



UNIVERSIDADE FEDERAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS
DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA E BIOLOGIA MOLECULAR
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIOQUÍMICA

JOSÉ ROBERTO DA SILVA NASCIMENTO

**ANÁLISE PROTEÔMICA DO HAUSTÓRIO E ENDOSPERMA DURANTE A
MOBILIZAÇÃO DE RESERVAS DAS SEMENTES DE AÇAÍ (*Euterpe oleracea* Mart.)**

FORTALEZA

2021

JOSÉ ROBERTO DA SILVA NASCIMENTO

ANÁLISE PROTEÔMICA DO HAUSTÓRIO E ENDOSPERMA DURANTE A
MOBILIZAÇÃO DE RESERVAS DAS SEMENTES DE AÇAÍ (*Euterpe oleracea* Mart.)

Tese apresentada ao Curso de Doutorado em
Bioquímica do Departamento de Bioquímica e
Biologia Molecular da Universidade Federal
do Ceará, como requisito parcial para obtenção
do título de Doutor em Bioquímica.

Área de concentração: Bioquímica Vegetal

Orientador: Prof. Francisco A. P. Campos.

Co-orientador: Prof. Fábio C. S. Nogueira

FORTALEZA

2021

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação
Universidade Federal do Ceará
Sistema de Bibliotecas
Gerada automaticamente pelo módulo Catalog, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

- N195 Nascimento, Jose Roberto da Silva.
Análise proteômica do haustório e endosperma durante a mobilização de reservas das sementes de açaí (Euterpe oleracea Mart.) / Jose Roberto da Silva Nascimento. – 2021.
265 f. : il. color.
- Tese (doutorado) – Universidade Federal do Ceará, Centro de Ciências, Programa de Pós-Graduação em Bioquímica, Fortaleza, 2021.
Orientação: Prof. Dr. Francisco A. P. Campos.
Coorientação: Prof. Dr. Fábio C. S. Nogueira.
1. Mobilização de Mananos. 2. Haustório. 3. Endosperma. 4. Zona de Digestão. 5. Sítio de Síntese de Hidrolases. I. Título.

CDD 572

JOSÉ ROBERTO DA SILVA NASCIMENTO

ANÁLISE PROTEÔMICA DO HAUSTÓRIO E ENDOSPERMA DURANTE A
MOBILIZAÇÃO DE RESERVAS DAS SEMENTES DE AÇAÍ (*Euterpe oleracea* Mart.)

Tese apresentada ao Curso de Doutorado em
Bioquímica do Departamento de Bioquímica e
Biologia Molecular da Universidade Federal
do Ceará, como requisito parcial para obtenção
do título de Doutor em Bioquímica. Área de
concentração: Bioquímica Vegetal

Aprovada em: 18/11/2021.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Francisco A. P. Campos (Orientador)
Universidade Federal do Ceará - UFC

Prof. Fábio C. S. Nogueira (Co-orientador)
Universidade Federal do Rio de Janeiro – UFRJ

Prof. Gilberto B. Domont
Universidade Federal do Rio de Janeiro – UFRJ

Prof. Ítalo Antônio Cotta Coutinho
Universidade Federal do Ceará – UFC

Prof(a). Rosilene Oliveira Mesquita
Universidade Federal do Ceará - UFC

AGRADECIMENTOS

Ao Prof. Francisco A. P. Campos pela orientação, pelas oportunidades, pela confiança e muita paciência. Muito obrigado por esses 10 anos de aprendizado.

Ao Prof. Fábio C. S. Nogueira pela orientação, disponibilidade de tempo e oportunidades. Minha admiração pelo professor e pessoa que você é.

Ao Prof. Gilberto B. Domont por ter me recebido de braços abertos, pelas conversas e entusiasmo científico.

Ao Prof. Ítalo C. Coutinho pelas orientações e ajuda nas interpretações de imagens histológicas. Obrigado demais.

A Profa. Rosilene O. Mesquita pela disponibilidade de participação da banca examinadora.

Aos meus amigos e ex-colegas de laboratório Manu, Fabiano, Magda, Raquel, Mohib, Evanildo, Thais, Isabelly, Izabela, Pedro e Victor.

Aos amigos da Unidade Proteômica. Jéssica, Patrícia, Mauricio, Natália, Michele, Yara, Luís e Gabriel, que me receberam de braços abertos no Rio.

Ao meu amigo Domingos por todo o apoio fundamental durante essa jornada e amizade que vou levar pelo resto da vida. Minha admiração pelo estudante e pessoa que você é.

Ao meu amigo Sheheryar (Shery). Thank you so much my brother.

Ao meu ex-colega de laboratório, porém não ex-amigo Moab.

Aos meus amigos Victor, Lilian e Heleninha. Por esses 10 anos de amizade sincera.

Aos meus amigos do departamento de bioquímica- UFC. Raissa, Dalton, Felipe, Emanuel.

Aos meus irmãos Pedro e Robertson pelo apoio. Vocês sempre torceram por mim e fizeram o possível para eu estar aqui.

A minha mãe Aldeíde, quem me alfabetizou e está me vendo Doutor. Meu apoio incondicional, minha heroína.

Ao meu pai Pedro, que com muito esforço me ajudou a chegar até aqui. Saudades eternas pai.

Ao meu grande amigo Ricelly Jader. Obrigado por tudo Ricelly. Na próxima, você fica um pouco mais.

Ao meu esposo Joel, pelo carinho e paciência. O meu porto seguro.

RESUMO

O açazeiro (*Euterpe oleracea* Mart., família Arecaceae) tem grande valor econômico devido a sua polpa. Essa produção gera um resíduo de mais de um milhão de toneladas de sementes acumuladas anualmente na região amazônica. Dessa forma, entender como *E. oleracea* mobiliza reservas da semente é um passo fundamental para o estabelecimento de estratégias biotecnológicas para o aproveitamento do resíduo da produção de polpa. O objetivo desse trabalho foi estudar a mobilização de reservas durante a germinação de *E. oleracea* utilizando abordagens morfoanatômicas e proteômicas. As modificações morfoanatômicas no haustório foram avaliadas no curso da digestão do endosperma. Enquanto que para a análise proteômica *untargeted* utilizaram-se amostras dos tecidos do haustório (HA1, HA2, HA3 e HA4), endosperma (EN1, EN2 e EN3) e zona de digestão (DZ2 e DZ3). O extrato proteico foi digerido com tripsina e os peptídeos analisados em sistemas nLC-MS/MS baseados em Orbitrap. Os resultados obtidos foram avaliados com softwares Xcalibur v. 2.2, Proteome Discoverer v. 2.4 e Perseus v. 1.6.14. A Análise anatômica mostrou que o desenvolvimento da zona de digestão no endosperma coincide com a diferenciação do sistema vascular no haustório mostrando que a degradação do endosperma e desenvolvimento do haustório são intimamente regulados. Através da análise proteômica foram identificadas 2447, 1887 e 1540 proteínas para haustório, endosperma e zona de digestão respectivamente. Os resultados mostraram que uma diversidade de hidrolases relacionadas a mobilização de mananos aumentam em abundância para a zona de digestão em relação ao endosperma e com o desenvolvimento do haustório. Esse padrão de abundância permite sugerir que as hidrolases envolvidas na mobilização de reservas são sintetizadas durante a digestão do endosperma pelo próprio endosperma e/ou haustório e transportadas para a zona de digestão e não acumuladas na semente madura e apenas ativadas com a germinação. Este trabalho mostra que o haustório tem um papel ativo na mobilização de reservas do endosperma e não apenas de transporte de reservas para a plântula.

Palavras-chave: Mobilização De Mananos; Haustório; Endosperma; Zona De Digestão; Sítio De Síntese De Hidrolases.

ABSTRACT

The açai tree (*Euterpe oleracea* Mart., Arecaceae family) has great economic value due to its pulp. This production generates a residue of more than one million tons of seeds accumulated annually in the Amazon region. Therefore, understanding how *E. oleracea* mobilizes seed reserves is a fundamental step towards establishing biotechnological strategies for the use of pulp production residue. The objective of this work was to study the mobilization of reserves during germination of *E. oleracea* using morphoanatomical and proteomic approaches. The haustorium was evaluated for anatomical changes that may be related to the mobilization of reserves in the endosperm. Proteomic analysis used samples from haustorium tissues (HA1, HA2, HA3 and HA4), endosperm (EN1, EN2 and EN3) and digestion zone (DZ2 and DZ3). Extracted proteins were hydrolyzed with trypsin and peptides were analyzed in nLC-MS/MS Orbitrap based systems. The obtained results were evaluated with Xcalibur v. 2.2, Proteome Discoverer v. 2.4 and Perseus v. 1.6.14. Anatomical analysis showed that the development of the digestion zone in the endosperm coincides with the differentiation of the vascular system in the haustorium showing that endosperm degradation and haustorium development are closely regulated. Proteomic analysis identified 2447, 1887 and 1540 proteins for haustorium, endosperm and digestion zone, respectively. The results showed that a variety of hydrolases related to mannan mobilization increase in abundance to the digestion zone in relation to the endosperm and with the development of the haustorium. This pattern of abundance suggests that the hydrolases involved in the mobilization of reserves are synthesized during endosperm digestion by the endosperm and/or haustorium and transported to the digestion zone and not only accumulated in the mature seed and activated with germination. This work shows that the haustorium plays an active role in the mobilization of endosperm reserves and its role is not just the transport of reserves to the seedling.

Keywords: Mobilization Of Mannans; Haustorium; Endosperm; Digestion Zone; Hydrolases Synthesis Site.

LISTA DE FIGURAS

Figura 1	Esquema ilustrativo da estrutura geral de mananos e galactomananos.....	19
Figura 2	Diagrama da mobilização de reservas em semente de Arecaceae em corte transversal	23
Figura 3	Diagramas esquemáticos de material coletado e sequência de experimentos para análise proteômica de endosperma total, zona de digestão e haustório no curso da mobilização de reservas de <i>Euterpe oleracea</i>	32
Figura 4	Esquema de organização de amostras para análise quantitativa	35
Figura 5	Diagrama ilustrativo do desenvolvimento do haustório e visão longitudinal de sementes durante a germinação de <i>Euterpe oleracea</i>	38
Figura 6	Anatomia e morfologia do embrião de <i>E. oleracea</i>	39
Figura 7	Secção longitudinal da porção distal da lâmina cotiledonar de embrião de <i>Euterpe oleracea</i>	41
Figura 8	Secções longitudinais do desenvolvimento do haustório em <i>E.oleracea</i>	42
Figura 9	Haustrório com 35 DAG em secção transversal	43
Figura 10	Teste histoquímico com Xilidine Ponceau mostrando a presença de proteínas na protoderme e regiões subprotodérmicas do haustório	44
Figura 11	Diagrama de Venn mostrando a distribuição das proteínas identificadas em endosperma total, zona de digestão e haustório durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	48
Figura 12	Diagramas de Venn comparando o número de identificações entre os estágios analisados de endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	49
Figura 13	Diagrama de Venn comparando o número de identificações entre os dois estágios analisados de zona de digestão e endosperma durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	50
Figura 14	Classificação GO das proteínas exclusivas identificadas para endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de <i>E. oleracea</i> <i>E. oleracea</i>	52

Figura 16	Análise de componente principal (PCA) do proteoma dos estágios de desenvolvimento do haustório durante a germinação de <i>E. oleraceae</i>	57
Figura 17	Representação de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão durante a germinação de <i>E. oleraceae</i>	58
Figura 18	Número de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	60
Figura 19	HeatMap de proteínas diferencialmente abundantes em endosperma e zona de digestão clusterizadas para análise de enriquecimento	66
Figura 20	Representação de proteínas que variam em abundância durante o desenvolvimento do haustório de <i>E. oleraceae</i>	76
Figura 21	Distribuição de carboidrases, peptidases, lipases, proteínas envolvidas no metabolismo redox, proteínas de reserva e proteínas de parede celular diferencialmente abundantes para o desenvolvimento de haustório de <i>E. oleracea</i>	77
Figura 22	Refinamento de método para identificação e quantificação de peptídeos alvos por PRM para o peptídeo GPSIWDVFVK da proteína β -glucosidase.....	88

LISTA DE TABELAS

Tabela 1	– Composição de monossacarídeos da semente de açaí de acordo com os resultados de Rambo <i>et al.</i> , (2015) e Monteiro <i>et al.</i> , (2019)	21
Tabela 2	– Número de proteínas identificadas em endosperma total, zona de digestão e haustório durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	47
Tabela 3	– Termos enriquecidos pela análise de componente principal para amostras de DZ e endosperma durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	55
Tabela 4	– Carboidrases de parede celular que aumentam em abundância para a zona de digestão durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	61
Tabela 5	– Peptidase que aumentam em abundância para a zona de digestão durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	63
Tabela 6	– Termos enriquecidos pelo teste exato de Fisher de proteínas diferencialmente abundantes e clusterizadas de acordo com o comportamento entre amostras de DZ e endosperma total durante a germinação de <i>E. oleracea</i>	68
Tabela 7	– Proteínas envolvidas no metabolismo de carboidratos e glicanos reguladas positivamente durante o desenvolvimento de haustório de <i>E. oleracea</i>	78
Tabela 8	– Peptidases reguladas positivamente durante o desenvolvimento de haustório de <i>E. oleracea</i>	79
Tabela 9	– Lista de proteínas e peptídeos selecionadas para experimentos de validação por PRM	92
Tabela S1	– Proteínas representativas para o haustório, endosperma e zona de digestão nos estágios E1, E2, E3 e E4 do desenvolvendo de <i>E. oleracea</i>	
Tabela S2	– Classificação GO e KEGG pathways para proteínas representativas para o haustório, endosperma e zona de digestão	
Tabela S3	– Proteínas representativas para o haustório, endosperma e zona de digestão classificadas pelas bases de dados CAZy (carboidrases), MEROPS (peptidases), TCDB (transportadores) e WallProtDB (proteínas de parede celular)	

Tabela – Proteínas diferencialmente abundantes para endosperma (E1, E2 e E3) e
S4 zona de digestão (DZ2 e DZ3) pelo teste ANOVA

Tabela – Proteínas diferencialmente abundantes para o desenvolvimento do
S5 haustório pelo teste ANOVA

LISTA DE ABREVIATURAS E SIGLAS

ACN	Acetonitrile
CID	Colision-induced dissociation
DAG	Dias após germinação
DDA	Data Dependent Aquisition
DZ	Zona de digestão
EC	Energia de colisão
EDTA	Ethylenediaminetetraacetic acid
EN	Endosperma
ESA	Extrato de semente de açaí
ESI	Electron Spray Ionization
FDR	False Discovery Rate
FWHM	Full Width at Half-Maximum
GO	Gene Ontology
HA	Huastório
HCD	Higher-energy C-trap dissociation
iTRAQ	Isobaric tag for relative and absolute quantitation
LTQ	Linear Trap Quadropole
MALDI	Matrix-Assisted Laser Desorption/Ionization
MBR	Match Between Runs
nanoLC	Nano flux Liquid Cromatography
PRM	Parallel Reaction Monitoring
PSIM	Peptídeo sintético isotopicamente marcado
PSM	Peptide Spectrum Match
S0	Foldchange mínimo
TOF	Time-of-flight
Tris	Tris (hidroximetil) aminometano

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	13
2	FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA	16
2.1	<i>Euterpe oleracea</i>	16
2.2	Composição de polissacarídeos de parede celular e enzimas envolvidas na sua mobilização	18
2.3	Mobilização de reservas em sementes na família Arecaceae	22
2.4	Possíveis sítios de síntese para hidrolases envolvidas no desmonte da parede celular em Arecaceae	25
2.5	Estudos proteômicos na família Arecaceae	26
3	OBJETIVOS.....	28
3.1	Objetivos gerais	28
3.2	Objetivos específicos.....	28
4	MATERIAL E MÉTODOS.....	29
4.1	Material vegetal	29
4.2	Coleta, fixação e processamento de haustório para análise por microscopia óptica	29
4.3	Coleta de material vegetal para a análise proteômica	30
4.4	Extração de proteínas	30
4.5	Digestão de proteínas e análise nLC-MS/MS	32
4.6	Análise de dados	32
4.7	Análise quantitativa	34
5	RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
5.1	Análise morfológica e anatômica do desenvolvimento do haustório	37
5.2	Análise proteômica por LC-MSMS.....	46
5.2.1	<i>Identificação de proteínas</i>	46
5.2.2	<i>Classificação funcional de proteínas</i>	46
5.2.3	<i>Análise de componente principal com enriquecimento de categorias GO</i>	53
5.3	Análise de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma total e zona de digestão	56
5.3.1	<i>Análise de enriquecimento de para proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma total e zona de digestão</i>	65
5.4	Principais identificações de proteínas relacionadas a mobilização de reservar.....	65
5.4.1	<i>Mobilização de reserva de mananos</i>	67
5.4.2	<i>Hidrolases responsáveis pela mobilização de reserva de parede durante a germinação</i>	69

5.4.3	<i>Composição da reserva de manose na semente</i>	71
5.4.4	<i>Mobilização de reservas diferentes de mananos</i>	72
5.4.5	<i>Mobilização de corpos proteicos e corpos lipídicos</i>	73
5.4.6	<i>Transporte de reservas mobilizadas no endosperma para o haustório</i>	74
5.5	Análise de proteínas que variam em abundância durante o desenvolvimento do haustório	75
5.5.1	<i>Hautório como possível sítio de síntese para hidrolases</i>	80
5.5.2	<i>Metabolismo de reservas no haustório</i>	82
5.5.3	<i>Metabolismo de proteínas de reserva no haustório</i>	82
5.6	O metabolismo redox no haustório e endosperma durante a germinação .	82
6	CONSIDERAÇÕES FINAIS	85
7	PERSPECTIVAS FUTURAS.....	89
	REFERÊNCIAS.....	94

1 INTRODUÇÃO

O açaizeiro, *Euterpe oleracea* Mart., família Arecaceae, vem sendo foco de estudos devido ao seu potencial econômico para a produção de polpa. A polpa de açaí é consumida mundialmente, com um aumento na exportação de 14,3 mil % nos últimos dez anos e uma produção anual de mais de 1,6 milhões de toneladas em 2020 (CONAB, 2020; FIEPA, 2021; IBGE, 2020). No entanto, a polpa de açaí corresponde a apenas 10-15% do peso do fruto, de maneira que o descarte de sementes gera um impacto ambiental para o Brasil (FEHR; BUITENWERF; SVENNING, 2020). Cerca de 1,3 milhões de toneladas de resíduos são produzidos anualmente, sendo descartados ao ar livre contaminando ecossistemas no Norte do país (FREITAS *et al.*, 2021). Dessa forma, é de grande interesse o desenvolvimento de estratégias para o aproveitamento da semente de açaí, tanto para amenizar os impactos ambientais causados pelo acúmulo de resíduos, como encontrar novas aplicações para as sementes e assim potencializar o rendimento da cultura.

O caroço de *E. oleracea*, que corresponde a 85-90% do peso fresco do fruto, é envolvido por um tegumento fino, um endosperma rígido e um embrião pequeno em proporção a semente. O endosperma é o principal tecido de reserva, com mais de 50% do seu peso correspondendo à polissacarídeos de parede celular, os mananos (polímeros de manose) (MONTEIRO *et al.*, 2019). A manose é um monossacarídeo de alto valor, que possibilitaria o aproveitamento dos resíduos para as indústrias de etanol de segunda geração (OLIVEIRA *et al.*, 2015; OLIVEIRA *et al.*, 2014), de alimentos (ARIANDI *et al.*, 2015; GIBSON *et al.*, 2004; OTIENO *et al.*, 2012; RUNGRASSAMEE *et al.*, 2014) farmacêutica e de cosméticos (KUUSISTO *et al.*, 2006; MISHRA *et al.*, 2013; TOUKONIITTY *et al.*, 2005). O tegumento também contribui para o potencial de aproveitamento da semente. Estudos com atividade biológica de extratos de semente mostraram atividades biológicas benéficas a saúde, tais como efeito na diminuição do acúmulo de gorduras, atividade anticancerígena, regulação da resposta inflamatória na proteção renal, entre outros (DA SILVA CRISTINO CORDEIRO *et al.*, 2018; MARTINEZ *et al.*, 2018; SILVA *et al.*, 2014; SUDO *et al.*, 2015; TRINDADE *et al.*, 2019). Tais efeitos biológicos são atribuídos principalmente a diversidade de compostos fenólicos presentes na semente (BARROS *et al.*, 2015; MELO *et al.*, 2016), localizados principalmente no tegumento (MARTINS *et al.*, 2020). Dessa forma, entender como ocorre a mobilização de reservas durante a germinação de *E. oleracea* é um passo

fundamental para o estabelecimento de estratégias biotecnológicas que possibilitem a liberação de manose para o aproveitamento do resíduo da semente do açai.

A mobilização de reservas durante a germinação e desenvolvimento de plântulas na família Arecaceae é um processo pouco estudado (OROZCO-SEGOVIA *et al.*, 2003; VISSCHER *et al.*, 2020). As sementes de plantas dessa família acumulam reservas de proteínas, lipídios e polissacarídeos de parede celular no endosperma as quais são mobilizadas durante a germinação. Este processo ocorre concomitantemente ao desenvolvimento do haustório, uma estrutura cotiledonar altamente especializada para a mobilização de reservas e exclusiva das palmeiras (ALANG *et al.*, 1988; DE MASON *et al.*, 1983; DEMASON *et al.*, 1985; DIAS *et al.*, 2020). A mobilização de reservas ocorre em uma porção do endosperma adjacente ao haustório, chamada zona de digestão, onde a ação de hidrolases promove a quebra dessas reservas, e essas são absorvidas pelo haustório (DEMASON *et al.*, 1985; MAZZOTTINI *et al.*, 2017a). No entanto, existem vários aspectos da interação haustório-endosperma que ainda não foram elucidados, principalmente no que diz respeito ao sítio de síntese das hidrolases envolvidas na mobilização de mananos do endosperma, assim como o papel do haustório e endosperma nesse processo.

Análises anatômicas e histoquímicas em plantas da família Arecaceae como *Phoenix dactylifera* L. (DEMASON. *et al.*, 1985), *Butia capitata* Mart. (OLIVEIRA *et al.*, 2013; DIAS *et al.*, 2018), *Acrocomia aculeata* Lodd. ex Mart. (MAZZOTTINI *et al.*, 2020; MAZZOTTINI *et al.*, 2017), *Mauritia flexuosa* (DIAS *et al.*, 2020a), *Euterpe precatória* Mart. (FERREIRA *et al.*, 2020) e *Euterpe Edulis* Mart. (PANZA *et al.*, 2009) identificaram que a mobilização da reserva proteica e de parede celular segue uma sequência de eventos em comum. Primeiramente, corpos proteicos armazenados no endosperma e embrião são mobilizados, seguidos pelos carboidratos de parede celular e reserva lipídica nessa ordem (MAZZOTTINI *et al.*, 2020; MAZZOTTINI *et al.*, 2017). Baseado nessas observações, foi proposta a hipótese de que as hidrolases responsáveis pela mobilização de reservas no endosperma são acumuladas nas sementes em forma inativa em corpos proteicos e ativadas com a germinação, sendo o endosperma apenas um tecido de reserva e o haustório uma estrutura de transporte e/ou sinalização para a ativação de hidrolases (DEMASON. *et al.*, 1985; MAZZOTTINI *et al.*, 2017). Outros autores, no entanto, não descartam o papel do haustório, como um sítio de origem para as hidrolases que agem no endosperma, ou mesmo do próprio endosperma ter um papel ativo

na síntese de hidrolases durante a sua digestão (NASCIMENTO *et al.*, 2020; OO;STUMPF *et al.*, 1983; SUGIMUMA; MURAKAMI, 1990; VERDEIL; HOCHER, 2002). Dessa forma, não existe uma explicação clara quanto ao sítio de síntese de hidrolases responsáveis pela mobilização da reserva de mananos no endosperma.

O presente trabalho é um estudo proteômico que investiga a mobilização de reservas em Arecaceae, sendo uma continuação dos resultados publicados por Nascimento *et al.*, (2020). Este teve o intuito de estudar a mobilização de reservas na semente e identificar o sítio de síntese de hidrolases relacionadas a mobilização de mananos no endosperma, através da identificação e quantificação de proteínas presentes no endosperma e haustório durante a germinação. Para tanto, foi realizada uma análise morfoanatômica do desenvolvimento do haustório juntamente com uma análise proteômica quantitativa do haustório, endosperma e zona de digestão durante a germinação de *E. oleracea*. A análise morfoanatômica objetivou delimitar qual região do embrião origina o haustório e descrever quais mudanças ocorrem na anatomia do haustório que podem ser relacionadas a mobilização de reservas no endosperma. Quanto a análise proteômica quantitativa, foi empregado técnicas de nLC-MS/MS para a identificação e quantificação de proteínas presentes no haustório e endosperma durante a germinação, para assim descrever quais processos biológicos são comuns, exclusivos e antagônicos entre os dois tecidos.

2 FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 *Euterpe oleracea*

O açaizeiro é uma Arecaceae do gênero *Euterpe*, nativa da Amazônia, cujo fruto é consumido na forma de polpa adicionada a bebidas energéticas ou sorvetes. A produção do açaí emprega frutos de três espécies *E. edulis*, *E. precatoria* Mart. e *E. oleracea* Mart., sendo a última a principal fornecedora para a produção de polpa. A atratividade desse fruto é resultado do seu elevado valor energético e vastos benefícios à saúde como atividade antioxidante, anti-inflamatório e anticâncer (CAREY *et al.*, 2017; KANG *et al.*, 2010; SCHAUSS *et al.*, 2006; SILVA *et al.*, 2014; WYCOFF *et al.*, 2015). Por conta disso, o açaizeiro é uma das palmeiras mais economicamente importantes para o Brasil, com uma exportação que aumentou em quase 15 mil % nos últimos dez anos, tornando o Brasil o maior fornecedor de açaí para a demanda mundial (FIEPA, 2021).

A produção de açaí abasteceu uma demanda nacional de 1,2 milhões de toneladas e uma exportação de polpa que chegou a 5.937 toneladas em 2020 (CONAB, 2020; FIEPA, 2021; IBGE, 2020). O fruto de *E. oleracea* é uma drupa com pericarpo fino correspondendo a aproximadamente 10-15% do peso total do fruto que tem em média 1,2 cm e 1,1 g. Considerando a baixa proporção de polpa em relação à semente e os valores de produção nacional, é possível estimar a quantidade de resíduo descartada na ordem de mais de 1 milhão de toneladas anualmente (MONTEIRO *et al.*, 2019). Visando minimizar tamanho desperdício, nos últimos anos vem sendo realizados diversos estudos relacionados a potenciais aplicabilidades do resíduo de semente de açaí. A semente de *E. oleracea* é constituída por um tegumento fino, o endosperma que ocupa a maior parte da semente e um embrião pequeno em proporção ao endosperma. Adicionalmente a esses tecidos, o resíduo da produção de polpa tem uma camada fibrosa que corresponde a 5-6% do peso da semente. Esta camada fibrosa botanicamente é definida como parte do pericarpo, mas no contexto do resíduo, está não é separada do caroço. Dessa forma o caroço de açaí descartado na produção de polpa é composto por esses 4 tecidos.

O potencial para aplicabilidade medicinal de extratos de semente de açaí é provavelmente relacionado ao seu alto teor de compostos fenólicos como proantocianidinas poliméricas (DE MOURA, ROBERTO SOARES *et al.*, 2012; SOARES *et al.*, 2017; WYCOFF *et al.*, 2015). Até o momento, diversos estudos tem mostrado resultados promissores com modelos *in vivo* e *in vitro*, como atividades de

proteção renal em diabetes através da regulação da inflamação e estresse oxidativo (CORDEIRO *et al.*, 2018); efeito anti-adipogênico (TRINDADE *et al.*, 2019) e contra dor neuropática (SUDO *et al.*, 2015) todos em modelos animais. Assim como, atividades promotora de apoptose em células de carcinoma pulmonar (MARTINEZ *et al.*, 2018) e citotóxica em células de câncer de mama (SILVA *et al.*, 2014).

Considerando o aproveitamento da semente de açaí, é chamado a atenção para o seu potencial para a produção de manose, uma vez que este monossacarídeo corresponde a 53,8% do peso da semente. (MONTEIRO *et al.*, 2019; RAMBO *et al.*, 2015). A manose, também chamada de D-manose, D-manopirranose, semiose ou carubiose, é um epímero C-2 da glicose que é principalmente encontrado na parede celular vegetal na forma de hemiceluloses (HU *et al.*, 2016). Atualmente a produção de manose se dá através de extração por métodos de hidrólise ácida, hidrólise por aquecimento, hidrólise enzimática e fermentação por microrganismos ou uma combinação dessas técnicas, seguidas por precipitação com etanol (HU *et al.*, 2016; REYES *et al.*, 2013). No caso de reservas de mananos, foi mostrado que a hidrólise ácida não gera um bom rendimento (LIM *et al.*, 2013), mas uma combinação de hidrólise ácida e enzimática com sementes de dendê (*Elaeis guineensis*), atingiu um rendimento de até 92,1 % de recuperação do conteúdo de manose da semente (FAN *et al.*, 2014; ZHANG *et al.*, 2009), e mais recentemente para o açaí (*E. oleracea*), com um rendimento de 96.8%, o maior já registrado (MONTEIRO *et al.*, 2019). Estes valores de rendimento combinados ao elevado teor de manose da semente de açaí e a disponibilidade de mais de um milhão de toneladas de sementes descartadas anualmente, tornam o açaí uma excelente alternativa como matéria prima para a produção de manose. Especialmente quando comparado ao teor de manose das sementes de dendê (30–35%) (FAN *et al.*, 2014), farelo de coco (28–32%) (KHUWIJITJARU *et al.*, 2012) e borra de café moído (14–19%) (MUSSATTO *et al.*, 2011) que são tradicionalmente usados para extração de manose.

A manose produzida do resíduo de semente do açaí pode ser empregado na indústria alimentícia, farmacêutica e cosméticos e biocombustíveis (MONTEIRO *et al.*, 2019). No entanto o maior potencial está na indústria farmacêutica, especialmente na conversão de manose em manitol (MISHRA; HWANG, 2013). O mercado de manitol é estimado em um rendimento anual de mais de 100 milhões de dólares (HU *et al.*, 2016). Este composto tem efeito diurético osmótico e é metabolicamente inerte em humanos, o que resulta no aumento do fluxo de água dos tecidos para ao sangue e fluido intersticiais,

resultando na diminuição de pressão no cérebro durante edema cerebral (CRUZ *et al.*, 2002; CRUZ *et al.*, 2001; WAKAI *et al.*, 2013). Este açúcar álcool também promove diurese prevenindo insuficiência renal, excreção urinária de substâncias tóxicas, e auxilia no diagnóstico da função renal (WANG; VAN EYS, 1981). Visando a importância do aproveitamento das reservas de manose contidas em polissacarídeos de parede celular da semente de açaí, entender os processos fisiológicos envolvidos na mobilização de reservas da semente é de fundamental relevância para alicerçar estratégias biotecnológicas que possibilitem seu aproveitamento.

2.2 Composição de polissacarídeos de parede celular e enzimas envolvidas na sua mobilização

A reserva de parede celular em plantas é constituída por hemiceluloses, que são polissacarídeos intimamente associados a celulose e lignina formando lignocelulose, sendo assim uma fonte de biomassa com diversas aplicações (ISHII *et al.*, 2016). As hemiceluloses são um grupo de polissacarídeos heterogêneos lineares ou ramificados constituídos principalmente por ligações glicosídicas β -(1 $\rightarrow$ 4) entre resíduos de pentoses (xilose, arabinose), hexoses (manose, glicose e galactose) e açúcares ácidos (ácido galacturônico e ácido glucurônico) (SCHELLER; ULVSKOV, 2010). Esses polissacarídeos são classificados de acordo com o carboidrato mais abundante no seu esqueleto. Podendo ser xilanos, mananos, glucomananos e glucanos β -(1 $\rightarrow$ 3 e 1 $\rightarrow$ 4). Dentre esses, os mananos são um dos maiores grupos constituintes de hemiceluloses em angiospermas, que é o caso dos polissacarídeos de reserva da parede celular na família Arecaceae (PANZA *et al.*, 2004).

Mananos podem ser classificados em quatro grupos: mananos puros, galactomananos, glucomananos e galactoglucomananos (DE *et al.*, 2001). Em *E. oleracea* os principais mananos são provavelmente os mananos puros e galactomananos e apenas estes serão discutidos aqui (DEMASON. *et al.*, 1985; MONTEIRO *et al.*, 2019). Mananos puros são homopolissacarídeos lineares de manose unidos por ligações β -(1 $\rightarrow$ 4) que apresentam não mais que 5% de galactose (VAN ZYL *et al.*, 2010) (Fig. 1A). Estes são tipicamente presentes no endosperma de plantas da família Arecaceae e podem ser divididos em dois subgrupos, Mananos A e B ou I e II.

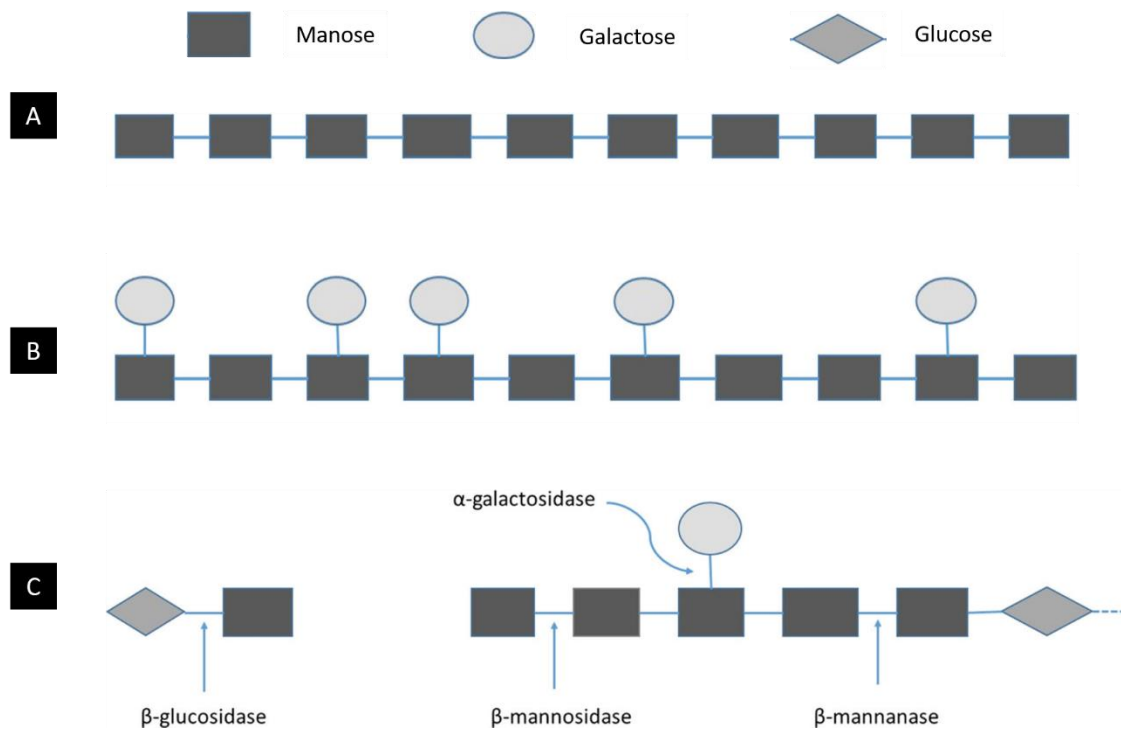


Figura 1 Esquema ilustrativo da estrutura geral de mananos e galactomananos. (A) Estrutura de mananos lineares; (B) Estrutura de galactomananos; (C) Ilustração da especificidade de carboidrases envolvidas na degradação de mananos. Adaptado de MALGAS *et al.*, (2015)

Mananos A são polissacarídeos de formato granular e estrutura cristalina, enquanto que mananos B são organizados como microfibras (MOREIRA *et al.*, 2008). Galactomananos são muito semelhantes a mananos puros, com um esqueleto central de resíduos de manose unidos por ligação β -(1 $\rightarrow$ 4), porém com ramificações de um único resíduo laterais de galactose unido por ligação α -(1 $\rightarrow$ 6) distribuídos de forma ordenada ou não na cadeia de manose (Fig. 1B), com uma razão entre resíduos de manose:galactose de 4:1, 3:1, 2:1 e 1:1, de maneira que a proporção entre manose e galactose, assim como a organização das ramificações é compartilhada entre plantas filogeneticamente próximas (JIAN *et al.*, 2013). Os galactomananos nas sementes podem ter funções fisiológicas relacionadas ao acúmulo de água, sendo importante em sementes de climas quentes para evitar a total desidratação da semente (DEA; MORRISON, 1975). No açaí, a composição de carboidratos da semente foi estudada por Rambo *et al.*, (2015) e Monteiro *et al.*, (2019), ambos obtiveram resultados semelhantes, com a manose sendo o carboidrato mais abundante (Tabela 1). Considerando a proporção de monossacarídeos, foi hipotetizado que os principais polissacarídeos de reserva no açaí são os mananos puros, sendo a presença de galactomananos improvável pela baixa proporção de galactose para manose.

A hidrólise de mananos e galactomananos requer a ação sinérgica de quatro enzimas, β -mananase, β -manosidase, α -galactosidase e β -glucosidases (Fig. 1C). As β -mananases (EC 3.2.1.78) são carboidrases de tipo-endo e as principais enzimas para a hidrólise de mananos. Essas carboidrases realizam a quebra aleatória do esqueleto de manose, clivando ligações β -(1 $\rightarrow$ 4) e liberando oligossacarídeos de 2-10 resíduos, principalmente manobiose e manotriose (DHAWAN; KAUR, 2007). Essas carboidrases estão agrupadas nas famílias GH 5, GH 26 e GH 113 (GHOSH *et al.*, 2013). As β -manosidases (EC 3.2.1.25) são carboidrases tipo-exo que agem nas extremidades dos mananos quebrando as ligações β -(1 $\rightarrow$ 4) e liberando os resíduos de manose de oligossacarídeos criados pela ação da β -mananases, ou agindo nas extremidades não redutoras de mananos (MOREIRA; FILHO, 2008). Estas hidrolases estão presentes nas famílias GH1, GH2 e GH5 (SHALLOM; SHOHAM, 2003). As α -galactosidase (EC 3.2.1.22) hidrolisam as ligações α -(1 $\rightarrow$ 6) que conectam resíduos laterais de galactose em mananos puros ou galactomananos (JINDOU *et al.*, 2002). Estas estão presentes nas famílias GH 4, GH 27 e GH 36 (VAN ZYL *et al.*, 2010). As β -glucosidases (EC 3.2.1.21), carboidrases tipo-exo responsável por clivar a ligação glicosídica β (1 $\rightarrow$ 4) entre resíduos de glicose e manose em oligossacarídeos (CHAUVE *et al.*, 2010).

Tabela 1. Composição de monossacarídeos da semente de açaí de acordo com os resultados de Rambo *et al.*, (2015) e Monteiro *et al.*, (2019).

	Rambo <i>et al.</i> , (2015)	Monteiro <i>et al.</i> , (2019)
Manose	53,6%	52.46%
Glicose	8,66%	8.40%
Xilose	3,18%	2.05%
Galactose	1,47%	1.51%
Arabinose	0,69%	0.63%

2.3 Mobilização de reservas nas sementes na família Arecaceae

Na família Arecaceae as reservas nas sementes estão contidas no endosperma e cotilédone do embrião. No endosperma são acumulados polissacarídeos de parede celular, enquanto que lipídios e proteínas estão no citoplasma na forma de corpos lipídicos e corpos proteicos distribuídos de forma homogênea no endosperma da semente madura (BICALHO *et al.*, 2016; DEMASON, 1986; SEKHAR; DEMASON, 1988). No embrião por outro lado, a reserva é restrita ao cotilédone com o acúmulo de corpos proteicos e corpos lipídicos (CORRÊA; ARAÚJO; MENDONÇA, 2019; DEMASON, 1985).

A mobilização de reservas envolve o desenvolvimento do haustório, uma estrutura altamente especializada, que cresce a partir da porção distal da lâmina cotiledonar até que este toma todo o interior da semente previamente ocupado pelo endosperma (DEMASON, 1986; DEMASON, DARLEEN A, 1985). O endosperma em Arecaceae é um tecido vivo, composto por células de paredes espessadas tendo como principal reserva os mananos (BICALHO *et al.*, 2016; DEMASON, DARLEEN A. *et al.*, 1985). Durante a germinação, o endosperma adjacente ao haustório é digerido, formando uma camada chamada zona de digestão.

A sequência de eventos para a formação da zona de digestão é bem conhecida no que diz respeito a mobilização de corpos proteicos e reserva de parede celular (Fig. 2) (BICALHO *et al.*, 2016; MAZZOTTINI *et al.*, 2020). Primeiramente, ocorre o desaparecimento de corpos proteicos. De maneira que na região do endosperma distal ao haustório, os corpos proteicos têm aspecto uniforme e ocupam uma grande porção do citoplasma, enquanto que no endosperma proximal ao haustório esses adquirem aspecto granular e pequenos até que a maioria dos corpos proteicos se fundem em um vacúolo que toma todo o interior da célula (DE MASON; SEXTON; REID, 1983; MAGALHÃES *et al.*, 2013). Em seguida ocorre a degradação do citoplasma, formando uma região de células vazias com paredes espessas, e por fim ocorre a degradação da parede, que se inicia na região próxima aos campos de pontuação. A degradação da parede é iniciada após o desaparecimento dos corpos proteicos, mas antes do desaparecimento do citoplasma. Por fim a parede celular é digerida até restar apenas a lamela média. Finalmente, é formada uma camada estreita de células colapsadas imediatamente adjacente ao haustório, que por sua vez continua crescendo e tomando o espaço previamente ocupado pelo endosperma (DIAS *et al.*, 2020)

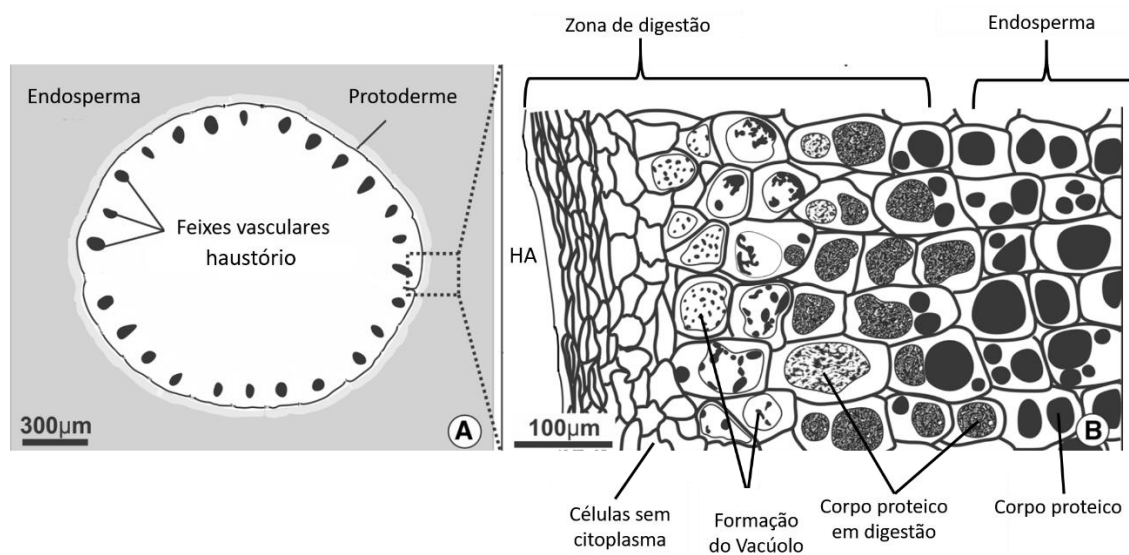


Figura 2 Diagrama da mobilização de reservas em semente de Arecaceae em corte transversal. (a) Haustório circundado pela zona de digestão adjacente (área cinza claro) e endosperma (área cinza). (b) Zona de digestão do endosperma mostrando a mobilização gradativa de corpos proteicos e colapso da parede celular. Adaptado de MAZZOTTINI *et al.*, (2020).

A mobilização da reserva lipídica é mais lenta provavelmente pela necessidade da ação conjunta de vacúolos, glioxissomos e mitocôndrias (BEWLEY, J. DEREK; *et al.*, 2013) Os corpos lipídicos interagem com vacúolos pela ação de proteínas conhecidas como caleosinas, ou lipoxigenases, proteínas de superfícies de corpos lipídicos que possibilitam a interação desses com os vacúolos formados pela mobilização dos corpos proteicos (POXLEITNER *et al.*, 2006; ZIENKIEWICZ *et al.*, 2014). A proximidade dos corpos lipídicos com vacúolos permite a ação de lipases, resultado na liberação de ácidos graxos que são metabolizados no próprio endosperma ou transportados para haustório. O transporte de ácidos graxos para o haustório ainda não é esclarecido mas é hipotetizado que a pressão que o haustório exerce sobre o endosperma em digestão possibilita a entrada de ácidos graxos para o haustório (ZIENKIEWICZ *et al.*, 2014).

