

REIVINDICACIONES

1. Un método para predecir el fenotipo de la cáscara de una planta o una semilla de palma, donde el método comprende:

a. Determinar a partir de una muestra de ácido nucleico de la planta o la semilla de palma la presencia, ausencia, o el número de alelos de *pisifera* o *dura* mediante

(i) detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 67 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación A→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 67 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 13 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 69 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación A→T del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 69 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 15 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 70 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación C→G del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 70 del exón 1

del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 19 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 71 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación G→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 71 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 18 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 110 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación T→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 110 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 20 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 122 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 14, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación C→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 122 del exón 1 del gen SHELL indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 34 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar una mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia de un alelo *pisifera*, en donde detectar una mutación G→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 34 del exón 1

del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 16 indica la presencia de un alelo *pisifera*: o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 114 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar una mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación T→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 114 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 21 indica la presencia de un alelo de *pisifera*;

(ii) detectar un genotipo de un marcador polimórfico enlazado dentro de una región del genoma de la palma que corresponde a la SEQ ID N0: 27 para predecir así el genotipo de al menos un marcador polimórfico que corresponde a un nucleótido 67, 69, 70, 71, 110, 122 o 34 del exón 1 del gen SHELL; y

b. predecir el fenotipo de la cáscara de la planta de palma basándose en la presencia, ausencia, o el número de alelos de *pisifera* o *dura*.

2. Un método para segregar una pluralidad de plantas de palma en diferentes categorías basado en un fenotipo de cáscara predicho, el método comprende:

a. Determinar a partir de una muestra de ácido nucleico de la planta o la semilla de palma la presencia, ausencia, o el número de alelos de *pisifera* o *dura* mediante

(iii) detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 67 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre

del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación A→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 67 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 13 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 69 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación A→T del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 69 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 15 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 70 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación C→G del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 70 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 19 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 71 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación G→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 71 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID N0: 18 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 110 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del

marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación T→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 110 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 20 indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 122 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 14, y en donde detectar la mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación C→A del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 122 del exón 1 del gen SHELL indica la presencia de un alelo de *pisifera*; o

detectar el genotipo del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 34 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar una mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia de un alelo *pisifera*, en donde detectar una mutación G→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 34 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 16 indica la presencia de un alelo *pisifera*: o

detectar el genotipo del marcador polimórfico que corresponde al nucleótido 114 del exón 1 del gen SHELL, y en donde detectar una mutación relativa al tipo silvestre del marcador polimórfico indica la presencia del alelo de *pisifera*, en donde detectar una mutación T→C del marcador polimórfico correspondiente al nucleótido 114 del exón 1 del gen SHELL como se muestra en la SEQ ID NO: 21 indica la presencia de un alelo de *pisifera*;

(iv) detectar un genotipo de un marcador polimórfico enlazado dentro de una región del genoma de la palma que corresponde a la SEQ ID NO: 27 para predecir así el

genotipo de al menos un marcador polimórfico que corresponde a un nucleótido 67, 69, 70, 71, 110, 122 o 34 del exón 1 del gen SHELL; y

b. segregar las plantas o las semillas de palma en grupos en base al genotipo del marcador polimórfico, en donde la menos un grupo contiene uno de (i) plantas o semillas de palma de las que se predijo que tenían el fenotipo SHELL de tenera, (ii) plantas o semillas de palma de las que se predijo que tenían el fenotipo SHELL de dura, o (iii) plantas o semillas de palma de las que se predijo que tenían el fenotipo SHELL de pisífera.

3. El método de cualquiera de las reivindicaciones 1 - 2, en caracterizado porque las semillas son generadas de (i) un intento de cruce entre una planta que tiene el fenotipo de cáscara *dura* y una planta que tiene el fenotipo de cáscara *pisífera*, (ii) autofertilización de una palma *tenera*, (iii) un cruce entre dos plantas que tiene el fenotipo de cáscara *tenera*, (iv) un cruce entre palmas *dura* y *tenera*, o (v) un cruce entre palmas *tenera* y *pisífera*.

4. El método de cualquiera de las reivindicaciones 1 - 2, caracterizado porque las plantas de palma tienen menos de 5 años de edad.

5. El método de cualquiera de las reivindicaciones 1 o 2 caracterizado porque la planta o las semillas de palma se descartan si la planta o las semillas de palma no tienen un genotipo que predice el fenotipo de cáscara *tenera*.