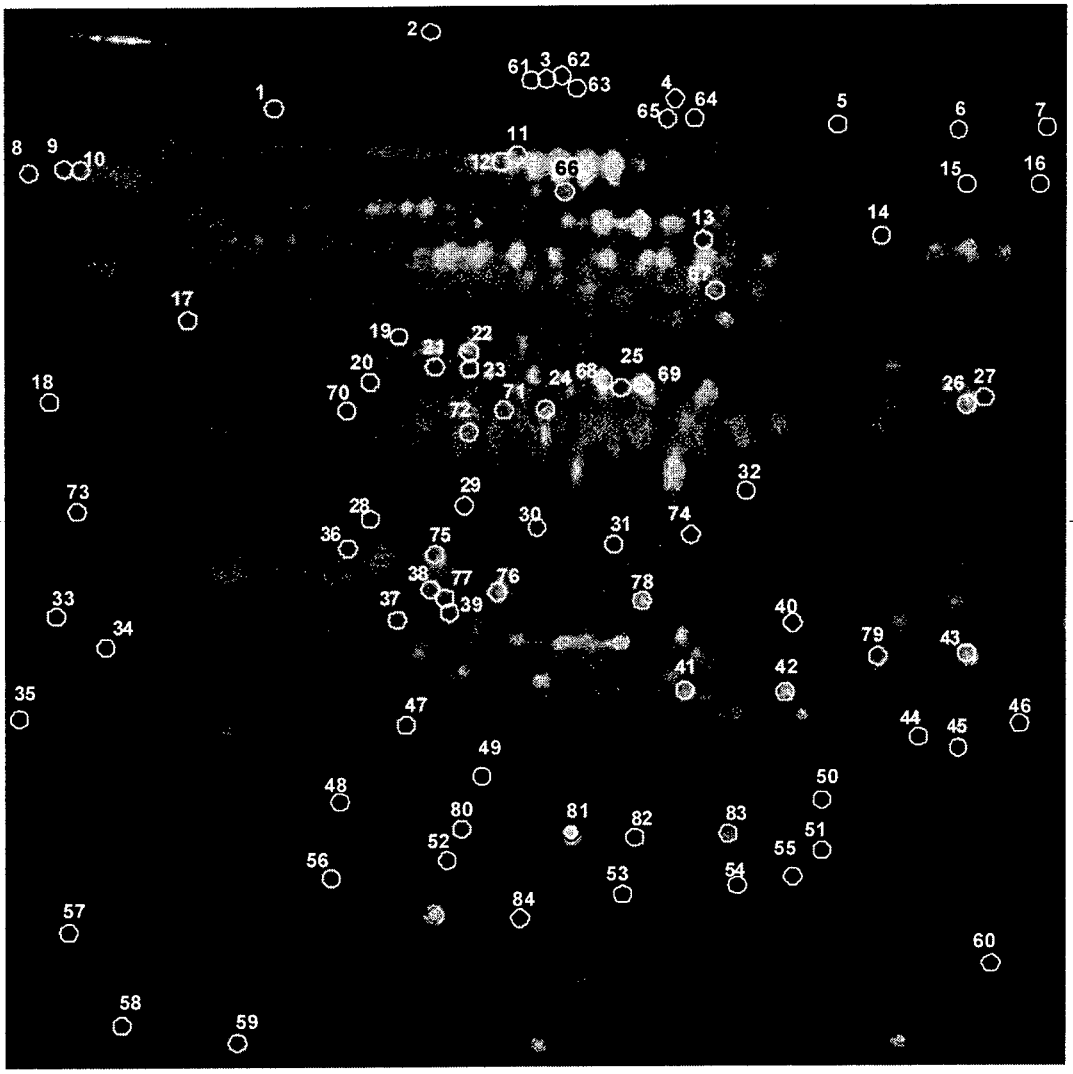

2
61
3
62
63
4
65
64
1
5
6
7
8
9
10
11
12
66
15
16
13
14
17
19
22
20
23
24
68
25
69
18
70
71
72
26
27
73
29
32
28
30
31
74
36
75
38
77
76
78
33
37
39
40
79
43
34
41
42
35
47
44
45
46
49
48
50
80
81
82
83
52
51
56
55
53
54
84
57
60
58
59

FIG. 9: H6c / h9c.

SEQ ID NO: 1
>Top Ranked Protein Name [Species]: 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase [Oryza sativa] (Spot 65)
MASHVVGYPRMGPKRELKFALESFWDGKSSAADLQKVSQDLRCSIWKQMSDAGVKYIPSN
TFSYYDQVLDATAMLGAVPQRYGWSGGEIGFDTYFSMARGNASVPAMEMTKWFDTNYHYI
VPELAPDTKFTYASHKAVSEYKEAKALGIDTVPVLIGPVTYLLLSKPAKGVEKAFPLLSL
LGNVLPVYKEVIAELKAAGASWVQFDEPHL*

Predicted MW= 23.25kDa; Predicted pI= 6.96

SEQ ID NO: 2
>Top Ranked Protein Name [Species]: abscisic stress ripening protein [Musa acuminata subsp. burmannicoides] (spot 78)
MEHLGEMGAVAAGAFALYEKHEAKKHPEHAHRHKIEEEIAAAVAVGSGGYAFHEHHEKKA
AKKEAEES

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 3
>Top Ranked Protein Name [Species]: actin 6 [Populus trichocarpa] (Spot 22)
MADAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDMKEKLAYVALDYEQELETAKSSSSVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMEAAGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIADRMSKEITALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
KGEYDESGPSIVHRKCF*

Predicted MW= 41.63kDa; Predicted pI= 5.16

SEQ ID NO: 4
>Top Ranked Protein Name [Species]: actin E [Elaeis guineensis] (spot 76)
MAEAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVTNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVTHTVPIYEGFALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLGYVALDYEQELETAKSSSSVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMEAAGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIADRMSKEISALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
KEEYDECGPAIVHRKCF*

Predicted MW= 41.68kDa; Predicted pI= 5.06

FIG. 10A: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 5
>Top Ranked Protein Name [Species]: biotin carboxylase precursor [Glycine max] (Spot 67)
MDSMIACKSGCLPPGLFIRPTRGIRSSQCSFMVGNDPKFCKISFPRKRTACAIRKSKKNG
GALNATCYDEKILVANRGEIAVRVIRTAHEMGIPCVAVHSTIDQDALHVRLADEAVCIGE
APSSQSYLFIPNVLSAAVSRGCTMLHPGYGFLAENAGFVDICKEHGINFIGPNPDSIRVM
GDKSTARETMKKAGVPTVPGSDGLLQSTEEAVKLAHEIGFPVMIKATAGGGGRGMRLAYE
PEQFVKLLQQAKSEAAAAFGNDGVYLEKYIQNPRHIEFQVLADKYGNVVHFGERDCSIQR
RNQKLLEEAPSPALTPELRKAMGDAAVAAAASIGYIGVGTVEFLLDERGSFYFMEMNTRI
QVEHPVTEMISSTDLIEEQIRVALGERLTYKQEDIVLRGHSIECRINAEDAFKGFRPGPG
KITSYLPSGGPFVRMDSHVYPGYVVPPSYDSLLGKLIVWAPTREKAIERMKRALDDTIIT
GIPTTIEYHKLILDIEDFRNGKVDTAFIPKHEKDLTAPHKLVLSTSEKELAGVGA*

Predicted MW= 58.48kDa; Predicted pI= 7.51

SEQ ID NO: 6
>Top Ranked Protein Name [Species]: caffeic acid O-methyltransferase [Vanilla planifolia](Spot 23)
MGSIEKQGMPAPSVENQAGDEASCMYALQLASSSILPMTLKAAIELGVLEIIAKAGSVGK
LSPAQVAAQLPTENPMAATMLDRMLRLLASYNILTCSVEVDADGKPLRRYGPAPVCKWLT
KNEDGVSMAALTLMNQDKVLMESWYYLKDAVLDGGIPFNKAYGMTAFEYHGTDPRFNKVF
NEGMKNHSIIITKKLLEFYKGFEDVNVLVDVGGGIGATLHMITSKYPHIKGINFDLPHVI
SEAPPFPGVEHIGGDMFASVPSGDAILMKWIMHDWSDEHCAKILENCYKALPNNGKVILC
ECILPVAPEPVPSAQGVFHVDMIMLAHNPGGKERTEKEYQDLAKGAGFTGFKAQYCFSTA
WVLEFTK*

Predicted MW= 40.06kDa; Predicted pI= 5.80

SEQ ID NO: 7
>Top Ranked Protein Name [Species]: catalase 2 [Elaeis guineensis] (Spot 9)
MDPYKFRPSSANNSPFWTTNSGAPVWNNNSSLTVGNRGPILLEDYHVIEKLAQFDRERIP
ERVVHARGASAKGFFEVTHDVSHLTCADFLHAPGVQTPVIVRFSTVIHERGSPETLRDPR
GFAVKFYTREGNFDLVGNNFPVFFVRDGIKFPDMVHALKPNPKSHIQENWRIVDFFSHHP
ESLHMFTFLFDDVGVPADYRHMDGSGVNTYTLINKEGKARYVKFHWRPTCGVKCLLEDEA
VIVGGNNHSHATKDLYDSIAAGNYPEWKLFIQTIDPDHEDRFDFDPLDVTKTWPEDILPL
QPVGRMVLNKNIDNFFAENEQLAFCP

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 8
>Top Ranked Protein Name [Species]: conserved hypothetical protein [Ricinus communis] (Spot 59)
MAAIANSFVSIRDLRPPALSGCPLKPSPQSLVSCSPMNLSLSTIRWRRAKIATYKSRITV
QAAYSDGGRPNSASIFIGGFVLGGIIVGTLGCVYAPQISKILAGADRKDLMRKLPKFIYD
EEKALERTRKILADKIEQLNSAIDDVSSQLRADDGPNGVAVASDEVEAAI*

Predicted MW= 18.21kDa; Predicted pI= 9.53

FIG. 10B: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 9
>Top Ranked Protein Name [Species]: fibrillin-like protein [Elaeis guineensis] (Spot 73)
MAGVASWKPMALKAPPAAPPLRYHSSIHPIPIGAPASVFQKAPILRSAMGLPLAAAPIRP
RAIADDEEWGGELGEEEGAAAGGLAVAEQEEEEVKVEPIEVGELKRKLMDLLYGTDRGLQ
ASSETRAEIVEVINQLEVRNPTPAPTEALTLLNGKWILAYTSFSPLFPLLGSARLPELVK
VEEISQTIDSENFTVQNSVQFAVPLATTSVTTNAKFEVRSPKRVQIKFEEGIIGTPQLTD
SIVLPEKVEFLGQNIDLSPFKSVITSVQNAASSVARTISERPPWKISINNDNAQSWLLTT
YLDEELKISRADGGGIFLLIKEGSSLLN*

Predicted MW= 35.47kDa; Predicted pI= 4.57

SEQ ID NO: 10
>Top Ranked Protein Name [Species]: FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1) [Arabidopsis thaliana] (Spot46)
MATKVYIVYYSMYGHVEKLAEEIKRGASTVGGVEAKMWQVPETLPEEVLGKMGAPPKSDV
PIITPNELAEADGIIFGFPTRFGMMAAQFKAFLDATGGLWRAQQLAGKPAGIFYSTGSQG
GGQETTPLTAITQLVHHGMIFVPIGYTFGAGMFEMEKVKGGSPYGAGTYAGDGSRFPSEL
ELEQAFHQGKYFAGIAKKFKSSS*

Predicted MW= 21.75kDa; Predicted pI= 6.97

SEQ ID NO: 11
>Top Ranked Protein Name [Species]: fructose-bisphosphate aldolase [Elaeis guineensis] (spot 74)
MSAYCGKYHDELIKNAAYIGTPGKGILAADESTGTIGKRLASINVENVEENRRALRELLF
CTPGALQYLSGVILFEETLYQKTKDGKPFVEVLKEGGVLPGIKVDKGTIELAGTNGETTT
QGHDDLAKRCQKYYEAGARFAKWRAVLKIGPTEPSQLAIDLNAHGLARYAIICQENGLVP
IVEPEILVDGPHDIKRCADVTERVLAACYKALNDHHVLLEGTLLKPNMVTPGSESAKVAP
EVVAEYAVRALQRTVPAAVPAIVFLSGGQSEEEATLNLNAMNKLGGKKPWSLSFSFGRAL
QQSTLKAWAGKVENVEKARAAFLARCKANSEATLGKYEGDAAGGEGVSESLHVKDYKY*

Predicted MW= 38.61kDa; predicted pI= 7.14

SEQ ID NO: 12
>Top Ranked Protein Name [Species]: glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis] (Spot 26)
MFVVGVNEKEYKSDINVVSNASCTTNCLAPLAKVIHDKFGIVEGLMTTVHSITATQKTVD
GPSSKDWRGGRAASFNIIPSSTGAAKAVGKVLPALNGKLTGMAFRVPTVDVSVVDLTVRL
EKSATYDQIKDAIKEESEGKMKGILGYVDEDLVSTDFLGDSRSSIFDAKAGIALNGNFVK
LVSWYDNEWGYSSRVVDLIRHIHGTQ*

Predicted MW= 22.20kDa; Predicted pI= 6.95

FIG. 10C: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 13
>Top Ranked Protein Name [Species]: H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar-group)] (Spot 19)
MDLGKSASTSATLK----------
----------FYYELR----------YVPFQCPSSR----------
----------RIQPLQAR----------

----------ELAEAHEDLTK------

----------LSCPELDLREILDQGAASDVR----------
----------FEVAELER-------EKAVETLRGREVWFSSYL
QSCCTSMARVCR----------
----------SMSPLAEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 14
>Top Ranked Protein Name [Species]: Large subunit of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase [Chlorogonium elongatum] (Spot 56)
--------DYRLTYYTPDYVVRDTDVLAAFR----------
----------ALRLEDLR----------

SQAETGEVKGHYLNVTAGTAEEMLK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 15
>Top Ranked Protein Name [Species]: Lea1P [Daucus carota] (Spot 48)
MASHQDTSYK----------DQTGSYVSDKASAAR--
SCETGQAAK----------EKASQMGESAK---------TGGVISSAAEQVKGMAQGATEAVKNTFGMGGGNEEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 16
>Top Ranked Protein Name [Species]: methionine synthase protein [Sorghum bicolor] (Spot 5)
MGPKRELKFALESFWDGKSSADDLQKVAADLRCSIWKQMADAGIKYIPSNTFSYYDQVLD
TTAMLGAVPQRYGWSGAEIGFDTYFSMARGNALVPAMEMTKWFDTNYHYIVPELAPDTKF
TYASHKAVSEYKEAKALGIDTVPVLIGPVTYLLLSKPAKGVEKSFATLSLLGNVLPIYQE
VIMELKAAGASWIQFDEPTLVMDLDAHQLEAFTKAYSELESSFSGLNVLVETYFADVPAE
AYKTITTLNGVSGFGFDLVRGTNTLDLIKSAGFPSGKYLFAGVVDGRNIWANDLASSLSS
LGVLEAIVGKDNLVVSTSCSLMHTAVDLVNETKLDGEIKSWLAFAAQKVVEVNALAKALA
GHKDEAFFSANAAAQASRKSSPRVTNEEVQTAAAALKGSDHCRATNVSARLDA

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10D: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 17
>Top Ranked Protein Name [Species]: Mitochondrial peroxiredoxin [Pisum sativum] (Spot 51)
MASALMRARRSAALPSAAVMALRRAFAAASVGCDIVSAAPGVALQKARSWDEGVSSKFST
TPLKDIFLGKQVVVFGLPGAFTGVCSAQHVPSYKNNIDKFKAKGIDSVICVAVNDPYVLN
GWAENLQAKEAIDFYGDFDGSFHKSLELDLDLSAALLGHRSQRWSAYVVDGKIKVLNVEK
VPSEFKVSGGEVILGQF*

Predicted MW= 21.06kDa; Predicted pI= 8.83

SEQ ID NO: 18
>Top Ranked Protein Name [Species]: Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 58)
MMKGTKKAIFLFLLLSSLVIISHCVTPLTIKPVNRDDDEYQCVYTVYIRTGSIWKGGTDS
VISLVLAGSDGWGVAITDIESWGGIMEAGHNYFERGNLDIFSGRGPCLSTPPCWMNLTSD
GSGSHHGWYCNYVEVTTTGPHMGCAQQLFTVEQWLATDAAPYQLYATRDSCTGRGNAEEE
PKIGDRIGRHVTHVA*

Predicted MW= 21.38kDa; Predicted pI= 5.85

SEQ ID NO: 19
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown protein Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 66)
MGSSEFSWKLADHPKLPKGKTVAVVVLDGWGEANPDKYNCIHVAETPAMDSLKKGAPDRW
RLVRAHGTAVGLPTEDDMGNSEVGHNALGAGRIYAQGAKLVDLALASGKIYEGEGFKYIK
ECFDQGTLHLIGLLSDGGVHSRLDQLQLLLKGASENGAKRIRVHVLTDGRDVLDGSSVGF
VETLENDLLKLREKGVDAQIASGGGRMYVTMDRYENDWGVVKRGWDAQVLGEAPHKFQSA
VEAVKKLREVPKANDQYLAPFVIVDESGKAVGPIVDGDAVVTFNFRADRMVMLAKALEYE
DFDKFDRVRFPKIQYAGMLQYDGELKLPSHYLVSPPEIERTSGEYLVHNGIRTFACSETV
KFGHVTFFWNGNRSGYFDPSMEEYVEIPSDAGITFNVKPKMKAVEIAEKARDAILSRKFD
QVRVNLPNGDMVGHTGDIEATVVACKAADDAVKMILDAIEQVGGIYVVTADHGNAEDMVK
RNKSGQPQLDKNGDIQILTSHTLQPVPVAIGGPGLAPGVGFRKDVPNGGLANIAATVMNL
HGFEAPSDYEPTLIEVVDN*

Predicted MW= 60.86kDa; Predicted pI= 5.39

SEQ ID NO: 20
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown protein Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 68)
MADAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPILLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFDVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLAYVALDYEQELETAKSSSAVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMESPGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIGDRMSKEITALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIT
KAEYDESGPAIVHRKCF*

Predicted MW= 41.65kDa; Predicted pI= 5.06

FIG. 10E: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 21
>Top Ranked Protein Name [Species]: OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar- group)] (Spot 7)
MADIQMGEAETFAFQAEINQLLSLIINTFYSNKEIFLRELISNSSDALDKIRYEGLTDKS
KLDAQPELFIRLVPDKANKTLSIIDSGIGMTKADLVNNLGTIARSGTKEFMEALQAGADV
SMIGQFGVGFYSAYLVAEKVVVTTKHNDDEQYIWESQAGGSFTVTRDVSGEQLGRGTKIT
LYLKEDQLDYLEERRLKDLVKKHSEFISYPIYLWTEKTTEKEISDDEDEETKKEEEGDVE
NIDEEKETKSKKKKVKEVLHEWSLVNKQKPIWLRKPEEITKEEYASFYKSLTNDWEDHLA
VKHFSVEGQLEFKAILFVPKRAPFDLFDTRKKMNNIKLYVRRVFIMDNCEELIPEYLGFV
KGVVDSDDLPLNISREMLQQNKILKVIRKNLVKKCIELFSEIAENKEDYNKFYEAFSKNL
KLGIHEDSQNRAKLADLLRYHSTKSGDEMTSLKDYVTRMKEDQKDIYYITGESKKAVENS
PFLEKLKKKGYEVLFMVDAIDEYAVGQLKEYDGKKLVSATKEGLKIDESEDEKKRKEEKK
AAFESLCKVMKDILGDKVEKVVVSDRIVDSPCCLVTGEYGWTANMERIMKAQALKDNSMG
SYMSSKKTMEINPENGIMEEMRKRAEADKNDKSVKDLVLLLFETAILTSGFSLDDPNTFA
GRIHRMLKLGLSIDEDEAAGDDTDMPALEEDGNEESKMEEVD*

Predicted MW= 80.51kDa; Predicted pI= 4.72

SEQ ID NO: 22
>Top Ranked Protein Name [Species]: predicted protein [Ostreococcus lucimarinus CCE9901] (Spot 34)
---MKWCER---VYLTIELPDAKDAEVTIEAR

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 23
>Top Ranked Protein Name [Species]: predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] (spot 79)

YIANKFEGQGTPIYGSTPVEK----------VLDIYEAR----

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10F: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 24
>Top Ranked Protein Name [Species]: Predicted protein [Populus trichocarpa] (Spot 20)
MASSSAQIHVLGSAAAFPSSRKPSARISSSKSLFFGNRHSNGINGAFLSIRRGAGRGNRG
YGGPLRVVSEKVVGIDLGTTNSAVAAMEGGKPTIVTNAEGQRTTPSVVAYTKNGDRLVGQ
IAKRQAVVNPENTFFSVKRFIGRKMSEVDEESKQVSYRVVKDENGNVKLECPAIGKQFAA
EEISAQVLRKLVDDASKFLNDKVTKAVVTVPAYFNDSQRTATKDAGRIAGLDVLRIINEP
TAASLAYGFEKKNNETILVFDLGGGTFDVSVLEVGDGVFEVLSTSGDTHLGGDDFDKRVV
DWLAGNFKRDEGIDLLKDKQALQRLTETAEKAKMELSSLTQTNISLPFITATADGPKHIE
TTITRAKFEELCSDLLDRLRTPVDNALKDAKLSFKDIDEVILVGGSTRIPAVQELVKKMT
GKEPNVTVNPDEVVALGAAVQAGVLAGDVSDIVLLDVTPLSLGLETLGGVMTKIIPRNTT
LPTSKSEVFSTAADGQTSVEINVLQGEREFVRDNKSLGSFRLDGIPPAPRGVPQIEVKFD
IDANGILSVTAVDKGTGKKQDITITGASTLPGDEVDRMVKEAERYAKEDKEKRDAIDTKN
QSESVVYQTEKQLKELGDKVPAAVKEKVEAKLKELKDAIAGGSTQSMKDAMAALNQEVMQ
LGQSLYNQPGAAGAGPAPGADAGSAGSTGKGPDDGGDVIDADFTDSK*

Predicted MW= 75.17kDa; Predicted pI= 5.18

SEQ ID NO: 25
>Top Ranked Protein Name [Species]: PREDICTED: hypothetical protein isoform 1 [Vitis vinifera] (Spot 55)
MQGALQAIRAQGNVLKCAVLRHVRIMNPAMLPTAISRFESTSPAQLEEHGFESTTISDVL
KAKGKGADGSWLWCTTDDTVYDAVKSMTQHNVGALVVVKPGADKAIAGIITERDYLRKII
VQGRSSKSTKVGDIMTEENKLITVTPDTKVLQAMQLMTDNRIRHIPVIDAKGMMGMVSIG
DVVRAVVTEHREELDRLNAYIQGGY*

Predicted MW= 22.44kDa; Predicted pI= 8.70

SEQ ID NO: 26
>Top Ranked Protein Name [Species]: PREDICTED: similar to nascent polypeptide associated (Spot 33)
MTAQTQEELLAAHLEQQKIDYDEPVVEDEDDDEDDEDDDDKDEDDAEGQAGDASGRSKQS
RSEKKSRKAMLKLGMKPIPGVSRVTVKKSKNILFVISKPDVFKSPTSDTYVIFGEAKIED
LSSQLQTQAAEQFKAPDLSHVISKPETSAMAQDDEEVDETGVEPKDIELVMTQAGVSRSK
AVKALKAADGDIVTAIMELTN*

FIG. 10G: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 27
>Top Ranked Protein Name [Species]: proline iminopeptidase, putative [Ricinus communis] (Spot 24)
METSKESQELNRSLYPHIEPYSSGFLKVSDIHTLYWEQSGNPNGHPVVFLHGGPGAGTSA
SNRRFFDPEFYRIILFDQRGSGKSTPHACLEDNTTWDLVNDIEKLREHLEIPEWQVTGII
LRGIFLLRKKELDWFYEGGAAAIFPDAWEPFRDFIPENERNNFIVAYHKRLNSDDNHIQV
TAAKIWTTWELMTAHLIQNEENIKRGEDDDFSLAFARIENHYFVNKGFFPSDSYLLDNVD
KIRHISTVIVQGRYDVCCPMMSAWDLHKAWPEAELKVVPDAGHSANEIGIAAELVAANEK
FKNILKSGGFKM*

Predicted MW= 35.79kDa; Predicted pI= 5.39

SEQ ID NO: 28
>Top Ranked Protein Name [Species]: protein transporter [Elaeis guineensis] (Spot39)
MASSGPDHLFNLRNSFYLGAYQDAINKSDIPNLSGDDAVERDSIVYRSYIALGSYQLVIN
ELDSSAPTALQAVKLLALYLAGDKESAIASLQEWLNDAAIGNNHVLRLIAGIIYMHEQNY
VEALKHTNSGGTMELHALNVQIYLKMHRSDYAEKQLKIMLQIDEDHTLTQLANAWVNLAV
GGSKIQEAYLIYQDFSEKNQMTPLILNGKAVCCLHMGRFDEAESLLLDALNKDAKDAETL
ANLVVCSLHLGKSAARYLNQLKLSHPDHMLVQRASSAEDSFERAVQSIA*

Predicted MW= 32.00kDa; Predicted pI= 5.31

SEQ ID NO: 29
>Top Ranked Protein Name [Species]: putative NBS-LRR disease resistance protein homologue [Oryza sativa Japonica Group] (Spot 12)
-------ERQEIDRSAMVGALASASTGVMNSVIAKLSKLLEDEYAK----------
----------AHVVEESKR--
----------LRDTLQDK-
YLVVIDDVWATEAWETIKLALLSNNCDSR----------CSYHGGYVYHMEPLSFVDSKR----------
----------VLAAIGSALAKDPNAGNMRR----------
----------SLIQPVDVQYGKPVACR----------
----------ENVIMATNLSLK----------
-MQSLEELQTFDIFTYSSR----------
----------WMNMLACLTELDLTLCSTK----------
----------LQHLMIK-------CLNGASDLGIR----------
----------SVNYEIEVNLGEVR

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10H: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 30
>Top Ranked Protein Name [Species]: Ran GTPase binding protein, putative [Ricinus communis] (Spot 32)

----------FQKDMSFRFVTPAYGCTQIGKNDSLKDVLMWGEGVEGGNIGGMVQR----------
----------VNMDVGMPKVVESLDDVHIK----------

----------FNAVGGKLFTWGDGDK----------

----------SISVTDQSSCSGCRMPFGLTR--HNCYNCGLLFCHSCS
SK----------MSKPGTHGSK----------
----------DQGEHQHHVETVSSLSAGLPR----------
----------AMSEKISAGR---
GGVELSVSQNTPAYK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 31
>Top Ranked Protein Name [Species]: RecName: Full=Triosephosphate isomerase, chloroplastic; Short=TIM; Short=Triose-phosphate (Spot37)
MAAASSLVPQFSGLAVARERAPSLSSILFFHDASSQRRPFSTRRAPRGVVAMAGTGKFFV
GGNWKCNGMKDSISKLVADLNDAKMENDVDVAVAPPFIYIDQVNNSLTDRIDISAQNCWV
GKGGAFTGEISAEQLIDMGCKWVILGHSERRHIIGEDDQFIGKKAAYALSQNLKVIACIG
EKLEEREAGKTFEVCFQQMQAFADSITSWENVVIAYEPVWAIGTGKVATPEQAQEVHVAV
RDWLKKNISAEVASSTRIIYGGSVNGSNCSELAKQEDIDGFLVGGASLKGPEFATIVNSV
TSKKVAV*

Predicted MW= 33.10kDa; Predicted pI= 6.15

SEQ ID NO: 32
>Top Ranked Protein Name [Species]: RecName: Full=V-type proton ATPase catalytic subunit A; Short=V-ATPase subunit A; AltName: Full=Vac (Spot 13)
MAYGDRLTTFEDSEKESEYGYVRKVSGPVVVADGMGGAAMYELVRVGHDNLIGEIIRLEG
DSATIQVYEETAGLMVNDPVLRTHKPLSVELGPGILGNIFDGIQRPLKTIALKSGDVYIP
RGVSVPALDKDTLWEFEPKKLAAGDLLTGGDLYATVFENTLMQHHVALPPGSMGKITYIA
PAGQYSLKDTVLELEFQGVKKQFTMLQTWPVRTPRPVAAKLAADTPLLTGQRVLDALFPS
VLGGTCAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDTVVYVGCGERGNEMAEVLMDFPQLTMTLPD
GREESVMKRTTLVANTSNMPVAAREASIYTGITIAEYFRDMGYNVSMMADSTSRWAEALR
EISGRLAEMPADSGYPAYLAARLASFYERAGKVKCLGGPDRTGSVTIVGAVSPPGGDFSD
PVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSVNWLISYSKYSKALESFYEKFDPDFIDIRTKA
REVLQREDDLNEIVQLVGKDALAESDKITLETAKLLREDYLAQNAFTPYDKFCPFYKSVW
MMRNIIHFNALANQAVERGAGSDGQKITYSVIKHRLGDLFYRLVSQKFEDPAEGEEVLVA
KFKKLYDDLSAGFRNLEDETR*

Predicted MW= 68.36kDa; Predicted pI= 5.09

FIG. 10I: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 33
>Top Ranked Protein Name [Species]: regulator of ribonuclease activity A [Zea mays] (spot 84)
MAALPLATAEVCDANAHLIQNGELRALQPIFQIYGRRQVFAGPIVTLKVFEDNVLVREFL
EEKGNGRVLVVDGGGSMRCAILGGNPVQQAQNNGWAGIVVNGCIRDVDEINGCDIGVRAL
ASHPMKANKKGFGEKHVPVNIAGTRICDGEWLYADSDGILVSRMELTV*

Predicted MW= 18.06kDa; Predicted pI= 5.68

SEQ ID NO: 34
>Top Ranked Protein Name [Species]: retroelement pol polyprotein-like [Arabidopsis thaliana] (Spot36)

----------MTIDSELLTNISHRDVAR----------MKADLATCKQEGMTMEGYYGK---
----------ICASHHMTGNLELLSDMR----------

----------TPSYSGARYFLTIVDDYS--------
----------SDNGTEFLCMR----------
--FQSYLPIQFWGECILSAAYLINRTPSMLLQGKSPYEMLYK----------
----------LFDLEEQK----------
--------VNQTFSIVNLPPGK----------
----------EEVYMKLPQGFQCDDPSK----------

AMAFLTQELMWLK----------
QLADILTKALGEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 35
>Top Ranked Protein Name [Species]: ribosomal protein L10 [Elaeis guineensis] (Spot 72)
MTVKLSKSEKKIEYDKKLCRLLDEYSQVLIAAADNVGSNQLQNIRKGLRGDSVVLMGKNT
LIRRCIKIHAEKTGNKDYLNLLPLLVGNVGLIFTKGDLKEVREEVAKYKVGAPARVGLVA
PIDVVVPPGNTGLDPSQTSFFQVLNIPTKINKGTVEIITPVELIRKGDKVGSSEAALLAK
LGIRPFSYGLVIQAVYDNGSVFSPEVLDLTEDDLVEKFAAGVSMVTSLSLALSYPTLVAA
PHMFINAYKNVLAVAIATEYTFEQAEKVKEYLKDPSKFAVAVPVEAAAAAAAAPAAAAKE
EEKKEEPAEESDEDMGFSLFD*

Predicted MW= 34.66kDa; Predicted pI= 5.15

FIG. 10J: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 36
>Top Ranked Protein Name [Species]: short chain type dehydrogenase, putative [Ricinus communis] (spot 75)
MIKTAVDAWGTVDILVNNAGITRDTLLMRMKKPQWQEVIDLNLTGVFLCTQAAAKLMMKK
KKGKIINMTSVIGLTGNIGQANYSAAKAGVIGFTKTVAREYASRNINVNAVAPGFIASDM
TAKLGADIETKFLQTIPLGRFGQPEEVAGLVEFLALNPAANYITGQVFTIDGGLVM*

predicted MW=18.84kDa; predicted pI=9.99

SEQ ID NO: 37
>Top Ranked Protein Name [Species]: Temperature-induced lipocalin [Elaeis guineensis] (Spot 53 & 82)
MATTSTKEMTVVKGLDVERYMGRWYEIASFPSFFQPKNGENTRATYTLNSDGTVHVLNET
WSDGKRDAIEGTAYKANPNSDEAKLKVKFYVPPFFPIIPVTGDYWVLYIDDDYQYALIGQ
PSRKYLWILCRQTHMDDEVYNLLLEKAKEEGYDVKKLHKTPQADPPPEAEAGPKDTKGIW
WIKSLEGK*

Predicted MW= 21.63kDa; Predicted pI= 5.77

SEQ ID NO: 38
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown [Picea sitchensis] (Spot38)
MAASIAFNPHVIPARSAAPRRVAPLQTLSAAPRLAARSLCFKSSLRSDGTAAFSGVRTQA
AVVEQASIEQAQNVEAPVAIVTGGSRGIGKAIALALGKAGCKVLINYATSTEEAEEVSKE
IEASGGQAIIFFGDISKEDDVESMIKIAADAWGTVDILVNNAGITRDTLLMRMKKSQWQE
VIDVNLTGVFLCTQAAAKLMMKKKKGKIINIASVVGLTGNAGQANYSASKAGVIGFTKTV
AREYASRNINVNAVAPGFIASPMTAQLGEDVEKKILQTIPLGRYGQPEEVAGLVEFLALN
PAADYITGQVFTIDGGMVM*

Predicted MW= 33.44kDa; Predicted pI= 8.79

SEQ ID NO: 39
>Top Ranked Protein Name [Species]: 17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (AA 1-156) [Arabidopsis thaliana](spot 81)
MSLIPRGWGFGSSIFDPWDSFEGFPFNSSLSSFPRPSFPSESSAFANARIDWKETPEAHV
FKADLPGLKKEEVKVEVEEGNVLQISGERSREQEEKTDTWHRVERSSGKFLRRFRLPENA
KMDRVKAAMENGVLTVTVPKEEVKKLEVRSIEISG*

Predicted MW= 17.63kDa; Predicted pI= 5.88

FIG. 10K: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 40
>Top Ranked Protein Name [Species]: ABC1 family protein [Arabidopsis thaliana] (Spot 49)
MEFYTTCLPRSSMSYCAHPRLSPPVPRSKQFLSFRIKNAASTSSVPAPPATTPSSSRNGN
ITTKSLTEKLSSAMDQLDIERGVCIPFRKYTPETVRNKVLESRGAILSLIGRGVEIVWNL
GLYWSALTYDCLVGRDEEVVPYRARQLRNLLCNLGPSFIKAGQVLANRPDIIREDYMNEL
CILQDDVPPFPNQEAFSIIEEELGQPLEKVFSRISSETIAAASLGQVYRATLRETREDVA
IKVQRPGIEPIIYRDLFLFRTLASFLNGISLQKLGCNAELIVDEFGEKLLEELDYTLEAR
NIEDFLENFKNDPTVKIPRVYKQLSGRRVLVMEWIDGIRCTDPEAVKEAGIDVNGFLTVG
VSAALRQLLEFGLFHGDPHPGNIFAMRDGRIAYVDFGNVAVLSQQNKQILIDAVVHAVNE
DYAEMANDFTRLGFLASGTDVSPIIPALEAIWQNSAGKGLADFNFRSVTGKFNQLVYNYP
IRIPERFSLVIRSLLTQEGICFTLKPDFKFLEVAYPYIAKRLLTDPNPALRERLIQVLFK
DGLFQWKRLENLIVLAKENVAKMNQNPALQVTNTQNSRNWQVEKKLDLTETIKDGARMFL
IDAGIRRQLIMALTEDSKLHIQELVDVYRLVEDDVDIPAVAFEVLQDLPSVTRDLMLSWS
EAVLSDR*

Predicted MW= 75.32kDa; Predicted pI= 5.21

SEQ ID NO: 41
>Top Ranked Protein Name [Species]: Glutathione peroxidase [Triticum monococcum subsp. aegilopoides] (Spot 54)
MAGNSSQATQTVHDFTVKDARGNDVNLGTYKGKVLLIVNVASQCGLTNSNYTELTALYEK
YKDKGLEILAFPCNQFGAQEPGSNEQILEFACTRFKAEYPIFDKVDVNGDNAAPIYKFLK
SSKGGLFGESIKWNFSKFLVDKEGHVVDRYAPTTSPLSIEKDVKKLLGLN*

Predicted MW= 18.76kDa; Predicted pI= 7.34

SEQ ID NO: 42
>Top Ranked Protein Name [Species]: glutathione S-transferase [Matricaria chamomilla] (Spot41)
----------GIEYEYK-------SSLLLEMNPVHK----------
----------FWADFVDKK----------GEEQETAKK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 43
>Top Ranked Protein Name [Species]: glutathione-s-transferase theta, gst, putative [Ricinus communis] (spot43)
MGVKVYGPTMSTCTARVLLCLEEVGAEYELVPINLSTGEHKQPAHLARNPFGQVPAFEDG
ALMLHESRAIARYVSRKYKSSGADLLKEGGLEESAMVDVWLEVESHQFDPAIGPIFFQSF
IVPMIGGVPDQTVINTNLEKLCKVLDIYEARLSKTKYLAGDFFSLADLSHVPLLYYFMGS
PHASVVNSRPHVKAWWEAVSSRPACKKVTSAMPGSA*

Predicted MW= 23.72kDa; Predicted pI= 6.62

FIG. 10L: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 44

>Top Ranked Protein Name [Species]: phospholipase D [Oryza sativa Japonica Group] (Spot 63)

MAQILLHGTLHVTIFEANSLSNPNRASGGAPKFIRQLVEGIEDTIGLGKGSSKLYATIDL
EKARVGRTRLITKEPVNPRWYESFHIYCAHMSANVIFTVKFDNPIGASLIGRAYLPVTEI
LNGEEVDRWIEICDEDRNPLDGGARIHVKVQYFDISKDRNWARGIRSAKYPGVPYTFFSQ
RQGCKVTLYQDAHVPDNFIPKIPLADGKYYEPHRCWEDIFDAISNAQHLIYITGWSVYTE
ITLVRDAKRQKPGGDVTLGELLKRKASEGVRVLMLVWDDRTSVGLLKKDGLMATHDEETA
NYFQDTDVHCVLCPRNPDDGGSFVQDLQISTMFTHHQKIVVVDHEMPNKSSQQRRIVSFV
GGIDLCDGRYDTQFHSLFRTLDTAHHDDFHQPNFADASIKKGGPREPWHDIHSRLEGPIA
WDVLYNFEQRWRKQGGKDLLVQLRDLADIVIPPSPVMFPEDRETWNVQLFRSIDGGAAFG
FPETPEDAARAGLVSGKDNIIDRSIQDAYINAIRRAKNFIYIENQYFLGSSFGWRADDIK
PEEVGALHLIPKELSLKIVSKIEAGERFTVYVVVPMWPEGVPESGSVQAILDWQRRTMEM
MYTDIILALQAKGIEANPKDYLTFFCLGNREVKKGGEYEPEEQPEADTDYSRAQQARRFM
IYVHTKMMIVDDEYIIIGSANINQRSMDGARDSEIAMGAYQPFYLSTRGLARGRIHGFRM
ALWYEHLGMLDDAFLHPESVECVQKVNRIADKYWDLYSSDNLDRDLPGHLLSYPIGVSSD
GVITELPGMEFFPDTRARVLGTKADYLPPILTT*

Predicted MW= 92.37kDa; Predicted pI= 5.85

SEQ ID NO: 45

>Top Ranked Protein Name [Species]: VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana](Spot 30)

----LSLDAKSEILPFLPCIFNRFDSVTK----------EITDLGMESFAR-
------LSCGSCTFGAKGINAMLEHCK----------
----------LQVTDIGLFGISK----------
----------RIGDQGLMSVAK----------

----------NLVACTLRR

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10M: Sequences of the forty-five proteins.

TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES

De la
AUTORIDAD INTERNACIONAL DE EXAMEN PRELIMINAR

por fax y correo

PCT

PARA:
RAHMAT LIM & PARTNERS
Suite 33.01, Level 33
The Gardens, North Tower
Mid Valley City
Lingkaran Syed Putra
59200 Kuala Lumpur
MALAISIE

Fax No.: +603 2287 1278

NOTIFICACIÓN DE LA TRANSMISIÓN DEL INFORME PRELIMINAR INTERNACIONAL SOBRE PATENTABILIDAD

(PCT REGLA 71.1)

Por facsímil el: 27.02. 14

Fecha de correo *(día/mes/año)*	**04.03.2014**
Referencia de Radicación del Agente o Solicitante **1201200330**	**NOTIFICACIÓN IMPORTANTE**

Solicitud internacional No.	**Fecha de radicación internacional (día/mes/año)**	**Fecha de prioridad (día/mes/año)**
PCT/MY2012/000071	30.03.2012	13.09.2011

Solicitante
Sime Darby Malaysia Berhad

1. Por la presente se notifica al solicitante que esta Autoridad Internacional de Examen Preliminar transmite a continuación el informe preliminar internacional sobre patentabilidad y sus anexos, si existe alguno, establecidos en la solicitud internacional.

2. Una copia del informe y sus anexos, si existe alguno, se está transmitiendo a la Oficina Internacional para la comunicación a todas las Oficinas seleccionadas.

3. Cuando cualquiera de las Oficinas seleccionadas lo requiera, la Oficina Internacional preparará una traducción al inglés del informe (pero no de ninguno de los anexos) y transmitirá dicha traducción a esas Oficinas.

4. **AVISO**

El solicitante debe entrar en la fase nacional ante cada Oficina seleccionada mediante la realización de ciertas acciones (radicación de traducciones y pago de la tasas nacionales) dentro de los 30 meses contados a partir de la fecha de prioridad (o después en algunas Oficinas) (Artículo 39 (1) (ver también el aviso enviado por la

Oficina Internacional en el Formato PCT/IB/301).

Cuando una traducción de la solicitud internacional se deba presentar a una Oficina seleccionada, esa traducción debe contener una traducción de todo anexo para el informe preliminar internacional sobre patentabilidad. El solicitante tiene la responsabilidad de preparar y presentar dicha traducción directamente a cada Oficina seleccionada interesada.

Para más detalles sobre los límites de tiempo aplicables y los requerimientos de las Oficinas seleccionadas, ver el Volumen II de la Guía PCT del Solicitante.

Se llama la atención del solicitante hacia el Artículo 33(5), el cual especifica que los criterios de novedad, nivel inventivo y aplicabilidad industrial descritos en el Artículo 33 (2) hasta (4) solamente sirven para los propósitos del examen internacional preliminar y que "cualquier Estado Contratante puede aplicar criterios adicionales o diferentes con el propósito de decidir si, en ese Estado, las invenciones reivindicadas son patentables o no" (ver también el Artículo 27 (5)). Dichos criterios adicionales pueden estar relacionados, por ejemplo, con exenciones de patentabilidad, los requerimientos para permitir la divulgación, la claridad y el soporte para las reivindicaciones.

Nombre y dirección de correo de la autoridad Internacional de examen preliminar:

Oficina Europea de Patentes
D-80298 Munich

Tel. +49 89 2399 - 0
Fax:+49 89 2399 - 4465

Oficial autorizado

Moreno, Ramon

Teléfono No. +49 89 2399-2658

TRATADO DE COOPERACION DE PATENTES

PCT

INFORME PRELIMINAR INTERNACIONAL SOBRE PATENTABILIDAD
(Capítulo II del Tratado de Cooperación de Patentes)

(PCT Artículo 36 y Regla70)

Referencia de radicación del agente o solicitante 1201200330	**PARA UNA ACCION POSTERIOR** Ver Formato PCT/IPEA/416	
Solicitud Internacional No. PCT/MY2012/000071	**Fecha de radicación internacional (día/mes/año)** 30.03.2012	**Fecha de prioridad (día/mes/año)** 13.09.2011
Clasificación de la Patente Internacional (IPC) o clasificación nacional y IPC INV. G01N33/569		
Solicitante **Sime Darby Malaysia Berhad**		

1. Este informe es el informe del examen preliminar internacional, establecido por esta Autoridad Internacional de Examen Preliminar bajo el Artículo 35 y transmitido al solicitante de acuerdo con el Artículo 36.

2. Este INFORME consiste de un total de 7 hojas, incluyendo esta hoja de cubierta.

3. Este informe también se acompaña con ANEXOS, que comprenden:
   a. ☐ *(enviar al solicitante y a la oficina internacional)* un total de hojas, como sigue:
      - ☐ Las hojas de la descripción, reivindicaciones y/o dibujos que han sido corregidos y/o las hojas que contienen rectificaciones autorizadas por esta Autoridad, excepto que esas hojas hayan sido sustituidas o canceladas, y todas las cartas complementarias (ver las Reglas 46.5, 66.8, 70.16, 91.2 y la Sección 607 de las Instrucciones Administrativas).

      - ☐ Las hojas que contienen rectificaciones, donde la decisión de no tenerlas en cuenta la tomó esta Autoridad porque no fueron autorizadas o notificadas a esta Autoridad en el momento en el que esta Autoridad comenzó a elaborar este informe, y todas las cartas complementarias (Reglas 66.4bis, 70.2(e), 70.16 y 91.2)

☐ Las hojas sustituidas y todas las cartas complementarias, en donde esta Autoridad considera bien sea que las hojas sustituidas contienen una corrección que va más allá de la divulgación en la solicitud internacional como se radicó, o que las hojas sustituidas no se acompañaron con una carta que indique los fundamentos para las correcciones en la solicitud como se radicó, como se indica en el punto 4 del Recuadro No. I y el Recuadro Suplementario (ver Regla 70.16(b)).

b. ☐ *(enviar a la Oficina Internacional solamente*) un total de (indicar el tipo y número de soportes electrónicos), que contienen una lista de secuencias, en forma electrónica únicamente, como se indica en el Recuadro Suplementario Relacionado con la Lista de Secuencias (ver el párrafo 3*bis* del Anexo C de las Instrucciones Administrativas).

4. Este informe contiene indicaciones relacionadas con los siguientes puntos:

☒	Recuadro No. I	Base del informe
☐	Recuadro No. II	Prioridad
☐	Recuadro No. III	No establecimiento de opinión con respecto a la novedad, nivel inventivo y aplicabilidad industrial
☒	Recuadro No. IV	Carencia de unidad de la invención
☒	Recuadro No. V	Declaración razonada bajo el Artículo 35 (2) con respecto a la novedad, nivel inventivo o aplicabilidad industrial; citas y explicaciones que soportan tal declaración.
☐	Recuadro No. VI	Ciertos documentos citados
☐	Recuadro No. VII	Ciertos defectos en la solicitud internacional
☐	Recuadro No. VIII	Ciertas observaciones sobre la solicitud internacional.