O influxo de reservas mobilizadas para o interior do haustório resulta no acúmulo de amido de existência transitória. Análises histoquímica do haustório em Arecaceae mostra que com o progresso da mobilização de reservas, a protoderme dessa estrutura é intensamente corada para proteínas, e lipídios mas não são observados acúmulos de corpos proteicos ou corpos lipídicos no interior do haustório (DIAS *et al.*, 2020; MAZZOTTINI *et al.*, 2017) No entanto, é registrado o acúmulo de amido no haustório próximo aos feixes vasculares. Esse acúmulo de amido se deve a conversão de reservas lipídicas em carboidratos pelo ciclo do glioxilato no haustório, onde a atividade de enzimas exclusivas de ciclo (malato sintase e isocitrato liase) já foi documentada (BALACHANDRAN; ARUMUGHAN, 1995; OO; STUMPF, 1983). A reserva proteica absorvida pelo haustório é transportada para a plântula em desenvolvimento ou utilizada para a síntese de enzimas no próprio haustório. Quanto aos carboidratos de parede celular presentes no haustório, estes não têm papel de reserva, mas sofrem a ação de enzimas envolvidas no remodelamento de parede celular possibilitando a expansão celular e consequente crescimento dessa estrutura (BARROS *et al.*, 2017; FERREIRA *et al.*, 2020).

2.4 Possíveis sítios de síntese para hidrolases envolvidas no desmonte da parede celular em Arecaceae.

A mobilização de reservas durante a germinação e desenvolvimento de plântulas já foi estudada em algumas espécies da família Arecaceae: *Elaeis guineensis* Jacq.

(ALANG; MOIR; JONES, 1988); *Phoenix dactylifera* L.; (DEMASON, 1985); *Mauritia flexuosa* L. (FERREIRA MOURA *et al.*, 2019) e *Cocos nucifera* L. (SUGIMUMA; MURAKAMI, 1990), *E. oleracea* Mart. (NETO *et al.*, 2010), *E. edulis* Mart. (PANZA; LÁINEZ; MALDONADO, 2004b) e *E. precatoria* Mart. (FERREIRA *et al.*, 2020). No entanto, diversos aspectos da interação entre o haustório e endosperma não são conhecidos, no especial, o que diz respeito a formação da zona de digestão e o sítio de síntese das hidrolases envolvidas na mobilização de polissacarídeos de reserva de parede celular.

O sítio de síntese das hidrolases que realizam o desmonte da parede celular no endosperma ainda não foi identificado. Porém, a mobilização de reservas no endosperma restrita a região adjacente ao haustório demonstra que esta estrutura exerce alguma função sobre a regulação da digestão do endosperma (DE MASON *et al.*, 1983). Sendo assim, é possível elaborar algumas hipóteses sobre a origem das hidrolases que quebram as reservas do endosperma: (i) As hidrolases são armazenadas no endosperma e ativadas pela ação de um sinal liberado do haustório; (ii) as hidrolases podem ser secretadas pelo haustório para o endosperma; (iii) ou essas são sintetizadas “de novo” no endosperma (DE MASON *et al.*, 1983; DEMASON, 1986; MAZZOTTINI *et al.*, 2017; SOUZA DIAS *et al.*, 2018). A hipótese de hidrolases armazenadas e ativadas durante a germinação é principalmente baseada em observações anatômicas, histoquímicas, ultraestruturais e ensaios de atividade enzimática que mostram o estabelecimento da zona de digestão, com os corpos proteicos sendo os primeiros mobilizados, de maneira que enzimas armazenadas em forma inativa ficam livres e iniciam a hidrólise dos polissacarídeos de parede celular. Souza Dias *et al.*, 2018 avaliou mudanças nas relações entre fito-hormônios em cotilédone e endosperma e sugeriu o bloqueio da atividade de hidrolases por ABA, um fito-hormônio conhecidamente envolvido no controle da mobilização de reservas (BEWLEY, J. DEREK, 1997). Com base nessas observações foi reforçada a hipótese de que o endosperma é apenas um tecido de armazenamento, onde as proteínas relacionadas a mobilização de reservas já estão presentes na zona de digestão e são apenas ativadas com a germinação (MAZZOTTINI *et al.*, 2020; DIAS *et al.*, 2020). A hipótese do haustório como sítio de síntese é embasada em observações de atividade de β -mananase detectada para o haustório durante o seu crescimento concomitante com o desenvolvimento da zona de digestão no endosperma (NASCIMENTO *et al.*, 2020; OO; STUMPF, 1983; SUGIMUMA; MURAKAMI, 1990; VERDEIL; HOCHER, 2002).

2.5 Estudos proteômicos na família Arecaceae

A literatura é escassa em trabalhos proteômicos com Arecaceae. Para *Coco nucifera* existem alguns estudos com o proteoma do leite de coco. Um trabalho que utilizou um sistema nLC acoplado a um espectrômetro de massas LTQ-XL e uma busca com um banco de dados de Viridiplantae-UniProt e identificaram 307 (D'AMATO *et al.*, 2012). Dois outros trabalhos usaram eletroforese bidimensional (2DE) (HUANG *et al.*, 2016) ou SDS-PAGE (LIN *et al.*, 2020) combinado ao uso de um espectrômetro de massas MALDI-TOF/TOF-MS e uma busca com o banco de dados Viridiplantae-NCBI. Huang *et al.*, (2016) detectaram aproximadamente 200 spots nos mapas 2DE e esses resultaram na identificação de proteínas homologas a *7S globulin*, *glutelin* e *receptor-like protein kinase*. Lin *et al.*, (2020) identificaram apenas duas proteínas 63 kDa *globulin-like* para o genoma de *Elaeis guineensis* e *Phoenix dactylifera* e *glutelin type-A 3-like* para *Elaeis guineensis*. O estudo mais recente em coco utilizou a marcação iTRAQ para avaliar a reposta ao frio em plântulas e identificou 2975 proteínas com um banco de dados de coco nucifera combinado ao banco de dados com sequencias de *Elaeis guineensis* (YANG *et al.*, 2020). A classificação funcional das proteínas identificadas usou o software Blast2GO com um blastp contra as um banco de dados de proteínas não redundantes (*NR database*) do NCBI e o mapeamento em rotas metabólicas usou o KEGG Pathway.

Com *Phoenix dactylifera* existe um estudo de tolerância a seca (GHIRARDO *et al.*, 2021), onde os autores usaram um banco de dados do genoma dessa espécie combinado a um banco de dados SwissProt com sequências do clado *Green plants*. Para a anotação funcional das identificações foi utilizada uma abordagem de blast contra uma base de dados de Arabidopsis e os acessos dos ortólogos em Arabidopsis com maior semelhança usados para o mapeamento funcional com Mapman.

Para *E. oleracea* existem duas publicações apenas, um estudo do proteoma do pericarpo do fruto em desenvolvimento que identificou 4286 proteínas utilizando a marcação isobárica de peptídeos iTRAQ (ANDRADE *et al.*, 2020) e um estudo do proteoma do haustório e endosperma durante a germinação que identificou 1965 proteínas (NASCIMENTO *et al.*, 2020), sendo esse uma publicação de resultados parciais dos dados contemplados nessa tese. Ambos os trabalhos empregaram uma abordagem proteômica *untargeted* usando um banco de dados constituído por sequências da família Arecaceae e sequências de *Arabidopsis thaliana*. O presente trabalho complementa os achados publicados em 2020.

3 OBJETIVOS

3.1 Objetivos gerais

O objetivo geral desse trabalho foi estudar a mobilização de reservas durante a germinação de sementes de *E. oleracea* Mart. Utilizando as abordagens histológicas e proteômica.

3.2 Objetivos específicos

- Realizar a análise morfoanatômica do desenvolvimento do haustório durante a germinação de *E. oleraceae*;

- Realizar a análise morfológica da digestão do endosperma durante a germinação de *E. oleraceae*;

- Estudar a dinâmica nos proteomas do haustório e do endosperma durante a germinação de sementes de *E. oleracea*;

4 MATERIAL E MÉTODO

4.1 Material vegetal

Frutos de *Euterpe oleracea* foram coletados de plantio particular no distrito Taíba, município de São Gonçalo do Amarante-CE. O pericarpo foi removido em água e as sementes desinfestadas em solução de hipoclorito de sódio 1% por 5 min, seguido de lavagens em água destilada, semeadas em bandejas contendo areia autoclavada e cultivadas em casa de vegetação. As plântulas foram cultivadas por até 100 dias, sendo regadas diariamente com água destilada sem exceder a capacidade de campo. Todo o cultivo se deu em areia autoclavada sem o uso de adubos ou solução nutritiva. A germinação foi avaliada pela observação da abertura do opérculo e emissão do pecíolo cotiledonar. Dessa forma, a germinação foi monitorada diariamente, e à medida em que as sementes atingiam os critérios citados acima, eram transferidas para outras bandejas e então iniciava-se a contagem dos dias após germinação (DAG). As coletas procederam em diferentes estágios de desenvolvimento: sementes maduras (E1), 15 DAG (E2), 35 DAG (E3), e 55 DAG (E4).

4.2 Coleta, fixação e processamento de haustório para análise por microscopia óptica

As sementes e plântulas foram lavadas, seccionadas com bisturi, fotografadas e a lâmina cotiledonar dos quatro estágios de desenvolvimento selecionados foi separada do restante do embrião e fixada em solução Karnovsky (glutaraldeído 1%; formaldeído 4% em tampão fosfato) (KARNOVSKY, 1965, modificado) a vácuo por no mínimo 24 horas, seguido de desidratação em série alcóolica 10-100% (uma hora em cada % de álcool). O material desidratado foi infiltrado em resina plástica do tipo glicol-metacrilato (Historesin, Leica) por não menos que 30 dias em geladeira e incluso na mesma resina preparada de acordo com orientações do fabricante. Foram obtidas secções longitudinais e transversais de tecido com 5 µm de espessura em micrótomo rotatório LEICA 2065, coradas com azul de toluidina 0,5% combinada com fucsina básica 0.5%. As lâminas foram montadas em Tissue Mount (Tissue TEK) e as imagens registradas com uma câmera fotográfica (HP Photosmart R967) acoplada com a um microscópio óptico (Leica ® DM4000)

Para a detecção de proteínas foi utilizado o teste histoquímico com Xylidine Ponceau com secções de haustório obtidas com corte a mão livre para amostras de semente madura (E1) e 15 DAG (E2).

4.3 Coleta de material vegetal para a análise proteômica

Para a coleta de haustório no estágio semente madura, apenas a porção distal da lâmina cotiledonar foi coletado (Fig. 3A). Quanto aos demais estágios, o haustório foi separado do endosperma e inspecionado em lupa (LEICA DFC295), eventuais fragmentos de endosperma foram removidos e o tecido isolado foi lavado em água ultrapura (milliQ) gelada, resfriado em nitrogênio líquido. Para a coleta de endosperma, uma vez que o endosperma é ruminado pelo tegumento, as sementes foram cortadas e dissecadas com o auxílio de uma lupa (LEICA DFC295) para remover a porção do endosperma conectada ao tegumento. Não foi coletado endosperma para E4, pois o tecido já tinha sido quase que completamente consumido. O endosperma isolado foi lavado em água milliQ gelada e resfriado em nitrogênio líquido. A zona de digestão foi coletada apenas nos estágios E2 e E3 (DZ2 e DZ3), pois nos estágios E1 e E4, a zona de digestão não existe. Todas as amostras congeladas foram liofilizadas e maceradas até a obtenção de um pó fino que foi utilizado para a extração de proteínas. Dessa forma, foi feita a coleta de três tecidos, haustório (HA1, HA2, HA3 e HA4), endosperma (EN1, EN2 e EN3) e zona de digestão (DZ2 e DZ3) (Fig. 3B), o material coletado foi agrupado em 3 replicatas biológicas, cada uma constituía de um mínimo de 25 sementes e processado de acordo com o diagrama na Figura 3C.

4.4 Extração de proteínas

A extração de proteínas procedeu de acordo com (FAUROBERT; PELPOIR; CHAÏB, 2007). Para tanto, 40 mg de amostra era adicionada de 800 µl de tampão de extração (500 mM Tris-HCl, 50 mM EDTA, 700 mM sacarose, 100 mM KCl, pH 8.0), agitada em gelo por 10 minutos, adicionada de 800 µL de fenol saturado com solução tris (10 mM Tris-HCl, pH 8.0), agitado por 10 minutos em temperatura ambiente e centrifugado a 5500 *g* a 4 °C por 15 minutos. A fase orgânica era coletada, adicionada de

800 µl de tampão de extração, agitada por 3 minutos e centrifugada novamente. A fase orgânica era coletada

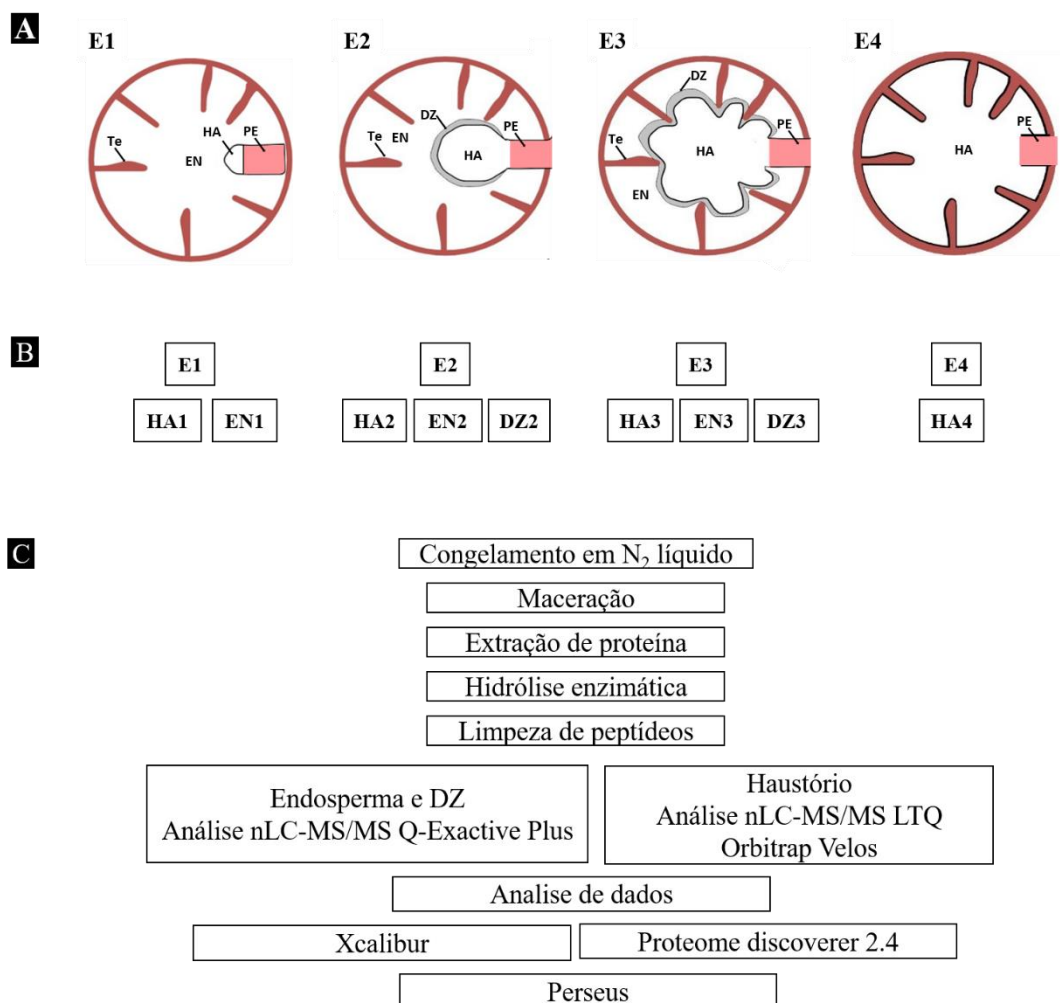


Figura 3. Esquema de tecidos da semente de açaí, organização de material coletado e processamento de amostras. (A) Diagramas esquemáticos de material coletado. (B) Organização de amostras coletadas. (C) Sequência de experimentos para análise proteômica de endosperma, zona de digestão e haustório no curso da mobilização de reservas de *E. oleracea*. HA, haustório; EN, endosperma; DZ, zona de digestão; Te, tegumento; PC, pecíolo cotiledonar.

e adicionada de 4 volumes de solução de precipitação gelada (100mM acetato de amônio em metanol) e armazenada a -20 °C *overnight*. Passado o tempo para a precipitação, as proteínas foram centrifugadas a 5500 g a 4 °C por 15 minutos e o pellet formado foi lavado em solução de precipitação três vezes seguida de uma lavagem final em acetona gelada e o pellet seco em temperatura ambiente. A solubilização de proteínas foi feita em ureia 7M/ tiureia 2M e a quantificação através do método de Bradford (BRADFORD, 1976) e o kit QuibtTM (Invitrogen) de acordo com as orientações do fabricante.

4.5 Digestão de proteínas e LC-MS/MS

Para a hidrólise enzimática foram utilizados 100 µg de proteína de cada amostra foram utilizadas para hidrólise enzimática em solução como descrito por Nascimento *et al.*, (2020). Para tanto, todas as amostras tiveram seu volume ajustado para 40 µl [2,5 µg.µL⁻¹], de maneira a possibilitar a máxima reprodutibilidade para a hidrólise enzimática entre as amostras. As proteínas foram reduzidas com 10 mM de tris (2-carboxietil) fosfina (TCEP) durante 1h a 30 °C, seguida de alquilação com 50 mM de iodoacetamida, por 30 min à temperatura ambiente, protegido de luz e diluídas 1:10 com 50 mM de bicarbonato de trietilamônio (TEAB) pH 8, e adicionadas de tripsina (Promega, Madison, WI, EUA) em uma proporção de 1:50 (µg de tripsina: µg de proteína). A hidrólise procedeu por 18 horas a 35° C e foi interrompida com a adição de ácido trifluoroacético (TFA) para uma concentração final de 0,1%, baixando o pH das amostras para 2,0.

Para a dessalinização dos peptídeos foi realizada uma limpeza em colunas *stage tips* confeccionadas manualmente em resina C18 Poros R2 (Applied Biosystems). A coluna era lavada em acetonitrila 100%, e em seguida equilibrada em 0,1% TFA, adição dos peptídeos a coluna equilibrada 0,1% TFA. Os peptídeos eram passados na coluna 3 vezes, e essa era lavada com 200 µl de 0,1% TFA e por fim os peptídeos eram eluídos em acetonitrila 0,1% TFA, 50% ACN e 0,1% TFA 70% ACN. Os peptídeos eluídos concentrados em Speed Vacuum (Eppendorf).

Os peptídeos foram solubilizados em ácido fórmico 0.1% para uma concentração final de 0,5 µg.µL⁻¹. As amostras de haustório foram injetadas em um sistema nLC-MS/MS consistindo de um EASY II-nano LC (Proxeon Biosystems) acoplado a um espectrômetro de massa ESI-LTQ Orbitrap Velos (Thermo Fisher Scientific). 2µg de peptídeos foram carregadas em uma trap column (100 µm × 2 cm) empacotada com resina

reprosil C-18 5 μm (Dr. Maisch) com eluição em uma coluna analítica New Objective PicoFrit (75 $\mu\text{m} \times 20\text{ cm}$) empacotada com resina Reprosil-pur C18-AQ 3 μm (Dr. Maisch). Foi utilizado um gradiente de 5% de solvente B (ácido fórmico 0.1%, ACN 95%) e solvente A (ácido fórmico 0.1%, ACN 95%) até 20% de solvente B no curso de 125 minutos, 20-40% de solvente B por 42 minutos e 13 minutos finais com 95% de solvente B. Os espectros MS1 foram adquiridos em modo positivo em um analisador Orbitrap, onde cada evento de varredura tinha uma amplitude de 350-1800 e resolução de 30000 FWHM com m/z 400 (*Full Width at Half-Maximum*) e os 10 íons mais abundantes eram selecionados para a fragmentação e aquisição de MS2 no LTQ com dissociação por colisão induzida (CID). As amostras de endosperma e zona de digestão foram injetadas em um sistema Easy 1000 nanoLC com o mesmo tipo de trap column e coluna analítica descritos anteriormente só que acoplado a um espectrômetro de massas tipo híbrido Quadrupolo: Orbitrap Thermo Q Exactive Plus (Thermo Scientific, Waltham, MA). Foi utilizado um gradiente com as mesmas soluções e condições mencionadas anteriormente. Espectros de MS1 foram obtidos em modo positivo com um método top 15 DDA, onde os espectros eram obtidos no analisador Quadrupolo com uma amplitude de 375–1650 m/z resolução de 70,000. Em cada evento os 15 íons mais intensos eram selecionados para fragmentação por alta energia de dissociação (HCD) e aquisição de MS2 no analisador Orbitrap. Cada amostra foi analisada em 3 replicatas biológicas e cada replicata biológica foi analisada 3 vezes no espectrômetro de massas para os tecidos haustório e endosperma e duas vezes para a zona de digestão.

4.6 Análise de dados

Os arquivos de espectros (raw) foram analisados pelo software Xcalibur v.2.1 (Thermo Scientific) quanto a intensidade de sinal e reprodutibilidade entre replicatas técnicas e biológicas. A correspondência espectral dos peptídeos tripticos para identificação das proteínas foi realizada contra um banco de dados de ~345 mil sequências de proteínas, o qual foi elaborado a partir de três bancos de dados distintos, a saber: todas as sequências de proteínas de plantas da família Arecaceae depositadas no NCBI (141.096 sequências), todas as sequências de proteínas de *A. Thaliana* depositadas na base de dados UniProt (136.783 sequências) e as sequências traduzidas oriundas de um estudo transcriptômico do mesocarpo de açaí (67.458 sequências), disponível em <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Traces/wgs/?val=GFLX01>. Os contigs obtidos foram

traduzidos em três possíveis pautas de leitura com o software exonerate (EMBL's European Bioinformatics Institute), e as sequências proteicas resultantes receberam descrições de acordo com o resultado de um blastp contra o banco de dados Arecaceae + *A. thaliana*, com o máximo E-value e^{-10} , anteriormente mencionado utilizando o software Blast2GO. Dessa forma, é esperado um grau de redundância entre descrições das identificações, uma vez que proteínas identificadas com o banco de transcriptoma usam a mesma descrição que os bancos de dados Arecaceae + *A. thaliana*.

A busca de espectros para a identificação de proteínas usou o software Proteome Discoverer 2.4 (Thermo Scientific), com o algoritmo Sequest para obtenção de PSMs (*Peptide Spectrum Match*, “combinação de espectro de peptídeo”) contra os bancos de dados mencionados e o validador de PSM Target Decoy com um FDR (*False Discovery Rate*, “taxa de descoberta falsa”) restrito de 0,1 e uma confiabilidade de FDR 1% no nível de peptídeo e menor que 5% em nível de proteína. A abordagem de identificação e quantificação por MBR (Match Between Runs, “combinação entre corridas”), onde é considerada a identificação de peptídeos mesmo esse não sendo selecionado para a fragmentação em uma determinada amostras. Os parâmetros do MBR foram uma relação de sinal e ruído de 5 e um limite de variação de tempo de retenção de 3 minutos. Como uma forma de diminuir falsas identificações, as amostras de haustório foram analisadas independentes nas amostras de endosperma e zona de digestão.

A reprodutibilidade entre as análises foi verificada por correlação de Person entre replicatas técnicas e replicatas biológicas e distribuição de valores de abundância em histograma. Apenas proteínas detectadas em um mínimo de duas replicatas técnicas de duas replicatas biológicas de uma amostra foram consideradas como identificadas para essa amostra e utilizadas para as demais análises.

Para possibilitar a análise de enriquecimento, foi empregada a ferramenta blastp do software Blast2GO contra um banco de dados de sequências revisadas de *A. thaliana*, obtendo os acessos das proteínas correspondentes em *A. thaliana* para as identificações obtidas neste trabalho. De maneira que informações de anotação funcional disponíveis para *A. thaliana* podem ser inferidas para as proteínas aqui identificadas. Essa estratégia foi pensada baseada na estratégia usada para o mapeamento de rotas metabólicas KEGG Pathway ou a anotação funcional pela MapMan usado pra *Phoenix dactylifera* (GHIRARDO *et al.*, 2021). Para a classificação de proteínas como carboidrases, peptidases, transportadores e proteínas de parede celular foram feitos blastp contra as

bases de dados CAZy, Merops, TCDB e WallProtDB respectivamente com um E-value máximo de e-100. A análise de Gene Ontology (*GO annotation*) procedeu através de um blastp contra sequências de *A. thaliana* Uniprot-Swiss-Prot+ TrEMBL com um E-value máximo de e-10, permitindo um máximo de 20 hits por sequência isca e esses resultados de blastp usados para anotação GO e KEGG Pathway no próprio Blast2GO

4.7 Análise quantitativa

Proteínas diferencialmente abundantes foram identificadas utilizando os testes ANOVA e *test T-Student*. Os valores de abundância obtidos com o nó Precursor Ion Quantifier pelo Proteome Discoverer 2.4 foram carregados no software Perseus (versão 1.6.14), transformados para uma escala logarítmica, agrupados de acordo com replicata biológica e estágio de desenvolvimento. Primeiramente foi feita a média entre replicatas técnicas de maneira que cada amostra apresenta apenas três valores de abundância correspondendo a cada replica biológica, esses valores foram filtrados para um mínimo de 70% de valores válidos, normalizados por subtração da mediana por amostra e aplicado os testes de significância estatística (Fig. 4A). As amostras de haustório, endosperma e zona de digestão foram agrupadas em 4 grupos para os testes estatísticos. O grupo 1 consistiu em uma comparação de endosperma (EN1, EN2 e EN3) e a zona de digestão (DZ2 e DZ3), possibilitando identifica proteínas variantes durante a mobilização do endosperma, assim como as variantes para a zona de digestão. Nesse grupo foi usado o teste ANOVA baseado em permutação com $FDR \leq 1\%$ (Fig. 4B). O grupo 2 consistiu na comparação do endosperma EN2 como a zona de digestão DZ2 (Fig. 4C); o grupo 3 usou endosperma EN3 e zona de digestão DZ3 (Fig. 4D). Os grupos 2 e 3 permitem a identificação das proteínas variantes que são estritamente relacionadas com a formação da zona de digestão. Para tanto foi usado o *test T-Student* com $FDR \leq 1\%$ e $S0 = 2$. O grupo 4 consistiu nos estágios de haustório (HA1, HA2, HA3 e HA4), analisados com ANOVA passeado em permutação e $FDR \leq 5\%$.

Para analisar as tendências de abundância entre os estágios (E1, E2, E3 e E4) as proteínas com significância estatística foram normalizadas por Z score entre linhas, obtidos os valores médios de abundância entre as réplicas biológicas de cada estágio, de maneira que cada estágio passou a ser representado por apenas um valor. Por fim, esses foram submetidas a clusterização hierárquica euclidiana, construído um HeatMap e as

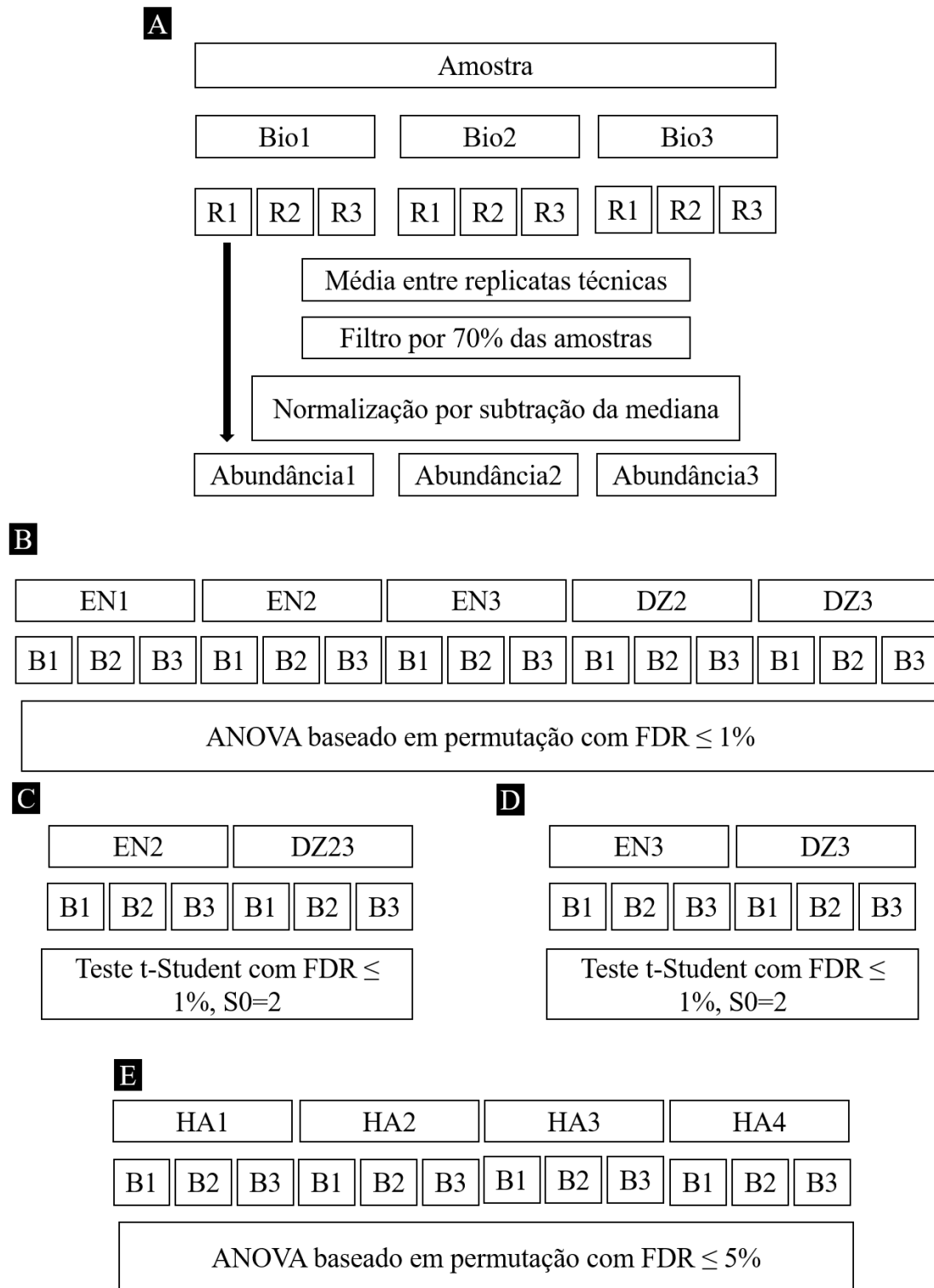


Figura 4. Esquema de organização de amostras para análise quantitativa. (A) Organização e processamento comum a todas as amostras. (B) Grupo 1, comparando amostras de endosperma e zona de digestão. (C) Grupo 2, comparando amostra de endosperma e zona de digestão para o estágio 2. (D) Grupo 3, comparando amostras de endosperma e zona de digestão para estágio 3. (E). Grupo 4, comparando diferentes estágios de desenvolvimento do haustório. Bio, replicata biológica; B, replicata biológica; R, replicata técnica.

proteínas com perfil de abundância semelhantes entre os estágios foram agrupadas em clusters específicos. O resultado da clusterização também foi usado para a análise de enriquecimento pelo teste exato de Fisher, de maneira que foi possível identificar quais categorias GO estão enriquecidas entre as proteínas que aumentam ou diminuem em abundância durante o desenvolvimento.

5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1 Análise morfológica e anatômica do desenvolvimento do haustório.

A germinação iniciou por volta de 10 dias após plantio, atingindo 80% de sementes germinadas aos 25 dias. A semente madura (estágio E1) tem consistência rígida e um endosperma de cor branca, ruminado e envolvido pelo tegumento de cor marrom (Fig. 5B). O embrião é contido em um compartimento no interior do endosperma, a cavidade embrionária, com tamanho pequeno em relação a semente e em contato constante com o endosperma adjacente ao opérculo. O embrião tem formato cônico ou cilíndrico, e pode ser dividido em duas regiões, (i) lâmina cotiledonar (região distal), de coloração clara e posicionada mais internamente e em contato com o endosperma e (ii) pecíolo cotiledonar, de coloração mais escura e posicionado voltado para o opérculo (região proximal) (Fig. 6). A germinação se inicia com o crescimento do embrião contra o opérculo, exercendo pressão sobre o mesmo até a sua abertura e emissão do pecíolo cotiledonar, que carrega as zonas meristemática do embrião enquanto a lâmina cotiledonar permanece em contato com o endosperma. Com 15 DAG (estágio E2) é possível perceber o desenvolvimento do haustório, que toma o espaço previamente ocupado pelo endosperma, assim como a formação de uma camada gelatinosa na porção do endosperma adjacente ao haustório, a zona de digestão (Fig. 5C). Com 35 DAG (estágio E3) o haustório continua crescendo concomitante ao consumo do endosperma, nesse estágio o estabelecimento da zona de digestão é mais evidente (Fig. 5D). Com 55 DAG (estágio E4) o endosperma já tem sido quase que completamente digerido e o haustório ocupa a totalidade do interior da semente (Fig. 5E). Nesse estágio a plântula está com o eófilo (primeira folha fotossintetizante) completamente abertos. Dessa forma, o fim da digestão do endosperma coincide com a independência fotossintética da planta jovem.

A análise anatômica mostrou que o haustório de *E. oleracea* é uma estrutura originada da porção distal da lâmina cotiledonar, formada por protoderme, procâmbio próximo a

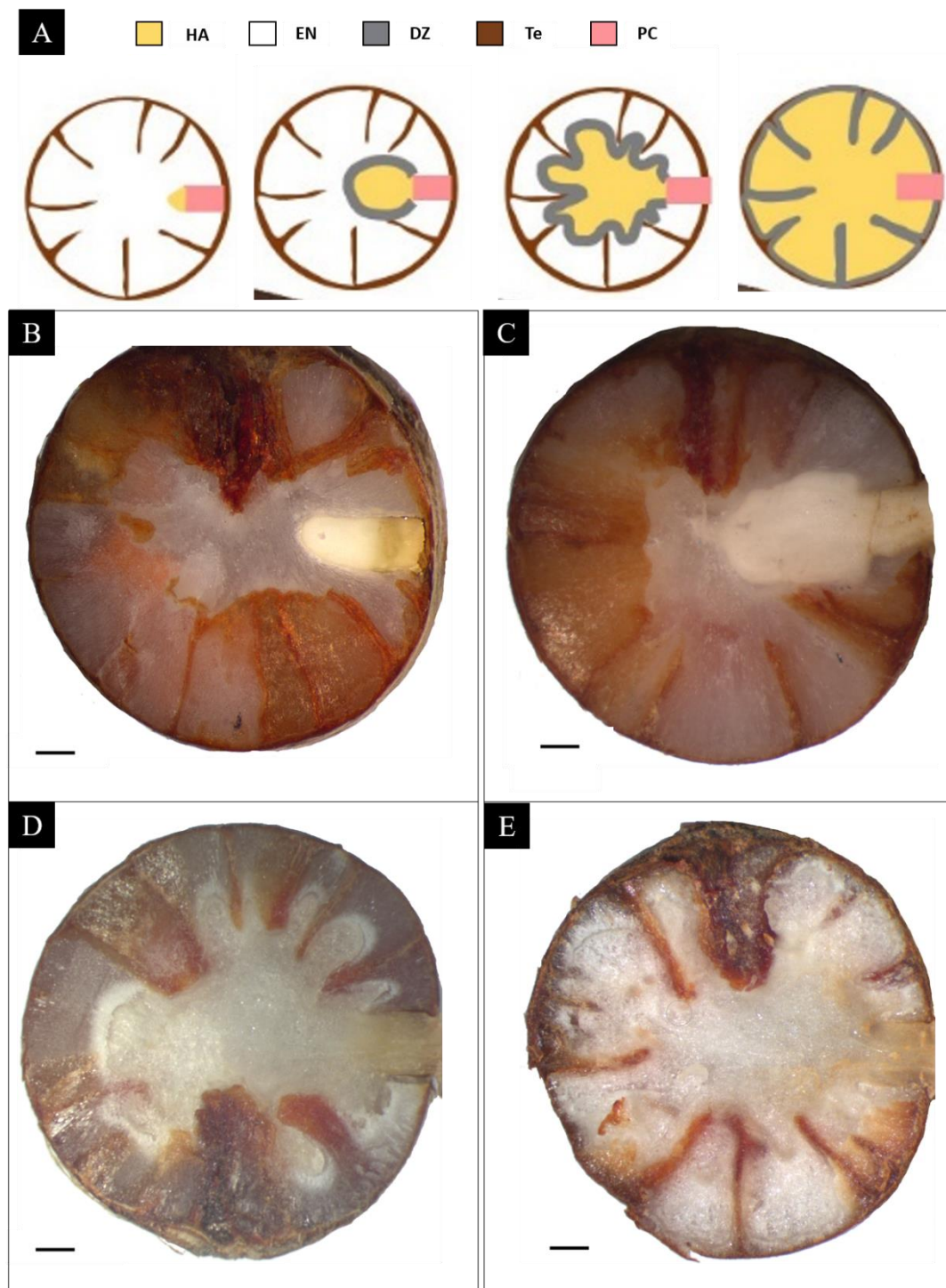


Figura 5. Diagrama ilustrativo do desenvolvimento do haustório e visão longitudinal de sementes durante a germinação de *E. oleracea*. (A) Diagrama ilustrativo identificando os tecidos da semente; (B) semente madura, estágio E1; (C) semente com 15 DAG, estágio E2; (D) semente com 35 DAG, estágio E3; (E) semente com 55 DAG, estágio E4. HA, haustório; EN, endosperma; DZ, zona de digestão; Te, tegumento; PC, pecíolo cotiledonar. Escalas 2,5mm. Imagens publicadas em *Plant Science*, V. 298, 2020.

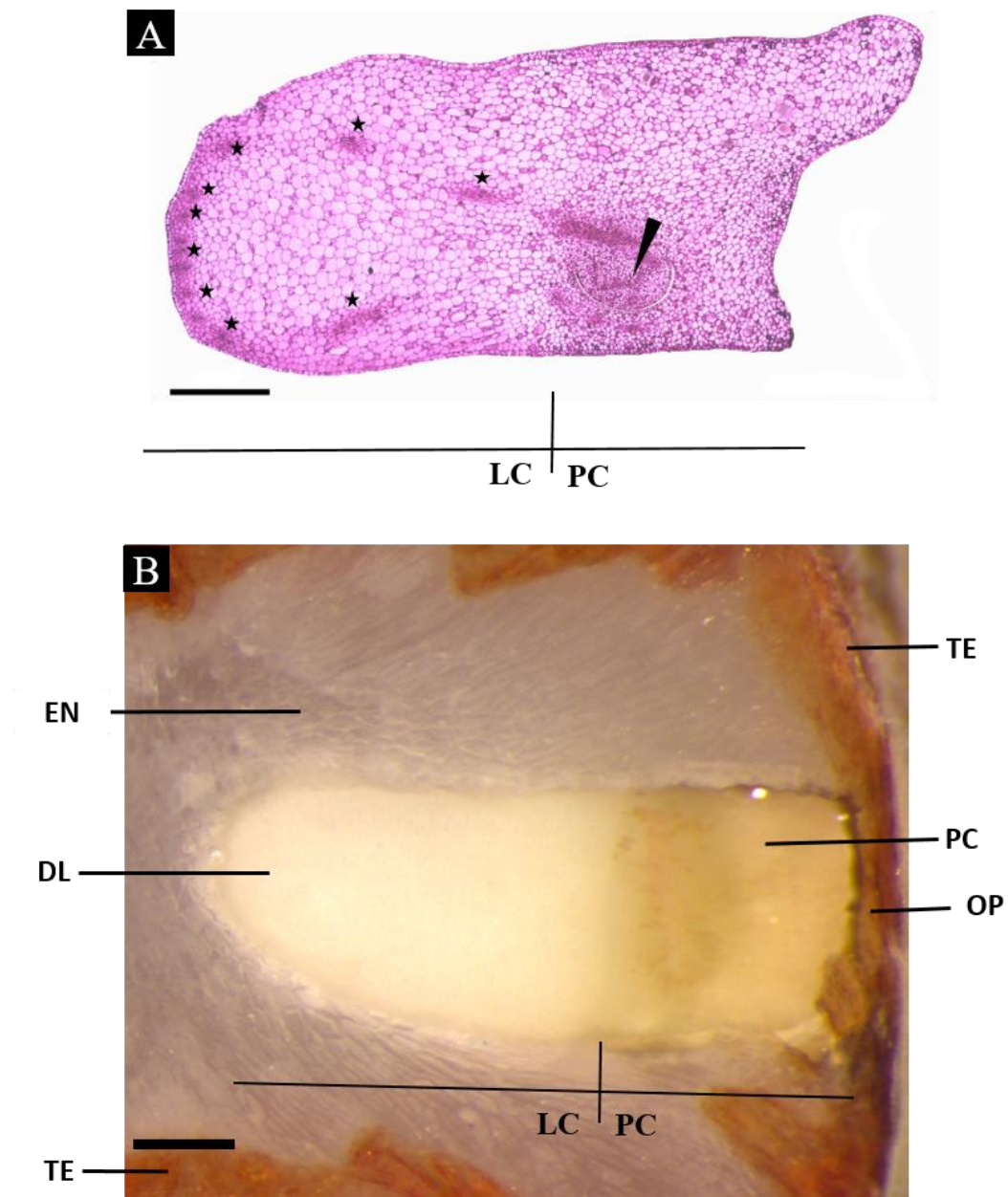


Figura 6. Anatomia e morfologia do embrião de *E. oleracea* (A) Secção longitudinal de embrião de semente madura. (B) Vista lateral de embrião de semente madura. PC, pecíolo cotyledonar; LC, lâmina cotyledonar; TE, tegumento, OP, opérculo; EN, endosperma; DL, região distal da lâmina cotyledonar. Seta, eixo embrionário. Estrela, feixes vasculares. Escala, 0.5mm

protoderme e meristema fundamental (Fig. 7). Esses tecidos são facilmente distinguidos pelo formato das células. Na protoderme, as células são unisseriadas, tem formato cúbicas, com núcleo evidente. As células do procâmbio são estreitas, alongadas e se coram intensamente. As células do meristema fundamental são vacuolizadas, isodiamétricas e maiores na região central do haustório e menores na região mais próxima ao procâmbio. São as células do meristema fundamental da região central que se expandem durante o desenvolvimento do haustório (Fig. 8). No estágio E2 é evidenciado o desenvolvimento do haustório por expansão das células do meristema fundamental assim como por divisão celular na região próxima ao procâmbio e periferia do haustório próximo a protoderme (Fig. 8B). A diferenciação dos feixes vasculares é observada para o estágio E3, onde estes estão mais desenvolvidos e posicionados cerca de 7-10 camadas de células abaixo da protoderme e uma média de 20-30 feixes no haustório (Fig. 9A). Os feixes são do tipo colateral aberto (xilema ao lado do floema com ausência de fibras ao seu redor) e mais abundantes em floema do que xilema (Fig. 8B). O crescimento do haustório continua, porém não foram observadas divisões celulares no interior do haustório, apenas na região próxima a protoderme e feixes vasculares, sendo a expansão celular o principal responsável pelo crescimento do haustório (Fig. 9B).

A análise morfoanatômica mostrou que o haustório se desenvolve da porção distal do embrião em uma estrutura altamente especializada de crescimento sincronizado com a digestão do endosperma. Com o avanço da germinação, a porção distal do embrião cresce por expansão celular no meristema fundamental. Dessa forma, os feixes vasculares e protoderme são pressionados contra o endosperma, que por sua vez, forma uma zona de digestão adjacente ao haustório. A organização dos feixes pode ser explicada pelo papel do haustório no transporte de reservas, com os feixes de floema próximos a protoderme aptos a serem carregados com reserva mobilizada para a plântula em desenvolvimento. Essa proximidade, provavelmente torna o processo de translocação mais eficiente, assim como a ausência de fibras, que provavelmente facilita o transporte de soluto para o sistema vascular. A diferenciação do sistema vascular ocorreu concomitante com o aumento da zona de digestão no endosperma, como já foi mostrado para *Attalea vitrivir*

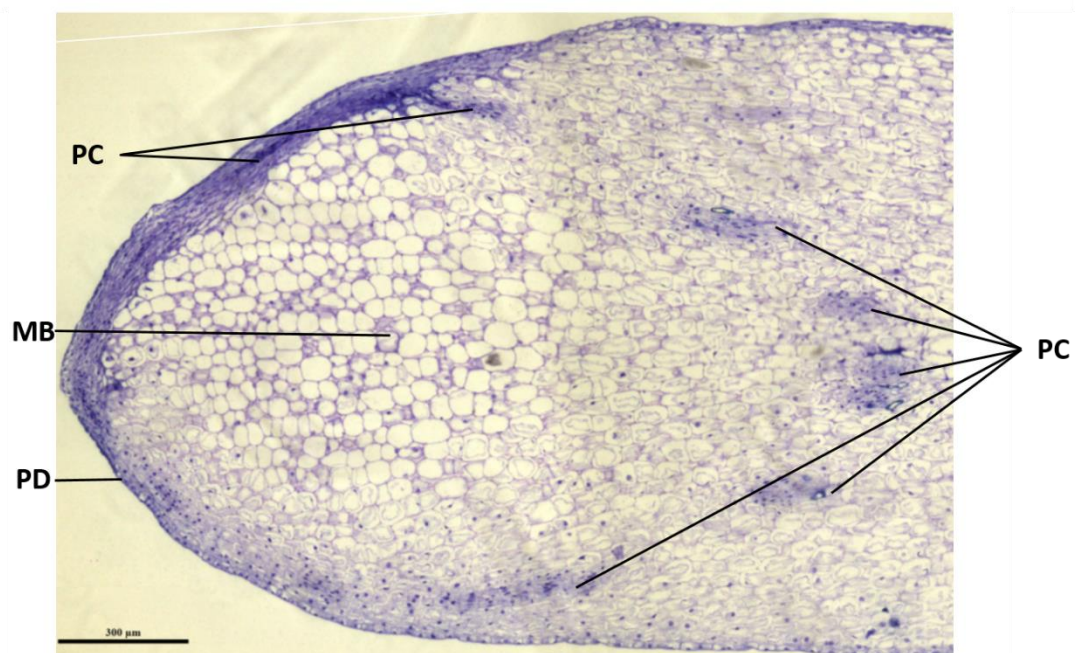


Figura 7 Secção longitudinal da porção distal da lâmina cotiledonar de embrião de *E. oleracea*. Escala. PC, procâmbio; MB, meristema fundamental; PD, protoderme; escala 0,3mm

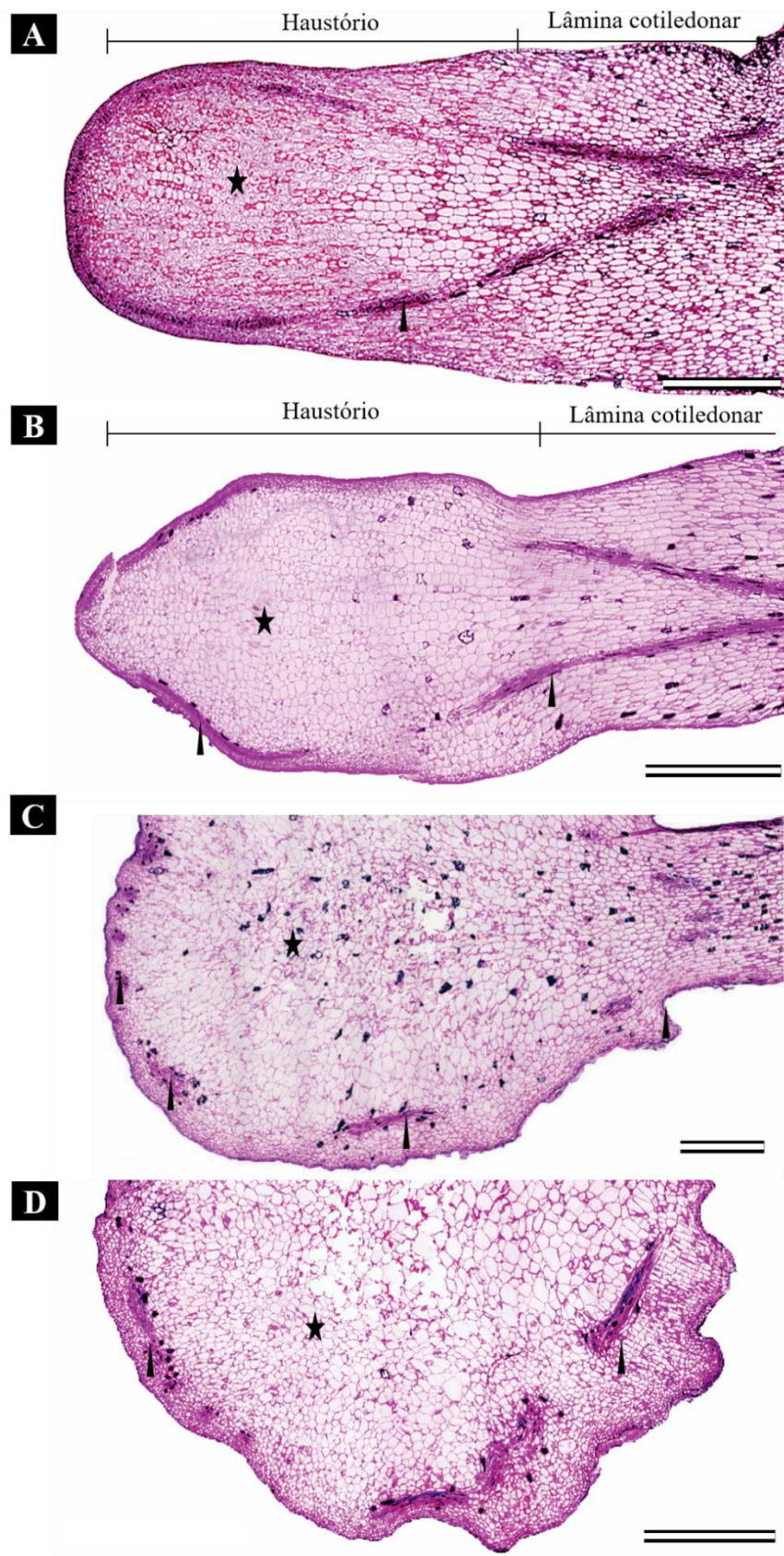


Figura 8. Secções longitudinais do desenvolvimento do haustório em *E. oleracea*. (A) Semente madura (E1); (B) 15 DAG (E2); (C) 35 DAG (E3); (D) 55 DAG (E4); Estrela, meristema basal. Seta, feixe vascular. Escalas 1mm. Imagens publicadas em *Plant Science*, V. 298, 2020.

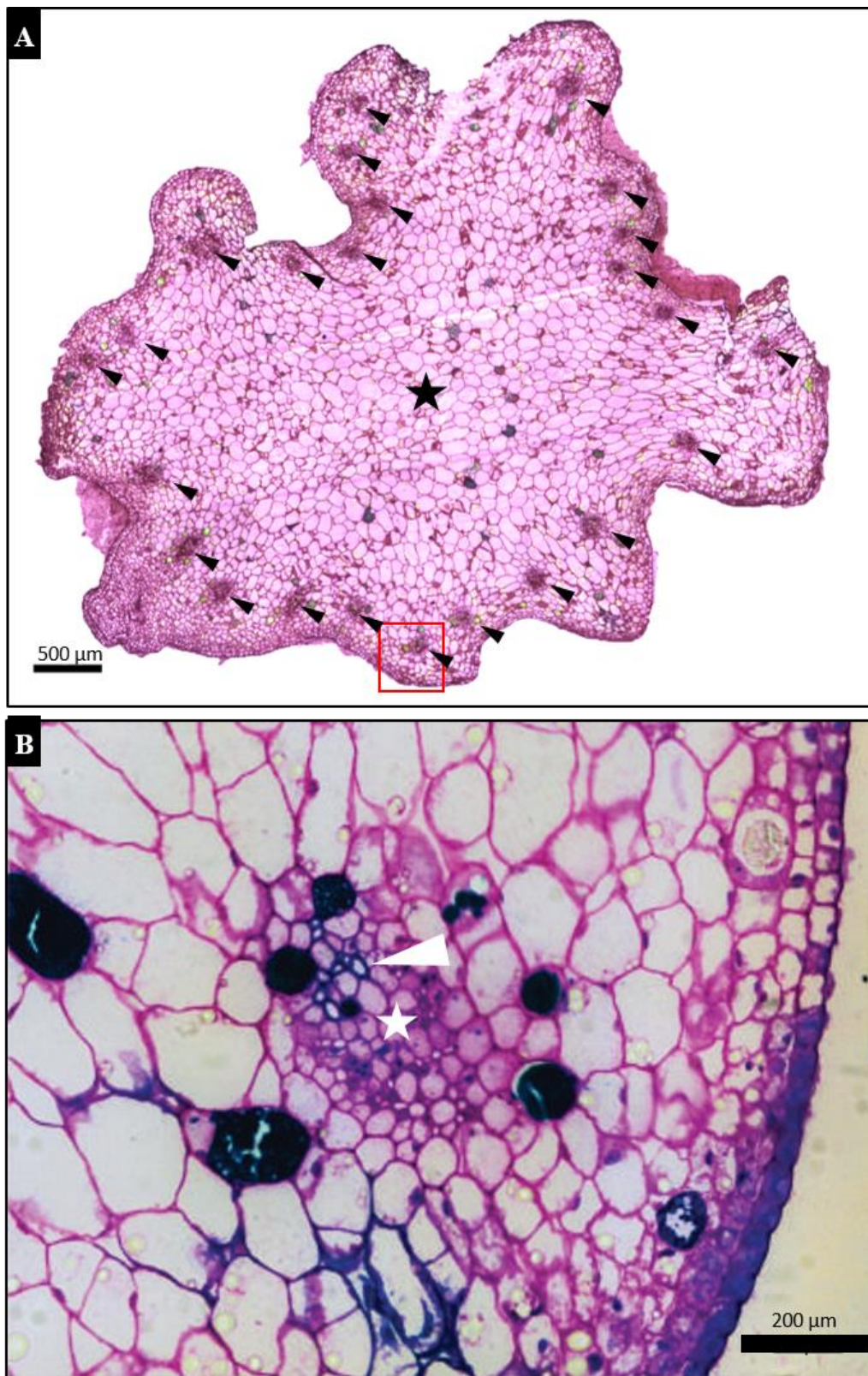


Figura 9. Haustório com 35 DAG em secção transversal (A) Organização do sistema vascular. Setas indicam os feixes vasculares; estrela indicando a região central do haustório que está passando por expansão celular e empurrando os feixes vasculares e epiderme do haustório em direção ao endosperma. (B) Detalhe de um feixe vascular ampliado da região em vermelho. Seta indica o xilema e a estrela o floema. Imagens publicadas em *Plant Science*, V. 298, 2020.

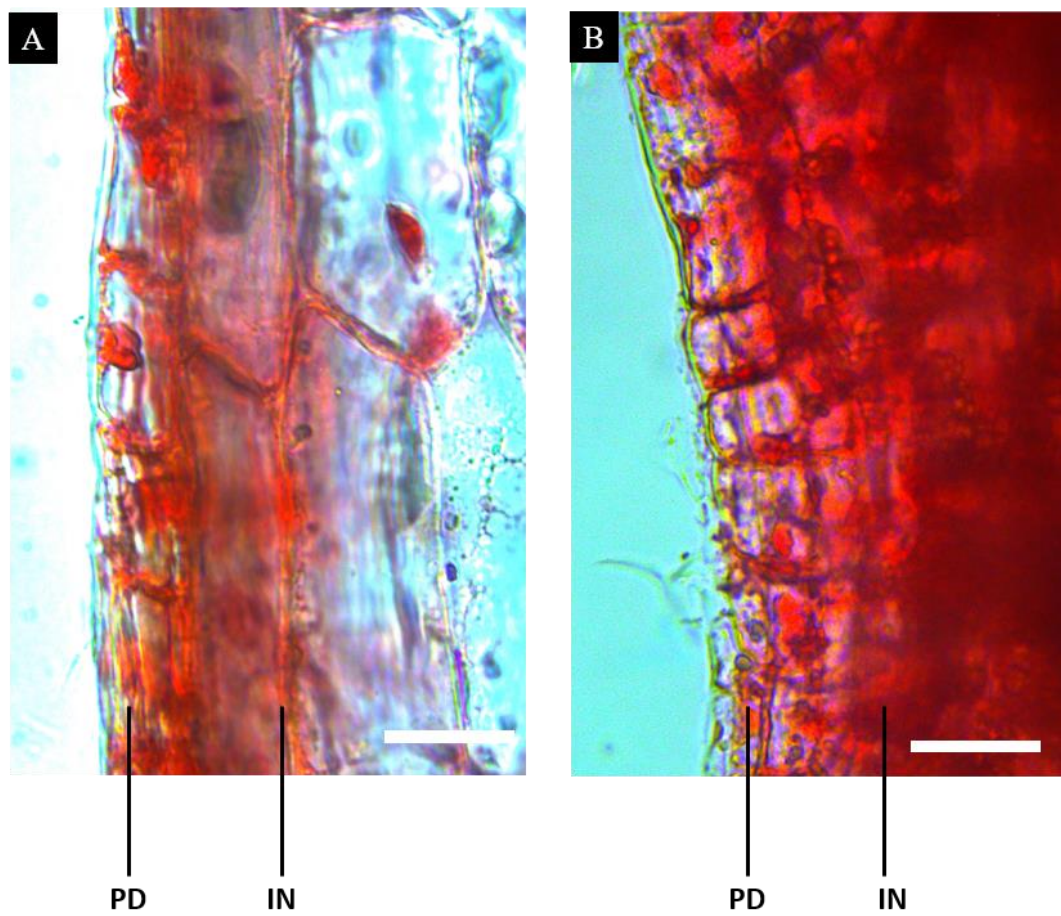


Figura 10 Teste histoquímico com Xilidine Ponceau mostrando a presença de proteínas para protoderme e regiões subprotodérmicas do haustório. (A) Semente madura. (B) 15 DAG. PD, protoderme; IN, região subprotodérmica. Escala estala 30 μ m.

Zona (Arecaceae) (NEVES *et al.*, 2013) Esse sincronismo permite sugerir que a mobilização de reservas é controlada junto com o desenvolvimento do haustório.

Um resultado não esperado da análise anatômica foi a organização da protoderme do haustório. Uma vez que o haustório é uma estrutura de absorção e, muitas espécies da família Arecaceae apresentam microvilosidades como é o caso de *Cocos nucifera* L. (VERDEIL; HOCHER, 2002) ou invaginações como é o caso de *Acrocomia aculeata* Lodd. ex Mart. (MAZZOTTINI-DOS-SANTOS, HELLEN CÁSSIA; RIBEIRO; OLIVEIRA, 2017a). No entanto, os resultados aqui apresentados mostram que a região próxima a protoderme do haustório é ondulada, porém a protoderme possui superfície lisa. Esse tipo de superfície diminui a possibilidade do aprisionamento de fragmentos do endosperma que ficariam presos nas microvilosidades ou invaginações do haustório, contaminando o haustório com tecidos de endosperma. Essa distinção é particularmente importante para as considerações da análise proteômica quantitativa, pois a protoderme lisa não corrobora com a suposição de que as hidrolases detectadas para o haustório são contaminações do endosperma, como foi proposto por Sekhar; Demason, (1990). Outro resultado que contribui para a confiabilidade da análise proteômica foi o teste histoquímico com coloração para proteínas com Xilidine Ponceau (O'BRIEN; MCCULLY, 1981). Que mostrou que a presença de proteínas está restrita às células da protoderme ou subprotodérmicas, mas não para fora da protoderme. Este resultado corrobora com Dias *et al.*, (2020), que analisou o desenvolvimento do haustório em *Mauritia flexuosa* (Arecaceae) e detectou a presença de proteínas na protoderme e meristema fundamental do haustório com a mesma abordagem histoquímica usada aqui. Porém, com o desenvolvimento do haustório as proteínas do meristema fundamental eram consumidas, mas a protoderme permanecia com proteínas até nos estágios em que o haustório toma todo o interior da semente (DIAS *et al.*, 2020a). Estes resultados mostram que as proteínas identificadas para o haustório são proteínas internas dessa estrutura e não fragmentos de endosperma presos a sua superfície, assim como a distribuição de proteínas dentro dessa estrutura, sendo mais abundantes para a região da protoderme do haustório. A presença de proteínas para a protoderme do haustório pode ser causalmente relacionada ao papel dessa estrutura na absorção e secreção de proteínas. Nossos resultados também diferem de Dias *et al.* (2020), pois as células protodérmicas do haustório em *M. flexuosa* possuem um formato mais paliçádico do que as células da protoderme em *E. oleraceae*. É comum células secretoras terem formato de paliçada,

porém a variação evidenciada aqui sugere que isso não é uma regra para o haustório em Arecaceae.

A análise morfoanatômica possibilitou a definição exata da região da lâmina cotiledonar que dá origem ao haustório. Na literatura, essa estrutura é descrita como originada da porção distal da lâmina cotiledonar (BASKIN; BASKIN, 2014; MOURA *et al.*, 2010; SEKHAR; DEMASON, 1988). Trabalhos que avaliaram a atividade enzimática utilizaram a lâmina cotiledonar inteira (BICALHO *et al.*, 2016). Este foi o primeiro trabalho a analisar apenas a porção do cotilédone que dá origem ao haustório sem a influência de tecidos do pecíolo cotiledonar. Possivelmente essa distinção teve algum impacto nos resultados obtidos, uma vez que, como foi mostrado para *E. precatória* (FERREIRA *et al.*, 2020), a distribuição de corpos proteicos na lâmina cotiledonar é heterogênea.

Os resultados da análise morfoanatômica confirmam que o desenvolvimento do haustório é regulado de maneira a coincidir com a digestão do endosperma permitindo sugerir que o haustório tem um papel essencial na mobilização de reservas durante o crescimento da plântula. No entanto, uma abordagem anatômica sozinha não é suficiente para determinar o sítio de síntese de proteínas envolvidas no processo de mobilização de reservas.

5.2 Análise proteômica por LC-MSMS

A reprodutibilidade das análises foi acessada pelos valores de correlação de Pearson próximos a 1 entre as replicatas técnicas (Quadro Suplementa IA) e replicatas biológicas (Quadro Suplementar IB) e também pela distribuição de valores de abundância normalizada entre replicatas biológicas em histogramas (Figura Suplementar 1). Esses resultados demonstram que as análises procederam com uma boa reprodutibilidade.

5.2.1 Identificação de proteínas

A análise proteômica identificou um total de 3530 proteínas para um mínimo de duas replicatas biológicas, com 2447 para haustório, 1887 para endosperma e 1540 para zona de digestão (Tabela 2, Fig. 11). Foram identificadas 1410, 387 e 158 proteínas exclusivas de haustório, endosperma e zona de digestão respectivamente. Um total de

1575 proteínas são compartilhadas entre os tecidos, 538 entre endosperma e zona de digestão, 193 entre endosperma e haustório, 75 entre haustório e zona de digestão e 769 entre os três tecidos. A distribuição de proteínas exclusivas e compartilhadas entre os estágios de cada tecido é mostrada detalhadamente na Tabela Suplementar II e Figura 12. Não foi inesperado que o endosperma e zona de digestão compartilham muitas

Tabela 2. Número de proteínas identificadas em um mínimo de duas replicatas biológicas para endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de *E. oleracea*.

Tecido	Endosperma			Zona de digestão		Haustório			
Estágios	EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4
Identificações por estágio	1547	1641	1384	1276	1425	1465	2151	2176	2032
Total	1887			1540		2447			

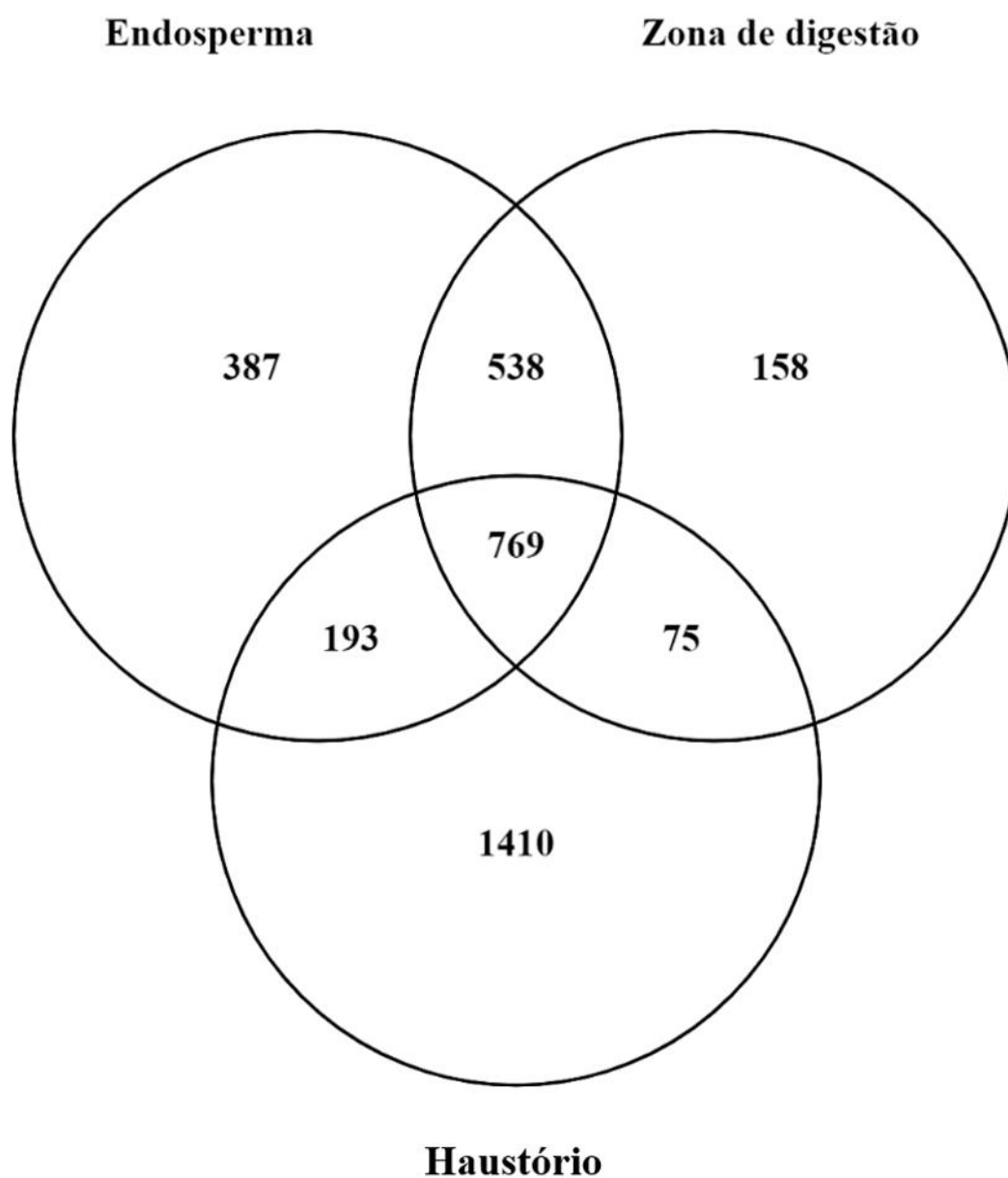


Figura 11. Diagrama de Venn mostrando o número de identificações de proteínas exclusiva e compartilhadas para endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de *E. oleracea*.

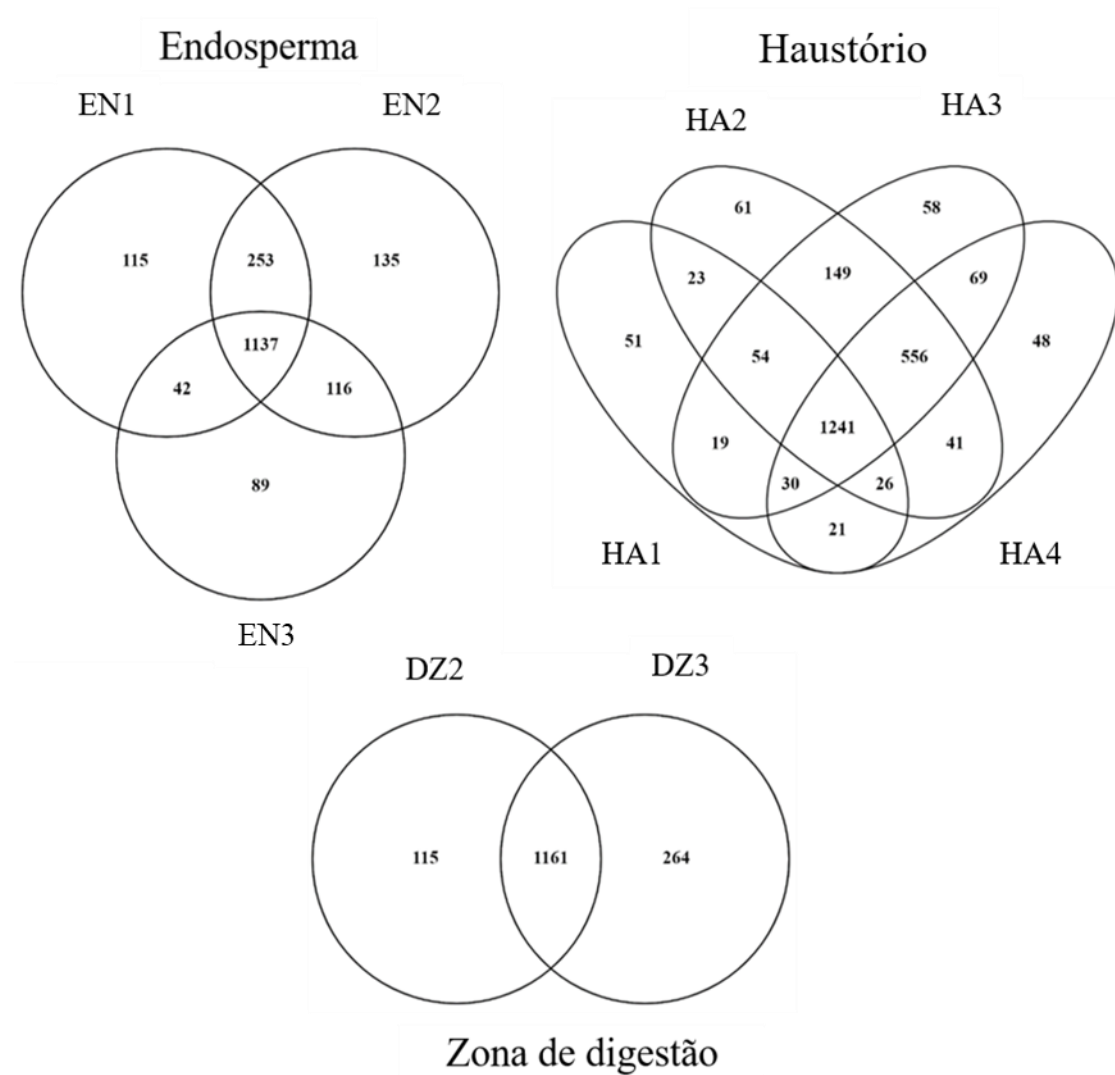


Figura 12. Diagrama de Venn comparando o número de identificações entre os estágios analisados de endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de *E. oleracea*.

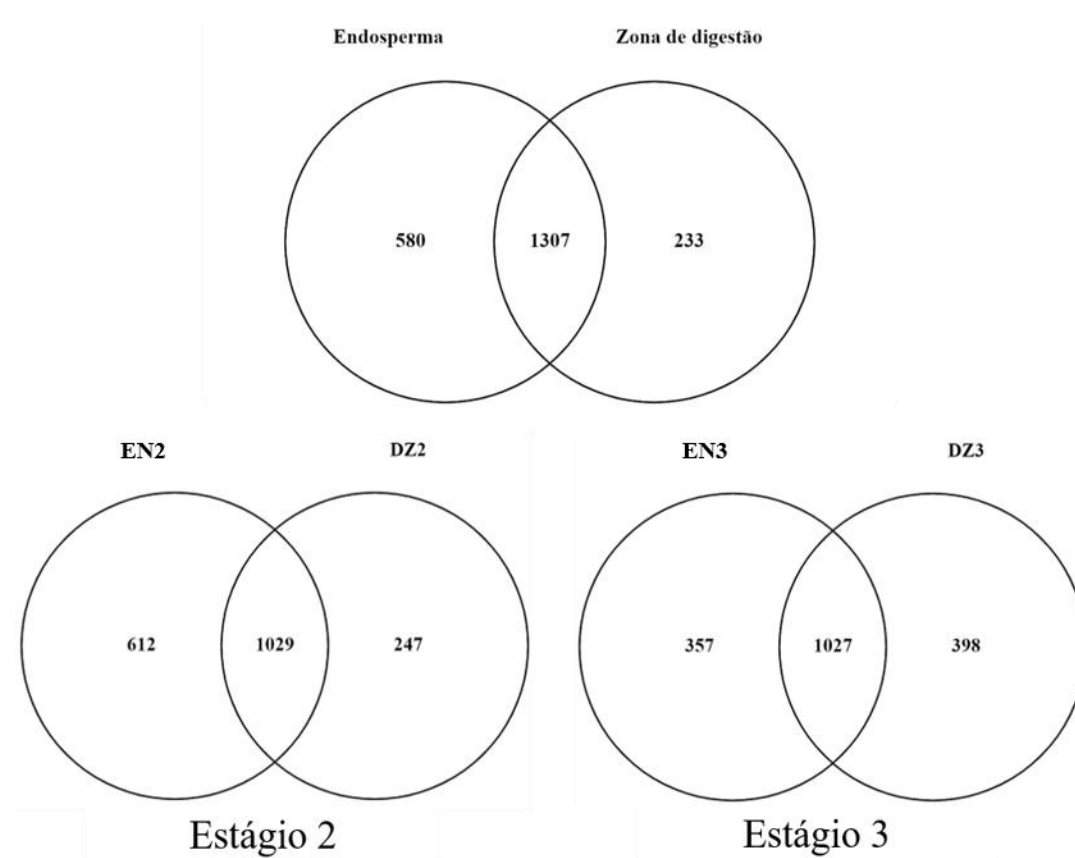


Figura 13. Diagrama de Venn comparando o número de identificações entre os dois estágios analisados de zona de digestão e endosperma durante a germinação de *E. oleracea*.

identificações, sendo que esses são duas porções do mesmo tecido com características morfológicas diferentes. Uma comparação da distribuição de identificações entre endosperma e zona de digestão é mostrado na Figura 13.

5.2.2 Classificação funcional de proteínas

A classificação funcional utilizou a ferramenta blastp contra *A. thaliana* e anotação funcional *gene ontology GO annotation* no software Blast2GO. Dessa maneira, a comparação com sequências de *A. thaliana* possibilitou a transferência de funções definidas para genes de *A. thaliana* para sequências homologas em *E. oleraceae* (ASHBURNER *et al.*, 2000; HILL *et al.*, 2008). Os algoritmos utilizados para a transferência de anotações funcionais são altamente criteriosos e consideram além da homologia entre identificações, a extensão de homologia, a hierarquia GO e a qualidade das anotações originais (CONESA *et al.*, 2005; CONESA; GÖTZ, 2008).

As proteínas foram classificadas em 33 categorias para a anotação *GO molecular function* (GOMF), 30 categorias para *GO cellular component* (GOCC) e 98 categorias para *GO biological process* (GOBP) (Tabela Suplementar II). As proteínas exclusivas mostram um contraste entre os tecidos (Fig. 14). As subcategorias GOMF *catalytic activity*, *hydrolase activity* apresentaram o maior percentual de identificações para zona de digestão (Fig. 14A). Quanto a categoria GOCC, as subcategorias *membrane*, *vacuole*, *external encapsulating structure*, *cell wall* e *extracellular region* foram mais representadas para a zona de digestão, enquanto que GOCC *plastids*, *chloroplast* e *mitochondrion* foram mais representadas no haustório. A maior diversidade de identificações envolvidas com atividade de hidrolise na zona de digestão, demonstra o envolvimento do proteoma dessa região no desmonte das reservas de parede celular. Enquanto que a maior identificação de enzimas de organelas no haustório permite sugerir o envolvimento dessa estrutura em atividades relacionadas ao metabolismo das reservas mobilizadas (Fig. 14C)

A classificação KEGG Pathway usou o mesmo blastp descrito no parágrafo anterior. As proteínas identificadas foram classificadas quanto a sua participação em rotas metabólicas de glicanos (*N-Glycan biosynthesis*; *Other types of O-glycan biosynthesis*; *O-Antigen nucleotide sugar biosynthesis*; *Other glycan degradation*; *Various types of N-glycan biosynthesis*, *Other types of O-glycan biosynthesis*), metabolismo de carboidratos

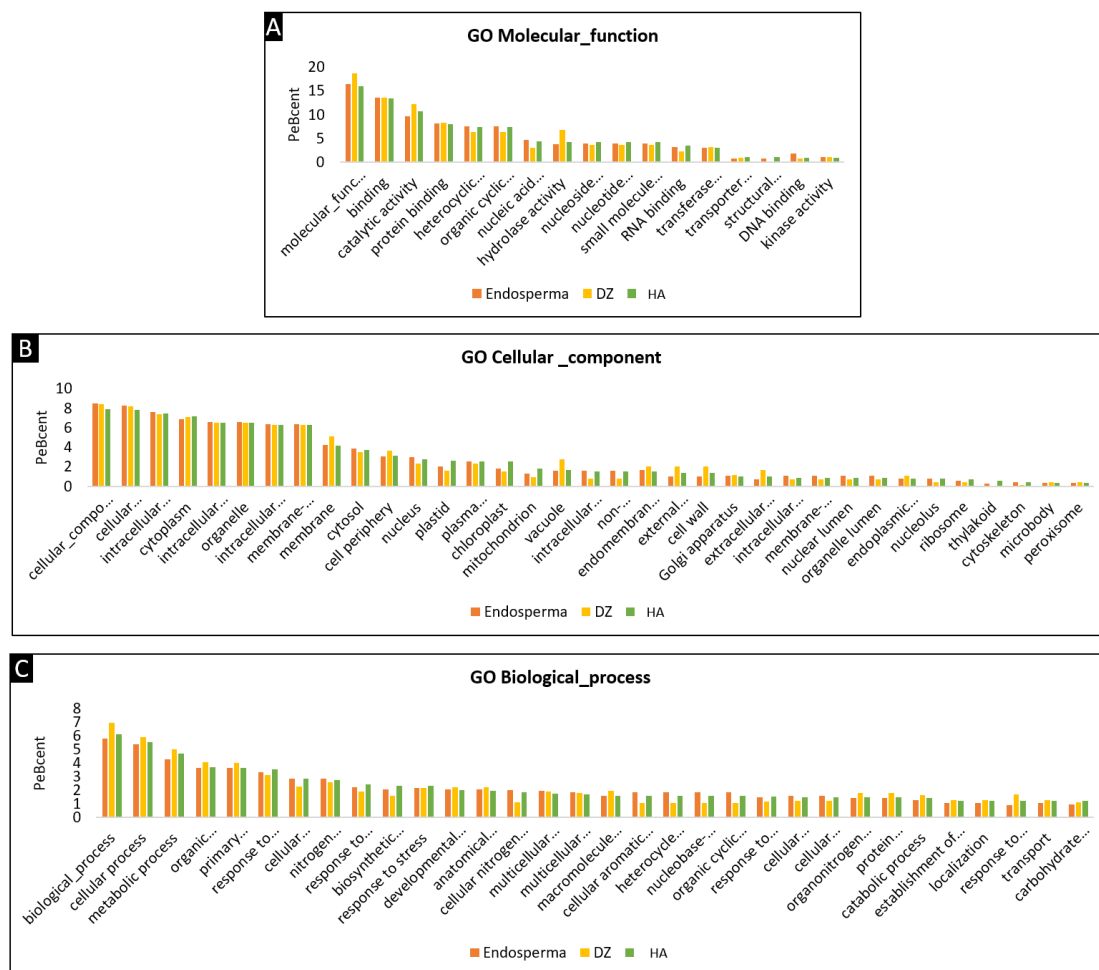


Figura 14. Classificação GO das proteínas exclusivas identificadas para endosperma, zona de digestão e haustório durante a germinação de *E. oleracea*

(*Glyoxylate and dicarboxylate metabolism, Amino sugar and nucleotide sugar metabolism, Fructose and mannose metabolism, Galactose metabolism, Starch and sucrose metabolism*) e metabolismo de lipídios (*Biosynthesis of unsaturated fatty acids, Fatty acid elongation, Fatty acid biosynthesis, Fatty acid degradation e Glycerophospholipid metabolism*) (Tabela suplementar III)

Para a classificação específica de carboidrases, peptidases, transportadores e proteínas de parede celular foi utilizada a ferramenta blastp contra as sequências das bases de dados CAZy, MEROPS, TCDB e WallProtDB com um E-value máximo de e-100. Os resultados do blastp foram avaliados individualmente e hits com descrição não relacionada a identificação nas bases de dados foram descartados (Tabela Suplementar IV).

5.2.3 Análise componente principal com enriquecimento de categorias GO

Foi utilizada uma análise de componente principal (PCA) com *category enrichment component* que usa apenas proteínas identificadas em todas as amostras e agrupa as amostras em um gráfico bidimensional conforme semelhanças em abundância e categorias de anotações GO atribuídas as proteínas. O PCA para endosperma e zona de digestão mostrou que DZ2 e DZ3 são altamente semelhantes entre si e distintos do endosperma (Fig. 15). A análise de enriquecimento identificou 14 categorias de classificações funcionais enriquecidas. três categorias GOCC relacionadas ao espaço extracelular; 9 categorias GOMF, todas relacionadas a atividade catalítica e a quebra de ligações glicosídicas, dentre essas a atividade de β -manosidase (Tabela 3). A análise de enriquecimento permite identificar vias biológicas que estão diferencialmente representadas em uma lista de proteínas mais do que seria esperado por acaso. De maneira que, as anotações funcionais GO de uma lista de proteínas são avaliadas utilizando algoritmos que determinam quais termos estão enriquecidos entre proteínas que tem valores de abundância semelhantes entre as amostras (REIMAND *et al.*, 2019).

Como é mostrada na Figura 15, o componente 1 separa a zona de digestão do endosperma, demonstrando que a abundância de proteínas relacionadas ao espaço extracelular e hidrólise de ligações O-glicosídicas são as principais diferenças entre os proteomas do endosperma e zona de digestão. As categorias GOMF atividade manosidase e atividade β -manosidase estão listadas para o componente 2, que não separa DZ2 e DZ3.

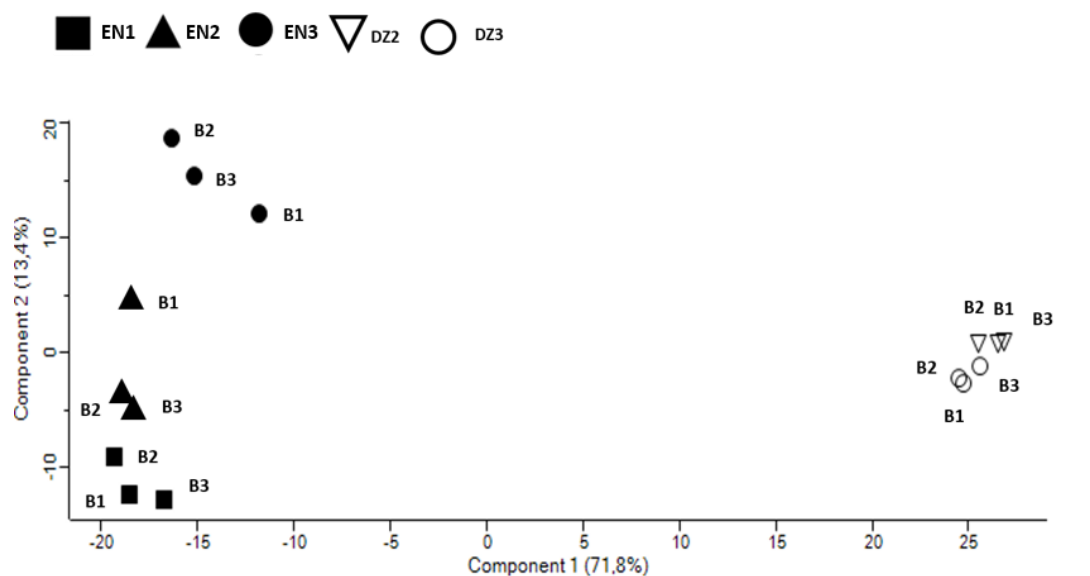


Figura 15. Análise de componente principal (PCA) dos proteomas de endosperma e zona de digestão para as amostras EN1, EN2, EN3, DZ2 e DZ3 durante a germinação de *E. oleraceae*. B, replicata biológica

Tabela 3. Termos enriquecidos pela análise de componente principal para amostras de endosperma e zona de digestão durante a germinação de *E. oleracea*.

<i>Component</i>	GO categoria	Nome da categoria GO	# de proteínas
1	CC	<i>extracellular space</i>	5
1	CC	<i>extracellular region part</i>	6
1	MF	<i>hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds</i>	26
1	CC	<i>extracellular region</i>	65
1	MF	<i>hydrolase activity, acting on glycosyl bonds</i>	28
1	MF	<i>hydrolase activity</i>	71
1	CC	<i>cytosol</i>	109
2	MF	<i>catalytic activity</i>	184
2	MF	<i>hydrolase activity</i>	71
2	BP	<i>carbohydrate metabolic process</i>	59
2	MF	<i>hydrolase activity, acting on glycosyl bonds</i>	28
2	MF	<i>hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds</i>	26
2	MF	<i>mannosidase activity</i>	9
2	MF	<i>β-mannosidase activity</i>	7

Esses resultados mostram que a abundância das proteínas envolvidas na hidrólise de polissacarídeos de manose não variam entre os estágios DZ2 e DZ3. Uma possível explicação para esse resultado é que as proteínas relacionadas a mobilização de mananos na zona de digestão estão presentes em todos os estágios de endosperma, mas com o progresso da germinação, aumentam em abundância para a zona de digestão.

Outro resultado interessante do PCA foi a distribuição do estágio EN3 separado dos estágios EN1 e EN2 pelo componente 2 (Fig. 15). Este resultado pode ser explicado pelo desenvolvimento acentuado da zona de digestão para o endosperma com 35 DAG (estágio EN3) que coincide com a diferenciação dos feixes vasculares no haustório. Como foi mostrado pela análise morfoanatômica. Este resultado mostra que o desenvolvimento do haustório é regulado juntamente a diferenciação do proteoma do endosperma.

O PCA para amostras de haustório em desenvolvimento mostrou que o proteoma dessa estrutura muda drasticamente com o início da mobilização de reservas, separando HA1 dos demais estágios (Fig. 16). Esse resultado, combinado as mudanças morfoanatômicas observadas para haustório e início da digestão do endosperma permitem a sugestão de que essa mudança marcante no proteoma do haustório pode ser causalmente relacionada ao seu papel na mobilização de reservas durante o desenvolvimento de *E. oleracea*. Não foram detectadas categorias GO enriquecidas para o desenvolvimento do haustório.

5.3 Análise de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma total e zona de digestão

A identificação de proteínas diferencialmente abundantes considerou apenas identificações em um mínimo de duas replicatas técnicas e duas replicatas biológicas e 70% das amostras analisadas. Para endosperma e zona de digestão, foi utilizado o teste ANOVA baseado em permutação com um $FDR \leq 1\%$ e identificadas 494 proteínas que variam em abundância entre as amostras (Fig. 17, Tabela Suplementar VI). Essas foram agrupadas em 5 clusters de acordo com o seu comportamento no curso da digestão do endosperma (Fig 17B).

Como uma forma de complementar a análise quantitativa entre zona de digestão e endosperma, os estágios E2 e E3 foram comparados usando o teste t-Student com um

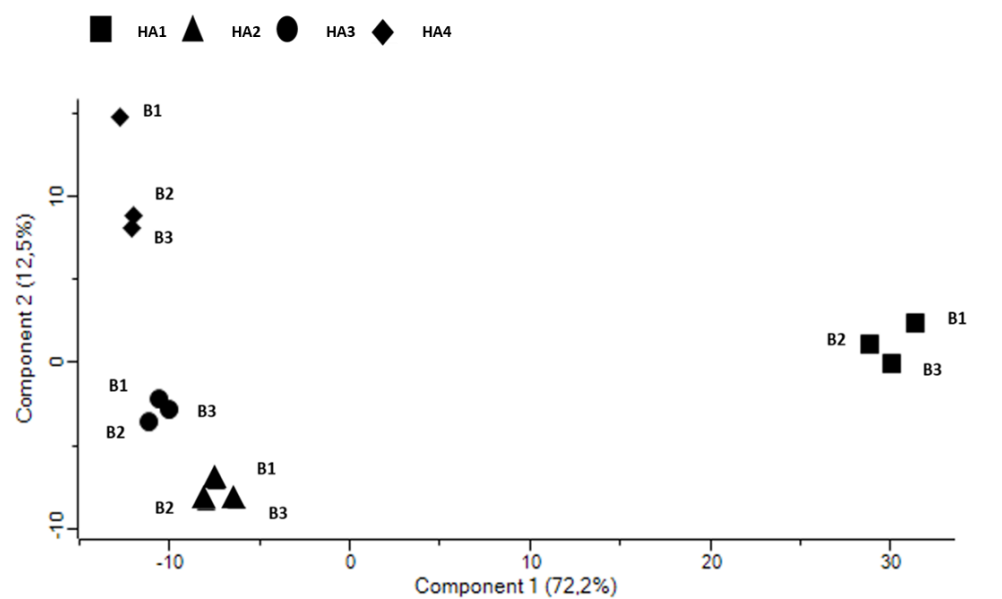


Figura 16. Análise de componente principal (PCA) do proteoma dos estágios de desenvolvimento do haustório durante a germinação de *E. oleraceae*. Imagens publicadas em *Plant Science*, V. 298, 2020.