Fecha de presentación de la demanda	**Fecha al completar este reporte**
31.07.2013	**04.03.2014**
Nombre y dirección de correo de la autoridad Internacional de examen preliminar: Oficina Europea de Patentes D-80298 Munich Tel. +49 89 2399 - 0 Fax:+49 89 2399 - 4465	Oficial autorizado Weljland, Albert Teléfono No. +49 89 2399-7490

Formato PCT/IPEA/409 (Hoja de Cubierta) (Julio2011)

Recuadro No. I Base del informe

1. Con respecto al **idioma**, este informe está basado en

☒ La solicitud internacional en el idioma en el cual fue radicado

☐ Una traducción de la solicitud internacional a, el cual es el idioma de una traducción suministrada para los propósitos de:

☐ Búsqueda internacional (bajo las Reglas 12.3 (a) y 23.1 (b))
☐ Publicación de la solicitud internacional (bajo la Regla 12.4 (a))
☐ Examen preliminar internacional (bajo las Reglas 55.2 (a) y/o 55.3 (a) y (b))

2. Con respecto a los **elementos*** de la solicitud internacional, este reporte está basado en (*las hojas de reemplazo que han sido suministradas a la Oficina que recibe como respuesta a una invitación bajo el Articulo 14, se mencionan en este informe como "originalmente radicadas" y no se anexan a este informe):*

Descripción, Páginas

1-73 como se radicaron originalmente

Listas de secuencias, SEQ ID NO

1-45 como se radicaron originalmente

Reivindicaciones, Números

1-53 como se radicaron originalmente

Dibujos, Hojas

1/22-22/22 como se radicaron originalmente

☒ Una lista de secuencias – ver el Recuadro Suplementario Relacionado con la Lista de Secuencias

3. ☐ Las correcciones han resultado en la cancelación de:

☐ La descripción, páginas
☐ Las reivindicaciones, Nos.
☐ Los dibujos, hojas/figs.
☐ La lista de secuencias (*especificar):*
☐ Cualquier tabla(s) relacionada(s) con la lista de secuencias (*especificar):*

4. ☐ Este informe se ha establecido como si (alguna de) las correcciones anexadas a este informe y listadas abajo no se hubieran hecho, debido a que o se ha considerado que ellas van más allá de la divulgación como se radicó, o no se acompañaron con una carta que indique el fundamento para las correcciones en la solicitud como se radicó, como se indica en el Recuadro Suplementario (Reglas 70.2 (c) y (c-bis)):

☐ La descripción, páginas
☐ Las reivindicaciones, Nos.
☐ Los dibujos, hojas/figs.
☐ La lista de secuencias (*especificar):*

5. ☐ Este informe se ha establecido:

☐ teniendo en cuenta la rectificación de un error obvio autorizado por o notificado a esta Autoridad bajo la Regla 91 (Reglas 66.1(d-bis) y 70.2 (e)).

☐ sin tener en cuenta la rectificación de un error obvio autorizado por o notificado a esta Autoridad bajo la Regla 91 (Reglas 66.4bis y 70.2 (e)).

6. ☐ El informe(s) suplementario(s) de búsqueda internacional de la(s) Autoridad(es) se ha/han recibido y tenido en cuenta para elaborar este informe (Regla 45bis.8(b) y (c)).

Recuadro No. IV Carencia de unidad de la invención

1. ☒ En respuesta a la invitación para restringir o para pagar tasas adicionales, el solicitante tiene, dentro del límite aplicable de tiempo:

   ☐ restringidas las reivindicaciones

   ☐ pagadas las tasas adicionales

   ☐ pagadas las tasas adicionales bajo reclamo y, donde sea aplicable, la tasa de reclamo.

   ☐ pagadas las tasas adicionales bajo reclamo pero la tasa de reclamo aplicable no se pagó.

   ☒ ni restringidas las reivindicaciones ni pagadas las tasas adicionales.

2. ☐ Esta Autoridad encontró que no se cumple el requerimiento de unidad de la invención y escogió, de acuerdo con la Regla 68.1 no invitar al solicitante a restringir o a pagar tasas adicionales.

3. Esta Autoridad considera que el requerimiento de unidad de la invención de Acuerdo con las Reglas 13.1, 13.2 y 13.3 es:

   ☐ Cumplió

   ☒ No cumplió por las razones siguientes:

   ver hoja separada

4. En consecuencia, este informe se ha elaborado respecto a las siguientes partes de la solicitud Internacional:

☐ Todas las partes.

☒ las partes relacionadas con las reivindicaciones Nos. 3 (completamente); 1, 2, 41-53 (parcialmente).

Recuadro No. V Declaración razonada bajo el Artículo 35(2) con respecto a la novedad, el nivel inventivo o la aplicabilidad industrial; citas y explicaciones que soportan tal declaración.

---

1. Declaración

Novedad (N)	Sí:	Reivindicaciones	1-3, 41-53
	No:	Reivindicaciones	
Nivel inventivo (IS)	Sí:	Reivindicaciones	1-3, 41-53
	No:	Reivindicaciones	
Aplicabilidad Industrial (IA)	Sí:	Reivindicaciones	1-3, 41-53
	No:	Reivindicaciones	

2. Citas y explicaciones (Regla 70.7):

ver hoja separada

Recuadro Suplementario relacionado con la Lista de Secuencias

Continuación del Recuadro I, punto 2:

1. Respecto a cualquier secuencia de nucleótidos y/o aminoácidos divulgada en la solicitud internacional y necesaria para la invención reivindicada, esta opinión se ha establecido con base en la lista de secuencias radicada o elaborada:

   a. (medios)

   ☒ en papel

   ☒ en forma electrónica

   b. (tiempo)

   ☒ en la solicitud internacional como se radicó

   ☐ junto con la solicitud internacional en forma electrónica

   ☒ subsecuentemente a esta Autoridad para los propósitos de la búsqueda y/o examen

   ☐ a esta Autoridad como una corrección en

2. ☒ Adicionalmente, en el caso de que más de una versión o copia de una lista de secuencias se haya radicado o elaborado, las declaraciones requeridas respecto a que la información en las copias subsecuentes o adicionales sean idénticas a aquella en la solicitud como se radicó o que no vayan más allá de la solicitud como se radicó, como apropiadas, se elaboraron.

3. Comentarios adicionales:

   **Si el punto 4 en el Recuadro No. 1 aplica, la lista de secuencias, la cual forma parte de los fundamentos de este informe puede marcarse como "sustituida".*

Los documentos siguientes (D) se mencionan en este informe; la numeración se seguirá en el resto del procedimiento:

D1: Journal of Biotechnology 2008, Vol. 11(3), Páginas 1-9

D2: Plasmid 2009, 62, Páginas 191-200

D3: PNAS vol. 108 (30), 2011, Páginas 12527-12532

D4: Plant physiology vol. 156, 2011, Páginas 564-584

D5: Molecular Biology Reports 32, 2005, Páginas 227-235

D6: Journal of Biological Chemistry vol. 279(21), 2004, Páginas 22548-22557

Sección IV

1. Falta de unidad (Artículo 13 PCT)

Esta autoridad considera que la solicitud no cumple los requerimientos de unidad de la invención y que hay invenciones:

Invención 1, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); la reivindicación 3 (completamente)

Los métodos para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad que comprende, determinar el nivel de la proteína 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína-metiltransferasa en el tejido del mesocarpio de un fruto de palma de

aceite parental y los métodos para obtener aceite de palma y para predecir la producción de aceite y un paquete que comprende un anticuerpo para la detección de dicha proteína, i.e. 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína-metiltransferasa.

Invención 2, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); la reivindicación 4 (completamente)

Los métodos para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad que comprende, determinar el nivel de la proteína abscísica de maduración y estrés en el tejido del mesocarpio de un fruto de palma de aceite parental y los métodos para obtener aceite de palma y para predecir la producción de aceite y un paquete que comprende un anticuerpo para la detección de dicha proteína, i.e. abscísica de maduración y estrés.

Invención 3, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); la reivindicación 5 (completamente)

Los métodos para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad que comprende, determinar el nivel de la proteína actina-6 en el tejido del mesocarpio de un fruto de palma de aceite parental y los métodos para obtener aceite de palma y para predecir la producción de aceite y un paquete que comprende un anticuerpo para la detección de dicha proteína, i.e. proteína actina-6.

Invenciones 4-37, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); las reivindicaciones 6-39 (completamente)

Los métodos para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad que comprende, determinar el nivel de la proteína actina E a la lipocalina inducida por temperatura (ver lista en la reivindicación 1) en el tejido del mesocarpio de un fruto de palma de aceite parental y los métodos para obtener aceite de palma y para predecir la producción de aceite y un paquete que comprende un anticuerpo para la detección de dicha proteína, i.e. actina E a la lipocalina inducida por temperatura (ver lista en la reivindicación 1).

Invención 38, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); la reivindicación 40 (completamente)

Los métodos para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad que comprende, determinar el nivel de la proteína ortóloga de proteína desconocida de picea sitchenis en el tejido del mesocarpio de un fruto de palma de aceite parental y los métodos para obtener aceite de palma y para predecir la producción de aceite y un paquete que comprende un anticuerpo para la detección de dicha proteína, i.e. ortóloga de proteína desconocida de picea sitchenis.

Este informe se limita a la invención 1, el marcador para el cual se han pagado las tasas, y el cual se ha buscado, i.e. la metionina sintasa o la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa.

Sección V

2. Novedad de la invención 1, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 parcialmente; la reivindicación 3 (completamente)

2.1 Las reivindicaciones 1-3 y 41-53 son novedosas (Artículo 33(2) PCT).

D1 a D3 describen muchas trayectorias posibles y enzimas potenciales involucradas en la producción de aceite en el tejido del mesocarpio de un fruto de una planta parental de palma de aceite. Sin embargo, a pesar de que se menciona la trayectoria de síntesis de la metionina en relación con un mecanismo subyacente a la maduración del mesocarpio del fruto de la palma de aceite (D4, figura 4), la enzima 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, o metionina sintasa, no se menciona explícitamente. Por lo tanto, las reivindicaciones 1-4 y 41-48 son novedosas.

A pesar de que los anticuerpos contra dicha enzima son conocidos en el estado del arte previo (D6 figura 2, por ejemplo), este anticuerpo no se describe en combinación con un extracto del tejido del mesocarpio de un fruto de una palma de aceite de referencia. Por lo tanto, las reivindicaciones 49-53 también son novedosas.

D1 (resumen; página 2, columna derecha, primer párrafo) describe el desarrollo de vectores para la producción de palma de aceite transgénica potencialmente con

oleato alto. Con el fin de aplicar ingeniería genética a los frutos de la palma de aceite para producir oleato alto, se pueden expresar tres genes en el mesocarpio, i.e. PAT, SAD y KASII.

D2 (resumen) describe la ingeniería genética de los objetivos en la palma de aceite. Con el fin de producir polihidroxibutirato (PHB) y polihidroxibutirato-co-valerato (PHBV) se clonaron varios genes en Arabidopsis thaliana, i.e. phbA, phbB y phbC.

D3 (resumen) describe un análisis comparativo de transcriptomas y metabolitos de la palma de aceite y data el mesocarpio de la palma. Se relacionó el contenido alto de aceite en la palma de aceite con los niveles de transcripción mucho más altos para todas las enzimas de síntesis de ácidos grasos, los transportadores de plastidios y el metabolismo plastidial de carbono.

3. Nivel Inventivo de la Invención 1, las reivindicaciones 1, 2, 41-53 (parcialmente); la reivindicación 3 (completamente) (Artículo 33(3) PCT)

3.1 Las reivindicaciones 1-3, 41-44

D2 puede considerarse como el más cercano al estado del arte previo. La reivindicación 1 difiere de D2 en que con el fin de obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento, se determina el nivel de la proteína metionina sintasa.

El problema técnico por resolver residiría en encontrar una proteína alternativa para obtener una planta de palma de aceite de alta productividad.

La persona versada en la materia, provista con el conocimiento de D2, no estaría motivada a alcanzar el contenido de la reivindicación 1, debido a que D4 describe un problema similar, i.e. la optimización del aceite de palma, y D4 (resumen) describe que la trascripción coordinada con etileno es relevante en este respecto. Es bien conocido en el estado del arte previo que la metionina es un precursor del etileno. Sin embargo, la 5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, o metionina sintasa, no tiene que ver con la producción de etileno. Ninguno de los documentos del estado del arte previo sugiere que la expresión de la metionina sintasa se eleva en relación con la optimización de la síntesis del aceite de palma.

Por lo tanto, las reivindicaciones 1-3, 41-44 conllevarían un nivel inventivo.

3.2 La reivindicación 45

Ver la sección 3.1.1 arriba, una planta de palma de aceite donde el nivel de metionina sintasa se ha influenciado de acuerdo con las reivindicaciones 1-3, 41-44 conllevaría también un nivel inventivo.

3.3 Las reivindicaciones 46-48

Ver la sección 3.1.1 arriba.

3.4 Las reivindicaciones 49-53

Un paquete adaptado para llevar a cabo las reivindicaciones de los métodos de las secciones 3.1.1 a 3.1.3 sería inventivo también, debido a que no es una combinación obvia de elementos, i.e. un anticuerpo antimetionina sintasa y un extracto control, para llevar a cabo los métodos mencionados bajo las secciones 3.1.1 a 3.1.3.

En conclusión, las reivindicaciones 1-3 y 41-53 conllevan un nivel inventivo, bajo la condición de que se puede mostrar que la expresión de metionina sintasa se relaciona con la producción de aceite de palma.

PATENT COOPERATION TREATY

From the
INTERNATIONAL PRELIMINARY EXAMINING AUTHORITY

by fax and post

PCT

To:

RAHMAT LIM & PARTNERS
Suite 33.01, Level 33
The Gardens, North Tower
Mid Valley City
Lingkaran Syed Putra
59200 Kuala Lumpur
MALAISIE

Fax No.: +603 2287 1278

NOTIFICATION OF TRANSMITTAL OF THE INTERNATIONAL PRELIMINARY REPORT ON PATENTABILITY
(PCT Rule 71.1)

By facsimile on: 27.02.14

Date of mailing *(day/month/year)*	04.03.2014
Applicant's or agent's file reference 1201200330	**IMPORTANT NOTIFICATION**

International application No.	International filing date *(day/month/year)*	Priority date *(day/month/year)*
PCT/MY2012/000071	30.03.2012	13.09.2011

Applicant
Sime Darby Malaysia Berhad

1. The applicant is hereby notified that this International Preliminary Examining Authority transmits herewith the international preliminary report on patentability and its annexes, if any, established on the international application.

2. A copy of the report and its annexes, if any, is being transmitted to the International Bureau for communication to all the elected Offices.

3. Where required by any of the elected Offices, the International Bureau will prepare an English translation of the report (but not of any annexes) and will transmit such translation to those Offices.

4. **REMINDER**

The applicant must enter the national phase before each elected Office by performing certain acts (filing translations and paying national fees) within 30 months from the priority date (or later in some Offices) (Article 39(1)) (see also the reminder sent by the International Bureau with Form PCT/IB/301).

Where a translation of the international application must be furnished to an elected Office, that translation must contain a translation of any annexes to the international preliminary report on patentability. It is the applicant's responsibility to prepare and furnish such translation directly to each elected Office concerned.

For further details on the applicable time limits and requirements of the elected Offices, see Volume II of the PCT Applicant's Guide.

The applicant's attention is drawn to Article 33(5), which provides that the criteria of novelty, inventive step and industrial applicability described in Article 33(2) to (4) merely serve the purposes of international preliminary examination and that "any Contracting State may apply additional or different criteria for the purposes of deciding whether, in that State, the claimed inventions is patentable or not" (see also Article 27(5)). Such additional criteria may relate, for example, to exemptions from patentability, requirements for enabling disclosure, clarity and support for the claims.

Name and mailing address of the international preliminary examining authority:	Authorized Officer
European Patent Office D-80298 Munich Tel. +49 89 2399 - 0 Fax: +49 89 2399 - 4465	Moreno, Ramon Tel. +49 89 2399-2658

PATENT COOPERATION TREATY

PCT

INTERNATIONAL PRELIMINARY REPORT ON PATENTABILITY

(Chapter II of the Patent Cooperation Treaty)

(PCT Article 36 and Rule 70)

Applicant's or agent's file reference 1201200330	**FOR FURTHER ACTION**	See Form PCT/IPEA/416
International application No. PCT/MY2012/000071	International filing date *(day/month/year)* 30.03.2012	Priority date *(day/month/year)* 13.09.2011

International Patent Classification (IPC) or national classification and IPC
INV. G01N33/569

Applicant
Sime Darby Malaysia Berhad

1. This report is the international preliminary examination report, established by this International Preliminary Examining Authority under Article 35 and transmitted to the applicant according to Article 36.
2. This REPORT consists of a total of 7 sheets, including this cover sheet.
3. This report is also accompanied by ANNEXES, comprising:
   a. ☐ *(sent to the applicant and to the International Bureau)* a total of sheets, as follows:
      ☐ sheets of the description, claims and/or drawings which have been amended and/or sheets containing rectifications authorized by this Authority, unless those sheets were superseded or cancelled, and any accompanying letters (see Rules 46.5, 66.8, 70.16, 91.2, and Section 607 of the Administrative Instructions).
      ☐ sheets containing rectifications, where the decision was made by this Authority not to take them into account because they were not authorized by or notified to this Authority at the time when this Authority began to draw up this report, and any accompanying letters (Rules 66.4bis, 70.2(e), 70.16 and 91.2).
      ☐ superseded sheets and any accompanying letters, where this Authority either considers that the superseding sheets contain an amendment that goes beyond the disclosure in the international application as filed, or the superseding sheets were not accompanied by a letter indicating the basis for the amendments in the application as filed, as indicated in item 4 of Box No. I and the Supplemental Box (see Rule 70.16(b)).
   b. ☐ *(sent to the International Bureau only)* a total of (indicate type and number of electronic carrier(s)) , containing a sequence listing, in electronic form only, as indicated in the Supplemental Box Relating to Sequence Listing (see paragraph 3*bis* of Annex C of the Administrative Instructions).

4. This report contains indications relating to the following items:
   - ☒ Box No. I Basis of the report
   - ☐ Box No. II Priority
   - ☐ Box No. III Non-establishment of opinion with regard to novelty, inventive step and industrial applicability
   - ☒ Box No. IV Lack of unity of invention
   - ☒ Box No. V Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement
   - ☐ Box No. VI Certain documents cited
   - ☐ Box No. VII Certain defects in the international application
   - ☐ Box No. VIII Certain observations on the international application

Date of submission of the demand	Date of completion of this report
31.07.2013	04.03.2014

Name and mailing address of the international preliminary examining authority:
European Patent Office
D-80298 Munich
Tel. +49 89 2399 - 0
Fax: +49 89 2399 - 4465

Authorized officer
Weijland, Albert
Telephone No. +49 89 2399-7490

Box No. I Basis of the report

1. With regard to the **language**, this report is based on

   ☒ the international application in the language in which it was filed

   ☐ a translation of the international application into , which is the language of a translation furnished for the purposes of:

   - ☐ international search (under Rules 12.3(a) and 23.1(b))
   - ☐ publication of the international application (under Rule 12.4(a))
   - ☐ international preliminary examination (under Rules 55.2(a) and/or 55.3(a) and (b))

2. With regard to the **elements*** of the international application, this report is based on *(replacement sheets which have been furnished to the receiving Office in response to an invitation under Article 14 are referred to in this report as "originally filed" and are not annexed to this report)*:

Description, Pages

1-73 as originally filed

Sequence listings, SEQ ID NO

1-45 as originally filed

Claims, Numbers

1-53 as originally filed

Drawings, Sheets

1/22-22/22 as originally filed

☒ a sequence listing - see Supplemental Box Relating to Sequence Listing.

3. ☐ The amendments have resulted in the cancellation of:

   - ☐ the description, pages
   - ☐ the claims, Nos.
   - ☐ the drawings, sheets/figs
   - ☐ the sequence listing *(specify)*:
   - ☐ any table(s) related to sequence listing *(specify)*:

4. ☐ This report has been established as if (some of) the amendments annexed to this report and listed below had not been made, since either they are considered to go beyond the disclosure as filed, or they were not accompanied by a letter indicating the basis for the amendments in the application as filed, as indicated in the Supplemental Box (Rules 70.2(c) and (c-bis)):

   - ☐ the description, pages
   - ☐ the claims, Nos.
   - ☐ the drawings, sheets/figs
   - ☐ the sequence listing *(specify)*:

5. ☐ This report has been established:
   - ☐ taking into account the rectification of an obvious mistake authorized by or notified to this Authority under Rule 91 (Rules 66.1(d-bis) and 70.2(e)).
   - ☐ without taking into account the rectification of an obvious mistake authorized by or notified to this Authority under Rule 91(Rules 66.4bis and 70.2(e)).

6. ☐ Supplementary international search report(s) from Authority(ies) has/have been received and taken into account in establishing this report (Rule 45bis.8(b) and (c)).

Box No. IV Lack of unity of invention

1. ☒ In response to the invitation to restrict or pay additional fees, the applicant has, within the applicable time limit:
   - ☐ restricted the claims.
   - ☐ paid additional fees.
   - ☐ paid additional fees under protest and, where applicable, the protest fee.
   - ☐ paid additional fees under protest but the applicable protest fee was not paid.
   - ☒ neither restricted the claims nor paid additional fees.

2. ☐ This Authority found that the requirement of unity of invention is not complied with and chose, according to Rule 68.1, not to invite the applicant to restrict or pay additional fees.

3. This Authority considers that the requirement of unity of invention in accordance with Rules 13.1, 13.2 and 13.3 is:
   - ☐ complied with.
   - ☒ not complied with for the following reasons:

     see separate sheet

4. Consequently, this report has been established in respect of the following parts of the International application:
   - ☐ all parts.
   - ☒ the parts relating to claims Nos. 3(completely); 1, 2, 41-53(partially) .

Box No. V Reasoned statement under Article 35(2) with regard to novelty, inventive step or industrial applicability; citations and explanations supporting such statement

1. Statement

Novelty (N)	Yes:	Claims	1-3, 41-53
	No:	Claims	
Inventive step (IS)	Yes:	Claims	1-3, 41-53
	No:	Claims	
Industrial applicability (IA)	Yes:	Claims	1-3, 41-53
	No:	Claims	

2. Citations and explanations (Rule 70.7):

see separate sheet

Supplemental Box relating to Sequence Listing

Continuation of Box I, item 2:

1. With regard to any nucleotide and/or amino acid sequence disclosed in the international application and necessary to the claimed invention, this opinion has been established on the basis of a sequence listing filed or furnished:

   a. (means)

   ☒ on paper

   ☒ in electronic form

   b. (time)

   ☒ in the international application as filed

   ☐ together with the international application in electronic form

   ☒ subsequently to this Authority for the purposes of search and/or examination

   ☐ to this Authority as an amendment on

2. ☒ In addition, in the case that more than one version or copy of a sequence listing has been filed or furnished, the required statements that the information in the subsequent or additional copies is identical to that in the application as filed or does not go beyond the application as filed, as appropriate, were furnished.

3. Additional comments:

* *If item 4 in Box No. I applies, the sequence listing, which forms part of the basis of the report, may be marked "superseded."*

The following documents (D) are referred to in this report; the numbering will be adhered to the rest of the procedure:

D1: Journal of Biotechnology 2008, Vol. 11(3), Pages 1-9

D2: Plasmid 2009, 62, Pages 191-200

D3: PNAS vol. 108 (30), 2011, Pages 12527-12532

D4: plant physiology vol. 156, 2011, Pages 564-584

D5: Molecular Biology Reports 32, 2005, Pages 227-235

D6: Journal of Biological Chemistry vol. 279(21), 2004, Pages 22548-22557.

Section IV

1. Non-Unity (Article 13 PCT)

This authority considers that the application does not meet the requirements of unity of the invention and that there are inventions:

Invention 1, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 3 (completely)

methods for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising, determining the level of 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase protein in mesocarp tissue of a fruit of parental oil palm and methods for obtaining palm oil and for predicting oil yield and a kit comrpising an antibody for the detection of said protein, i.e. 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase.

Invention 2, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 4 (completely)

methods for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising, determining the level of abscisic stress ripening protein in mesocarp tissue of a fruit of parental oil palm and methods for obtaining palm oil and for predicting oil yield and a kit comrpising an antibody for the detection of said protein, i.e. abscisic stress ripening.

Invention 3, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 5 (completely)

methods for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising, determining the level of actin-6 protein in mesocarp tissue of a fruit of parental oil palm and methods for obtaining palm oil and for predicting oil yield and a kit comrpising an antibody for the detection of said protein, i.e. actin-6 protein.

Inventions 4-37, claims 1, 2, 41-53 (partially); claims 6-39 (completely)

methods for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising, determining the level of actin E to temperature-induced lipocalin (see list in claim 1) protein in mesocarp tissue of a fruit of parental oil palm and methods for obtaining palm oil and for predicting oil yield and a kit comrpising an antibody for the detection of said protein, i.e. actin E to temperature-induced lipocalin (see list in claim 1).

Invention 38, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 40 (completely)

methods for obtaining a high-yielding oil palm plant comprising, determining the level of unknown protein-of-picea-sitchenis ortholog protein in mesocarp tissue of a fruit of parental oil palm and methods for obtaining palm oil and for predicting oil yield and a kit comrpising an antibody for the detection of said protein, i.e. unknown protein-of-picea-sitchenis ortholog.

This report is restricted to invention 1, the marker for which fees has been paid, and which has been searched, i.e. methionine synthase or 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase.

Section V

2. Novelty of Invention 1, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 3 (completely)

2.1 Claims 1-3 and 41-53 are novel (Article 33(2) PCT).

D1 to D3 describe many possible pathways and potential enzymes involved in oil production in mesocarp tissue of a fruit of a parental oil palm plant. However, despite the methionine synthetising pathway is mentioned in relation to a regulatory mechanism underlying oil palm fruit mesocarp maturation (D4, figure 4), the enzyme 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase, or methionine synthase, is not mentioned explicitly. Therefore, claims 1-4 and 41-48 are novel. Despite that antibodies against said enzyme are known in the prior art (D6 figure 2, for example), this antibody is not described in combination with an extract of mesocarp tissue of a fruit of a reference oil palm. Therefore, claims 49-53 are novel also.

D1 (abstract; page 2, right column, first paragraph) describes the development of vectors for the production of potentially high oleate transgenic oil palm. In order to genetically engineer the oil palm fruits for producing high oleate, three genes can be expressed in the mesocarp, i.e. PAT, SAD and KASII.

D2 (abstract) describes the genetic engineering of targets in oil palm. In order to produce polyhydroxybutyrate (PHB) and polyhydroxybutyrate-co-valerate (PHBV) several genes were cloned in Arabidopsis thaliana, i.e. phbA, phbB and phbC.

D3 (abstract) describes a comparative transcriptome and metabolite analysis of oil palm and date palm mesocarp. High oil content of in oil palm was associated with much higher transcription levels for all fatty acid synthesis enzymes, plastid transporters and plastidial carbon metabolism.

3. Inventive Step of Invention 1, claims 1, 2, 41-53 (partially); claim 3 (completely) (Article 33(3) PCT)

3.1 Claims 1-3, 41-44

D2 can be considered as the closest prior art. Claim 1 differs from D2 in that in order to obtain a high yield oil palm plant, the level of the methionine synthase protein is determined.

The technical problem to be solved would reside in finding an alternative protein for obtaining a high yielding oil palm plant.

The skilled person, equipped with the knowledge of D2, would be not motivated to arrive at the subject matter of claim 1, since D4 describes a similar problem, i.e. the optimation of palm oil, and D4 (abstract) describes that the ethylene coordinated transcription is relevant in this respect. It is well known in the prior art that methionine is a precursor of ethylene. However, 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase or methionine synthase is not concerned in ethylene production. None of the other prior art documents suggests that methionine synthase expression is elevated in relation to the optimation of palm oil synthesis.

Therefore, claim 1-3, 41-44 would involve an inventive step.

3.2 Claim 45

See section 3.1.1 above, an oil palm plant were the level of methionine synthase has been influenced according claims 1-3, 41-44 would involve an inventive step also.

3.3 Claims 46-48

See section 3.1.1 above.

3.4 Claims 49-53

A kit adapted to carry out the method claims of sections 3.1.1 to 3.1.3 would be inventive also, since it is a non-obvious combination of elements, i.e. an anti methionine synthase antibody and a control extract, to carry out the methods mentioned under sections 3.1.1 to 3.1.3.

In conclusion, claims 1-3 and 41-53 involve an inventive step, under the provision that it can be shown that the expression of methionine synthase relates to the production of palm oil.

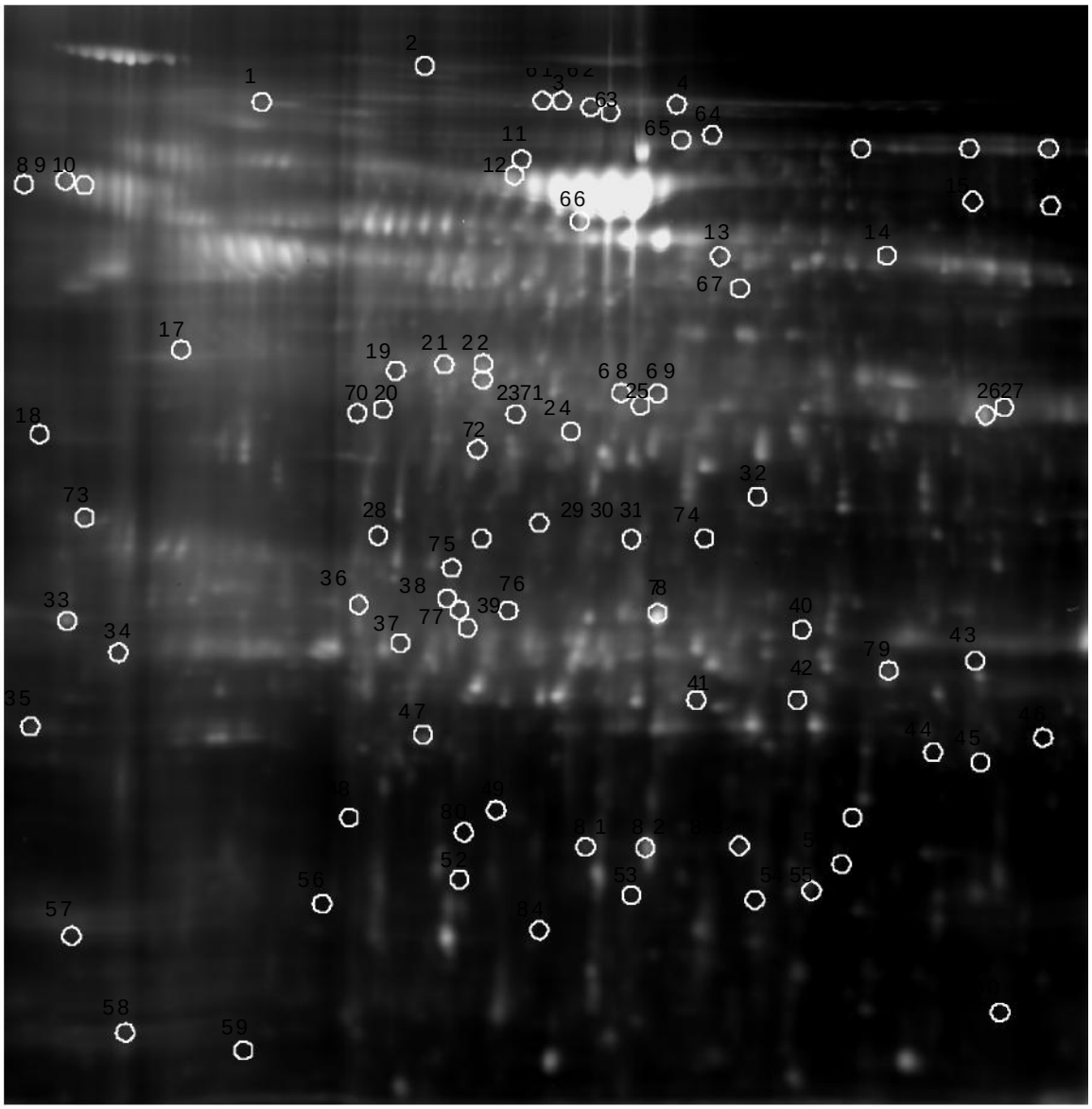

2
1
3
63
4
64
65
11
8 9 10
12
66
13
14
67
17
19
21 22
68 69
70 20
23 71
24
25
26 27
18
72
73
32
28
29 30 31
74
75
36
38
76
78
33
77
39
40
37
34
43
79
42
41
35
47
44
45
46
49
48
80
81
82
52
56
53
54 55
57
84
58
59

FIG. 1: H2a / h1a.

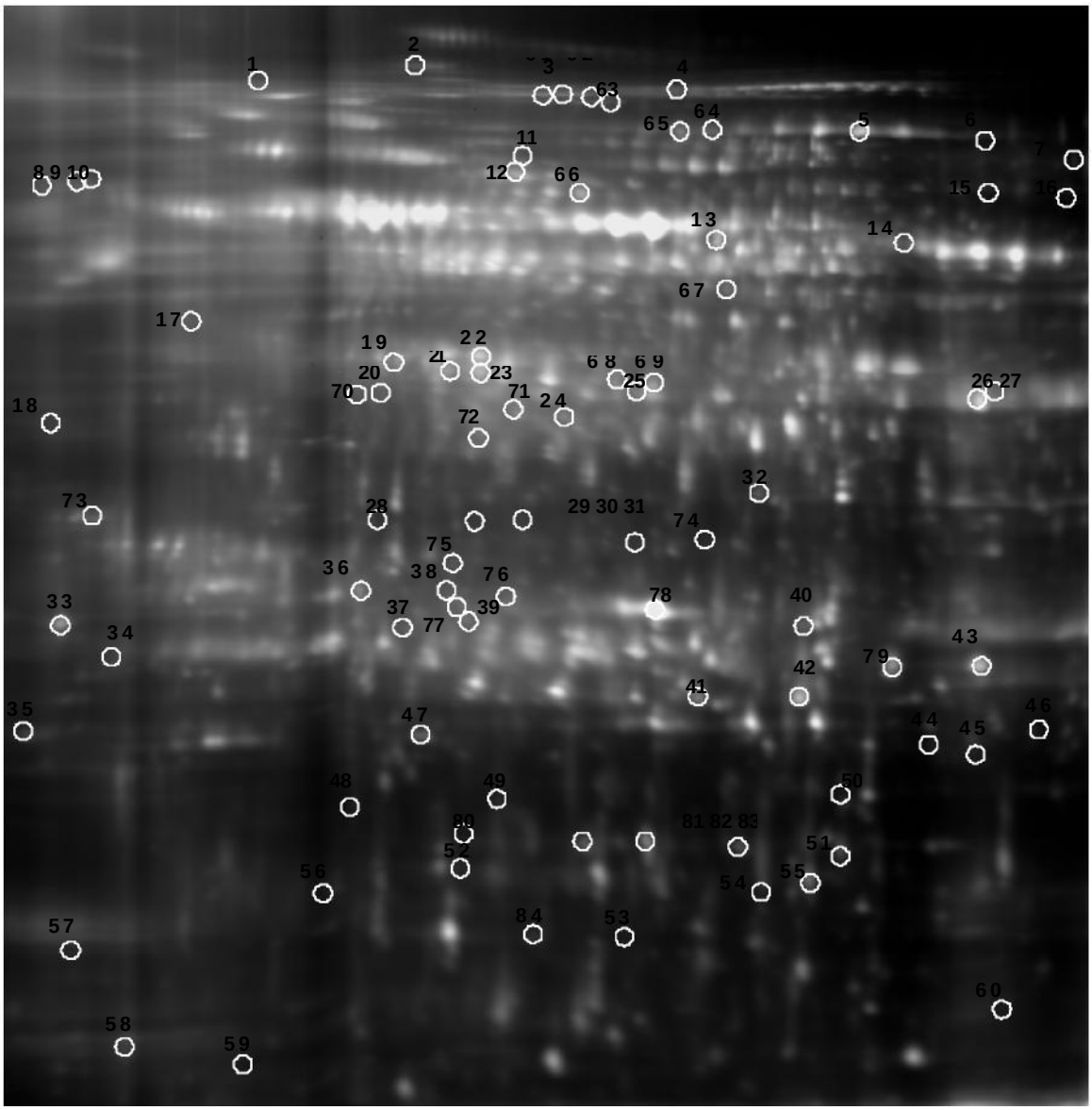

1
2
3
4
63
64
65
5
6
7
8 9 10
11
12
66
15
16
13
14
67
17
19
22
21
23
20
70
71
24
72
68
69
25
26-27
18
32
73
28
29 30 31
74
75
36
38
76
33
37
39
77
78
40
34
43
79
42
41
35
47
46
44
45
48
49
50
80
81 82 83
52
51
56
54
55
84
53
57
60
58
59

FIG. 2: H4a / h6a.

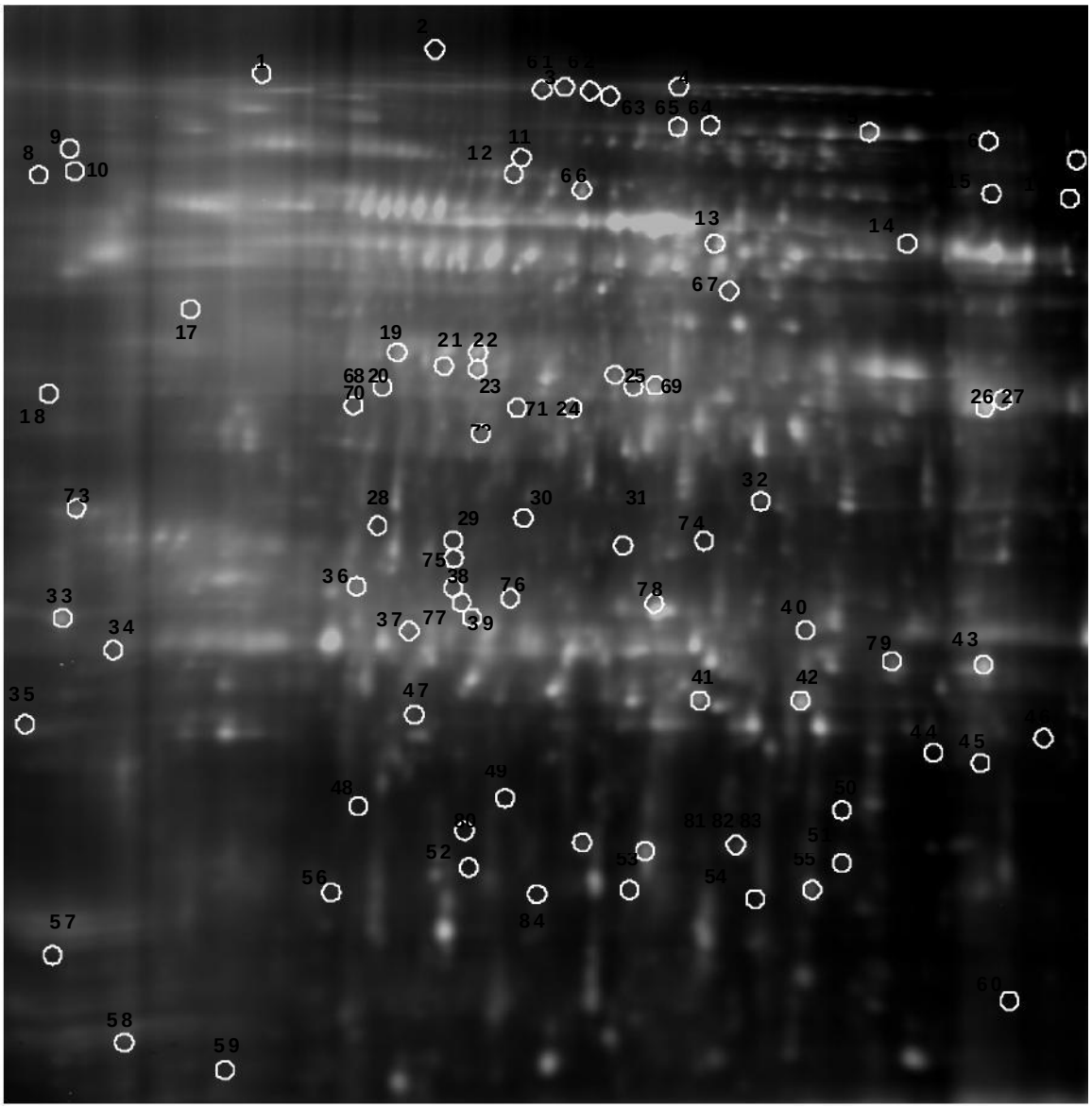

2
1
61 62
63 65 64
9
8
10
12
11
66
15
13
14
67
17
19
21 22
68 20
70
23
25
69
71 24
18
26 27
73
28
30
31
32
29
74
75
36
38
76
78
33
37
77
39
40
34
79
43
41
42
35
47
44
45
49
48
50
81 82 83
52
56
54
55
57
84
60
58
59

FIG. 3: H6a / h9a.

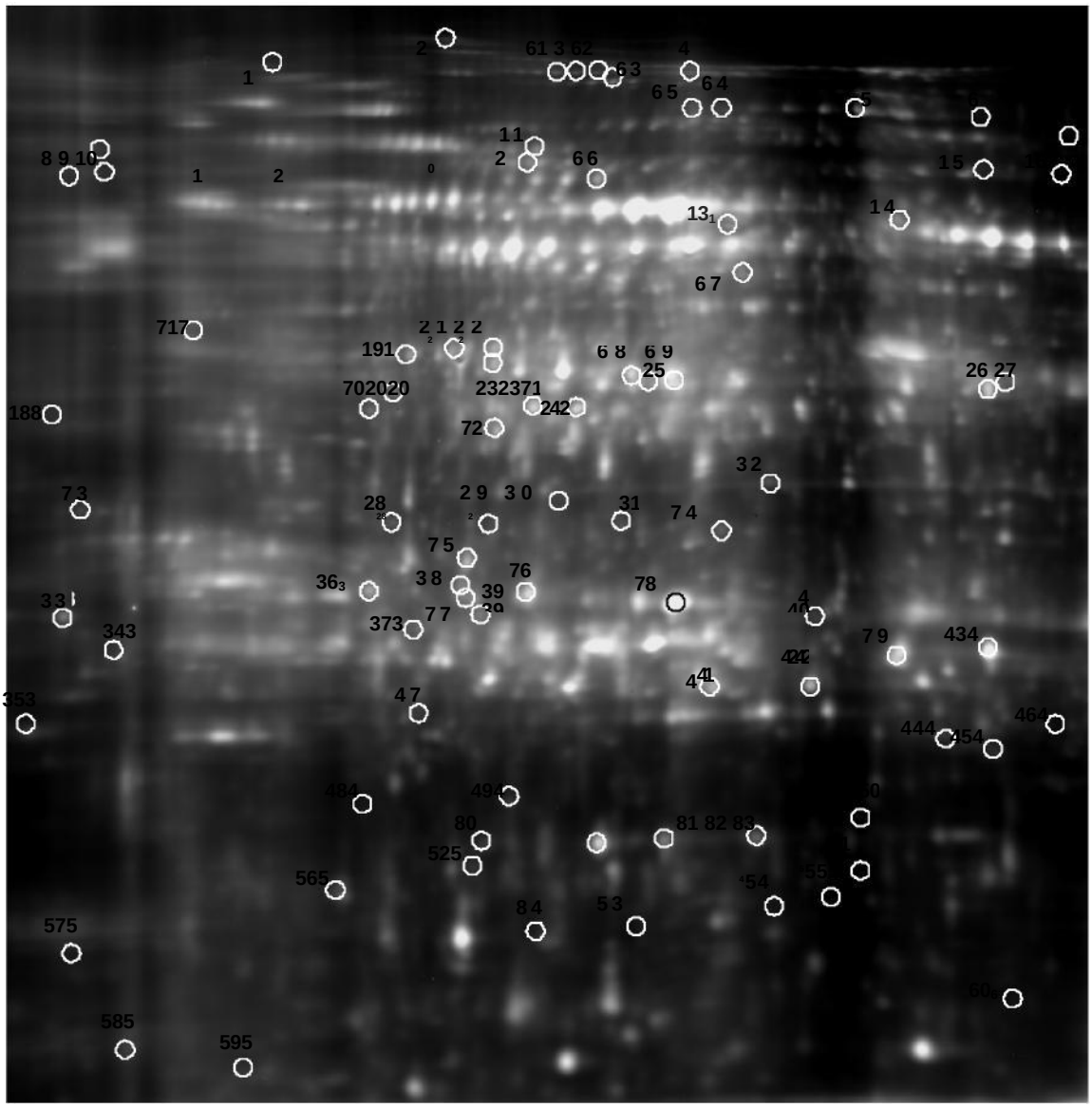

2
61 3 62
4
1
63
64
65
11
8 9 10
1
2
0
2
66
15
14
13
67
717
2 1 2 2
191
68 69
25
26 27
702020
232371
242
188
72
32
73
29 30
28
31
74
75
76
38
36
39
78
33
77
373
343
79
434
47
353
444
454
484
80
81 82 83
525
565
54
55
84
53
575
585
595

FIG. 4: H2b / h1b.