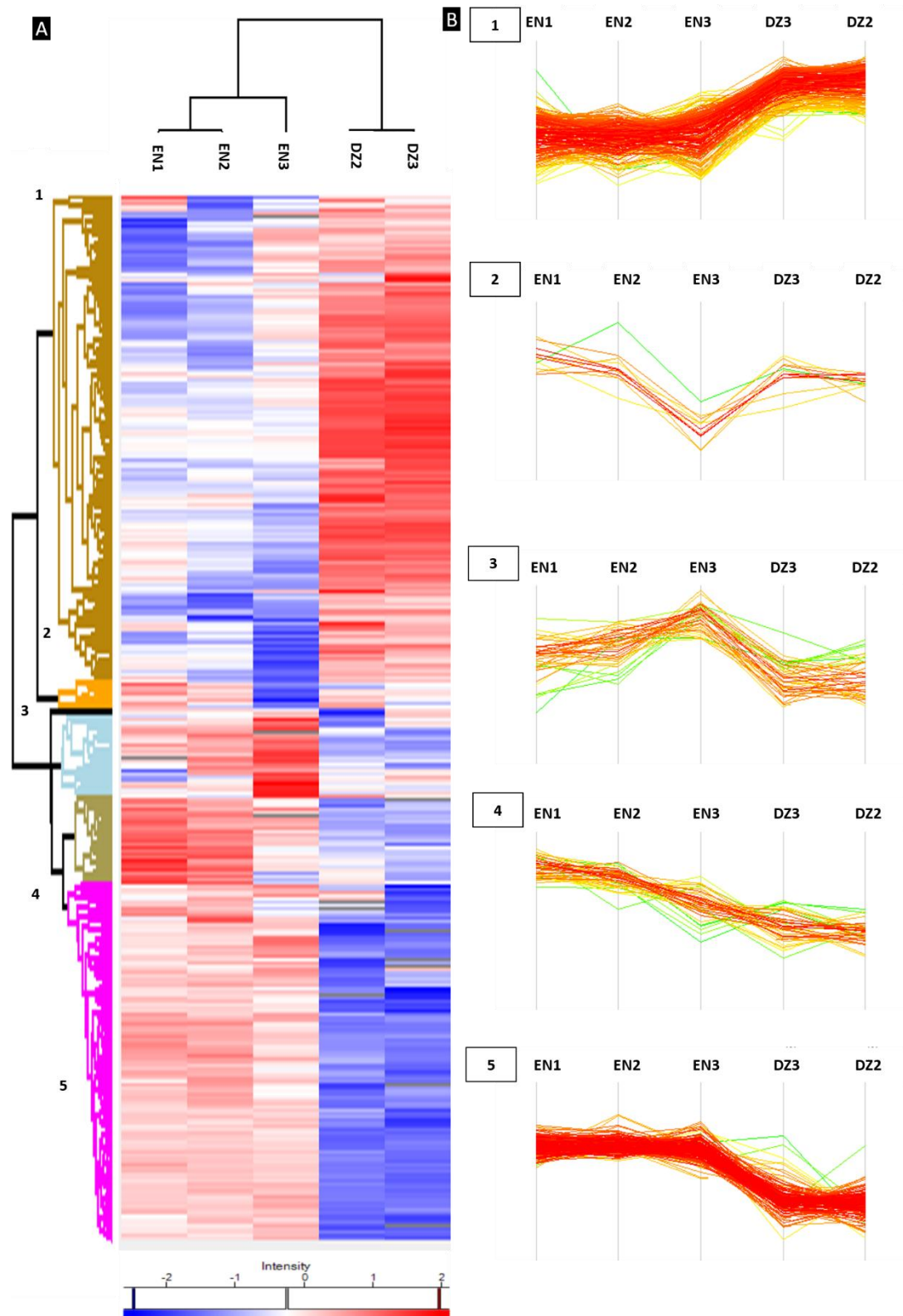


Figura 17. Representação de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão durante a germinação de *E. oleraceae*. (A) HeatMap de proteínas diferencialmente abundantes em endosperma e zona de digestão. (B) Clusters de proteínas com perfis de abundância semelhantes.

FDR $\leq$ 1% e um S0 mínimo de 2, possibilitando a identificação de proteínas que variam em abundância entre zona de digestão e endosperma que possam não ter sido detectadas pelo teste ANOVA devido ao requisito de presença em 70% das amostras. Foi identificado um total de 200 e 178 para E2 e E3 respectivamente, com 26 e 38 novas identificações para E2 e E3 na mesma ordem (Tabela Suplementar VII). Os resultados do teste t-Student foram combinados aos resultados do ANOVA, totalizando 552 proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão (Tabela Suplementar VI).

O cluster 1 apresenta 231 proteínas com baixa variação de abundância entre os estágios do endosperma, porém, são bem mais abundantes na zona de digestão (Fig. 17B1). Essas foram classificadas em carboidrases, peptidases, lipases, proteínas relacionados ao metabolismo redox e proteínas de parede celular (Fig. 18A) sendo 33 carboidrases de parede celular (Tabela 4) e 23 peptidases de diferentes classes mecanística, sendo 18 de parede celular (Tabela 5).

Quanto a mobilização de lipídios, foram identificadas proteínas relacionadas a mobilização de corpos lipídicos, assim como a ativação e quebra de ácidos graxos em glioxissomos. Em especial, é chamado a atenção para a identificação das enzimas *isocitrate lyase* (XP_008803215.2) e *malate synthase, glyoxysomal* (XP_010930077.1) que demonstram que o ciclo do glioxilato está mais ativo na zona de digestão do que no endosperma. A identificação de proteínas relacionadas ao metabolismo redox consistiu de *peroxidases* e *catalases* em sua maioria classificadas como proteínas de parede celular de acordo com a base de dados WallProtDB.

Dois clusters apresentaram proteínas reguladas para baixo para a zona de digestão. O cluster 5, com 167 proteínas com baixa variação para os estágios de endosperma e o cluster 3 com 38 proteínas que aumentam em abundância para o endosperma. Para o cluster 5 é chamado a atenção para a identificação de proteínas relacionadas a síntese de sacarose (*sucrose synthase*) e proteínas envolvidas no desmonte da parede celular (β -*glucosidase*). Não foram identificadas peptidases envolvidas em mobilização reservas, apenas no processamento de proteínas e no controle do transporte de auxinas (aminopeptidase M1). Para o cluster 3, como carboidrases foram apenas identificadas proteínas relacionadas a degradação de celulose e uma proteína relacionada a quebra de quitina. Os demais clusters não apresentaram proteínas relevantes para os processos de mobilização ou processamento de reservas e não serão discutidos.

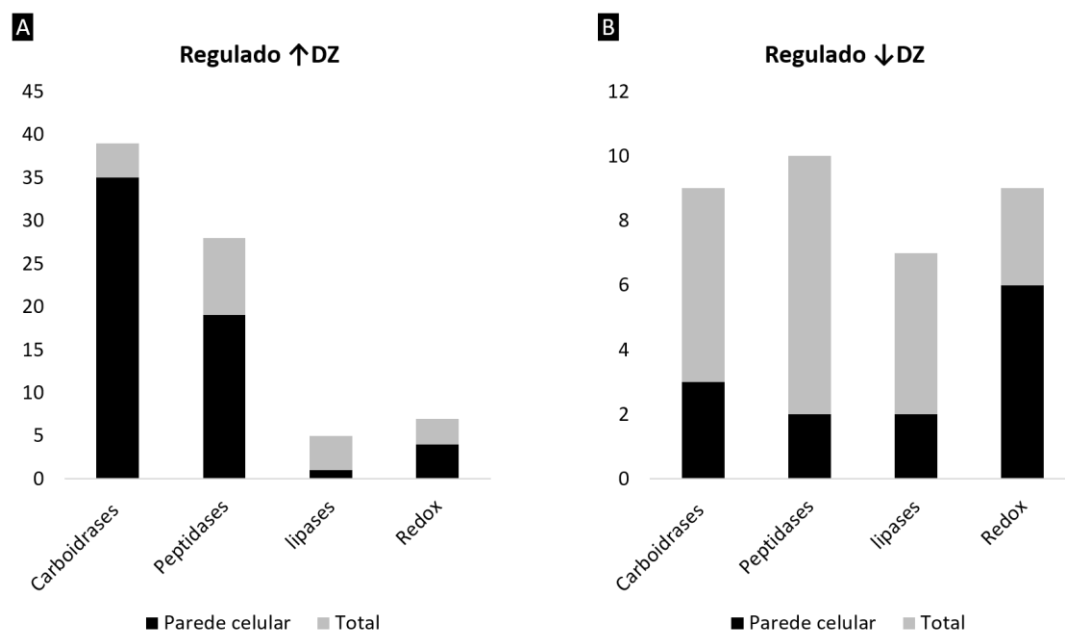


Figura 18. Número de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão classificadas como carboidrases, peptidases, lipases e proteínas envolvidas no metabolismo redox durante a germinação de *E. oleracea*. A barra preta corresponde ao número de identificações classificadas como proteínas de parede celular de acordo com a base de dados WallProtDB E-value e-100. (A) Proteínas reguladas positivamente para a zona de digestão. (B) Proteínas reguladas negativamente para a zona de digestão.

Tabela 4 Carboidrases de parede celular que aumentam em abundância para a zona de digestão durante a germinação de *E. oleracea*. As proteínas foram classificadas de acordo com as bases de dados CAZy e WallProtDB. E-value e-100

Acesso	Acesso A. <i>thaliana</i>	Descrição	Função	Substrato
KAG1364081.1	No_hit	Endo-1,3(4)- β -glucanase 1 [<i>Cocos nucifera</i>]	Hidrólise de ligações endo- β (1 $\rightarrow$ 4)-D-glucosídicas em celulose, lignina e -D-glucanos. EC:3.2.1.4	Celulose
XP_008792409.2	Q9SUS0	endoglucanase-like [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
XP_010910841.1	Q9SUS0	endoglucanase-like, partial [<i>Elaeis guineensis</i>]		
KAG1337698.1	Q9M069	glucan endo-1,3- β -glucosidase [<i>Cocos nucifera</i>]	Hidrólise de ligações endo- β (1 $\rightarrow$ 3)-D-glicosídicas em D-glucanos. EC:3.2.1.39	Calose
AFS50098.1	Q9M069	glucan endo-1,3- β -glucosidase [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_008800262.2	F4J270	glucan endo-1,3- β -glucosidase [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
XP_010928748.1	Q93Z08	glucan endo-1,3- β -glucosidase 6 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_010939269.1	Q9M069	glucan endo-1,3- β -glucosidase 7 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_010909077.1	Q6NKW9	glucan endo-1,3- β -glucosidase 8 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Hidrólise de resíduos de α -D-xilose terminais não redutores com liberação de α -D-xilose EC:3.2.1.177	Xiloglucanos
GFLX01021958.1-1	Q9FF55	glucan 1,3- β -glucosidase A [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
GFLX01012547.1	Q9S7Y7	α -xylosidase 1 [<i>Cocos nucifera</i>]		
GFLX01011371.1-2	Q9SGZ5	putative β -D-xylosidase 7 [<i>Cocos nucifera</i>]		
XP_008808183.2	Q9SGZ5	probable β -D-xylosidase 7 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
AFS50097.1	Q9FLG1	β -D-glucan exohydrolase [<i>Elaeis guineensis</i>]	Hidrólise de resíduos de β -D-galactose não redutores terminais em β -D-galactosídeos. EC:3.2.1.23	Galactanos
GFLX01020842.1-1	Q9SCV4	β -galactosidase 6 isoform X1 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
XP_008783343.2	Q8GX69	β -galactosidase 7-like [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
XP_029121153.1	Q93Z24	β -galactosidase 8 isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Hidrólise de terminais não redutores de α -D-	Galactomananos
XP_010909866.1	Q8RX86	α -galactosidase isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
GFLX01008638.1-1	Q8RX86	α -galactosidase isoform X2 [<i>Elaeis guineensis</i>]		

			galactosídeos como galactomananos. EC:3.2.1.22	
XP_010911540.1	Q9FJZ3	mannan endo-1,4- β -mannosidase 1 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_008805818.3	Q9FJZ3	mannan endo-1,4- β -mannosidase 1-like [<i>Phoenix dactylifera</i>]	Hidrólise aleatória de ligações- β (1- $\rightarrow$ 4) - β -D-manosídicas em mananos, galactomananos e glucomananos EC:3.2.1.78	Mananos e Glucomananos
XP_010943133.2	Q9FJZ3	putative mannan endo-1,4- β -mannosidase 9 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_038975456.1	Q9FJZ3	putative mannan endo-1,4- β -mannosidase 9 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
GFLX01006064.1-2	Q9LV33	β -glucosidase 1 [<i>Cocos nucifera</i>]	Hidrólise de resíduos terminais não redutores de β -D-manose em β -D-manosídeos EC 3.2.1.25	Mananos e celulose
XP_010922562.1	Q9LV33	β -glucosidase 1-like [<i>Elaeis guineensis</i>]		
GFLX01010426.1-1	P94078	α -mannosidase At3g26720 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Hidrólise de resíduos terminais, não redutores de α -D-manose em α -D-manosídeos. EC:3.2.1.24	Glicoproteínas
XP_008791035.2	Q8LPJ3	α -mannosidase At3g26720 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
GFLX01010748.1-2	Q75W54	putative Mannosylglycoprotein endo- β -mannosidase [<i>Cocos nucifera</i>]	Hidrolisa a ligação entre Manone- β -1,4-GlcNAc em trimanoses centrais de N-glicanos	Mananos
GFLX01021717.1	Q84MC1	probable polygalacturonase [<i>Elaeis guineensis</i>]		
XP_008794777.2	Q9LW07	probable polygalacturonase isoform X1 [<i>Phoenix dactylifera</i>]	Hidrólise aleatória de ligações α (1 $\rightarrow$ 4) -D-galactosidurônicas em pectina. EC:3.2.1.15	Pectina
XP_008810195.2	Q9LW07	probable polygalacturonase isoform X1 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
GFLX01005390.1-2	Q9LXD9	Pectinesterase [<i>Cocos nucifera</i>]	Atua na modificação das paredes celulares via desmetilesterificação da pectina da parede celular	
XP_010910890.1	Q8RXK7	probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 41 [<i>Elaeis guineensis</i>]		

Tabela 5 Peptidases que aumentam em abundância para a zona de digestão durante a germinação de *E. oleracea*. As classes mecânica foram determinadas de acordo a base de dados MEROPS e a localização parede celular de acordo com a base de dados WallProtDB. E-value e-100

Acesso	Acesso A. <i>thaliana</i>	Descrição	Classe mecânica	Localização
ABR19827.1	P43297	cysteine proteinase [<i>Elaeis guineensis</i>]	Cysteine	Parede celular
XP_010926983.1	O04496	aspartyl protease AED3-like [<i>Elaeis guineensis</i>]	Aspartic	
GFLX01010236.1-1	P43297	oryzain alpha chain-like [<i>Phoenix dactylifera</i>]	Cysteine	
XP_010909984.1	Q9S7T8	serpin-ZXA [<i>Elaeis guineensis</i>]		
GFLX01020054.1	O65390	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1 [<i>Phoenix dactylifera</i>]	Aspartic	
A0A1P8AV08	O65390	Aspartic proteinase A1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i>	Arpartica	
XP_019706859.1	O65390	aspartic proteinase oryzasin-1 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Aspartic	
XP_029121375.1	O65390	aspartic proteinase oryzasin-1 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Aspartic	
GFLX01010460.1-1	Q9M9Q6	serine carboxypeptidase-like 50 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Serine	
KAG1361343.1	Q67Y83	serine carboxypeptidase-like 51 [<i>Cocos nucifera</i>]	Serine	
XP_029124182.1	Q9C7Z9	serine carboxypeptidase-like 18 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Serine	
KAG1346674.1	Q9LNJ3	aspartyl protease family protein 2 [<i>Cocos nucifera</i>]	Aspartic	
KAG1365677.1	Q9SFB5	Serine carboxypeptidase-like 27 [<i>Cocos nucifera</i>]	Serine	
GFLX01012555.1-1	P32826	serine carboxypeptidase-like [<i>Elaeis guineensis</i>]	Serine	
KAG1359597.1	Q67Y83	putative serine carboxypeptidase-like 51 [<i>Cocos nucifera</i>]	Serine	
GFLX01017008.1	Q1PF50	putative serine protease EDA2 [<i>Cocos nucifera</i>]	Serine	
GFLX01000294.1	Q1PF50	lysosomal Pro-X carboxypeptidase [<i>Elaeis guineensis</i>]	Serine	
XP_010941309.1	O24616	proteasome subunit alpha type-7 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Threonine	
XP_010934682.1	P42742	proteasome subunit beta type-1 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Threonine	
GFLX01005162.1-1	O81148	proteasome subunit alpha type-4 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Threonine	
PGFLX01018807.1	Q7DLR9	proteasome subunit beta type-4 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Threonine	
GFLX01015001.1-1	Q7DLR9	proteasome subunit beta type-4 isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Threonine	

KAG1331368.1	Q93Y35	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 [<i>Cocos nucifera</i>]	Threonine
KAG1368111.1	Q9MAK9	26S proteasome regulatory subunit S10B [<i>Cocos nucifera</i>]	Threonine

5.3.1 Análise de enriquecimento para proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão

Adicionalmente a análise de enriquecimento feita pelo PCA (Tabela 4) foi realizado o teste exato de Fisher com proteínas clusterizadas de maneira a contrastar as abundâncias entre endosperma e zona de digestão (Fig. 19A). Este teste além de identificar as categorias GO enriquecidas, informou se essa categoria é representada por proteínas com aumento ou diminuição de abundância entre endosperma e zona de digestão. Foram identificadas 13 categorias GO enriquecidas (Tabela 5) todas para o cluster 2, que mostra proteínas mais abundantes para a zona de digestão (Fig. 19B). 10 das categorias enriquecidas apresentaram valores de fator de enriquecimento superiores a 1, mostrando que essas categorias GO estão enriquecidas entre as proteínas que aumentam em abundância para a zona de digestão. Essas categorias foram GOMF, subcategorias *mannosidase activity*, *hydrolase activity*, *hydrolyzing O-glycosyl compounds*, *hydrolase activity, acting on glycosyl bonds*, *hydrolase activity*; GOCC, subcategorias *extracellular region part*, *plant-type cell wall*, *extracellular region*, *apoplast*, *external encapsulating structure*, *cell wall*. Esse perfil de enriquecimento em um cluster de proteínas reguladas para cima na zona de digestão, apenas reforça os resultados de que as hidrolases responsáveis pela mobilização de reservas no endosperma estão presentes no endosperma mas tem a sua abundância aumentada para a zona de digestão.

O achado mais evidente desse estudo foi que a digestão do endosperma é regulada juntamente com o desenvolvimento do haustório. Os resultados discutidos nesse tópico identificaram quais as categorias de anotações funcionais estão estatisticamente distintas entre o endosperma e a zona de digestão e permitem sugerir que a mobilização de reservas de mananos é o principal evento biológico para o a digestão do endosperma.

5.4 Principais identificações de proteínas relacionadas a mobilização de reservar

5.4.1 Mobilização de reserva de mananos

A hidrólise de mananos e galactomananos requer a ação sinérgica de três enzimas, β -mananase, β -manosidase e α -galactosidase (MALGAS; VAN DYK; PLETSCHE, 2015). A análise proteômica identificou seis β -mananases para endosperma das quais

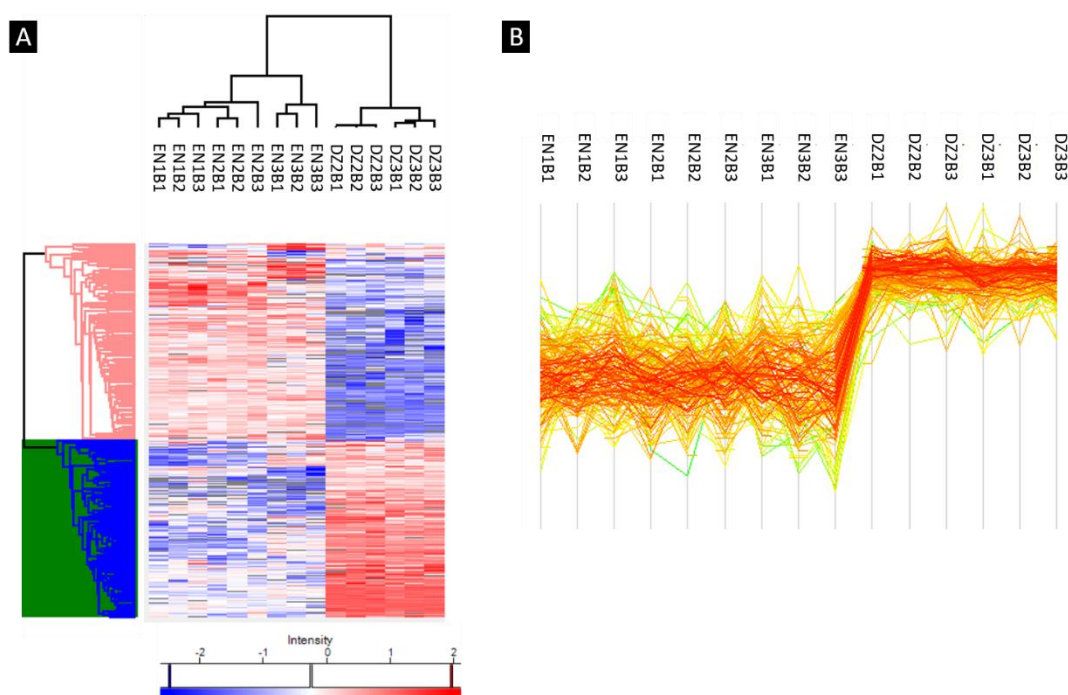


Figura 19. Agrupamento de proteínas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão usado na análise de enriquecimento. (A) HeatMap de proteínas clusterizadas para análise de enriquecimento. (B) Perfil de abundância do cluster marcado em verde mostrando proteínas reguladas para cima na zona de digestão.

Tabela 6 Termos enriquecidos pelo teste exato de Fisher de proteínas reguladas para cima na zona de durante a germinação de *E. oleracea*.

Categoria GO	Subcategoria GO	Fator de enriquecimento
GOMF	mannosidase activity	3.6731
GOCC	extracellular region part	3.2067
GOMF	hydrolase activity, hydrolyzing O-glycosyl compounds	2.8402
GOMF	hydrolase activity, acting on glycosyl bonds	2.8169
GOCC	plant-type cell wall	2.2447
GOCC	extracellular region	2.0678
GOCC	apoplast	1.6063
GOCC	external encapsulating structure	1.5969
GOCC	cell wall	1.5969
GOMF	hydrolase activity	1.4762
GOCC	intracellular part	0.88776
GOCC	cytoplasm	0.3051

cinco eram também presentes na zona de digestão e quatro dessas não variam em abundância entre os estágios de endosperma, mas aumentam para a zona de digestão, no cluster 1 (Fig. 17B1). Dentre essas é chamada a atenção para as enzimas com descrição *mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1* e *putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9* que foram identificadas com maior cobertura, número de peptídeos únicos e PSMs entre as amostras. Quanto a α -galactosidase, foram identificadas 4 proteínas para endosperma e zona de digestão, sendo 3 compartilhadas entre os tecidos e duas também reguladas para cima para a zona de digestão e pouca variação para os estágios de endosperma, as enzimas *α -galactosidase isoform XI* e *α -galactosidase isoform XII*.

O aumento na abundância de β -mananase, α -galactosidase para a zona de digestão, permite sugerir que as hidrolases armazenadas no endosperma não são apenas ativadas durante a germinação como foi proposto por estudos de anatomia, histoquímica e atividade enzimática (DEMASON, DARLEEN A. *et al.*, 1985; MAZZOTTINI *et al.*, 2020) e sim, que essas são sintetizadas durante a mobilização de reservas.

Alguns dos resultados aqui apresentados já foram publicados mostrando um achado semelhante (NASCIMENTO *et al.*, 2020). No entanto, o relato prévio era de que algumas das carboidrases relacionadas a mobilização de mananos não eram identificadas para o endosperma no estágio EN1, mas sim para os estágios tardios da germinação, ao mesmo tempo que essas hidrolases também eram identificadas para o haustório. Os resultados apresentados aqui são, oriundos de uma nova análise, com bancos de dados atualizados, a inclusão dos estágios zona de digestão DZ2 e DZ3 e com o emprego da abordagem MBR que possibilita a identificação de proteínas mesmo sem a sua detecção por MS2 (YU; HAYNES; NESVIZHSKII, 2020). Dessa forma foi possível identificar proteínas não antes detectadas para o estágio EN1. A abordagem MBR permitiu identificar e quantificar diversas hidrolases entre todos os estágios de desenvolvimento de endosperma e zona de digestão, no entanto é importante avaliar as amostras de um tecido individualmente, quando esses dados são usados como embasamento dos principais achados do trabalho

O aumento na abundância para hidrolases poderia ser erroneamente explicado pela interpretação da zona de digestão como uma porção do endosperma onde ocorreu o acúmulo de hidrolases pela diminuição do volume do endosperma. De maneira que, conforme o endosperma é consumido, as enzimas armazenadas ocupam um espaço

menor, o que resulta no aumento de abundância de proteínas para a zona de digestão comparada ao endosperma. Essa suposição estaria equivocada por desconsiderar que os valores de abundância de proteínas são normalizados durante a análise quantitativa (KARPIEVITCH *et al.*, 2018). Além disso, os resultados das análises de enriquecimento mostram que são proteínas específicas que aumentam em abundância, caso a diminuição de volume de endosperma tivesse alguma influência na abundância de hidrolases, não seria observado o enriquecimento de rotas relacionadas a mobilização de mananos. Dessa forma, a explicação mais parcimoniosa para o aumento de abundância de enzimas relacionadas a degradação de mananos na zona de digestão é a síntese dessas proteínas durante a mobilização do endosperma.

5.4.2 Hidrolases responsáveis pela mobilização de reserva de parede durante a germinação

A α -galactosidase (EC 3.2.1.22) e β -mananase (EC 3.2.1.78) são enzimas já estudadas em Arecaceae com sequências conhecidas e disponíveis (BUCKERIDGE, M. S. *et al.*, 2000; GHOSH *et al.*, 2013). No entanto, as sequências para β -manosidase (EC 3.2.1.25) não estão disponíveis para Arecaceae ou *A. thaliana*, impossibilitando a sua identificação pela abordagem proteômica por PSM. Até o momento, apenas uma β -manosidase de tomate foi clonada e caracterizada em plantas (MO; BEWLEY, 2002). Essa proteína apresenta alta similaridade com β -glucosidases (EC 3.2.1.21) e ambas são exo-hidrolases pertencentes à família GH1 (BAUER *et al.*, 1996; KAPER *et al.*, 2002; MALGAS; VAN DYK; PLETSCHE, 2015). Em *A. thaliana*, a proteína β -glucosidase apresenta atividade β -manosidase como uma das anotações funcionais (AHN *et al.*, 2007). Adicionalmente, é necessário considerar falhas durante a anotação de proteínas nas bases de dados. Considerando essas similaridades, é sugerido que a atividade β -manosidase necessária para a quebra de oligossacarídeos de manose seja realizada por enzimas com a descrição β -glucosidase.

Foram identificadas 6 β -glucosidase para endosperma e zona de digestão, sendo 5 compartilhadas entre os tecidos, e quatro dessas diferencialmente abundantes entre endosperma e zona de digestão, com duas reguladas para cima na zona de digestão, agrupadas no cluster 1. No entanto, foi identificada uma β -glucosidase (KAG1368123.1) regulada para baixo na zona de digestão com a mesma descrição que umas das β -

glucosidase do cluster 1. Essa identificação dupla se deve a redundância nas descrições nos bancos de dados usados. A enzima no cluster 1, (GFLX01006064.1-2) foi oriunda do banco de dados transcriptoma e conforme o resultado do blast contra o banco de dados *Arecaceae* + *A. thaliana*, foi atribuída a descrição β -glucosidase (KAG1368123.1) de *Cocos nucifera*. A identificação quantificada como regulada para baixo na zona de digestão foi detectada por MS2 em apenas 3 replicatas de EN2, sendo o restante das replicatas detectadas apenas por MS1 e valores de quantificação atribuídos por MBR, enquanto que a identificação GFLX01006064.1-2, regulada para cima na zona de digestão foi detectada por MS2 em todas as corridas de EN3, 6 de 9 corridas de EN2. Como a identificação regulada para baixo na zona de digestão foi majoritariamente por MS1 esse dado foi desconsiderado. Embora o objetivo do MBR seja transferir identificações entre corridas para diminuir o problema de valor ausente, essa abordagem tem o potencial de introduzir falsos positivos (LIM *et al.*, 2020).

Considerando β -glucosidase como envolvida na hidrólise dos oligossacarídeos de manose produzidos pela β -mananase. No presente trabalho foram identificadas todas as hidrolases responsáveis por mobilizar mananos até monossacarídeos de manose. Essas são presentes em todos os estágios do endosperma e aumentam em abundância para a zona de digestão durante a germinação. Com base nos resultados apresentados é sugerido que as hidrolases responsáveis pela mobilização de mananos são sintetizadas durante a digestão do endosperma.

O endosperma é um possível sítio de síntese para essas hidrolases. A análise quantitativa identificou diversas peptidases envolvidas na mobilização de corpos proteicos reguladas para cima na a zona de digestão. Os aminoácidos liberados tem três possíveis destinos, serem absorvidos pelo haustório e transportados para a plântula em desenvolvimento; serem consumidos como energia pela respiração celular, ou serem utilizados para a síntese de proteínas que atuam no endosperma (TONINI; CARRARA; BUCKERIDGE, 2010). Tanto o endosperma como a zona de digestão apresentam proteínas classificadas como envolvidas na síntese de proteínas, como é mostrado na Tabela Suplementar II. Todo o maquinário de ribossomos, fatores de tradução, tRNA ligase e chaperonas foi identificada para o endosperma e zona de digestão. A análise quantitativa não mostrou uma tendência clara, sendo identificadas proteínas envolvidas na síntese de proteínas em todos os clusters mostrados na Figura 16. Mazzotini *et al.*, (2020) sugeriu que a zona de digestão não poderia estar envolvida na síntese de hidrolases

por não apresentar o maquinário celular necessário a síntese proteica. De acordo com esses autores, a mobilização de reserva de parede se dá após o desaparecimento da reserva proteica e formação de um grande vacúolo e diminuição do volume citoplasmático. Considerando que a degradação da parede celular é mais avançada para porção da zona de digestão adjacente ao haustório, como é mostrado na Figura 2, dois possíveis sítios de hidrolases podem ser hipotetizados. Essas podem ser sintetizadas na porção da zona de digestão distal ao haustório, e iniciam a degradação da reserva de parede, ou as hidrolases podem vir do próprio haustório e se difundirem pela zona de digestão conforme a parede celular perde integridade.

5.4.3 Composição da reserva de manose na semente

A composição de carboidratos da semente de açaí foi determinada, sendo a manose o seu carboidrato mais abundante (MONTEIRO *et al.*, 2019; RAMBO *et al.*, 2015). Monteiro *et al.*, (2019) sugeriram que a reserva de manose está na forma de mananos puros, pois as proporções de manose e galactose não corroboram com a presença de uma reserva de galactomananos na semente, uma vez que a proporção de galactose é muito baixa em relação a manose. Além disso, a consistência dura da semente também corrobora com a presença de mananos puros (BUCKERIDGE, MARCOS SILVEIRA, 2010). No entanto, a quantificação de α -galactosidase com o mesmo padrão de abundância que β -mananase durante a digestão do endosperma é um forte indício de que a reserva na semente também é constituída por galactomananos. Uma explicação para as proporções de manose:galactose obtidas por esses autores, pode ser a presença de uma reserva de manose diferente dos polissacarídeos $\beta(1 \rightarrow 4)$. Duas α -manosídeses, foram identificadas para endosperma, zona de digestão e haustório, sendo reguladas para cima na zona de digestão. Esse resultado pode ser explicado pela presença de uma reserva de manose em glicoproteínas que é liberada pela ação de α -manosídesase (LI, YU-TEH, 1966). O endosperma de Arecaceae acumula reservas na forma de corpos proteicos. Possivelmente, a mobilização de glicoproteínas com reservas de manose contribui para o teor de manose.

Considerando as identificações de β -mananases, α -galactosídeses e a atividade beta-manosídesase descrita para β -glucosídesase, os resultados apresentados aqui mostram

que a reserva de manose na semente de açaí provavelmente está na forma de galactomananos, mananos puros, e manose ligada a glicoproteínas.

5.4.4 Mobilização de reservas diferentes de mananos

Monteiro *et al.*, (2019) mostraram que a hidrólise enzimática de sementes de açaí com β -mananase e β -manosidase em uma concentração de 26,750 IU/g e 15.05 IU/g respectivamente teve um rendimento de apenas 3% de recuperação de manose quando não combinado a hidrólise ácida. Enquanto a hidrólise enzimática após a hidrólise ácida resultou em um rendimento de 96% de recuperação de manose. Este achado demonstra que a atividade de enzimas relacionadas a quebra de mananos é combinada a ação de outras proteínas provavelmente de localização extracelular envolvidas na desorganização da parede.

A Tabela 4 mostra uma diversidade de carboidrases de parede celular reguladas para cima na zona de digestão mostrando a necessidade de uma ação conjunta de diversas enzimas para liberar a reserva de manose da parede. A composição de pectina chega a 30% de polissacarídeo da parede celular primária, onde a pectina forma um gel hidratado na qual a rede de microfibrilas de celulose e outros componentes da parede celular são incorporados (LEVESQUE-TREMBLAY *et al.*, 2015). Foi identificada uma diversidade de pectinesterase e polygalacturonase reguladas para cima na zona de digestão. Também foram identificadas enzimas relacionadas a degradação de xiloglucanos (α -xilosidases, β -galactosidases, β -glucosidases). Onde a ação de β -galactosidases quebra xiloglucanos em oligossacarídeos que são degradados a xilose e glucose pela ação de β -glucosidases seguidas por α -xilosidases (FANUTTI; GIDLE; REIDI, 1993). Considerando a complexidade estrutural da parede celular, não é surpresa a identificação de uma diversidade de carboidrases durante a digestão do endosperma. No entanto, a identidade específica de carboidrases necessárias para o remodelamento da parede celular de maneira a permitir a mobilização de mananos no açaí não é conhecido, possivelmente um estudo de como a abundância de carboidrases específicas varia em relação a abundância de β -mananases poderia dar um indício da identidade de enzimas chaves para a mobilização de mananos.

5.4.5 Mobilização de corpos proteicos e corpos lipídicos

A figura 17 compara as proteínas diferencialmente abundantes entre a zona de digestão e o endosperma de proteínas classificadas como carboidrases, peptidases, lipases e envolvidas no metabolismo redox. De modo geral, essa figura mostra que durante a digestão do endosperma diversas enzimas relacionadas a mobilização de reservas são reguladas positivamente para a zona de digestão e muitas dessas estão localizadas na parede celular. Este resultado apenas reforça a hipótese de que a mobilização de reservas não é realizada pelas proteínas armazenadas no endosperma e sim que essas são sintetizadas durante a germinação.

Foram identificadas quatro *Aspartic proteinase oryzasin*, conhecidamente envolvidas na degradação de corpos proteicos (MAZORRA-MANZANO *et al.*, 2010). Este resultado corrobora com o padrão de mobilização de proteicas de reservas descrito para Arecaceae, que mostra que os corpos proteicos são degradados culminando na formação de um vacúolo, que contribui para a mobilização de corpos lipídicos (MAZZOTTINI *et al.*, 2020; Dias *et al.*, 2020).

O endosperma sofre morte célula programada como parte do processo para a mobilização de reservas em Angiospermas (MOYANO *et al.*, 2018). Como foi mostrado para *Butia capitata* (Arecaceae), ocorre a formação de um vacúolo central, sitio de ação de diversas hidrolases durante o estabelecimento da zona de digestão (SOUZA DIAS *et al.*, 2018). A formação de um vacúolo central é um processo descrito pra a PCD (ZHENG *et al.*, 2017). Para o endosperma foi identificado quatro proteínas reguladas positivamente para a zona de digestão envolvidas na morte celular programada, seja pela ação inibitória de metacaspase-9 pela *serpin-ZXA* (VERCAMMEN *et al.*, 2006) ou pela ação de *aspartic proteases* (APs; E.C.3.4.23) (FIGUEIREDO *et al.*, 2021). Também foram identificadas subunidades do complexo proteasome e proteasome 26S como reguladas positivamente para a zona de digestão. A identificação dessa diversidade de peptidases reforça a importância da reserva proteica como substrato para a proteólise e fornecimento de aminoácidos que podem ser utilizados para síntese de hidrolases envolvidas na mobilização de reservas (GALLARDO *et al.*, 2007).

Foram identificadas diversas proteínas envolvida na degradação da reserva lipídica reguladas positivamente para a zona de digestão em relação ao endosperma. Dentre essas estavam, duas *peroxygenase*, conhecidas como caleosinas, proteínas da superfície de corpos lipídios envolvidas na interação de corpos lipídicos com vacúolos

durante germinação (POXLEITNER *et al.*, 2006). Adicionalmente, uma *GDSL esterase/lipase*, uma lipase presente no meio extracelular com a atividade de liberar ácidos graxos; *3-ketoacyl-CoA thiolase 2, peroxisomal* e *glyoxysomal fatty acid β -oxidation multifunctional protein MFP-a*, ambas envolvidas na β -oxidação de ácidos graxos de cadeia longa que antecede a gliconeogênese durante a germinação e desenvolvimento de plântulas (GERMAIN *et al.*, 2001; RYLOTT *et al.*, 2006). Esses resultados mostram que a mobilização de lipídeos está acontecendo na zona de digestão e que um dos destinos dessa reserva é a conversão a carboidratos pelo ciclo do glioxilato.

Diversas enzimas envolvidas no ciclo do glioxilato foram identificadas para endosperma total e zona de digestão, como foi mostrado na Tabela Suplementar III. Um resultado não esperado foi a identificação das enzimas *isocitrate lyase* (XP_008803215.2) e *malate synthase, glyoxysomal*, ambas participantes do ciclo do glioxilato (BEWLEY, J. DEREK; *et al.*, 2013) como reguladas positivamente para a zona de digestão. Essas identificações mostram que a mobilização de lipídios envolve a interação dos corpos lipídicos com os vacúolos pela ação das caleosinas, a liberação de ácidos graxos pela ação de lipases e os ácidos graxos liberados podem ser absorvidos pelo haustório ou processados no próprio endosperma pelo ciclo do glioxilato para a produção de açúcares não redutores como a sacarose, o principal açúcar transportável (RENNIE; TURGEON, 2009), e transportados para o cotilédono. Essa suposição é suportada pela identificação da enzima sacarose sintase como regulada negativamente para a zona de digestão, mas não variante entre os estágios de endosperma.

5.4.6 Transporte de reservas mobilizadas no endosperma para o haustório

Quanto ao catabolismo de ácidos graxos, é possível sugerir que esses são metabolizados até sacarose para só então ser transportado para o haustório uma vez que não foram identificados transportadores de monossacarídeos manose, glicose ou galactose para haustório, endosperma e zona de digestão. Isso pode ser explicado pelo fato de tanto mono como di-sacarídeos serem solutos hidrofílicos capazes de difundir através da matriz de parede celular (apoplasto) e a difusão entre o citoplasma de células vizinhas ocorrem através de plasmodesmas (EDVILLE, 1998). O endosperma em *Arecaceae* é constituído por células vivas que apresenta muitas comunicações por campos de pontuação repletos de plasmodesmas (DE MASON *et al.*, 1983; PANZA *et al.*, 2004a).

A permeabilidade de plasmodesmas é controlada pelo balanço de calose, um polissacarídeo que bloqueia o plasmodesma, cuja presença é regulada pela atividade antagônica das enzimas calose sintase e endo- β -1,3-glucanase (WU *et al.*, 2018). Um total de 14 endo- β -1,3-glucanase foram identificadas para a zona de digestão e endosperma, 12 dessas compartilhadas entre essas duas regiões sendo 9 reguladas para cima na zona de digestão. A calose sintase não foi identificada para o endosperma ou zona de digestão. Esses resultados permitem sugerir que com o estabelecimento da zona de digestão, a calose dos plasmodesmas é degradada pela ação de endo- β -1,3-glucanase propiciando o fluxo pelos plasmodesmas. Dessa forma, provavelmente os monossacarídeos resultantes da hidrólise da parede são convertidos a sacarose no endosperma e então transportados para o haustório. A identificação do transportador de sacarose *sucrose transport protein SUT3 isoform X* exclusiva para haustórios estágios HA2, HA3 e HA4 corrobora com essa hipótese. Esses resultados contribuem para a hipótese de que o endosperma é um tecido ativo na mobilização de reservas em *E. oleraceae*.

O único transportador de monossacarídeos identificado foi uma proteína *putative UDP-xylose transporter 3*, exclusiva de haustório, presentes em todos os estágios de desenvolvimento mas não diferencialmente abundantes. Essa identificação pode ser explicada pela composição de xiloglucanos em paredes de cotilédones, que estão sendo remodeladas durante a expansão celular que ocorre no haustório (BUCKERIDGE, MARCOS SILVEIRA, 2010). Sobre a biossíntese de Xiloglucanos, foram identificadas quatro *UDP-glucuronic acid decarboxylase*, para o haustório, sendo uma dessas regulada para cima com o desenvolvimento dessa estrutura. Essa enzima é responsável pela conversão irreversível de UDP-ácido glucurônico em UDP-xilose, o doador de xilose para a síntese de xilanos e xiloglucanos (KUANG *et al.*, 2016). Esses resultados apenas reforçam o envolvimento no metabolismo de xilanos no desenvolvimento do haustório.

5.5 Análise de proteínas que variam em abundância durante o desenvolvimento do haustório

A análise quantitativa dos quatro estágios de haustório utilizou o teste ANOVA baseado em permutação com um $FDR \leq 5\%$ e identificou 463 proteínas diferencialmente abundantes entre os 4 estágios de desenvolvimento do haustório (Tabela suplementar VIII, Fig. 20A) agrupadas em 6 clusteres de acordo com perfil de abundância no decorrer do desenvolvimento do haustório (Fig. 20B).

Os clusters 1, 2 e 3 contém as proteínas reguladas para cima com o crescimento do haustório. Foram identificadas diversas carboidrases (Tabela 7) e peptidases (Tabela 8) como reguladas positivamente com o desenvolvimento do haustório. O cluster 1 contém 51 proteínas que aumentam em abundância gradativamente com o desenvolvimento. Nesse cluster é chamado a atenção para as identificações *α -galactosidase isoform X1* e *α -galactosidase isoform X2* e *α -mannosidase* que também foram identificadas como reguladas para cima na zona de digestão. O cluster 2 contém 43 proteínas que aumentam em abundância com o início do desenvolvimento do haustório, mas diminuem para os estágios tardios. O cluster 3 contém 173 proteínas que aumentam em abundância com o

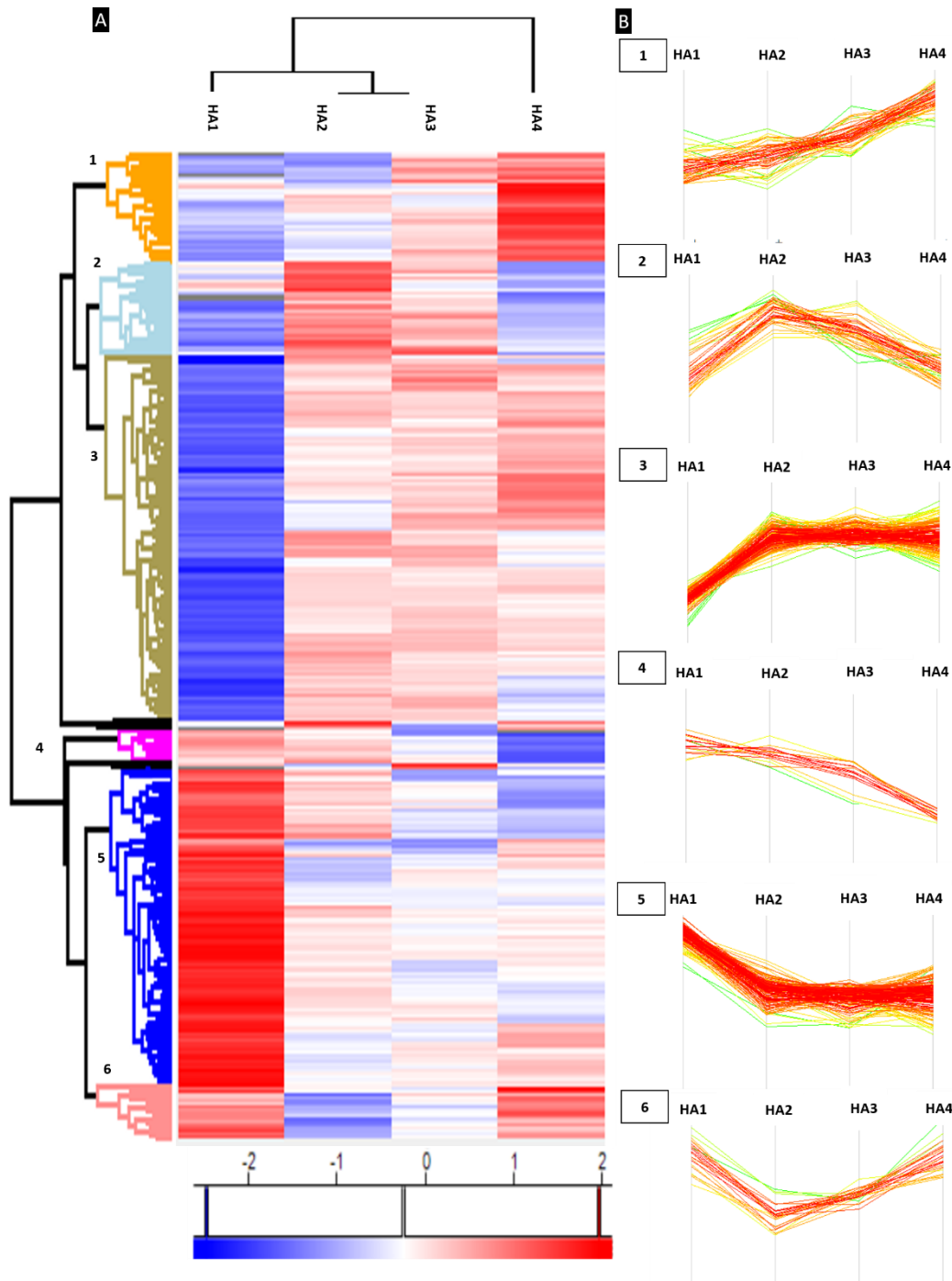


Figura 20. Representação de proteínas que variam em abundância durante o desenvolvimento do haustório de *E. oleraceae*. (A) HeatMap de proteínas diferencialmente abundantes no haustório durante a germinação de *E. oleraceae*. (B) Perfil de abundância de proteínas clusterizadas no decorrer do desenvolvimento.