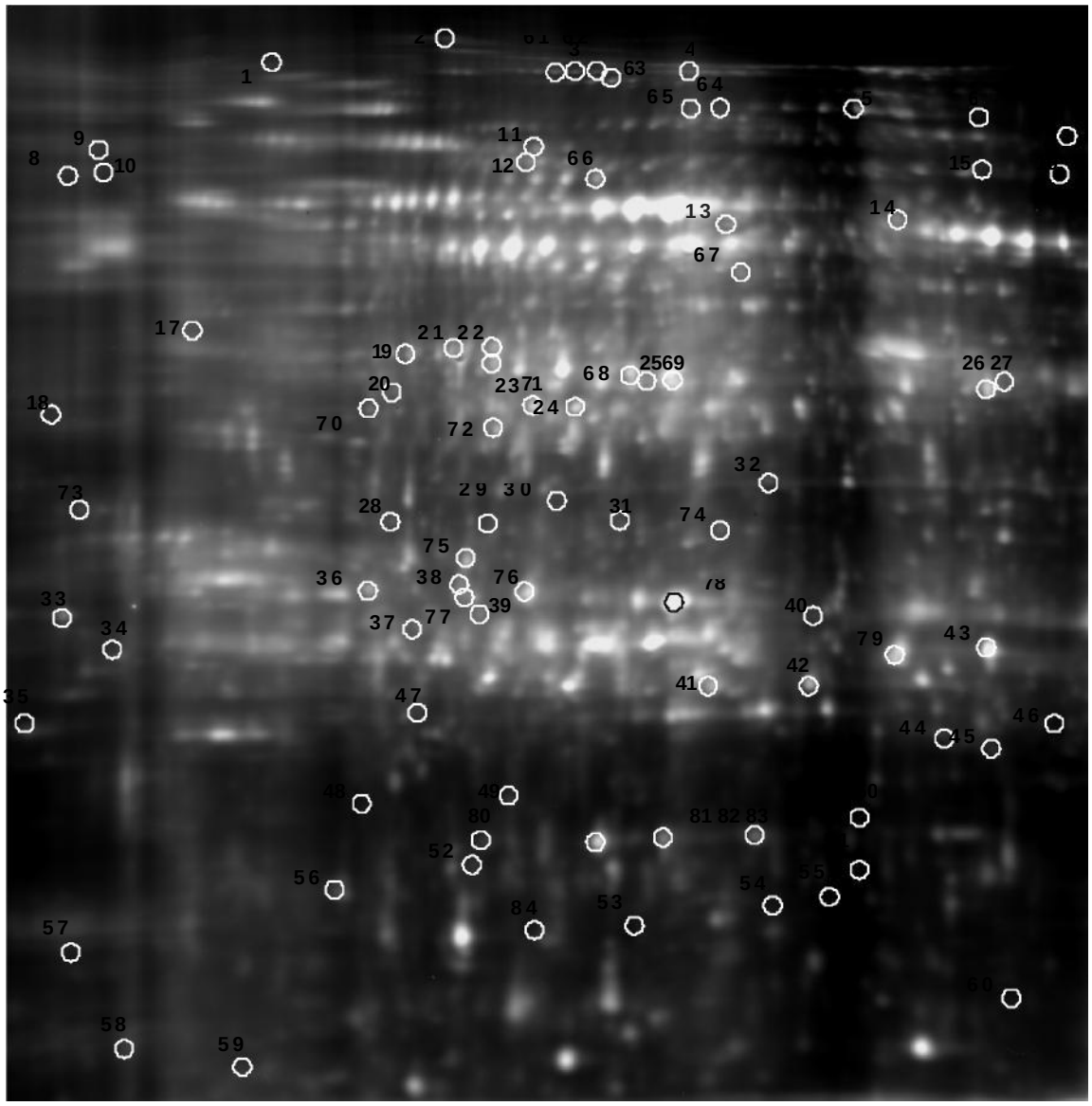


FIG. 5: H4b / h6b.

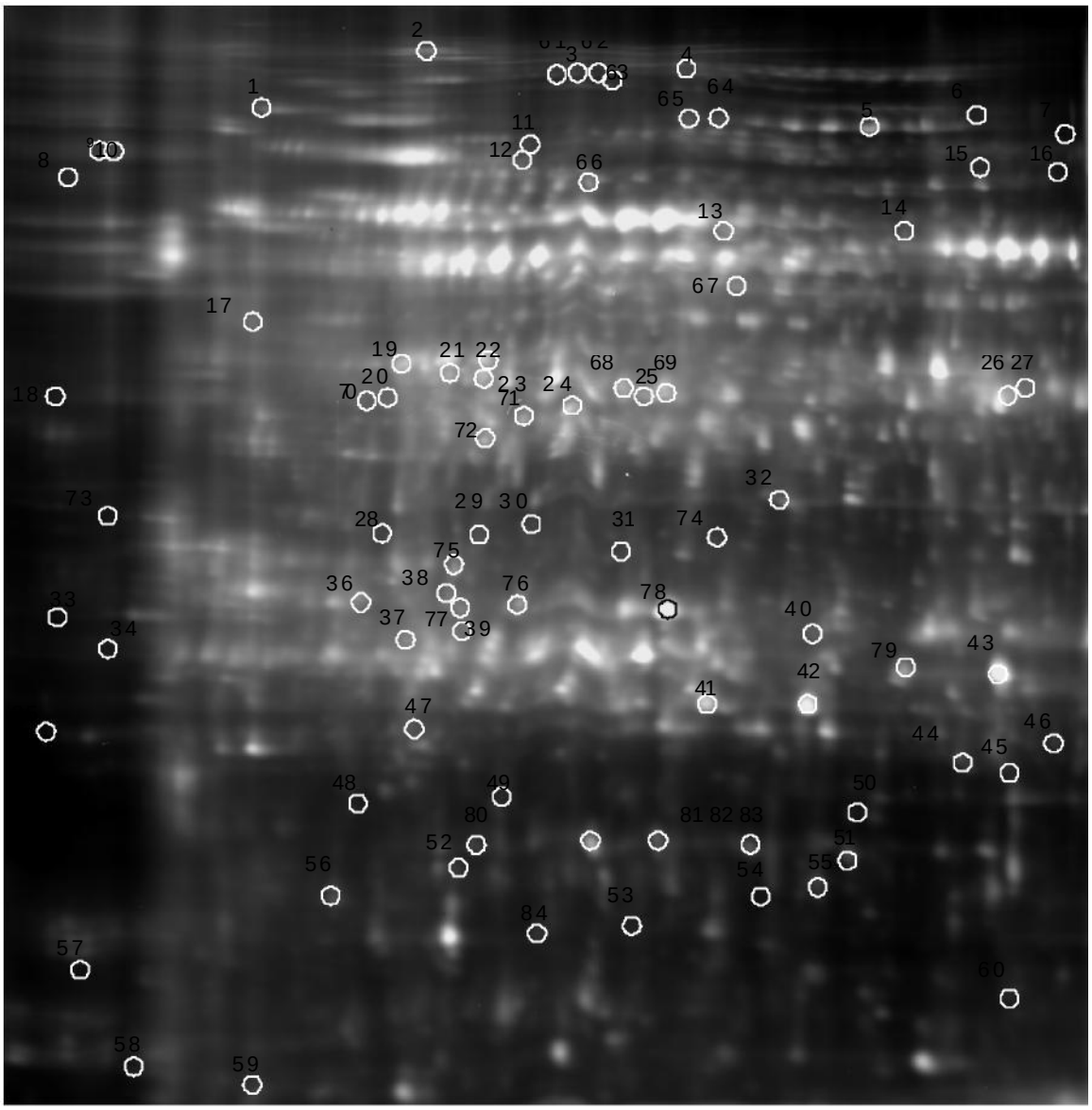

2
4
1
65
64
6
5
7
11
12
66
8
15
16
13
14
67
17
19
21 22
68
69
26 27
18
20
23
24
25
71
72
32
73
29 30
28
31
74
75
36
38
76
78
40
33
37
77
39
34
79
43
42
41
47
44
46
45
48
49
50
80
81 82 83
52
51
56
54
55
53
84
57
60
58
59

FIG. 6: H6b / h9b.

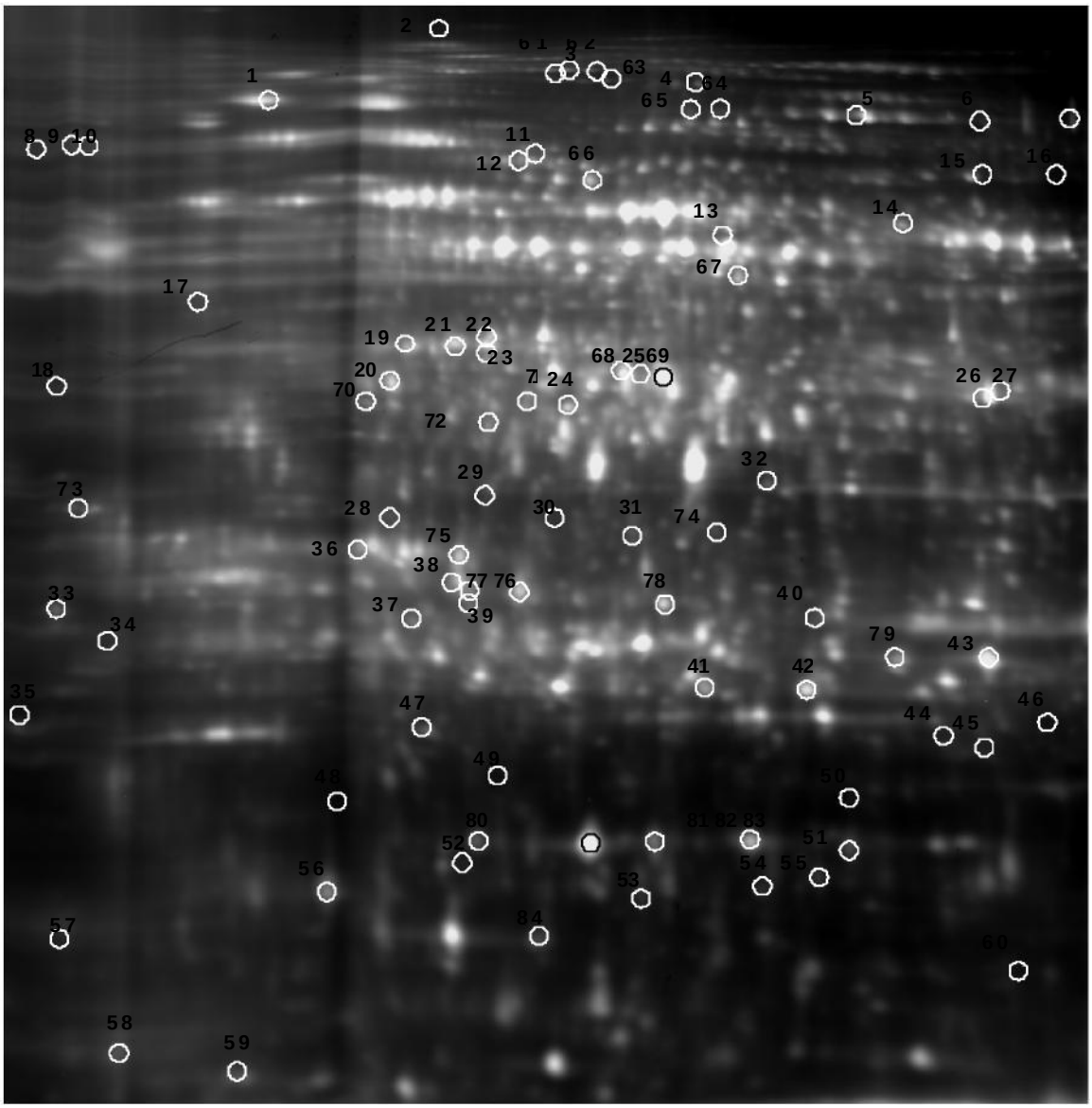

2
1
63
4
64
65
5
6
8 9 10
11
12
66
15
16
13
14
67
17
21 22
19
23
68 25 69
18
20
70
7 24
26 27
72
29
32
73
28
30
31
74
75
36
38
77 76
78
40
33
37
39
34
79
43
41
42
35
47
44
45
46
49
48
50
80
81 82 83
52
51
56
54 55
53
84
57
60
58
59

FIG. 7: H2c / h1c.

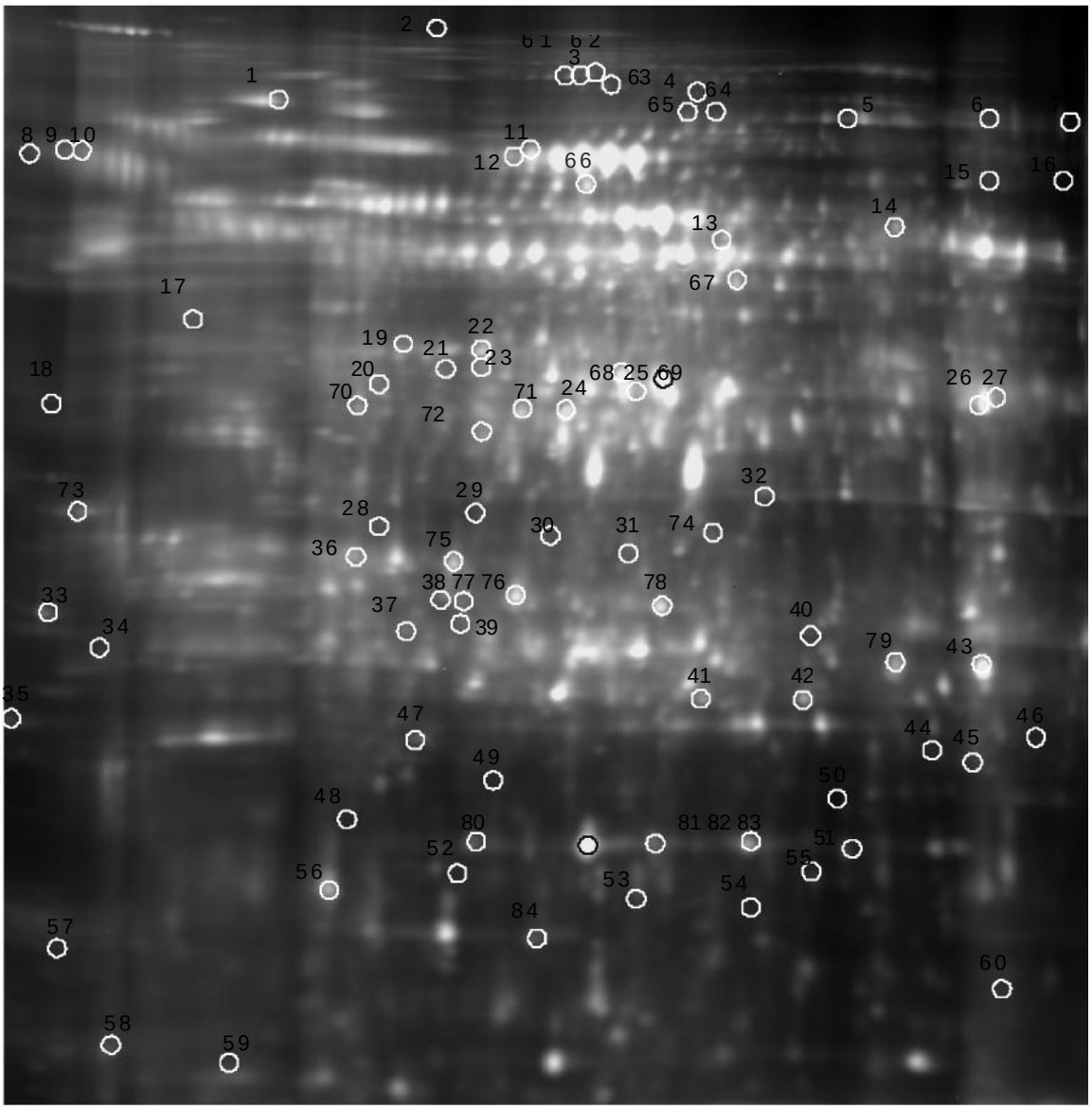

2
61 62
3
1
63 4
64
65
5
6
7
8 9 10
11
12
66
15
16
14
13
67
17
22
19
21
23
18
20
68 25 69
26 27
70
71
24
72
32
73
29
28
30
31
74
75
36
38 77 76
78
33
37
40
34
39
79
43
41
42
35
47
44
45
46
49
50
48
80
81 82 83
51
52
55
56
53
54
84
57
60
58
59

FIG. 8: H4c / h6c.

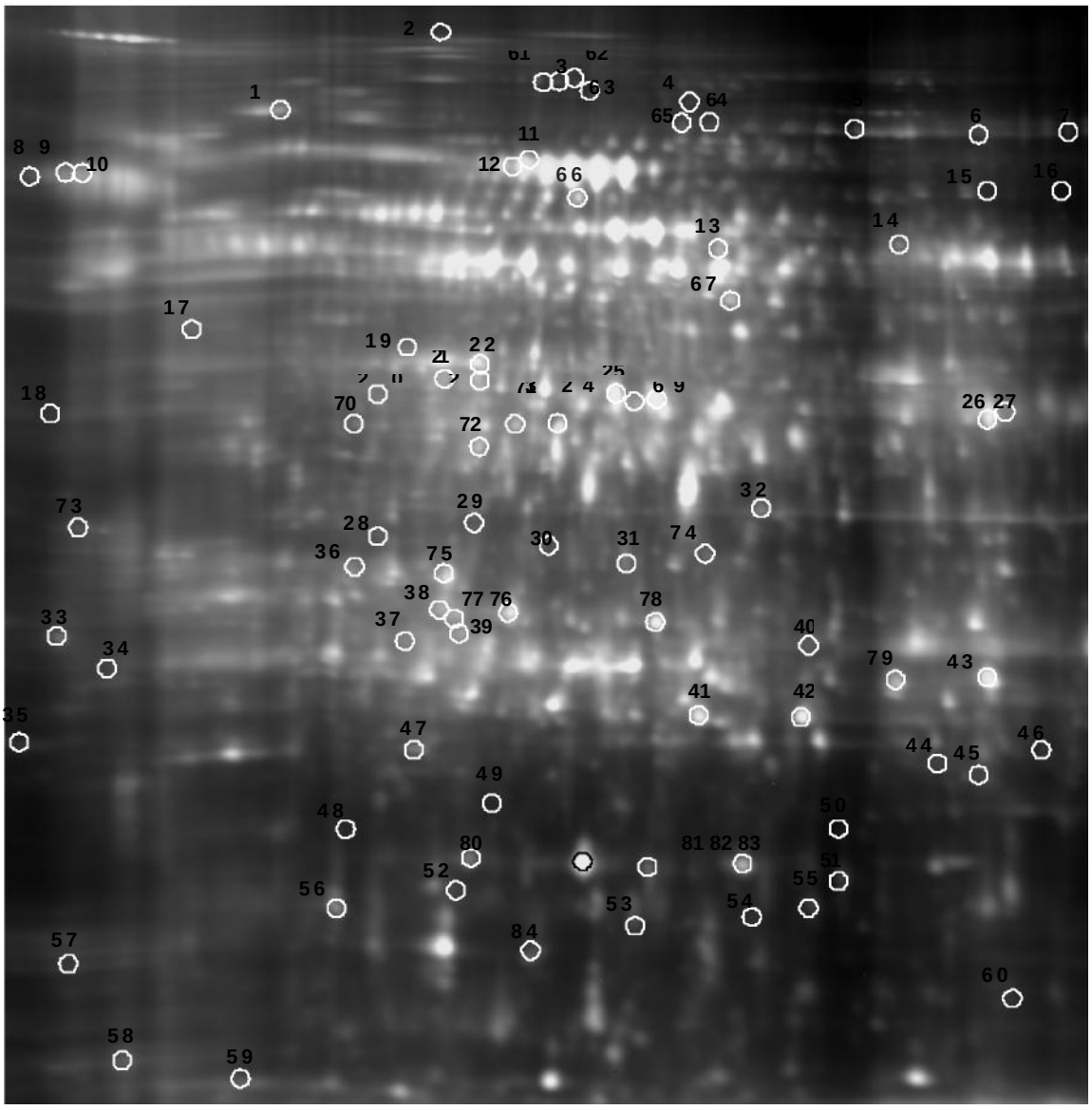

2
1
3
4
64
65
5
6
7
8 9
10
11
12
66
15
16
13
14
67
17
19
22
18
70
72
26 27
73
29
28
32
36
75
30
31
74
38
77 76
78
33
37
39
40
34
79
43
41
42
35
47
46
44
45
49
48
50
80
81 82 83
52
56
53
54
55
57
84
60
58
59

FIG. 9: H6c / h9c.

SEQ ID NO: 1
>Top Ranked Protein Name [Species]: 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase [Oryza sativa] (Spot 65)
MASHVVGYPRMGPKRELKFALESFWDGKSSAADLQKVSQDLRCSIWKQMSDAGVKYIPSN
TFSYYDQVLDATAMLGAVPQRYGWSGGEIGFDTYFSMARGNASVPAMEMTKWFDTNYHYI
VPELAPDTKFTYASHKAVSEYKEAKALGIDTVPVLIGPVTYLLLSKPAKGVEKAFPLLSL
LGNVLPVYKEVIAELKAAGASWVQFDEPHL*

Predicted MW= 23.25kDa; Predicted pI= 6.96

SEQ ID NO: 2
>Top Ranked Protein Name [Species]: abscisic stress ripening protein [Musa acuminata subsp. burmannicoides] (spot 78)
MEHLGEMGAVAAGAFALYEKHEAKKHPEHAHRHKIEEEIAAAVAVGSGGYAFHEHHEKKA
AKKEAEES

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 3
>Top Ranked Protein Name [Species]: actin 6 [Populus trichocarpa] (Spot 22)
MADAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDMKEKLAYVALDYEQELETAKSSSSVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMEAAGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIADRMSKEITALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
KGEYDESGPSIVHRKCF*

Predicted MW= 41.63kDa; Predicted pI= 5.16

SEQ ID NO: 4
>Top Ranked Protein Name [Species]: actin E [Elaeis guineensis] (spot 76)
MAEAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVTNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPVLLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFNVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVTHTVPIYEGFALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLGYVALDYEQELETAKSSSSVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMEAAGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIADRMSKEISALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIS
KEEYDECGPAIVHRKCF*

Predicted MW= 41.68kDa; Predicted pI= 5.06

FIG. 10A: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 5

>Top Ranked Protein Name [Species]: biotin carboxylase precursor [Glycine max] (Spot 67)

MDSMIACKSGCLPPGLFIRPTRGIRSSQCSFMVGNDPKFCKISFPRKRTACAIRKSKKNG
GALNATCYDEKILVANRGEIAVRVIRTAHEMGIPCVAVHSTIDQDALHVRLADEAVCIGE
APSSQSYLFIPNVLSAAVSRGCTMLHPGYGFLAENAGFVDICKEHGINFIGPNPDSIRVM
GDKSTARETMKKAGVPTVPGSDGLLQSTEEAVKLAHEIGFPVMIKATAGGGGRGMRLAYE
PEQFVKLLQQAKSEAAAAFGNDGVYLEKYIQNPRHIEFQVLADKYGNVVHFGERDCSIQR
RNQKLLEEAPSPALTPELRKAMGDAAVAAAASIGYIGVGTVEFLLDERGSFYFMEMNTRI
QVEHPVTEMISSTDLIEEQIRVALGERLTYKQEDIVLRGHSIECRINAEDAFKGFRPGPG
KITSYLPSGGPFVRMDSHVYPGYVVPPSYDSLLGKLIVWAPTREKAIERMKRALDDTIIT
GIPTTIEYHKLILDIEDFRNGKVDTAFIPKHEKDLTAPHKLVLSTSEKELAGVGA*

Predicted MW= 58.48kDa; Predicted pI= 7.51

SEQ ID NO: 6

>Top Ranked Protein Name [Species]: caffeic acid O-methyltransferase [Vanilla planifolia](Spot 23)

MGSIEKQGMPAPSVENQAGDEASCMYALQLASSSILPMTLKAAIELGVLEIIAKAGSVGK
LSPAQVAAQLPTENPMAATMLDRMLRLLASYNILTCSVEVDADGKPLRRYGPAPVCKWLT
KNEDGVSMAALTLMNQDKVLMESWYYLKDAVLDGGIPFNKAYGMTAFEYHGTDPRFNKVF
NEGMKNHSIIITKKLLEFYKGFEDVNVLVDVGGGIGATLHMITSKYPHIKGINFDLPHVI
SEAPPFPGVEHIGGDMFASVPSGDAILMKWIMHDWSDEHCAKILENCYKALPNNGKVILC
ECILPVAPEPVPSAQGVFHVDMIMLAHNPGGKERTEKEYQDLAKGAGFTGFKAQYCFSTA
WVLEFTK*

Predicted MW= 40.06kDa; Predicted pI= 5.80

SEQ ID NO: 7

>Top Ranked Protein Name [Species]: catalase 2 [Elaeis guineensis] (Spot 9)

MDPYKFRPSSANNSPFWTTNSGAPVWNNNSSLTVGNRGPILLEDYHVIEKLAQFDRERIP
ERVVHARGASAKGFFEVTHDVSHLTCADFLHAPGVQTPVIVRFSTVIHERGSPETLRDPR
GFAVKFYTREGNFDLVGNNFPVFFVRDGIKFPDMVHALKPNPKSHIQENWRIVDFFSHHP
ESLHMFTFLFDDVGVPADYRHMDGSGVNTYTLINKEGKARYVKFHWRPTCGVKCLLEDEA
VIVGGNNHSHATKDLYDSIAAGNYPEWKLFIQTIDPDHEDRFDFDPLDVTKTWPEDILPL
QPVGRMVLNKNIDNFFAENEQLAFCP

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 8

>Top Ranked Protein Name [Species]: conserved hypothetical protein [Ricinus communis] (Spot 59)

MAAIANSFVSIRDLRPPALSGCPLKPSPQSLVSCSPMNLSLSTIRWRRAKIATYKSRITV
QAAYSDGGRPNSASIFIGGFVLGGIIVGTLGCVYAPQISKILAGADRKDLMRKLPKFIYD
EEKALERTRKILADKIEQLNSAIDDVSSQLRADDGPNGVAVASDEVEAAI*

Predicted MW= 18.21kDa; Predicted pI= 9.53

FIG. 10B: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 9
>Top Ranked Protein Name [Species]: fibrillin-like protein [Elaeis guineensis] (Spot 73)
MAGVASWKPMALKAPPAAPPLRYHSSIHPIPIGAPASVFQKAPILRSAMGLPLAAAPIRP
RAIADDEEWGGELGEEEGAAAGGLAVAEQEEEEVKVEPIEVGELKRKLMDLLYGTDRGLQ
ASSETRAEIVEVINQLEVRNPTPAPTEALTLLNGKWILAYTSFSPLFPLLGSARLPELVK
VEEISQTIDSENFTVQNSVQFAVPLATTSVTTNAKFEVRSPKRVQIKFEEGIIGTPQLTD
SIVLPEKVEFLGQNIDLSPFKSVITSVQNAASSVARTISERPPWKISINNDNAQSWLLTT
YLDEELKISRADGGGIFLLIKEGSSLLN*

Predicted MW= 35.47kDa; Predicted pI= 4.57

SEQ ID NO: 10
>Top Ranked Protein Name [Species]: FQR1 (FLAVODOXIN-LIKE QUINONE REDUCTASE 1) [Arabidopsis thaliana] (Spot46)
MATKVYIVYYSMYGHVEKLAEEIKRGASTVGGVEAKMWQVPETLPEEVLGKMGAPPKSDV
PIITPNELAEADGIIFGFPTRFGMMAAQFKAFLDATGGLWRAQQLAGKPAGIFYSTGSQG
GGQETTPLTAITQLVHHGMIFVPIGYTFGAGMFEMEKVKGGSPYGAGTYAGDGSRFPSEL
ELEQAFHQGKYFAGIAKKFKSSS*

Predicted MW= 21.75kDa; Predicted pI= 6.97

SEQ ID NO: 11
>Top Ranked Protein Name [Species]: fructose-bisphosphate aldolase [Elaeis guineensis] (spot 74)
MSAYCGKYHDELIKNAAYIGTPGKGILAADESTGTIGKRLASINVENVEENRRALRELLF
CTPGALQYLSGVILFEETLYQKTKDGKPFVEVLKEGGVLPGIKVDKGTIELAGTNGETTT
QGHDDLAKRCQKYYEAGARFAKWRAVLKIGPTEPSQLAIDLNAHGLARYAIICQENGLVP
IVEPEILVDGPHDIKRCADVTERVLAACYKALNDHHVLLEGTLLKPNMVTPGSESAKVAP
EVVAEYAVRALQRTVPAAVPAIVFLSGGQSEEEATLNLNAMNKLGGKKPWSLSFSFGRAL
QQSTLKAWAGKVENVEKARAAFLARCKANSEATLGKYEGDAAGGEGVSESLHVKDYKY*

Predicted MW= 38.61kDa; predicted pI= 7.14

SEQ ID NO: 12
>Top Ranked Protein Name [Species]: glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis] (Spot 26)
MFVVGVNEKEYKSDINVVSNASCTTNCLAPLAKVIHDKFGIVEGLMTTVHSITATQKTVD
GPSSKDWRGGRAASFNIIPSSTGAAKAVGKVLPALNGKLTGMAFRVPTVDVSVVDLTVRL
EKSATYDQIKDAIKEESEGKMKGILGYVDEDLVSTDFLGDSRSSIFDAKAGIALNGNFVK
LVSWYDNEWGYSSRVVDLIRHIHGTQ*

Predicted MW= 22.20kDa; Predicted pI= 6.95

FIG. 10C: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 13
>Top Ranked Protein Name [Species]: H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar-group)] (Spot 19)
MDLGKSASTSATLK ---------- FYYELR ---------- YVPFQCPSSR ---------- RIQPLQAR ----------
---------- ELAEAHEDLTK----------
---------- LSCPELDLREILDQGAASDVR---------- FEVAELER ------ EKAVETLRGREVWFSSYL
QSCCTSMARVCR----------
---------- SMSPLAEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 14
>Top Ranked Protein Name [Species]: Large subunit of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase [Chlorogonium elongatum] (Spot 56)
------- DYRLTYYTPDYVVRDTDVLAAFR ---------- ALRLEDLR ----------
SQAETGEVKGHYLNVTAGTAEEMLK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 15
>Top Ranked Protein Name [Species]: Lea1P [Daucus carota] (Spot 48)
MASHQDTSYK----------DQTGSYVSDKASAAR--
SCETGQAAK---------- EKASQMGESAK ---------TGGVISSAAEQVKGMAQGATEAVKNTFGMGGGNEEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 16
>Top Ranked Protein Name [Species]: methionine synthase protein [Sorghum bicolor] (Spot 5)
MGPKRELKFALESFWDGKSSADDLQKVAADLRCSIWKQMADAGIKYIPSNTFSYYDQVLD
TTAMLGAVPQRYGWSGAEIGFDTYFSMARGNALVPAMEMTKWFDTNYHYIVPELAPDTKF
TYASHKAVSEYKEAKALGIDTVPVLIGPVTYLLLSKPAKGVEKSFATLSLLGNVLPIYQE
VIMELKAAGASWIQFDEPTLVMDLDAHQLEAFTKAYSELESSFSGLNVLVETYFADVPAE
AYKTITTLNGVSGFGFDLVRGTNTLDLIKSAGFPSGKYLFAGVVDGRNIWANDLASSLSS
LGVLEAIVGKDNLVVSTSCSLMHTAVDLVNETKLDGEIKSWLAFAAQKVVEVNALAKALA
GHKDEAFFSANAAAQASRKSSPRVTNEEVQTAAAALKGSDHCRATNVSARLDA

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10D: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 17
>Top Ranked Protein Name [Species]: Mitochondrial peroxiredoxin [Pisum sativum] (Spot 51)
MASALMRARRSAALPSAAVMALRRAFAAASVGCDIVSAAPGVALQKARSWDEGVSSKFST
TPLKDIFLGKQVVVFGLPGAFTGVCSAQHVPSYKNNIDKFKAKGIDSVICVAVNDPYVLN
GWAENLQAKEAIDFYGDFDGSFHKSLELDLDLSAALLGHRSQRWSAYVVDGKIKVLNVEK
VPSEFKVSGGEVILGQF*

Predicted MW= 21.06kDa; Predicted pI= 8.83

SEQ ID NO: 18
>Top Ranked Protein Name [Species]: Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 58)
MMKGTKKAIFLFLLLSSLVIISHCVTPLTIKPVNRDDDEYQCVYTVYIRTGSIWKGGTDS
VISLVLAGSDGWGVAITDIESWGGIMEAGHNYFERGNLDIFSGRGPCLSTPPCWMNLTSD
GSGSHHGWYCNYVEVTTTGPHMGCAQQLFTVEQWLATDAAPYQLYATRDSCTGRGNAEEE
PKIGDRIGRHVTHVA*

Predicted MW= 21.38kDa; Predicted pI= 5.85

SEQ ID NO: 19
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown protein Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 66)
MGSSEFSWKLADHPKLPKGKTVAVVVLDGWGEANPDKYNCIHVAETPAMDSLKKGAPDRW
RLVRAHGTAVGLPTEDDMGNSEVGHNALGAGRIYAQGAKLVDLALASGKIYEGEGFKYIK
ECFDQGTLHLIGLLSDGGVHSRLDQLQLLLKGASENGAKRIRVHVLTDGRDVLDGSSVGF
VETLENDLLKLREKGVDAQIASGGGRMYVTMDRYENDWGVVKRGWDAQVLGEAPHKFQSA
VEAVKKLREVPKANDQYLAPFVIVDESGKAVGPIVDGDAVVTFNFRADRMVMLAKALEYE
DFDKFDRVRFPKIQYAGMLQYDGELKLPSHYLVSPPEIERTSGEYLVHNGIRTFACSETV
KFGHVTFFWNGNRSGYFDPSMEEYVEIPSDAGITFNVKPKMKAVEIAEKARDAILSRKFD
QVRVNLPNGDMVGHTGDIEATVVACKAADDAVKMILDAIEQVGGIYVVTADHGNAEDMVK
RNKSGQPQLDKNGDIQILTSHTLQPVPVAIGGPGLAPGVGFRKDVPNGGLANIAATVMNL
HGFEAPSDYEPTLIEVVDN*

Predicted MW= 60.86kDa; Predicted pI= 5.39

SEQ ID NO: 20
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown protein Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)] (Spot 68)
MADAEDIQPLVCDNGTGMVKAGFAGDDAPRAVFPSIVGRPRHTGVMVGMGQKDAYVGDEA
QSKRGILTLKYPIEHGIVSNWDDMEKIWHHTFYNELRVAPEEHPILLTEAPLNPKANREK
MTQIMFETFDVPAMYVAIQAVLSLYASGRTTGIVLDSGDGVSHTVPIYEGYALPHAILRL
DLAGRDLTDALMKILTERGYSFTTTAEREIVRDIKEKLAYVALDYEQELETAKSSSAVEK
SYELPDGQVITIGAERFRCPEVLFQPSLIGMESPGIHETTYNSIMKCDVDIRKDLYGNIV
LSGGSTMFPGIGDRMSKEITALAPSSMKIKVVAPPERKYSVWIGGSILASLSTFQQMWIT
KAEYDESGPAIVHRKCF*

Predicted MW= 41.65kDa; Predicted pI= 5.06

FIG. 10E: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 21

>Top Ranked Protein Name [Species]: OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar- group)] (Spot 7)

MADIQMGEAETFAFQAEINQLLSLIINTFYSNKEIFLRELISNSSDALDKIRYEGLTDKS
KLDAQPELFIRLVPDKANKTLSIIDSGIGMTKADLVNNLGTIARSGTKEFMEALQAGADV
SMIGQFGVGFYSAYLVAEKVVVTTKHNDDEQYIWESQAGGSFTVTRDVSGEQLGRGTKIT
LYLKEDQLDYLEERRLKDLVKKHSEFISYPIYLWTEKTTEKEISDDEDEETKKEEEGDVE
NIDEEKETKSKKKKVKEVLHEWSLVNKQKPIWLRKPEEITKEEYASFYKSLTNDWEDHLA
VKHFSVEGQLEFKAILFVPKRAPFDLFDTRKKMNNIKLYVRRVFIMDNCEELIPEYLGFV
KGVVDSDDLPLNISREMLQQNKILKVIRKNLVKKCIELFSEIAENKEDYNKFYEAFSKNL
KLGIHEDSQNRAKLADLLRYHSTKSGDEMTSLKDYVTRMKEDQKDIYYITGESKKAVENS
PFLEKLKKKGYEVLFMVDAIDEYAVGQLKEYDGKKLVSATKEGLKIDESEDEKKRKEEKK
AAFESLCKVMKDILGDKVEKVVVSDRIVDSPCCLVTGEYGWTANMERIMKAQALKDNSMG
SYMSSKKTMEINPENGIMEEMRKRAEADKNDKSVKDLVLLLFETAILTSGFSLDDPNTFA
GRIHRMLKLGLSIDEDEAAGDDTDMPALEEDGNEESKMEEVD*

Predicted MW= 80.51kDa; Predicted pI= 4.72

SEQ ID NO: 22

>Top Ranked Protein Name [Species]: predicted protein [Ostreococcus lucimarinus CCE9901] (Spot 34)

---MKWCER---VYLTIELPDAKDAEVTIEAR

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 23

>Top Ranked Protein Name [Species]: predicted protein [Physcomitrella patens subsp. patens] (spot 79)

YIANKFEGQGTPIYGSTPVEK----------VLDIYEAR----

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10F: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 24
>Top Ranked Protein Name [Species]: Predicted protein [Populus trichocarpa] (Spot 20)
MASSSAQIHVLGSAAAFPSSRKPSARISSSKSLFFGNRHSNGINGAFLSIRRGAGRGNRG
YGGPLRVVSEKVVGIDLGTTNSAVAAMEGGKPTIVTNAEGQRTTPSVVAYTKNGDRLVGQ
IAKRQAVVNPENTFFSVKRFIGRKMSEVDEESKQVSYRVVKDENGNVKLECPAIGKQFAA
EEISAQVLRKLVDDASKFLNDKVTKAVVTVPAYFNDSQRTATKDAGRIAGLDVLRIINEP
TAASLAYGFEKKNNETILVFDLGGGTFDVSVLEVGDGVFEVLSTSGDTHLGGDDFDKRVV
DWLAGNFKRDEGIDLLKDKQALQRLTETAEKAKMELSSLTQTNISLPFITATADGPKHIE
TTITRAKFEELCSDLLDRLRTPVDNALKDAKLSFKDIDEVILVGGSTRIPAVQELVKKMT
GKEPNVTVNPDEVVALGAAVQAGVLAGDVSDIVLLDVTPLSLGLETLGGVMTKIIPRNTT
LPTSKSEVFSTAADGQTSVEINVLQGEREFVRDNKSLGSFRLDGIPPAPRGVPQIEVKFD
IDANGILSVTAVDKGTGKKQDITITGASTLPGDEVDRMVKEAERYAKEDKEKRDAIDTKN
QSESVVYQTEKQLKELGDKVPAAVKEKVEAKLKELKDAIAGGSTQSMKDAMAALNQEVMQ
LGQSLYNQPGAAGAGPAPGADAGSAGSTGKGPDDGGDVIDADFTDSK*

Predicted MW= 75.17kDa; Predicted pI= 5.18

SEQ ID NO: 25
>Top Ranked Protein Name [Species]: PREDICTED: hypothetical protein isoform 1 [Vitis vinifera] (Spot 55)
MQGALQAIRAQGNVLKCAVLRHVRIMNPAMLPTAISRFESTSPAQLEEHGFESTTISDVL
KAKGKGADGSWLWCTTDDTVYDAVKSMTQHNVGALVVVKPGADKAIAGIITERDYLRKII
VQGRSSKSTKVGDIMTEENKLITVTPDTKVLQAMQLMTDNRIRHIPVIDAKGMMGMVSIG
DVVRAVVTEHREELDRLNAYIQGGY*

Predicted MW= 22.44kDa; Predicted pI= 8.70

SEQ ID NO: 26
>Top Ranked Protein Name [Species]: PREDICTED: similar to nascent polypeptide associated (Spot 33)
MTAQTQEELLAAHLEQQKIDYDEPVVEDEDDDEDDEDDDDKDEDDAEGQAGDASGRSKQS
RSEKKSRKAMLKLGMKPIPGVSRVTVKKSKNILFVISKPDVFKSPTSDTYVIFGEAKIED
LSSQLQTQAAEQFKAPDLSHVISKPETSAMAQDDEEVDETGVEPKDIELVMTQAGVSRSK
AVKALKAADGDIVTAIMELTN*

Predicted MW= 22.02kDa; Predicted pI= 4.13

FIG. 10G: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 27
>Top Ranked Protein Name [Species]: proline iminopeptidase, putative [Ricinus communis] (Spot 24)
METSKESQELNRSLYPHIEPYSSGFLKVSDIHTLYWEQSGNPNGHPVVFLHGGPGAGTSA
SNRRFFDPEFYRIILFDQRGSGKSTPHACLEDNTTWDLVNDIEKLREHLEIPEWQVTGII
LRGIFLLRKKELDWFYEGGAAAIFPDAWEPFRDFIPENERNNFIVAYHKRLNSDDNHIQV
TAAKIWTTWELMTAHLIQNEENIKRGEDDDFSLAFARIENHYFVNKGFFPSDSYLLDNVD
KIRHISTVIVQGRYDVCCPMMSAWDLHKAWPEAELKVVPDAGHSANEIGIAAELVAANEK
FKNILKSGGFKM*

Predicted MW= 35.79kDa; Predicted pI= 5.39

SEQ ID NO: 28
>Top Ranked Protein Name [Species]: protein transporter [Elaeis guineensis] (Spot39)
MASSGPDHLFNLRNSFYLGAYQDAINKSDIPNLSGDDAVERDSIVYRSYIALGSYQLVIN
EIDSSAPTALQAVKLLALYLAGDKESAIASLQEWLNDAAIGNNHVLRLIAGIIYMHEQNY
VEALKHTNSGGTMELHALNVQIYLKMHRSDYAEKQLKIMLQIDEDHTLTQLANAWVNLAV
GGSKIQEAYLIYQDFSEKNQMTPLILNGKAVCCLHMGRFDEAESLLLDALNKDAKDAETL
ANLVVCSLHLGKSAARYLNQLKLSHPDHMLVQRASSAEDSFERAVQSIA*

Predicted MW= 32.00kDa; Predicted pI= 5.31

SEQ ID NO: 29
>Top Ranked Protein Name [Species]: putative NBS-LRR disease resistance protein homologue [Oryza sativa Japonica Group] (Spot 12)
------ ERQEIDRSAMVGALASASTGVMNSVIAKLSKLLEDEYAK------------------------------
-- AHVVEESKR--

-- LRDTLQDK-
YLVVIDDVWATEAWETIKLALLSNNCDSR ------------ CSYHGGYVYHMEPLSFVDSKR ---------------
------------------------------------ VLAAIGSALAKDPNAGNMRR ---- ---------------
-- SLIQPVDVQYGKPVACR---------------
------------------------------- ENVIMATNLSLK------------------- ---------------
----
-MQSLEELQTFDIFTYSSR --
 ------------------------- WMNMLACLTELDLTLCSTK ---------------------------------
 ------------------------------ LQHLMIK -------CLNGASDLGIR ---------------------
 --SVNYEIEVNLGEVR

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10H: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 30

>Top Ranked Protein Name [Species]: Ran GTPase binding protein, putative [Ricinus communis] (Spot 32)

-----------FQKDMSFRFVTPAYGCTQIGKNDSLKDVLMWGEGVEGGNIGGMVQR----------
----------VNMDVGMPKVVESLDDVHIK----------

----------FNAVGGKLFTWGDGDK----------

---------- SISVTDQSSCSGCRMPFGLTR--HNCYNCGLLFCHSCS
SK ---------- MSKPGTHGSK----------
---------- DQGEHQHHVETVSSLSAGLPR----------
---------- AMSEKISAGR---
GGVELSVSQNTPAYK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 31

>Top Ranked Protein Name [Species]: RecName: Full=Triosephosphate isomerase, chloroplastic; Short=TIM; Short=Triose-phosphate (Spot37)

MAAASSLVPQFSGLAVARERAPSLSSILFFHDASSQRRPFSTRRAPRGVVAMAGTGKFFV
GGNWKCNGMKDSISKLVADLNDAKMENDVDVAVAPPFIYIDQVNNSLTDRIDISAQNCWV
GKGGAFTGEISAEQLIDMGCKWVILGHSERRHIIGEDDQFIGKKAAYALSQNLKVIACIG
EKLEEREAGKTFEVCFQQMQAFADSITSWENVVIAYEPVWAIGTGKVATPEQAQEVHVAV
RDWLKKNISAEVASSTRIIYGGSVNGSNCSELAKQEDIDGFLVGGASLKGPEFATIVNSV
TSKKVAV*

Predicted MW= 33.10kDa; Predicted pI= 6.15

SEQ ID NO: 32

>Top Ranked Protein Name [Species]: RecName: Full=V-type proton ATPase catalytic subunit A; Short=V-ATPase subunit A; AltName: Full=Vac (Spot 13)

MAYGDRLTTFEDSEKESEYGYVRKVSGPVVVADGMGGAAMYELVRVGHDNLIGEIIRLEG
DSATIQVYEETAGLMVNDPVLRTHKPLSVELGPGILGNIFDGIQRPLKTIALKSGDVYIP
RGVSVPALDKDTLWEFEPKKLAAGDLLTGGDLYATVFENTLMQHHVALPPGSMGKITYIA
PAGQYSLKDTVLELEFQGVKKQFTMLQTWPVRTPRPVAAKLAADTPLLTGQRVLDALFPS
VLGGTCAIPGAFGCGKTVISQALSKYSNSDTVVYVGCGERGNEMAEVLMDFPQLTMTLPD
GREESVMKRTTLVANTSNMPVAAREASIYTGITIAEYFRDMGYNVSMMADSTSRWAEALR
EISGRLAEMPADSGYPAYLAARLASFYERAGKVKCLGGPDRTGSVTIVGAVSPPGGDFSD
PVTSATLGIVQVFWGLDKKLAQRKHFPSVNWLISYSKYSKALESFYEKFDPDFIDIRTKA
REVLQREDDLNEIVQLVGKDALAESDKITLETAKLLREDYLAQNAFTPYDKFCPFYKSVW
MMRNIIHFNALANQAVERGAGSDGQKITYSVIKHRLGDLFYRLVSQKFEDPAEGEEVLVA
KFKKLYDDLSAGFRNLEDETR*

Predicted MW= 68.36kDa; Predicted pI= 5.09

FIG. 10I: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 33
>Top Ranked Protein Name [Species]: regulator of ribonuclease activity A [Zea mays] (spot 84)
MAALPLATAEVCDANAHLIQNGELRALQPIFQIYGRRQVFAGPIVTLKVFEDNVLVREFL
EEKGNGRVLVVDGGGSMRCAILGGNPVQQAQNNGWAGIVVNGCIRDVDEINGCDIGVRAL
ASHPMKANKKGFGEKHVPVNIAGTRICDGEWLYADSDGILVSRMELTV*

Predicted MW= 18.06kDa; Predicted pI= 5.68

SEQ ID NO: 34
>Top Ranked Protein Name [Species]: retroelement pol polyprotein-like [Arabidopsis thaliana] (Spot36)

----------MTIDSELLTNISHRDVAR ---------- MKADLATCKQEGMTMEGYYGK---
----------ICASHHMTGNLELLSDMR----------

----------TPSYSGARYFLTIVDDYS ----------
---------- SDNGTEFLCMR ---------- ----------
--FQSYLPIQFWGECILSAAYLINRTPSMLLQGKSPYEMLYK ---------- ----------
----------LFDLEEQK ---------- ----------
------- VNQTFSIVNLPPGK ---------- ----------
---------- EEVYMKLPQGFQCDDPSK ---------- ----------

AMAFLTQELMWLK ----------
QLADILTKALGEK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 35
>Top Ranked Protein Name [Species]: ribosomal protein L10 [Elaeis guineensis] (Spot 72)
MTVKLSKSEKKIEYDKKLCRLLDEYSQVLIAAADNVGSNQLQNIRKGLRGDSVVLMGKNT
LIRRCIKIHAEKTGNKDYLNLLPLLVGNVGLIFTKGDLKEVREEVAKYKVGAPARVGLVA
PIDVVVPPGNTGLDPSQTSFFQVLNIPTKINKGTVEIITPVELIRKGDKVGSSEAALLAK
LGIRPFSYGLVIQAVYDNGSVFSPEVLDLTEDDLVEKFAAGVSMVTSLSLALSYPTLVAA
PHMFINAYKNVLAVAIATEYTFEQAEKVKEYLKDPSKFAVAVPVEAAAAAAAAPAAAAKE
EEKKEEPAEESDEDMGFSLFD*

Predicted MW= 34.66kDa; Predicted pI= 5.15

FIG. 10J: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 36
>Top Ranked Protein Name [Species]: short chain type dehydrogenase, putative [Ricinus communis] (spot 75)
MIKTAVDAWGTVDILVNNAGITRDTLLMRMKKPQWQEVIDLNLTGVFLCTQAAAKLMMKK
KKGKIINMTSVIGLTGNIGQANYSAAKAGVIGFTKTVAREYASRNINVNAVAPGFIASDM
TAKLGADIETKFLQTIPLGRFGQPEEVAGLVEFLALNPAANYITGQVFTIDGGLVM*

predicted MW=18.84kDa; predicted pI=9.99

SEQ ID NO: 37
>Top Ranked Protein Name [Species]: Temperature-induced lipocalin [Elaeis guineensis] (Spot 53 & 82)
MATTSTKEMTVVKGLDVERYMGRWYEIASFPSFFQPKNGENTRATYTLNSDGTVHVLNET
WSDGKRDAIEGTAYKANPNSDEAKLKVKFYVPPFFPIIPVTGDYWVLYIDDDYQYALIGQ
PSRKYLWILCRQTHMDDEVYNLLLEKAKEEGYDVKKLHKTPQADPPPEAEAGPKDTKGIW
WIKSLFGK*

Predicted MW= 21.63kDa; Predicted pI= 5.77

SEQ ID NO: 38
>Top Ranked Protein Name [Species]: unknown [Picea sitchensis] (Spot38)
MAASIAFNPHVIPARSAAPRRVAPLQTLSAAPRLAARSLCFKSSLRSDGTAAFSGVRTQA
AVVEQASIEQAQNVEAPVAIVTGGSRGIGKAIALALGKAGCKVLINYATSTEEAEEVSKE
IEASGGQAIIFFGDISKEDDVESMIKIAADAWGTVDILVNNAGITRDTLLMRMKKSQWQE
VIDVNLTGVFLCTQAAAKLMMKKKKGKIINIASVVGLTGNAGQANYSASKAGVIGFTKTV
AREYASRNINVNAVAPGFIASPMTAQLGEDVEKKILQTIPLGRYGQPEEVAGLVEFLALN
PAADYITGQVFTIDGGMVM*

Predicted MW= 33.44kDa; Predicted pI= 8.79

SEQ ID NO: 39
>Top Ranked Protein Name [Species]: 17.6 kDa class I small heat shock protein (HSP17.6C-CI) (AA 1-156) [Arabidopsis thaliana](spot 81)
MSLIPRGWGFGSSIFDPWDSFEGFPFNSSLSSFPRPSFPSESSAFANARIDWKETPEAHV
FKADLPGLKKEEVKVEVEEGNVLQISGERSREQEEKTDTWHRVERSSGKFLRRFRLPENA
KMDRVKAAMENGVLTVTVPKEEVKKLEVRSIEISG*

Predicted MW= 17.63kDa; Predicted pI= 5.88

FIG. 10K: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 40
>Top Ranked Protein Name [Species]: ABC1 family protein [Arabidopsis thaliana] (Spot 49)
MEFYTTCLPRSSMSYCAHPRLSPPVPRSKQFLSFRIKNAASTSSVPAPPATTPSSSRNGN
ITTKSLTEKLSSAMDQLDIERGVCIPFRKYTPETVRNKVLESRGAILSLIGRGVEIVWNL
GLYWSALTYDCLVGRDEEVVPYRARQLRNLLCNLGPSFIKAGQVLANRPDIIREDYMNEL
CILQDDVPPFPNQEAFSIIEEELGQPLEKVFSRISSETIAAASLGQVYRATLRETREDVA
IKVQRPGIEPIIYRDLFLFRTLASFLNGISLQKLGCNAELIVDEFGEKLLEELDYTLEAR
NIEDFLENFKNDPTVKIPRVYKQLSGRRVLVMEWIDGIRCTDPEAVKEAGIDVNGFLTVG
VSAALRQLLEFGLFHGDPHPGNIFAMRDGRIAYVDFGNVAVLSQQNKQILIDAVVHAVNE
DYAEMANDFTRLGFLASGTDVSPIIPALEAIWQNSAGKGLADFNFRSVTGKFNQLVYNYP
IRIPERFSLVIRSLLTQEGICFTLKPDFKFLEVAYPYIAKRLLTDPNPALRERLIQVLFK
DGLFQWKRLENLIVLAKENVAKMNQNPALQVTNTQNSRNWQVEKKLDLTETIKDGARMFL
IDAGIRRQLIMALTEDSKLHIQELVDVYRLVEDDVDIPAVAFEVLQDLPSVTRDLMLSWS
EAVLSDR*

Predicted MW= 75.32kDa; Predicted pI= 5.21

SEQ ID NO: 41
>Top Ranked Protein Name [Species]: Glutathione peroxidase [Triticum monococcum subsp. aegilopoides] (Spot 54)
MAGNSSQATQTVHDFTVKDARGNDVNLGTYKGKVLLIVNVASQCGLTNSNYTELTALYEK
YKDKGLEILAFPCNQFGAQEPGSNEQILEFACTRFKAEYPIFDKVDVNGDNAAPIYKFLK
SSKGGLFGESIKWNFSKFLVDKEGHVVDRYAPTTSPLSIEKDVKKLLGLN*

Predicted MW= 18.76kDa; Predicted pI= 7.34

SEQ ID NO: 42
>Top Ranked Protein Name [Species]: glutathione S-transferase [Matricaria chamomilla] (Spot41)
---------- GIEYEYK -------SSLLLEMNPVHK ---------- -----
---------- FWADFVDKK ---------- GEEQETAKK

This is not a full-length protein sequence.