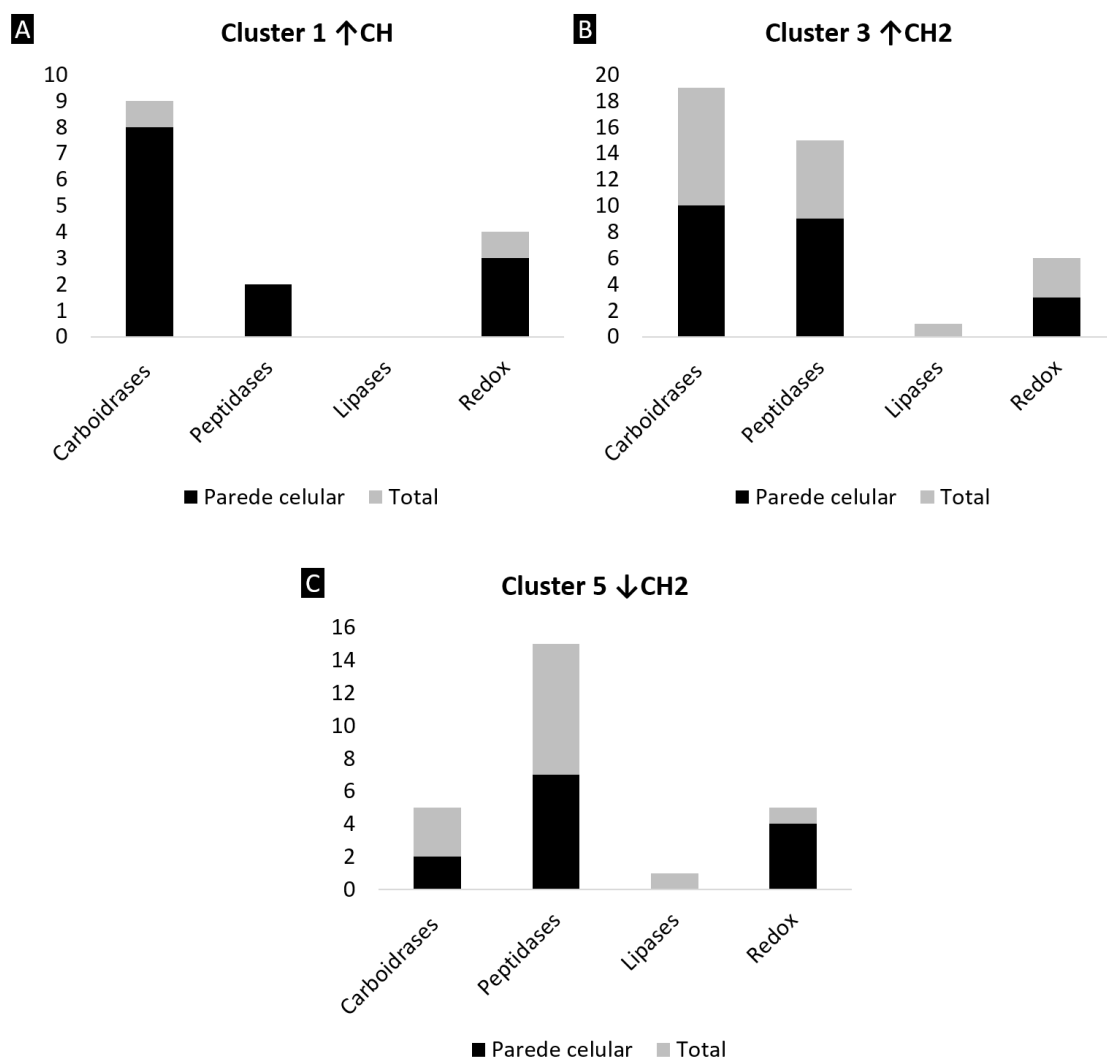


Figura 21. Distribuição de carboidrases, peptidases, lipases, proteínas envolvidas no metabolismo redox, proteínas de reserva e proteínas de parede celular diferencialmente abundantes para o desenvolvimento de haustório de *E. oleracea*.

Tabela 7 Carboidrases que aumentam em abundância durante o desenvolvimento do haustório de *E. oleracea*. As proteínas foram classificadas de acordo com as bases de dados CAZy e WallProtDB. E-value e-100

Cluster	Acesso	ID. A. <i>Thaliana</i>	Descrição	Localização	Metabolismo
3	GFLX01015288.1	Q9SD76	Alpha-1,4 glucan phosphorylase	WallProtDB	Amido
3	GFLX01014504.1-1	Q9SD76	alpha-glucan phosphorylase, H isozyme		
3	XP_019706257.1	Q9SD76	alpha-glucan phosphorylase, H isozyme [<i>Elaeis guineensis</i>]		
1	GFLX01016682.1-1	Q9LIB2	putative Alpha-1,4 glucan phosphorylase		
2	GFLX01019940.1	Q9LXL5	sucrose synthase 1		
1	XP_010910841.1	Q9SUS0	endoglucanase-like, partial [<i>Elaeis guineensis</i>]		celulose
1	KAG1354273.1	Q9M2M0	Glucan endo-1,3- β -glucosidase [<i>Cocos nucifera</i>]		Calose
3	XP_008802734.1	Q9M069	glucan endo-1,3- β -glucosidase [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
3	XP_038974681.1	Q8VZJ2	glucan endo-1,3- β -glucosidase-like [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
3	KAG1342407.1	Q9SGZ5	putative β -D-xylosidase 7 [<i>Cocos nucifera</i>]		Xiloglucanos
3	XP_008808183.2	Q9SGZ5	probable β -D-xylosidase 7 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
3	GFLX01005118.1-2	Q6DBP4	pectin acetylesterase 8-like isoform X1	WallProtDB	Pectina
2	XP_010939846.1	O49006	pectinesterase [<i>Elaeis guineensis</i>]		
1	KAG1363886.1	Q9M5J9	polygalacturonase inhibitor [<i>Cocos nucifera</i>]		Galactanos
2	XP_010907797.1	Q9FN08	β -galactosidase 3 isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
1	XP_010909866.1	Q8RX86	alpha-galactosidase isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]		Galactomananos
1	GFLX01008638.1-1	Q8RX86	alpha-galactosidase isoform X2		
1	XP_010922771.1	Q9LZV3	mannan endo-1,4- β -mannosidase 8 isoform X1 [<i>Elaeis guineensis</i>]		Mananos
3	XP_038975456.1	Q9FJZ3	putative mannan endo-1,4- β -mannosidase 9 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
3	GFLX01006064.1-2	Q9LV33	β -glucosidase 1		Mananos e celulose
3	KAG1368123.1	Q9LV33	β -glucosidase 1 [<i>Cocos nucifera</i>]		
3	XP_010936326.1	Q9FZE0	β -glucosidase 6 isoform X2 [<i>Elaeis guineensis</i>]		
3	GFLX01010426.1-1	P94078	alpha-mannosidase At3g26720		Glicoproteínas
3	XP_008791035.2	Q8LPJ3	alpha-mannosidase At3g26720 [<i>Phoenix dactylifera</i>]		
1	GFLX01000281.1-1	P19171	chitinase 3-like		Quitina

Tabela 8 Peptidase que aumentam em abundância com o desenvolvimento do haustório de *E. oleracea*. As classes mecânica foram determinadas de acordo a base de dados MEROPS e a localização parede celular de acordo com a base de dados WallProtDB. E-value e-100

Cluster	Acesso	ID. A. <i>Thaliana</i>	Descrição	Localização	Classe mecânica
3	GFLX01000138.1-1	Q8H0S9	puromycin-sensitive aminopeptidase isoform X1		Aminopeptidase
2	GFLX01000442.1	Q9LS40	probable aspartyl protease At4g16563		Aspartic
3	GFLX01005183.1-1	O64518	metacaspase-5		Cysteine
3	XP_010939148.1	Q42290	LOW QUALITY PROTEIN: probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [<i>Elaeis guineensis</i>]		Metallo
3	KAG1346640.1	O04308	putative Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha [<i>Cocos nucifera</i>]		Metallo
3	GFLX01014855.1-1	Q42290	probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial		Metallo
3	GFLX01005764.1-1	Q8VZF3	probable glutamyl endopeptidase, chloroplastic		Serine
2	XP_008800005.2	Q94B60	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 4, chloroplastic [<i>Phoenix dactylifera</i>]		Serine
2	GFLX01005472.1	Q9S834	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 5, chloroplastic		Serine
3	KAG1334631.1	O04496	aspartyl protease 25 [<i>Cocos nucifera</i>]		Aspartic
1	GFLX01020054.1	O65390	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1		Aspartic
3	GFLX01000011.1	Q8H166	cysteine proteinase		Cysteine
3	GFLX01005524.1-2	Q94AM1	probable cytosolic oligopeptidase A		Metallo
3	XP_019711047.1	Q67Y83	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X4 [<i>Elaeis guineensis</i>]	Parede celular	Serine
3	GFLX01005426.1-2	Q9SZV5	subtilisin-like protease SBT2.5		Serine
3	GFLX01010460.1-1	Q9M9Q6	serine carboxypeptidase-like 50		Serine
1	KAG1341810.1	Q9C7Z9	putative Serine carboxypeptidase-like 18 [<i>Cocos nucifera</i>]		Serine
3	KAG1347875.1	O65351	putative Subtilisin-like protease SBT1.7 [<i>Cocos nucifera</i>]		Serine
3	GFLX01010438.1-2	O65351	subtilisin-like protease SBT1.7		Serine

início do desenvolvimento do haustório. Nesse cluster é chamada a atenção para a enzima *putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9* e *β-glucosidase* também identificadas como regulada para cima na zona de digestão e que tem papel fundamental na mobilização de mananos no endosperma.

Os clusters 4, e 6 apresentam as proteínas reguladas para baixo com o desenvolvimento do haustório. Foram identificadas menos carboidrases, peptidases, e proteínas relacionadas ao metabolismo redox para esses clusters. Algumas carboidrases envolvidas no metabolismo de parede celular e metabolismo de amido. As peptidases identificadas eram em sua maioria relacionada ao turn over de proteínas, e transporte de auxinas

5.5.1 Haustório como possível sítio de síntese para hidrolases

A análise proteômica identificou uma diversidade de carboidrases de parede celular que aumentam em abundância com o desenvolvimento do haustório que muito provavelmente estão envolvidas no remodelamento da parede celular necessário para a expansão e consequente crescimento dessa estrutura. Portanto a discussão sobre a atividade secretora do haustório é focada nas hidrolases envolvidas na quebra de mananos, que não são carboidratos abundantes em cotilédones (BUCKERIDGE, MARCOS SILVEIRA, 2010).

Para o haustório foram identificadas 5 *β*-mananases sendo 3 compartilhadas com o endosperma e duas reguladas para cima com o desenvolvimento do haustório. É chamada a atenção para a enzima *putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9*, também regulada para cima na zona de digestão. Quanto a *α-galactosidases*, foram 5 identificações, 4 compartilhada com a zona de digestão e 3 com zona de digestão e endosperma. Em especial é chamada a atenção para as enzimas *α-galactosidase isoform X1* e *α-galactosidase isoform X2* ambas reguladas para cima com o desenvolvimento do haustório e também para a zona de digestão. Quanto a *β-glucosidases*, foram identificadas 7 para o haustório, sendo 4 compartilhadas com a zona de digestão e cinco com o endosperma. Sendo 3 dessas reguladas para cima no haustório, duas dessas eram a mesma proteína com os acessos do banco de dados de transcriptoma (GFLX01006064.1-2) e o banco de dados Arecaceae + *A. thaliana* (KAG1368123.1). Essa proteína também foi identificada como regulada para cima na zona de digestão.

Dois estudos de avaliação de atividade enzimática β -mananase em haustório, zona de digestão e endosperma distal ao haustório mostraram que a atividade β -mananase aumenta para a zona de digestão com o progresso da digestão do endosperma, e são detectadas para o endosperma distal e haustório, mas se mantem constante (DIAS *et al.*, 2020; MAZZOTTINI *et al.*, 2017), indicando que essa hidrolase não é envolvida com mobilização de reservas de mananos no haustório, o que corrobora com as descrições da composição de polissacarídeos pra o cotilédone que são principalmente arabinogalactanos e xiloglucanos (BUCKERIDGE, MARCOS SILVEIRA, 2010). Esses achados combinados a quantificação de β -mananase, β -glucosidase, e α -galactosidase que aumentam em abundância durante o desenvolvimento do haustório, permitem sugerir que ocorre a síntese dessas hidrolases no haustório e essas são secretadas para a zona de digestão.

A atividade secretora do haustório já foi proposta para *Cocos nucifera* (SUGIMUMA; MURAKAMI, 1990; VERDEIL; HOCHER, 2002), *Elaeis guineensis* (OO; STUMPF, 1983) e *Euterpe oleracea* (NASCIMENTO *et al.*, 2020). Porém Mazzottini *et al.*, (2020), que realizou um estudo de ultraestrutura do desenvolvimento do haustório de *Acrocomia aculeata* (Arecaceae) relatou não ter encontra evidência para a atividade secretora do haustório, provavelmente por não terem visualizado o tráfico de vesículas para a protoderme do haustório e atribuem a detecção de atividade de mananases no haustório como contaminação do endosperma.

Uma vez que o haustório é uma estrutura especializada para absorção de reservas, este pode apresentar microvilosidades como é observado para *Coco nucifera* (VERDEIL; HOCHER, 2002) ou invaginações como foi relatada para *Acrocomia aculeata* (MAZZOTTINI *et al.*, 2017), onde possivelmente poderia ocorrer o aprisionamento de fragmentos do endosperma. No entanto, a possibilidade da influência de contaminação de fragmentos de endosperma para os resultados apresentados nesse trabalho é pouco provável. Em *E. oleracea* o haustório tem uma superfície lisa que não corrobora com a suposição do aprisionamento de fragmentos de endosperma.

Os resultados apresentados nesse tópico permitem a sugestão de que o haustório em *E. oleracea* não é apenas uma estrutura de transporte de reservas mobilizadas e sim, uma possível fonte de hidrolases para a zona de digestão do endosperma. Como foi

previamente descrito para o endosperma. Esses dois tecidos podem juntos contribuir com o estabelecimento da zona de digestão.

5.5.2 Metabolismo de reservas no haustório

Em Arecaceae, ocorre a formação de amido no haustório durante a digestão do endosperma, antes da germinação não é encontrado amido na lâmina cotiledonar (MOURA, ELISA FERREIRA; VENTRELLA; MOTOIKE, 2010). Também foram identificadas fosforilases relacionadas a degradação de amido exclusivas para o haustório (*1,4-alpha-glucan-branching enzyme*, *fructokinase-2-like*, *glucose-1-phosphate adenyltransferase*, *Granule-bound starch synthase 1*, *chloroplastic/amyloplastic*), demonstrando o papel do haustório no armazenamento da reserva mobilizada até essa ser carregada no floema. Não existem registros de acúmulo de amido no endosperma, então provavelmente toda a sacarose produzida é transportada para o haustório onde essa é convertida a amido, ou translocada diretamente para a plântula em desenvolvimento. A ausência de amido no endosperma e seu acúmulo temporário no haustório é um fenômeno já documentado na família Arecaceae (OLIVEIRA, N. C.C. *et al.*, 2013). O papel do amido transitório para o haustório não é completamente compreendido mas provavelmente deve exercer alguma função, sendo que a presença de amido ocorre até mesmo no haustório de plantas hemiparasitas (ZHOU *et al.*, 2021).

5.5.3 Metabolismo de proteínas de reserva no haustório

Dentre as peptidases, foram identificadas proteínas envolvidas na regulação da PCD, mobilização de reserva proteica e ativação de enzimas envolvidas no afrouxamento da parede primaria (Tabela 7). A identificação de peptidases envolvidas em morte celular programada reguladas para cima com o início do desenvolvimento do haustório e digestão no endosperma é outro resultado indicativo da atividade secretora do haustório. Uma vez que não existem evidências da ocorrência de morte celular programada para o haustório, mas esse processo é sugerido para o endosperma (SOUZA DIAS *et al.*, 2018).

As peptidases relacionadas a mobilização de corpos proteínicos foram em sua maioria reguladas para baixo com o desenvolvimento do haustório, esse resultado pode ser explicado pelo fato de que a reserva proteica no cotilédone de Arecaceae é mobilizada no

início da germinação antes do desenvolvimento do haustório, como já foi mostrado para *E. precatoria* (FERREIRA *et al.*, 2020).

5.6 O metabolismo redox no haustório e endosperma durante a germinação.

Uma diversidade de enzimas relacionadas ao controle do metabolismo redox foi identificada para endosperma e haustório, sendo algumas reguladas positivamente com o desenvolvimento do haustório e zona de digestão. O aumento no conteúdo de H_2O_2 no haustório e zona de digestão é um fenômeno já documentado em Arecaceae (SOUZA DIAS *et al.*, 2018). Sendo conhecido o envolvimento de espécies reativas e oxigênio (EROs) na sinalização durante a mobilização de reservas (EL-MAAROUF-BOUTEAU; BAILLY, 2008; GOMES; GARCIA, 2013; LI, ZHAN *et al.*, 2018; VERMA *et al.*, 2015; WOJTYLA *et al.*, 2016), assim como a sinalização para a morte celular programada (PCD) (BAILLY, 2004; KOH *et al.*, 2016).

Existem diversas fontes de radicais livres durante a germinação, sendo a oxidação de lipídios e conversão a carboidratos uma delas. Considerando a identificação de enzimas envolvidas na mobilização de lipídios e sua conversão a carboidratos pelo ciclo do glioxilato é possível sugerir que essas estão contribuindo para formação de H_2O_2 tanto para a zona de digestão assim como para o haustório em desenvolvimento que necessitam ser removidos pela ação de catalases e peroxidases. Além disso, a identificação de enzimas envolvidas no metabolismo redox localizadas na parede celular reguladas para cima na zona de digestão e com o desenvolvimento do haustório é um indicativo de que esses EROs devem estar envolvida na modificação da parede celular pela quebra oxidativa de polissacarídeos e as enzimas identificadas tem a função de modular a concentração de EROs (EL-MAAROUF-BOUTEAU; BAILLY, 2008).

6 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Este trabalho objetivou estudar a interação haustório e endosperma na mobilização de reservas durante a germinação da semente de *E. oleracea*, em especial no que diz respeito ao sítio de síntese de hidrolases envolvidas na mobilização da mananos de parede celular. Os dados apresentados mostraram que o endosperma armazena diversas hidrolases envolvidas na digestão de polissacarídeos de parede celular e que essas aumentam em abundância com a formação da zona de digestão. Quanto ao haustório, a abundância de hidrolases também aumenta com o crescimento dessa estrutura. Esse aumento de abundância de hidrolases durante a digestão do endosperma permite sugerir que ocorre a síntese de hidrolases, possivelmente no endosperma adjacente a zona de digestão e/ou no haustório.

As considerações finais desse trabalho são baseadas principalmente nos resultados da análise proteômica quantitativa. No entanto, estudos proteômicos *untargeted* necessitam de validação por outras técnicas, de maneira a possibilitar a maior confiabilidade possível aos resultados encontrados. Dessa forma são necessários experimentos de confirmação que possibilitem a identificação e quantificação de proteínas específicas que deem suporte a hipótese do haustório como fonte secretora de hidrolases para o endosperma.

A proteômica alvo direcionada por PRM (Parallel Reaction Monitoring) é uma técnica de alta sensibilidade que permite a identificação e quantificação de peptídeos específicos de proteínas de interesse (GALLIEN *et al.*, 2014). Durante o desenvolvimento deste trabalho, foram iniciados experimentos de validação por PRM que não foram concluídos em tempo hábil devido a problemas técnicos. De maneira que apenas as etapas de seleção de proteínas alvos, e seleção de peptídeos detectáveis pelo espectrômetro de massas QExactive Plus foram realizadas.

A estratégia pensada consistiria na identificação e quantificação de proteínas relacionadas a mobilização e acúmulo de reservas tanto temporalmente como espacialmente na semente do açaí. Para tanto, seriam analisados os tecidos zona de digestão (DZ2 e DZ3), endosperma durante a germinação (EN1, EN2 e EN3) e haustório em desenvolvimento (HA1, HA2, HA3 e HA4), com os mesmos estágios avaliados pela proteômica quantitativa desse trabalho. Assim como dois estágios de endosperma da

semente em desenvolvimento, um estágio representativo para o início da formação do endosperma (S1) e um estágio avançado no desenvolvimento do endosperma, mas antes do endurecimento da semente (S2). A inclusão dos estágios endosperma de semente em desenvolvimento possibilitaria comparar os níveis de abundância de proteínas envolvidas no metabolismo da parede celular relacionadas a mobilização de reserva que ocorre durante a germinação, com os níveis de abundância relacionados ao remodelamento da parede, que ocorre durante o desenvolvimento do endosperma.

Foram selecionadas proteínas relacionadas a mobilização de mananos com o intuito de confirmar a identificação de β -mananase, α -galactosidase e β -glucosidase. A quantificação dessas proteínas para os estágios de haustório pode dar suporte a hipótese da função secretora dessa estrutura. Enquanto que para zona de digestão, endosperma em germinação, e endosperma de semente em desenvolvimento, a quantificação pode demonstrar o acúmulo de hidrolases na semente, assim como o seu aumento em abundância para a zona de digestão. Ainda sobre as proteínas envolvidas na degradação da parede celular, seriam avaliadas proteínas envolvidas na quebra de celulose, quebra de xilanos, quebra de pectina e peptidases de parede celular. A quantificação de proteínas envolvidas nesses processos comparadas a quantificação de β -mananase podem ser usadas na identificação de proteínas essenciais a mobilização de mananos e também dar suporte a atividade secretora do haustório. Também seriam avaliadas peptidases relacionadas a morte celular programada, para confirmar o papel da PCD na digestão do endosperma. Por fim, seriam avaliadas proteínas relacionadas a biossíntese e degradação de reserva lipídica para comparar o comportamento da mobilização de lipídios em relação as outras reservas da semente de açaí.

A seleção de proteínas alvos foi baseada nos resultados dos experimentos de proteômica *untargeted* realizados com amostras de haustório, endosperma e zona de digestão obtidos nesse trabalho, assim como os resultados de Melo, 2017, que analisou o proteoma da semente de açaí em desenvolvimento. Os espectros adquiridos foram utilizados na fabricação de uma biblioteca espectral com software Skyline v. 4.2. Esta por sua vez, foi usada na seleção de peptídeos com intensidade alta, previamente detectados em experimentos de DDA (Fig. 22A, Tabela 9). Uma vez selecionados peptídeos, foram realizados experimentos testes para determinar se esses eram detectados pelo espectrômetro de massa QExactive Plus em um gradiente de 60 minutos (Fig. 22B utilizando um método de aquisição com janela de retenção para garantir um mínimo de 8

pontos de aquisição para cada peptídeo (Fig. 22C) e por fim ser possível a quantificação relativa de cada peptídeo entre os tecidos avaliados (Fig. 22D). Como um controle interno, seria utilizado um peptídeo sintético isotopicamente marcado (PSIM) de sequência AVLDFEETSNIGSK* com uma lisina na posição C-terminal sintetizada com carbono 13 e nitrogênio 15 em uma concentração 425 fmol/ μ L, que foi previamente utilizado nos experimentos de Almeida, (2019) (Fig. 22E e Fig. 22F).

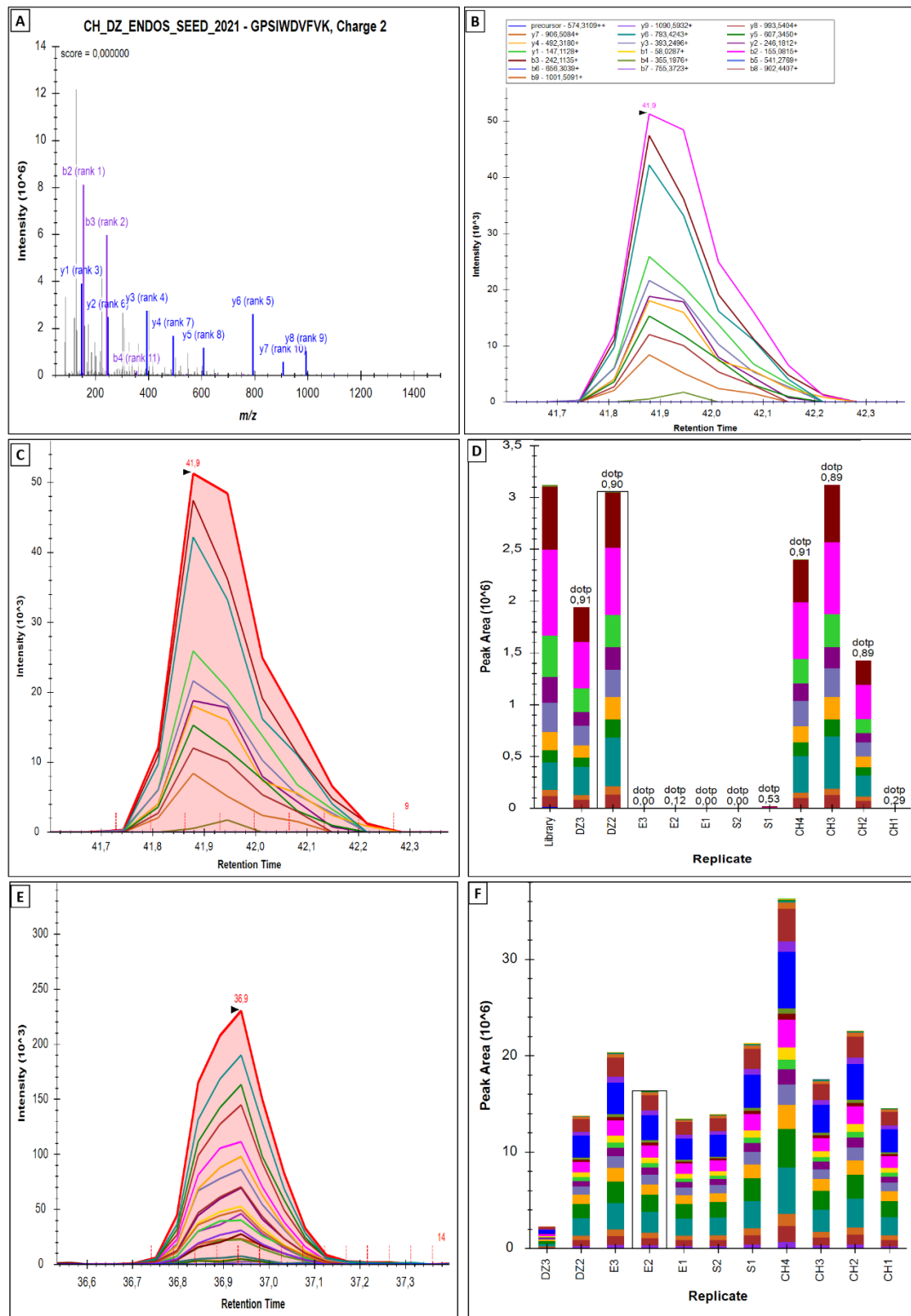


Figura 22 Refinamento de método para identificação e quantificação de peptídeos alvos por PRM para o peptídeo GPSIWDVFK da proteína β -glucosidase (a) Biblioteca espectral mostrando os espectros detectados para este peptídeo por experimentos de DDA. (b) Detecção do peptídeo no espectrômetro de massa QExactive Plus. (c) Verificação de detecção do peptídeo com mais de 8 pontos de aquisição; (d) Comparação entre o valor de área de peptídeo entre as amostras analisadas. (e) Sinal de PSIM: AVLDFEETSNIGSK*. (f) Comparação do sinal do PSIM entre as amostras analisadas

Tabela 10. Lista de proteínas e peptídeos selecionadas para experimentos de validação por PRM			
Acesso	Descrição	Peptídeo	Substrato/Função
XP_010943133.2	putative mannan endo-1,4- β -mannosidase 9 [Elaeis guineensis]	SIDSNHMLNIGLEGYYGESAPDR	Mananos
		SGGPCTGGLFWQVLAEGMDGFK	
XP_010911540.1	mannan endo-1,4- β -mannosidase 1 [Elaeis guineensis]	DSFYWAVYNMIYNSAR	
		AGGPCTGGLFWQMLAQGMDNFR	
XP_008800438.1	α -galactosidase	ETADALVSTGLAK	
		LGIYSDAGFYTCSK	
XP_008810053.1	β -glucosidase 1-like [Phoenix dactylifera]	GPSIWDVVFVK	
		VVAALGYDDGK	
XP_008802645.3	mannosylglycoprotein endo- β -mannosidase isoform X1 [Phoenix dactylifera]	VLDSGWLAAR	
		LVPDPFYGLNNEAILDIADSGR	
XP_008802734.1	glucan endo-1,3- β -glucosidase [Phoenix dactylifera]	SLIAHLVPAMR	Calose
		SPFVVNPYPYFGYNPR	
XP_019710108.1	probable β -D-xylosidase 7 [Elaeis guineensis]	IAQLGDIAPSIPR	Xilano
		WWSESLHGVSDSGR	
XP_010929675.1	alpha-mannosidase At3g26720 [Elaeis guineensis]	EVVTQLTTTMK	Glicoproteínas
		LVVELGPMEIR	
XP_008788175.1	probable polygalacturonase [Phoenix dactylifera]	GGYIQNIYISDVIMK	Pectina
		NVDIAIR	
XP_008795755.1	polygalacturonase inhibitor-like [Phoenix dactylifera]	IYGSIPNQITK	
		LCGEIPVGGNMGR	
XP_010942974.1	pectin acetyl esterase 8 isoform X2 [Elaeis guineensis]	QLSFSGILGNK	
		AVGDWYFGR	
XP_019711047.1	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X4 [Elaeis guineensis]	LYNENESLQR	Peptidase de parede celular
		SPLFIVAESYGGK	
XP_008783276.1	serine carboxypeptidase II-3-like [Phoenix dactylifera]	TAEDNYVFLVNWMER	
		VWIYSGDIDGR	
XP_010926983.1	aspartyl protease AED3-like [Elaeis guineensis]	QLLQTPTYIVR	

		SSLYFVDLVGIR	Morte celular Programada
XP_010926867.1	metacaspase-5 [Elaeis guineensis]	SLPLSTLIEILK	
		GQTGEGGGFMGMVGNLAQEFLK	
AEQ94100.1	ACP synthase, partial [Elaeis guineensis]	LQVSCVAKPETVQK	Biossíntese de ácidos graxos
		QLALSDDTPVTGESK	
XP_010920301.1	peroxygenase [Elaeis guineensis]	ALAAPDVNHPEGTK	Mobilização de corpos lipídicos
		FLPANFENIFSK	
XP_010930359.1	GDSL esterase/lipase At3g26430 [Elaeis guineensis]	DLPLAAITLVDIYSAK	Mobilização de ácidos graxos
		GGAFSDPPVPLSMAHAUSTÓRIOR	
Peptídeo Sintético Isotopicamente Marcado		AVLDLFEETSNIGSK*	Controle

7 PERSPECTIVAS FUTURAS

Os resultados identificaram uma diversidade de carboidrases que aumentam em abundância com o desenvolvimento do haustório, assim como para a zona de digestão comparada ao endosperma, permitindo sugerir que as hidrolases responsáveis pela mobilização de reservas são sintetizadas no endosperma e/ou haustório e transportadas para a zona de digestão. Experimentos de análise de expressão *in situ* de amostras de semente em germinação seriam conclusivos para a identificação do sítio de síntese de hidrolases na semente de açaí.

As análises *in situ* utilizam amostras de tecidos fixadas em formalina, ou algum outro fixador e inclusas em uma matriz que permite a secção do tecido, que podem ser usadas por técnicas de RT-PCR *in situ* e hibridização *in situ* para análise de expressão transcricional de hidrolases já identificadas pelos experimentos de proteômica quantitativa. As sequências de peptídeos identificadas nesses trabalhos podem ser usadas como base para a fabricação de primers degenerados que seriam usados na fabricação de sondas para a hibridização *in situ*, ou em reações de PCR *in situ* para identificar regiões do tecido onde ocorre a transcrição de hidrolases como β -manosídeses e α -galactosídeses. A identificação de transcritos exclusiva para um tecido, seria uma evidência forte que tido tecido é o sítio de síntese de hidrolases.

Outra abordagem a ser considerada para análise *in situ*, é a espectrometria de massa por imagem MALDI, esta permitiria não apenas a detecção de hidrolases em diferentes regiões do endosperma e haustório, mas seria focada na busca por modificações pós tradicionais que diferenciam as carboidrases presentes na zona de digestão e no endosperma não digerido. O aumento de abundância de carboidrases para a zona de digestão deixa claro que existe a síntese de novas carboidrases com a germinação, no entanto, a identificação dessas proteínas para o endosperma antes da germinação permite sugerir que além de ocorrer a síntese de novas proteínas, as carboidrases já presentes devem passar por algum processo de regulação pós-tradicional. Dessa forma, identificar quais os contrastes entre a zona de digestão e o endosperma no que diz respeito às proteínas relacionadas a mobilização de reservas de mananos é um passo crucial para o desenvolvimento de estratégias para a liberação de manose da semente de açaí.

REFERÊNCIAS

AHN, Young Ock *et al.* Functional genomic analysis of *Arabidopsis thaliana* glycoside hydrolase family 35. **Phytochemistry**, v. 68, n. 11, p. 1510–1520, 2007.

ALANG, Z. C.; MOIR, G. F.J.; JONES, L. H. Composition, degradation and utilization of endosperm during germination in the oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). **Annals of Botany**, v. 61, n. 2, p. 261–268, 1988.

ALMEIDA, N. P. Estudo do metabolismo de diterpenos em *Jatropha curcas* l. empregando métodos proteômicos alvo-direcionados. 2019. 172 f. Dissertação de mestrado (Mestrado em Bioquímica)- Instituto de Química, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2019.

ANDRADE, Moab T. *et al.* Proteome Dynamics of the Developing Açaí Berry Pericarp (*Euterpe oleracea* Mart.). **Journal of Proteome Research**, v. 19, n. 1, p. 437–445, 2020.

ARIANDI; YOPI; MERYANDINI, A. N.J.A. Enzymatic Hydrolysis of Copra Meal by Mannanase from *Streptomyces* sp. BF3.1 for The Production of Manno oligosaccharides.

HAYATI Journal of Biosciences, v. 22, n. 2, p. 79–86, 2015.

ASHBURNER, Michael *et al.* Gene Ontology: tool for the unification of biology. **Gene Expression**, v. 25, n. may, p. 25–29, 2000.

BAILLY, Christophe. Active oxygen species and antioxidants in seed biology. **Seed Science Research**, v. 14, n. 2, p. 93–107, 2004.

BALACHANDRAN, C.; ARUMUGHAN, C. Biochemical and cytochemical transformations in germinating coconut (*Cocos nucifera* Linn.). **Journal of the American Oil Chemists' Society**, v. 72, n. 11, p. 1385–1391, 1995.

BARROS-GALVÃO, Thiago *et al.* Modulation of Reserve Mobilization by Sucrose, Glutamine, and Absciscic Acid During Seedling Establishment in Sunflower. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 36, n. 1, p. 11–21, 2017.

BARROS, Lillian *et al.* The powerful in vitro bioactivity of *Euterpe oleracea* Mart. seeds and related phenolic compounds. **Industrial Crops and Products**, v. 76, p. 318–322, 2015.

BASKIN, Jerry M.; BASKIN, Carol C. What kind of seed dormancy might palms have? **Seed Science Research**, v. 24, n. 1, p. 17–22, 2014.

BAUER, Michael W. *et al.* Comparison of a β -glucosidase and a β -mannosidase from the hyperthermophilic archaeon *Pyrococcus furiosus*. Purification, characterization, gene cloning, and sequence analysis. **Journal of Biological Chemistry**, v. 271, n. 39, p. 23749–23755, 1996.

BEWLEY, J. Derek; *et al.* **Seeds Physiology of Development, Germination and**

Dormancy, 3rd Edition. [S.l: s.n.], 2013.

BEWLEY, J. Derek. Breaking down the walls - A role for endo- β -mannanase in release from seed dormancy? **Trends in Plant Science**, v. 2, n. 12, p. 464–469, 1997.

BICALHO, Elisa Monteze *et al.* Enzyme activity and reserve mobilization during macaw palm (*Acrocomia aculeata*) seed germination. **Acta Botanica Brasilica**, v. 30, n. 3, p. 437–444, 2016.

BRADFORD, M. A Rapid and Sensitive Method for the Quantitation of Microgram Quantities of Protein Utilizing the Principle of Protein-Dye Binding. **Analytical Biochemistry**, v. 72, n. 1–2, p. 248–254, 1976.

BUCKERIDGE, M. S. *et al.* Polissacarídeos de reserva de parede celular em sementes. Estrutura, metabolismo, funções e aspectos ecológicos. **Revista Brasileira de Fisiologia Vegetal**, v. 12, n. SPEC. ISS., p. 137–162, 2000.

BUCKERIDGE, Marcos Silveira. Seed cell wall storage polysaccharides: Models to understand cell wall biosynthesis and degradation. **Plant Physiology**, v. 154, n. 3, p. 1017–1023, 2010.

CAREY, Amanda N. *et al.* Dietary supplementation with the polyphenol-rich açai pulps (*Euterpe oleracea* Mart. and *Euterpe precatoria* Mart.) improves cognition in aged rats and attenuates inflammatory signaling in BV-2 microglial cells. **Nutritional Neuroscience**, v. 20, n. 4, p. 238–245, 2017..

CHAUVE, Marie *et al.* Comparative kinetic analysis of two fungal β -glucosidases. **Biotechnology for Biofuels**, v. 3, p. 1–8, 2010.

CONESA, Ana *et al.* Blast2GO: A universal tool for annotation, visualization and analysis in functional genomics research. **Bioinformatics**, v. 21, n. 18, p. 3674–3676, 2005.

CONESA, Ana; GÖTZ, Stefan. Blast2GO: A comprehensive suite for functional analysis in plant genomics. **International Journal of Plant Genomics**, v. 2008, 2008.

CORRÊA, Marcos Melo; ARAÚJO, Maria Gracimar Pacheco De; MENDONÇA, Maria Silvia De. Morphological and anatomical characteristics and temporal pattern of initial growth in *Astrocaryum acaule* Mart. **Flora: Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants**, v. 253, n. December 2018, p. 87–97, 2019.

CRUZ, Julio *et al.* Major clinical and physiological benefits of early high doses of mannitol for intraparenchymal temporal lobe hemorrhages with abnormal pupillary widening: A randomized trial. **Neurosurgery**, v. 51, n. 3, p. 628–638, 2002.

CRUZ, Julio; MINOJA, Giulio; OKUCHI, Kazuo. Improving clinical outcomes from acute subdural hematomas with the emergency preoperative administration of high doses of mannitol: A randomized trial. **Neurosurgery**, v. 49, n. 4, p. 864–871, 2001.

D'AMATO, Alfonsina; FASOLI, Elisa; RIGHETTI, Pier Giorgio. Harry Belafonte and

the secret proteome of coconut milk. **Journal of Proteomics**, v. 75, n. 3, p. 914–920, 2012..

DA SILVA CRISTINO CORDEIRO, Viviane *et al.* *Euterpe oleracea* Mart. seed extract protects against renal injury in diabetic and spontaneously hypertensive rats: role of inflammation and oxidative stress. **European Journal of Nutrition**, v. 57, n. 2, p. 817–832, 2018.

DE, C. L. *et al.* Linear mannan in the endosperm of *Schizolobium amazonicum*. **Carbohydrate Polymers**, v. 44, n. 2, p. 107–112, 2001.

DE MASON, D. A.; SEXTON, R.; REID, J. S. Grant. Structure, composition and physiological state of the endosperm of *Phoenix dactylifera* L. **Annals of Botany**, v. 52, n. 1, p. 71–80, 1983.

DE MOURA, Roberto Soares *et al.* Effects of *Euterpe oleracea* Mart. (AÇAÍ) extract in acute lung inflammation induced by cigarette smoke in the mouse. **Phytomedicine**, v. 19, n. 3–4, p. 262–269, 2012.

DEA, Iain C.M.; MORRISON, Anthony. Chemistry and interactions of seed galactomannans. **Advances in Carbohydrate Chemistry and Biochemistry**, v. 31, n. C, p. 241–312, 1975.

DEMASON, Darleen a. *et al.* Structure and Biochemistry of Endosperm Breakdown in Date Palm (*Phoenix dactylifera* L.) Seeds. **Protoplasma**, v. 126, p. 159–167, 1985.

DEMASON, Darleen A. Endosperm Structure and Storage Reserve Histochemistry in the Palm, *Washingtonia filifera*. **American Journal of Botany**, v. 73, n. 9, p. 1332, 1986.

DEMASON, Darleen A. Histochemical and ultrastructural changes in the haustorium of date (*Phoenix dactylifera* L.). **Protoplasma**, v. 126, n. 3, p. 168–177, 1985.

DHAWAN, Samriti; KAUR, Jagdeep. Microbial mannanases: An overview of production and applications. **Critical Reviews in Biotechnology**, v. 27, n. 4, p. 197–216, 2007.

DIAS, Guilherme Pereira *et al.* Reserve mobilization dynamics and degradation pattern of mannan-rich cell walls in the recalcitrant seed of *Mauritia flexuosa* (Arecaceae). **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 156, n. September, p. 445–460, 2020.

EDVILLE, R Ichard M. The absence of phloem loading in willow leaves. v. 95, n. September, p. 12055–12060, 1998.

EL-MAAROUF-BOUTEAU, Hayat; BAILLY, Christophe. Oxidative signaling in seed germination and dormancy. **Plant Signaling and Behavior**, v. 3, n. 3, p. 175–182, 2008.

FAN, Suet Pin *et al.* High yield production of sugars from deproteinated palm kernel cake under microwave irradiation via dilute sulfuric acid hydrolysis. *Bioresource*

Technology, v. 153, p. 69–78, 2014.

FANUTTI, Cristina; GIDLE, Michael J; REIDI, J S Grant. Action of a pure xyloglucan endo-transglycosylase (formerly called xyloglucan-specific endo-(1-4)-beta-D-glucanase) from the cotyledons of germinated nasturtium seeds. v. 3, p. 691–700, 1993.

FEHR, Vincent; BUITENWERF, Robert; SVENNING, Jens Christian. Non-native palms (Arecaceae) as generators of novel ecosystems: A global assessment. ***Diversity and Distributions***, v. 26, n. 11, p. 1523–1538, 2020.

FERREIRA, Cheila Deisy *et al.* Morphostructural and histochemical dynamics of *Euterpe precatoria* (Arecaceae) germination. ***Journal of Plant Research***, v. 133, n. 5, p. 693–713, 2020..

FERREIRA MOURA, Anne Caroline *et al.* Cytological and histochemical evaluations reveal roles of the cotyledonary petiole in the germination and seedling development of *Mauritia flexuosa* (Arecaceae). ***Protoplasma***, v. 256, n. 5, p. 1299–1316, 2019.

FIGUEIREDO, Laura; SANTOS, Rita B.; FIGUEIREDO, Andreia. Defense and offense strategies: The role of aspartic proteases in plant–pathogen interactions. ***Biology***, v. 10, n. 2, p. 1–14, 2021.

FREITAS, Madson A.B. *et al.* Intensification of açai palm management largely impoverishes tree assemblages in the Amazon estuarine forest. ***Biological Conservation***, v. 261, n. June, 2021.

GALLARDO, Karine *et al.* A combined proteome and transcriptome analysis of developing *Medicago truncatula* seeds: evidence for metabolic specialization of maternal and filial tissues. ***Molecular & cellular proteomics : MCP***, v. 6, n. 12, p. 2165–2179, 2007.

GALLIEN, Sebastien *et al.* Technical considerations for large-scale parallel reaction monitoring analysis. ***Journal of Proteomics***, v. 100, p. 147–159, 2014.

GERMAIN, Véronique *et al.* Requirement for 3-ketoacyl-CoA thiolase-2 in peroxisome development, fatty acid β -oxidation and breakdown of triacylglycerol in lipid bodies of *Arabidopsis* seedlings. ***Plant Journal***, v. 28, n. 1, p. 1–12, 2001.

GHIRARDO, Andrea *et al.* Protein expression plasticity contributes to heat and drought tolerance of date palm. ***Oecologia***, n. 0123456789, 2021.

GHOSH, Arabinda *et al.* Thermostable Recombinant β -(1 $\rightarrow$ 4)-Mannanase from *C. thermocellum*: Biochemical characterization and manno-oligosaccharides production. ***Journal of Agricultural and Food Chemistry***, v. 61, n. 50, p. 12333–12344, 2013.

GIBSON, Glenn R. *et al.* Dietary modulation of the human colonic microbiota: updating the concept of prebiotics. ***Nutrition Research Reviews***, v. 17, n. 2, p. 259–275, 2004.

GOMES, Marcelo Pedrosa; GARCIA, Queila Souza. Reactive oxygen species and seed

germination. **Biologia (Poland)**, v. 68, n. 3, p. 351–357, 2013.

HILL, David P. *et al.* Gene Ontology annotations: What they mean and where they come from. **BMC Bioinformatics**, v. 9, n. SUPPL. 5, p. 1–9, 2008.

HU, Xing *et al.* d-Mannose: Properties, Production, and Applications: An Overview. **Comprehensive Reviews in Food Science and Food Safety**, v. 15, n. 4, p. 773–785, 2016.