SEQ ID NO: 43
>Top Ranked Protein Name [Species]: glutathione-s-transferase theta, gst, putative [Ricinus communis] (spot43)
MGVKVYGPTMSTCTARVLLCLEEVGAEYELVPINLSTGEHKQPAHLARNPFGQVPAFEDG
ALMLHESRAIARYVSRKYKSSGADLLKEGGLEESAMVDVWLEVESHQFDPAIGPIFFQSF
IVPMIGGVPDQTVINTNLEKLCKVLDIYEARLSKTKYLAGDFFSLADLSHVPLLYYFMGS
PHASVVNSRPHVKAWWEAVSSRPACKKVTSAMPGSA*

Predicted MW= 23.72kDa; Predicted pI= 6.62

FIG. 10L: Sequences of the forty-five proteins.

SEQ ID NO: 44

>Top Ranked Protein Name [Species]: phospholipase D [Oryza sativa Japonica Group] (Spot 63)

MAQILLHGTLHVTIFEANSLSNPNRASGGAPKFIRQLVEGIEDTIGLGKGSSKLYATIDL
EKARVGRTRLITKEPVNPRWYESFHIYCAHMSANVIFTVKFDNPIGASLIGRAYLPVTEI
LNGEEVDRWIEICDEDRNPLDGGARIHVKVQYFDISKDRNWARGIRSAKYPGVPYTFFSQ
RQGCKVTLYQDAHVPDNFIPKIPLADGKYYEPHRCWEDIFDAISNAQHLIYITGWSVYTE
ITLVRDAKRQKPGGDVTLGELLKRKASEGVRVLMLVWDDRTSVGLLKKDGLMATHDEETA
NYFQDTDVHCVLCPRNPDDGGSFVQDLQISTMFTHHQKIVVVDHEMPNKSSQQRRIVSFV
GGIDLCDGRYDTQFHSLFRTLDTAHHDDFHQPNFADASIKKGGPREPWHDIHSRLEGPIA
WDVLYNFEQRWRKQGGKDLLVQLRDLADIVIPPSPVMFPEDRETWNVQLFRSIDGGAAFG
FPETPEDAARAGLVSGKDNIIDRSIQDAYINAIRRAKNFIYIENQYFLGSSFGWRADDIK
PEEVGALHLIPKELSLKIVSKIEAGERFTVYVVVPMWPEGVPESGSVQAILDWQRRTMEM
MYTDIILALQAKGIEANPKDYLTFFCLGNREVKKGGEYEPEEQPEADTDYSRAQQARRFM
IYVHTKMMIVDDEYIIIGSANINQRSMDGARDSEIAMGAYQPFYLSTRGLARGRIHGFRM
ALWYEHLGMLDDAFLHPESVECVQKVNRIADKYWDLYSSDNLDRDLPGHLLSYPIGVSSD
GVITELPGMEFFPDTRARVLGTKADYLPPILTT*

Predicted MW= 92.37kDa; Predicted pI= 5.85

SEQ ID NO: 45

>Top Ranked Protein Name [Species]: VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2); ubiquitin-protein ligase [Arabidopsis thaliana](Spot 30)

----LSLDAKSEILPFLPCIFNRFDSVTK----------EITDLGMESFAR-
----- LSCGSCTFGAKGINAMLEHCK----------
---------- LQVTDIGLFGISK----------
-----------RIGDQGLMSVAK ----------

----------NLVACTLRR

This is not a full-length protein sequence.

FIG. 10M: Sequences of the forty-five proteins.

LISTADO DE SECUENCIAS

<110> Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd

<120> Métodos para la obtención de plantas de palma de aceite de alto rendimiento

<130> RDQL-J4432

<160> 45

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 210
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 1

```
Met Ala Ser His Val Val Gly Tyr Pro Arg Met Gly Pro Lys Arg Glu
1               5                  10                  15


Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp Gly Lys Ser Ser Ala Ala
            20                  25                  30


Asp Leu Gln Lys Val Ser Gln Asp Leu Arg Cys Ser Ile Trp Lys Gln
        35                  40                  45


Met Ser Asp Ala Gly Val Lys Tyr Ile Pro Ser Asn Thr Phe Ser Tyr
    50                  55                  60


Tyr Asp Gln Val Leu Asp Ala Thr Ala Met Leu Gly Ala Val Pro Gln
65                  70                  75                  80


Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Gly Glu Ile Gly Phe Asp Thr Tyr Phe Ser
                85                  90                  95


Met Ala Arg Gly Asn Ala Ser Val Pro Ala Met Glu Met Thr Lys Trp
            100                 105                 110


Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro Glu Leu Ala Pro Asp Thr
        115                 120                 125


Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val Ser Glu Tyr Lys Glu Ala
    130                 135                 140


Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val Leu Ile Gly Pro Val Thr
145                 150                 155                 160


Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly Val Glu Lys Ala Phe Pro
                165                 170                 175
```

```
Leu Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro Val Tyr Lys Glu Val Ile
            180                 185                 190


Ala Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp Val Gln Phe Asp Glu Pro
        195                 200                 205


His Leu
    210


<210> 2
<211> 68
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (68)..(68)

<400> 2

Met Glu His Leu Gly Glu Met Gly Ala Val Ala Ala Gly Ala Phe Ala
1               5                   10                  15


Leu Tyr Glu Lys His Glu Ala Lys Lys His Pro Glu His Ala His Arg
            20                  25                  30


His Lys Ile Glu Glu Glu Ile Ala Ala Ala Val Ala Val Gly Ser Gly
        35                  40                  45


Gly Tyr Ala Phe His Glu His His Glu Lys Lys Ala Ala Lys Lys Glu
    50                  55                  60


Ala Glu Glu Ser
65


<210> 3
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 3

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1               5                   10                  15
```

```
Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
            20                  25                  30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
        35                  40                  45
```



```
Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
    50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Met Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225                 230                 235                 240
```

```
Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300
```



```
Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Thr
305                 310                 315                 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
                325                 330                 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
            340                 345                 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Gly Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
        355                 360                 365

Pro Ser Ile Val His Arg Lys Cys Phe
    370                 375


<210> 4
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 4

Met Ala Glu Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1               5                   10                  15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
            20                  25                  30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
        35                  40                  45
```

```
Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
     50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Thr Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140
```



```
Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Thr His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Phe Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Gly Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270
```

```
Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Ser
305                 310                 315                 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
                325                 330                 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
            340                 345                 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Glu Glu Tyr Asp Glu Cys Gly
        355                 360                 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
    370                 375
```

<210> 5
<211> 535

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 5

Met Asp Ser Met Ile Ala Cys Lys Ser Gly Cys Leu Pro Pro Gly Leu
1 5 10 15

Phe Ile Arg Pro Thr Arg Gly Ile Arg Ser Ser Gln Cys Ser Phe Met
20 25 30

Val Gly Asn Asp Pro Lys Phe Cys Lys Ile Ser Phe Pro Arg Lys Arg
35 40 45

Thr Ala Cys Ala Ile Arg Lys Ser Lys Lys Asn Gly Gly Ala Leu Asn
50 55 60

Ala Thr Cys Tyr Asp Glu Lys Ile Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile
65 70 75 80

Ala Val Arg Val Ile Arg Thr Ala His Glu Met Gly Ile Pro Cys Val
85 90 95

Ala Val His Ser Thr Ile Asp Gln Asp Ala Leu His Val Arg Leu Ala
100 105 110

Asp Glu Ala Val Cys Ile Gly Glu Ala Pro Ser Ser Gln Ser Tyr Leu
115 120 125

Phe Ile Pro Asn Val Leu Ser Ala Ala Val Ser Arg Gly Cys Thr Met
130 135 140

Leu His Pro Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Gly Phe Val Asp
145 150 155 160

Ile Cys Lys Glu His Gly Ile Asn Phe Ile Gly Pro Asn Pro Asp Ser
165 170 175

Ile Arg Val Met Gly Asp Lys Ser Thr Ala Arg Glu Thr Met Lys Lys
180 185 190

Ala Gly Val Pro Thr Val Pro Gly Ser Asp Gly Leu Leu Gln Ser Thr

195 200 205

Glu Glu Ala Val Lys Leu Ala His Glu Ile Gly Phe Pro Val Met Ile
210 215 220

Lys Ala Thr Ala Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Arg Leu Ala Tyr Glu
225 230 235 240

```
Pro Glu Gln Phe Val Lys Leu Leu Gln Gln Ala Lys Ser Glu Ala Ala
                245                 250                 255

Ala Ala Phe Gly Asn Asp Gly Val Tyr Leu Glu Lys Tyr Ile Gln Asn
            260                 265                 270

Pro Arg His Ile Glu Phe Gln Val Leu Ala Asp Lys Tyr Gly Asn Val
        275                 280                 285

Val His Phe Gly Glu Arg Asp Cys Ser Ile Gln Arg Arg Asn Gln Lys
    290                 295                 300

Leu Leu Glu Glu Ala Pro Ser Pro Ala Leu Thr Pro Glu Leu Arg Lys
305                 310                 315                 320

Ala Met Gly Asp Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Ser Ile Gly Tyr Ile
                325                 330                 335

Gly Val Gly Thr Val Glu Phe Leu Leu Asp Glu Arg Gly Ser Phe Tyr
            340                 345                 350

Phe Met Glu Met Asn Thr Arg Ile Gln Val Glu His Pro Val Thr Glu
        355                 360                 365

Met Ile Ser Ser Thr Asp Leu Ile Glu Glu Gln Ile Arg Val Ala Leu
    370                 375                 380

Gly Glu Arg Leu Thr Tyr Lys Gln Glu Asp Ile Val Leu Arg Gly His
385                 390                 395                 400

Ser Ile Glu Cys Arg Ile Asn Ala Glu Asp Ala Phe Lys Gly Phe Arg
                405                 410                 415

Pro Gly Pro Gly Lys Ile Thr Ser Tyr Leu Pro Ser Gly Gly Pro Phe
            420                 425                 430

Val Arg Met Asp Ser His Val Tyr Pro Gly Tyr Val Val Pro Pro Ser
        435                 440                 445
```

```
Tyr Asp Ser Leu Leu Gly Lys Leu Ile Val Trp Ala Pro Thr Arg Glu
    450                 455                 460

Lys Ala Ile Glu Arg Met Lys Arg Ala Leu Asp Asp Thr Ile Ile Thr
465                 470                 475                 480

Gly Ile Pro Thr Thr Ile Glu Tyr His Lys Leu Ile Leu Asp Ile Glu
                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
                485                 490                 495

Asp Phe Arg Asn Gly Lys Val Asp Thr Ala Phe Ile Pro Lys His Glu
            500                 505                 510

Lys Asp Leu Thr Ala Pro His Lys Leu Val Leu Ser Thr Ser Glu Lys
        515                 520                 525

Glu Leu Ala Gly Val Gly Ala
    530                 535


<210> 6
<211> 367
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 6

Met Gly Ser Ile Glu Lys Gln Gly Met Pro Ala Pro Ser Val Glu Asn
1               5                   10                  15

Gln Ala Gly Asp Glu Ala Ser Cys Met Tyr Ala Leu Gln Leu Ala Ser
            20                  25                  30

Ser Ser Ile Leu Pro Met Thr Leu Lys Ala Ala Ile Glu Leu Gly Val
        35                  40                  45

Leu Glu Ile Ile Ala Lys Ala Gly Ser Val Gly Lys Leu Ser Pro Ala
    50                  55                  60

Gln Val Ala Ala Gln Leu Pro Thr Glu Asn Pro Met Ala Ala Thr Met
65                  70                  75                  80

Leu Asp Arg Met Leu Arg Leu Leu Ala Ser Tyr Asn Ile Leu Thr Cys
                85                  90                  95
```

```
Ser Val Glu Val Asp Ala Asp Gly Lys Pro Leu Arg Arg Tyr Gly Pro
            100                 105                 110

Ala Pro Val Cys Lys Trp Leu Thr Lys Asn Glu Asp Gly Val Ser Met
        115                 120                 125

Ala Ala Leu Thr Leu Met Asn Gln Asp Lys Val Leu Met Glu Ser Trp
    130                 135                 140

Tyr Tyr Leu Lys Asp Ala Val Leu Asp Gly Gly Ile Pro Phe Asn Lys
145                 150                 155                 160

Ala Tyr Gly Met Thr Ala Phe Glu Tyr His Gly Thr Asp Pro Arg Phe
                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
                165                 170                 175

Asn Lys Val Phe Asn Glu Gly Met Lys Asn His Ser Ile Ile Ile Thr
            180                 185                 190

Lys Lys Leu Leu Glu Phe Tyr Lys Gly Phe Glu Asp Val Asn Val Leu
        195                 200                 205

Val Asp Val Gly Gly Gly Ile Gly Ala Thr Leu His Met Ile Thr Ser
    210                 215                 220

Lys Tyr Pro His Ile Lys Gly Ile Asn Phe Asp Leu Pro His Val Ile
225                 230                 235                 240

Ser Glu Ala Pro Pro Phe Pro Gly Val Glu His Ile Gly Gly Asp Met
                245                 250                 255

Phe Ala Ser Val Pro Ser Gly Asp Ala Ile Leu Met Lys Trp Ile Met
            260                 265                 270

His Asp Trp Ser Asp Glu His Cys Ala Lys Ile Leu Glu Asn Cys Tyr
        275                 280                 285

Lys Ala Leu Pro Asn Asn Gly Lys Val Ile Leu Cys Glu Cys Ile Leu
    290                 295                 300

Pro Val Ala Pro Glu Pro Val Pro Ser Ala Gln Gly Val Phe His Val
305                 310                 315                 320
```

```
Asp Met Ile Met Leu Ala His Asn Pro Gly Gly Lys Glu Arg Thr Glu
                325                 330                 335


Lys Glu Tyr Gln Asp Leu Ala Lys Gly Ala Gly Phe Thr Gly Phe Lys
            340                 345                 350


Ala Gln Tyr Cys Phe Ser Thr Ala Trp Val Leu Glu Phe Thr Lys
        355                 360                 365


<210> 7
<211> 326
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (326)..(326)

<400> 7

                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Met Asp Pro Tyr Lys Phe Arg Pro Ser Ser Ala Asn Asn Ser Pro Phe
1               5                   10                  15


Trp Thr Thr Asn Ser Gly Ala Pro Val Trp Asn Asn Asn Ser Ser Leu
            20                  25                  30


Thr Val Gly Asn Arg Gly Pro Ile Leu Leu Glu Asp Tyr His Val Ile
        35                  40                  45


Glu Lys Leu Ala Gln Phe Asp Arg Glu Arg Ile Pro Glu Arg Val Val
    50                  55                  60


His Ala Arg Gly Ala Ser Ala Lys Gly Phe Phe Glu Val Thr His Asp
65                  70                  75                  80


Val Ser His Leu Thr Cys Ala Asp Phe Leu His Ala Pro Gly Val Gln
                85                  90                  95


Thr Pro Val Ile Val Arg Phe Ser Thr Val Ile His Glu Arg Gly Ser
            100                 105                 110


Pro Glu Thr Leu Arg Asp Pro Arg Gly Phe Ala Val Lys Phe Tyr Thr
        115                 120                 125
```

```
Arg Glu Gly Asn Phe Asp Leu Val Gly Asn Asn Phe Pro Val Phe Phe
    130                 135                 140

Val Arg Asp Gly Ile Lys Phe Pro Asp Met Val His Ala Leu Lys Pro
145                 150                 155                 160

Asn Pro Lys Ser His Ile Gln Glu Asn Trp Arg Ile Val Asp Phe Phe
                165                 170                 175

Ser His His Pro Glu Ser Leu His Met Phe Thr Phe Leu Phe Asp Asp
            180                 185                 190

Val Gly Val Pro Ala Asp Tyr Arg His Met Asp Gly Ser Gly Val Asn
        195                 200                 205

Thr Tyr Thr Leu Ile Asn Lys Glu Gly Lys Ala Arg Tyr Val Lys Phe
    210                 215                 220

His Trp Arg Pro Thr Cys Gly Val Lys Cys Leu Leu Glu Asp Glu Ala
225                 230                 235                 240

Val Ile Val Gly Gly Asn Asn His Ser His Ala Thr Lys Asp Leu Tyr
                245                 250                 255
```



```
Asp Ser Ile Ala Ala Gly Asn Tyr Pro Glu Trp Lys Leu Phe Ile Gln
            260                 265                 270

Thr Ile Asp Pro Asp His Glu Asp Arg Phe Asp Phe Asp Pro Leu Asp
        275                 280                 285

Val Thr Lys Thr Trp Pro Glu Asp Ile Leu Pro Leu Gln Pro Val Gly
    290                 295                 300

Arg Met Val Leu Asn Lys Asn Ile Asp Asn Phe Phe Ala Glu Asn Glu
305                 310                 315                 320

Gln Leu Ala Phe Cys Pro
                325

<210> 8
<211> 170
```

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 8

```
Met Ala Ala Ile Ala Asn Ser Phe Val Ser Ile Arg Asp Leu Arg Pro
1               5                  10                  15


Pro Ala Leu Ser Gly Cys Pro Leu Lys Pro Ser Pro Gln Ser Leu Val
            20                  25                  30


Ser Cys Ser Pro Met Asn Leu Ser Leu Ser Thr Ile Arg Trp Arg Arg
        35                  40                  45


Ala Lys Ile Ala Thr Tyr Lys Ser Arg Ile Thr Val Gln Ala Ala Tyr
    50                  55                  60


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


Val Leu Gly Gly Ile Ile Val Gly Thr Leu Gly Cys Val Tyr Ala Pro
                85                  90                  95


Gln Ile Ser Lys Ile Leu Ala Gly Ala Asp Arg Lys Asp Leu Met Arg
            100                 105                 110


Lys Leu Pro Lys Phe Ile Tyr Asp Glu Glu Lys Ala Leu Glu Arg Thr
        115                 120                 125


Arg Lys Ile Leu Ala Asp Lys Ile Glu Gln Leu Asn Ser Ala Ile Asp
    130                 135                 140
```



```
Asp Val Ser Ser Gln Leu Arg Ala Asp Asp Gly Pro Asn Gly Val Ala
145                 150                 155                 160


Val Ala Ser Asp Glu Val Glu Ala Ala Ile
                165                 170
```

<210> 9
<211> 328
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 9

```
Met Ala Gly Val Ala Ser Trp Lys Pro Met Ala Leu Lys Ala Pro Pro
1               5                  10                  15

Ala Ala Pro Pro Leu Arg Tyr His Ser Ser Ile His Pro Ile Pro Ile
            20                  25                  30

Gly Ala Pro Ala Ser Val Phe Gln Lys Ala Pro Ile Leu Arg Ser Ala
        35                  40                  45

Met Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ala Pro Ile Arg Pro Arg Ala Ile Ala
    50                  55                  60

Asp Asp Glu Glu Trp Gly Gly Glu Leu Gly Glu Glu Glu Gly Ala Ala
65                  70                  75                  80

Ala Gly Gly Leu Ala Val Ala Glu Gln Glu Glu Glu Glu Val Lys Val
                85                  90                  95

Glu Pro Ile Glu Val Gly Glu Leu Lys Arg Lys Leu Met Asp Leu Leu
            100                 105                 110

Tyr Gly Thr Asp Arg Gly Leu Gln Ala Ser Ser Glu Thr Arg Ala Glu
        115                 120                 125

Ile Val Glu Val Ile Asn Gln Leu Glu Val Arg Asn Pro Thr Pro Ala
    130                 135                 140

Pro Thr Glu Ala Leu Thr Leu Leu Asn Gly Lys Trp Ile Leu Ala Tyr
145                 150                 155                 160

Thr Ser Phe Ser Pro Leu Phe Pro Leu Leu Gly Ser Ala Arg Leu Pro
                165                 170                 175

Glu Leu Val Lys Val Glu Glu Ile Ser Gln Thr Ile Asp Ser Glu Asn
            180                 185                 190
```



```
Phe Thr Val Gln Asn Ser Val Gln Phe Ala Val Pro Leu Ala Thr Thr
        195                 200                 205
```

Ser Val Thr Thr Asn Ala Lys Phe Glu Val Arg Ser Pro Lys Arg Val
210 215 220

Gln Ile Lys Phe Glu Glu Gly Ile Ile Gly Thr Pro Gln Leu Thr Asp
225 230 235 240

Ser Ile Val Leu Pro Glu Lys Val Glu Phe Leu Gly Gln Asn Ile Asp
245 250 255

Leu Ser Pro Phe Lys Ser Val Ile Thr Ser Val Gln Asn Ala Ala Ser
260 265 270

Ser Val Ala Arg Thr Ile Ser Glu Arg Pro Pro Trp Lys Ile Ser Ile
275 280 285

Asn Asn Asp Asn Ala Gln Ser Trp Leu Leu Thr Thr Tyr Leu Asp Glu
290 295 300

Glu Leu Lys Ile Ser Arg Ala Asp Gly Gly Gly Ile Phe Leu Leu Ile
305 310 315 320

Lys Glu Gly Ser Ser Leu Leu Asn
325

<210> 10
<211> 203
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 10

Met Ala Thr Lys Val Tyr Ile Val Tyr Tyr Ser Met Tyr Gly His Val
1 5 10 15

Glu Lys Leu Ala Glu Glu Ile Lys Arg Gly Ala Ser Thr Val Gly Gly
20 25 30

Val Glu Ala Lys Met Trp Gln Val Pro Glu Thr Leu Pro Glu Glu Val
35 40 45

Leu Gly Lys Met Gly Ala Pro Pro Lys Ser Asp Val Pro Ile Ile Thr
50 55 60

Pro Asn Glu Leu Ala Glu Ala Asp Gly Ile Ile Phe Gly Phe Pro Thr
65 70 75 80

Arg Phe Gly Met Met Ala Ala Gln Phe Lys Ala Phe Leu Asp Ala Thr
85 90 95

Gly Gly Leu Trp Arg Ala Gln Gln Leu Ala Gly Lys Pro Ala Gly Ile
100 105 110

Phe Tyr Ser Thr Gly Ser Gln Gly Gly Gly Gln Glu Thr Thr Pro Leu
115 120 125

Thr Ala Ile Thr Gln Leu Val His His Gly Met Ile Phe Val Pro Ile
130 135 140

Gly Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Met Phe Glu Met Glu Lys Val Lys Gly
145 150 155 160

Gly Ser Pro Tyr Gly Ala Gly Thr Tyr Ala Gly Asp Gly Ser Arg Phe
165 170 175

Pro Ser Glu Leu Glu Leu Glu Gln Ala Phe His Gln Gly Lys Tyr Phe
180 185 190

Ala Gly Ile Ala Lys Lys Phe Lys Ser Ser Ser
195 200

<210> 11
<211> 358
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 11

Met Ser Ala Tyr Cys Gly Lys Tyr His Asp Glu Leu Ile Lys Asn Ala
1 5 10 15

Ala Tyr Ile Gly Thr Pro Gly Lys Gly Ile Leu Ala Ala Asp Glu Ser
20 25 30

Thr Gly Thr Ile Gly Lys Arg Leu Ala Ser Ile Asn Val Glu Asn Val
35 40 45

```
Glu Glu Asn Arg Arg Ala Leu Arg Glu Leu Leu Phe Cys Thr Pro Gly
     50                  55                  60

Ala Leu Gln Tyr Leu Ser Gly Val Ile Leu Phe Glu Glu Thr Leu Tyr
65                  70                  75                  80

Gln Lys Thr Lys Asp Gly Lys Pro Phe Val Glu Val Leu Lys Glu Gly
                85                  90                  95
```

```
Gly Val Leu Pro Gly Ile Lys Val Asp Lys Gly Thr Ile Glu Leu Ala
            100                 105                 110

Gly Thr Asn Gly Glu Thr Thr Thr Gln Gly His Asp Asp Leu Ala Lys
        115                 120                 125

Arg Cys Gln Lys Tyr Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Phe Ala Lys Trp Arg
    130                 135                 140

Ala Val Leu Lys Ile Gly Pro Thr Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ile Asp
145                 150                 155                 160

Leu Asn Ala His Gly Leu Ala Arg Tyr Ala Ile Ile Cys Gln Glu Asn
                165                 170                 175

Gly Leu Val Pro Ile Val Glu Pro Glu Ile Leu Val Asp Gly Pro His
            180                 185                 190

Asp Ile Lys Arg Cys Ala Asp Val Thr Glu Arg Val Leu Ala Ala Cys
        195                 200                 205

Tyr Lys Ala Leu Asn Asp His His Val Leu Leu Glu Gly Thr Leu Leu
    210                 215                 220

Lys Pro Asn Met Val Thr Pro Gly Ser Glu Ser Ala Lys Val Ala Pro
225                 230                 235                 240

Glu Val Val Ala Glu Tyr Ala Val Arg Ala Leu Gln Arg Thr Val Pro
                245                 250                 255

Ala Ala Val Pro Ala Ile Val Phe Leu Ser Gly Gly Gln Ser Glu Glu
            260                 265                 270

Glu Ala Thr Leu Asn Leu Asn Ala Met Asn Lys Leu Gly Gly Lys Lys
        275                 280                 285

Pro Trp Ser Leu Ser Phe Ser Phe Gly Arg Ala Leu Gln Gln Ser Thr
    290                 295                 300

Leu Lys Ala Trp Ala Gly Lys Val Glu Asn Val Glu Lys Ala Arg Ala
```

305 310 315 320

Ala Phe Leu Ala Arg Cys Lys Ala Asn Ser Glu Ala Thr Leu Gly Lys
325 330 335

Tyr Glu Gly Asp Ala Ala Gly Gly Glu Gly Val Ser Glu Ser Leu His
340 345 350

Val Lys Asp Tyr Lys Tyr
355

<210> 12
<211> 206
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 12

Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu Lys Glu Tyr Lys Ser Asp Ile Asn
1 5 10 15

Val Val Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala Pro Leu Ala
20 25 30

Lys Val Ile His Asp Lys Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu Met Thr Thr
35 40 45

Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly Pro Ser Ser
50 55 60

Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile Ile Pro Ser
65 70 75 80

Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro Ala Leu Asn
85 90 95

Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val Asp Val Ser
100 105 110

Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Ser Ala Thr Tyr Asp Gln
115 120 125

```
Ile Lys Asp Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Met Lys Gly Ile
    130                 135                 140

Leu Gly Tyr Val Asp Glu Asp Leu Val Ser Thr Asp Phe Leu Gly Asp
145                 150                 155                 160

Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala Leu Asn Gly
                165                 170                 175

Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp Gly Tyr Ser
            180                 185                 190

Ser Arg Val Val Asp Leu Ile Arg His Ile His Gly Thr Gln
        195                 200                 205
```

<210> 13
<211> 116
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS
<222> (14)..(15)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (20)..(21)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (30)..(31)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (38)..(39)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (49)..(50)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (70)..(71)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (78)..(79)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (108)..(109)

<220>
<221> NON_TER
<222> (116)..(116)

<400> 13

Met Asp Leu Gly Lys Ser Ala Ser Thr Ser Ala Thr Leu Lys Phe Tyr
1 5 10 15

Tyr Glu Leu Arg Tyr Val Pro Phe Gln Cys Pro Ser Ser Arg Arg Ile
20 25 30

Gln Pro Leu Gln Ala Arg Glu Leu Ala Glu Ala His Glu Asp Leu Thr
35 40 45

Lys Leu Ser Cys Pro Glu Leu Asp Leu Arg Glu Ile Leu Asp Gln Gly
50 55 60

Ala Ala Ser Asp Val Arg Phe Glu Val Ala Glu Leu Glu Arg Glu Lys

65 70 75 80

Ala Val Glu Thr Leu Arg Gly Arg Glu Val Trp Phe Ser Ser Tyr Leu
85 90 95

Gln Ser Cys Cys Thr Ser Met Ala Arg Val Cys Arg Ser Met Ser Pro
100 105 110

Leu Ala Glu Lys
115

<210> 14
<211> 56
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (23)..(24)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (31)..(32)

<220>
<221> NON_TER
<222> (56)..(56)

<400> 14

Asp Tyr Arg Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Val Val Arg Asp Thr
1 5 10 15

Asp Val Leu Ala Ala Phe Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ser
20 25 30

Gln Ala Glu Thr Gly Glu Val Lys Gly His Tyr Leu Asn Val Thr Ala
35 40 45

Gly Thr Ala Glu Glu Met Leu Lys
50 55

<210> 15
<211> 81
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS
RDQL-J4432 seq project for proteomics
appl_ST25.txt <222> (10)..(11)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (34)..(35)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (45)..(46)

<220>
<221> NON_TER
<222> (81)..(81)

<400> 15

Met Ala Ser His Gln Asp Thr Ser Tyr Lys Asp Gln Thr Gly Ser Tyr
1 5 10 15

Val Ser Asp Lys Ala Ser Ala Ala Arg Ser Cys Glu Thr Gly Gln Ala
20 25 30

Ala Lys Glu Lys Ala Ser Gln Met Gly Glu Ser Ala Lys Thr Gly Gly
35 40 45

Val Ile Ser Ser Ala Ala Glu Gln Val Lys Gly Met Ala Gln Gly Ala
50 55 60

Thr Glu Ala Val Lys Asn Thr Phe Gly Met Gly Gly Gly Asn Glu Glu
65 70 75 80

Lys

<210> 16
<211> 413
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (413)..(413)

<400> 16

Met Gly Pro Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp
1 5 10 15

Gly Lys Ser Ser Ala Asp Asp Leu Gln Lys Val Ala Ala Asp Leu Arg
20 25 30

```
Cys Ser Ile Trp Lys Gln Met Ala Asp Ala Gly Ile Lys Tyr Ile Pro
        35                  40                  45

Ser Asn Thr Phe Ser Tyr Tyr Asp Gln Val Leu Asp Thr Thr Ala Met
    50                  55                  60

Leu Gly Ala Val Pro Gln Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Ala Glu Ile Gly
65                  70                  75                  80

Phe Asp Thr Tyr Phe Ser Met Ala Arg Gly Asn Ala Leu Val Pro Ala
                85                  90                  95

Met Glu Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro
            100                 105                 110

Glu Leu Ala Pro Asp Thr Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val
        115                 120                 125

Ser Glu Tyr Lys Glu Ala Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val
    130                 135                 140

Leu Ile Gly Pro Val Thr Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly
145                 150                 155                 160

Val Glu Lys Ser Phe Ala Thr Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro
                165                 170                 175

Ile Tyr Gln Glu Val Ile Met Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp
            180                 185                 190

Ile Gln Phe Asp Glu Pro Thr Leu Val Met Asp Leu Asp Ala His Gln
        195                 200                 205

Leu Glu Ala Phe Thr Lys Ala Tyr Ser Glu Leu Glu Ser Ser Phe Ser
    210                 215                 220

Gly Leu Asn Val Leu Val Glu Thr Tyr Phe Ala Asp Val Pro Ala Glu
225                 230                 235                 240

Ala Tyr Lys Thr Ile Thr Thr Leu Asn Gly Val Ser Gly Phe Gly Phe
```

245 250 255

Asp Leu Val Arg Gly Thr Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys Ser Ala Gly
260 265 270

Phe Pro Ser Gly Lys Tyr Leu Phe Ala Gly Val Val Asp Gly Arg Asn
275 280 285

Ile Trp Ala Asn Asp Leu Ala Ser Ser Leu Ser Ser Leu Gly Val Leu
290 295 300

Glu Ala Ile Val Gly Lys Asp Asn Leu Val Val Ser Thr Ser Cys Ser
305 310 315 320

Leu Met His Thr Ala Val Asp Leu Val Asn Glu Thr Lys Leu Asp Gly
325 330 335

Glu Ile Lys Ser Trp Leu Ala Phe Ala Ala Gln Lys Val Val Glu Val
340 345 350

Asn Ala Leu Ala Lys Ala Leu Ala Gly His Lys Asp Glu Ala Phe Phe
355 360 365

Ser Ala Asn Ala Ala Ala Gln Ala Ser Arg Lys Ser Ser Pro Arg Val
370 375 380

Thr Asn Glu Glu Val Gln Thr Ala Ala Ala Ala Leu Lys Gly Ser Asp
385 390 395 400

His Cys Arg Ala Thr Asn Val Ser Ala Arg Leu Asp Ala
405 410

<210> 17
<211> 197
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 17

Met Ala Ser Ala Leu Met Arg Ala Arg Arg Ser Ala Ala Leu Pro Ser
1 5 10 15

```
Ala Ala Val Met Ala Leu Arg Arg Ala Phe Ala Ala Ala Ser Val Gly
            20                  25                  30

Cys Asp Ile Val Ser Ala Ala Pro Gly Val Ala Leu Gln Lys Ala Arg
        35                  40                  45

Ser Trp Asp Glu Gly Val Ser Ser Lys Phe Ser Thr Thr Pro Leu Lys
    50                  55                  60

Asp Ile Phe Leu Gly Lys Gln Val Val Val Phe Gly Leu Pro Gly Ala
65                  70                  75                  80

Phe Thr Gly Val Cys Ser Ala Gln His Val Pro Ser Tyr Lys Asn Asn
                85                  90                  95
```



```
Ile Asp Lys Phe Lys Ala Lys Gly Ile Asp Ser Val Ile Cys Val Ala
            100                 105                 110

Val Asn Asp Pro Tyr Val Leu Asn Gly Trp Ala Glu Asn Leu Gln Ala
        115                 120                 125

Lys Glu Ala Ile Asp Phe Tyr Gly Asp Phe Asp Gly Ser Phe His Lys
    130                 135                 140

Ser Leu Glu Leu Asp Leu Asp Leu Ser Ala Ala Leu Leu Gly His Arg
145                 150                 155                 160

Ser Gln Arg Trp Ser Ala Tyr Val Val Asp Gly Lys Ile Lys Val Leu
                165                 170                 175

Asn Val Glu Lys Val Pro Ser Glu Phe Lys Val Ser Gly Gly Glu Val
            180                 185                 190

Ile Leu Gly Gln Phe
        195

<210> 18
<211> 195
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis
```

<400> 18

```
Met Met Lys Gly Thr Lys Lys Ala Ile Phe Leu Phe Leu Leu Leu Ser
1               5                  10                  15

Ser Leu Val Ile Ile Ser His Cys Val Thr Pro Leu Thr Ile Lys Pro
            20                  25                  30

Val Asn Arg Asp Asp Asp Glu Tyr Gln Cys Val Tyr Thr Val Tyr Ile
        35                  40                  45

Arg Thr Gly Ser Ile Trp Lys Gly Gly Thr Asp Ser Val Ile Ser Leu
    50                  55                  60

Val Leu Ala Gly Ser Asp Gly Trp Gly Val Ala Ile Thr Asp Ile Glu
65                  70                  75                  80

Ser Trp Gly Gly Ile Met Glu Ala Gly His Asn Tyr Phe Glu Arg Gly
                85                  90                  95

Asn Leu Asp Ile Phe Ser Gly Arg Gly Pro Cys Leu Ser Thr Pro Pro
            100                 105                 110
```



```
Cys Trp Met Asn Leu Thr Ser Asp Gly Ser Gly Ser His His Gly Trp
        115                 120                 125

Tyr Cys Asn Tyr Val Glu Val Thr Thr Thr Gly Pro His Met Gly Cys
    130                 135                 140

Ala Gln Gln Leu Phe Thr Val Glu Gln Trp Leu Ala Thr Asp Ala Ala
145                 150                 155                 160

Pro Tyr Gln Leu Tyr Ala Thr Arg Asp Ser Cys Thr Gly Arg Gly Asn
                165                 170                 175

Ala Glu Glu Glu Pro Lys Ile Gly Asp Arg Ile Gly Arg His Val Thr
            180                 185                 190

His Val Ala
        195
```

<210> 19
<211> 559
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 19

Met Gly Ser Ser Glu Phe Ser Trp Lys Leu Ala Asp His Pro Lys Leu
1 5 10 15

Pro Lys Gly Lys Thr Val Ala Val Val Val Leu Asp Gly Trp Gly Glu
20 25 30

Ala Asn Pro Asp Lys Tyr Asn Cys Ile His Val Ala Glu Thr Pro Ala
35 40 45

Met Asp Ser Leu Lys Lys Gly Ala Pro Asp Arg Trp Arg Leu Val Arg
50 55 60

Ala His Gly Thr Ala Val Gly Leu Pro Thr Glu Asp Asp Met Gly Asn
65 70 75 80

Ser Glu Val Gly His Asn Ala Leu Gly Ala Gly Arg Ile Tyr Ala Gln
85 90 95

Gly Ala Lys Leu Val Asp Leu Ala Leu Ala Ser Gly Lys Ile Tyr Glu
100 105 110

Gly Glu Gly Phe Lys Tyr Ile Lys Glu Cys Phe Asp Gln Gly Thr Leu
115 120 125

```
His Leu Ile Gly Leu Leu Ser Asp Gly Gly Val His Ser Arg Leu Asp
    130                 135                 140

Gln Leu Gln Leu Leu Leu Lys Gly Ala Ser Glu Asn Gly Ala Lys Arg
145                 150                 155                 160

Ile Arg Val His Val Leu Thr Asp Gly Arg Asp Val Leu Asp Gly Ser
                165                 170                 175

Ser Val Gly Phe Val Glu Thr Leu Glu Asn Asp Leu Leu Lys Leu Arg
            180                 185                 190

Glu Lys Gly Val Asp Ala Gln Ile Ala Ser Gly Gly Gly Arg Met Tyr
        195                 200                 205

Val Thr Met Asp Arg Tyr Glu Asn Asp Trp Gly Val Val Lys Arg Gly
    210                 215                 220

Trp Asp Ala Gln Val Leu Gly Glu Ala Pro His Lys Phe Gln Ser Ala
225                 230                 235                 240

Val Glu Ala Val Lys Lys Leu Arg Glu Val Pro Lys Ala Asn Asp Gln
                245                 250                 255

Tyr Leu Ala Pro Phe Val Ile Val Asp Glu Ser Gly Lys Ala Val Gly
            260                 265                 270

Pro Ile Val Asp Gly Asp Ala Val Val Thr Phe Asn Phe Arg Ala Asp
        275                 280                 285

Arg Met Val Met Leu Ala Lys Ala Leu Glu Tyr Glu Asp Phe Asp Lys
    290                 295                 300

Phe Asp Arg Val Arg Phe Pro Lys Ile Gln Tyr Ala Gly Met Leu Gln
305                 310                 315                 320

Tyr Asp Gly Glu Leu Lys Leu Pro Ser His Tyr Leu Val Ser Pro Pro
                325                 330                 335
```

```
Glu Ile Glu Arg Thr Ser Gly Glu Tyr Leu Val His Asn Gly Ile Arg
            340                 345                 350

Thr Phe Ala Cys Ser Glu Thr Val Lys Phe Gly His Val Thr Phe Phe
        355                 360                 365

Trp Asn Gly Asn Arg Ser Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Met Glu Glu Tyr
                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
    370             375                 380

Val Glu Ile Pro Ser Asp Ala Gly Ile Thr Phe Asn Val Lys Pro Lys
385                 390                 395                 400

Met Lys Ala Val Glu Ile Ala Glu Lys Ala Arg Asp Ala Ile Leu Ser
                405                 410                 415

Arg Lys Phe Asp Gln Val Arg Val Asn Leu Pro Asn Gly Asp Met Val
            420                 425                 430

Gly His Thr Gly Asp Ile Glu Ala Thr Val Val Ala Cys Lys Ala Ala
        435                 440                 445

Asp Asp Ala Val Lys Met Ile Leu Asp Ala Ile Glu Gln Val Gly Gly
    450                 455                 460

Ile Tyr Val Val Thr Ala Asp His Gly Asn Ala Glu Asp Met Val Lys
465                 470                 475                 480

Arg Asn Lys Ser Gly Gln Pro Gln Leu Asp Lys Asn Gly Asp Ile Gln
                485                 490                 495

Ile Leu Thr Ser His Thr Leu Gln Pro Val Pro Val Ala Ile Gly Gly
            500                 505                 510

Pro Gly Leu Ala Pro Gly Val Gly Phe Arg Lys Asp Val Pro Asn Gly
        515                 520                 525

Gly Leu Ala Asn Ile Ala Ala Thr Val Met Asn Leu His Gly Phe Glu
    530                 535                 540

Ala Pro Ser Asp Tyr Glu Pro Thr Leu Ile Glu Val Val Asp Asn
545                 550                 555
```

<210> 20
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 20

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly

```
        35                  40                  45

Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
    50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Ile Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asp Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ala Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255
```

```
Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ser Pro Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285
```



```
Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Gly Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Thr
305                 310                 315                 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
                325                 330                 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
            340                 345                 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Thr Lys Ala Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
        355                 360                 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
    370                 375
```

<210> 21
<211> 702
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 21

```
Met Ala Asp Ile Gln Met Gly Glu Ala Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala
1               5                   10                  15

Glu Ile Asn Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn
            20                  25                  30

Lys Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ser Ser Asp Ala Leu
        35                  40                  45

Asp Lys Ile Arg Tyr Glu Gly Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala
    50                  55                  60
```

```
Gln Pro Glu Leu Phe Ile Arg Leu Val Pro Asp Lys Ala Asn Lys Thr
65                  70                  75                  80

Leu Ser Ile Ile Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val
                85                  90                  95

Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu
            100                 105                 110

Ala Leu Gln Ala Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val
        115                 120                 125
```



```
Gly Phe Tyr Ser Ala Tyr Leu Val Ala Glu Lys Val Val Val Thr Thr
    130                 135                 140

Lys His Asn Asp Asp Glu Gln Tyr Ile Trp Glu Ser Gln Ala Gly Gly
145                 150                 155                 160

Ser Phe Thr Val Thr Arg Asp Val Ser Gly Glu Gln Leu Gly Arg Gly
                165                 170                 175

Thr Lys Ile Thr Leu Tyr Leu Lys Glu Asp Gln Leu Asp Tyr Leu Glu
            180                 185                 190

Glu Arg Arg Leu Lys Asp Leu Val Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser
        195                 200                 205

Tyr Pro Ile Tyr Leu Trp Thr Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser
    210                 215                 220

Asp Asp Glu Asp Glu Glu Thr Lys Lys Glu Glu Glu Gly Asp Val Glu
225                 230                 235                 240

Asn Ile Asp Glu Glu Lys Glu Thr Lys Ser Lys Lys Lys Lys Val Lys
                245                 250                 255

Glu Val Leu His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp
            260                 265                 270

Leu Arg Lys Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ser Phe Tyr
        275                 280                 285
```

```
Lys Ser Leu Thr Asn Asp Trp Glu Asp His Leu Ala Val Lys His Phe
     290                 295                 300

Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Ile Leu Phe Val Pro Lys
305                 310                 315                 320

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Met Asn Asn Ile
                325                 330                 335

Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu
            340                 345                 350

Ile Pro Glu Tyr Leu Gly Phe Val Lys Gly Val Val Asp Ser Asp Asp
        355                 360                 365

Leu Pro Leu Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu
     370                 375                 380
```

```
Lys Val Ile Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Leu Phe Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ile Ala Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe
                405                 410                 415

Ser Lys Asn Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Arg Ala
            420                 425                 430

Lys Leu Ala Asp Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu
        435                 440                 445

Met Thr Ser Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Asp Gln Lys
    450                 455                 460

Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser
465                 470                 475                 480

Pro Phe Leu Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Phe Met
                485                 490                 495

Val Asp Ala Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Tyr Asp
            500                 505                 510

Gly Lys Lys Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Ile Asp Glu
        515                 520                 525

Ser Glu Asp Glu Lys Lys Arg Lys Glu Glu Lys Lys Ala Ala Phe Glu
    530                 535                 540

Ser Leu Cys Lys Val Met Lys Asp Ile Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys
545                 550                 555                 560

Val Val Val Ser Asp Arg Ile Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr
                565                 570                 575

Gly Glu Tyr Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln
            580                 585                 590

Ala Leu Lys Asp Asn Ser Met Gly Ser Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr
```

595 600 605

Met Glu Ile Asn Pro Glu Asn Gly Ile Met Glu Glu Met Arg Lys Arg
610 615 620

Ala Glu Ala Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu
625 630 635 640

```
Leu Phe Glu Thr Ala Ile Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro
                645                 650                 655


Asn Thr Phe Ala Gly Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser
            660                 665                 670


Ile Asp Glu Asp Glu Ala Ala Gly Asp Asp Thr Asp Met Pro Ala Leu
        675                 680                 685


Glu Glu Asp Gly Asn Glu Glu Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
    690                 695                 700


<210> 22
<211> 26
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (6)..(7)

<220>
<221> NON_TER
<222> (26)..(26)

<400> 22

Met Lys Trp Cys Glu Arg Val Tyr Leu Thr Ile Glu Leu Pro Asp Ala
1               5                   10                  15


Lys Asp Ala Glu Val Thr Ile Glu Ala Arg
            20                  25


<210> 23
<211> 29
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
```

<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (21)..(22)

<220>
<221> NON_TER
<222> (29)..(29)

<400> 23

Tyr Ile Ala Asn Lys Phe Glu Gly Gln Gly Thr Pro Ile Tyr Gly Ser
1 5 10 15

Thr Pro Val Glu Lys Val Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg
20 25

<210> 24
<211> 707
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 24

Met Ala Ser Ser Ser Ala Gln Ile His Val Leu Gly Ser Ala Ala Ala
1 5 10 15

Phe Pro Ser Ser Arg Lys Pro Ser Ala Arg Ile Ser Ser Ser Lys Ser
20 25 30

Leu Phe Phe Gly Asn Arg His Ser Asn Gly Ile Asn Gly Ala Phe Leu
35 40 45

Ser Ile Arg Arg Gly Ala Gly Arg Gly Asn Arg Gly Tyr Gly Gly Pro
50 55 60

Leu Arg Val Val Ser Glu Lys Val Val Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr
65 70 75 80

Asn Ser Ala Val Ala Ala Met Glu Gly Gly Lys Pro Thr Ile Val Thr
85 90 95

Asn Ala Glu Gly Gln Arg Thr Thr Pro Ser Val Val Ala Tyr Thr Lys
100 105 110

```
Asn Gly Asp Arg Leu Val Gly Gln Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Val
        115                 120                 125

Asn Pro Glu Asn Thr Phe Phe Ser Val Lys Arg Phe Ile Gly Arg Lys
    130                 135                 140

Met Ser Glu Val Asp Glu Glu Ser Lys Gln Val Ser Tyr Arg Val Val
145                 150                 155                 160

Lys Asp Glu Asn Gly Asn Val Lys Leu Glu Cys Pro Ala Ile Gly Lys
                165                 170                 175

Gln Phe Ala Ala Glu Glu Ile Ser Ala Gln Val Leu Arg Lys Leu Val
                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
            180                 185                 190

Asp Asp Ala Ser Lys Phe Leu Asn Asp Lys Val Thr Lys Ala Val Val
        195                 200                 205

Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Thr Ala Thr Lys Asp
    210                 215                 220

Ala Gly Arg Ile Ala Gly Leu Asp Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro
225                 230                 235                 240

Thr Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Gly Phe Glu Lys Lys Asn Asn Glu Thr
                245                 250                 255

Ile Leu Val Phe Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Val Ser Val Leu
            260                 265                 270

Glu Val Gly Asp Gly Val Phe Glu Val Leu Ser Thr Ser Gly Asp Thr
        275                 280                 285

His Leu Gly Gly Asp Asp Phe Asp Lys Arg Val Val Asp Trp Leu Ala
    290                 295                 300

Gly Asn Phe Lys Arg Asp Glu Gly Ile Asp Leu Leu Lys Asp Lys Gln
305                 310                 315                 320

Ala Leu Gln Arg Leu Thr Glu Thr Ala Glu Lys Ala Lys Met Glu Leu
                325                 330                 335
```

```
Ser Ser Leu Thr Gln Thr Asn Ile Ser Leu Pro Phe Ile Thr Ala Thr
            340                 345                 350

Ala Asp Gly Pro Lys His Ile Glu Thr Thr Ile Thr Arg Ala Lys Phe
        355                 360                 365

Glu Glu Leu Cys Ser Asp Leu Leu Asp Arg Leu Arg Thr Pro Val Asp
    370                 375                 380

Asn Ala Leu Lys Asp Ala Lys Leu Ser Phe Lys Asp Ile Asp Glu Val
385                 390                 395                 400

Ile Leu Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Ala Val Gln Glu Leu Val
                405                 410                 415

Lys Lys Met Thr Gly Lys Glu Pro Asn Val Thr Val Asn Pro Asp Glu
            420                 425                 430

                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Val Val Ala Leu Gly Ala Ala Val Gln Ala Gly Val Leu Ala Gly Asp
        435                 440                 445

Val Ser Asp Ile Val Leu Leu Asp Val Thr Pro Leu Ser Leu Gly Leu
    450                 455                 460

Glu Thr Leu Gly Gly Val Met Thr Lys Ile Ile Pro Arg Asn Thr Thr
465                 470                 475                 480

Leu Pro Thr Ser Lys Ser Glu Val Phe Ser Thr Ala Ala Asp Gly Gln
                485                 490                 495

Thr Ser Val Glu Ile Asn Val Leu Gln Gly Glu Arg Glu Phe Val Arg
            500                 505                 510

Asp Asn Lys Ser Leu Gly Ser Phe Arg Leu Asp Gly Ile Pro Pro Ala
        515                 520                 525

Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Lys Phe Asp Ile Asp Ala Asn
    530                 535                 540

Gly Ile Leu Ser Val Thr Ala Val Asp Lys Gly Thr Gly Lys Lys Gln
545                 550                 555                 560
```

```
Asp Ile Thr Ile Thr Gly Ala Ser Thr Leu Pro Gly Asp Glu Val Asp
                565                 570                 575

Arg Met Val Lys Glu Ala Glu Arg Tyr Ala Lys Glu Asp Lys Glu Lys
            580                 585                 590

Arg Asp Ala Ile Asp Thr Lys Asn Gln Ser Glu Ser Val Val Tyr Gln
        595                 600                 605

Thr Glu Lys Gln Leu Lys Glu Leu Gly Asp Lys Val Pro Ala Ala Val
    610                 615                 620

Lys Glu Lys Val Glu Ala Lys Leu Lys Glu Leu Lys Asp Ala Ile Ala
625                 630                 635                 640

Gly Gly Ser Thr Gln Ser Met Lys Asp Ala Met Ala Ala Leu Asn Gln
                645                 650                 655

Glu Val Met Gln Leu Gly Gln Ser Leu Tyr Asn Gln Pro Gly Ala Ala
            660                 665                 670

Gly Ala Gly Pro Ala Pro Gly Ala Asp Ala Gly Ser Ala Gly Ser Thr
        675                 680                 685
```



```
Gly Lys Gly Pro Asp Asp Gly Gly Asp Val Ile Asp Ala Asp Phe Thr
    690                 695                 700

Asp Ser Lys
705
```

<210> 25
<211> 205
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 25

```
Met Gln Gly Ala Leu Gln Ala Ile Arg Ala Gln Gly Asn Val Leu Lys
1               5                   10                  15

Cys Ala Val Leu Arg His Val Arg Ile Met Asn Pro Ala Met Leu Pro
            20                  25                  30
```

Thr Ala Ile Ser Arg Phe Glu Ser Thr Ser Pro Ala Gln Leu Glu Glu
35 40 45

His Gly Phe Glu Ser Thr Thr Ile Ser Asp Val Leu Lys Ala Lys Gly
50 55 60

Lys Gly Ala Asp Gly Ser Trp Leu Trp Cys Thr Thr Asp Asp Thr Val
65 70 75 80

Tyr Asp Ala Val Lys Ser Met Thr Gln His Asn Val Gly Ala Leu Val
85 90 95

Val Val Lys Pro Gly Ala Asp Lys Ala Ile Ala Gly Ile Ile Thr Glu
100 105 110

Arg Asp Tyr Leu Arg Lys Ile Ile Val Gln Gly Arg Ser Ser Lys Ser
115 120 125

Thr Lys Val Gly Asp Ile Met Thr Glu Glu Asn Lys Leu Ile Thr Val
130 135 140

Thr Pro Asp Thr Lys Val Leu Gln Ala Met Gln Leu Met Thr Asp Asn
145 150 155 160

Arg Ile Arg His Ile Pro Val Ile Asp Ala Lys Gly Met Met Gly Met
165 170 175

Val Ser Ile Gly Asp Val Val Arg Ala Val Val Thr Glu His Arg Glu
180 185 190

Glu Leu Asp Arg Leu Asn Ala Tyr Ile Gln Gly Gly Tyr
195 200 205

<210> 26
<211> 201
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 26

Met Thr Ala Gln Thr Gln Glu Glu Leu Leu Ala Ala His Leu Glu Gln
1 5 10 15

```
Gln Lys Ile Asp Tyr Asp Glu Pro Val Val Glu Asp Glu Asp Asp Asp
            20                  25                  30

Glu Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp Lys Asp Glu Asp Asp Ala Glu Gly
        35                  40                  45

Gln Ala Gly Asp Ala Ser Gly Arg Ser Lys Gln Ser Arg Ser Glu Lys
    50                  55                  60

Lys Ser Arg Lys Ala Met Leu Lys Leu Gly Met Lys Pro Ile Pro Gly
65                  70                  75                  80

Val Ser Arg Val Thr Val Lys Lys Ser Lys Asn Ile Leu Phe Val Ile
                85                  90                  95

Ser Lys Pro Asp Val Phe Lys Ser Pro Thr Ser Asp Thr Tyr Val Ile
            100                 105                 110

Phe Gly Glu Ala Lys Ile Glu Asp Leu Ser Ser Gln Leu Gln Thr Gln
        115                 120                 125

Ala Ala Glu Gln Phe Lys Ala Pro Asp Leu Ser His Val Ile Ser Lys
    130                 135                 140

Pro Glu Thr Ser Ala Met Ala Gln Asp Asp Glu Glu Val Asp Glu Thr
145                 150                 155                 160

Gly Val Glu Pro Lys Asp Ile Glu Leu Val Met Thr Gln Ala Gly Val
                165                 170                 175

Ser Arg Ser Lys Ala Val Lys Ala Leu Lys Ala Ala Asp Gly Asp Ile
            180                 185                 190

Val Thr Ala Ile Met Glu Leu Thr Asn
        195                 200
```


<210> 27
<211> 312
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 27

```
Met Glu Thr Ser Lys Glu Ser Gln Glu Leu Asn Arg Ser Leu Tyr Pro
1               5                  10                  15

His Ile Glu Pro Tyr Ser Ser Gly Phe Leu Lys Val Ser Asp Ile His
            20                  25                  30

Thr Leu Tyr Trp Glu Gln Ser Gly Asn Pro Asn Gly His Pro Val Val
        35                  40                  45

Phe Leu His Gly Gly Pro Gly Ala Gly Thr Ser Ala Ser Asn Arg Arg
    50                  55                  60

Phe Phe Asp Pro Glu Phe Tyr Arg Ile Ile Leu Phe Asp Gln Arg Gly
65                  70                  75                  80

Ser Gly Lys Ser Thr Pro His Ala Cys Leu Glu Asp Asn Thr Thr Trp
                85                  90                  95

Asp Leu Val Asn Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu His Leu Glu Ile Pro
            100                 105                 110

Glu Trp Gln Val Thr Gly Ile Ile Leu Arg Gly Ile Phe Leu Leu Arg
        115                 120                 125

Lys Lys Glu Leu Asp Trp Phe Tyr Glu Gly Gly Ala Ala Ala Ile Phe
    130                 135                 140

Pro Asp Ala Trp Glu Pro Phe Arg Asp Phe Ile Pro Glu Asn Glu Arg
145                 150                 155                 160

Asn Asn Phe Ile Val Ala Tyr His Lys Arg Leu Asn Ser Asp Asp Asn
                165                 170                 175

His Ile Gln Val Thr Ala Ala Lys Ile Trp Thr Thr Trp Glu Leu Met
            180                 185                 190

Thr Ala His Leu Ile Gln Asn Glu Glu Asn Ile Lys Arg Gly Glu Asp
        195                 200                 205

Asp Asp Phe Ser Leu Ala Phe Ala Arg Ile Glu Asn His Tyr Phe Val
    210                 215                 220
```

```
Asn Lys Gly Phe Phe Pro Ser Asp Ser Tyr Leu Leu Asp Asn Val Asp
225                 230                 235                 240

Lys Ile Arg His Ile Ser Thr Val Ile Val Gln Gly Arg Tyr Asp Val
                245                 250                 255

Cys Cys Pro Met Met Ser Ala Trp Asp Leu His Lys Ala Trp Pro Glu
            260                 265                 270

Ala Glu Leu Lys Val Val Pro Asp Ala Gly His Ser Ala Asn Glu Ile
        275                 280                 285

Gly Ile Ala Ala Glu Leu Val Ala Ala Asn Glu Lys Phe Lys Asn Ile
    290                 295                 300

Leu Lys Ser Gly Gly Phe Lys Met
305                 310


<210> 28
<211> 289
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 28

Met Ala Ser Ser Gly Pro Asp His Leu Phe Asn Leu Arg Asn Ser Phe
1               5                   10                  15

Tyr Leu Gly Ala Tyr Gln Asp Ala Ile Asn Lys Ser Asp Ile Pro Asn
            20                  25                  30

Leu Ser Gly Asp Asp Ala Val Glu Arg Asp Ser Ile Val Tyr Arg Ser
        35                  40                  45

Tyr Ile Ala Leu Gly Ser Tyr Gln Leu Val Ile Asn Glu Ile Asp Ser
    50                  55                  60

Ser Ala Pro Thr Ala Leu Gln Ala Val Lys Leu Leu Ala Leu Tyr Leu
65                  70                  75                  80

Ala Gly Asp Lys Glu Ser Ala Ile Ala Ser Leu Gln Glu Trp Leu Asn
                85                  90                  95
```

```
Asp Ala Ala Ile Gly Asn Asn His Val Leu Arg Leu Ile Ala Gly Ile
            100                 105                 110

Ile Tyr Met His Glu Gln Asn Tyr Val Glu Ala Leu Lys His Thr Asn
        115                 120                 125
```



```
Ser Gly Gly Thr Met Glu Leu His Ala Leu Asn Val Gln Ile Tyr Leu
    130                 135                 140

Lys Met His Arg Ser Asp Tyr Ala Glu Lys Gln Leu Lys Ile Met Leu
145                 150                 155                 160

Gln Ile Asp Glu Asp His Thr Leu Thr Gln Leu Ala Asn Ala Trp Val
                165                 170                 175

Asn Leu Ala Val Gly Gly Ser Lys Ile Gln Glu Ala Tyr Leu Ile Tyr
            180                 185                 190

Gln Asp Phe Ser Glu Lys Asn Gln Met Thr Pro Leu Ile Leu Asn Gly
        195                 200                 205

Lys Ala Val Cys Cys Leu His Met Gly Arg Phe Asp Glu Ala Glu Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Asp Ala Leu Asn Lys Asp Ala Lys Asp Ala Glu Thr Leu
225                 230                 235                 240

Ala Asn Leu Val Val Cys Ser Leu His Leu Gly Lys Ser Ala Ala Arg
                245                 250                 255

Tyr Leu Asn Gln Leu Lys Leu Ser His Pro Asp His Met Leu Val Gln
            260                 265                 270

Arg Ala Ser Ser Ala Glu Asp Ser Phe Glu Arg Ala Val Gln Ser Ile
        275                 280                 285

Ala
```

<210> 29
<211> 224

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (48)..(49)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (56)..(57)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (85)..(86)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (106)..(107)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (143)..(144)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (155)..(156)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (168)..(169)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (173)..(174)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(193)

<220>
<221> NON_CONS

<222> (199)..(200)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (210)..(211)

<220>
<221> NON_TER
<222> (224)..(224)

<400> 29

Glu Arg Gln Glu Ile Asp Arg Ser Ala Met Val Gly Ala Leu Ala Ser
1   5   10   15

Ala Ser Thr Gly Val Met Asn Ser Val Ile Ala Lys Leu Ser Lys Leu
            20   25   30

Leu Glu Asp Glu Tyr Ala Lys Ala His Val Val Glu Glu Ser Lys Arg
        35   40   45

Leu Arg Asp Thr Leu Gln Asp Lys Tyr Leu Val Val Ile Asp Asp Val

50 55 60

Trp Ala Thr Glu Ala Trp Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Leu Ser Asn
65 70 75 80

Asn Cys Asp Ser Arg Cys Ser Tyr His Gly Gly Tyr Val Tyr His Met
85 90 95

Glu Pro Leu Ser Phe Val Asp Ser Lys Arg Val Leu Ala Ala Ile Gly
100 105 110

Ser Ala Leu Ala Lys Asp Pro Asn Ala Gly Asn Met Arg Arg Ser Leu
115 120 125

Ile Gln Pro Val Asp Val Gln Tyr Gly Lys Pro Val Ala Cys Arg Glu
130 135 140

Asn Val Ile Met Ala Thr Asn Leu Ser Leu Lys Met Gln Ser Leu Glu
145 150 155 160

Glu Leu Gln Thr Phe Asp Ile Phe Thr Tyr Ser Ser Arg Trp Met Asn
165 170 175

Met Leu Ala Cys Leu Thr Glu Leu Asp Leu Thr Leu Cys Ser Thr Lys
180 185 190

Leu Gln His Leu Met Ile Lys Cys Leu Asn Gly Ala Ser Asp Leu Gly
195 200 205

Ile Arg Ser Val Asn Tyr Glu Ile Glu Val Asn Leu Gly Glu Val Arg
210 215 220

<210> 30
<211> 176
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>

<221> NON_CONS
<222> (46)..(47)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (66)..(67)

<220>
<221> NON_CONS
 <222> (82)..(83)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (103)..(104)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (120)..(121)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (130)..(131)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (151)..(152)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (161)..(162)

<220>
<221> NON_TER
<222> (176)..(176)

<400> 30

```
Phe Gln Lys Asp Met Ser Phe Arg Phe Val Thr Pro Ala Tyr Gly Cys
1               5                  10                  15


Thr Gln Ile Gly Lys Asn Asp Ser Leu Lys Asp Val Leu Met Trp Gly
            20                  25                  30


Glu Gly Val Glu Gly Gly Asn Ile Gly Gly Met Val Gln Arg Val Asn
        35                  40                  45


Met Asp Val Gly Met Pro Lys Val Val Glu Ser Leu Asp Asp Val His
    50                  55                  60


Ile Lys Phe Asn Ala Val Gly Gly Lys Leu Phe Thr Trp Gly Asp Gly
```

65 70 75 80

Asp Lys Ser Ile Ser Val Thr Asp Gln Ser Ser Cys Ser Gly Cys Arg
85 90 95

Met Pro Phe Gly Leu Thr Arg His Asn Cys Tyr Asn Cys Gly Leu Leu
100 105 110

Phe Cys His Ser Cys Ser Ser Lys Met Ser Lys Pro Gly Thr His Gly
115 120 125

Ser Lys Asp Gln Gly Glu His Gln His His Val Glu Thr Val Ser Ser
130 135 140

Leu Ser Ala Gly Leu Pro Arg Ala Met Ser Glu Lys Ile Ser Ala Gly
145 150 155 160

Arg Gly Gly Val Glu Leu Ser Val Ser Gln Asn Thr Pro Ala Tyr Lys
165 170 175

<210> 31
<211> 307
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 31

Met Ala Ala Ala Ser Ser Leu Val Pro Gln Phe Ser Gly Leu Ala Val
1 5 10 15

Ala Arg Glu Arg Ala Pro Ser Leu Ser Ser Ile Leu Phe Phe His Asp
20 25 30

Ala Ser Ser Gln Arg Arg Pro Phe Ser Thr Arg Arg Ala Pro Arg Gly
35 40 45

Val Val Ala Met Ala Gly Thr Gly Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp
50 55 60

Lys Cys Asn Gly Met Lys Asp Ser Ile Ser Lys Leu Val Ala Asp Leu
65 70 75 80

```
Asn Asp Ala Lys Met Glu Asn Asp Val Asp Val Ala Val Ala Pro Pro
                85                  90                  95

Phe Ile Tyr Ile Asp Gln Val Asn Asn Ser Leu Thr Asp Arg Ile Asp
            100                 105                 110

Ile Ser Ala Gln Asn Cys Trp Val Gly Lys Gly Gly Ala Phe Thr Gly
        115                 120                 125

Glu Ile Ser Ala Glu Gln Leu Ile Asp Met Gly Cys Lys Trp Val Ile
    130                 135                 140

Leu Gly His Ser Glu Arg Arg His Ile Ile Gly Glu Asp Asp Gln Phe
145                 150                 155                 160

Ile Gly Lys Lys Ala Ala Tyr Ala Leu Ser Gln Asn Leu Lys Val Ile
                165                 170                 175

Ala Cys Ile Gly Glu Lys Leu Glu Glu Arg Glu Ala Gly Lys Thr Phe
            180                 185                 190
```



```
Glu Val Cys Phe Gln Gln Met Gln Ala Phe Ala Asp Ser Ile Thr Ser
        195                 200                 205

Trp Glu Asn Val Val Ile Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr
    210                 215                 220

Gly Lys Val Ala Thr Pro Glu Gln Ala Gln Glu Val His Val Ala Val
225                 230                 235                 240

Arg Asp Trp Leu Lys Lys Asn Ile Ser Ala Glu Val Ala Ser Ser Thr
                245                 250                 255

Arg Ile Ile Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Ser Asn Cys Ser Glu Leu
            260                 265                 270

Ala Lys Gln Glu Asp Ile Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu
        275                 280                 285

Lys Gly Pro Glu Phe Ala Thr Ile Val Asn Ser Val Thr Ser Lys Lys
    290                 295                 300
```

Val Ala Val
305

<210> 32
<211> 621
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 32

Met Ala Tyr Gly Asp Arg Leu Thr Thr Phe Glu Asp Ser Glu Lys Glu
1 5 10 15

Ser Glu Tyr Gly Tyr Val Arg Lys Val Ser Gly Pro Val Val Val Ala
20 25 30

Asp Gly Met Gly Gly Ala Ala Met Tyr Glu Leu Val Arg Val Gly His
35 40 45

Asp Asn Leu Ile Gly Glu Ile Ile Arg Leu Glu Gly Asp Ser Ala Thr
50 55 60

Ile Gln Val Tyr Glu Glu Thr Ala Gly Leu Met Val Asn Asp Pro Val
65 70 75 80

Leu Arg Thr His Lys Pro Leu Ser Val Glu Leu Gly Pro Gly Ile Leu
85 90 95

```
Gly Asn Ile Phe Asp Gly Ile Gln Arg Pro Leu Lys Thr Ile Ala Leu
            100                 105                 110

Lys Ser Gly Asp Val Tyr Ile Pro Arg Gly Val Ser Val Pro Ala Leu
        115                 120                 125

Asp Lys Asp Thr Leu Trp Glu Phe Glu Pro Lys Lys Leu Ala Ala Gly
    130                 135                 140

Asp Leu Leu Thr Gly Gly Asp Leu Tyr Ala Thr Val Phe Glu Asn Thr
145                 150                 155                 160

Leu Met Gln His His Val Ala Leu Pro Pro Gly Ser Met Gly Lys Ile
                165                 170                 175

Thr Tyr Ile Ala Pro Ala Gly Gln Tyr Ser Leu Lys Asp Thr Val Leu
            180                 185                 190

Glu Leu Glu Phe Gln Gly Val Lys Lys Gln Phe Thr Met Leu Gln Thr
        195                 200                 205

Trp Pro Val Arg Thr Pro Arg Pro Val Ala Ala Lys Leu Ala Ala Asp
    210                 215                 220

Thr Pro Leu Leu Thr Gly Gln Arg Val Leu Asp Ala Leu Phe Pro Ser
225                 230                 235                 240

Val Leu Gly Gly Thr Cys Ala Ile Pro Gly Ala Phe Gly Cys Gly Lys
                245                 250                 255

Thr Val Ile Ser Gln Ala Leu Ser Lys Tyr Ser Asn Ser Asp Thr Val
            260                 265                 270

Val Tyr Val Gly Cys Gly Glu Arg Gly Asn Glu Met Ala Glu Val Leu
        275                 280                 285

Met Asp Phe Pro Gln Leu Thr Met Thr Leu Pro Asp Gly Arg Glu Glu
    290                 295                 300

Ser Val Met Lys Arg Thr Thr Leu Val Ala Asn Thr Ser Asn Met Pro
```

305 310 315 320

Val Ala Ala Arg Glu Ala Ser Ile Tyr Thr Gly Ile Thr Ile Ala Glu
325 330 335

Tyr Phe Arg Asp Met Gly Tyr Asn Val Ser Met Met Ala Asp Ser Thr
340 345 350

```
Ser Arg Trp Ala Glu Ala Leu Arg Glu Ile Ser Gly Arg Leu Ala Glu
        355                 360                 365

Met Pro Ala Asp Ser Gly Tyr Pro Ala Tyr Leu Ala Ala Arg Leu Ala
    370                 375                 380

Ser Phe Tyr Glu Arg Ala Gly Lys Val Lys Cys Leu Gly Gly Pro Asp
385                 390                 395                 400

Arg Thr Gly Ser Val Thr Ile Val Gly Ala Val Ser Pro Pro Gly Gly
                405                 410                 415

Asp Phe Ser Asp Pro Val Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Val Gln Val
            420                 425                 430

Phe Trp Gly Leu Asp Lys Lys Leu Ala Gln Arg Lys His Phe Pro Ser
        435                 440                 445

Val Asn Trp Leu Ile Ser Tyr Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Leu Glu Ser
    450                 455                 460

Phe Tyr Glu Lys Phe Asp Pro Asp Phe Ile Asp Ile Arg Thr Lys Ala
465                 470                 475                 480

Arg Glu Val Leu Gln Arg Glu Asp Asp Leu Asn Glu Ile Val Gln Leu
                485                 490                 495

Val Gly Lys Asp Ala Leu Ala Glu Ser Asp Lys Ile Thr Leu Glu Thr
            500                 505                 510

Ala Lys Leu Leu Arg Glu Asp Tyr Leu Ala Gln Asn Ala Phe Thr Pro
        515                 520                 525

Tyr Asp Lys Phe Cys Pro Phe Tyr Lys Ser Val Trp Met Met Arg Asn
    530                 535                 540

Ile Ile His Phe Asn Ala Leu Ala Asn Gln Ala Val Glu Arg Gly Ala
545                 550                 555                 560
```

Gly Ser Asp Gly Gln Lys Ile Thr Tyr Ser Val Ile Lys His Arg Leu
565 570 575

Gly Asp Leu Phe Tyr Arg Leu Val Ser Gln Lys Phe Glu Asp Pro Ala
580 585 590

Glu Gly Glu Glu Val Leu Val Ala Lys Phe Lys Lys Leu Tyr Asp Asp

595 600 605

Leu Ser Ala Gly Phe Arg Asn Leu Glu Asp Glu Thr Arg
610 615 620

<210> 33
<211> 168
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 33

Met Ala Ala Leu Pro Leu Ala Thr Ala Glu Val Cys Asp Ala Asn Ala
1 5 10 15

His Leu Ile Gln Asn Gly Glu Leu Arg Ala Leu Gln Pro Ile Phe Gln
20 25 30

Ile Tyr Gly Arg Arg Gln Val Phe Ala Gly Pro Ile Val Thr Leu Lys
35 40 45

Val Phe Glu Asp Asn Val Leu Val Arg Glu Phe Leu Glu Glu Lys Gly
50 55 60

Asn Gly Arg Val Leu Val Val Asp Gly Gly Gly Ser Met Arg Cys Ala
65 70 75 80

Ile Leu Gly Gly Asn Pro Val Gln Gln Ala Gln Asn Asn Gly Trp Ala
85 90 95

Gly Ile Val Val Asn Gly Cys Ile Arg Asp Val Asp Glu Ile Asn Gly
100 105 110

Cys Asp Ile Gly Val Arg Ala Leu Ala Ser His Pro Met Lys Ala Asn
115 120 125

Lys Lys Gly Phe Gly Glu Lys His Val Pro Val Asn Ile Ala Gly Thr
130 135 140

Arg Ile Cys Asp Gly Glu Trp Leu Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Leu
145 150 155 160

Val Ser Arg Met Glu Leu Thr Val
165

<210> 34
<211> 192
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (57)..(58)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (75)..(76)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (86)..(87)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (134)..(135)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (148)..(149)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (166)..(167)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (179)..(180)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(192)

<400> 34

```
Met Thr Ile Asp Ser Glu Leu Leu Thr Asn Ile Ser His Arg Asp Val
1               5                   10                  15


Ala Arg Met Lys Ala Asp Leu Ala Thr Cys Lys Gln Glu Gly Met Thr
            20                  25                  30


Met Glu Gly Tyr Tyr Gly Lys Ile Cys Ala Ser His His Met Thr Gly
        35                  40                  45


Asn Leu Glu Leu Leu Ser Asp Met Arg Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Ala
    50                  55                  60


                 RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Arg Tyr Phe Leu Thr Ile Val Asp Asp Tyr Ser Ser Asp Asn Gly Thr
65                  70                  75                  80


Glu Phe Leu Cys Met Arg Phe Gln Ser Tyr Leu Pro Ile Gln Phe Trp
                85                  90                  95


Gly Glu Cys Ile Leu Ser Ala Ala Tyr Leu Ile Asn Arg Thr Pro Ser
            100                 105                 110


Met Leu Leu Gln Gly Lys Ser Pro Tyr Glu Met Leu Tyr Lys Leu Phe
        115                 120                 125


Asp Leu Glu Glu Gln Lys Val Asn Gln Thr Phe Ser Ile Val Asn Leu
    130                 135                 140


Pro Pro Gly Lys Glu Glu Val Tyr Met Lys Leu Pro Gln Gly Phe Gln
145                 150                 155                 160


Cys Asp Asp Pro Ser Lys Ala Met Ala Phe Leu Thr Gln Glu Leu Met
                165                 170                 175
```

```
Trp Leu Lys Gln Leu Ala Asp Ile Leu Thr Lys Ala Leu Gly Glu Lys
            180                 185                 190


<210> 35
<211> 321
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 35

Met Thr Val Lys Leu Ser Lys Ser Glu Lys Lys Ile Glu Tyr Asp Lys
1               5                  10                  15


Lys Leu Cys Arg Leu Leu Asp Glu Tyr Ser Gln Val Leu Ile Ala Ala
            20                  25                  30


Ala Asp Asn Val Gly Ser Asn Gln Leu Gln Asn Ile Arg Lys Gly Leu
        35                  40                  45


Arg Gly Asp Ser Val Val Leu Met Gly Lys Asn Thr Leu Ile Arg Arg
    50                  55                  60


Cys Ile Lys Ile His Ala Glu Lys Thr Gly Asn Lys Asp Tyr Leu Asn
65                  70                  75                  80


Leu Leu Pro Leu Leu Val Gly Asn Val Gly Leu Ile Phe Thr Lys Gly
                85                  90                  95


                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Asp Leu Lys Glu Val Arg Glu Glu Val Ala Lys Tyr Lys Val Gly Ala
            100                 105                 110


Pro Ala Arg Val Gly Leu Val Ala Pro Ile Asp Val Val Val Pro Pro
        115                 120                 125


Gly Asn Thr Gly Leu Asp Pro Ser Gln Thr Ser Phe Phe Gln Val Leu
    130                 135                 140


Asn Ile Pro Thr Lys Ile Asn Lys Gly Thr Val Glu Ile Ile Thr Pro
145                 150                 155                 160


Val Glu Leu Ile Arg Lys Gly Asp Lys Val Gly Ser Ser Glu Ala Ala
                165                 170                 175
```

```
Leu Leu Ala Lys Leu Gly Ile Arg Pro Phe Ser Tyr Gly Leu Val Ile
            180                 185                 190

Gln Ala Val Tyr Asp Asn Gly Ser Val Phe Ser Pro Glu Val Leu Asp
        195                 200                 205

Leu Thr Glu Asp Asp Leu Val Glu Lys Phe Ala Ala Gly Val Ser Met
    210                 215                 220

Val Thr Ser Leu Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Pro Thr Leu Val Ala Ala
225                 230                 235                 240

Pro His Met Phe Ile Asn Ala Tyr Lys Asn Val Leu Ala Val Ala Ile
                245                 250                 255

Ala Thr Glu Tyr Thr Phe Glu Gln Ala Glu Lys Val Lys Glu Tyr Leu
            260                 265                 270

Lys Asp Pro Ser Lys Phe Ala Val Ala Val Pro Val Glu Ala Ala Ala
        275                 280                 285

Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ala Ala Ala Lys Glu Glu Glu Lys Lys
    290                 295                 300

Glu Glu Pro Ala Glu Glu Ser Asp Glu Asp Met Gly Phe Ser Leu Phe
305                 310                 315                 320

Asp
```

<210> 36
<211> 176
<212> PRT

<213> Elaeis guineensis

<400> 36

```
Met Ile Lys Thr Ala Val Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val
1               5                   10                  15

Asn Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys
            20                  25                  30
```

```
Pro Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Leu Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu
        35                  40                  45

Cys Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Gly Lys
    50                  55                  60

Ile Ile Asn Met Thr Ser Val Ile Gly Leu Thr Gly Asn Ile Gly Gln
65                  70                  75                  80

Ala Asn Tyr Ser Ala Ala Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr
                85                  90                  95

Val Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala
            100                 105                 110

Pro Gly Phe Ile Ala Ser Asp Met Thr Ala Lys Leu Gly Ala Asp Ile
        115                 120                 125

Glu Thr Lys Phe Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Phe Gly Gln Pro
    130                 135                 140

Glu Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala
145                 150                 155                 160

Asn Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Leu Val Met
                165                 170                 175


<210> 37
<211> 188
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 37

Met Ala Thr Thr Ser Thr Lys Glu Met Thr Val Val Lys Gly Leu Asp
1               5                   10                  15

Val Glu Arg Tyr Met Gly Arg Trp Tyr Glu Ile Ala Ser Phe Pro Ser
            20                  25                  30
```



```
Phe Phe Gln Pro Lys Asn Gly Glu Asn Thr Arg Ala Thr Tyr Thr Leu
        35                  40                  45
```

```
Asn Ser Asp Gly Thr Val His Val Leu Asn Glu Thr Trp Ser Asp Gly
     50                  55                  60

Lys Arg Asp Ala Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Lys Ala Asn Pro Asn Ser
65                  70                  75                  80

Asp Glu Ala Lys Leu Lys Val Lys Phe Tyr Val Pro Pro Phe Phe Pro
                85                  90                  95

Ile Ile Pro Val Thr Gly Asp Tyr Trp Val Leu Tyr Ile Asp Asp Asp
            100                 105                 110

Tyr Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Gln Pro Ser Arg Lys Tyr Leu Trp Ile
        115                 120                 125

Leu Cys Arg Gln Thr His Met Asp Asp Glu Val Tyr Asn Leu Leu Leu
    130                 135                 140

Glu Lys Ala Lys Glu Glu Gly Tyr Asp Val Lys Lys Leu His Lys Thr
145                 150                 155                 160

Pro Gln Ala Asp Pro Pro Pro Glu Ala Glu Ala Gly Pro Lys Asp Thr
                165                 170                 175

Lys Gly Ile Trp Trp Ile Lys Ser Leu Phe Gly Lys
            180                 185
```

<210> 38
<211> 319
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 38

```
Met Ala Ala Ser Ile Ala Phe Asn Pro His Val Ile Pro Ala Arg Ser
1               5                   10                  15

Ala Ala Pro Arg Arg Val Ala Pro Leu Gln Thr Leu Ser Ala Ala Pro
            20                  25                  30

Arg Leu Ala Ala Arg Ser Leu Cys Phe Lys Ser Ser Leu Arg Ser Asp
        35                  40                  45
```

```
Gly Thr Ala Ala Phe Ser Gly Val Arg Thr Gln Ala Ala Val Val Glu
     50                  55                  60

                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Gln Ala Ser Ile Glu Gln Ala Gln Asn Val Glu Ala Pro Val Ala Ile
65                  70                  75                  80

Val Thr Gly Gly Ser Arg Gly Ile Gly Lys Ala Ile Ala Leu Ala Leu
                85                  90                  95

Gly Lys Ala Gly Cys Lys Val Leu Ile Asn Tyr Ala Thr Ser Thr Glu
            100                 105                 110

Glu Ala Glu Glu Val Ser Lys Glu Ile Glu Ala Ser Gly Gly Gln Ala
        115                 120                 125

Ile Ile Phe Phe Gly Asp Ile Ser Lys Glu Asp Asp Val Glu Ser Met
    130                 135                 140

Ile Lys Ile Ala Ala Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val Asn
145                 150                 155                 160

Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys Ser
                165                 170                 175

Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Val Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu Cys
            180                 185                 190

Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Lys Gly Lys Ile
        195                 200                 205

Ile Asn Ile Ala Ser Val Val Gly Leu Thr Gly Asn Ala Gly Gln Ala
    210                 215                 220

Asn Tyr Ser Ala Ser Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr Val
225                 230                 235                 240

Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala Pro
                245                 250                 255

Gly Phe Ile Ala Ser Pro Met Thr Ala Gln Leu Gly Glu Asp Val Glu
            260                 265                 270
```

```
Lys Lys Ile Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Tyr Gly Gln Pro Glu
        275                 280                 285

Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala Asp
    290                 295                 300

Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Met Val Met
305                 310                 315
```


<210> 39
<211> 155
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 39

```
Met Ser Leu Ile Pro Arg Gly Trp Gly Phe Gly Ser Ser Ile Phe Asp
1               5                  10                  15

Pro Trp Asp Ser Phe Glu Gly Phe Pro Phe Asn Ser Ser Leu Ser Ser
            20                  25                  30

Phe Pro Arg Pro Ser Phe Pro Ser Glu Ser Ser Ala Phe Ala Asn Ala
        35                  40                  45

Arg Ile Asp Trp Lys Glu Thr Pro Glu Ala His Val Phe Lys Ala Asp
    50                  55                  60

Leu Pro Gly Leu Lys Lys Glu Glu Val Lys Val Glu Val Glu Glu Gly
65                  70                  75                  80

Asn Val Leu Gln Ile Ser Gly Glu Arg Ser Arg Glu Gln Glu Glu Lys
                85                  90                  95

Thr Asp Thr Trp His Arg Val Glu Arg Ser Ser Gly Lys Phe Leu Arg
            100                 105                 110

Arg Phe Arg Leu Pro Glu Asn Ala Lys Met Asp Arg Val Lys Ala Ala
        115                 120                 125

Met Glu Asn Gly Val Leu Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Glu Val Lys
    130                 135                 140
```

Lys Leu Glu Val Arg Ser Ile Glu Ile Ser Gly
145 150 155

<210> 40
<211> 667
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 40

Met Glu Phe Tyr Thr Thr Cys Leu Pro Arg Ser Ser Met Ser Tyr Cys
1 5 10 15

Ala His Pro Arg Leu Ser Pro Pro Val Pro Arg Ser Lys Gln Phe Leu
20 25 30

Ser Phe Arg Ile Lys Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Val Pro Ala Pro
35 40 45

Pro Ala Thr Thr Pro Ser Ser Ser Arg Asn Gly Asn Ile Thr Thr Lys
50 55 60

Ser Leu Thr Glu Lys Leu Ser Ser Ala Met Asp Gln Leu Asp Ile Glu
65 70 75 80

Arg Gly Val Cys Ile Pro Phe Arg Lys Tyr Thr Pro Glu Thr Val Arg
85 90 95

Asn Lys Val Leu Glu Ser Arg Gly Ala Ile Leu Ser Leu Ile Gly Arg
100 105 110

Gly Val Glu Ile Val Trp Asn Leu Gly Leu Tyr Trp Ser Ala Leu Thr
115 120 125

Tyr Asp Cys Leu Val Gly Arg Asp Glu Glu Val Val Pro Tyr Arg Ala
130 135 140

Arg Gln Leu Arg Asn Leu Leu Cys Asn Leu Gly Pro Ser Phe Ile Lys
145 150 155 160

Ala Gly Gln Val Leu Ala Asn Arg Pro Asp Ile Ile Arg Glu Asp Tyr
165 170 175

```
Met Asn Glu Leu Cys Ile Leu Gln Asp Asp Val Pro Pro Phe Pro Asn
            180                 185                 190

Gln Glu Ala Phe Ser Ile Ile Glu Glu Glu Leu Gly Gln Pro Leu Glu
        195                 200                 205

Lys Val Phe Ser Arg Ile Ser Ser Glu Thr Ile Ala Ala Ala Ser Leu
    210                 215                 220

Gly Gln Val Tyr Arg Ala Thr Leu Arg Glu Thr Arg Glu Asp Val Ala
225                 230                 235                 240

Ile Lys Val Gln Arg Pro Gly Ile Glu Pro Ile Ile Tyr Arg Asp Leu
                245                 250                 255

Phe Leu Phe Arg Thr Leu Ala Ser Phe Leu Asn Gly Ile Ser Leu Gln
            260                 265                 270

Lys Leu Gly Cys Asn Ala Glu Leu Ile Val Asp Glu Phe Gly Glu Lys
        275                 280                 285
```

```
Leu Leu Glu Glu Leu Asp Tyr Thr Leu Glu Ala Arg Asn Ile Glu Asp
    290                 295                 300

Phe Leu Glu Asn Phe Lys Asn Asp Pro Thr Val Lys Ile Pro Arg Val
305                 310                 315                 320

Tyr Lys Gln Leu Ser Gly Arg Arg Val Leu Val Met Glu Trp Ile Asp
                325                 330                 335

Gly Ile Arg Cys Thr Asp Pro Glu Ala Val Lys Glu Ala Gly Ile Asp
            340                 345                 350

Val Asn Gly Phe Leu Thr Val Gly Val Ser Ala Ala Leu Arg Gln Leu
        355                 360                 365

Leu Glu Phe Gly Leu Phe His Gly Asp Pro His Pro Gly Asn Ile Phe
    370                 375                 380

Ala Met Arg Asp Gly Arg Ile Ala Tyr Val Asp Phe Gly Asn Val Ala
385                 390                 395                 400

Val Leu Ser Gln Gln Asn Lys Gln Ile Leu Ile Asp Ala Val Val His
                405                 410                 415

Ala Val Asn Glu Asp Tyr Ala Glu Met Ala Asn Asp Phe Thr Arg Leu
            420                 425                 430

Gly Phe Leu Ala Ser Gly Thr Asp Val Ser Pro Ile Ile Pro Ala Leu
        435                 440                 445

Glu Ala Ile Trp Gln Asn Ser Ala Gly Lys Gly Leu Ala Asp Phe Asn
    450                 455                 460

Phe Arg Ser Val Thr Gly Lys Phe Asn Gln Leu Val Tyr Asn Tyr Pro
465                 470                 475                 480

Ile Arg Ile Pro Glu Arg Phe Ser Leu Val Ile Arg Ser Leu Leu Thr
                485                 490                 495

Gln Glu Gly Ile Cys Phe Thr Leu Lys Pro Asp Phe Lys Phe Leu Glu
```

```
            500                 505                 510

Val Ala Tyr Pro Tyr Ile Ala Lys Arg Leu Leu Thr Asp Pro Asn Pro
        515                 520                 525

Ala Leu Arg Glu Arg Leu Ile Gln Val Leu Phe Lys Asp Gly Leu Phe
    530                 535                 540

Gln Trp Lys Arg Leu Glu Asn Leu Ile Val Leu Ala Lys Glu Asn Val
545                 550                 555                 560

Ala Lys Met Asn Gln Asn Pro Ala Leu Gln Val Thr Asn Thr Gln Asn
                565                 570                 575

Ser Arg Asn Trp Gln Val Glu Lys Lys Leu Asp Leu Thr Glu Thr Ile
            580                 585                 590

Lys Asp Gly Ala Arg Met Phe Leu Ile Asp Ala Gly Ile Arg Arg Gln
        595                 600                 605

Leu Ile Met Ala Leu Thr Glu Asp Ser Lys Leu His Ile Gln Glu Leu
    610                 615                 620

Val Asp Val Tyr Arg Leu Val Glu Asp Asp Val Asp Ile Pro Ala Val
625                 630                 635                 640

Ala Phe Glu Val Leu Gln Asp Leu Pro Ser Val Thr Arg Asp Leu Met
                645                 650                 655

Leu Ser Trp Ser Glu Ala Val Leu Ser Asp Arg
            660                 665


<210> 41
<211> 170
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 41

Met Ala Gly Asn Ser Ser Gln Ala Thr Gln Thr Val His Asp Phe Thr
1               5                   10                  15
```

```
Val Lys Asp Ala Arg Gly Asn Asp Val Asn Leu Gly Thr Tyr Lys Gly
            20                  25                  30

Lys Val Leu Leu Ile Val Asn Val Ala Ser Gln Cys Gly Leu Thr Asn
        35                  40                  45

Ser Asn Tyr Thr Glu Leu Thr Ala Leu Tyr Glu Lys Tyr Lys Asp Lys
    50                  55                  60

Gly Leu Glu Ile Leu Ala Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly Ala Gln Glu
65                  70                  75                  80

Pro Gly Ser Asn Glu Gln Ile Leu Glu Phe Ala Cys Thr Arg Phe Lys
                85                  90                  95
```

```
Ala Glu Tyr Pro Ile Phe Asp Lys Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala
            100                 105                 110

Ala Pro Ile Tyr Lys Phe Leu Lys Ser Ser Lys Gly Gly Leu Phe Gly
        115                 120                 125

Glu Ser Ile Lys Trp Asn Phe Ser Lys Phe Leu Val Asp Lys Glu Gly
    130                 135                 140

His Val Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser Ile Glu
145                 150                 155                 160

Lys Asp Val Lys Lys Leu Leu Gly Leu Asn
                165                 170
```