HUANG, Jingmin *et al.* Proteomic profile of coconuts. **European Food Research and Technology**, v. 242, n. 3, p. 449–455, 2016.

ISHII, Jun *et al.* From mannan to bioethanol: Cell surface co-display of β -mannanase and β -mannosidase on yeast *Saccharomyces cerevisiae*. **Biotechnology for Biofuels**, v. 9, n. 1, p. 1–15, 2016.

JIAN, Hong Lei *et al.* Enzymatic production and characterization of manno-oligosaccharides from *Gleditsia sinensis* galactomannan gum. **International Journal of Biological Macromolecules**, v. 55, p. 282–288, 2013.

JINDOU, S. *et al.* α -galactosidase Aga27A, an enzymatic component of the *Clostridium josui* cellulosome. **Journal of Bacteriology**, v. 184, n. 2, p. 600–604, 2002.

KANG, Jie *et al.* Anti-oxidant capacities of flavonoid compounds isolated from acai pulp (*Euterpe oleracea* Mart.). **Food Chemistry**, v. 122, n. 3, p. 610–617, 2010.

KAPER, Thijs *et al.* Substrate specificity engineering of β -mannosidase and β -glucosidase from *Pyrococcus* by exchange of unique active site residues. **Biochemistry**, v. 41, n. 12, p. 4147–4155, 2002.

KARPIEVITCH, Yuliya V.; DABNEY, Alan R.; SMITH, Richard D. Normalization and missing value imputation for label-free LC-MS analysis. **BMC bioinformatics**, v. 13 Suppl 1, n. Suppl 16, 2012.

KHUWIJTJARU, Pramote; WATSANIT, Kumutakan; ADACHI, Shuji. Carbohydrate content and composition of product from subcritical water treatment of coconut meal. **Journal of Industrial and Engineering Chemistry**, v. 18, n. 1, p. 225–229, 2012.

KOH, Eugene *et al.* Singlet oxygen-induced membrane disruption and serpin-protease balance in vacuolar-driven cell death. **Plant Physiology**, v. 171, n. 3, p. 1616–1625, 2016.

KUUSISTO, Jyrki *et al.* Hydrogenation of lactose over sponge nickel catalysts-kinetics and modeling. **Industrial and Engineering Chemistry Research**, v. 45, n. 17, p. 5900–5910, 2006.

KUANG, Beiqing *et al.* Role of UDP-Glucuronic Acid Decarboxylase in Xylan Biosynthesis in *Arabidopsis*. **Molecular Plant**, v. 9, n. 8, p. 1119–1131, 2016.

LEVESQUE-TREMBLAY, Gabriel *et al.* Tuning of pectin methylesterification:

consequences for cell wall biomechanics and development. **Planta**, v. 242, n. 4, p. 791–811, 2015.

LI, Yu-Teh. Presence of α -d-Mannsidic Linkage in Glycoproteins. **Journal of Biological Chemistry**, v. 241, n. 4, p. 1010–1012, 1966.

LI, Zhan *et al.* Reactive oxygen species and gibberellin acid mutual induction to regulate tobacco seed germination. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, n. October, p. 1–15, 2018.

LIM, Matthew Y; PAULO, João A; GYGI, Steven P. Evaluating False Transfer Rates from the Match-between-Runs Algorithm with a Two-Proteome Model. **HHS Public Access**, v. 18, n. 11, p. 4020–4026, 2020.

LIM, Woo Seok; LEE, Jae Won. Influence of pretreatment condition on the fermentable sugar production and enzymatic hydrolysis of dilute acid-pretreated mixed softwood. **Bioresource Technology**, v. 140, p. 306–311, 2013.

LIN, Yuan *et al.* Isolation, Purification, and Identification of Coconut Protein through SDS-PAGE, HPLC, and MALDI-TOF/TOF-MS. **Food Analytical Methods**, v. 13, n. 6, p. 1246–1254, 2020.

MAGALHÃES, H. M. *et al.* Structure of the zygotic embryos and seedlings of *Butia capitata* (Arecaceae). **Trees - Structure and Function**, v. 27, n. 1, p. 273–283, 2013.

MALGAS, Samkelo; VAN DYK, J. Susan; PLETSCHKE, Brett I. A review of the enzymatic hydrolysis of mannans and synergistic interactions between β -mannanase, β -mannosidase and α -galactosidase. **World Journal of Microbiology and Biotechnology**, v. 31, n. 8, p. 1167–1175, 2015.

MARTINEZ, Raquel Martins *et al.* Açaí (*Euterpe oleracea* Mart.) seed extract induces cell cycle arrest and apoptosis in human lung carcinoma cells. **Foods**, v. 7, n. 11, p. 1–9, 2018.

MARTINS, Gabriel R. *et al.* Chemical characterization, antioxidant and antimicrobial activities of açaí seed (*Euterpe oleracea* Mart.) extracts containing A- and B-type procyanidins. **Lwt**, v. 132, n. June, p. 1–11, 2020.

MAZORRA-MANZANO, Miguel A. *et al.* Structure-function characterization of the recombinant aspartic proteinase A1 from *Arabidopsis thaliana*. **Phytochemistry**, v. 71, n. 5–6, p. 515–523, 2010.

MAZZOTTINI-DOS-SANTOS, Hellen C. *et al.* Ultrastructural aspects of metabolic pathways and translocation routes during mobilization of seed reserves in *Acrocomia aculeata* (Arecaceae). **Revista Brasileira de Botanica**, v. 43, n. 3, p. 589–600, 2020.

MAZZOTTINI-DOS-SANTOS, Hellen Cássia; RIBEIRO, Leonardo Monteiro; OLIVEIRA, Denise Maria Trombert. Roles of the haustorium and endosperm during the development of seedlings of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae): dynamics of reserve mobilization and accumulation. **Protoplasma**, 2016.

MELO, Priscilla Siqueira *et al.* Antioxidative and prooxidative effects in food lipids and synergism with α -tocopherol of açai seed extracts and grape rachis extracts. **Food Chemistry**, v. 213, p. 440–449, 2016.

MISHRA, Dinesh Kumar; HWANG, Jin Soo. Selective hydrogenation of d-mannose to d-mannitol using NiO-modified TiO₂ (NiO-TiO₂) supported ruthenium catalyst. **Applied Catalysis A: General**, v. 453, p. 13–19, 2013.

MO, Beixin; BEWLEY, J. Derek. β -Mannosidase (EC 3.2.1.25) activity during and following germination of tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) seeds. Purification, cloning and characterization. **Planta**, v. 215, n. 1, p. 141–152, 2002.

MONTEIRO, Alvaro Ferreira *et al.* High concentration and yield production of mannose from açai (*Euterpe oleracea* Mart.) seeds via mannanase-catalyzed hydrolysis. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 1–12, 2019.

MOREIRA, L. R.S.; FILHO, E. X.F. An overview of mannan structure and mannan-degrading enzyme systems. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 79, n. 2, p. 165–178, 2008.

MOURA, Elisa Ferreira; VENTRELLA, Marília Contin; MOTOIKE, Sérgio Yoshimitsu. Anatomy, histochemistry and ultrastructure of seed and somatic embryo of *Acrocomia aculeata* (Arecaceae). **Scientia Agricola**, v. 67, n. 4, p. 399–407, 2010.

MOYANO, Laura *et al.* Activation of nucleases, pcd, and mobilization of reserves in the *Araucaria angustifolia* megagametophyte during germination. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, n. August, p. 1–13, 2018.

MUSSATTO, Solange I. *et al.* A study on chemical constituents and sugars extraction from spent coffee grounds. **Carbohydrate Polymers**, v. 83, n. 2, p. 368–374, 2011.

NASCIMENTO, José R.S. *et al.* Proteome dynamics of the cotyledonary haustorium and endosperm in the course of germination of *Euterpe oleracea* seeds. **Plant Science**, v. 298, n. February, 2020.

NETO, D. F. M. Análise proteômica de sementes em desenvolvimento de açai (*Euterpe oleracea* Mart.). 2018. Dissertação de mestrado (Mestrado em fitotecnia)-Departamento de Agronomia/Fitotecnia, Universidade Federal do Ceará, Fortaleza, 2018

NETO, Marco Antônio Menezes *et al.* Seed and seedling anatomy in *Euterpe oleracea* Mart. during the germination process. **Journal of Food, Agriculture and Environment**, v. 8, n. 2, p. 1147–1152, 2010.

NEVES, Silma da Conceição *et al.* Diaspore structure and germination ecophysiology of the babassu palm (*Attalea vitrivir*). **Flora: Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants**, v. 208, n. 1, p. 68–78, 2013.

OLIVEIRA, Johnatt A.R. *et al.* Evaluation of alkaline delignification (NaOH) of Açai

seeds (*Euterpe oleracea*) treated with H₂SO₄ dilute and effect on enzymatic hydrolysis. **Chemical Engineering Transactions**, v. 43, p. 499–504, 2015.

OLIVEIRA, Johnatt A.R.; KOMESU, Andrea; FILHO, Rubens Maciel. Hydrothermal pretreatment for enhancing enzymatic hydrolysis of seeds of açai (*Euterpe oleracea*) and sugar recovery. **Chemical Engineering Transactions**, v. 37, p. 787–792, 2014.

OLIVEIRA, N. C.C. *et al.* Seed structure, germination, and reserve mobilization in *Butia capitata* (Arecaceae). **Trees - Structure and Function**, v. 27, n. 6, p. 1633–1645, 2013.

OO, KC; STUMPF, PK. Some Enzymic Activities in the Germinating Oil Palm (*Elaeis guineensis*) Seedling. **Plant physiology**, v. 73, n. 4, p. 1028–1032, 1983.

OO, Khaik Cheang; STUMPF, Paul K. Some Enzymic Activities in the Germinating Oil Palm (*Elaeis guineensis*) Seedling . **Plant Physiology**, v. 73, n. 4, p. 1028–1032, 1983.

OROZCO-SEGOVIA, ALMA *et al.* Seed Biology of Palms : A Review. v. 47, n. 2, p. 79–94, 2003.

OTIENO, Daniel Obed; AHRING, Birgitte Kiaer. The potential for oligosaccharide production from the hemicellulose fraction of biomasses through pretreatment processes: Xylooligosaccharides (XOS), arabinooligosaccharides (AOS), and mannoooligosaccharides (MOS). **Carbohydrate Research**, v. 360, p. 84–92, 2012.

PANZA, Víctor *et al.* Storage lipids and proteins of *Euterpe edulis* seeds. **Biocell**, v. 33, n. 2, p. 99–106, 2009.

PANZA, Víctor; LÁINEZ, Verónica; MALDONADO, Sara. Seed structure and histochemistry in the palm *Euterpe edulis*. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 145, n. 4, p. 445–453, 2004.

POXLEITNER, Marianne *et al.* A role for caleosin in degradation of oil-body storage lipid during seed germination. **Plant Journal**, v. 47, n. 6, p. 917–933, 2006.

RAMBO, M. K.D.; SCHMIDT, F. L.; FERREIRA, M. M.C. Analysis of the lignocellulosic components of biomass residues for biorefinery opportunities. **Talanta**, v. 144, p. 696–703, 2015.

REIMAND, Jüri *et al.* Pathway enrichment analysis and visualization of omics data using g:Profiler, GSEA, Cytoscape and EnrichmentMap. **Nature Protocols**, v. 14, n. 2, p. 482–517, 2019.

RENNIE, Emilie A.; TURGEON, Robert. A comprehensive picture of phloem loading strategies. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, v. 106, n. 33, p. 14162–14167, 2009.

REYES, Pablo *et al.* Extração e caracterização de hemiceluloses de pinus radiata e sua viabilidade para a produção de bioetanol. **Revista Arvore**, v. 37, n. 1, p. 175–180,

2013.

RUNGRASSAMEE, Wanilada *et al.* Mannooligosaccharides from copra meal improves survival of the Pacific white shrimp (*Litopenaeus vannamei*) after exposure to *Vibrio harveyi*. **Aquaculture**, v. 434, p. 403–410, 2014.

RYLOTT, Elizabeth L. *et al.* The *Arabidopsis thaliana* multifunctional protein gene (MFP2) of peroxisomal β -oxidation is essential for seedling establishment. **Plant Journal**, v. 45, n. 6, p. 930–941, 2006.

SCHAUSS, Alexander G. *et al.* Antioxidant capacity and other bioactivities of the freeze-dried Amazonian palm berry, *Euterpe oleracea* Mart. (Acai). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 54, n. 22, p. 8604–8610, 2006.

SCHELLER, Henrik Vibe; ULVSKOV, Peter. Hemicelluloses. **Annual Review of Plant Biology**, v. 61, p. 263–289, 2010.

SEKHAR, K. N. Chandra; DEMASON, Darleen A. Quantitative Ultrastructure and Protein Composition of Date Palm (*Phoenix Dactylifera*) Seeds: a Comparative Study of Endosperm Vs. Embryo. **American Journal of Botany**, v. 75, n. 3, p. 323–329, 1988.

SEKHAR, K. N.Chandra; DEMASON, Darleen A. Identification and immunocytochemical localization of α -galactosidase in resting and germinated date palm (*Phoenix dactylifera* L.) seeds. **Planta**, v. 181, n. 1, p. 53–61, 1990.

SHALLOM, Dalia; SHOHAM, Yuval. Microbial hemicellulases. **Current Opinion in Microbiology**, v. 6, n. 3, p. 219–228, 2003.

SILVA, Dulcelena F. *et al.* Cytotoxic effects of *Euterpe oleracea* Mart. in malignant cell lines. **BMC Complementary and Alternative Medicine**, v. 14, p. 1–9, 2014.

SOARES, Elaine R. *et al.* Up-regulation of Nrf2-antioxidant signaling by Açaí (*Euterpe oleracea* Mart.) extract prevents oxidative stress in human endothelial cells. **Journal of Functional Foods**, v. 37, p. 107–115, 2017.

SOUZA DIAS, Daiane *et al.* Haustorium-endosperm relationships and the integration between developmental pathways during reserve mobilization in *Butia capitata* (Arecaceae) seeds. **Annals of Botany**, v. 122, n. 2, p. 267–277, 2018.

SUDO, Roberto T. *et al.* Antinociceptive effects of hydroalcoholic extract from *Euterpe oleracea* Mart. (Açaí) in a rodent model of acute and neuropathic pain. **BMC Complementary and Alternative Medicine**, v. 15, n. 1, p. 1–8, 2015.

SUGIMUMA, Yukio; MURAKAMI, Taka. Structure and Function of the Haustorium in Germinating Coconut Palm Seed. v. 14, p. 1–14, 1990.

TONINI, Patricia P.; CARRARA, Thalita B.; BUCKERIDGE, Marcos S. Storage proteins and cell wall mobilisation in seeds of *Sesbania virgata* (Cav.) Pers. (Leguminosae). **Trees - Structure and Function**, v. 24, n. 4, p. 675–684, 2010.

TOUKONIITTY, Blanka *et al.* Effect of ultrasound on catalytic hydrogenation of D-fructose to D-mannitol. **Industrial and Engineering Chemistry Research**, v. 44, n. 25, p. 9370–9375, 2005.

TRINDADE, Patricia Leticia *et al.* Antiadipogenic effects of açai seed extract on high fat diet-fed mice and 3T3-L1 adipocytes: A potential mechanism of action. **Life Sciences**, v. 228, n. April, p. 316–322, 2019.

VÄLIKANGAS, Tommi; SUOMI, Tomi; ELO, Laura L. A systematic evaluation of normalization methods in quantitative label-free proteomics. **Briefings in Bioinformatics**, v. 19, n. 1, p. 1–11, 2018.

VAN ZYL, Willem H. *et al.* Fungal β -mannanases: Mannan hydrolysis, heterologous production and biotechnological applications. **Process Biochemistry**, v. 45, n. 8, p. 1203–1213, 2010.

VERCAMMEN, Dominique *et al.* Serpin1 of *Arabidopsis thaliana* is a Suicide Inhibitor for Metacaspase 9. **Journal of Molecular Biology**, v. 364, n. 4, p. 625–636, 2006.

VERDEIL, Jean Luc; HOCHER, Valérie. Digestion and absorption of food in plants: A plant stomach. **Trends in Plant Science**, v. 7, n. 6, p. 280–281, 2002.

VERMA, Giti *et al.* Reactive oxygen species mediate axis-cotyledon signaling to induce reserve mobilization during germination and seedling establishment in *Vigna radiata*. **Journal of Plant Physiology**, v. 184, p. 79–88, 2015.

VISSCHER, A. M. *et al.* *Pseudophoenix ekmanii* (Arecaceae) seeds at suboptimal temperature show reduced imbibition rates and enhanced expression of genes related to germination inhibition. **Plant Biology**, v. 22, n. 6, p. 1041–1051, 2020.

WAKAI, Abel *et al.* Mannitol for acute traumatic brain injury. **Cochrane Database of Systematic Reviews**, v. 2013, n. 8, 2013.

WANG, Yeu-Ming; VAN EYS, Jan. Nutritional significance of fructose and sugar alcohols. **Ann. Rev. Nutr.**, v. 1, p. 437–475, 1981.

WOJTYLA, Łukasz *et al.* Different modes of hydrogen peroxide action during seed germination. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, n. FEB2016, p. 1–16, 2016.

WU, Shu Wei *et al.* Callose balancing at plasmodesmata. **Journal of Experimental Botany**, v. 69, n. 22, p. 5325–5339, 2018

WYCOFF, Wei *et al.* Chemical and nutritional analysis of seeds from purple and white açai (*Euterpe oleracea* Mart.). **Journal of Food Composition and Analysis**, v. 41, p. 181–187, 2015.

YU, Fengchao; HAYNES, Sarah E; NESVIZHSHKII, Alexey I. Label-free quantification with FDR-controlled match-between-runs Running title : match-between-runs with false discovery rate control Abbreviations : **Bioarxiv**, 2020.

ZHANG, Tao *et al.* Isolation and purification of d-mannose from palm kernel. **Carbohydrate Research**, v. 344, n. 13, p. 1687–1689, 2009.

ZHENG, Yan *et al.* The relationship between vacuolation and initiation of PCD in rice (*Oryza sativa*) aleurone cells. **Scientific Reports**, v. 7, n. January, p. 1–14, 2017.

ZHOU, Xiu Ren *et al.* Distribution dynamics and roles of starch in non-photosynthetic vegetative organs of *Santalum album* L., a hemiparasitic tree. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, n. January, p. 1–10, 2021.

ZIENKIEWICZ, Agnieszka *et al.* Olive seed protein bodies store degrading enzymes involved in mobilization of oil bodies. **Journal of Experimental Botany**, v. 65, n. 1, p. 103–115, 2014.

APÊNDICE A - TABELA S1 - PROTEÍNAS REPRESENTATIVAS PARA O HAUSTÓRIO, ENDOSPERMA E ZONA DE DIGESTÃO NOS ESTÁGIOS E1, E2, E3 E E4 DO DESENVOLVENDO DE <i>E. OLERACEA</i>																			
Endosperma			Zona de digestão		Haustório				Tecidos			Acesso	Acesso <i>A.thalian</i>	Acesso <i>A.thaliana</i>	Descrição				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA								
EN1		EN3							EN			A0A097PIP1	F4J339	A0A097PIP1	RPP1-like protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=4 SV=1				
					HA1	HA2					HA	A0A178U564	Q9FIB4	A0A178U564	ABC transporter domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_ATUG04720 PE=4 SV=1				
								HA4			HA	A0A178U7R9	No_hit	A0A178U7R9	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_ATUG02230 PE=4 SV=1				
						HA2	HA3				HA	A0A178U8F1	No_hit	A0A178U8F1	Transposase_23 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_ATUG01270 PE=4 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178U900	Q9FLG1	A0A178U900	Beta-glucosidase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_ATUG04160 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A178U9G2	Q9FLW9	A0A178U9G2	Pyruvate kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g51800 PE=3 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178UAZ6	Q9FQ02	A0A178UAZ6	5'-3' exoribonuclease OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g40400 PE=3 SV=1				
EN1					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	A0A178UB24	Q9FMD9	A0A178UB24	Glutamine synthetase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g16180 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3							EN			A0A178UBT6	No_hit	A0A178UBT6	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g53380 PE=4 SV=1				
EN1	EN2	EN3							EN			A0A178UCY8	Q8GWG0	A0A178UCY8	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g60080 PE=1 SV=1				
EN1						HA2	HA3		EN		HA	A0A178UD94	Q949Y3	A0A178UD94	Purple acid phosphatase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g30750 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A178UE87	P35131	A0A178UE87	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g39450 PE=3 SV=1				
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A178UEC9	Q8VZC3	A0A178UEC9	p5CDH OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g62050 PE=3 SV=1				
					HA1			HA4			HA	A0A178UHF4	Q84WV1	A0A178UHF4	T-complex protein 1 subunit gamma OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g26390 PE=3 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178UIV8	No_hit	A0A178UIV8	W2 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g33590 PE=3 SV=1				
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A178UIJ74	Q9FJV0	A0A178UIJ74	MKK6 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g55780 PE=3 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178UIQ6	Q9FM01	A0A178UIQ6	UDPG-glucose 6-dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g36720 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		A0A178UIZ5	Q94BV2	A0A178UIZ5	SAGA-associated factor 11 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g57940 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		A0A178UL69	No_hit	A0A178UL69	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g23575 PE=4 SV=1				
						HA2	HA3				HA	A0A178ULK8	No_hit	A0A178ULK8	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g49240 PE=4 SV=1				
								HA4			HA	A0A178UP69	Q9FIK1	A0A178UP69	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g46300 PE=3 SV=1				
			DZ2	DZ3						DZ		A0A178UPG4	Q9LFT9	A0A178UPG4	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g09890 PE=4 SV=1				
EN1									EN			A0A178UQT3	Q8RX56	A0A178UQT3	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g06620 PE=4 SV=1				
						HA2					HA	A0A178UTX6	F4JRE0	A0A178UTX6	Transmembrane 9 superfamily member OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g14280 PE=3 SV=1				
					HA1			HA4			HA	A0A178UX13	Q9SB50	A0A178UX13	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g28440 PE=3 SV=1				
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A178V048	P43299	A0A178V048	DNA replication licensing factor MCM7 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=MCM7 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3							EN			A0A178V1W8	Q93V74	A0A178V1W8	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g39100 PE=3 SV=1				
EN1									EN			A0A178V4B4	P0CB16	A0A178V4B4	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g22510 PE=4 SV=1				
EN1		EN3							EN			A0A178V555	Q5XPK0	A0A178V555	WAVE5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g21870 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		A0A178V594	No_hit	A0A178V594	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g21850 PE=4 SV=1				
			DZ2	DZ3					DZ			A0A178V5N0	O65258	A0A178V5N0	Beta-amylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g00630 PE=3 SV=1				
					HA1			HA4			HA	A0A178V611	Q9ZR08	A0A178V611	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g04020 PE=4 SV=1				
EN1		EN3							EN			A0A178V6Z4	Q9STW3	A0A178V6Z4	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g28180 PE=3 SV=1				
						HA3	HA4				HA	A0A178V9C6	Q9M353	A0A178V9C6	CHX20 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g48090 PE=4 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A178VAZ5	Q94CF0	A0A178VAZ5	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g21630 PE=4 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A178VC05	Q9M2F1	A0A178VC05	40S ribosomal protein S27 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g55360 PE=3 SV=1				
					HA1		HA3	HA4			HA	A0A178VCC0	Q9LHA8	A0A178VCC0	HSP70 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g12610 PE=3 SV=1				
	EN2			DZ3					EN	DZ		A0A178VD38	Q9LYX5	A0A178VD38	DYW deaminase domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g51160 PE=3 SV=1				
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A178VFK5	No_hit	A0A178VFK5	RRM domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g25290 PE=4 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178VHL0	Q9MA88	A0A178VHL0	Mitochondrial Rho GTPase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g04820 PE=3 SV=1				
								HA4			HA	A0A178VID5	Q9SVD7	A0A178VID5	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g47000 PE=4 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178VIJ6	Q9SF35	A0A178VIJ6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g09680 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3							EN			A0A178VK06	No_hit	A0A178VK06	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g04500 PE=1 SV=1				
			DZ2	DZ3						DZ		A0A178VKC0	Q9LFF9	A0A178VKC0	Inorganic diphosphatase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g48000 PE=3 SV=1				
						HA3	HA4				HA	A0A178VL95	Q8RUC6	A0A178VL95	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g32250 PE=4 SV=1				
EN1									EN			A0A178VMR8	Q48724	A0A178VMR8	WEB1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g22430 PE=3 SV=1				
	EN2								EN			A0A178VP49	C0SV51	A0A178VP49	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g14090 PE=3 SV=1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A178VQ77	Q9SLG9	A0A178VQ77	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g38410 PE=4 SV=1				
					HA1	HA2	HA3				HA	A0A178VSA3	Q9FLE8	A0A178VSA3	Glutaredoxin domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g38540 PE=4 SV=1				
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	A0A178VT47	P25696	A0A178VT47	Phosphopyruvate hydratase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g33250 PE=3 SV=1				
	EN2	EN3							EN			A0A178VT68	O64571	A0A178VT68	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At2g19385 PE=1 SV=1				
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A178W302	P34788	A0A178W302	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g34840 PE=3 SV=1				

EN1	EN2	EN3							EN			A0A178W3Z8	Q9LQ27	A0A178W3Z8	Terpene synthase C domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g34420 PE=4 SV=1
						HA3				HA		A0A178W4Q5	Q9FX54	A0A178W4Q5	Glyceroldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g13910 PE=3 SV=1
						HA2	HA3	HA4		HA		A0A178W4U1	P41377	A0A178W4U1	elf4A-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g48730 PE=3 SV=1
					HA1	HA2		HA4		HA		A0A178W894	Q9SAK4	A0A178W894	Succinate-semialdehyde dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g74230 PE=3 SV=1
						HA2	HA3	HA4		HA		A0A178WCD3	Q9FXA4	A0A178WCD3	RING-type E3 ubiquitin transferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g43980 PE=4 SV=1
						HA2	HA3	HA4		HA		A0A178WEN7	Q9LNE3	A0A178WEN7	PfkB domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g05560 PE=3 SV=1
				DZ3						DZ		A0A178W160	No_hit	A0A178W160	Signal recognition particle subunit SRP72 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g67680 PE=3 SV=1
			DZ2							DZ		A0A178WJD3	Q9SA76	A0A178WJD3	EMB88 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g30610 PE=4 SV=1
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	A0A178WMI0	Q9LR02	A0A178WMI0	Histone domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g70060 PE=3 SV=1
							HA3	HA4			HA	A0A178WPY5	Q9AC27	A0A178WPY5	TPR_REGION domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g64760 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A19LPJ2	P59220	A0A19LPJ2	Calmodulin 7 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CAM7 PE=4 SV=1
					HA1	HA2					HA	A0A19LS86	Q8LPQ3	A0A19LS86	Phototropic-responsive NPH3 family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g50840 PE=3 SV=1
							HA3				HA	A0A1P8APY9	No_hit	A0A1P8APY9	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g53180 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A1P8AV08	O65390	A0A1P8AV08	Aspartic proteinase A1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=APA1 PE=1 SV=1
	EN2	EN3								EN		A0A1P8AWC8	A1A6K6	A0A1P8AWC8	RNA-binding (RRM/RBD/RNP motifs) family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g76940 PE=1 SV=1
		EN3								EN		A0A1P8AYE4	Q8GZM7	A0A1P8AYE4	Phytochrome interacting factor 3-like 5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PIL5 PE=4 SV=1
	EN2	EN3								EN		A0A1P8B4U4	Q9STQ2	A0A1P8B4U4	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UNE17 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		A0A1P8B4Y7	F4JIF5	A0A1P8B4Y7	TESMIN/TSO1-like CXC 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=TCX2 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A1P8B7X4	P59228	A0A1P8B7X4	V-type proton ATPase proteolipid subunit OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AVA-P1 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A1P8B853	Q9CAK1	A0A1P8B853	Disease resistance protein (TIR-NBS-LRR class) family OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=MHK7.14 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A2P2CLF6	Q95748	A0A2P2CLF6	NADH dehydrogenase subunit 9 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=nad9 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A2P2CLF9	P92549	A0A2P2CLF9	ATP synthase subunit alpha OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=atp1 PE=3 SV=1
						HA3	HA4				HA	A0A346XQH1	F4JNA9	A0A346XQH1	RPP4/RPP5-like protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3				HA	A0A346XQM0	O23530	A0A346XQM0	RPP4/RPP5-like protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=4 SV=1
							HA3	HA4			HA	A0A384L2V5	Q9LFW1	A0A384L2V5	UDP-arabinopyranose mutase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g15170 PE=3 SV=1
EN1		EN3		DZ3					EN	DZ		A0A384LAW6	Q0WW26	A0A384LAW6	Coatomer subunit gamma OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g39420 PE=3 SV=1
	EN2	EN3							EN			A0A384LF35	Q8GYX8	A0A384LF35	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g17010 PE=4 SV=1
			DZ2	DZ3						DZ		A0A5S9STM4	Q9SYK4	A0A5S9STM4	IPPC domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS531 PE=3 SV=1
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	A0A5S9TDX4	P59226	A0A5S9TDX4	Histone domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS911 PE=3 SV=1
EN1				DZ3					EN	DZ		A0A5S9TKV6	Q9SY55	A0A5S9TKV6	Calcium-transporting ATPase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS1011 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9WNH0	Q39102	A0A5S9WNH0	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS4021 PE=3 SV=1
						HA3	HA4				HA	A0A5S9WP88	Q9ZP06	A0A5S9WP88	Malate dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS4327 PE=3 SV=1
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		A0A5S9WSL9	Q9ASZ9	A0A5S9WSL9	Aldo_ket_red domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS4923 PE=4 SV=1
				DZ3						DZ		A0A5S9WSS6	No_hit	A0A5S9WSS6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS4991 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			A0A5S9WU78	Q9C9C4	A0A5S9WU78	Phosphopyruvate hydratase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS6440 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9WVN1	Q42599	A0A5S9WVN1	4Fe-4S ferredoxin-type domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS6836 PE=3 SV=1
					HA1		HA3	HA4			HA	A0A5S9WZ91	Q1PF50	A0A5S9WZ91	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS8014 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9X8V2	Q42553	A0A5S9X8V2	Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS11549 PE=3 SV=1
	EN2	EN3							EN			A0A5S9XY4	Q9SRT2	A0A5S9XY4	BHLH domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS11900 PE=4 SV=1
						HA3					HA	A0A5S9XAC8	Q9FJD4	A0A5S9XAC8	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS10476 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A5S9XEX2	P28297	A0A5S9XEX2	Isocitrate lyase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS13610 PE=3 SV=1
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9XIH2	Q9SD76	A0A5S9XIH2	Alpha-1,4 glucan phosphorylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS14909 PE=3 SV=1
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9XNF1	Q9LY71	A0A5S9XNF1	Cytokinin dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS16607 PE=3 SV=1
					HA1		HA3	HA4			HA	A0A5S9Y266	Q8VZG7	A0A5S9Y266	Ribonuclease OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS21449 PE=4 SV=1
						HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9Y4J3	Q8L7N0	A0A5S9Y4J3	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS22274 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		A0A5S9Y6V7	Q9FFC0	A0A5S9Y6V7	Histone domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS22911 PE=3 SV=1
	EN2			DZ2					EN	DZ		A0A5S9Y7G2	Q94AW5	A0A5S9Y7G2	AP2/ERF domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS23150 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	A0A5S9Y7G7	Q94C74	A0A5S9Y7G7	Glycine hydroxymethyltransferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS20161 PE=3 SV=1
					HA1			HA4			HA	A0A5S9YAK1	Q9LSW9	A0A5S9YAK1	RING-type domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS24372 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3				HA	A0A5S9YAS5	Q9FNC1	A0A5S9YAS5	Protein DETOXIFICATION OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS24439 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3				HA	A0A5S9YCL3	Q9LTY1	A0A5S9YCL3	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS25063 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A5S9YEA7	Q38814	A0A5S9YEA7	Thiamine thiazole synthase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=THI1 PE=3 SV=1
				DZ2						DZ		A0A5S9YFV0	F4K0E8	A0A5S9YFV0	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS26186 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	A0A5S9YG28	P19037	A0A5S9YG28	SHSP domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS26094 PE=4 SV=1

	EN2								EN			AOA559YHT7	Q0WW55	AOA559YHT7	dTMP kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS26068 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			AOA654EAD4	Q42605	AOA654EAD4	UDP-glucose 4-epimerase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS1386 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			AOA654EIR1	F411T7	AOA654EIR1	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS4682 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	AOA654EL16	P11139	AOA654EL16	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS5480 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			AOA654EN33	Q9LKA5	AOA654EN33	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS4442 PE=4 SV=1
EN1		EN3							EN			AOA654ERM8	Q9ZPQ3	AOA654ERM8	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS7419 PE=4 SV=1
EN1									EN			AOA654EV70	Q42344	AOA654EV70	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS8111 PE=3 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654EQW8	Q9ZUW3	AOA654EQW8	DYW_deaminase domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS9162 PE=3 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654EXD3	No_hit	AOA654EXD3	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS8839 PE=4 SV=1
					HA2	HA3					HA	AOA654F412	P93033	AOA654F412	Fumarate hydratase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS11282 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			AOA654FSZ7	No_hit	AOA654FSZ7	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS12428 PE=4 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654F634	No_hit	AOA654F634	Sde2_N_Ubi domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS11970 PE=3 SV=1
EN1	EN2								EN			AOA654F6Z4	Q84LG4	AOA654F6Z4	Coatomer subunit zeta OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS12279 PE=3 SV=1
EN1	EN2				HA1		HA3	HA4	EN		HA	AOA654FF81	Q9XGX9	AOA654FF81	zf-Tim10_DDP domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS14983 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	AOA654FKQ2	Q570Y6	AOA654FKQ2	ADF-H domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS16837 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3				HA	AOA654FL32	No_hit	AOA654FL32	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS16986 PE=4 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654FMD8	Q42592	AOA654FMD8	PEROXIDASE_4 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS17428 PE=3 SV=1
					HA1						HA	AOA654FQG5	O49725	AOA654FQG5	Probable purine permease OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS18532 PE=3 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654FT33	Q9S230	AOA654FT33	Imidazole glycerol phosphate synthase hisH OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS19446 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			AOA654FUD1	Q8VZU9	AOA654FUD1	Derlin OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS19724 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	AOA654G459	Q9XGZ0	AOA654G459	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS23337 PE=3 SV=1
EN1	EN2								EN			AOA654G4X8	No_hit	AOA654G4X8	DUF1204 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS23612 PE=4 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA654G6K7	F4KFX5	AOA654G6K7	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS24169 PE=3 SV=1
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		AOA654G929	P55228	AOA654G929	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS25065 PE=3 SV=1
					HA2	HA3					HA	AOA654G930	Q9LVT3	AOA654G930	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS24963 PE=4 SV=1
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		AOA654GBN5	Q681X4	AOA654GBN5	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS25898 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	AOA654GEJ7	O24616	AOA654GEJ7	PROTEASOME_ALPHA_1 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS26947 PE=4 SV=1
					HA2		HA4				HA	AOA7G2E2P5	Q9CAM1	AOA7G2E2P5	Transcription elongation factor spt6 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS4488 PE=3 SV=1
					HA2		HA4				HA	AOA7G2E5K6	Q22714	AOA7G2E5K6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS4276 PE=3 SV=1
EN1			DZ2						EN	DZ		AOA7G2E656	Q9SSD2	AOA7G2E656	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS5976 PE=4 SV=1
					HA3						HA	AOA7G2E7L7	Q9ZUG4	AOA7G2E7L7	Methylthioribose-1-phosphate isomerase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS6436 PE=3 SV=1
		EN3							EN			AOA7G2E8A0	O82399	AOA7G2E8A0	Malate dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS7424 PE=3 SV=1
EN1									EN			AOA7G2E802	Q9S16	AOA7G2E802	Peroxidase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS7020 PE=3 SV=1
					HA1						HA	AOA7G2EBF1	Q9SJ29	AOA7G2EBF1	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS6404 PE=4 SV=1
					HA1						HA	AOA7G2EC50	Q9ZVD0	AOA7G2EC50	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS7807 PE=3 SV=1
	EN2								EN			AOA7G2EG30	Q9SLG8	AOA7G2EG30	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS9124 PE=3 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	AOA7G2EGG7	O80678	AOA7G2EGG7	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS9105 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	AOA7G2EHA4	O82628	AOA7G2EHA4	GPI ethanolamine phosphate transferase 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS9803 PE=3 SV=1
					HA2	HA3					HA	AOA7G2EK96	Q6XMI3	AOA7G2EK96	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS11714 PE=4 SV=1
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		AOA7G2EL19	Q93W32	AOA7G2EL19	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS10742 PE=3 SV=1
						HA3	HA4				HA	AOA7G2EQN3	No_hit	AOA7G2EQN3	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS13386 PE=4 SV=1
	EN2	EN3							EN			AOA7G2EQV4	Q9LSQ1	AOA7G2EQV4	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS11258 PE=3 SV=1
					HA2	HA3					HA	AOA7G2EYP2	Q9LZ12	AOA7G2EYP2	UDP-glucuronate decarboxylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS14339 PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	AOA7G2F1N1	P42794	AOA7G2F1N1	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS16019 PE=3 SV=1
EN1									EN			AOA7G2F2J8	P46248	AOA7G2F2J8	Aspartate aminotransferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS17269 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		AOA7G2F2L1	Q8LSY9	AOA7G2F2L1	Pantothenate kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS17290 PE=3 SV=1
					HA3						HA	AOA7G2F7X6	Q9FMC2	AOA7G2F7X6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS19249 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	AOA7G2FBV7	Q94BQ2	AOA7G2FBV7	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS19623 PE=3 SV=1
	EN2								EN			AOA7G2FI25	Q96533	AOA7G2FI25	S-(hydroxymethyl)glutathione dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS21224 PE=3 SV=1
EN1									EN			AOA7G2FI75	P39697	AOA7G2FI75	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS21527 PE=3 SV=1
					HA3						HA	AOA7G2FJM9	Q9FI43	AOA7G2FJM9	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS21857 PE=3 SV=1

EN1										EN			AOA7G2FKP6	O22558	AOA7G2FKP6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943 LOCUS22432 PE=4 SV=1
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		AOA7G2FNNH0	Q95749	AOA7G2FNNH0	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943 LOCUS23371 PE=3 SV=1
						HA3						HA	A0MF96	Q1PE51	A0MF96	Uncharacterized protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		A2RVK1	Q95I2Z	A2RVK1	At2g40290 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At2g40290 PE=1 SV=1
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		A7XB43	Q23255	A7XB43	Adenosylhomocysteinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1
			DZ2	DZ3							DZ		A8MR15	B9DH03	A8MR15	HISTIDINE BIOSYNTHESIS 6B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HISN6B PE=3 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		A8MS32	No hit	A8MS32	ATSG64130 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=MHJ24.11 PE=1 SV=1
						HA2	HA3	HA4				HA	AAK27983.1	Q9LZC3	AAK27983.1	malate synthase, partial [Acanthophoenix rubra]
EN1	EN2	EN3								EN			AAK27984.1	Q9LZC3	AAK27984.1	malate synthase, partial [Bactris gasipaes]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AAK28402.1	Q9LUJ7	AAK28402.1	7S globulin [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AAL26769.1	O03042	AAL26769.1	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (chloroplast) [Acrocomia crisper]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA		AAP74339.1	No hit	AAP74339.1	maturation protein-like, partial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AAQ63003.1	Q38905	AAQ63003.1	oil palm profilin-like allergen PF3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		AAT76902.1	No hit	AAT76902.1	asparagine synthase-related protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3		EN	DZ	HA		ABD66069.1	Q02973	ABD66069.1	EMZ08 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		ABR19827.1	P43297	ABR19827.1	cysteine proteinase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		ACF06450.1	O04204	ACF06450.1	ribosomal protein L10 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		ACF06476.1	Q9FT52	ACF06476.1	mitochondrial F0 ATP synthase D chain [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		ACF06496.1	Q9C7F5	ACF06496.1	nuclear transport factor 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		ACF06504.1	Q9M0E2	ACF06504.1	60S ribosomal protein L28 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2					HA2		HA4	EN		HA		ACF06506.1	Q9M1A8	ACF06506.1	RNA polymerase [Elaeis guineensis]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		ACF06507.1	No hit	ACF06507.1	aldose 1-epimerase-like protein [Elaeis guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		ACF06567.1	Q9FWH7	ACF06567.1	kinetochore protein [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	ACF06586.1	No hit	ACF06586.1	aluminum-induced protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		ACF06591.1	Q1PER6	ACF06591.1	cytosolic ascorbate peroxidase [Elaeis guineensis]
		EN3										EN	ACF06599.1	No hit	ACF06599.1	pathogenesis-related protein 10c [Elaeis guineensis]
EN1												EN	ACF06623.1	Q9SRZ6	ACF06623.1	NADP-isocitrate dehydrogenase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		ACF06628.1	Q8LC83	ACF06628.1	structural constituent of ribosome [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	ACF06630.1	Q8W108	ACF06630.1	aci-reductone dioxygenase-like protein [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	ACI23377.1	F4JTE7	ACI23377.1	putative HAD superfamily hydrolase [Elaeis guineensis]
						HA2		HA4				HA	AC035363.1	Q6NL24	AC035363.1	enoyl-CoA hydratase [Elaeis oleifera]
						HA2	HA3					HA	AEQ54555.1	Q9LZC3	AEQ54555.1	malate synthase, partial [Johannesteijmannia altitrons]
						HA2	HA3	HA4				HA	AEQ94090.1	Q9SKP6	AEQ94090.1	putative triosephosphate isomerase, partial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		AEQ94100.1	Q9SW21	AEQ94100.1	putative plastid ACP synthase, partial [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	AEQ94114.1	No hit	AEQ94114.1	putative 3-hydroxyacyl-ACP dehydrogenase, partial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AEQ94144.1	Q9FIH6	AEQ94144.1	putative ABC transporter homolog, partial [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	AEZ00875.1	Q9LXT3	AEZ00875.1	putative ethylene-responsive transcriptional coactivator protein, partial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AFS50097.1	Q9FLG1	AFS50097.1	beta-D-glucan exohydrolase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AFS50098.1	Q9M069	AFS50098.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaeis guineensis]
					HA1		HA3					HA	AHB30739.1	Q9SAJ6	AHB30739.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, partial [Phyllosticta capitalensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		AHN53202.1	Q38882	AHN53202.1	phospholipase D alpha 1-like protein [Cocos nucifera]
						HA2						HA	AKQ51144.1	P56757	AKQ51144.1	ATP synthase CF1 alpha (plastid) [Borassus flabellifer]
EN1	EN2	EN3										HA	AKS26849.1	P15455	AKS26849.1	11S globulin isoform 2 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	ALT55385.1	O03042	ALT55385.1	ribulose biphosphate carboxylase large chain (chloroplast) [Syagrus coronata]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	AMW65143.1	P56772	AMW65143.1	clp protease proteolytic subunit (plastid) [Caryota mitis]
EN1										EN			AQT25673.1	Q43284	AQT25673.1	oleosin isoform 500a [Cocos nucifera]
EN1		EN3										EN	ASQ40963.1	P15455	ASQ40963.1	coccosin [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	AWM95745.1	P31265	AWM95745.1	translationally-controlled tumor protein [Phoenix canariensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	AYG96806.1	O03042	AYG96806.1	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase, partial (chloroplast) [Colpotherinax wrightii]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4			DZ	HA	AYJ72171.1	Q93ZT6	AYJ72171.1	eukaryotic translation initiation factor [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		B5TM95	P93306	B5TM95	NADH dehydrogenase subunit 7 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	B9DGS0	P40941	B9DGS0	ADP/ATP translocase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g13490 PE=2 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	B9DHA3	Q96292	B9DHA3	AT3G18780 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g18780 PE=2 SV=1
						HA2	HA3	HA4				HA	B9DHO0	B9DHO0	B9DHO0	Tubulin alpha-5 chain OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=TUBA5 PE=1 SV=2
	EN2			DZ3						EN	DZ		C1PID2	Q8S528	C1PID2	Mitochondrial aldehyde dehydrogenase (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g23800 PE=4 SV=1
EN1	EN2	EN3			HA1			HA4	EN		HA		CAW92068.1	Q93VT9	CAW92068.1	unnamed protein product [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN			F1LIM0	P0CJ47	F1LIM0	Actin 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=3 SV=1
		EN2										EN	F4HUJ0	Q8GTY0	F4HUJ0	GTP binding Elongation factor Tu family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g07930 PE=1 SV=1
		EN2										EN	F4HWQ5	P46077	F4HWQ5	GF14 protein phi chain OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GF14 PHI PE=1 SV=1
EN1		EN3		DZ3						EN	DZ		F4I2I5	No hit	F4I2I5	Guanylate-binding family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g03830 PE=1 SV=1
				DZ3							DZ		F4I336	Q9ASQ6	F4I336	Non-specific serine/threonine protein kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g29730 PE=1 SV=1
EN1	EN2									EN			F4I962	Q48686	F4I962	SIN3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=SNL3 PE=1 SV=1
	EN2	EN3								EN			F4IK47	Q9ASR3	F4IK47	Cytochrome P450, family 709, subfamily B, polypeptide 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CYP709B1 PE=1 SV=1
		EN3		DZ3	HA1					EN	DZ	HA	F4JB05	Q9ASR1	F4JB05	Ribosomal protein S5/Elongation factor G/III/V family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=MGH6.2 PE=3 SV=1
EN1	EN2									EN			F4KDS0	Q9SVN5	F4KDS0	Methionine-tRNA ligase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g02680 PE=4 SV=2
						HA2	HA3					HA	F4KFD7	Q9FIB6	F4KFD7	26S proteasome regulatory subunit, putative (RPN5) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=EMB2107 PE=1 SV=1
					HA1			HA4				HA	F4KHG6	F4KHG6	F4KHG6	Carboxyl-terminal-processing peptidase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CTPA1 PE=1 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	F4KHU8	Q9FIE8	F4KHU8	UDP-glucuronate decarboxylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UXS3 PE=1 SV=1
EN1	EN2									EN			GLFX01000001.1-2	No hit	XP_010920591.1	metallothionein-like protein type 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA		GLFX01000002.1	P10798	XP_0080803597.1	ribulose biphosphate carboxylase small chain clone 512-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000003.1-2	Q9ZRW8	XP_038987897.1	probable glutathione S-transferase para [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000006.1-1	Q8LGG8	XP_010921685.1	universal stress protein PHO534 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000008.1	P42759	XP_010915560.1	uncharacterized protein LOC105040638 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3					HA	GLFX01000009.1	Q42561	XP_010927699.1	oleoyl-acyl carrier protein thioesterase 1, chloroplastic isoform X2
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000011.1	Q8H166	ABR19829.1	ABR19829.1 cysteine proteinase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000013.1	Q39196	ACB45460.1	aquaporin [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000014.1	No hit	XP_010923192.1	universal stress protein PHO532
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		GLFX01000015.1-1	Q9XK91	XP_008790673.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000023.1	Q9SIQ9	XP_010940458.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GLFX01000024.1-1	No hit	XP_010929283.1	putative glucose-6-phosphate 1-epimerase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000027.1-2	P39207	XP_008786176.1	nucleoside diphosphate kinase B [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GLFX01000030.1-1	P53492	XP_008080927.1	actin-2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		GLFX01000032.1-2	Q9C511	XP_010927211.1	UDP-sugar pyrophosphorylase [Elaeis guineensis]