<210> 42
<211> 37
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (7)..(8)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (19)..(20)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (28)..(29)

<220>
<221> NON_TER
<222> (37)..(37)

<400> 42

```
Gly Ile Glu Tyr Glu Tyr Lys Ser Ser Leu Leu Leu Glu Met Asn Pro
1               5                   10                  15
```

Val His Lys Phe Trp Ala Asp Phe Val Asp Lys Lys Gly Glu Glu Gln
20 25 30

Glu Thr Ala Lys Lys
35

<210> 43

<211> 216
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 43

```
Met Gly Val Lys Val Tyr Gly Pro Thr Met Ser Thr Cys Thr Ala Arg
1               5                  10                  15

Val Leu Leu Cys Leu Glu Glu Val Gly Ala Glu Tyr Glu Leu Val Pro
            20                  25                  30

Ile Asn Leu Ser Thr Gly Glu His Lys Gln Pro Ala His Leu Ala Arg
        35                  40                  45

Asn Pro Phe Gly Gln Val Pro Ala Phe Glu Asp Gly Ala Leu Met Leu
    50                  55                  60

His Glu Ser Arg Ala Ile Ala Arg Tyr Val Ser Arg Lys Tyr Lys Ser
65                  70                  75                  80

Ser Gly Ala Asp Leu Leu Lys Glu Gly Gly Leu Glu Glu Ser Ala Met
                85                  90                  95

Val Asp Val Trp Leu Glu Val Glu Ser His Gln Phe Asp Pro Ala Ile
            100                 105                 110

Gly Pro Ile Phe Phe Gln Ser Phe Ile Val Pro Met Ile Gly Gly Val
        115                 120                 125

Pro Asp Gln Thr Val Ile Asn Thr Asn Leu Glu Lys Leu Cys Lys Val
    130                 135                 140

Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Lys Thr Lys Tyr Leu Ala Gly
145                 150                 155                 160

Asp Phe Phe Ser Leu Ala Asp Leu Ser His Val Pro Leu Leu Tyr Tyr
                165                 170                 175

Phe Met Gly Ser Pro His Ala Ser Val Val Asn Ser Arg Pro His Val
            180                 185                 190
```

```
Lys Ala Trp Trp Glu Ala Val Ser Ser Arg Pro Ala Cys Lys Lys Val
        195                 200                 205

Thr Ser Ala Met Pro Gly Ser Ala
    210                 215
```

<210> 44

<211> 813
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 44

Met Ala Gln Ile Leu Leu His Gly Thr Leu His Val Thr Ile Phe Glu
1 5 10 15

Ala Asn Ser Leu Ser Asn Pro Asn Arg Ala Ser Gly Gly Ala Pro Lys
20 25 30

Phe Ile Arg Gln Leu Val Glu Gly Ile Glu Asp Thr Ile Gly Leu Gly
35 40 45

Lys Gly Ser Ser Lys Leu Tyr Ala Thr Ile Asp Leu Glu Lys Ala Arg
50 55 60

Val Gly Arg Thr Arg Leu Ile Thr Lys Glu Pro Val Asn Pro Arg Trp
65 70 75 80

Tyr Glu Ser Phe His Ile Tyr Cys Ala His Met Ser Ala Asn Val Ile
85 90 95

Phe Thr Val Lys Phe Asp Asn Pro Ile Gly Ala Ser Leu Ile Gly Arg
100 105 110

Ala Tyr Leu Pro Val Thr Glu Ile Leu Asn Gly Glu Glu Val Asp Arg
115 120 125

Trp Ile Glu Ile Cys Asp Glu Asp Arg Asn Pro Leu Asp Gly Gly Ala
130 135 140

Arg Ile His Val Lys Val Gln Tyr Phe Asp Ile Ser Lys Asp Arg Asn
145 150 155 160

Trp Ala Arg Gly Ile Arg Ser Ala Lys Tyr Pro Gly Val Pro Tyr Thr
165 170 175

Phe Phe Ser Gln Arg Gln Gly Cys Lys Val Thr Leu Tyr Gln Asp Ala
180 185 190

His Val Pro Asp Asn Phe Ile Pro Lys Ile Pro Leu Ala Asp Gly Lys
195 200 205

Tyr Tyr Glu Pro His Arg Cys Trp Glu Asp Ile Phe Asp Ala Ile Ser
210 215 220

Asn Ala Gln His Leu Ile Tyr Ile Thr Gly Trp Ser Val Tyr Thr Glu

```
225                 230                 235                 240

Ile Thr Leu Val Arg Asp Ala Lys Arg Gln Lys Pro Gly Gly Asp Val
                245                 250                 255

Thr Leu Gly Glu Leu Leu Lys Arg Lys Ala Ser Glu Gly Val Arg Val
            260                 265                 270

Leu Met Leu Val Trp Asp Asp Arg Thr Ser Val Gly Leu Leu Lys Lys
        275                 280                 285

Asp Gly Leu Met Ala Thr His Asp Glu Glu Thr Ala Asn Tyr Phe Gln
    290                 295                 300

Asp Thr Asp Val His Cys Val Leu Cys Pro Arg Asn Pro Asp Asp Gly
305                 310                 315                 320

Gly Ser Phe Val Gln Asp Leu Gln Ile Ser Thr Met Phe Thr His His
                325                 330                 335

Gln Lys Ile Val Val Val Asp His Glu Met Pro Asn Lys Ser Ser Gln
            340                 345                 350

Gln Arg Arg Ile Val Ser Phe Val Gly Gly Ile Asp Leu Cys Asp Gly
        355                 360                 365

Arg Tyr Asp Thr Gln Phe His Ser Leu Phe Arg Thr Leu Asp Thr Ala
    370                 375                 380

His His Asp Asp Phe His Gln Pro Asn Phe Ala Asp Ala Ser Ile Lys
385                 390                 395                 400

Lys Gly Gly Pro Arg Glu Pro Trp His Asp Ile His Ser Arg Leu Glu
                405                 410                 415

Gly Pro Ile Ala Trp Asp Val Leu Tyr Asn Phe Glu Gln Arg Trp Arg
            420                 425                 430

Lys Gln Gly Gly Lys Asp Leu Leu Val Gln Leu Arg Asp Leu Ala Asp
        435                 440                 445
```

Ile Val Ile Pro Pro Ser Pro Val Met Phe Pro Glu Asp Arg Glu Thr
450 455 460

Trp Asn Val Gln Leu Phe Arg Ser Ile Asp Gly Gly Ala Ala Phe Gly
465 470 475 480

Phe Pro Glu Thr Pro Glu Asp Ala Ala Arg Ala Gly Leu Val Ser Gly
485 490 495

Lys Asp Asn Ile Ile Asp Arg Ser Ile Gln Asp Ala Tyr Ile Asn Ala
500 505 510

Ile Arg Arg Ala Lys Asn Phe Ile Tyr Ile Glu Asn Gln Tyr Phe Leu
515 520 525

Gly Ser Ser Phe Gly Trp Arg Ala Asp Asp Ile Lys Pro Glu Glu Val
530 535 540

Gly Ala Leu His Leu Ile Pro Lys Glu Leu Ser Leu Lys Ile Val Ser
545 550 555 560

Lys Ile Glu Ala Gly Glu Arg Phe Thr Val Tyr Val Val Val Pro Met
565 570 575

Trp Pro Glu Gly Val Pro Glu Ser Gly Ser Val Gln Ala Ile Leu Asp
580 585 590

Trp Gln Arg Arg Thr Met Glu Met Met Tyr Thr Asp Ile Ile Leu Ala
595 600 605

Leu Gln Ala Lys Gly Ile Glu Ala Asn Pro Lys Asp Tyr Leu Thr Phe
610 615 620

Phe Cys Leu Gly Asn Arg Glu Val Lys Lys Gly Gly Glu Tyr Glu Pro
625 630 635 640

Glu Glu Gln Pro Glu Ala Asp Thr Asp Tyr Ser Arg Ala Gln Gln Ala
645 650 655

Arg Arg Phe Met Ile Tyr Val His Thr Lys Met Met Ile Val Asp Asp
660 665 670

```
Glu Tyr Ile Ile Ile Gly Ser Ala Asn Ile Asn Gln Arg Ser Met Asp
        675                 680                 685

Gly Ala Arg Asp Ser Glu Ile Ala Met Gly Ala Tyr Gln Pro Phe Tyr
    690                 695                 700

Leu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Arg Gly Arg Ile His Gly Phe Arg Met
705                 710                 715                 720

Ala Leu Trp Tyr Glu His Leu Gly Met Leu Asp Asp Ala Phe Leu His
                725                 730                 735
```

```
Pro Glu Ser Val Glu Cys Val Gln Lys Val Asn Arg Ile Ala Asp Lys
            740                 745                 750


Tyr Trp Asp Leu Tyr Ser Ser Asp Asn Leu Asp Arg Asp Leu Pro Gly
        755                 760                 765


His Leu Leu Ser Tyr Pro Ile Gly Val Ser Ser Asp Gly Val Ile Thr
    770                 775                 780


Glu Leu Pro Gly Met Glu Phe Phe Pro Asp Thr Arg Ala Arg Val Leu
785                 790                 795                 800


Gly Thr Lys Ala Asp Tyr Leu Pro Pro Ile Leu Thr Thr
                805                 810


<210> 45
<211> 92
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (37)..(38)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (58)..(59)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (71)..(72)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (83)..(84)
```

<220>
<221> NON_TER
<222> (92)..(92)

<400> 45

Leu Ser Leu Asp Ala Lys Ser Glu Ile Leu Pro Phe Leu Pro Cys Ile
1 5 10 15

```
Phe Asn Arg Phe Asp Ser Val Thr Lys Glu Ile Thr Asp Leu Gly Met
            20                  25                  30

Glu Ser Phe Ala Arg Leu Ser Cys Gly Ser Cys Thr Phe Gly Ala Lys
        35                  40                  45

Gly Ile Asn Ala Met Leu Glu His Cys Lys Leu Gln Val Thr Asp Ile
    50                  55                  60

Gly Leu Phe Gly Ile Ser Lys Arg Ile Gly Asp Gln Gly Leu Met Ser
65                  70                  75                  80

Val Ala Lys Asn Leu Val Ala Cys Thr Leu Arg Arg
                85                  90
```

TABLA 1. Cuarenta y cinco proteínas únicas expresadas diferencialmente.

Proteína	Mancha #	Nombre de la proteína clasificada superior [Especies]	# de acceso	Función	Rutas/Metabolismo	Clase de enzima
SEQ ID NO: 1	65	5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa, putativa, expresada [Oryza sativa]	gi|108866292	Catalliza la formación de la metionina en la ruta de biosíntesis del aminoácido	Metabolism de la cisteína y la metionina; biosíntesis de hormonas en plantas	EC2.1.1.14 5- metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa
SEQ ID NO: 2	78	Proteína de estrés abscísico de maduración [Musa acuminata subsp. burmannicoides]	gi|219963178	Proteína relacionada con el estrés n	-	-
SEQ ID NO: 3	22	actina 6 [Populus trichocarpa]	gi|224117708	Subunidad monomérica de limpieza de microfilamentos	-	-
SEQ ID NO: 4	76	actina E [Elaeis guineensis]	gi|48527433	Actin	-	-
SEQ ID NO: 5	67	Precursor de la biotina carboxilasa [Glicina max]	gi|3219361	Componente de la acetil CoA carboxilasa & involucrada en la biosíntesis de ácidos grasos	Biosíntesis de ácidos grasos; metabolismo de piruvato; propanoato	EC6. 3 .4. 1 4 biotina carboxilasa
SEQ ID NO: 6	23	ácido cafeico O-metiltransferasa, [Vanilla planifolia]	gi|45444737	-	Biosíntesis de metabolitos secundarios	2.1.1.68 Transferasas, metiltransferasa
SEQ ID NO: 7	9	catalasa 2 [Elaeis guineensis]	gi|192910916	Actividad en el metabolismo de la hidrógeno peroxidasa	Metabolismo energético; del metano; aminoácidos y triptófano	EC1.11.1.6 Catalasa
SEQ ID NO: 8	59	proteína- hipotética-conservada Ricinus-communis [Ricinus communis]	gi|223539131	-	-	-

SEQ ID NO: 9	73	proteína como la fibrilina [Elaeis guineensis]	gi|32250939	Fibrilina=micro-fibrillas que rodean la elastina amorfa	-	-
SEQ ID NO: 10	46	FQR1 (FLAVODOXINA-COMO QUINONA REDUCTASA1) [Arabidopsis thaliana]	gi|15239652	Familia de la Quinona reductasa,involucrada en la respuesta redox y auxina	-	-
SEQ ID NO: 11	74	fructosa-bisfosfatasa aldolasa [Elaeis guineensis]	gi|192910908	-	Metabolismo de carbohidratos: metabolismo energético	EC4.1.2.13 Liasas, Aldehidoliasas
SEQ ID NO:12	26	gliceraldehido 3-fosfato deshidrogenasa [Elaeis guineensis]	gi|82400215	Intermediario en la glicolisis, gluconeogenesis y fotosíntesis	Metabolismo de carbohidratos, glicolisis y gluconeogenesis, metabolismo energético, fijación de carbono en fotosíntesis	EC1.2.1.9 GAP (NADP); EC1.2.1.12 GAP A; EC1.2.1.59 GAP2 (NAD(P)); EC1.2.1.13 GAP2 (NADP+ fosforilación); EC1.2.1.12 GAPDHS (espermatogénica)
SEQ ID NO: 13	19	H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar- group)]	gi|116309131	Contiene el dominio transposasa = enzima que se une al extremo del transposón para catalizar el movimiento del transposón	-	-
SEQ ID NO: 14	56	Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa [Chlorogonium elongatum]	gi|74267421	RuBisCO= usada en el ciclo de Calvin para catalizar la fijación de carbono	Metabolismo del glioxilato y el dicarboxilato; fijación de carbono en la fotosíntesis	EC4.1.1.39 ribulosa-bisfosfatasa carboxilasa
SEQ ID NO: 15	58	Lea1P [Daucus carota]	gi|10945667	Una pequeña ribonucleoproteína nuclear (snRNP), requerida en la formación del prespliceosoma	-	-
SEQ ID NO: 16	5	proteína sintasa de metionina [Sorghum bicolor]	gi|18483235	Familia de las oxido-reductasas	Metabolismo de la cisteína y	EC2.1.1.13; metionina sintasa

					la metionina	
SEQ ID NO: 17	51	peroxiredoxina mitocondrial [Pisum sativum]	gi|47775654	Enzima antioxidante; regula cambios en la fosforilación, redox & oligomerización	No clasificada	EC1.11.1.15 Peroxi-redoxina; EC1.8.98.2 Peroxi-redoxina-(S-hidroxi-S-oxocisteína) reductasa
SEQ ID NO: 18	58	Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115448731	Homólogo= proteína de la familia asociada a la thaliana lipídica A	-	-
SEQ ID NO: 19	66	Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115464537	Proteína desconocida	-	-
SEQ ID NO: 20	68	Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|115487492	Homólogo de la ACTG2-actina gamma 2	-	-
SEQ ID NO: 21	7	OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	gi|38345312	Homólogo de la proteína 90 e c choque térmico	NOD-como receptor de la ruta de señalización	-
SEQ ID NO: 22	34	Proteina predicha [Ostreococcus lucimarinus CCE9901]	gi|145345862	Contiene un p23 como dominio y varios sitios enlazantes de HSP90sites	-	-
SEQ ID NO: 23	79	Proteína predicha [Physcomitrella patens subsp. patens]	gi|168027637	Ortólogo de la Glutatión S-transferasa teta de taliana A	-	-
SEQ ID NO: 24	20	Proteína predicha [Populus trichocarpa]	gi|224129424	-	-	-
SEQ ID NO: 25	55	PREDICHA: proteína hipotética isoforma 1 [Vitis vinifera]	gi|225434277	Contiene un dominio de cistationa beta-sintasa (CBS)	-	-
SEQ ID NO: 26	33	PREDICHA: similar al polipétido neciente asociado al complejo alfa-como proteína 1 [Arabidopsis	gi|225470846	-	-	-

		thaliana]				
SEQ ID NO: 27	24	prolina iminopeptidasa, putativa [Ricinus communis]	gi|223538638	-	Metabolismo de amino ácidos	EC3.4.11.5 Hidrolasas, Aminopeptidasas
SEQ ID NO: 28	39	protein transportadora [Elaeis guineensis]	gi|192910836	Proteína transmembranar que ayuda a ciertas sustancias a atravesar la membrana	-	-
SEQ ID NO: 29	12	Homólogo de la proteína putativa de resistencia a la enfermedad NBS-LRR [Oryza sativa Japonica Group]	gi|38636971	Región rica en secuencia de leucina nucleotido-enlazante, sistema de defensa de la planta	-	-
SEQ ID NO: 30	32	Proteína enlazante Ran GTPasa, putativa [Ricinus communis]	gi|223534074	Ran=Proteína nuclear Ras-relacionada. Involucrada en el transporte del núcleo celular durante la interfase	Metabolismo de Purina	EC3.1.5.1 dGTPasa; EC3.6.5. 3 proteína de síntesis GTPasa; EC3.6.5.5 dinámicac GTPasa; EC3.6.5.2 monomérica pequeña GTPase; EC3.6.5.4 particula de reconocimiento de señal GTPasa
SEQ ID NO: 31	37	Triosa fosfato isomerasa, cloroplástica [Spinacia oleracea]	gi|1174745	Involucrada en la glicolisis y la producción de energía.	Glicolisis/gluco neogénesis; y metabolismo de la fructosa y la manosa; metabolismo del fosfato de inositol	EC5.3.1.1 triosa fosfato isomerasa (TIM)
SEQ ID NO: 32	13	Subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V [Daucus carota]	gi|137460	Catálisis de ATP a ADP para liberar energía	Metabolismo enrgético; foto-síntesis	EC3.6.3.9 subunidad alfa de intercambio ATP1A Na+/K+ de la ATPasa; EC3. 6.3. 1 4 subunidad a,b y c de la ATPasa que transporta ATP tipo-F H+
SEQ ID NO: 33	84	regulador de la actividad de la ribonucleasa A [Zea mays]	gi|195638112	Inhibe la actividad de la endonucleasa	-	-
SEQ ID	36	Similar	gi|9759493	Transposones via RNA	-	-

NO: 34		a la proteína pol del retoelemento [Arabidopsis thaliana]		intermediarios.		
SEQ ID NO: 35	72	Proteína ribosomal L10 [Elaeis guineensis]	gi|192910684	Proteína mitocondrial, proteína clave para el ensamble de la a subunidad grande ribosomal y la síntesis de proteínas	Ribosoma	-
SEQ ID NO: 36	75	Deshidrogenasa tipo cadena corta, putativa [Ricinus communis]	gi|223550344	Oxido-reductasas NAD o NADP- dependientes	No clasificada	EC1.1.1.100 deshidrogenasa tipo cadena corta
SEQ ID NO: 37	53	Lipocalina inducida por la temperatura [Elaeis guineensis]	gi|192911934	Lipocalina=proteínas que transportan lípidos & esteroides. TIL es sensible al estrés por calor	-	-
SEQ ID NO: 38	38	desconocida [Picea sitchensis]	gi|224285125	Contiene la region conservada de 3- oxoacil-(acil- proteína-portadora) reductasa & Proteína enlazantes NAD(P)(+)-de doblado Rossmann	-	-
SEQ ID NO: 39	81	Proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I (HSP17.6C-CI) (AA 1 - 1 5 6) [Arabidopsis thaliana]	gi|15220832	Inducidas por estrés al calor e involucrada en funciones de chaperonina protegiendo las proteínas de la desnaturalización irreversible	-	-
SEQ ID NO: 40	49	Proteína de la familia ABC1 [Arabidopsis thaliana]	gi|79325958	ABC1= nuevas chaperoninas en la transferencia de electrones	-	-

SEQ ID NO: 41	54	Glutatión peroxidasa [Triticum monococcum subsp. aegilopoides]	gi|148529480	-	Metabolismo de otros aminoácidos, metabolismo de lípidos	EC1.11.1.9 Oxido-reductasas, Peroxidasas
SEQ ID NO: 42	41	Glutatión S-transferasa [Matricaria chamomilla]	gi|17385642	-	Metabolismo de aminoácidos	EC2.5.1.18 Transferasas
SEQ ID NO: 43	43	Glutation-S-transferasa theta, gst, putativa [Ricinus communis]	gi|223528475	-	-	-
SEQ ID NO: 44	63	Fosfolipasa D [Oryza sativa Japonica Group]	gi|1020415	Localizada en la membrana plasmática y cataliza la hidrólisis de fosfatidilcolina	Glicero-fosfolípido; éter lipídico; metabolismo de ácido araquidónico; ácido linoléico; ácido alfa-linoléico	EC3.1.4.4 fosofolipasa D; EC3.1.4.11 fosfolipasa C, delta
SEQ ID NO: 45	30	VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2) ; ubiquitina-proteína ligasa [Arabidopsis thaliana]	gi|18409012	Involucrada en la poliubiquitinación (marca la proteína para la degradación por el proteasoma)	Proteólisis mediada por ubiquitina ruta Wnt y señalización p53	EC6.3 .2.1 9 ubiquitina-proteína ligase

TABLA 2. Detalles de la expresión diferencial de las cuarenta y cinco proteínas.

Proteína	Mancha #	**Nombre superior de la proteína clasificada [Especies]**	Semana 12 (Alta vs baja)	Semana 16 (Alta vs baja)	Semana 18 (Alta vs baja)	Alta (semana 12 vs 16)	Alta (Semana 12 vs 18)	Baja (Semana 12 vs 16)	Baja (Semana 12 vs 18)
SEQ ID NO: 1	65	5-metiltetrahidropteroiltrigluta mato-homocisteína metiltransferasa, putativa, expresada [Oryza sativa]	Sobre-regulada en alto			Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en L12	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 2	78	Proteína de estrés abscísico de maduración [Musa acuminata subsp. burmannicoides]	-	-	-	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en L12	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 3	22	actina 6 [Populus trichocarpa]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	-
SEQ ID NO: 4	76	actina E [Elaeis guineensis]	-	-	-	Sobre-regulada en H12	-	-	-
SEQ ID NO: 5	67	Precursor de la biotina carboxilasa [Glicina max]	-	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 6	23	Ácido caféico O-metiltransferasa [Vanilla planifolia]	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	-	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 7	9	catalasa 2 [Elaeis guineensis]	Sobre-regulada en alto	-	- Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en L12	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 8	59	proteína- hipotética-conservadaRicinus-communis [Ricinus communis]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en in H18	-	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 9	73	Proteína como la fibrilina	Sobre-regulada en alto	-	-	Sobre-regulada en H12	-	-	Sobre-regulada en L18

SEQ ID NO: 10	46	FQR1 (FLAVODOXINA-COMO QUINONA REDUCTASA1) [Arabidopsis thaliana]	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en H16	-	-	-
SEQ ID NO: 11	74	fructosa-bisfosfatasa aldolasa [Elaeis guineensis]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada in H16	Sobre-regulada in H18	Sobre-regulada in L18	Sobre-regulada in L18
SEQ ID NO: 12	26	gliceraldehido 3-fosfato deshidrogenasa [Elaeis guineensis]	-	Sobre-regulada en bajo	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 13	19	H0825G02.11 [Oryza sativa (indica cultivar-group)]	-	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	-
SEQ ID NO: 14	56	Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa [Chlorogonium elongatum]	-	-	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 15	58	Lea1P [Daucus carota]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en H16	-	-	-
SEQ ID NO: 16	5	proteína sintasa de metionina [Sorghum bicolor]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	-
SEQ ID NO: 17	51	peroxiredoxina mitocondrial [Pisum sativum]	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 18	58	Os02g0753300 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Sobre-regulada en alto	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 19	66	Os05g0482700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	-	-
SEQ ID NO: 20	68	Os12g0163700 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18

SEQ ID NO: 21	7	OSJNBb0085F13.17 [Oryza sativa (japonica cultivar-group)]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 22	34	Proteina predicha [Ostreococcus lucimarinus CCE9901]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en 16	-	-	-
SEQ ID NO: 23	79	Proteína predicha [Physcomitrella patens subsp. patens]	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	-	-
SEQ ID NO: 24	20	Proteína predicha [Populus trichocarpa]	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en H18	-	-
SEQ ID NO: 25	55	PREDICHA: proteína hipotética isoforma 1 [Vitis vinifera]	Sobre-regulada en alto	-	-	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	-	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 26	33	PREDICHA: similar al polipétido neciente asociado al complejo alfa-como proteína 1 [Arabidopsis thaliana]	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en H12	Sobre-regulada en H12	-	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 27	24	prolina iminopeptidasa, putativa [Ricinus communis]	-	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 28	39	proteina transportadora [Elaeis guineensis]	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en bajo H16	Sobre-regulada en H18	-	-
SEQ ID NO: 29	12	Homólogo de la proteína putativa de resistencia a la enfermedad NBS-LRR [Oryza sativa Japonica	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	-

		Group]							
SEQ ID NO: 30	32	Proteina enlazante Ran GTPasa, putativa [Ricinus communis]	Sobre-regulada en alto	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 31	37	Triosa fosfato isomerasa, cloroplástica [Spinacia oleracea]	-	Sobre-regulada en bajo	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 32	13	Subunidad catalítica A de la protón ATPasa tipo-V [Daucus carota]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	-
SEQ ID NO: 33	84	regulador de la actividad de la ribonucleasa A [Zea mays]	-	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	-	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 34	36	Similar a la proteína pol del retoelemento [Arabidopsis thaliana]	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en H16	-	-	-
SEQ ID NO: 35	72	Proteína ribosomal L10 [Elaeis guineensis]	Sobre-regulada en bajo	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en L18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 36	75	Deshidroghenasa tipo cadena corta, putativa [Ricinus communis]	-	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 37	53	Lipocalina inducida por la temperatura [Elaeis guineensis]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en H16	-	-	-
SEQ ID NO: 38	38	desconocida [Picea sitchensis]	-	Sobre-regulada en alto	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en L18	-	Sobre-regulada en L18

SEQ ID NO: 39	81	Proteína pequeña de choque térmico de 17.6 kDa clase I (HSP17.6C-CI) (AA 1 - 1 5 6) [Arabidopsis thaliana]	-	-	-	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en L18
SEQ ID NO: 40	49	Proteína de la familia ABC1 [Arabidopsis thaliana]	-	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H12	-	-
SEQ ID NO: 41	54	Glutatión peroxidasa [Triticum monococcum subsp. aegilopoides]	-	Sobre-regulada en alto	-	-	-	-	-
SEQ ID NO: 42	41	Glutation-S-transferasa [Matricaria chamomilla]	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en bajo	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	Sobre-regulada en L16	-
SEQ ID NO: 43	43	Glutation-S-transferasa theta, gst, putativa [Ricinus communis]	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en alto	Sobre-regulada en H16	Sobre-regulada en H18	-	-
SEQ ID NO: 44	63	Fosfolipasa D [Oryza sativa Japonica Group]	-	Sobre-regulada en bajo	-	Sobre-regulada en H12	-	-	Sobre-regulada en L12
SEQ ID NO: 45	30	VFB2 (VIER F-BOX PROTEINE 2) ; ubiquitina-proteína ligasa [Arabidopsis thaliana]	-	-	Sobre-regulada en alto	-	-	-	Sobre-regulada en L12

TABLA 3. Anticuerpos contra 27 de las 45 proteínas únicas expresadas diferencialmente.

Anticuerpo No	Mancha de proteína No	Anticuerpo Ref.No.	Nombre del anticuerpo	Compañía
1	5	AB9209	Anticuerpo MTR	Abcam
2	7	AB19104	Anticuerpo HSP 920	Abcam
3	9 & 14	ASO9501	Catalasa	Agrisera
4	13	AS09503	V-ATPasa B, subunidad B ATPasa vacuolar H+	Agrisera
5	12 & 76	A0480-200 µL	Anti-actina(planta)	Sigma Aldrich
6	23 & 25	AB51984	CCMT	Abcam
7	24	GW22303-20µG	Anti-XPNPEP de pollo (X-prolil aminopeptidasa (aminopedptidasa P)1)(N-193	GenWay
8	26	10494-1-AP	GADOPH	
9	30	AB90146	Anticuerpo HECT ubiquitina ligasa	Acbam
10	32	AS07217	FtsZ, GTPasa de división células procariotas	Agrisera
11	33	ABIN337196	Polipéptido naciente asociado+complejo+alfa+polipéptido+(NACA) (Humano)	Anticuerpos on-line
12	37	AB58329	Anticuerpo triosA fosfato isomerasa	Abcam
13	41 & 42	AS09479	GSR clase phi, glutatio-S-transferasa	Agriesa
14	43 & 79	AB55188	Glutation-S-transferasa theta 1	Abcam
15	48	SC-102147	U2 snRNP A (F-22)	Santa Cruz
16	49	AB18180	Anticuerpo ABCA1 [AB.H10]	Abcam
17	51	AS05093	PrxQ, peroxi-redoxina, tio-redoxina reductasa	Agriesa
18	53 & 52	AB61866	Prostaglandina D sintasa	Abcam
19	54	AS04055	GPXglutation peroxidasa cloroplástica	Agriesa
20	56	AS03037	RbcL, subunidad grande de Rubiosco, forma KI hy forma II	Agriesa
21	63	AS09556	PLD, fosfolipasa D	Agriesa
22	65	M4697-50	Anti-MTR (5-metiltetrahidropteroiltriglutamato-homocisteína metiltransferasa)	ES Biological
23	67	GTX110062	M	Gene 1 ex inc.
24	68	ABIN229498	Actina, gamma 2Múscyulo entérico liso ACTG2	Anticuerpos on-line
25	72	17013-1-AP		Proteintech group
26	74	AS08294	ALD, frutosa-1,6-bifosfatasa aldolasa	Agrisera
27	80, 81 & 83	AS07254	HSP17.6 clase I citosólica HSP 17.6	Agrisera

TABLA 4. Resultados del inmunoensayo Dot-blot, según se soportan por el ensayo de Mann Whitney

Anticuerpo No	Nombre del anticuerpo (Ref. No.)	Mancha de Proteína No.	Nombre superior de la proteína clasificada	No. de Acceso	Expresión diferencial
1	COMT (AB51984)	23 & 25	Ácido caféico O-metiltransferasa (Vanilla Planifolia)	gi/45444737	Semana 12
2	TIM (AB58329)	37	Triosa fosfato isomerasa. Cloroplástica/Spinacea oleracea)	gi/1174745	Semanas 12 & 16
3	GSTtheta (AB55188)	43	Glutamato-s-transferasa theta gst, putastiva (Ricinus communis)	gi/223528475	Semana 20
4	GST theta (AB55188)	79	Proteína predicha (Physcommitrella patnes subsp. Patens)	gi/168027637	Semana 20
5	ABCA1 (AB18180)	49	Proteína d ela familia ABC1 (Arabidoposis thaliana)	gi/79325958	Semana 12
6	NACA (ABIN337196)	33	Predicha. Similar al polipéptidos naciente asociado al complejo a la proteína-1 como el complejo alfa	gi/225470846	Semana 12 & 14
7	GPX (AS04055)	54	Glutation peroxidase (Triticum monococcum subsp. Aegilopoides)	gi/148529480	Semana 12
8	RbeL(AS03037)	56	Subunidad grande de la ribulosa-1,5-bifosfato carboxilasa/oxigenasa	gi/	Semana 22
9	RPL 10 (1713-1-AP)	72	Proteína ribosomal 1.10 (Elaeis guineensis)	gi/	Semana 14
10	ALD (AS08294)	74	Fructosa-bifosfato-aldolasa (Elaeis guineensis)	gi/	Semana 12
11	HASP17.6 (AS07254)	80, 81 & 83	Proteína pequeña de clase I de 17.6 kDa de choque térmico (HSP17.6C-CI) (Arabidopsis thaliana)	gi/	Semana 22

SEQUENCE LISTING

<110> Sime Darby Technology Centre Sdn Bhd

<120> Methods for Obtaining High-Yielding Oil Palm Plants

<130> RDQL-J4432

<160> 45

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 210
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 1

```
Met Ala Ser His Val Val Gly Tyr Pro Arg Met Gly Pro Lys Arg Glu
1               5                  10                  15

Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp Gly Lys Ser Ser Ala Ala
            20                  25                  30

Asp Leu Gln Lys Val Ser Gln Asp Leu Arg Cys Ser Ile Trp Lys Gln
        35                  40                  45

Met Ser Asp Ala Gly Val Lys Tyr Ile Pro Ser Asn Thr Phe Ser Tyr
    50                  55                  60

Tyr Asp Gln Val Leu Asp Ala Thr Ala Met Leu Gly Ala Val Pro Gln
65                  70                  75                  80

Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Gly Glu Ile Gly Phe Asp Thr Tyr Phe Ser
                85                  90                  95

Met Ala Arg Gly Asn Ala Ser Val Pro Ala Met Glu Met Thr Lys Trp
            100                 105                 110

Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro Glu Leu Ala Pro Asp Thr
        115                 120                 125

Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val Ser Glu Tyr Lys Glu Ala
    130                 135                 140

Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val Leu Ile Gly Pro Val Thr
145                 150                 155                 160

Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly Val Glu Lys Ala Phe Pro
                165                 170                 175
```

Leu Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro Val Tyr Lys Glu Val Ile
180 185 190

Ala Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp Val Gln Phe Asp Glu Pro
195 200 205

His Leu
210

<210> 2
<211> 68
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (68)..(68)

<400> 2

Met Glu His Leu Gly Glu Met Gly Ala Val Ala Ala Gly Ala Phe Ala
1 5 10 15

Leu Tyr Glu Lys His Glu Ala Lys Lys His Pro Glu His Ala His Arg
20 25 30

His Lys Ile Glu Glu Glu Ile Ala Ala Ala Val Ala Val Gly Ser Gly
35 40 45

Gly Tyr Ala Phe His Glu His His Glu Lys Lys Ala Ala Lys Lys Glu
50 55 60

Ala Glu Glu Ser
65

<210> 3
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 3

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
35 40 45

```
Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln
Ser Lys Arg
    50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Met Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300
```

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Thr
305 310 315 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
325 330 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
340 345 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Gly Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
355 360 365

Pro Ser Ile Val His Arg Lys Cys Phe
370 375

<210> 4
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 4

Met Ala Glu Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
35 40 45

Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
50 55 60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Thr Asn
65 70 75 80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
85 90 95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Val Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
100 105 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
115 120 125

Phe Asn Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
130 135 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp
Gly

145 150 155 160

Val Thr His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Phe Ala Leu Pro His Ala
165 170 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
180 185 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
195 200 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Gly Tyr Val Ala Leu Asp
210 215 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ser Val Glu Lys
225 230 235 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
245 250 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
260 265 270

Ala Ala Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
275 280 285

Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
290 295 300

Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Ala Asp Arg Met Ser Lys Glu Ile Ser
305 310 315 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
325 330 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
340 345 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Ser Lys Glu Glu Tyr Asp Glu Cys Gly
355 360 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
370 375

<210> 5
<211> 535

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 5

Met Asp Ser Met Ile Ala Cys Lys Ser Gly Cys Leu Pro Pro Gly Leu
1 5 10 15

Phe Ile Arg Pro Thr Arg Gly Ile Arg Ser Ser Gln Cys Ser Phe Met
20 25 30

Val Gly Asn Asp Pro Lys Phe Cys Lys Ile Ser Phe Pro Arg Lys Arg
35 40 45

Thr Ala Cys Ala Ile Arg Lys Ser Lys Lys Asn Gly Gly Ala Leu Asn
50 55 60

Ala Thr Cys Tyr Asp Glu Lys Ile Leu Val Ala Asn Arg Gly Glu Ile
65 70 75 80

Ala Val Arg Val Ile Arg Thr Ala His Glu Met Gly Ile Pro Cys Val
85 90 95

Ala Val His Ser Thr Ile Asp Gln Asp Ala Leu His Val Arg Leu Ala
100 105 110

Asp Glu Ala Val Cys Ile Gly Glu Ala Pro Ser Ser Gln Ser Tyr Leu
115 120 125

Phe Ile Pro Asn Val Leu Ser Ala Ala Val Ser Arg Gly Cys Thr Met
130 135 140

Leu His Pro Gly Tyr Gly Phe Leu Ala Glu Asn Ala Gly Phe Val Asp
145 150 155 160

Ile Cys Lys Glu His Gly Ile Asn Phe Ile Gly Pro Asn Pro Asp Ser
165 170 175

Ile Arg Val Met Gly Asp Lys Ser Thr Ala Arg Glu Thr Met Lys Lys
180 185 190

Ala Gly Val Pro Thr Val Pro Gly Ser Asp Gly Leu Leu Gln Ser Thr
195 200 205

Glu Glu Ala Val Lys Leu Ala His Glu Ile Gly Phe Pro Val Met Ile
210 215 220

Lys Ala Thr Ala Gly Gly Gly Gly Arg Gly Met Arg Leu Ala Tyr Glu
225 230 235 240

```
Pro Glu Gln Phe Val Lys Leu Leu Gln Gln Ala Lys Ser Glu Ala Ala
               245                 250                 255

Ala Ala Phe Gly Asn Asp Gly Val Tyr Leu Glu Lys Tyr Ile Gln Asn
           260                 265                 270

Pro Arg His Ile Glu Phe Gln Val Leu Ala Asp Lys Tyr Gly Asn Val
       275                 280                 285

Val His Phe Gly Glu Arg Asp Cys Ser Ile Gln Arg Arg Asn Gln Lys
    290                 295                 300

Leu Leu Glu Glu Ala Pro Ser Pro Ala Leu Thr Pro Glu Leu Arg Lys
305                 310                 315                 320

Ala Met Gly Asp Ala Ala Val Ala Ala Ala Ala Ser Ile Gly Tyr Ile
               325                 330                 335

Gly Val Gly Thr Val Glu Phe Leu Leu Asp Glu Arg Gly Ser Phe Tyr
           340                 345                 350

Phe Met Glu Met Asn Thr Arg Ile Gln Val Glu His Pro Val Thr Glu
       355                 360                 365

Met Ile Ser Ser Thr Asp Leu Ile Glu Glu Gln Ile Arg Val Ala Leu
    370                 375                 380

Gly Glu Arg Leu Thr Tyr Lys Gln Glu Asp Ile Val Leu Arg Gly His
385                 390                 395                 400

Ser Ile Glu Cys Arg Ile Asn Ala Glu Asp Ala Phe Lys Gly Phe Arg
               405                 410                 415

Pro Gly Pro Gly Lys Ile Thr Ser Tyr Leu Pro Ser Gly Gly Pro Phe
           420                 425                 430

Val Arg Met Asp Ser His Val Tyr Pro Gly Tyr Val Val Pro Pro Ser
       435                 440                 445

Tyr Asp Ser Leu Leu Gly Lys Leu Ile Val Trp Ala Pro Thr Arg Glu
    450                 455                 460

Lys Ala Ile Glu Arg Met Lys Arg Ala Leu Asp Asp Thr Ile Ile Thr
465                 470                 475                 480

Gly Ile Pro Thr Thr Ile Glu Tyr His Lys Leu Ile Leu Asp Ile Glu
```

485 490 495

Asp Phe Arg Asn Gly Lys Val Asp Thr Ala Phe Ile Pro Lys His Glu
500 505 510

Lys Asp Leu Thr Ala Pro His Lys Leu Val Leu Ser Thr Ser Glu Lys
515 520 525

Glu Leu Ala Gly Val Gly Ala
530 535

<210> 6
<211> 367
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 6

Met Gly Ser Ile Glu Lys Gln Gly Met Pro Ala Pro Ser Val Glu Asn
1 5 10 15

Gln Ala Gly Asp Glu Ala Ser Cys Met Tyr Ala Leu Gln Leu Ala Ser
20 25 30

Ser Ser Ile Leu Pro Met Thr Leu Lys Ala Ala Ile Glu Leu Gly Val
35 40 45

Leu Glu Ile Ile Ala Lys Ala Gly Ser Val Gly Lys Leu Ser Pro Ala
50 55 60

Gln Val Ala Ala Gln Leu Pro Thr Glu Asn Pro Met Ala Ala Thr Met
65 70 75 80

Leu Asp Arg Met Leu Arg Leu Leu Ala Ser Tyr Asn Ile Leu Thr Cys
85 90 95

Ser Val Glu Val Asp Ala Asp Gly Lys Pro Leu Arg Arg Tyr Gly Pro
100 105 110

Ala Pro Val Cys Lys Trp Leu Thr Lys Asn Glu Asp Gly Val Ser Met
115 120 125

Ala Ala Leu Thr Leu Met Asn Gln Asp Lys Val Leu Met Glu Ser Trp
130 135 140

Tyr Tyr Leu Lys Asp Ala Val Leu Asp Gly Gly Ile Pro Phe Asn Lys
145 150 155 160

Ala Tyr Gly Met Thr Ala Phe Glu Tyr His Gly Thr Asp Pro Arg Phe
165 170 175

```
Asn Lys Val Phe Asn Glu Gly Met Lys Asn His Ser Ile Ile Ile Thr
            180                 185                 190

Lys Lys Leu Leu Glu Phe Tyr Lys Gly Phe Glu Asp Val Asn Val Leu
        195                 200                 205

Val Asp Val Gly Gly Gly Ile Gly Ala Thr Leu His Met Ile Thr Ser
    210                 215                 220

Lys Tyr Pro His Ile Lys Gly Ile Asn Phe Asp Leu Pro His Val Ile
225                 230                 235                 240

Ser Glu Ala Pro Pro Phe Pro Gly Val Glu His Ile Gly Gly Asp Met
                245                 250                 255

Phe Ala Ser Val Pro Ser Gly Asp Ala Ile Leu Met Lys Trp Ile Met
            260                 265                 270

His Asp Trp Ser Asp Glu His Cys Ala Lys Ile Leu Glu Asn Cys Tyr
        275                 280                 285

Lys Ala Leu Pro Asn Asn Gly Lys Val Ile Leu Cys Glu Cys Ile Leu
    290                 295                 300

Pro Val Ala Pro Glu Pro Val Pro Ser Ala Gln Gly Val Phe His Val
305                 310                 315                 320

Asp Met Ile Met Leu Ala His Asn Pro Gly Gly Lys Glu Arg Thr Glu
                325                 330                 335

Lys Glu Tyr Gln Asp Leu Ala Lys Gly Ala Gly Phe Thr Gly Phe Lys
            340                 345                 350

Ala Gln Tyr Cys Phe Ser Thr Ala Trp Val Leu Glu Phe Thr Lys
        355                 360                 365

<210> 7
<211> 326
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (326)..(326)

<400> 7
```



```
Met Asp Pro Tyr Lys Phe Arg Pro Ser Ser Ala Asn Asn Ser Pro Phe
1               5                   10                  15
```



```
Trp Thr Thr Asn Ser Gly Ala Pro Val          Trp Asn Asn Asn Ser
```

```
Ser Leu
            20                  25                  30

Thr Val Gly Asn Arg Gly Pro Ile Leu Leu Glu Asp Tyr His Val Ile
        35                  40                  45

Glu Lys Leu Ala Gln Phe Asp Arg Glu Arg Ile Pro Glu Arg Val Val
    50                  55                  60

His Ala Arg Gly Ala Ser Ala Lys Gly Phe Phe Glu Val Thr His Asp
65                  70                  75                  80

Val Ser His Leu Thr Cys Ala Asp Phe Leu His Ala Pro Gly Val Gln
                85                  90                  95

Thr Pro Val Ile Val Arg Phe Ser Thr Val Ile His Glu Arg Gly Ser
            100                 105                 110

Pro Glu Thr Leu Arg Asp Pro Arg Gly Phe Ala Val Lys Phe Tyr Thr
        115                 120                 125

Arg Glu Gly Asn Phe Asp Leu Val Gly Asn Asn Phe Pro Val Phe Phe
    130                 135                 140

Val Arg Asp Gly Ile Lys Phe Pro Asp Met Val His Ala Leu Lys Pro
145                 150                 155                 160

Asn Pro Lys Ser His Ile Gln Glu Asn Trp Arg Ile Val Asp Phe Phe
                165                 170                 175

Ser His His Pro Glu Ser Leu His Met Phe Thr Phe Leu Phe Asp Asp
            180                 185                 190

Val Gly Val Pro Ala Asp Tyr Arg His Met Asp Gly Ser Gly Val Asn
        195                 200                 205

Thr Tyr Thr Leu Ile Asn Lys Glu Gly Lys Ala Arg Tyr Val Lys Phe
    210                 215                 220

His Trp Arg Pro Thr Cys Gly Val Lys Cys Leu Leu Glu Asp Glu Ala
225                 230                 235                 240

Val Ile Val Gly Gly Asn Asn His Ser His Ala Thr Lys Asp Leu Tyr
                245                 250                 255
```



```
Asp Ser Ile Ala Ala Gly Asn Tyr Pro Glu Trp Lys Leu Phe Ile Gln
            260                 265                 270
```