						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000034.1-2	P35510	AKC03650.1	AKC03650.1phenylalanine ammonia lyase 5
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000037.1-1	Q22666	XP_008786030.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000038.1	Q01525	XP_010917299.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GLFX01000039.1-1	P26569	XP_008803319.2	histone H1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000042.1-1	Q957E4	XP_008787955.2	formate dehydrogenase, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000043.1-1	Q9FGK3	XP_010936606.1	putative MO25-like protein At5g47540
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000048.1	Q9XEX2	KAG1346710.1	peroxiredoxin-2C [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000052.1-2	Q04487	XP_010928857.1	elongation factor 1-gamma 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2	HA3			EN	DZ	HA	GLFX01000053.1-2	Q9FFR3	XP_010917535.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 3, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000056.1-1	P51418	XP_010936051.1	60S ribosomal protein L18a-2 isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000060.1	P42731	XP_010928349.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X1
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000064.1-2	P27323	Q570T4	Heat-shock protein (Fragment) O5-Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g52640 PE=2 SV=1
EN1	EN2	EN3								EN			GLFX01000068.1-1	Q9C6B2	KAG1342037.1	Metal transporter Nramp2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000069.1-2	Q9LMK0	XP_008801979.2	60S ribosomal protein L35a-1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000072.1-2	Q8LGG0	XP_010939747.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP12 isoform X2 [Elaeis guineensis]
	EN2									EN			GLFX01000075.1-1	Q9LVP9	XP_029119391.1	vesicle transport v-SNARE 13 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000076.1-1	FAIW47	XP_008813030.1	transketolase, chloroplastic isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000077.1	Q42564	XP_008808406.1	probable L-ascorbate peroxidase 4, peroxisomal [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ			GLFX01000078.1-2	Q9M2V1	XP_038988863.1	protein NCA1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000079.1-2	Q9CA83	XP_010915357.1	NADP-dependent malic enzyme isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GLFX01000080.1-1	Q9FMP3	XP_010914945.2	UDP-glycosyltransferase 73E1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000082.1-2	Q81149	KAG1342566.1	Proteasome subunit alpha type-5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000083.1	No hit	XP_010940561.1	protein SRC2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		GLFX01000084.1	Q5XEP2	XP_010919462.1	hsp70-Hsp90 organizing protein [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000085.1	Q9SRZ6	XP_010913457.1	isocitrate dehydrogenase [NADP] [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000088.1	No hit	KAG1363615.1	hypothetical protein COCNU_11G004420
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000091.1-2	Q23254	KAG1331528.1	serine hydroxymethyltransferase 4 [Cocos nucifera]
		EN3								EN			GLFX01000091.1-2	No hit	XP_010935982.1	translation initiation factor eIF-2B subunit epsilon [Elaeis guineensis]
							HA3					HA	GLFX01000096.1-1	Q9FMV5	KAG1369647.1	splicing factor U2af small subunit B
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GLFX01000099.1-2	Q9FK7	XP_010942603.1	acetyl-CoA acetyltransferase, cytosolic 1 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000100.1-2	Q9A08	XP_010937013.1	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2 [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000101.1	Q9FMO6	XP_010939396.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000104.1	P42036	ACF06620.1	ribosomal protein S14 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000106.1-1	Q04202	XP_010923104.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000107.1-1	Q9CA28	XP_010926052.1	tetraketide alpha-pyrone reductase 2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000109.1-2	Q24496	XP_010911346.1	hydroxyacylglutathione hydrolase cytoplasmic [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2					HA	GLFX01000111.1	Q9LHA1	KAG1347898.1	isoflavone 2'-hydroxylase
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000115.1-2	Q9M060	XP_010939143.1	eukaryotic translation initiation factor 6-2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000120.1	Q9SYG4	XP_010937551.2	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000121.1-2	Q8S9M1	XP_010928813.1	probable plastid-lipid-associated protein 13, chloroplastic
	EN2	EN3	DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	No hit	XP_010923369.1		uncharacterized protein LOC105046469 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000133.1-1	Q80988	XP_010925018.1	glycine dehydrogenase (decarboxylating), mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000138.1-1	Q8H059	XP_010935788.1	puromycin-sensitive aminopeptidase isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GLFX01000139.1	Q9S9N9	XP_029116992.1	cinnamoyl-CoA reductase 2 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000140.1	No hit	XP_010905583.1	uncharacterized protein LOC105032743
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000145.1-2	Q949U7	KAG1331004.1	peroxiredoxin-2E-1, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000150.1	Q9SLA8	XP_010928434.1	enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000151.1-2	Q9T0G2	XP_008806985.1	cytochrome c isoform X1
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000154.1-2	Q9S1J2	KAG1327821.1	putative ATP synthase 24 kDa subunit, mitochondrial
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000158.1-2	P55034	XP_010920149.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog isoform X2
									HA4			HA	GLFX01000159.1	Q41951	XP_010915908.1	probable aquaporin TIP2-2
						HA1		HA3				HA	GLFX01000162.1-1	No hit	XP_038989707.1	protein transport protein Sec61 subunit alpha-like
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000163.1	Q8W4F0	XP_010941796.1	protein DA1-related 1 isoform X1
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000164.1	Q9C820	XP_008810026.2	ras-related protein Rab7-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000166.1-1	Q9LF33	XP_010923592.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4 [Elaeis guineensis]
				DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	DZ		HA	GLFX01000167.1-2	Q9L778	XP_010923265.1	zingipain-2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000169.1-2	No hit	KAG1330536.1	microsomal glutathione S-transferase 3
									HA4			HA	GLFX01000178.1	Q9LNU4	KAG1361001.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000179.1-2	Q9S283	XP_010916976.1	uncharacterized oxidoreductase At4g09670
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000181.1-1	Q82662	XP_010934289.1	succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000183.1-2	Q9SA73	XP_010926935.1	obg-like ATPase 1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000187.1-2	Q8LDV3	XP_008802420.1	uncharacterized protein At4g13200, chloroplastic
	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000191.1-2	P93285	AOX12982.1	cytochrome oxidase subunit 2 (mitochondrion) [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2			HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000192.1	Q9FJ15	KAG1368064.1	protein decapping 5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000195.1	P47999	XP_008800744.2	cysteine synthase [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000200.1	P31166	XP_008792565.2	adenine phosphoribosyltransferase 1-like
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000208.1-1	Q8L4D8	XP_008793495.2	protein IQ-DOMAIN 31-like isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000224.1-1	AIAGA6	XP_010933804.1	RNA-binding protein 1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2									EN			GLFX01000225.1-2	Q9LP45	XP_010917140.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11 homolog [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000227.1-2	Q9CS22	XP_008794937.2	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit H-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000232.1	P46248	XP_010942149.1	aspartate aminotransferase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GLFX01000233.1	Q23715	XP_010904710.1	proteasome subunit alpha type-3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000238.1-2	Q9LHT0	XP_008801625.3	troponin reductase homolog At5g06060-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000244.1	Q8H1Y0	XP_008793778.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial-like
EN1			DZ2							EN	DZ		GLFX01000245.1	P58684	XP_008786628.1	probable signal peptidase complex subunit 2 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000253.1-2	Q9ZW83	XP_008797922.2	casein kinase 1-like protein HD16 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000255.1	Q9FZ18	XP_010936160.1	lecithin-cholesterol acyltransferase-like 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000256.1-2	Q82663	XP_010942023.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Elaeis guineensis]
							HA3					HA	GLFX01000260.1-1	Q9LV21	XP_010916258.1	T-complex protein 1 subunit delta
						HA2	HA3					HA	GLFX01000261.1-2	Q80719	XP_010941479.1	pto-interacting protein 1
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000263.1-2	Q64641	KAG1362461.1	Carboxylesterase 1
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000265.1-2	P35614	XP_010926438.1	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-3 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ			GLFX01000267.1-2	Q9S0J2	KAG1327934.1	TBC1 domain family member 15 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000269.1-2	Q9ZUC1	KAG1371458.1	quinone oxidoreductase-like protein 2
						HA2	HA3					HA	GLFX01000270.1-2	Q8GW74	XP_010927141.1	protein arginine N-methyltransferase 5

			DZ2							DZ		GLFX01000298.1-2	P57741	XP_008791694.2	probable prefoldin subunit 3 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01000308.1-2	Q9S7Z3	KAG1359741.1	glutathione gamma-glutamylcysteinyltransferase 1
					HA1	HA2	HA3			HA		GLFX01000313.1	Q9LQ04	XP_010933908.2	bifunctional dTDP-4-dehydroharmnose 3,5-epimerase/dTDP-4-dehydroharmnose reductase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000322.1-2	Q9ZUC1	XP_010921987.1	quinone oxidoreductase PIG3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000329.1-1	Q9C9W5	XP_010933351.1	glycerate dehydrogenase [Elaeis guineensis]
				DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01000330.1-1	No hit	XP_010930251.1	ER membrane protein complex subunit 10 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000331.1-1	No hit	KAG1370163.1	5-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine deaminase-like [Cocos nucifera]
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000334.1	P42799	XP_010929589.1	glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000344.1-1	Q9FGL9	XP_010930126.1	probable aspartyl aminopeptidase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000349.1-1	Q8H0V3	XP_010943402.1	lactoylglutathione lyase [Elaeis guineensis]
	EN2											GLFX01000352.1-2	Q9CAM7	XP_010911387.1	replication factor C subunit 4 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000366.1-1	Q9LFU1	XP_010917498.1	asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] 2 isoform X1
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01000370.1	Q9LNC6	XP_010935906.1	TOM1-like protein 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000371.1-2	Q570P7	XP_008786853.2	dual specificity protein phosphatase 12-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN		GLFX01000385.1-1	No hit	XP_008809871.2	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein 3 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01000389.1-2	No hit	XP_010915109.1	uncharacterized protein LOC105040320 isoform X2
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000390.1-2	O82659	XP_010916613.1	probable calcium-binding protein CML13 isoform X2 [Elaeis guineensis]
		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01000394.1	Q96327	XP_008805004.1	ERBB-3 BINDING PROTEIN 1 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000396.1-1	Q9F444	XP_010929714.1	succinate dehydrogenase assembly factor 2, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01000398.1-2	O22216	XP_010938667.1	probable glycerol-3-phosphate dehydrogenase [NAD(+)] 1, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1			DZ2							EN	DZ	GLFX01000401.1-1	Q9LZM1	XP_010910048.1	oxysterol-binding protein-related protein 3A [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000406.1-1	Q9SWG0	XP_010937822.1	isovaleryl-CoA dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000413.1	No hit	XP_010905612.1	uncharacterized protein LOC105032758 [Elaeis guineensis]
		EN3										GLFX01000417.1-2	Q9LXV3	XP_019708462.1	dicarboxylate transporter 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000427.1-2	Q9S757	KAG1354871.1	bifunctional L-3-cyanoalanine synthase/cysteine synthase 1, mitochondrial
											HA	GLFX01000429.1	O23140	XP_010941233.1	AP-2 complex subunit mu
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000430.1-2	O5XF06	XP_010926050.1	stem-specific protein TS1T1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000433.1-2	Q84LM4	XP_010939401.1	uncharacterized protein LOC105058230 isoform X2 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01000442.1	Q9LS40	XP_008798866.2	probable aspartyl protease At4g16563 [Phoenix dactylifera]
				DZ3			HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01000456.1-2	Q9ZW35	XP_008785449.1	proliferating cell nuclear antigen [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000463.1-2	Q8W4M5	XP_010913416.1	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000473.1-1	Q944K2	XP_008786131.2	dolchyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000478.1-2	O04630	XP_008802022.1	threonine--tRNA ligase, mitochondrial 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2			DZ3						EN	DZ	GLFX01000486.1-2	Q9CSY0	XP_010935183.1	phospholipase D delta isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000492.1	Q9SIU0	XP_010933530.1	NAD-dependent malic enzyme 62 kDa isoform, mitochondrial
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01000494.1	Q9FLP3	XP_010932064.1	grpE protein homolog 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01000504.1-2	No hit	XP_010915566.1	prefoldin subunit 6 isoform X2
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1		HA3		EN	DZ	HA	GLFX01000509.1-2	Q4Z586	XP_010938591.1	uridine 5'-monophosphate synthase [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000513.1-2	No hit	KAG1359006.1	aminocyclase-1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000515.1-1	Q93XW5	XP_010942273.1	nitrile-specifier protein 5 isoform X2 [Elaeis guineensis]
	EN2			DZ3						EN	DZ	GLFX01000518.1	O82162	XP_008788679.1	eyes absent homolog [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000521.1	Q9FN41	XP_010907558.1	probable bifunctional methylthioribulose-1-phosphate dehydratase/enolase-phosphatase E1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01000527.1-2	No hit	XP_010928464.1	uncharacterized protein LOC105050226 [Elaeis guineensis]
EN1				DZ3						EN	DZ	GLFX01000528.1-2	O23034	XP_038986910.1	ubiquitin-like modifier-activating enzyme 5 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000535.1-1	Q304B9	XP_008792373.2	neutral ceramidase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01000539.1-1	O03042	AKF00649.1	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (chloroplast) [Reinhardtia simplex]
							HA3	HA4			HA	GLFX01000545.1-1	No hit	XP_010914247.1	putative glucose-6-phosphate 1-epimerase isoform X1
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01000557.1-1	O22715	XP_008791180.2	AP-1 complex subunit mu-2 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2					HA	GLFX01000565.1-1	Q84K90	XP_010934947.1	uncharacterized protein LOC105054975 isoform X3
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000573.1-1	No hit	XP_038984866.1	stem-specific protein TS1T1-like isoform X1
EN1	EN2									EN		GLFX01000576.1	Q9C9B0	XP_010943331.1	flavonol 3-O-glucosyltransferase UGT89B1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000579.1-2	Q39161	XP_038974392.1	ferredoxin--nitrite reductase, chloroplastic
EN1	EN2			DZ3						EN	DZ	GLFX01000584.1-1	Q9ZQE5	XP_029120446.1	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g15690, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000585.1-1	No hit	XP_008795288.1	eukaryotic translation initiation factor 2D isoform X1
							HA3	HA4			HA	GLFX01000598.1-2	F41YF8	XP_010909326.1	histidine--tRNA ligase, cytoplasmic isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000607.1-2	Q9C550	XP_010931990.1	2-isopropylmalate synthase A [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		EN	DZ	GLFX01000609.1	No hit	XP_008780848.1	pyridoxal phosphate homeostasis protein [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000620.1-2	O03983	XP_008795021.2	late embryogenesis abundant protein Leat14-A [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000623.1-2	Q9ZUN4	KAG1330155.1	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000624.1-2	P92947	XP_010941081.1	monodehydroascorbate reductase 5, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000628.1-2	No hit	XP_010921122.1	uncharacterized protein LOC105044723 isoform X2
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000633.1	O23207	XP_010932671.1	probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FOR1-like 2
											HA	GLFX01000634.1-1	No hit	XP_008802418.1	non-lysosomal glucosylceramidase-like
							HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01000640.1-1	No hit	XP_010914283.1	uncharacterized protein LOC105039715 isoform X1
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000654.1	Q9FN85	KAG1354169.1	ABC transporter G family member 20-like [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3							DZ	GLFX01000662.1-1	No hit	XP_026665918.2	uncharacterized protein LOC103721331 [Phoenix dactylifera]
			DZ2								DZ	GLFX01000671.1	Q681Q7	XP_010913215.1	uncharacterized protein At1g03900 [Elaeis guineensis]
EN1		EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	GLFX01000707.1-2	No hit	XP_008783192.1	heme-binding protein 2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000732.1-1	Q9LZ82	XP_010940546.1	protein BTR1 isoform X2
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000736.1-1	Q9SAK2	XP_010941701.1	ent-kaur-16-ene synthase, chloroplastic
EN1	EN2	EN3								EN		GLFX01000757.1	F4IAE9	XP_029116328.1	uncharacterized protein LOC105060200 isoform X3 [Elaeis guineensis]
							HA3				HA	GLFX01000759.1	Q8W593	XP_010917678.1	probable lactoylglutathione lyase, chloroplastic
EN1	EN2		DZ2							EN	DZ	GLFX01000761.1	No hit	XP_010914234.1	uncharacterized protein LOC105039684 isoform X2 [Elaeis guineensis]
	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000850.1-1	O82462	XP_029118860.1	LOW QUALITY PROTEIN: glutamate--tRNA ligase, cytoplasmic [Elaeis guineensis]
						HA2		HA4			HA	GLFX01000866.1	No hit	XP_010918426.1	trafficking protein particle complex subunit 13 isoform X2
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000870.1-1	Q94K88	XP_008812295.1	ras-related protein Rab7 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3										GLFX01000873.1-2	Q8GXV5	XP_010919784.1	(S)-ureidoglycine aminohydrolase isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01000909.1-1	Q5M729	XP_008810367.2	dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase component 2 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01000910.1-2	No hit	XP_010925826.1	uncharacterized protein LOC105048262 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN		GLFX01000980.1-2	Q9M2R0	XP_010910862.1	FT-interacting protein 3 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01001021.1-1	P58223	XP_010916373.1	KH domain-containing protein HEN4
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01001141.1-1	F4JQH3	XP_010943163.1	aminopeptidase P1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01001146.1-2	O80575	XP_010930317.1	6,7-dimethyl-8-ribityllumazine synthase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01001152.1	Q949P2	KAG1338235.1	putative arabinosyltransferase ARAD1 [Cocos nucifera]
				DZ3						DZ		GLFX01001218.1-2	No hit	KAG1328039.1	embryogenesis-associated protein EMB8 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ	GLFX01001219.1	Q9SGE9	XP_010906084.1	phenylalanine--tRNA ligase beta subunit, cytoplasmic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2							EN	DZ	GLFX01001251.1-1	Q9FFV5	XP_017700947.1	SUN domain-containing protein 1-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01001271.1-1	Q9LZ53	XP_010935254.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme, chloroplastic/amyloplastic

EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01001294.1-2	No hit	XP_008809162.1	L-Ala-D/L-amino acid epimerase isoform X3 [Phoenix dactylifera]
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01001301.1-1	P46309	XP_010937863.1	glutamate-cysteine ligase A, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			GLFX01001306.1	Q9FJD4	XP_010920995.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]
EN1			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01001343.1-1	Q9LIR4	XP_010940485.1	dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3		EN	HA		GLFX01001366.1	No hit	XP_038989772.1	alpha-galactosidase mel1 isoform X3 [Phoenix dactylifera]
						HA2				HA		GLFX01001381.1-1	Q96328	XP_029120299.1	phosphoinositide phosphatase SAC8 isoform X3
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01001471.1	No hit	KAG1335254.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminy)asparagine amidase A [Cocos nucifera]
						HA2				HA		GLFX01001473.1	No hit	XP_010924220.1	HD domain-containing protein 2 isoform X2
							HA3			HA		GLFX01001491.1-2	O65251	XP_010914816.1	flap endonuclease 1 isoform X2
						HA2	HA3			HA		GLFX01001498.1	Q9C9K3	XP_010927304.1	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		GLFX01001585.1-1	Q8RXN4	XP_010933711.1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
	EN2								EN			GLFX01001621.1-2	No hit	XP_010909421.1	hsp70 nucleotide exchange factor FES1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01001658.1-1	No hit	XP_010926970.1	uncharacterized protein LOC105049109
EN1									EN			GLFX01001700.1-1	Q9SR52	XP_008807553.2	urease isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01001752.1	Q9SAK4	XP_038978752.1	succinate-semialdehyde dehydrogenase, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2			EN	HA		GLFX01001767.1-2	No hit	XP_008796738.2	uncharacterized protein LOC103712110 isoform X4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01001775.1-2	No hit	XP_010917955.2	LOW QUALITY PROTEIN: putative phosphatidylglycerol/phosphatidylinositol transfer protein DDB_G0278295 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01001795.1	Q9FZHS	XP_010926023.1	mannose-6-phosphate isomerase 2 isoform X1
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01001868.1-2	O22190	XP_010914349.1	probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.6 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			GLFX01001987.1-2	Q9SU40	XP_010906622.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			GLFX01002015.1-1	O22467	XP_010935135.1	histone-binding protein MSI1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01002087.1-1	No hit	XP_010921586.1	polyphenol oxidase, chloroplastic
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01002187.1	Q9LV35	KAG1330606.1	actin-interacting protein 1-2
EN1					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		GLFX01002251.1-2	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01002333.1	Q9SSF9	KAG1347531.1	pentatricopeptide repeat-containing protein
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01002336.1-2	Q96520	XP_008785855.1	peroxidase 12 [Phoenix dactylifera]
							HA3			HA		GLFX01002377.1-2	No hit	XP_026660347.2	protein DOG1-like 3
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01002429.1	O48724	XP_038985997.1	protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			GLFX01002634.1	Q1KPV0	XP_010927024.1	probable transmembrane GTPase FZO-like, chloroplastic isoform X3 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01002704.1-1	No hit	KAG1347659.1	hypothetical protein COCNU_06G014880
EN1									EN			GLFX01002791.1	Q9SU50	KAG1354575.1	Trehalase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		GLFX01003186.1	Q9SAK4	XP_008786766.1	uncharacterized protein LOC103704993 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01003575.1-2	Q0WP44	XP_019701762.1	protein HASTY 1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01004519.1-2	No hit	XP_010921586.1	polyphenol oxidase, chloroplastic
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01004749.1-1	O23404	KAG1327811.1	Pyruvate, phosphate dikinase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01004812.1	No hit	XP_008812718.2	MIC60 complex subunit MIC60-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3							EN			GLFX01004914.1-2	Q932M7	XP_010925013.1	chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
								HA4		HA		GLFX01004973.1-1	O22467	XP_008806593.1	histone-binding protein MSI1-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005095.1-1	Q39043	XP_010918502.1	luminal-binding protein 4 isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		GLFX01005101.1	Q94B35	XP_010909277.1	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase, chloroplastic isoform X1
		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005105.1-1	Q9LZH9	XP_010926689.1	60S ribosomal protein L7a-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3			HA		GLFX01005106.1-1	Q4Z589	XP_038980837.1	non-specific lipid-transfer protein 1-like
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005114.1-1	No hit	ACF06473.1	light-inducible protein ATLS1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	GLFX01005115.1	P24704	XP_010938694.1	superoxide dismutase [Cu-Zn] [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		GLFX01005116.1-2	Q9CG85	XP_008784823.2	CSC1-like protein ERD4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005117.1-1	P56820	KAG1367989.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005118.1-2	Q6DBP4	XP_038979839.1	pectin acetyltransferase 8-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			GLFX01005123.1	O04486	XP_008788335.1	ras-related protein RABA2a-like [Phoenix dactylifera]
EN1				DZ3					EN	DZ		GLFX01005128.1-1	Q9SIU08	XP_008794746.2	disease resistance response protein 206 [Phoenix dactylifera]
		DZ2							DZ			GLFX01005130.1-2	No hit	XP_038981201.1	putative methyltransferase DDB_G0268948 [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		GLFX01005133.1-2	P42798	XP_029123920.1	40S ribosomal protein S15a isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005135.1-1	O85916	XP_010928184.2	aspartyl protease family protein At5g10770
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005136.1	Q0WM29	XP_010933526.1	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005137.1-1	O65396	XP_010909941.1	aminomethyltransferase, mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005139.1	Q8VWG7	KAG1362449.1	FAM10 family protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005140.1	Q8LGG8	XP_010921785.1	universal stress protein A-like protein isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005142.1-2	Q9LNE4	XP_010930218.1	fructokinase-1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005146.1-1	Q9XIO1	XP_008790218.2	protein disulfide-isomerase-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005148.1	No hit	XP_008781198.2	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC103701039
EN1		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005152.1-1	Q9LIP5	XP_010929928.1	cytochrome P450 71A1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005153.1-1	Q9FIAP6	XP_010940806.1	40S ribosomal protein S3-3 isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005155.1-1	Q8LDP4	XP_008797942.2	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP20-1 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005156.1	Q96321	KAG1365276.1	importin subunit alpha-1b [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005157.1-2	Q94JS0	XP_008776970.1	cytochrome b-c1 complex subunit Rieske-4, mitochondrial-like
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005159.1-2	Q9CS24	XP_010932642.1	probable fructokinase-6, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005160.1-1	Q9SFH9	XP_019711227.1	delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloroplastic isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01005162.1-1	O81148	XP_010906897.1	proteasome subunit alpha type-4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005163.1	Q9MAH3	XP_008783896.2	protein DJ-1 homolog B-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005165.1-2	Q9C9C5	KAG1327253.1	60S ribosomal protein L6 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN	HA		GLFX01005166.1-2	Q9LFU5	XP_010937961.1	probable tRNA (guanine(26)-N(2))-dimethyltransferase 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005167.1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005172.1	Q84WU0	KAG1368772.1	O-fucosyltransferase 36 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005173.1-2	P15456	XP_008794577.1	glutelin type-D 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005174.1	Q9LMA1	XP_019709484.1	probable flavin-containing monooxygenase 1 [Elaeis guineensis]
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005175.1-1	No hit	XP_010927633.1	basic leucine zipper and W2 domain-containing protein 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005178.1-2	Q9LIK0	XP_010935910.1	pyruvate kinase isozyme A, chloroplastic [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005179.1-1	Q9FIF3	ACF06617.1	ACF06617.140S ribosomal protein S8
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005182.1	P34788	XP_010932756.1	40S ribosomal protein S18 [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005183.1-1	O64518	XP_010926867.1	metacaspase-5 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		GLFX01005184.1-2	Q4Z551	XP_038982616.1	SUMO-conjugating enzyme SCE1-like
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01005189.1	Q8LAN3	XP_010912106.1	probable prolyl 4-hydroxylase 4 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005192.1-2	No hit	KAG1369675.1	hypothetical protein COCNU_15G000410
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005199.1-2	Q9FWA3	XP_010933404.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		GLFX01005200.1-1	Q9FIJ4	XP_010909258.1	DNA repair RAD52-like protein 2, chloroplastic
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01005202.1-1	No hit	XP_010915111.1	phosducin-like protein 3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005203.1	Q39173	XP_019704194.1	2-alkenal reductase (NADP(+)-dependent) [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005206.1-2	No hit	KAG1330329.1	Succinate dehydrogenase assembly factor 4, mitochondrial
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01005214.1-2	Q8H107	XP_010943742.1	dihydrolipoylysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex 1, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005215.1-2	Q94CD1	XP_010911881.1	acyl transferase 5
	EN2								EN			GLFX01005216.1-2	Q9M1C7	XP_038975230.1	putative ABC transporter C family member 15 [Phoenix dactylifera]

	EN2								EN			GLFX01005227.1-1	Q9ZW34	XP_029122066.1	cytosolic enolase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4		HA		GLFX01005228.1	F4JPR7	KAG1360686.1	plant UBX domain-containing protein 8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005231.1-1	No hit	XP_010938342.1	pathogenesis-related protein 1-like [Elaeis guineensis]	
								HA4			HA	GLFX01005235.1-2	Q9C820	XP_008792342.1	ras-related protein Rab7	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005236.1-2	Q9SP66	KAG1370088.1	alpha-soluble NSF attachment protein [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005237.1-2	Q9LRR9	XP_038987902.1	peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GL05-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005239.1-1	P93834	XP_010924444.1	hexokinase-2 isoform X2 [Elaeis guineensis]	
								HA4			HA	GLFX01005245.1-1	Q8RXN3	XP_010924122.1	phosphoenolpyruvate/phosphate translocator 1, chloroplastic	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005250.1-1	Q9ZPI5	XP_010931678.1	glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein MFP-a [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01005252.1-2	Q9FH04	XP_008804784.2	alcohol dehydrogenase-like 7 isoform X1	
	EN2	EN3					HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005258.1-1	Q7DLS1	XP_010930290.1	proteasome subunit beta type-7-B [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3		DZ3						DZ						putative translocon-associated protein subunit beta [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005260.1-2	Q1WIO6	XP_010929145.1	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3								EN						U2 small nuclear ribonucleoprotein A' [Phoenix dactylifera]
				DZ3						DZ						exosome complex exonuclease RRP44 homolog A isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005264.1	Q9C8F1	XP_010924001.1	eukaryotic translation initiation factor 5	
					HA1	HA2					HA	GLFX01005274.1-1	Q9C7F5	KAG1330939.1	nuclear transport factor 28	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005281.1-1	P92963	XP_010915456.3	ras-related protein RAB11c [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005282.1-1	Q8W496	XP_038972135.1	protochlorophyllide-dependent translocon component 52, chloroplastic-like isoform X1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005283.1	No hit	XP_010922391.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005288.1	Q9C8Y1	XP_010925997.1	probable calcium-binding protein CML18	
						HA2	HA3				HA	GLFX01005289.1-2	Q8LAZ7	XP_010929274.1	COP9 signalosome complex subunit 5a	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005292.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]	
EN1		EN3								EN						probable aldo-keto reductase 1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005293.1-1	Q2Z707	XP_010917618.1	calcium-transporting ATPase 4, endoplasmic reticulum-type [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005299.1-2	Q8W034	XP_038978408.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005300.1-1	Q9L282	XP_010924497.1	far upstream element-binding protein 1 [Elaeis guineensis]	
								HA4			HA	GLFX01005302.1-2	Q9C8L4	XP_010904876.1	persulfide dioxygenase ETHE1 homolog, mitochondrial isoform X1	
			DZ2	DZ3						DZ						GrpE protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005305.1-2	Q8LB47	KAG1326553.1	aldehyde dehydrogenase family 3 member H1 [Elaeis guineensis]	
						HA2					HA	GLFX01005308.1	Q70DU8	XP_010930724.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005316.1	Q9LX90	XP_010917314.1	T-complex protein 1 subunit gamma	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005317.1-1	Q84WV1	XP_010925482.1	uncharacterized protein At2g37660, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005319.1-1	O80934	XP_010922296.1	Serine/threonine-protein kinase SAPK10 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2									EN						N-carbamoylputrescine amidase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005324.1-2	Q940H6	KAG1347932.1	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ					uncharacterized protein LOC103712852 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005330.1-1	No hit	XP_008797756.2	endoplasmic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005332.1-1	Q9XTX5	KAG1359417.1	dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP+), chloroplastic-like	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005361.1-2	Q9LV19	XP_008812984.1	serine carboxypeptidase II-2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005339.1	Q94QV7	XP_008790132.2	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 homolog A [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005344.1-1	Q9SIV2	XP_010918461.1	miraculin-like [Phoenix dactylifera]	
	EN2		DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005346.1	Q9LUM2	XP_03897880.1	protein FLX-like 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ					protein DETOXIFICATION 16 [Elaeis guineensis]
	EN2				HA2	HA3	HA4	EN			HA	GLFX01005349.1-1	Q9C717	XP_010931541.1	glucose-6-phosphate isomerase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005355.1-1	Q9FH86	XP_010910116.2	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-3, chloroplastic	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005358.1-1	Q8H103	XP_010939741.1	transmembrane protein 33 homolog [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005361.1-2	Q24457	XP_010940832.1	uncharacterized protein At1g32220, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2									EN	DZ					RGG repeats nuclear RNA binding protein A [Cocos nucifera]
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005363.1	No hit	XP_008801981.2	GD5L esterase/lipase At5g45910-like	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005369.1	Q23593	KAG1330045.1	uncharacterized protein LOC105046804	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005370.1-2	Q9FJ45	XP_008785157.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I [Elaeis guineensis]	
							HA3	HA4			HA	GLFX01005371.1-1	Q9FPR3	XP_010923831.1	coatamer subunit delta-2-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005375.1	Q38884	XP_010926275.1	Pectinesterase [Cocos nucifera]	
						HA2					HA	GLFX01005377.1-2	Q93Y22	XP_008813284.3	heat shock protein 90-5, chloroplastic	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005390.1-2	Q9LXD9	KAG1369988.1	mitochondrial uncoupling protein 1 isoform X1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005396.1-2	Q9SIF2	XP_010943343.1	RGG repeats nuclear RNA binding protein A-like	
						HA2	HA3				HA	GLFX01005408.1-2	Q81845	XP_010928939.1	coatamer subunit epsilon-1 [Elaeis guineensis]	
							HA2				HA	GLFX01005414.1-1	Q23593	XP_008792951.1	methy-CpG-binding domain-containing protein 11 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005417.1-1	Q9SA78	XP_010938541.1	uncharacterized protein LOC105035094 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005420.1-1	Q9LW00	XP_010937564.1	subtilisin-like protease SBT2.5	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005421.1-2	No hit	XP_010908806.2	malate dehydrogenase, chloroplastic	
			DZ2	DZ3						DZ						eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005426.1-2	Q9SZV5	XP_010927233.1	acetylornithine aminotransferase, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	
						HA3	HA4				HA	GLFX01005428.1-1	Q9SN86	XP_008783996.1	UBP1-associated protein 2C [Cocos nucifera]	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005431.1-2	Q9LD55	XP_029120494.1	secretory carrier-associated membrane protein 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005437.1	Q9M8M7	XP_017698182.2	aldose 1-epimerase [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005438.1-2	Q9LKA4	KAG1367680.1	activator of 90 kDa heat shock protein ATPase homolog	
				DZ3	HA1					DZ	HA	GLFX01005443.1-1	Q9M5P2	XP_010905602.1	ferritin-3, chloroplastic-like	
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3			HA	GLFX01005445.1	No hit	XP_010930434.1	nucleolar protein 56 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3			HA	GLFX01005446.1	No hit	XP_010917262.1	monothiol glutaredoxin-54, mitochondrial isoform X1	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01005451.1-2	Q9S756	XP_008792167.1	LOW QUALITY PROTEIN: 3-isopropylmalate dehydratase small subunit 3-like [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005457.1-1	Q04656	XP_010938674.1	uridine kinase-like protein 1, chloroplastic	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005461.1-1	Q8LBK6	XP_008792084.2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 5, chloroplastic	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3		EN	DZ	HA	GLFX01005463.1-1	Q9ZW85	XP_010919697.1	probable mitochondrial saccharopine dehydrogenase-like oxidoreductase At5g39410 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01005464.1-2	Q9FKS0	XP_008794574.1	beta-adaptin-like protein C	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005472.1	Q9S834	XP_010938253.1	dnaj protein ERDJ3B [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005473.1-2	Q8LG12	XP_010904920.1	isocitrate dehydrogenase [NAD] catalytic subunit 5, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005474.1	O81742	KAG1359685.1	uncharacterized protein LOC120103913 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3		HA2				DZ						coatamer subunit gamma-2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005475.1-2	Q9LZK5	XP_010914541.1	putative esterase YitV [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3								EN	DZ					oxalate-CoA ligase
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ					universal stress protein A-like protein
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005483.1-1	Q94SK7	XP_010912545.1	citrate synthase, glyoxysomal	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN	DZ						chaperone protein dnaj10 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005490.1-2	Q9SM77	XP_008806875.1	auxin transport protein BIG [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01005491.1-1	Q8LGG8	KAG1342773.1	developmentally-regulated G-protein 2	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01005492.1	Q9LX56	XP_010916480.1	T-complex protein 1 subunit epsilon [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005495.1-1	Q8GYX8	XP_010922833.1	organelle RRM domain-containing protein 1, chloroplastic isoform X4
	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005497.1-1	Q9SRU2	XP_008797599.2	flowering locus K homology domain [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01005498.1	Q9CA11	XP_010906948.1	T-complex protein 1 subunit theta [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005501.1-1	Q04A50	XP_010938539.1	outer envelope protein 61 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005512.1-1	Q8L440	XP_010		

EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005525.1-2	Q9M315	XP_038986200.1	LOW QUALITY PROTEIN: 3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase 1, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005528.1	Q93ZC5	XP_010924770.1	allene oxide cyclase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01005530.1	No hit	XP_010938477.1	spermatogenesis-associated protein 20 isoform X3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01005532.1-1	Q4Z522	XP_008791109.2	glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005537.1	Q9M336	XP_008777639.1	uracil phosphoribosyltransferase-like
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		GLFX01005541.1-1	Q9C9P4	XP_010932373.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase II, chloroplastic isoform X4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005542.1-1	No hit	XP_029116569.1	uncharacterized protein LOC105061204 [Elaeis guineensis]
					HA1		HA3				HA	GLFX01005556.1	Q9CSZ1	KAG1331289.1	eukaryotic translation initiation factor 2A
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005561.1-1	Q9LX65	XP_008800912.2	probable V-type proton ATPase subunit H [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01005562.1-2	Q8L9C4	KAG1331361.1	very-long-chain 3-oxoacyl-CoA reductase 1 [Cocos nucifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005564.1	Q9M2R0	XP_010918556.1	FT-interacting protein 3
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005583.1	X5JA13	XP_008807526.1	exocyst complex component 5 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			GLFX01005587.1-2	No hit	XP_008808310.1	macro domain-containing protein VPA0103-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005588.1	F4HXZ1	XP_008806655.1	vacuolar-sorting protein BRO1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1		HA3	HA4			HA	GLFX01005589.1-2	Q4Z539	XP_038976307.1	protein-L-isoaspartate O-methyltransferase-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005590.1-2	Q9SPK5	XP_038987406.1	formate-tetrahydrofolate ligase [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005591.1-1	Q8GTY0	XP_010932446.1	eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3A
EN1	EN2				HA1		HA3	HA4	EN		HA	GLFX01005592.1-2	Q9XFK7	KAG1366211.1	protein MOTHER of FT and TFL1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005594.1-1	No hit	XP_010937411.1	uncharacterized protein LOC105056797 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005597.1-2	Q9LW00	XP_010917954.1	methyl-CpG-binding domain-containing protein 11 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005601.1	Q9SKU1	XP_010918429.1	clathrin light chain 2
					HA2	HA3					HA	GLFX01005609.1-2	O80480	XP_010931776.1	importin subunit alpha
					HA3	HA4					HA	GLFX01005619.1-1	Q4Z601	KAG1346371.1	carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic
			DZ2		HA2	HA3	HA4		DZ	HA		GLFX01005628.1	No hit	XP_010923158.1	protein SSUH2 homolog [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		GLFX01005640.1-1	Q9CSH4	XP_010925916.1	protein MODIFIED TRANSPORT TO THE VACUOLE 1 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005641.1-1	F4JFN3	XP_008800616.2	heat shock protein 90-6, mitochondrial
EN1	EN2								EN			GLFX01005648.1-2	Q9LTX3	XP_029121472.1	pyridoxine/pyridoxamine 5'-phosphate oxidase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005654.1	Q8VY06	XP_010939451.1	presequence protease 1, chloroplastic/mitochondrial isoform X2
EN1	EN2								EN			GLFX01005657.1-1	O22899	XP_010914623.1	probable pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DEAH2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005658.1-2	Q9SYG7	XP_010917487.1	aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005670.1-1	No hit	XP_010937062.1	aldose 1-epimerase [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005671.1-2	P4Z751	XP_010941996.1	phospholipase A-2-activating protein isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005679.1	Q5QW8F	XP_010920652.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]
		EN3							EN			GLFX01005683.1	F4IPY2	XP_010934677.1	cysteine-tRNA ligase, chloroplastic/mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005698.1-1	O82264	XP_010941763.1	NPL4-like protein
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		GLFX01005702.1	B6ETT4	XP_010920130.1	synaptotagmin-2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005713.1	Q8W487	XP_010927302.1	uncharacterized protein At2g39795, mitochondrial
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005721.1-1	Q9SIV9	XP_010933142.1	purple acid phosphatase isoform X1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005723.1-2	Q9ASR4	XP_010942422.1	branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein 2 isoform X3
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005726.1-2	Q8LSU0	XP_010943184.1	COP9 signalosome complex subunit 4 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005764.1-1	Q8VZF3	XP_010938262.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable glutamyl endopeptidase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005767.1-1	Q8LPQ8	XP_019703007.1	monosaccharide-sensing protein 2 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			GLFX01005768.1	No hit	XP_008809587.3	putative oxidoreductase TDA3 [Phoenix dactylifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005769.1-1	Q9XFT6	XP_010936731.1	peroxisomal membrane protein PEX14
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01005772.1-1	Q93V56	XP_010930985.1	soluble inorganic pyrophosphatase isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005776.1-2	Q8VZQ6	XP_038979653.1	lanC-like protein GCL2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005777.1	Q9CAP8	XP_010930884.1	long chain acyl-CoA synthetase 9, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA1			HA4			HA	GLFX01005790.1-2	Q9FY49	KAG1337959.1	leucine aminopeptidase
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01005796.1	Q84M92	XP_010940353.1	actin-related protein 4 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3					HA	GLFX01005806.1-2	F4JN35	XP_008788721.2	protein NTM1-like 9 isoform X1
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005812.1-1	Q8VZG7	XP_010942326.1	ribonuclease TUDOR 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005824.1-1	O80585	KAG1338206.1	methylene-tetrahydrofolate reductase 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005833.1-2	O23427	XP_010937859.1	arginine-tRNA ligase, cytoplasmic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005837.1	Q4ACF5	KAG1365125.1	gamma-aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005849.1-1	Q9CAR3	XP_008813531.2	SNF1-related protein kinase regulatory subunit gamma-1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ		GLFX01005856.1	Q1EBV4	XP_010942530.1	protein DNA-DAMAGE INDUCIBLE 1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01005867.1-2	Q8VXZ7	XP_010937996.2	alpha-galactosidase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01005873.1-2	No hit	XP_019709543.1	ribonuclease P protein subunit p25-like protein isoform X2
	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005875.1-1	Q9ZVD5	XP_010943265.1	protein argonaute 4B [Elaeis guineensis]
					HA2						HA	GLFX01005877.1-2	Q9FGY9	XP_010923840.1	peptide-N(4)-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase isoform X1
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01005897.1-2	Q9ZUA0	XP_010935879.1	dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit 1B [Elaeis guineensis]
								HA4			HA	GLFX01005931.1	No hit	XP_038986057.1	uncharacterized protein LOC103718831
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01005937.1-2	Q5MAU8	XP_026664698.1	probable inactive purple acid phosphatase 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005958.1-1	Q9LVV6	KAG1370191.1	GEM-like protein 5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01005985.1	No hit	KAG1366850.1	aspartate-semialdehyde dehydrogenase-like [Cocos nucifera]
	EN2	EN3							EN			GLFX01005988.1-2	No hit	XP_010929218.1	protein CYPRO4 [Elaeis guineensis]
						HA3	HA4				HA	GLFX01005999.1-1	Q9FM19	XP_010932564.1	hypersensitive-induced response protein-like protein 1
EN1		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01006000.1-1	No hit	XP_010921441.1	uncharacterized protein LOC105044999 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006041.1-1	P32069	XP_010905356.1	anthranilate synthase alpha subunit 1, chloroplastic isoform X3
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		GLFX01006056.1-2	Q949P3	XP_008799268.1	damage-control phosphatase At2g17340-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01006064.1-2	Q9LV33	KAG1368123.1	beta-glucosidase 1 [Cocos nucifera]
					HA2						HA	GLFX01006072.1-1	Q9C9Z2	XP_010931492.1	protein RETICULATA-RELATED 3, chloroplastic
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01006083.1-1	Q9FJD4	XP_010912456.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3					HA	GLFX01006117.1	No hit	KAG1361465.1	ribokinase
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006138.1	Q9SYM5	KAG1367794.1	trifunctional UDP-glucose 4,6-dehydratase/UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/UDP-4-keto-L-rhamnose-reductase RHM3
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006147.1	Q8LKS5	XP_010905796.1	long chain acyl-CoA synthetase 6, peroxisomal
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01006153.1	F4HXZ1	XP_008806655.1	vacuolar-sorting protein BRO1-like
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01006165.1-2	Q9SFX3	XP_010908038.2	dolichyl-diphosphooligosaccharide-protein glycosyltransferase subunit 1A [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01006169.1	Q9ZT91	XP_008812794.2	elongation factor Tu, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01006170.1-2	No hit	KAG1366607.1	protein transport protein SEC23 [Cocos nucifera]
EN1			DZ2		HA2	HA3			EN	DZ	HA	GLFX01006231.1-1	Q9M9A8	XP_008781591.2	aspartic proteinase Asp1-like [Phoenix dactylifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01006234.1-1	Q8H0V6	XP_008778513.1	ABC transporter F family member 3
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006252.1	P93033	XP_010938348.1	fumarate hydratase 1, mitochondrial
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01006284.1-1	Q9ZVJ5	XP_010941203.1	haloacid dehalogenase-like hydrolase domain-containing protein Sgpp
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01006285.1	Q9SFA3	XP_010919949.1	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01006343.1	Q9FNK4	XP_010940988.1	ornithine aminotransferase, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2			DZ3		HA3			EN	DZ	HA	GLFX01006367.1-1	No hit	XP_010934640.1	importin-5 isoform X3 [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01006387.1-1	F4K1B1	XP_010921352.1	putative RNA polymerase II subunit B1 CTD phosphatase RPA22 homolog
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01006439.1	Q9SVN5	XP_010907221.1	probable methionine-tRNA ligase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3								