Thr Ile Asp Pro Asp His Glu Asp Arg Phe Asp Phe Asp Pro Leu Asp
275 280 285

Val Thr Lys Thr Trp Pro Glu Asp Ile Leu Pro Leu Gln Pro Val Gly
290 295 300

Arg Met Val Leu Asn Lys Asn Ile Asp Asn Phe Phe Ala Glu Asn Glu
305 310 315 320

Gln Leu Ala Phe Cys Pro
325

<210> 8
<211> 170
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 8

Met Ala Ala Ile Ala Asn Ser Phe Val Ser Ile Arg Asp Leu Arg Pro
1 5 10 15

Pro Ala Leu Ser Gly Cys Pro Leu Lys Pro Ser Pro Gln Ser Leu Val
20 25 30

Ser Cys Ser Pro Met Asn Leu Ser Leu Ser Thr Ile Arg Trp Arg Arg
35 40 45

Ala Lys Ile Ala Thr Tyr Lys Ser Arg Ile Thr Val Gln Ala Ala Tyr
50 55 60

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

Val Leu Gly Gly Ile Ile Val Gly Thr Leu Gly Cys Val Tyr Ala Pro
85 90 95

Gln Ile Ser Lys Ile Leu Ala Gly Ala Asp Arg Lys Asp Leu Met Arg
100 105 110

Lys Leu Pro Lys Phe Ile Tyr Asp Glu Glu Lys Ala Leu Glu Arg Thr
115 120 125

Arg Lys Ile Leu Ala Asp Lys Ile Glu Gln Leu Asn Ser Ala Ile Asp
130 135 140

Asp Val Ser Ser Gln Leu Arg Ala Asp Asp Gly Pro Asn Gly Val Ala
145 150 155 160

Val Ala Ser Asp Glu Val Glu Ala Ala Ile
165 170

<210> 9
<211> 328
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 9

Met Ala Gly Val Ala Ser Trp Lys Pro Met Ala Leu Lys Ala Pro Pro
1 5 10 15

Ala Ala Pro Pro Leu Arg Tyr His Ser Ser Ile His Pro Ile Pro Ile
20 25 30

Gly Ala Pro Ala Ser Val Phe Gln Lys Ala Pro Ile Leu Arg Ser Ala
35 40 45

Met Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ala Pro Ile Arg Pro Arg Ala Ile Ala
50 55 60

Asp Asp Glu Glu Trp Gly Gly Glu Leu Gly Glu Glu Glu Gly Ala Ala
65 70 75 80

Ala Gly Gly Leu Ala Val Ala Glu Gln Glu Glu Glu Glu Val Lys Val
85 90 95

Glu Pro Ile Glu Val Gly Glu Leu Lys Arg Lys Leu Met Asp Leu Leu
100 105 110

Tyr Gly Thr Asp Arg Gly Leu Gln Ala Ser Ser Glu Thr Arg Ala Glu
115 120 125

Ile Val Glu Val Ile Asn Gln Leu Glu Val Arg Asn Pro Thr Pro Ala
130 135 140

Pro Thr Glu Ala Leu Thr Leu Leu Asn Gly Lys Trp Ile Leu Ala Tyr
145 150 155 160

Thr Ser Phe Ser Pro Leu Phe Pro Leu Leu Gly Ser Ala Arg Leu Pro
165 170 175

Glu Leu Val Lys Val Glu Glu Ile Ser Gln Thr Ile Asp Ser Glu Asn
180 185 190

Phe Thr Val Gln Asn Ser Val Gln Phe Ala Val Pro Leu Ala Thr Thr
195 200 205

Ser Val Thr Thr Asn Ala Lys Phe Glu Val Arg Ser Pro Lys Arg Val
210 215 220

Gln Ile Lys Phe Glu Glu Gly Ile Ile Gly Thr Pro Gln Leu
Thr Asp

225 230 235 240

Ser Ile Val Leu Pro Glu Lys Val Glu Phe Leu Gly Gln Asn Ile Asp
245 250 255

Leu Ser Pro Phe Lys Ser Val Ile Thr Ser Val Gln Asn Ala Ala Ser
260 265 270

Ser Val Ala Arg Thr Ile Ser Glu Arg Pro Pro Trp Lys Ile Ser Ile
275 280 285

Asn Asn Asp Asn Ala Gln Ser Trp Leu Leu Thr Thr Tyr Leu Asp Glu
290 295 300

Glu Leu Lys Ile Ser Arg Ala Asp Gly Gly Gly Ile Phe Leu Leu Ile
305 310 315 320

Lys Glu Gly Ser Ser Leu Leu Asn
325

<210> 10
<211> 203
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 10

Met Ala Thr Lys Val Tyr Ile Val Tyr Tyr Ser Met Tyr Gly His Val
1 5 10 15

Glu Lys Leu Ala Glu Glu Ile Lys Arg Gly Ala Ser Thr Val Gly Gly
20 25 30

Val Glu Ala Lys Met Trp Gln Val Pro Glu Thr Leu Pro Glu Glu Val
35 40 45

Leu Gly Lys Met Gly Ala Pro Pro Lys Ser Asp Val Pro Ile Ile Thr
50 55 60

Pro Asn Glu Leu Ala Glu Ala Asp Gly Ile Ile Phe Gly Phe Pro Thr
65 70 75 80

Arg Phe Gly Met Met Ala Ala Gln Phe Lys Ala Phe Leu Asp Ala Thr
85 90 95

Gly Gly Leu Trp Arg Ala Gln Gln Leu Ala Gly Lys Pro Ala Gly Ile
100 105 110

Phe Tyr Ser Thr Gly Ser Gln Gly Gly Gly Gln Glu Thr Thr Pro Leu
115 120 125

Thr Ala Ile Thr Gln Leu Val His His Gly Met Ile Phe Val Pro Ile
130 135 140

Gly Tyr Thr Phe Gly Ala Gly Met Phe Glu Met Glu Lys Val Lys Gly
145 150 155 160

Gly Ser Pro Tyr Gly Ala Gly Thr Tyr Ala Gly Asp Gly Ser Arg Phe
165 170 175

Pro Ser Glu Leu Glu Leu Glu Gln Ala Phe His Gln Gly Lys Tyr Phe
180 185 190

Ala Gly Ile Ala Lys Lys Phe Lys Ser Ser Ser
195 200

<210> 11
<211> 358
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 11

Met Ser Ala Tyr Cys Gly Lys Tyr His Asp Glu Leu Ile Lys Asn Ala
1 5 10 15

Ala Tyr Ile Gly Thr Pro Gly Lys Gly Ile Leu Ala Ala Asp Glu Ser
20 25 30

Thr Gly Thr Ile Gly Lys Arg Leu Ala Ser Ile Asn Val Glu Asn Val
35 40 45

Glu Glu Asn Arg Arg Ala Leu Arg Glu Leu Leu Phe Cys Thr Pro Gly
50 55 60

Ala Leu Gln Tyr Leu Ser Gly Val Ile Leu Phe Glu Glu Thr Leu Tyr
65 70 75 80

Gln Lys Thr Lys Asp Gly Lys Pro Phe Val Glu Val Leu Lys Glu Gly
85 90 95

```
Gly Val Leu Pro Gly Ile Lys Val Asp Lys Gly Thr Ile Glu Leu Ala
            100                 105                 110

Gly Thr Asn Gly Glu Thr Thr Thr Gln Gly His Asp Asp Leu Ala Lys
        115                 120                 125

Arg Cys Gln Lys Tyr Tyr Glu Ala Gly Ala Arg Phe Ala Lys Trp Arg
    130                 135                 140

Ala Val Leu Lys Ile Gly Pro Thr Glu Pro Ser Gln Leu Ala Ile Asp
145                 150                 155                 160

Leu Asn Ala His Gly Leu Ala Arg Tyr Ala Ile Ile Cys Gln Glu Asn
                165                 170                 175

Gly Leu Val Pro Ile Val Glu Pro Glu Ile Leu Val Asp Gly Pro His
            180                 185                 190

Asp Ile Lys Arg Cys Ala Asp Val Thr Glu Arg Val Leu Ala Ala Cys
        195                 200                 205

Tyr Lys Ala Leu Asn Asp His His Val Leu Leu Glu Gly Thr Leu Leu
    210                 215                 220

Lys Pro Asn Met Val Thr Pro Gly Ser Glu Ser Ala Lys Val Ala Pro
225                 230                 235                 240

Glu Val Val Ala Glu Tyr Ala Val Arg Ala Leu Gln Arg Thr Val Pro
                245                 250                 255

Ala Ala Val Pro Ala Ile Val Phe Leu Ser Gly Gly Gln Ser Glu Glu
            260                 265                 270

Glu Ala Thr Leu Asn Leu Asn Ala Met Asn Lys Leu Gly Gly Lys Lys
        275                 280                 285

Pro Trp Ser Leu Ser Phe Ser Phe Gly Arg Ala Leu Gln Gln Ser Thr
    290                 295                 300

Leu Lys Ala Trp Ala Gly Lys Val Glu Asn Val Glu Lys Ala Arg Ala
305                 310                 315                 320

Ala Phe Leu Ala Arg Cys Lys Ala Asn Ser Glu Ala Thr Leu Gly Lys
                325                 330                 335

Tyr Glu Gly Asp Ala Ala Gly Gly Glu Gly Val Ser Glu Ser Leu His
            340                 345                 350
```

Val Lys Asp Tyr Lys Tyr
355

<210> 12
<211> 206
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 12

Met Phe Val Val Gly Val Asn Glu Lys Glu Tyr Lys Ser Asp Ile Asn
1 5 10 15

Val Val Ser Asn Ala Ser Cys Thr Thr Asn Cys Leu Ala Pro Leu Ala
20 25 30

Lys Val Ile His Asp Lys Phe Gly Ile Val Glu Gly Leu Met Thr Thr
35 40 45

Val His Ser Ile Thr Ala Thr Gln Lys Thr Val Asp Gly Pro Ser Ser
50 55 60

Lys Asp Trp Arg Gly Gly Arg Ala Ala Ser Phe Asn Ile Ile Pro Ser
65 70 75 80

Ser Thr Gly Ala Ala Lys Ala Val Gly Lys Val Leu Pro Ala Leu Asn
85 90 95

Gly Lys Leu Thr Gly Met Ala Phe Arg Val Pro Thr Val Asp Val Ser
100 105 110

Val Val Asp Leu Thr Val Arg Leu Glu Lys Ser Ala Thr Tyr Asp Gln
115 120 125

Ile Lys Asp Ala Ile Lys Glu Glu Ser Glu Gly Lys Met Lys Gly Ile
130 135 140

Leu Gly Tyr Val Asp Glu Asp Leu Val Ser Thr Asp Phe Leu Gly Asp
145 150 155 160

Ser Arg Ser Ser Ile Phe Asp Ala Lys Ala Gly Ile Ala Leu Asn Gly
165 170 175

Asn Phe Val Lys Leu Val Ser Trp Tyr Asp Asn Glu Trp Gly Tyr Ser
180 185 190

Ser Arg Val Val Asp Leu Ile Arg His Ile His Gly Thr Gln
195 200 205

<210> 13
<211> 116
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS
<222> (14)..(15)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (20)..(21)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (30)..(31)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (38)..(39)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (49)..(50)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (70)..(71)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (78)..(79)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (108)..(109)

<220>
<221> NON_TER
<222> (116)..(116)

<400> 13

Met Asp Leu Gly Lys Ser Ala Ser Thr Ser Ala Thr Leu Lys Phe Tyr
1 5 10 15

Tyr Glu Leu Arg Tyr Val Pro Phe Gln Cys Pro Ser Ser Arg Arg Ile
20 25 30

Gln Pro Leu Gln Ala Arg Glu Leu Ala Glu Ala His Glu Asp Leu Thr
35 40 45

Lys Leu Ser Cys Pro Glu Leu Asp Leu Arg Glu Ile Leu Asp Gln Gly
50 55 60

Ala Ala Ser Asp Val Arg Phe Glu Val Ala Glu Leu Glu Arg Glu Lys

65 70 75 80

Ala Val Glu Thr Leu Arg Gly Arg Glu Val Trp Phe Ser Ser Tyr Leu
85 90 95

Gln Ser Cys Cys Thr Ser Met Ala Arg Val Cys Arg Ser Met Ser Pro
100 105 110

Leu Ala Glu Lys
115

<210> 14
<211> 56
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (23)..(24)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (31)..(32)

<220>
<221> NON_TER
<222> (56)..(56)

<400> 14

Asp Tyr Arg Leu Thr Tyr Tyr Thr Pro Asp Tyr Val Val Arg Asp Thr
1 5 10 15

Asp Val Leu Ala Ala Phe Arg Ala Leu Arg Leu Glu Asp Leu Arg Ser
20 25 30

Gln Ala Glu Thr Gly Glu Val Lys Gly His Tyr Leu Asn Val Thr Ala
35 40 45

Gly Thr Ala Glu Glu Met Leu Lys
50 55

<210> 15
<211> 81
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_CONS

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (34)..(35)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (45)..(46)

<220>
<221> NON_TER
<222> (81)..(81)

<400> 15

Met Ala Ser His Gln Asp Thr Ser Tyr Lys Asp Gln Thr Gly Ser Tyr
1   5   10   15

Val Ser Asp Lys Ala Ser Ala Ala Arg Ser Cys Glu Thr Gly Gln Ala
            20   25   30

Ala Lys Glu Lys Ala Ser Gln Met Gly Glu Ser Ala Lys Thr Gly Gly
        35   40   45

Val Ile Ser Ser Ala Ala Glu Gln Val Lys Gly Met Ala Gln Gly Ala
    50   55   60

Thr Glu Ala Val Lys Asn Thr Phe Gly Met Gly Gly Gly Asn Glu Glu
65   70   75   80

Lys

<210> 16
<211> 413
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (413)..(413)

<400> 16

Met Gly Pro Lys Arg Glu Leu Lys Phe Ala Leu Glu Ser Phe Trp Asp
1   5   10   15

Gly Lys Ser Ser Ala Asp Asp Leu Gln Lys Val Ala Ala Asp Leu Arg
            20   25   30

```
Cys Ser Ile Trp Lys Gln Met Ala Asp Ala Gly Ile Lys Tyr Ile Pro
        35                  40                  45

Ser Asn Thr Phe Ser Tyr Tyr Asp Gln Val Leu Asp Thr Thr Ala Met
    50                  55                  60

Leu Gly Ala Val Pro Gln Arg Tyr Gly Trp Ser Gly Ala Glu Ile Gly
65                  70                  75                  80

Phe Asp Thr Tyr Phe Ser Met Ala Arg Gly Asn Ala Leu Val Pro Ala
                85                  90                  95

Met Glu Met Thr Lys Trp Phe Asp Thr Asn Tyr His Tyr Ile Val Pro
            100                 105                 110

Glu Leu Ala Pro Asp Thr Lys Phe Thr Tyr Ala Ser His Lys Ala Val
        115                 120                 125

Ser Glu Tyr Lys Glu Ala Lys Ala Leu Gly Ile Asp Thr Val Pro Val
    130                 135                 140

Leu Ile Gly Pro Val Thr Tyr Leu Leu Leu Ser Lys Pro Ala Lys Gly
145                 150                 155                 160

Val Glu Lys Ser Phe Ala Thr Leu Ser Leu Leu Gly Asn Val Leu Pro
                165                 170                 175

Ile Tyr Gln Glu Val Ile Met Glu Leu Lys Ala Ala Gly Ala Ser Trp
            180                 185                 190

Ile Gln Phe Asp Glu Pro Thr Leu Val Met Asp Leu Asp Ala His Gln
        195                 200                 205

Leu Glu Ala Phe Thr Lys Ala Tyr Ser Glu Leu Glu Ser Ser Phe Ser
    210                 215                 220

Gly Leu Asn Val Leu Val Glu Thr Tyr Phe Ala Asp Val Pro Ala Glu
225                 230                 235                 240

Ala Tyr Lys Thr Ile Thr Thr Leu Asn Gly Val Ser Gly Phe Gly Phe
                245                 250                 255

Asp Leu Val Arg Gly Thr Asn Thr Leu Asp Leu Ile Lys Ser Ala Gly
            260                 265                 270

Phe Pro Ser Gly Lys Tyr Leu Phe Ala Gly Val Val Asp Gly Arg Asn
        275                 280                 285
```

Ile Trp Ala Asn Asp Leu Ala Ser Ser Leu Ser Ser Leu Gly Val Leu
290 295 300

Glu Ala Ile Val Gly Lys Asp Asn Leu Val Val Ser Thr Ser Cys Ser
305 310 315 320

Leu Met His Thr Ala Val Asp Leu Val Asn Glu Thr Lys Leu Asp Gly
325 330 335

Glu Ile Lys Ser Trp Leu Ala Phe Ala Ala Gln Lys Val Val Glu Val
340 345 350

Asn Ala Leu Ala Lys Ala Leu Ala Gly His Lys Asp Glu Ala Phe Phe
355 360 365

Ser Ala Asn Ala Ala Ala Gln Ala Ser Arg Lys Ser Ser Pro Arg Val
370 375 380

Thr Asn Glu Glu Val Gln Thr Ala Ala Ala Ala Leu Lys Gly Ser Asp
385 390 395 400

His Cys Arg Ala Thr Asn Val Ser Ala Arg Leu Asp Ala
405 410

<210> 17
<211> 197
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 17

Met Ala Ser Ala Leu Met Arg Ala Arg Arg Ser Ala Ala Leu Pro Ser
1 5 10 15

Ala Ala Val Met Ala Leu Arg Arg Ala Phe Ala Ala Ala Ser Val Gly
20 25 30

Cys Asp Ile Val Ser Ala Ala Pro Gly Val Ala Leu Gln Lys Ala Arg
35 40 45

Ser Trp Asp Glu Gly Val Ser Ser Lys Phe Ser Thr Thr Pro Leu Lys
50 55 60

Asp Ile Phe Leu Gly Lys Gln Val Val Val Phe Gly Leu Pro Gly Ala
65 70 75 80

Phe Thr Gly Val Cys Ser Ala Gln His Val Pro Ser Tyr Lys Asn Asn
85 90 95

Ile Asp Lys Phe Lys Ala Lys Gly Ile Asp Ser Val Ile Cys Val Ala
100 105 110

Val Asn Asp Pro Tyr Val Leu Asn Gly Trp Ala Glu Asn Leu Gln Ala
115 120 125

Lys Glu Ala Ile Asp Phe Tyr Gly Asp Phe Asp Gly Ser Phe His Lys
130 135 140

Ser Leu Glu Leu Asp Leu Asp Leu Ser Ala Ala Leu Leu Gly His Arg
145 150 155 160

Ser Gln Arg Trp Ser Ala Tyr Val Val Asp Gly Lys Ile Lys Val Leu
165 170 175

Asn Val Glu Lys Val Pro Ser Glu Phe Lys Val Ser Gly Gly Glu Val
180 185 190

Ile Leu Gly Gln Phe
195

<210> 18
<211> 195
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 18

Met Met Lys Gly Thr Lys Lys Ala Ile Phe Leu Phe Leu Leu Leu Ser
1 5 10 15

Ser Leu Val Ile Ile Ser His Cys Val Thr Pro Leu Thr Ile Lys Pro
20 25 30

Val Asn Arg Asp Asp Asp Glu Tyr Gln Cys Val Tyr Thr Val Tyr Ile
35 40 45

Arg Thr Gly Ser Ile Trp Lys Gly Gly Thr Asp Ser Val Ile Ser Leu
50 55 60

Val Leu Ala Gly Ser Asp Gly Trp Gly Val Ala Ile Thr Asp Ile Glu
65 70 75 80

Ser Trp Gly Gly Ile Met Glu Ala Gly His Asn Tyr Phe Glu Arg Gly
85 90 95

Asn Leu Asp Ile Phe Ser Gly Arg Gly Pro Cys Leu Ser Thr Pro Pro
100 105 110

Cys Trp Met Asn Leu Thr Ser Asp Gly Ser Gly Ser His His Gly Trp
115 120 125

Tyr Cys Asn Tyr Val Glu Val Thr Thr Thr Gly Pro His Met Gly Cys
130 135 140

```
Ala Gln Gln Leu Phe Thr Val Glu Gln Trp Leu Ala Thr Asp Ala Ala
145                 150                 155                 160

Pro Tyr Gln Leu Tyr Ala Thr Arg Asp Ser Cys Thr Gly Arg Gly Asn
                165                 170                 175

Ala Glu Glu Glu Pro Lys Ile Gly Asp Arg Ile Gly Arg His Val Thr
            180                 185                 190

His Val Ala
        195
```

<210> 19
<211> 559
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 19

```
Met Gly Ser Ser Glu Phe Ser Trp Lys Leu Ala Asp His Pro Lys Leu
1               5                   10                  15

Pro Lys Gly Lys Thr Val Ala Val Val Val Leu Asp Gly Trp Gly Glu
            20                  25                  30

Ala Asn Pro Asp Lys Tyr Asn Cys Ile His Val Ala Glu Thr Pro Ala
        35                  40                  45

Met Asp Ser Leu Lys Lys Gly Ala Pro Asp Arg Trp Arg Leu Val Arg
    50                  55                  60

Ala His Gly Thr Ala Val Gly Leu Pro Thr Glu Asp Asp Met Gly Asn
65                  70                  75                  80

Ser Glu Val Gly His Asn Ala Leu Gly Ala Gly Arg Ile Tyr Ala Gln
                85                  90                  95

Gly Ala Lys Leu Val Asp Leu Ala Leu Ala Ser Gly Lys Ile Tyr Glu
            100                 105                 110

Gly Glu Gly Phe Lys Tyr Ile Lys Glu Cys Phe Asp Gln Gly Thr Leu
        115                 120                 125
```

```
His Leu Ile Gly Leu Leu Ser Asp Gly Gly Val His Ser Arg Leu Asp
    130                 135                 140

Gln Leu Gln Leu Leu Leu Lys Gly Ala Ser Glu Asn Gly Ala Lys Arg
145                 150                 155                 160

Ile Arg Val His Val Leu Thr Asp Gly Arg Asp Val Leu Asp Gly Ser
                165                 170                 175

Ser Val Gly Phe Val Glu Thr Leu Glu Asn Asp Leu Leu Lys Leu Arg
            180                 185                 190

Glu Lys Gly Val Asp Ala Gln Ile Ala Ser Gly Gly Gly Arg Met Tyr
        195                 200                 205

Val Thr Met Asp Arg Tyr Glu Asn Asp Trp Gly Val Val Lys Arg Gly
    210                 215                 220

Trp Asp Ala Gln Val Leu Gly Glu Ala Pro His Lys Phe Gln Ser Ala
225                 230                 235                 240

Val Glu Ala Val Lys Lys Leu Arg Glu Val Pro Lys Ala Asn Asp Gln
                245                 250                 255

Tyr Leu Ala Pro Phe Val Ile Val Asp Glu Ser Gly Lys Ala Val Gly
            260                 265                 270

Pro Ile Val Asp Gly Asp Ala Val Val Thr Phe Asn Phe Arg Ala Asp
        275                 280                 285

Arg Met Val Met Leu Ala Lys Ala Leu Glu Tyr Glu Asp Phe Asp Lys
    290                 295                 300

Phe Asp Arg Val Arg Phe Pro Lys Ile Gln Tyr Ala Gly Met Leu Gln
305                 310                 315                 320

Tyr Asp Gly Glu Leu Lys Leu Pro Ser His Tyr Leu Val Ser Pro Pro
                325                 330                 335

Glu Ile Glu Arg Thr Ser Gly Glu Tyr Leu Val His Asn Gly Ile Arg
            340                 345                 350

Thr Phe Ala Cys Ser Glu Thr Val Lys Phe Gly His Val Thr Phe Phe
        355                 360                 365

Trp Asn Gly Asn Arg Ser Gly Tyr Phe Asp Pro Ser Met Glu Glu Tyr
```

370 375 380

Val Glu Ile Pro Ser Asp Ala Gly Ile Thr Phe Asn Val Lys Pro Lys
385 390 395 400

Met Lys Ala Val Glu Ile Ala Glu Lys Ala Arg Asp Ala Ile Leu Ser
405 410 415

Arg Lys Phe Asp Gln Val Arg Val Asn Leu Pro Asn Gly Asp Met Val
420 425 430

Gly His Thr Gly Asp Ile Glu Ala Thr Val Val Ala Cys Lys Ala Ala
435 440 445

Asp Asp Ala Val Lys Met Ile Leu Asp Ala Ile Glu Gln Val Gly Gly
450 455 460

Ile Tyr Val Val Thr Ala Asp His Gly Asn Ala Glu Asp Met Val Lys
465 470 475 480

Arg Asn Lys Ser Gly Gln Pro Gln Leu Asp Lys Asn Gly Asp Ile Gln
485 490 495

Ile Leu Thr Ser His Thr Leu Gln Pro Val Pro Val Ala Ile Gly Gly
500 505 510

Pro Gly Leu Ala Pro Gly Val Gly Phe Arg Lys Asp Val Pro Asn Gly
515 520 525

Gly Leu Ala Asn Ile Ala Ala Thr Val Met Asn Leu His Gly Phe Glu
530 535 540

Ala Pro Ser Asp Tyr Glu Pro Thr Leu Ile Glu Val Val Asp Asn
545 550 555

<210> 20
<211> 377
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 20

Met Ala Asp Ala Glu Asp Ile Gln Pro Leu Val Cys Asp Asn Gly Thr
1 5 10 15

Gly Met Val Lys Ala Gly Phe Ala Gly Asp Asp Ala Pro Arg Ala Val
20 25 30

Phe Pro Ser Ile Val Gly Arg Pro Arg His Thr Gly Val Met Val Gly
35 40 45

```
Met Gly Gln Lys Asp Ala Tyr Val Gly Asp Glu Ala Gln Ser Lys Arg
    50                  55                  60

Gly Ile Leu Thr Leu Lys Tyr Pro Ile Glu His Gly Ile Val Ser Asn
65                  70                  75                  80

Trp Asp Asp Met Glu Lys Ile Trp His His Thr Phe Tyr Asn Glu Leu
                85                  90                  95

Arg Val Ala Pro Glu Glu His Pro Ile Leu Leu Thr Glu Ala Pro Leu
            100                 105                 110

Asn Pro Lys Ala Asn Arg Glu Lys Met Thr Gln Ile Met Phe Glu Thr
        115                 120                 125

Phe Asp Val Pro Ala Met Tyr Val Ala Ile Gln Ala Val Leu Ser Leu
    130                 135                 140

Tyr Ala Ser Gly Arg Thr Thr Gly Ile Val Leu Asp Ser Gly Asp Gly
145                 150                 155                 160

Val Ser His Thr Val Pro Ile Tyr Glu Gly Tyr Ala Leu Pro His Ala
                165                 170                 175

Ile Leu Arg Leu Asp Leu Ala Gly Arg Asp Leu Thr Asp Ala Leu Met
            180                 185                 190

Lys Ile Leu Thr Glu Arg Gly Tyr Ser Phe Thr Thr Thr Ala Glu Arg
        195                 200                 205

Glu Ile Val Arg Asp Ile Lys Glu Lys Leu Ala Tyr Val Ala Leu Asp
    210                 215                 220

Tyr Glu Gln Glu Leu Glu Thr Ala Lys Ser Ser Ser Ala Val Glu Lys
225                 230                 235                 240

Ser Tyr Glu Leu Pro Asp Gly Gln Val Ile Thr Ile Gly Ala Glu Arg
                245                 250                 255

Phe Arg Cys Pro Glu Val Leu Phe Gln Pro Ser Leu Ile Gly Met Glu
            260                 265                 270

Ser Pro Gly Ile His Glu Thr Thr Tyr Asn Ser Ile Met Lys Cys Asp
        275                 280                 285
```



```
Val Asp Ile Arg Lys Asp Leu Tyr Gly Asn Ile Val Leu Ser Gly Gly
    290                 295                 300
```



```
Ser Thr Met Phe Pro Gly Ile Gly Asp          Arg Met Ser Lys Glu
```

Ile Thr
305 310 315 320

Ala Leu Ala Pro Ser Ser Met Lys Ile Lys Val Val Ala Pro Pro Glu
325 330 335

Arg Lys Tyr Ser Val Trp Ile Gly Gly Ser Ile Leu Ala Ser Leu Ser
340 345 350

Thr Phe Gln Gln Met Trp Ile Thr Lys Ala Glu Tyr Asp Glu Ser Gly
355 360 365

Pro Ala Ile Val His Arg Lys Cys Phe
370 375

<210> 21
<211> 702
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 21

Met Ala Asp Ile Gln Met Gly Glu Ala Glu Thr Phe Ala Phe Gln Ala
1 5 10 15

Glu Ile Asn Gln Leu Leu Ser Leu Ile Ile Asn Thr Phe Tyr Ser Asn
20 25 30

Lys Glu Ile Phe Leu Arg Glu Leu Ile Ser Asn Ser Ser Asp Ala Leu
35 40 45

Asp Lys Ile Arg Tyr Glu Gly Leu Thr Asp Lys Ser Lys Leu Asp Ala
50 55 60

Gln Pro Glu Leu Phe Ile Arg Leu Val Pro Asp Lys Ala Asn Lys Thr
65 70 75 80

Leu Ser Ile Ile Asp Ser Gly Ile Gly Met Thr Lys Ala Asp Leu Val
85 90 95

Asn Asn Leu Gly Thr Ile Ala Arg Ser Gly Thr Lys Glu Phe Met Glu
100 105 110

Ala Leu Gln Ala Gly Ala Asp Val Ser Met Ile Gly Gln Phe Gly Val
115 120 125

Gly Phe Tyr Ser Ala Tyr Leu Val Ala Glu Lys Val Val Val Thr Thr
130 135 140

Lys His Asn Asp Asp Glu Gln Tyr Ile Trp Glu Ser Gln Ala
Gly Gly

```
145                 150                 155                 160

Ser Phe Thr Val Thr Arg Asp Val Ser Gly Glu Gln Leu Gly Arg Gly
                165                 170                 175

Thr Lys Ile Thr Leu Tyr Leu Lys Glu Asp Gln Leu Asp Tyr Leu Glu
            180                 185                 190

Glu Arg Arg Leu Lys Asp Leu Val Lys Lys His Ser Glu Phe Ile Ser
        195                 200                 205

Tyr Pro Ile Tyr Leu Trp Thr Glu Lys Thr Thr Glu Lys Glu Ile Ser
    210                 215                 220

Asp Asp Glu Asp Glu Glu Thr Lys Lys Glu Glu Glu Gly Asp Val Glu
225                 230                 235                 240

Asn Ile Asp Glu Glu Lys Glu Thr Lys Ser Lys Lys Lys Lys Val Lys
                245                 250                 255

Glu Val Leu His Glu Trp Ser Leu Val Asn Lys Gln Lys Pro Ile Trp
            260                 265                 270

Leu Arg Lys Pro Glu Glu Ile Thr Lys Glu Glu Tyr Ala Ser Phe Tyr
        275                 280                 285

Lys Ser Leu Thr Asn Asp Trp Glu Asp His Leu Ala Val Lys His Phe
    290                 295                 300

Ser Val Glu Gly Gln Leu Glu Phe Lys Ala Ile Leu Phe Val Pro Lys
305                 310                 315                 320

Arg Ala Pro Phe Asp Leu Phe Asp Thr Arg Lys Lys Met Asn Asn Ile
                325                 330                 335

Lys Leu Tyr Val Arg Arg Val Phe Ile Met Asp Asn Cys Glu Glu Leu
            340                 345                 350

Ile Pro Glu Tyr Leu Gly Phe Val Lys Gly Val Val Asp Ser Asp Asp
        355                 360                 365

Leu Pro Leu Asn Ile Ser Arg Glu Met Leu Gln Gln Asn Lys Ile Leu
    370                 375                 380
```

```
Lys Val Ile Arg Lys Asn Leu Val Lys Lys Cys Ile Glu Leu Phe Ser
385                 390                 395                 400

Glu Ile Ala Glu Asn Lys Glu Asp Tyr Asn Lys Phe Tyr Glu Ala Phe
                405                 410                 415

Ser Lys Asn Leu Lys Leu Gly Ile His Glu Asp Ser Gln Asn Arg Ala
            420                 425                 430

Lys Leu Ala Asp Leu Leu Arg Tyr His Ser Thr Lys Ser Gly Asp Glu
        435                 440                 445

Met Thr Ser Leu Lys Asp Tyr Val Thr Arg Met Lys Glu Asp Gln Lys
    450                 455                 460

Asp Ile Tyr Tyr Ile Thr Gly Glu Ser Lys Lys Ala Val Glu Asn Ser
465                 470                 475                 480

Pro Phe Leu Glu Lys Leu Lys Lys Lys Gly Tyr Glu Val Leu Phe Met
                485                 490                 495

Val Asp Ala Ile Asp Glu Tyr Ala Val Gly Gln Leu Lys Glu Tyr Asp
            500                 505                 510

Gly Lys Lys Leu Val Ser Ala Thr Lys Glu Gly Leu Lys Ile Asp Glu
        515                 520                 525

Ser Glu Asp Glu Lys Lys Arg Lys Glu Glu Lys Lys Ala Ala Phe Glu
    530                 535                 540

Ser Leu Cys Lys Val Met Lys Asp Ile Leu Gly Asp Lys Val Glu Lys
545                 550                 555                 560

Val Val Val Ser Asp Arg Ile Val Asp Ser Pro Cys Cys Leu Val Thr
                565                 570                 575

Gly Glu Tyr Gly Trp Thr Ala Asn Met Glu Arg Ile Met Lys Ala Gln
            580                 585                 590

Ala Leu Lys Asp Asn Ser Met Gly Ser Tyr Met Ser Ser Lys Lys Thr
        595                 600                 605

Met Glu Ile Asn Pro Glu Asn Gly Ile Met Glu Glu Met Arg Lys Arg
    610                 615                 620

Ala Glu Ala Asp Lys Asn Asp Lys Ser Val Lys Asp Leu Val Leu Leu
625                 630                 635                 640
```

```
Leu Phe Glu Thr Ala Ile Leu Thr Ser Gly Phe Ser Leu Asp Asp Pro
                645                 650                 655


Asn Thr Phe Ala Gly Arg Ile His Arg Met Leu Lys Leu Gly Leu Ser
            660                 665                 670


Ile Asp Glu Asp Glu Ala Ala Gly Asp Asp Thr Asp Met Pro Ala Leu
        675                 680                 685


Glu Glu Asp Gly Asn Glu Glu Ser Lys Met Glu Glu Val Asp
    690                 695                 700


<210> 22
<211> 26
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (6)..(7)

<220>
<221> NON_TER
<222> (26)..(26)

<400> 22

Met Lys Trp Cys Glu Arg Val Tyr Leu Thr Ile Glu Leu Pro Asp Ala
1               5                   10                  15


Lys Asp Ala Glu Val Thr Ile Glu Ala Arg
            20                  25


<210> 23
<211> 29
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (21)..(22)

<220>
<221> NON_TER
<222> (29)..(29)
```

<400> 23

Tyr Ile Ala Asn Lys Phe Glu Gly Gln Gly Thr Pro Ile Tyr Gly Ser
1   5   10   15

Thr Pro Val Glu Lys Val Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg
            20   25

<210> 24
<211> 707
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 24

Met Ala Ser Ser Ser Ala Gln Ile His Val Leu Gly Ser Ala Ala Ala
1   5   10   15

Phe Pro Ser Ser Arg Lys Pro Ser Ala Arg Ile Ser Ser Ser Lys Ser
            20   25   30

Leu Phe Phe Gly Asn Arg His Ser Asn Gly Ile Asn Gly Ala Phe Leu
        35   40   45

Ser Ile Arg Arg Gly Ala Gly Arg Gly Asn Arg Gly Tyr Gly Gly Pro
    50   55   60

Leu Arg Val Val Ser Glu Lys Val Val Gly Ile Asp Leu Gly Thr Thr
65   70   75   80

Asn Ser Ala Val Ala Ala Met Glu Gly Gly Lys Pro Thr Ile Val Thr
                85   90   95

Asn Ala Glu Gly Gln Arg Thr Thr Pro Ser Val Val Ala Tyr Thr Lys
            100   105   110

Asn Gly Asp Arg Leu Val Gly Gln Ile Ala Lys Arg Gln Ala Val Val
        115   120   125

Asn Pro Glu Asn Thr Phe Phe Ser Val Lys Arg Phe Ile Gly Arg Lys
    130   135   140

Met Ser Glu Val Asp Glu Glu Ser Lys Gln Val Ser Tyr Arg Val Val
145   150   155   160

Lys Asp Glu Asn Gly Asn Val Lys Leu Glu Cys Pro Ala Ile Gly Lys
                165   170   175

Gln Phe Ala Ala Glu Glu Ile Ser Ala Gln Val Leu Arg Lys Leu Val

```
Asp Asp Ala Ser Lys Phe Leu Asn Asp Lys Val Thr Lys Ala Val Val
        195                 200                 205

Thr Val Pro Ala Tyr Phe Asn Asp Ser Gln Arg Thr Ala Thr Lys Asp
    210                 215                 220

Ala Gly Arg Ile Ala Gly Leu Asp Val Leu Arg Ile Ile Asn Glu Pro
225                 230                 235                 240

Thr Ala Ala Ser Leu Ala Tyr Gly Phe Glu Lys Lys Asn Asn Glu Thr
                245                 250                 255

Ile Leu Val Phe Asp Leu Gly Gly Gly Thr Phe Asp Val Ser Val Leu
            260                 265                 270

Glu Val Gly Asp Gly Val Phe Glu Val Leu Ser Thr Ser Gly Asp Thr
        275                 280                 285

His Leu Gly Gly Asp Asp Phe Asp Lys Arg Val Val Asp Trp Leu Ala
    290                 295                 300

Gly Asn Phe Lys Arg Asp Glu Gly Ile Asp Leu Leu Lys Asp Lys Gln
305                 310                 315                 320

Ala Leu Gln Arg Leu Thr Glu Thr Ala Glu Lys Ala Lys Met Glu Leu
                325                 330                 335

Ser Ser Leu Thr Gln Thr Asn Ile Ser Leu Pro Phe Ile Thr Ala Thr
            340                 345                 350

Ala Asp Gly Pro Lys His Ile Glu Thr Thr Ile Thr Arg Ala Lys Phe
        355                 360                 365

Glu Glu Leu Cys Ser Asp Leu Leu Asp Arg Leu Arg Thr Pro Val Asp
    370                 375                 380

Asn Ala Leu Lys Asp Ala Lys Leu Ser Phe Lys Asp Ile Asp Glu Val
385                 390                 395                 400

Ile Leu Val Gly Gly Ser Thr Arg Ile Pro Ala Val Gln Glu Leu Val
                405                 410                 415

Lys Lys Met Thr Gly Lys Glu Pro Asn Val Thr Val Asn Pro Asp Glu
            420                 425                 430
```



```
Val Val Ala Leu Gly Ala Ala Val Gln Ala Gly Val Leu Ala Gly Asp
        435                 440                 445
```



```
Val Ser Asp Ile Val Leu Leu Asp Val          Thr Pro Leu Ser Leu
```

```
Gly Leu
     450                 455                 460

Glu Thr Leu Gly Gly Val Met Thr Lys Ile Ile Pro Arg Asn Thr Thr
465                 470                 475                 480

Leu Pro Thr Ser Lys Ser Glu Val Phe Ser Thr Ala Ala Asp Gly Gln
                485                 490                 495

Thr Ser Val Glu Ile Asn Val Leu Gln Gly Glu Arg Glu Phe Val Arg
            500                 505                 510

Asp Asn Lys Ser Leu Gly Ser Phe Arg Leu Asp Gly Ile Pro Pro Ala
        515                 520                 525

Pro Arg Gly Val Pro Gln Ile Glu Val Lys Phe Asp Ile Asp Ala Asn
    530                 535                 540

Gly Ile Leu Ser Val Thr Ala Val Asp Lys Gly Thr Gly Lys Lys Gln
545                 550                 555                 560

Asp Ile Thr Ile Thr Gly Ala Ser Thr Leu Pro Gly Asp Glu Val Asp
                565                 570                 575

Arg Met Val Lys Glu Ala Glu Arg Tyr Ala Lys Glu Asp Lys Glu Lys
            580                 585                 590

Arg Asp Ala Ile Asp Thr Lys Asn Gln Ser Glu Ser Val Val Tyr Gln
        595                 600                 605

Thr Glu Lys Gln Leu Lys Glu Leu Gly Asp Lys Val Pro Ala Ala Val
    610                 615                 620

Lys Glu Lys Val Glu Ala Lys Leu Lys Glu Leu Lys Asp Ala Ile Ala
625                 630                 635                 640

Gly Gly Ser Thr Gln Ser Met Lys Asp Ala Met Ala Ala Leu Asn Gln
                645                 650                 655

Glu Val Met Gln Leu Gly Gln Ser Leu Tyr Asn Gln Pro Gly Ala Ala
            660                 665                 670

Gly Ala Gly Pro Ala Pro Gly Ala Asp Ala Gly Ser Ala Gly Ser Thr
        675                 680                 685
```



```
Gly Lys Gly Pro Asp Asp Gly Gly Asp Val Ile Asp Ala Asp Phe Thr
    690                 695                 700
```



```
Asp Ser Lys
```

705

<210> 25
<211> 205
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 25

Met Gln Gly Ala Leu Gln Ala Ile Arg Ala Gln Gly Asn Val Leu Lys
1 5 10 15

Cys Ala Val Leu Arg His Val Arg Ile Met Asn Pro Ala Met Leu Pro
20 25 30

Thr Ala Ile Ser Arg Phe Glu Ser Thr Ser Pro Ala Gln Leu Glu Glu
35 40 45

His Gly Phe Glu Ser Thr Thr Ile Ser Asp Val Leu Lys Ala Lys Gly
50 55 60

Lys Gly Ala Asp Gly Ser Trp Leu Trp Cys Thr Thr Asp Asp Thr Val
65 70 75 80

Tyr Asp Ala Val Lys Ser Met Thr Gln His Asn Val Gly Ala Leu Val
85 90 95

Val Val Lys Pro Gly Ala Asp Lys Ala Ile Ala Gly Ile Ile Thr Glu
100 105 110

Arg Asp Tyr Leu Arg Lys Ile Ile Val Gln Gly Arg Ser Ser Lys Ser
115 120 125

Thr Lys Val Gly Asp Ile Met Thr Glu Glu Asn Lys Leu Ile Thr Val
130 135 140

Thr Pro Asp Thr Lys Val Leu Gln Ala Met Gln Leu Met Thr Asp Asn
145 150 155 160

Arg Ile Arg His Ile Pro Val Ile Asp Ala Lys Gly Met Met Gly Met
165 170 175

Val Ser Ile Gly Asp Val Val Arg Ala Val Val Thr Glu His Arg Glu
180 185 190

Glu Leu Asp Arg Leu Asn Ala Tyr Ile Gln Gly Gly Tyr
195 200 205

<210> 26
<211> 201

<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 26

Met Thr Ala Gln Thr Gln Glu Glu Leu Leu Ala Ala His Leu Glu Gln
1 5 10 15

Gln Lys Ile Asp Tyr Asp Glu Pro Val Val Glu Asp Glu Asp Asp Asp
20 25 30

Glu Asp Asp Glu Asp Asp Asp Asp Lys Asp Glu Asp Asp Ala Glu Gly
35 40 45

Gln Ala Gly Asp Ala Ser Gly Arg Ser Lys Gln Ser Arg Ser Glu Lys
50 55 60

Lys Ser Arg Lys Ala Met Leu Lys Leu Gly Met Lys Pro Ile Pro Gly
65 70 75 80

Val Ser Arg Val Thr Val Lys Lys Ser Lys Asn Ile Leu Phe Val Ile
85 90 95

Ser Lys Pro Asp Val Phe Lys Ser Pro Thr Ser Asp Thr Tyr Val Ile
100 105 110

Phe Gly Glu Ala Lys Ile Glu Asp Leu Ser Ser Gln Leu Gln Thr Gln
115 120 125

Ala Ala Glu Gln Phe Lys Ala Pro Asp Leu Ser His Val Ile Ser Lys
130 135 140

Pro Glu Thr Ser Ala Met Ala Gln Asp Asp Glu Glu Val Asp Glu Thr
145 150 155 160

Gly Val Glu Pro Lys Asp Ile Glu Leu Val Met Thr Gln Ala Gly Val
165 170 175

Ser Arg Ser Lys Ala Val Lys Ala Leu Lys Ala Ala Asp Gly Asp Ile
180 185 190

Val Thr Ala Ile Met Glu Leu Thr Asn
195 200

<210> 27
<211> 312
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 27

Met Glu Thr Ser Lys Glu Ser Gln Glu Leu Asn Arg Ser Leu

```
Tyr Pro
1               5                   10                  15

His Ile Glu Pro Tyr Ser Ser Gly Phe Leu Lys Val Ser Asp Ile His
            20                  25                  30

Thr Leu Tyr Trp Glu Gln Ser Gly Asn Pro Asn Gly His Pro Val Val
        35                  40                  45

Phe Leu His Gly Gly Pro Gly Ala Gly Thr Ser Ala Ser Asn Arg Arg
    50                  55                  60

Phe Phe Asp Pro Glu Phe Tyr Arg Ile Ile Leu Phe Asp Gln Arg Gly
65                  70                  75                  80

Ser Gly Lys Ser Thr Pro His Ala Cys Leu Glu Asp Asn Thr Thr Trp
                85                  90                  95

Asp Leu Val Asn Asp Ile Glu Lys Leu Arg Glu His Leu Glu Ile Pro
            100                 105                 110

Glu Trp Gln Val Thr Gly Ile Ile Leu Arg Gly Ile Phe Leu Leu Arg
        115                 120                 125

Lys Lys Glu Leu Asp Trp Phe Tyr Glu Gly Gly Ala Ala Ala Ile Phe
    130                 135                 140

Pro Asp Ala Trp Glu Pro Phe Arg Asp Phe Ile Pro Glu Asn Glu Arg
145                 150                 155                 160

Asn Asn Phe Ile Val Ala Tyr His Lys Arg Leu Asn Ser Asp Asp Asn
                165                 170                 175

His Ile Gln Val Thr Ala Ala Lys Ile Trp Thr Thr Trp Glu Leu Met
            180                 185                 190

Thr Ala His Leu Ile Gln Asn Glu Glu Asn Ile Lys Arg Gly Glu Asp
        195                 200                 205

Asp Asp Phe Ser Leu Ala Phe Ala Arg Ile Glu Asn His Tyr Phe Val
    210                 215                 220
```



```
Asn Lys Gly Phe Phe Pro Ser Asp Ser Tyr Leu Leu Asp Asn Val Asp
225                 230                 235                 240

Lys Ile Arg His Ile Ser Thr Val Ile Val Gln Gly Arg Tyr Asp Val
                245                 250                 255
```

Cys Cys Pro Met Met Ser Ala Trp Asp Leu His Lys Ala Trp Pro Glu
260 265 270

Ala Glu Leu Lys Val Val Pro Asp Ala Gly His Ser Ala Asn Glu Ile
275 280 285

Gly Ile Ala Ala Glu Leu Val Ala Ala Asn Glu Lys Phe Lys Asn Ile
290 295 300

Leu Lys Ser Gly Gly Phe Lys Met
305 310

<210> 28
<211> 289
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 28

Met Ala Ser Ser Gly Pro Asp His Leu Phe Asn Leu Arg Asn Ser Phe
1 5 10 15

Tyr Leu Gly Ala Tyr Gln Asp Ala Ile Asn Lys Ser Asp Ile Pro Asn
20 25 30

Leu Ser Gly Asp Asp Ala Val Glu Arg Asp Ser Ile Val Tyr Arg Ser
35 40 45

Tyr Ile Ala Leu Gly Ser Tyr Gln Leu Val Ile Asn Glu Ile Asp Ser
50 55 60

Ser Ala Pro Thr Ala Leu Gln Ala Val Lys Leu Leu Ala Leu Tyr Leu
65 70 75 80

Ala Gly Asp Lys Glu Ser Ala Ile Ala Ser Leu Gln Glu Trp Leu Asn
85 90 95

Asp Ala Ala Ile Gly Asn Asn His Val Leu Arg Leu Ile Ala Gly Ile
100 105 110

Ile Tyr Met His Glu Gln Asn Tyr Val Glu Ala Leu Lys His Thr Asn
115 120 125

Ser Gly Gly Thr Met Glu Leu His Ala Leu Asn Val Gln Ile Tyr Leu
130 135 140

Lys Met His Arg Ser Asp Tyr Ala Glu Lys Gln Leu Lys Ile Met Leu
145 150 155 160

Gln Ile Asp Glu Asp His Thr Leu Thr Gln Leu Ala Asn Ala
Trp Val

```
                165                 170                 175

Asn Leu Ala Val Gly Gly Ser Lys Ile Gln Glu Ala Tyr Leu Ile Tyr
            180                 185                 190

Gln Asp Phe Ser Glu Lys Asn Gln Met Thr Pro Leu Ile Leu Asn Gly
        195                 200                 205

Lys Ala Val Cys Cys Leu His Met Gly Arg Phe Asp Glu Ala Glu Ser
    210                 215                 220

Leu Leu Leu Asp Ala Leu Asn Lys Asp Ala Lys Asp Ala Glu Thr Leu
225                 230                 235                 240

Ala Asn Leu Val Val Cys Ser Leu His Leu Gly Lys Ser Ala Ala Arg
                245                 250                 255

Tyr Leu Asn Gln Leu Lys Leu Ser His Pro Asp His Met Leu Val Gln
            260                 265                 270

Arg Ala Ser Ser Ala Glu Asp Ser Phe Glu Arg Ala Val Gln Ser Ile
        275                 280                 285

Ala
```

<210> 29
<211> 224
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (48)..(49)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (56)..(57)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (85)..(86)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (106)..(107)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (143)..(144)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (155)..(156)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (168)..(169)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (173)..(174)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(193)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (199)..(200)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (210)..(211)

<220>
<221> NON_TER
<222> (224)..(224)

<400> 29

Glu Arg Gln Glu Ile Asp Arg Ser Ala Met Val Gly Ala Leu Ala Ser
1   5   10   15

Ala Ser Thr Gly Val Met Asn Ser Val Ile Ala Lys Leu Ser Lys Leu
            20   25   30

Leu Glu Asp Glu Tyr Ala Lys Ala His Val Val Glu Glu Ser Lys Arg
        35   40   45

Leu Arg Asp Thr Leu Gln Asp Lys Tyr Leu Val Val Ile Asp Asp Val

    50   55   60

Trp Ala Thr Glu Ala Trp Glu Thr Ile Lys Leu Ala Leu Leu Ser Asn
65   70   75   80

Asn Cys Asp Ser Arg Cys Ser Tyr His Gly Gly Tyr Val Tyr His Met
                85   90   95

Glu Pro Leu Ser Phe Val Asp Ser Lys Arg Val Leu Ala Ala Ile Gly
            100   105   110

Ser Ala Leu Ala Lys Asp Pro Asn Ala Gly Asn Met Arg Arg Ser Leu
        115   120   125

Ile Gln Pro Val Asp Val Gln Tyr Gly Lys Pro Val Ala Cys Arg Glu
    130   135   140

Asn Val Ile Met Ala Thr Asn Leu Ser Leu Lys Met Gln Ser Leu Glu
145   150   155   160

Glu Leu Gln Thr Phe Asp Ile Phe Thr Tyr Ser Ser Arg Trp Met Asn
                165   170   175

Met Leu Ala Cys Leu Thr Glu Leu Asp Leu Thr Leu Cys Ser Thr Lys
            180   185   190

Leu Gln His Leu Met Ile Lys Cys Leu Asn Gly Ala Ser Asp Leu Gly
        195   200   205

Ile Arg Ser Val Asn Tyr Glu Ile Glu Val Asn Leu Gly Glu Val Arg
    210   215   220

<210> 30
<211> 176
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (46)..(47)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (66)..(67)

<220>
<221> NON_CONS
 <222> (82)..(83)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (103)..(104)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (120)..(121)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (130)..(131)

<220>
<221> NON_CONS

<222> (151)..(152)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (161)..(162)

<220>
<221> NON_TER
<222> (176)..(176)

<400> 30

Phe Gln Lys Asp Met Ser Phe Arg Phe Val Thr Pro Ala Tyr Gly Cys
1   5   10   15

Thr Gln Ile Gly Lys Asn Asp Ser Leu Lys Asp Val Leu Met Trp Gly
            20   25   30

Glu Gly Val Glu Gly Gly Asn Ile Gly Gly Met Val Gln Arg Val Asn
        35   40   45

Met Asp Val Gly Met Pro Lys Val Val Glu Ser Leu Asp Asp Val His
    50   55   60

Ile Lys Phe Asn Ala Val Gly Gly Lys Leu Phe Thr Trp Gly Asp Gly
65   70   75   80

Asp Lys Ser Ile Ser Val Thr Asp Gln Ser Ser Cys Ser Gly Cys Arg
                85   90   95

Met Pro Phe Gly Leu Thr Arg His Asn Cys Tyr Asn Cys Gly Leu Leu
            100   105   110

Phe Cys His Ser Cys Ser Ser Lys Met Ser Lys Pro Gly Thr His Gly
        115   120   125

Ser Lys Asp Gln Gly Glu His Gln His His Val Glu Thr Val Ser Ser
    130   135   140

Leu Ser Ala Gly Leu Pro Arg Ala Met Ser Glu Lys Ile Ser Ala Gly
145   150   155   160

Arg Gly Gly Val Glu Leu Ser Val Ser Gln Asn Thr Pro Ala Tyr Lys
                165   170   175

<210> 31
<211> 307
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 31

Met Ala Ala Ala Ser Ser Leu Val Pro Gln Phe Ser Gly Leu Ala Val
1   5   10   15

```
Ala Arg Glu Arg Ala Pro Ser Leu Ser Ser Ile Leu Phe Phe His Asp
            20                  25                  30

Ala Ser Ser Gln Arg Arg Pro Phe Ser Thr Arg Arg Ala Pro Arg Gly
        35                  40                  45

Val Val Ala Met Ala Gly Thr Gly Lys Phe Phe Val Gly Gly Asn Trp
    50                  55                  60

Lys Cys Asn Gly Met Lys Asp Ser Ile Ser Lys Leu Val Ala Asp Leu
65                  70                  75                  80

Asn Asp Ala Lys Met Glu Asn Asp Val Asp Val Ala Val Ala Pro Pro
                85                  90                  95

Phe Ile Tyr Ile Asp Gln Val Asn Asn Ser Leu Thr Asp Arg Ile Asp
            100                 105                 110

Ile Ser Ala Gln Asn Cys Trp Val Gly Lys Gly Gly Ala Phe Thr Gly
        115                 120                 125

Glu Ile Ser Ala Glu Gln Leu Ile Asp Met Gly Cys Lys Trp Val Ile
    130                 135                 140

Leu Gly His Ser Glu Arg Arg His Ile Ile Gly Glu Asp Asp Gln Phe
145                 150                 155                 160

Ile Gly Lys Lys Ala Ala Tyr Ala Leu Ser Gln Asn Leu Lys Val Ile
                165                 170                 175

Ala Cys Ile Gly Glu Lys Leu Glu Glu Arg Glu Ala Gly Lys Thr Phe
            180                 185                 190
```



```
Glu Val Cys Phe Gln Gln Met Gln Ala Phe Ala Asp Ser Ile Thr Ser
        195                 200                 205

Trp Glu Asn Val Val Ile Ala Tyr Glu Pro Val Trp Ala Ile Gly Thr
    210                 215                 220

Gly Lys Val Ala Thr Pro Glu Gln Ala Gln Glu Val His Val Ala Val
225                 230                 235                 240

Arg Asp Trp Leu Lys Lys Asn Ile Ser Ala Glu Val Ala Ser Ser Thr
                245                 250                 255

Arg Ile Ile Tyr Gly Gly Ser Val Asn Gly Ser Asn Cys Ser Glu Leu
            260                 265                 270
```

Ala Lys Gln Glu Asp Ile Asp Gly Phe Leu Val Gly Gly Ala Ser Leu
275 280 285

Lys Gly Pro Glu Phe Ala Thr Ile Val Asn Ser Val Thr Ser Lys Lys
290 295 300

Val Ala
Val 305

<210> 32
<211> 621
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 32

Met Ala Tyr Gly Asp Arg Leu Thr Thr Phe Glu Asp Ser Glu Lys Glu
1 5 10 15

Ser Glu Tyr Gly Tyr Val Arg Lys Val Ser Gly Pro Val Val Val Ala
20 25 30

Asp Gly Met Gly Gly Ala Ala Met Tyr Glu Leu Val Arg Val Gly His
35 40 45

Asp Asn Leu Ile Gly Glu Ile Ile Arg Leu Glu Gly Asp Ser Ala Thr
50 55 60

Ile Gln Val Tyr Glu Glu Thr Ala Gly Leu Met Val Asn Asp Pro Val
65 70 75 80

Leu Arg Thr His Lys Pro Leu Ser Val Glu Leu Gly Pro Gly Ile Leu
85 90 95

```
Gly Asn Ile Phe Asp Gly Ile Gln Arg Pro Leu Lys Thr Ile Ala Leu
            100                 105                 110

Lys Ser Gly Asp Val Tyr Ile Pro Arg Gly Val Ser Val Pro Ala Leu
        115                 120                 125

Asp Lys Asp Thr Leu Trp Glu Phe Glu Pro Lys Lys Leu Ala Ala Gly
    130                 135                 140

Asp Leu Leu Thr Gly Gly Asp Leu Tyr Ala Thr Val Phe Glu Asn Thr
145                 150                 155                 160

Leu Met Gln His His Val Ala Leu Pro Pro Gly Ser Met Gly Lys Ile
                165                 170                 175

Thr Tyr Ile Ala Pro Ala Gly Gln Tyr Ser Leu Lys Asp Thr Val Leu
            180                 185                 190

Glu Leu Glu Phe Gln Gly Val Lys Lys Gln Phe Thr Met Leu Gln Thr
        195                 200                 205

Trp Pro Val Arg Thr Pro Arg Pro Val Ala Ala Lys Leu Ala Ala Asp
    210                 215                 220

Thr Pro Leu Leu Thr Gly Gln Arg Val Leu Asp Ala Leu Phe Pro Ser
225                 230                 235                 240

Val Leu Gly Gly Thr Cys Ala Ile Pro Gly Ala Phe Gly Cys Gly Lys
                245                 250                 255

Thr Val Ile Ser Gln Ala Leu Ser Lys Tyr Ser Asn Ser Asp Thr Val
            260                 265                 270

Val Tyr Val Gly Cys Gly Glu Arg Gly Asn Glu Met Ala Glu Val Leu
        275                 280                 285

Met Asp Phe Pro Gln Leu Thr Met Thr Leu Pro Asp Gly Arg Glu Glu
    290                 295                 300

Ser Val Met Lys Arg Thr Thr Leu Val Ala Asn Thr Ser Asn Met Pro
305                 310                 315                 320

Val Ala Ala Arg Glu Ala Ser Ile Tyr Thr Gly Ile Thr Ile Ala Glu
                325                 330                 335

Tyr Phe Arg Asp Met Gly Tyr Asn Val Ser Met Met Ala Asp Ser Thr
            340                 345                 350
```

```
Ser Arg Trp Ala Glu Ala Leu Arg Glu Ile Ser Gly Arg Leu Ala Glu
        355                 360                 365

Met Pro Ala Asp Ser Gly Tyr Pro Ala Tyr Leu Ala Ala Arg Leu Ala
    370                 375                 380

Ser Phe Tyr Glu Arg Ala Gly Lys Val Lys Cys Leu Gly Gly Pro Asp
385                 390                 395                 400

Arg Thr Gly Ser Val Thr Ile Val Gly Ala Val Ser Pro Pro Gly Gly
                405                 410                 415

Asp Phe Ser Asp Pro Val Thr Ser Ala Thr Leu Gly Ile Val Gln Val
            420                 425                 430

Phe Trp Gly Leu Asp Lys Lys Leu Ala Gln Arg Lys His Phe Pro Ser
        435                 440                 445

Val Asn Trp Leu Ile Ser Tyr Ser Lys Tyr Ser Lys Ala Leu Glu Ser
    450                 455                 460

Phe Tyr Glu Lys Phe Asp Pro Asp Phe Ile Asp Ile Arg Thr Lys Ala
465                 470                 475                 480

Arg Glu Val Leu Gln Arg Glu Asp Asp Leu Asn Glu Ile Val Gln Leu
                485                 490                 495

Val Gly Lys Asp Ala Leu Ala Glu Ser Asp Lys Ile Thr Leu Glu Thr
            500                 505                 510

Ala Lys Leu Leu Arg Glu Asp Tyr Leu Ala Gln Asn Ala Phe Thr Pro
        515                 520                 525

Tyr Asp Lys Phe Cys Pro Phe Tyr Lys Ser Val Trp Met Met Arg Asn
    530                 535                 540

Ile Ile His Phe Asn Ala Leu Ala Asn Gln Ala Val Glu Arg Gly Ala
545                 550                 555                 560

Gly Ser Asp Gly Gln Lys Ile Thr Tyr Ser Val Ile Lys His Arg Leu
                565                 570                 575

Gly Asp Leu Phe Tyr Arg Leu Val Ser Gln Lys Phe Glu Asp Pro Ala
            580                 585                 590

Glu Gly Glu Glu Val Leu Val Ala Lys Phe Lys Lys Leu Tyr Asp Asp
```

595 600 605

Leu Ser Ala Gly Phe Arg Asn Leu Glu Asp Glu Thr Arg
610 615 620

<210> 33
<211> 168
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 33

Met Ala Ala Leu Pro Leu Ala Thr Ala Glu Val Cys Asp Ala Asn Ala
1 5 10 15

His Leu Ile Gln Asn Gly Glu Leu Arg Ala Leu Gln Pro Ile Phe Gln
20 25 30

Ile Tyr Gly Arg Arg Gln Val Phe Ala Gly Pro Ile Val Thr Leu Lys
35 40 45

Val Phe Glu Asp Asn Val Leu Val Arg Glu Phe Leu Glu Glu Lys Gly
50 55 60

Asn Gly Arg Val Leu Val Val Asp Gly Gly Gly Ser Met Arg Cys Ala
65 70 75 80

Ile Leu Gly Gly Asn Pro Val Gln Gln Ala Gln Asn Asn Gly Trp Ala
85 90 95

Gly Ile Val Val Asn Gly Cys Ile Arg Asp Val Asp Glu Ile Asn Gly
100 105 110

Cys Asp Ile Gly Val Arg Ala Leu Ala Ser His Pro Met Lys Ala Asn
115 120 125

Lys Lys Gly Phe Gly Glu Lys His Val Pro Val Asn Ile Ala Gly Thr
130 135 140

Arg Ile Cys Asp Gly Glu Trp Leu Tyr Ala Asp Ser Asp Gly Ile Leu
145 150 155 160

Val Ser Arg Met Glu Leu Thr Val
165

<210> 34
<211> 192
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<220>

<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (39)..(40)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (57)..(58)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (75)..(76)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (86)..(87)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (126)..(127)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (134)..(135)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (148)..(149)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (166)..(167)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (179)..(180)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (192)..(192)

<400> 34

```
Met Thr Ile Asp Ser Glu Leu Leu Thr Asn Ile Ser His Arg Asp Val
1               5                   10                  15


Ala Arg Met Lys Ala Asp Leu Ala Thr Cys Lys Gln Glu Gly Met Thr
            20                  25                  30


Met Glu Gly Tyr Tyr Gly Lys Ile Cys Ala Ser His His Met Thr Gly
        35                  40                  45


Asn Leu Glu Leu Leu Ser Asp Met Arg Thr Pro Ser Tyr Ser Gly Ala
    50                  55                  60
```



```
Arg Tyr Phe Leu Thr Ile Val Asp Asp Tyr Ser Ser Asp Asn Gly Thr
65                  70                  75                  80
```

Glu Phe Leu Cys Met Arg Phe Gln Ser Tyr Leu Pro Ile Gln Phe Trp
85 90 95

Gly Glu Cys Ile Leu Ser Ala Ala Tyr Leu Ile Asn Arg Thr Pro Ser
100 105 110

Met Leu Leu Gln Gly Lys Ser Pro Tyr Glu Met Leu Tyr Lys Leu Phe
115 120 125

Asp Leu Glu Glu Gln Lys Val Asn Gln Thr Phe Ser Ile Val Asn Leu
130 135 140

Pro Pro Gly Lys Glu Glu Val Tyr Met Lys Leu Pro Gln Gly Phe Gln
145 150 155 160

Cys Asp Asp Pro Ser Lys Ala Met Ala Phe Leu Thr Gln Glu Leu Met
165 170 175

Trp Leu Lys Gln Leu Ala Asp Ile Leu Thr Lys Ala Leu Gly Glu Lys
180 185 190

<210> 35
<211> 321
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 35

Met Thr Val Lys Leu Ser Lys Ser Glu Lys Lys Ile Glu Tyr Asp Lys
1 5 10 15

Lys Leu Cys Arg Leu Leu Asp Glu Tyr Ser Gln Val Leu Ile Ala Ala
20 25 30

Ala Asp Asn Val Gly Ser Asn Gln Leu Gln Asn Ile Arg Lys Gly Leu
35 40 45

Arg Gly Asp Ser Val Val Leu Met Gly Lys Asn Thr Leu Ile Arg Arg
50 55 60

Cys Ile Lys Ile His Ala Glu Lys Thr Gly Asn Lys Asp Tyr Leu Asn
65 70 75 80

Leu Leu Pro Leu Leu Val Gly Asn Val Gly Leu Ile Phe Thr Lys Gly
85 90 95

Asp Leu Lys Glu Val Arg Glu Glu Val Ala Lys Tyr Lys Val Gly Ala
100 105 110

Pro Ala Arg Val Gly Leu Val Ala Pro Ile Asp Val Val Val
Pro Pro

```
        115                 120                 125

Gly Asn Thr Gly Leu Asp Pro Ser Gln Thr Ser Phe Phe Gln Val Leu
    130                 135                 140

Asn Ile Pro Thr Lys Ile Asn Lys Gly Thr Val Glu Ile Ile Thr Pro
145                 150                 155                 160

Val Glu Leu Ile Arg Lys Gly Asp Lys Val Gly Ser Ser Glu Ala Ala
                165                 170                 175

Leu Leu Ala Lys Leu Gly Ile Arg Pro Phe Ser Tyr Gly Leu Val Ile
            180                 185                 190

Gln Ala Val Tyr Asp Asn Gly Ser Val Phe Ser Pro Glu Val Leu Asp
        195                 200                 205

Leu Thr Glu Asp Asp Leu Val Glu Lys Phe Ala Ala Gly Val Ser Met
    210                 215                 220

Val Thr Ser Leu Ser Leu Ala Leu Ser Tyr Pro Thr Leu Val Ala Ala
225                 230                 235                 240

Pro His Met Phe Ile Asn Ala Tyr Lys Asn Val Leu Ala Val Ala Ile
                245                 250                 255

Ala Thr Glu Tyr Thr Phe Glu Gln Ala Glu Lys Val Lys Glu Tyr Leu
            260                 265                 270

Lys Asp Pro Ser Lys Phe Ala Val Ala Val Pro Val Glu Ala Ala Ala
        275                 280                 285

Ala Ala Ala Ala Ala Pro Ala Ala Ala Ala Lys Glu Glu Glu Lys Lys
    290                 295                 300

Glu Glu Pro Ala Glu Glu Ser Asp Glu Asp Met Gly Phe Ser Leu Phe
305                 310                 315                 320

Asp
```

<210> 36
<211> 176
<212> PRT

<213> Elaeis guineensis

<400> 36

```
Met Ile Lys Thr Ala Val Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val
1               5                   10                  15
```

Asn Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys
20 25 30

Pro Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Leu Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu
35 40 45

Cys Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Lys Gly Lys
50 55 60

Ile Ile Asn Met Thr Ser Val Ile Gly Leu Thr Gly Asn Ile Gly Gln
65 70 75 80

Ala Asn Tyr Ser Ala Ala Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr
85 90 95

Val Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala
100 105 110

Pro Gly Phe Ile Ala Ser Asp Met Thr Ala Lys Leu Gly Ala Asp Ile
115 120 125

Glu Thr Lys Phe Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Phe Gly Gln Pro
130 135 140

Glu Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala
145 150 155 160

Asn Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Leu Val Met
165 170 175

<210> 37
<211> 188
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 37

Met Ala Thr Thr Ser Thr Lys Glu Met Thr Val Val Lys Gly Leu Asp
1 5 10 15

Val Glu Arg Tyr Met Gly Arg Trp Tyr Glu Ile Ala Ser Phe Pro Ser
20 25 30

Phe Phe Gln Pro Lys Asn Gly Glu Asn Thr Arg Ala Thr Tyr Thr Leu
35 40 45

Asn Ser Asp Gly Thr Val His Val Leu Asn Glu Thr Trp Ser Asp Gly
50 55 60

Lys Arg Asp Ala Ile Glu Gly Thr Ala Tyr Lys Ala Asn Pro
Asn Ser

65 70 75 80

Asp Glu Ala Lys Leu Lys Val Lys Phe Tyr Val Pro Pro Phe Phe Pro
85 90 95

Ile Ile Pro Val Thr Gly Asp Tyr Trp Val Leu Tyr Ile Asp Asp Asp
100 105 110

Tyr Gln Tyr Ala Leu Ile Gly Gln Pro Ser Arg Lys Tyr Leu Trp Ile
115 120 125

Leu Cys Arg Gln Thr His Met Asp Asp Glu Val Tyr Asn Leu Leu Leu
130 135 140

Glu Lys Ala Lys Glu Glu Gly Tyr Asp Val Lys Lys Leu His Lys Thr
145 150 155 160

Pro Gln Ala Asp Pro Pro Pro Glu Ala Glu Ala Gly Pro Lys Asp Thr
165 170 175

Lys Gly Ile Trp Trp Ile Lys Ser Leu Phe Gly Lys
180 185

<210> 38
<211> 319
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 38

Met Ala Ala Ser Ile Ala Phe Asn Pro His Val Ile Pro Ala Arg Ser
1 5 10 15

Ala Ala Pro Arg Arg Val Ala Pro Leu Gln Thr Leu Ser Ala Ala Pro
20 25 30

Arg Leu Ala Ala Arg Ser Leu Cys Phe Lys Ser Ser Leu Arg Ser Asp
35 40 45

Gly Thr Ala Ala Phe Ser Gly Val Arg Thr Gln Ala Ala Val Val Glu
50 55 60

Gln Ala Ser Ile Glu Gln Ala Gln Asn Val Glu Ala Pro Val Ala Ile
65 70 75 80

Val Thr Gly Gly Ser Arg Gly Ile Gly Lys Ala Ile Ala Leu Ala Leu
85 90 95

Gly Lys Ala Gly Cys Lys Val Leu Ile Asn Tyr Ala Thr Ser Thr Glu
100 105 110

Glu Ala Glu Glu Val Ser Lys Glu Ile Glu Ala Ser Gly Gly Gln Ala
        115   120   125

Ile Ile Phe Phe Gly Asp Ile Ser Lys Glu Asp Asp Val Glu Ser Met
    130   135   140

Ile Lys Ile Ala Ala Asp Ala Trp Gly Thr Val Asp Ile Leu Val Asn
145   150   155   160

Asn Ala Gly Ile Thr Arg Asp Thr Leu Leu Met Arg Met Lys Lys Ser
                165   170   175

Gln Trp Gln Glu Val Ile Asp Val Asn Leu Thr Gly Val Phe Leu Cys
            180   185   190

Thr Gln Ala Ala Ala Lys Leu Met Met Lys Lys Lys Gly Lys Ile
        195   200   205

Ile Asn Ile Ala Ser Val Val Gly Leu Thr Gly Asn Ala Gly Gln Ala
    210   215   220

Asn Tyr Ser Ala Ser Lys Ala Gly Val Ile Gly Phe Thr Lys Thr Val
225   230   235   240

Ala Arg Glu Tyr Ala Ser Arg Asn Ile Asn Val Asn Ala Val Ala Pro
                245   250   255

Gly Phe Ile Ala Ser Pro Met Thr Ala Gln Leu Gly Glu Asp Val Glu
            260   265   270

Lys Lys Ile Leu Gln Thr Ile Pro Leu Gly Arg Tyr Gly Gln Pro Glu
        275   280   285

Glu Val Ala Gly Leu Val Glu Phe Leu Ala Leu Asn Pro Ala Ala Asp
    290   295   300

Tyr Ile Thr Gly Gln Val Phe Thr Ile Asp Gly Gly Met Val Met
305   310   315

<210> 39
<211> 155
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 39

Met Ser Leu Ile Pro Arg Gly Trp Gly Phe Gly Ser Ser Ile Phe Asp
1   5   10   15

Pro Trp Asp Ser Phe Glu Gly Phe Pro Phe Asn Ser Ser Leu
Ser Ser

```
            20                  25                  30

Phe Pro Arg Pro Ser Phe Pro Ser Glu Ser Ser Ala Phe Ala Asn Ala
        35                  40                  45

Arg Ile Asp Trp Lys Glu Thr Pro Glu Ala His Val Phe Lys Ala Asp
    50                  55                  60

Leu Pro Gly Leu Lys Lys Glu Glu Val Lys Val Glu Val Glu Glu Gly
65                  70                  75                  80

Asn Val Leu Gln Ile Ser Gly Glu Arg Ser Arg Glu Gln Glu Glu Lys
                85                  90                  95

Thr Asp Thr Trp His Arg Val Glu Arg Ser Ser Gly Lys Phe Leu Arg
            100                 105                 110

Arg Phe Arg Leu Pro Glu Asn Ala Lys Met Asp Arg Val Lys Ala Ala
        115                 120                 125

Met Glu Asn Gly Val Leu Thr Val Thr Val Pro Lys Glu Glu Val Lys
    130                 135                 140

Lys Leu Glu Val Arg Ser Ile Glu Ile Ser Gly
145                 150                 155


<210> 40
<211> 667
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 40

Met Glu Phe Tyr Thr Thr Cys Leu Pro Arg Ser Ser Met Ser Tyr Cys
1               5                   10                  15

Ala His Pro Arg Leu Ser Pro Pro Val Pro Arg Ser Lys Gln Phe Leu
            20                  25                  30

                RDQL-J4432 seq project for proteomics appl_ST25.txt
Ser Phe Arg Ile Lys Asn Ala Ala Ser Thr Ser Ser Val Pro Ala Pro
        35                  40                  45

Pro Ala Thr Thr Pro Ser Ser Ser Arg Asn Gly Asn Ile Thr Thr Lys
    50                  55                  60

Ser Leu Thr Glu Lys Leu Ser Ser Ala Met Asp Gln Leu Asp Ile Glu
65                  70                  75                  80

Arg Gly Val Cys Ile Pro Phe Arg Lys Tyr Thr Pro Glu Thr Val Arg
                85                  90 Page 54          95
```

```
Asn Lys Val Leu Glu Ser Arg Gly Ala Ile Leu Ser Leu Ile Gly Arg
            100                 105                 110

Gly Val Glu Ile Val Trp Asn Leu Gly Leu Tyr Trp Ser Ala Leu Thr
        115                 120                 125

Tyr Asp Cys Leu Val Gly Arg Asp Glu Glu Val Val Pro Tyr Arg Ala
    130                 135                 140

Arg Gln Leu Arg Asn Leu Leu Cys Asn Leu Gly Pro Ser Phe Ile Lys
145                 150                 155                 160

Ala Gly Gln Val Leu Ala Asn Arg Pro Asp Ile Ile Arg Glu Asp Tyr
                165                 170                 175

Met Asn Glu Leu Cys Ile Leu Gln Asp Asp Val Pro Pro Phe Pro Asn
            180                 185                 190

Gln Glu Ala Phe Ser Ile Ile Glu Glu Glu Leu Gly Gln Pro Leu Glu
        195                 200                 205

Lys Val Phe Ser Arg Ile Ser Ser Glu Thr Ile Ala Ala Ala Ser Leu
    210                 215                 220

Gly Gln Val Tyr Arg Ala Thr Leu Arg Glu Thr Arg Glu Asp Val Ala
225                 230                 235                 240

Ile Lys Val Gln Arg Pro Gly Ile Glu Pro Ile Ile Tyr Arg Asp Leu
                245                 250                 255

Phe Leu Phe Arg Thr Leu Ala Ser Phe Leu Asn Gly Ile Ser Leu Gln
            260                 265                 270

Lys Leu Gly Cys Asn Ala Glu Leu Ile Val Asp Glu Phe Gly Glu Lys
        275                 280                 285
```

```
Leu Leu Glu Glu Leu Asp Tyr Thr Leu Glu Ala Arg Asn Ile Glu Asp
    290                 295                 300

Phe Leu Glu Asn Phe Lys Asn Asp Pro Thr Val Lys Ile Pro Arg Val
305                 310                 315                 320

Tyr Lys Gln Leu Ser Gly Arg Arg Val Leu Val Met Glu Trp Ile Asp
                325                 330                 335

Gly Ile Arg Cys Thr Asp Pro Glu Ala Val Lys Glu Ala Gly Ile Asp
            340                 345                 350

Val Asn Gly Phe Leu Thr Val Gly Val Ser Ala Ala Leu Arg Gln Leu
        355                 360                 365

Leu Glu Phe Gly Leu Phe His Gly Asp Pro His Pro Gly Asn Ile Phe
    370                 375                 380

Ala Met Arg Asp Gly Arg Ile Ala Tyr Val Asp Phe Gly Asn Val Ala
385                 390                 395                 400

Val Leu Ser Gln Gln Asn Lys Gln Ile Leu Ile Asp Ala Val Val His
                405                 410                 415

Ala Val Asn Glu Asp Tyr Ala Glu Met Ala Asn Asp Phe Thr Arg Leu
            420                 425                 430

Gly Phe Leu Ala Ser Gly Thr Asp Val Ser Pro Ile Ile Pro Ala Leu
        435                 440                 445

Glu Ala Ile Trp Gln Asn Ser Ala Gly Lys Gly Leu Ala Asp Phe Asn
    450                 455                 460

Phe Arg Ser Val Thr Gly Lys Phe Asn Gln Leu Val Tyr Asn Tyr Pro
465                 470                 475                 480

Ile Arg Ile Pro Glu Arg Phe Ser Leu Val Ile Arg Ser Leu Leu Thr
                485                 490                 495

Gln Glu Gly Ile Cys Phe Thr Leu Lys Pro Asp Phe Lys Phe Leu Glu
            500                 505                 510

Val Ala Tyr Pro Tyr Ile Ala Lys Arg Leu Leu Thr Asp Pro Asn Pro
        515                 520                 525

Ala Leu Arg Glu Arg Leu Ile Gln Val Leu Phe Lys Asp Gly Leu Phe
    530                 535                 540
```

Gln Trp Lys Arg Leu Glu Asn Leu Ile Val Leu Ala Lys Glu Asn Val
545 550 555 560

Ala Lys Met Asn Gln Asn Pro Ala Leu Gln Val Thr Asn Thr Gln Asn
565 570 575

Ser Arg Asn Trp Gln Val Glu Lys Lys Leu Asp Leu Thr Glu Thr Ile
580 585 590

Lys Asp Gly Ala Arg Met Phe Leu Ile Asp Ala Gly Ile Arg Arg Gln
595 600 605

Leu Ile Met Ala Leu Thr Glu Asp Ser Lys Leu His Ile Gln Glu Leu
610 615 620

Val Asp Val Tyr Arg Leu Val Glu Asp Asp Val Asp Ile Pro Ala Val
625 630 635 640

Ala Phe Glu Val Leu Gln Asp Leu Pro Ser Val Thr Arg Asp Leu Met
645 650 655

Leu Ser Trp Ser Glu Ala Val Leu Ser Asp Arg
660 665

<210> 41
<211> 170
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 41

Met Ala Gly Asn Ser Ser Gln Ala Thr Gln Thr Val His Asp Phe Thr
1 5 10 15

Val Lys Asp Ala Arg Gly Asn Asp Val Asn Leu Gly Thr Tyr Lys Gly
20 25 30

Lys Val Leu Leu Ile Val Asn Val Ala Ser Gln Cys Gly Leu Thr Asn
35 40 45

Ser Asn Tyr Thr Glu Leu Thr Ala Leu Tyr Glu Lys Tyr Lys Asp Lys
50 55 60

Gly Leu Glu Ile Leu Ala Phe Pro Cys Asn Gln Phe Gly Ala Gln Glu
65 70 75 80

Pro Gly Ser Asn Glu Gln Ile Leu Glu Phe Ala Cys Thr Arg Phe Lys
85 90 95

```
Ala Glu Tyr Pro Ile Phe Asp Lys Val Asp Val Asn Gly Asp Asn Ala
            100                 105                 110


Ala Pro Ile Tyr Lys Phe Leu Lys Ser Ser Lys Gly Gly Leu Phe Gly
        115                 120                 125


Glu Ser Ile Lys Trp Asn Phe Ser Lys Phe Leu Val Asp Lys Glu Gly
    130                 135                 140


His Val Val Asp Arg Tyr Ala Pro Thr Thr Ser Pro Leu Ser Ile Glu
145                 150                 155                 160


Lys Asp Val Lys Lys Leu Leu Gly Leu Asn
                165                 170


<210> 42
<211> 37
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (7)..(8)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (19)..(20)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (28)..(29)

<220>
<221> NON_TER
<222> (37)..(37)

<400> 42

Gly Ile Glu Tyr Glu Tyr Lys Ser Ser Leu Leu Leu Glu Met Asn Pro
1               5                   10                  15


Val His Lys Phe Trp Ala Asp Phe Val Asp Lys Lys Gly Glu Glu Gln
            20                  25                  30


Glu Thr Ala Lys Lys
        35


<210> 43
```

<211> 216
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 43

```
Met Gly Val Lys Val Tyr Gly Pro Thr Met Ser Thr Cys Thr Ala Arg
1               5                  10                  15

Val Leu Leu Cys Leu Glu Glu Val Gly Ala Glu Tyr Glu Leu Val Pro
            20                  25                  30

Ile Asn Leu Ser Thr Gly Glu His Lys Gln Pro Ala His Leu Ala Arg
        35                  40                  45

Asn Pro Phe Gly Gln Val Pro Ala Phe Glu Asp Gly Ala Leu Met Leu
    50                  55                  60

His Glu Ser Arg Ala Ile Ala Arg Tyr Val Ser Arg Lys Tyr Lys Ser
65                  70                  75                  80

Ser Gly Ala Asp Leu Leu Lys Glu Gly Gly Leu Glu Glu Ser Ala Met
                85                  90                  95

Val Asp Val Trp Leu Glu Val Glu Ser His Gln Phe Asp Pro Ala Ile
            100                 105                 110

Gly Pro Ile Phe Phe Gln Ser Phe Ile Val Pro Met Ile Gly Gly Val
        115                 120                 125

Pro Asp Gln Thr Val Ile Asn Thr Asn Leu Glu Lys Leu Cys Lys Val
    130                 135                 140

Leu Asp Ile Tyr Glu Ala Arg Leu Ser Lys Thr Lys Tyr Leu Ala Gly
145                 150                 155                 160

Asp Phe Phe Ser Leu Ala Asp Leu Ser His Val Pro Leu Leu Tyr Tyr
                165                 170                 175

Phe Met Gly Ser Pro His Ala Ser Val Val Asn Ser Arg Pro His Val
            180                 185                 190

Lys Ala Trp Trp Glu Ala Val Ser Ser Arg Pro Ala Cys Lys Lys Val
        195                 200                 205

Thr Ser Ala Met Pro Gly Ser Ala
    210                 215
```

<210> 44

<211> 813
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis

<400> 44

Met Ala Gln Ile Leu Leu His Gly Thr Leu His Val Thr Ile Phe Glu
1 5 10 15

Ala Asn Ser Leu Ser Asn Pro Asn Arg Ala Ser Gly Gly Ala Pro Lys
20 25 30

Phe Ile Arg Gln Leu Val Glu Gly Ile Glu Asp Thr Ile Gly Leu Gly
35 40 45

Lys Gly Ser Ser Lys Leu Tyr Ala Thr Ile Asp Leu Glu Lys Ala Arg
50 55 60

Val Gly Arg Thr Arg Leu Ile Thr Lys Glu Pro Val Asn Pro Arg Trp
65 70 75 80

Tyr Glu Ser Phe His Ile Tyr Cys Ala His Met Ser Ala Asn Val Ile
85 90 95

Phe Thr Val Lys Phe Asp Asn Pro Ile Gly Ala Ser Leu Ile Gly Arg
100 105 110

Ala Tyr Leu Pro Val Thr Glu Ile Leu Asn Gly Glu Glu Val Asp Arg
115 120 125

Trp Ile Glu Ile Cys Asp Glu Asp Arg Asn Pro Leu Asp Gly Gly Ala
130 135 140

Arg Ile His Val Lys Val Gln Tyr Phe Asp Ile Ser Lys Asp Arg Asn
145 150 155 160

Trp Ala Arg Gly Ile Arg Ser Ala Lys Tyr Pro Gly Val Pro Tyr Thr
165 170 175

Phe Phe Ser Gln Arg Gln Gly Cys Lys Val Thr Leu Tyr Gln Asp Ala
180 185 190

His Val Pro Asp Asn Phe Ile Pro Lys Ile Pro Leu Ala Asp Gly Lys
195 200 205

Tyr Tyr Glu Pro His Arg Cys Trp Glu Asp Ile Phe Asp Ala Ile Ser
210 215 220

Asn Ala Gln His Leu Ile Tyr Ile Thr Gly Trp Ser Val Tyr Thr Glu

```
225                 230                 235                 240

Ile Thr Leu Val Arg Asp Ala Lys Arg Gln Lys Pro Gly Gly Asp Val
                245                 250                 255

Thr Leu Gly Glu Leu Leu Lys Arg Lys Ala Ser Glu Gly Val Arg Val
            260                 265                 270

Leu Met Leu Val Trp Asp Asp Arg Thr Ser Val Gly Leu Leu Lys Lys
        275                 280                 285

Asp Gly Leu Met Ala Thr His Asp Glu Glu Thr Ala Asn Tyr Phe Gln
    290                 295                 300

Asp Thr Asp Val His Cys Val Leu Cys Pro Arg Asn Pro Asp Asp Gly
305                 310                 315                 320

Gly Ser Phe Val Gln Asp Leu Gln Ile Ser Thr Met Phe Thr His His
                325                 330                 335

Gln Lys Ile Val Val Val Asp His Glu Met Pro Asn Lys Ser Ser Gln
            340                 345                 350

Gln Arg Arg Ile Val Ser Phe Val Gly Gly Ile Asp Leu Cys Asp Gly
        355                 360                 365

Arg Tyr Asp Thr Gln Phe His Ser Leu Phe Arg Thr Leu Asp Thr Ala
    370                 375                 380

His His Asp Asp Phe His Gln Pro Asn Phe Ala Asp Ala Ser Ile Lys
385                 390                 395                 400

Lys Gly Gly Pro Arg Glu Pro Trp His Asp Ile His Ser Arg Leu Glu
                405                 410                 415

Gly Pro Ile Ala Trp Asp Val Leu Tyr Asn Phe Glu Gln Arg Trp Arg
            420                 425                 430

Lys Gln Gly Gly Lys Asp Leu Leu Val Gln Leu Arg Asp Leu Ala Asp
        435                 440                 445

Ile Val Ile Pro Pro Ser Pro Val Met Phe Pro Glu Asp Arg Glu Thr
    450                 455                 460

Trp Asn Val Gln Leu Phe Arg Ser Ile Asp Gly Gly Ala Ala Phe Gly
465                 470                 475                 480
```

appl_ST25.txt Phe Pro Glu Thr Pro Glu Asp Ala Ala Arg Ala Gly Leu
Val Ser Gly
485 490 495

Lys Asp Asn Ile Ile Asp Arg Ser Ile Gln Asp Ala Tyr Ile Asn Ala
500 505 510

Ile Arg Arg Ala Lys Asn Phe Ile Tyr Ile Glu Asn Gln Tyr Phe Leu
515 520 525

Gly Ser Ser Phe Gly Trp Arg Ala Asp Asp Ile Lys Pro Glu Glu Val
530 535 540

Gly Ala Leu His Leu Ile Pro Lys Glu Leu Ser Leu Lys Ile Val Ser
545 550 555 560

Lys Ile Glu Ala Gly Glu Arg Phe Thr Val Tyr Val Val Val Pro Met
565 570 575

Trp Pro Glu Gly Val Pro Glu Ser Gly Ser Val Gln Ala Ile Leu Asp
580 585 590

Trp Gln Arg Arg Thr Met Glu Met Met Tyr Thr Asp Ile Ile Leu Ala
595 600 605

Leu Gln Ala Lys Gly Ile Glu Ala Asn Pro Lys Asp Tyr Leu Thr Phe
610 615 620

Phe Cys Leu Gly Asn Arg Glu Val Lys Lys Gly Gly Glu Tyr Glu Pro
625 630 635 640

Glu Glu Gln Pro Glu Ala Asp Thr Asp Tyr Ser Arg Ala Gln Gln Ala
645 650 655

Arg Arg Phe Met Ile Tyr Val His Thr Lys Met Met Ile Val Asp Asp
660 665 670

Glu Tyr Ile Ile Ile Gly Ser Ala Asn Ile Asn Gln Arg Ser Met Asp
675 680 685

Gly Ala Arg Asp Ser Glu Ile Ala Met Gly Ala Tyr Gln Pro Phe Tyr
690 695 700

Leu Ser Thr Arg Gly Leu Ala Arg Gly Arg Ile His Gly Phe Arg Met
705 710 715 720

Ala Leu Trp Tyr Glu His Leu Gly Met Leu Asp Asp Ala Phe Leu His
725 730 735

```
Pro Glu Ser Val Glu Cys Val Gln Lys Val Asn Arg Ile Ala Asp Lys
            740                 745                 750


Tyr Trp Asp Leu Tyr Ser Ser Asp Asn Leu Asp Arg Asp Leu Pro Gly
        755                 760                 765


His Leu Leu Ser Tyr Pro Ile Gly Val Ser Ser Asp Gly Val Ile Thr
    770                 775                 780


Glu Leu Pro Gly Met Glu Phe Phe Pro Asp Thr Arg Ala Arg Val Leu
785                 790                 795                 800


Gly Thr Lys Ala Asp Tyr Leu Pro Pro Ile Leu Thr Thr
                805                 810


<210> 45
<211> 92
<212> PRT
<213> Elaeis guineensis


<220>
<221> NON_TER
<222> (1)..(1)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (18)..(19)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (25)..(26)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (37)..(38)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (58)..(59)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (71)..(72)

<220>
<221> NON_CONS
<222> (83)..(84)

<220>
<221> NON_TER
<222> (92)..(92)

<400> 45

Leu Ser Leu Asp Ala Lys Ser Glu Ile Leu Pro Phe Leu Pro Cys Ile
1               5                   10                  15
```

```
Phe Asn Arg Phe Asp Ser Val Thr Lys Glu Ile Thr Asp Leu Gly Met
            20                  25                  30

Glu Ser Phe Ala Arg Leu Ser Cys Gly Ser Cys Thr Phe Gly Ala Lys
        35                  40                  45

Gly Ile Asn Ala Met Leu Glu His Cys Lys Leu Gln Val Thr Asp Ile
    50                  55                  60

Gly Leu Phe Gly Ile Ser Lys Arg Ile Gly Asp Gln Gly Leu Met Ser
65                  70                  75                  80

Val Ala Lys Asn Leu Val Ala Cys Thr Leu Arg Arg
                85                  90
```

RESUMEN

TÍTULO: MÉTODOS PARA LA OBTENCIÓN DE PLANTAS DE PALMA DE ACEITE DE ALTO RENDIMIENTO

Se proporcionan métodos para obtener plantas de palma de aceite de alto rendimiento, que comprende determinar el nivel de una proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta madre de palma de aceite, determinar si hay una diferencia entre el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de la fruta de la planta madre de la palma de aceite y el nivel de la proteína en el tejido del mesocarpio de una fruta de una planta de referencia de la palma de aceite, y seleccionar la progenie de la planta madre de palma de aceite con base en la diferencia para obtener la planta de palma de aceite de alto rendimiento. También se proporcionan métodos para predecir el rendimiento en aceite de una planta de prueba de palma de aceite y kits para obtener una planta de palma de aceite de alto rendimiento.