EN1						HA2	HA3		EN		HA	GLFX01006466.1-2	Q9SU56	XP_010922174.1	L-galactono-1,4-lactone dehydrogenase 2, mitochondrial [Elais guineensis]
	EN2								EN			GLFX01006498.1-1	Q8L7W8	XP_038983428.1	alpha-L-fucosidase 2-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
		EN3					HA3	HA4		HA		GLFX01006501.1-2	Q94JZ8	XP_008804300.1	plant UBQ domain-containing protein 7 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		GLFX01006548.1-2	Q9S9K4	XP_038985917.1	aspartic proteinase 39-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01006608.1	Q9LQY3	XP_008787708.1	transmembrane emp24 domain-containing protein p24delta9-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006611.1	Q9ZRA2	XP_010916052.1	homogentisate 1,2-dioxygenase isoform X1
EN1									EN			GLFX01006645.1	Q93Z24	KAG1367563.1	beta-galactosidase 8 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01006682.1-1	Q9SD76	XP_019706257.1	alpha-glucan phosphorylase, H isozyme
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01006701.1-1	Q8L7W0	XP_010929395.1	SH3 domain-containing protein 3 isoform X1 [Elais guineensis]
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		GLFX01006720.1-2	No hit	XP_010928693.1	apoptosis-inducing factor homolog B [Elais guineensis]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01006848.1	Q8L6Y1	XP_008793636.2	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01006858.1-2	Q8L831	XP_008790115.3	nudix hydrolase 3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01006950.1-2	No hit	XP_008794233.2	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A-like [Phoenix dactylifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01007002.1-1	F4IXW2	XP_029116832.1	brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 5 isoform X3 [Elais guineensis]
EN1	EN2					HA3			EN		HA	GLFX01007003.1	No hit	KAG1342414.1	protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT 1 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01007017.1	No hit	KAG1326076.1	putative neurofilament medium polypeptide
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01007062.1-2	Q949M9	XP_038989782.1	ATPase ARSA2 [Phoenix dactylifera]
EN1				DZ3					EN	DZ		GLFX01007094.1	O80831	XP_010934794.1	beta-amylase 2, chloroplastic isoform X2 [Elais guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01007112.1-2	P38025	XP_010942644.1	phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase, chloroplastic isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01007172.1-2	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elais guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01007289.1-2	O81644	XP_008802634.2	villin-2 isoform X2
						HA2		HA4			HA	GLFX01007355.1-2	No hit	XP_010920077.1	uncharacterized protein LOC105044009
EN1	EN2		DZ2		HA1	HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01007508.1	Q9SA18	XP_010913984.1	bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 1, chloroplastic [Elais guineensis]
EN1									EN			GLFX01007526.1	No hit	KAG1339142.1	hypothetical protein COCNU_046014480 [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01007564.1	Q4V3D2	XP_010926618.1	aspartic proteinase-like protein 2 isoform X1 [Elais guineensis]
					HA1						HA	GLFX01007621.1-1	F4KDH9	XP_010939298.1	PIP1[V]-like protein isoform X1
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01007684.1-2	Q9SD81	XP_010906159.1	glycerophosphodiester phosphodiesterase GDP6E [Elais guineensis]
EN1	EN2								EN			GLFX01007886.1	Q9M088	KAG1326829.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01007890.1-2	P93655	XP_019704215.1	ion protease homolog, mitochondrial
	EN2		DZ2						EN	DZ		GLFX01008072.1-2	O22218	KAG1338585.1	Calcium-transporting ATPase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01008112.1	Q9FJZ9	XP_038987667.1	peroxidase 72-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01008162.1-1	F4IXW2	XP_010905310.1	brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 5 isoform X2 [Elais guineensis]
EN1	EN2								EN			GLFX01008194.1-2	Q9M2U5	XP_038989621.1	endochitinase B-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01008209.1	F4IYF8	XP_019702906.1	histidine--tRNA ligase, cytoplasmic isoform X3
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01008321.1-1	Q9LUJ7	KAG1347739.1	vicilin-like antimicrobial peptides 2-2 [Cocos nucifera]
						HA3					HA	GLFX01008479.1-2	F4KCC2	XP_010920582.1	E3 ubiquitin-protein ligase PRT6
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01008522.1-1	No hit	XP_038989262.1	uncharacterized protein LOC103708003 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01008638.1-1	Q8RX86	XP_010909867.1	alpha-galactosidase isoform X2 [Elais guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01008777.1	Q9FN08	XP_019702532.1	beta-galactosidase 3 isoform X3
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01009007.1-2	No hit	KAG1364081.1	Endo-1,3(4)-beta-glucanase 1 [Cocos nucifera]
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01009027.1	Q9LUB2	XP_010939216.1	alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic isoform X1 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01009387.1-2	No hit	XP_010909381.1	uncharacterized protein LOC105035506 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01009494.1	Q949Y3	XP_029118549.1	phosphoenolpyruvate phosphatase isoform X3 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01009513.1-2	No hit	XP_010924871.1	zinc finger CCH domain-containing protein 8 isoform X2 [Elais guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01009596.1	Q9LUW0	KAG1342265.1	Lipoxygenase
	EN2	EN3							EN			GLFX01009633.1	No hit	XP_010928044.1	ATP-dependent 6-phosphofructokinase 2 [Elais guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01009802.1	Q8L7M0	XP_038975470.1	UDP-glycosyltransferase TURAN-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01009808.1-2	No hit	XP_010917187.1	uncharacterized protein LOC105041839 isoform X2 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01009848.1-1	Q9LXM4	XP_026664698.1	probable inactive purple acid phosphatase 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010032.1	Q9SK49	XP_010914043.1	zinc finger CCH domain-containing protein 18 [Elais guineensis]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01010222.1-1	Q05Q31	ACF06591.1	cytosolic ascorbate peroxidase [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010224.1	Q9LQI9	XP_010937306.1	oligouridylate-binding protein 18 isoform X1 [Elais guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010227.1-2	Q9SJL0	KAG1354965.1	putative UDP-glycosyltransferase 86A1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010228.1-1	Q9S818	XP_038978003.1	flavanone 3-dioxygenase F3H1-like
												GLFX01010231.1-1	O50008	XP_008807626.2	5-methyltetrahydropteroyltylglutamate--homocysteine methyltransferase 2-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010233.1-1	Q9SRT9	XP_008786030.1	UDP-arabinopyranose mutase 1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010235.1-2	Q9ZUT9	ACF06468.1	40S ribosomal protein S5 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010236.1-1	P43297	XP_008796668.2	oryzalin alpha chain-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010237.1	Q93ZN2	XP_010929910.2	probable aldo-keto reductase 2 [Elais guineensis]
						HA3					HA	GLFX01010239.1	O23515	XP_008798983.1	60S ribosomal protein L15-like
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010241.1	P55228	XP_010942522.1	glucose-1-phosphate adenyltransferase small subunit, chloroplastic/amyloplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010242.1-1	Q9CSA9	XP_008811786.2	ATP synthase subunit beta, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010247.1-2	Q9ASR1	XP_010924672.1	elongation factor 2 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010249.1-2	P93736	XP_038988369.1	valine--tRNA ligase, mitochondrial 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010252.1-1	Q9AA97	ACF06546.1	ubiquitin-conjugating enzyme 1 [Elais guineensis]
						HA3					HA	GLFX01010254.1-1	Q8H1H9	KAG1354077.1	Amine oxidase
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010256.1	Q9SX78	XP_010943016.1	tuliposide A-converting enzyme 2, chloroplastic [Elais guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010258.1	F4JWS8	XP_008802707.4	cytochrome b-c1 complex subunit 7-2, mitochondrial-like
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010259.1-2	Q9FJR1	XP_010913485.1	peroxidase 63
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010263.1-2	O50039	KAG1366282.1	ornithine carbamoyltransferase, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010266.1-2	P26569	XP_008777777.2	histone H1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010268.1-1	O23016	KAG1361425.1	putative voltage-gated potassium channel subunit beta
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010271.1	Q9SZN1	XP_010925008.1	V-type proton ATPase subunit B 2 isoform X1
EN1	EN2				HA1	HA2			EN		HA	GLFX01010273.1	Q42342	KAG1354536.1	cytochrome b5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010275.1	Q9LV28	XP_010923802.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elais guineensis]
EN1		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010283.1-2	O04834	XP_010921531.1	GTP-binding protein SAR1A [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010284.1-2	Q9SLK0	ACF06623.1	NADP-isocitrate dehydrogenase [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01010286.1	Q9CS14	XP_010931443.1	40S ribosomal protein S7 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01010290.1-2	Q9SV51	KAG1353973.1	beta-glucosidase 18 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010295.1	Q9CS21	XP_010933521.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010296.1-2	F4HQD4	XP_010915054.1	heat shock 70 kDa protein 14 [Elais guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010297.1	Q9ZVH7	XP_010922755.1	protein FATTY ACID EXPORT 3, chloroplastic
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01010299.1	Q8VZH2	XP_010915175.1	aminopeptidase M1 [Elais guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010300.1-1	Q9S9N9	XP_010906829.1	cinnamoyl-CoA reductase 1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010302.1-1	Q9SQ78	XP_008813742.1	bifunctional 3-dehydroquininate dehydratase/shikimate dehydrogenase, chloroplastic isoform X2 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01010303.1-1	Q8RW90	XP_008776647.2	fumarylacetoacetase
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		GLFX01010307.1-2	Q67252	XP_010934587.1	tubulin-folding cofactor B [Elais guineensis]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01010309.1-2	Q8L611	KAG1331815.1	Protein transport protein SEC31 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1		HA3	HA4	EN		HA	GLFX01010311.1-2	Q9LZ41	XP_010915977.1	ethylene-responsive transcription factor ERF023 isoform X1 [Elais guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01010312.1-2	O04983	KAG1332010.1	biotin carboxylase 1, chloroplastic [Cocos nucifera]

[illegible]

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012454.1-2	P22953	XP_008784528.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012455.1-1	Q9FJ95	XP_010907658.1	sorbitol dehydrogenase [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012456.1-1	O03986	XP_010928158.1	heat shock protein 81-1 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01012457.1	Q39119	XP_008797891.1	vacuolar-processing enzyme [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012458.1	P42825	XP_010907714.1	dnaj protein homolog [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012460.1-2	B3H4F1	XP_008810743.1	protein SPIRAL1-like 3 isoform X1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012462.1	Q05758	XP_010913236.1	ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012463.1-2	No hit	XP_008802649.2	endo-1,3;1,4-beta-D-glucanase-like	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01012464.1	Q8VZB9	XP_008804836.1	60S ribosomal protein L10a [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012465.1-1	Q42064	XP_010920228.1	60S ribosomal protein L8-1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012467.1-2	P42734	XP_010915023.1	acyl transferase 9 [Elaeis guineensis]	
					HA1			HA4			HA	GLFX01012469.1-1	P58684	XP_008786628.1	probable signal peptidase complex subunit 2 isoform X2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01012470.1-1	Q9SF40	XP_010935899.1	60S ribosomal protein L4 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012472.1-2	No hit	XP_008787031.1	uncharacterized protein LOC103705182	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01012474.1-2	Q9M9W1	KAG1326242.1	60S ribosomal protein L22-2 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012476.1-2	P20431	XP_008804905.1	plasma membrane ATPase-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012478.1-2	P42745	KAG1364098.1	small nuclear ribonucleoprotein E [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012479.1-2	Q8H173	XP_008783010.2	40S ribosomal protein SA-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012480.1-1	Q9LIN2	XP_010930359.1	GD5L esterase/lipase At3g26430 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012481.1-2	Q9A497	KAG1367921.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2 36	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012483.1-2	O82352	KAG1335126.1	reticulon-like protein B2	
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01012485.1	No hit	XP_010905943.1	pheromone-processing carboxypeptidase KEX1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012486.1-2	Q9S9P8	XP_038970521.1	ferredoxin--NADP reductase, root isozyme, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01012487.1-2	P42798	XP_029123920.1	40S ribosomal protein S15a isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012490.1-2	O65595	XP_010940385.1	pyruvate kinase, cytosolic isozyme [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012491.1-2	Q9M345	KAG1355338.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.2	
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012494.1-1	O48646	XP_008775339.2	probable phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012495.1-1	Q9LK29	KAG1359522.1	cytochrome c1-2, heme protein, mitochondrial	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012499.1-1	Q9LHA4	XP_010934030.1	V-type proton ATPase subunit d2 [Elaeis guineensis]	
EN1			DZ3						EN	DZ		GLFX01012500.1	Q9C5U3	XP_008785391.1	26S proteasome regulatory subunit 8 homolog A [Phoenix dactylifera]	
							HA3	HA4			HA	GLFX01012501.1-2	Q56WN1	AEQ94140.1	AEQ94140.1 putative glutamine synthetase cytosolic isozyme1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012503.1-2	P49200	XP_008794558.1	40S ribosomal protein S20-1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012504.1	Q9SGC1	XP_010926112.1	phosphoglucosyltransferase, cytoplasmic 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012506.1-2	Q9MW22	XP_008793678.2	protein IN2-1 homolog B-like [Phoenix dactylifera]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012507.1-1	Q9CSM0	XP_010925620.1	mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC [Elaeis guineensis]	
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012513.1-2	Q941A6	XP_010908053.1	succinate dehydrogenase subunit 6, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01012514.1-2	Q9LZF6	XP_010940629.1	cell division cycle protein 48 homolog [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012516.1-2	Q8VZB9	XP_010921740.1	60S ribosomal protein L10a [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012521.1	Q9XGM1	XP_008808039.2	V-type proton ATPase subunit D-like	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012525.1	Q9SQ78	XP_010914407.1	bifunctional 3-dehydroquinase dehydratase/shikimate dehydrogenase, chloroplastic isoform X2	
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01012534.1	No hit	XP_010939999.1	uncharacterized protein LOC105058688 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012536.1-1	O80763	XP_010937316.1	probable nucleoredoxin 1-1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012543.1-2	Q9LXC9	XP_010943167.1	soluble inorganic pyrophosphatase 6, chloroplastic	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012546.1-2	Q9STW6	XP_010930060.1	stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012547.1	Q9S7Y7	KAG1334793.1	alpha-xylosidase 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012548.1-1	No hit	XP_038984937.1	glutathionyl-hydroquinone reductase YqjG-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012555.1-1	P32826	XP_010906753.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012562.1	Q9LNU4	XP_010920092.1	probable 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 isoform X2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012566.1-2	Q9STX5	XP_010935079.1	endoplasmic reticulum chaperone	
		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01012568.1-1	No hit	XP_010929078.2	trafficking protein particle complex subunit 6b [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01012569.1-1	P93026	XP_008792241.1	vacuolar-sorting receptor 1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012573.1-2	Q9LVM5	XP_010919883.1	uric acid degradation bifunctional protein TTL isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01012575.1-2	O48844	KAG1326875.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012577.1	Q9LE82	XP_010936919.1	RAN GTPase-activating protein 1 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012578.1-2	O22769	KAG1368710.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial	
			DZ3							DZ		GLFX01012579.1	Q3E6P4	XP_010935983.1	putative F-box protein PP2-B12 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012581.1-1	Q9SI89	KAG1355397.1	aconitate hydratase, cytoplasmic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012582.1-2	P34795	XP_010942803.1	glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012585.1	Q5KEP2	XP_010933724.1	hsp70-Hsp90 organizing protein [Elaeis guineensis]	
						HA3					HA	GLFX01012588.1	P25269	XP_010931811.1	tryptophan synthase beta chain 1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012591.1	Q8RXN8	XP_010922309.1	uncharacterized protein LOC105045653	
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	DZ		HA	GLFX01012592.1	Q8LS57	XP_008782334.2	protein EMBRYO DEFECTIVE 514-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012595.1-2	Q9M084	XP_010929419.1	aspartate--tRNA ligase 2, cytoplasmic isoform X2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012599.1-2	Q9S5N0	XP_010904950.1	protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01012605.1-2	No hit	XP_010939573.1	IST1 homolog	
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012627.1-1	O04373	XP_008806725.2	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012630.1-1	Q9Z2E5	XP_010931681.1	probable acylpyruvate FAHD1, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
				DZ3							HA	GLFX01012633.1	Q8RU08	XP_010943422.1	uncharacterized protein At1g32220, chloroplastic	
										DZ		GLFX01012636.1-1	Q8W4L0	XP_008786888.1	calcium-binding protein CBP-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1				EN	DZ	HA	GLFX01012637.1	Q9T043	KAG1346559.1	Cyclic phosphodiesterase [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2		HA4			HA	GLFX01012646.1-2	P93285	KAG1338378.1	hypothetical protein COCNU_04G006840	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012647.1-2	Q9C5C4	XP_010933488.1	acetylornithine deacetylase isoform X2 [Elaeis guineensis]	
	EN2				HA1		HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012653.1-2	P13853	P13853	17.6 kDa class I heat shock protein 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HSP17.6C PE=2 SV=2	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012655.1-2	Q9LRQ8	XP_010940606.1	phenolic glucoside malonyltransferase 1	
EN1		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012671.1-2	No hit	XP_010932550.1	trafficking protein particle complex subunit 3 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01012672.1-1	P52032	XP_038981977.1	phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase 1, chloroplastic-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1			HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012675.1	Q9FN03	XP_010915763.1	ultraviolet-B receptor UVR8 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
	EN2								EN			GLFX01012679.1-2	Q9ZQH1	XP_010906963.1	probable calcium-binding protein CML48 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01012697.1	Q8GUM5	XP_010932529.1	LOW QUALITY PROTEIN: nicastrin [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01012698.1	Q8RXK6	XP_010905111.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 8 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012700.1-2	Q9M9K1	AE200838.1	AE200838.1 putative phosphoglycerate mutase protein	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012704.1	Q9S9N9	XP_010913861.1	cinnamoyl-CoA reductase 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012706.1-1	Q6NPM5	XP_038984679.1	embryo-specific protein AT53B-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012707.1	Q8LBI0	XP_008797482.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 4, chloroplastic-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012711.1-2	Q9M1H3	XP_010921961.1	ABC transporter F family member 4 [Elaeis guineensis]	
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01012712.1-2	P36428	XP_017696248.2	alanine--tRNA ligase-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01012721.1-1	Q940M2	XP_010926237.1	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 homolog 1, mitochondrial	
EN1	EN2	EN3														

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3		EN	DZ	HA	GFLX01012775.1-1	Q9ZPH2	XP_010918490.2	monothiol glutaredoxin-S11 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012777.1	Q9SE5E	XP_010914600.1	galactokinase isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01012782.1-2	No hit	XP_008788002.2	ubiquitin-like domain-containing protein CIP73 isoform X1
						HA2	HA3				HA	GFLX01012795.1-2	Q9LUM3	KAG1358860.1	subtilisin-like protease SBT1.5
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GFLX01012804.1-1	Q9LZS3	XP_010940323.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme 1, chloroplastic/amyloplastic isoform X1
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GFLX01012805.1-1	Q9LPL6	XP_038977244.1	TOM1-like protein 3
EN1	EN2							HA4	EN	HA	GFLX01012816.1	No hit	XP_010917987.1		uncharacterized protein LOC105042456 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN2			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012835.1-2	Q9MAB3	XP_008799299.2	probable nucleolar protein 5-1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012847.1-2	Q9FN81	XP_008785986.1	glycine-rich RNA-binding protein 10-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			GFLX01012851.1-1	Q9M2N5	XP_010906914.1	zinc finger BED domain-containing protein RICESLEEPER 2 [Elaeis guineensis]
EN2			DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01012859.1-1	Q07098	KAG1346279.1	Serine/threonine-protein phosphatase PP2A-1 catalytic subunit [Cocos nucifera]
					HA1		HA3	HA4			HA	GFLX01012870.1-1	Q9C6T1	XP_008788523.2	phosphomevalonate kinase, peroxisomal
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01012872.1-1	No hit	XP_010936858.1	LOW QUALITY PROTEIN: putative 3,4-dihydroxy-2-butanone kinase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012913.1-2	Q9FLC0	XP_008790007.2	peroxidase P7-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01012927.1	No hit	XP_026663326.2	chromatin modification-related protein EAF7-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012943.1-1	Q9ZP11	XP_008803682.1	lysine-tRNA ligase [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01012947.1-2	P93832	KAG1371010.1	3-isopropylmalate dehydrogenase 2, chloroplastic
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01012950.1-1	Q9CSG5	XP_010918245.1	phosphoinositide phosphatase SAC6 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012951.1-2	P28769	XP_010919587.1	T-complex protein 1 subunit alpha [Elaeis guineensis]
					HA1						HA	GFLX01012954.1-1	F4HYF3	XP_038987400.1	putative D-cysteine desulfhydrase 1, mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01012957.1	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]
EN2									EN			GFLX01012960.1	Q9S547	KAG1359662.1	pumilio [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01012961.1-2	P06525	XP_008803674.2	alcohol dehydrogenase [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GFLX01013024.1-2	Q9LHF1	XP_038986392.1	leucine-rich repeat extensin-like protein 4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			GFLX01013044.1-2	Q93Z70	XP_026661279.2	probable N-acetyl-gamma-glutamyl-phosphate reductase, chloroplastic isoform X2 [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01013067.1	Q8LPK4	XP_010933729.1	AP-2 complex subunit alpha-1 [Elaeis guineensis]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GFLX01013074.1-1	Q49485	XP_038987989.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
					HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01013122.1	Q8RXD9	XP_010938680.1	4-alpha-glucanotransferase DPE2	
		EN3		DZ3					EN	DZ		GFLX01013124.1	No hit	XP_008813087.2	importin-5 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2				HA1	HA2		HA4	EN	HA	GFLX01013144.1-2	Q8VZQ4	XP_010906785.1	serine/threonine protein phosphatase 2A regulatory subunit B"beta [Elaeis guineensis]	
					HA1					HA	GFLX01013188.1	No hit	XP_008797816.2		uncharacterized protein LOC103712895
EN1	EN2	EN3							EN			GFLX01013215.1	Q8H0U4	XP_038972986.1	transportin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01013239.1	Q9AV97	XP_010930319.1	2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01013269.1-1	P92947	XP_008801779.2	monodehydroascorbate reductase 5, chloroplastic isoform X2
EN1									HA4	EN	HA	GFLX01013278.1	No hit	KAG1331233.1	putative far upstream element-binding protein 1 [Cocos nucifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01013347.1	Q81644	XP_029124098.1	villin-2 isoform X2
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01013365.1-1	Q4Z556	KAG1364123.1	plasma membrane ATPase
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GFLX01013374.1-1	Q9M0X5	XP_019704849.2	uncharacterized protein LOC109505668 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01013401.1-1	F4IRW0	XP_008804427.1	probable serine/threonine-protein kinase DDB_G0291350 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01013415.1-2	No hit	KAG1366507.1	hypothetical protein COCNU_13G002970
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01013421.1-1	Q6S595	KAG1338865.1	Pyruvate kinase [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01013453.1-2	Q80731	XP_010914803.1	pectin acetyltransferase 10 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA3					HA	GFLX01013564.1-2	Q9FMD9	XP_008781316.1	glutamine synthetase cytosolic isozyme 2-like
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01013590.1-2	Q9SU40	XP_010918208.1	L-ascorbate oxidase homolog
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01013643.1-1	No hit	XP_008778808.2	GMP synthase [glutamine-hydrolyzing]-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2		HA4			HA	GFLX01013764.1-1	Q8LCU7	XP_038979999.1	enoyl-acyl-carrier-protein reductase, mitochondrial
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01013836.1	F4HRT5	XP_008782406.3	protein CROWDED NUCLE1 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01013866.1	No hit	XP_010911186.2	63 kDa globulin-like protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01013997.1-1	Q8L817	XP_010916592.1	alpha carbonic anhydrase 7 [Elaeis guineensis]
EN1		EN3							EN			GFLX01014163.1-2	Q49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]
						HA2					HA	GFLX01014166.1-1	No hit	XP_008781072.4	protein SHORT ROOT IN SALT MEDIUM 1
					HA1	HA2					HA	GFLX01014304.1	P29197	XP_010918836.1	chaperonin CPN60-2, mitochondrial
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014330.1	O82647	XP_010924891.1	pyruvate decarboxylase 1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014387.1-1	F4JLL0	XP_008797810.2	endonuclease 2-like
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014398.1	Q6S570	XP_038983999.1	villin-5-like isoform X2
EN1	EN2	EN3							EN			GFLX01014499.1-1	Q9CSV2	XP_010926147.1	ent-kaurenoic acid oxidase 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014504.1-1	Q9SD76	XP_019706257.1	alpha-glucan phosphorylase, H isozyme
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014529.1-2	Q8RXD9	XP_010938680.1	4-alpha-glucanotransferase DPE2
EN1				DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GFLX01014530.1-1	F4I9J7	XP_029116379.1	RNA-binding protein Y14A isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014564.1	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014617.1-2	Q9M9K1	XP_010938082.1	LOW QUALITY PROTEIN: 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase-like [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GFLX01014698.1	No hit	KAG1337783.1	chromatin modification-related protein eaf-1-like
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014718.1-2	Q05728	XP_038977880.1	LOW QUALITY PROTEIN: phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase, chloroplastic/mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014721.1	Q9SJ52	KAG1331736.1	NDRI/HIN1-like protein 10 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3						HA4	EN	HA	GFLX01014781.1	Q39024	XP_010919113.1	mitogen-activated protein kinase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014831.1-1	Q940P8	XP_010914656.1	T-complex protein 1 subunit beta [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014832.1	Q39258	XP_008803010.1	V-type proton ATPase subunit E-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014836.1	Q23264	XP_019701840.1	selenium-binding protein 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	GFLX01014842.1	Q9FLP6	XP_010926757.3	small ubiquitin-related modifier 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014844.1-1	Q9JUE4	XP_008809220.2	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GFLX01014846.1	P82873	ACF06613.1	ACF06613.1 mitochondrial import receptor subunit TOM20
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014848.1-1	P27323	KAG1360798.1	Heat shock protein 83 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014849.1-1	Q9ZU52	XP_010926082.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014851.1	Q8L636	XP_010915578.1	sodium/calcium exchanger NCL1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		GFLX01014855.1-1	Q42290	XP_008792725.1	probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014858.1-1	Q23515	XP_010919627.1	60S ribosomal protein L15 [Elaeis guineensis]
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014861.1-1	Q8LB02	XP_010905885.1	uncharacterized protein LOC105032976 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014863.1-1	Q93Z76	XP_010904622.1	eukaryotic translation initiation factor
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014866.1	P42730	XP_008804619.2	chaperone protein ClpB1
	EN2				HA1				EN		HA	GFLX01014867.1	Q22860	XP_008788226.1	60S ribosomal protein L38 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014868.1-1	P46644	XP_008789337.2	aspartate aminotransferase, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014873.1	Q9CAI3	ACF06584.1	cinnamyl alcohol dehydrogenase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GFLX01014876.1	Q9FR37	XP_010938781.1	amidase 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014878.1-1	Q9SX77	XP_008801867.1	succinate dehydrogenase subunit 5, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014881.1-2	Q42593	XP_010930723.2	probable L-ascorbate peroxidase 6, chloroplastic/mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014883.1	Q94JT5	XP_008778156.2	cyclase-like protein 3 [Phoenix dactylifera]
		EN3							EN			GFLX01014887.1	Q9M1C2	XP_010919833.1	10 kDa chaperonin 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014888.1-1	No hit	XP_010942358.1	uncharacterized protein LOC105060382 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	GFLX01014889.1	No hit	XP_010933265.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN2															

EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01014893.1-2	Q9M885	XP_010921021.1	40S ribosomal protein S7 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01014896.1	Q24653	XP_008801341.1	guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2 [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014899.1-1	Q9ZV36	XP_010937669.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6 isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014905.1	Q23654	XP_010928724.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01014907.1-2	Q94JS0	XP_010929694.1	cytochrome b-c1 complex subunit Rieske-4, mitochondrial
EN1	EN2	EN3								EN			GFLX01014908.1-1	Q9ZST4	XP_017696799.1	nitrogen regulatory protein P-II homolog [Phoenix dactylifera]
		EN3								EN			GFLX01014911.1	P28188	XP_008786281.1	GTP-binding protein YPTM2-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014913.1-2	Q9MAK9	XP_010924102.1	26S proteasome regulatory subunit S10B homolog B
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014914.1-2	Q56WD9	XP_008804745.1	3-ketoacyl-CoA thiolase 2, peroxisomal
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014916.1	No hit	XP_038983470.1	glycine-rich RNA-binding protein 2, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN			HA	GFLX01014919.1-1	Q0WNJ6	XP_010922576.1	clathrin heavy chain 1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014921.1-2	Q9XJ35	XP_010933602.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 1, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014930.1-1	P83291	XP_010914901.1	NADH-cytochrome b5 reductase-like protein
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GFLX01014931.1-1	Q9SC24	XP_010921184.1	receptor-like protein kinase FERONIA [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014934.1-2	Q8W034	XP_008783019.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1-like
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014935.1	Q94JX9	XP_010919028.1	nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 4
EN1										EN			GFLX01014936.1-2	Q9PPT1	XP_008808605.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12-like isoform X6 [Phoenix dactylifera]
						HA2						HA	GFLX01014944.1	B3H4F1	KAG1368659.1	Protein SPIRAL1-like 1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014948.1-1	Q959N1	XP_010905019.1	heat shock 70 kDa protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014954.1-1	Q9T074	XP_010934368.1	phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP) [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014960.1-2	O82399	XP_010941982.1	malate dehydrogenase, glyoxysomal [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	HA	GFLX01014963.1-1	No hit	XP_038974310.1	uncharacterized protein LOC120103864 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014972.1	P93732	XP_008793050.2	proline iminopeptidase [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014973.1-2	Q9ZP06	XP_010915605.1	malate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01014976.1-1	Q9SEU8	XP_008796723.3	thioredoxin M1, chloroplastic-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014987.1-1	Q9SV20	KAG1331939.1	coatamer subunit beta-1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014995.1-1	F4JUR8	XP_008803744.2	LOW QUALITY PROTEIN: dehydrogenase/reductase SDR family member FEY-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01014996.1	Q96533	XP_010936050.1	alcohol dehydrogenase class-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	HA	GFLX01015009.1-1	Q9FVV7	KAG1328195.1	DNA repair RAD52-like protein 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015011.1-2	Q7DLR9	XP_010941094.1	proteasome subunit beta type-4 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015004.1-2	No hit	XP_010909272.1	uncharacterized protein LOC105035424 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015006.1-1	O81884	KAG1341872.1	L-galactose dehydrogenase
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015007.1-1	Q9CSW6	XP_010923604.1	14-3-3-like protein GF14 iota [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015008.1-2	Q93Z88	XP_010929143.1	stromal cell-derived factor 2-like protein
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ			GFLX01015014.1-2	Q9JFD5	XP_010916244.1	binding partner of ACD11.1 isoform X3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015018.1-2	P46643	XP_010925610.2	aspartate aminotransferase, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN			HA	GFLX01015026.1-2	Q9SQI8	XP_008801137.2	dihydropolyllysine-residue acetyltransferase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN			GFLX01015029.1-1	O22785	XP_010920296.1	pre-mRNA-processing factor 19 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2				DZ	HA	HA	GFLX01015032.1-2	Q9LW07	XP_008801119.2	probable polygalacturonase [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015036.1	Q957M9	XP_010927754.1	transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015037.1-2	O23627	XP_010927793.1	glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN			HA	GFLX01015041.1-1	Q94F00	XP_008801573.1	phosphatase IMPL1, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015045.1	Q9FNX5	XP_010933528.1	dynamitin-related protein 1E
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015047.1-2	Q9FLP0	XP_010913972.1	65-kDa microtubule-associated protein 1
EN1										EN			GFLX01015058.1-1	Q9M2P2	XP_010917251.1	metal tolerance protein 4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015060.1-1	Q7R310	XP_010940533.1	superoxide dismutase [Cu-Zn], chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015063.1-1	P92985	XP_010922577.1	ran-binding protein 1 homolog a [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN			GFLX01015065.1	P0DKC7	XP_038990216.1	short-chain dehydrogenase RED1 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015076.1-1	P20115	XP_008782846.2	citrate synthase, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4				HA	GFLX01015080.1-1	K38908	KAG1354588.1	xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 31
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015084.1-2	Q9FLG1	XP_010917875.1	uncharacterized protein LOC105042391 [Elaeis guineensis]
		EN3		DZ3						EN	DZ		GFLX01015085.1-2	Q8RFX1	KAG1358916.1	putative splicing factor 3A subunit 1 [Cocos nucifera]
										EN			GFLX01015092.1-2	Q8VWG7	XP_010932587.1	TPR repeat-containing thioredoxin DDX1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015097.1-2	Q9C9CA	KAG1326959.1	enolase 1, chloroplastic
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015122.1-1	Q9S2J5	KAG1355299.1	serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015123.1-1	No hit	XP_010919480.1	uncharacterized protein LOC105043596
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN			HA	GFLX01015129.1	O64740	XP_010914535.1	protein transport protein SEC13 homolog B [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015135.1-1	Q84P21	XP_010905239.2	4-coumarate--CoA ligase-like 4
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015148.1-1	Q9SW96	XP_010931935.1	asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2						HA	GFLX01015169.1-1	Q84TD8	XP_010929852.1	protein FLX-like 3
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015173.1-2	P58223	XP_008806027.1	KH domain-containing protein HEN4 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015189.1-2	Q93YR3	KAG1362449.1	FAM10 family protein [Cocos nucifera]
						HA3	HA4					HA	GFLX01015192.1-2	Q8VYL3	XP_019706859.1	aspartic proteinase oryzasin-1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015211.1-1	Q9SAJ4	XP_010941661.1	phosphoglycerate kinase 3, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GFLX01015231.1-2	Q38896	KAG1331086.1	hypothetical protein COCNU_Q2G010540 [Cocos nucifera]
				DZ2	DZ3						DZ		GFLX01015236.1-2	O04619	XP_010914053.1	mitochondrial adenine nucleotide transporter ADNT1 [Elaeis guineensis]
				DZ2	DZ3		HA3				DZ	HA	GFLX01015241.1	Q9LPF1	XP_010910867.2	vesicle-associated membrane protein 711 [Elaeis guineensis]
						HA3						HA	GFLX01015242.1-1	Q66G14	XP_008783337.1	proteinaceous RNase P 1, chloroplastic/mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015283.1	P47999	XP_010915297.1	cysteine synthase [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015288.1	Q9SD76	KAG1337765.1	Alpha-1,4 glucan phosphorylase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015304.1-2	Q0WLBS	XP_010922576.1	clathrin heavy chain 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2									EN			GFLX01015344.1-2	Q9C827	XP_010927411.1	coatamer subunit beta'-1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		GFLX01015349.1-1	Q9FKM2	XP_010918626.1	mitochondrial outer membrane protein porin 6 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GFLX01015350.1-1	No hit	XP_010941346.2	uncharacterized protein LOC105059662 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015363.1-1	Q8VZC3	KAG1346295.1	delta-1-pyrroline-5-carboxylate dehydrogenase 12A1, mitochondrial
	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN			HA	GFLX01015372.1	P31414	XP_008801902.2	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015380.1-1	Q38896	XP_008788618.1	cold shock protein 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2							EN	DZ		GFLX01015421.1-1	P49201	XP_008783675.1	40S ribosomal protein S23 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015452.1	No hit	XP_010916114.1	uncharacterized protein LOC105041023 isoform X1
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	HA	GFLX01015463.1	O81644	XP_010922147.1	villin-2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015494.1	Q9L282	XP_029122509.1	far upstream element-binding protein 2-like
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015502.1-2	O82616	XP_038984263.1	fructokinase-2-like
						HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015524.1	Q6NLH0	XP_008781098.1	DNA-directed RNA polymerases II, IV and V subunit 9A
					HA1	HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01015603.1	O7R310	XP_008807696.1	superoxide dismutase [Cu-Zn], chloroplastic
	EN2	EN3								EN			GFLX01015624.1-1	Q94A14	XP_008779238.2	N6-adenosine-methyltransferase non-catalytic subunit MTB-like [Phoenix dactylifera]
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	HA	GFLX01015629.1	No hit		

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016455.1	Q43307	CAX07800.1	unnamed protein product [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01016495.1-2	No hit	KAG1338774.1	nodal modulator 1 [Cocos nucifera]
								HA4			HA	GLFX01016513.1	Q9SE96	XP 008795195.2	GEM-like protein 1
			DZ2	DZ3						DZ	HA	GLFX01016573.1-2	No hit	XP 010926443.1	transmembrane protein 87B [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ	HA	GLFX01016671.1-2	Q9SRH6	XP 010934892.1	stomatin-like protein 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016682.1-1	Q9L1B2	KAG1347833.1	putative Alpha-1,4 glucan phosphorylase [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016698.1	Q9LV16	XP 010916205.1	probable inactive receptor kinase At1g48480
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016718.1	Q95IP1	KAG1342652.1	Stress-response A/B barrel domain-containing protein UP3 [Cocos nucifera]
								HA4			HA	GLFX01016813.1-1	F4KFM8	KAG1361977.1	late embryogenesis abundant protein
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01016947.1	P29402	XP 010929516.1	calnexin homolog [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01016952.1-1	Q23095	XP 010906056.1	60S acidic ribosomal protein P1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01016954.1-1	Q948T0	KAG1327109.1	Sucrose-phosphate synthase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016956.1-2	Q9SU63	XP 010914166.1	aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016957.1-1	P51419	XP 008783218.1	60S ribosomal protein L27-3-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016962.1-1	P40941	KAG1364243.1	putative ADP/ATP carrier protein 1, mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01016963.1-1	Q9CAV6	XP 038977986.1	probable serine/threonine-protein kinase WNK1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016965.1	Q8LCU7	XP 008785000.1	enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016966.1-1	No hit	XP 010939838.1	uncharacterized protein At5g39570 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016967.1-1	Q93VC7	XP 010921394.1	30S ribosomal protein S1, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016968.1	PODH91	XP 010904967.1	ADP-ribosylation factor 2
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016969.1	B3H4F1	B3H4F1	SP1L1_ARATHProtein SPIRAL1-like 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=SP1L1 PE=2 SV=1
							HA3				HA	GLFX01016970.1-1	Q9C505	XP 008776061.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-2-like
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016974.1-2	P28188	ACF06500.1	ACF06500.1Ras-related protein RIC1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016975.1-1	Q9LHP1	XP 038984548.1	60S ribosomal protein L7-2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016976.1-1	Q9FJA6	XP 010932432.1	40S ribosomal protein S3-3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2			DZ3						DZ	HA	GLFX01016979.1-2	Q09152	XP 010922976.1	farnesyl pyrophosphate synthase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016980.1	Q9SIB9	XP 008804304.2	putative aconitate hydratase, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016984.1	O82647	KAG1339061.1	pyruvate decarboxylase 1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01016987.1-1	Q38882	XP 010907269.1	phospholipase D alpha 1 [Elaeis guineensis]
	EN2								EN		HA	GLFX01016989.1-2	Q39258	KAG1338922.1	V-type proton ATPase subunit E [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01016991.1-2	Q9C5A9	XP 010924170.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016992.1-2	Q9SGA8	XP 029120841.1	UDP-glycosyltransferase 83A1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01016993.1	Q9ZSK3	XP 010909358.1	actin-depolymerizing factor 7
EN1					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01016997.1-2	Q42540	KAG1337894.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2 7 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01017000.1-1	Q8H173	XP 010932352.1	40S ribosomal protein SA [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017001.1-1	Q9C5A9	XP 010926076.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017002.1-1	Q9FIF3	XP 010905161.1	40S ribosomal protein S8 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01017005.1-1	Q8L968	XP 029119813.1	inosine triphosphate pyrophosphatase isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017008.1	Q1PF50	KAG1354513.1	putative serine protease EDA2 [Cocos nucifera]
						HA2		HA4			HA	GLFX01017010.1	Q9ZNT1	XP 010938926.1	NADH-cytochrome b5 reductase 1
											HA	GLFX01017011.1	Q9LD43	KAG1361292.1	acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017012.1-2	Q9FM19	XP 010925060.1	hypersensitive-induced response protein 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017017.1-1	Q9CAZ6	XP 010924141.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017018.1-1	Q9M5K3	XP 008812961.1	dihydrolipoyl dehydrogenase, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017024.1-2	Q94AA4	XP 010914787.1	ATP-dependent 6-phosphofructokinase 3 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017025.1-1	Q94953	KAG1330463.1	hypothetical protein COCNU_02G004310
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017026.1	Q9SEI2	XP 010929129.1	26S proteasome regulatory subunit 6A homolog [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017029.1-1	No hit	KAG1335430.1	translation machinery-associated protein 22
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01017030.1-2	Q8RWU7	XP 010932084.1	plant UBX domain-containing protein 4 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01017032.1	Q04292	XP 010905420.1	homeobox-leucine zipper protein HOX32 isoform X1
	EN2		DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017035.1-2	Q8GW48	KAG1326961.1	heat shock factor-binding protein [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017037.1	Q9LD57	XP 010936574.1	phosphoglycerate kinase, cytosolic
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017039.1	Q04482	XP 010927076.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017040.1-2	Q9S283	XP 010916976.1	uncharacterized oxidoreductase At4g09670 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017041.1-2	Q9SAB3	XP 008806741.2	polyadenylate-binding protein RBP45
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017043.1	Q9M8R4	XP 010909370.1	protein Di-1 homolog D [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017044.1-1	Q9SPF5	XP 008812098.1	gamma-soluble NSF attachment protein-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017045.1-1	Q65155	XP 010924916.1	RNA polymerase II transcriptional coactivator KELP
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017050.1-2	Q04922	XP 010912120.3	probable glutathione peroxidase 2
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017051.1	Q9FLW9	XP 010924790.1	plastidial pyruvate kinase 2 isoform X2
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017055.1-1	Q9SD85	XP 010939156.1	flavonoid 3'-monooxygenase CYP75B3
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017057.1-2	Q9LTX9	XP 010932308.1	stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA1		HA3				HA	GLFX01017058.1-1	Q38799	XP 008801122.3	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta-1, mitochondrial isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017059.1-1	Q9SG60	XP 010910244.1	UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017070.1-1	Q9CAP8	XP 010930884.1	long chain acyl-CoA synthetase 9, chloroplastic [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017080.1-1	Q94A24	XP 010908613.1	probable calcium-binding protein CML7
EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017082.1	P13114	AB576146.1	naringenin-chalcone synthase [Elaeis oleifera]
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01017090.1	Q23254	XP 010913093.1	serine hydroxymethyltransferase 4 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ	HA	GLFX01017091.1-1	Q67Z83	XP 010938943.1	truncated FRIGIDA-like protein 1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01017099.1-2	Q8RXD3	XP 010917384.1	E3 ubiquitin-protein ligase AIP2
		EN3		DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017111.1-2	Q9CB01	XP 010933080.1	ras-related protein RABF1 [Elaeis guineensis]
					HA1		HA3				HA	GLFX01017113.1-1	Q39172	XP 038974411.1	prostaglandin reductase-3
						HA2	HA3				HA	GLFX01017115.1-1	No hit	XP 010932757.1	uncharacterized protein LOC105053352
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017117.1	Q9M9W1	XP 010938384.1	60S ribosomal protein L22-2 [Elaeis guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017118.1-2	Q9S253	XP 008810772.1	probable protein phosphatase 2C 60 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017120.1-2	Q9ZNT7	XP 010930570.1	prohibitin-1, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017121.1-1	No hit	XP 008797937.2	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit J-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017124.1	Q95795	BAV82469.1	betaine aldehyde dehydrogenase 2 [Cocos nucifera]
						HA3					HA	GLFX01017125.1	Q8GYK2	XP 008792088.1	acyl-protein thioesterase 2
						HA2	HA3				HA	GLFX01017133.1	Q9ZUG4	XP 008786516.1	methylthioribose-1-phosphate isomerase
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017136.1-1	No hit	XP 010904782.1	uncharacterized protein LOC105032125 isoform X1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017137.1	Q42347	XP 008792518.2	60S ribosomal protein L24 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01017144.1-1	No hit	XP 010927215.1	uncharacterized protein LOC105049306 [Elaeis guineensis]
				DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01017146.1	Q9FJN8	XP 010917311.1	ras-related protein Rab11D [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ	HA	GLFX01017149.1-2	P58223	XP 008797386.2	KH domain-containing protein At4g18375-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3				HA	GLFX01017151.1-2	Q9MAC5	XP 026658822.2	polypyrimidine tract-binding protein homolog 1-like isoform X1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01017153.1-2	No hit	XP 008805461.1	uncharacterized protein LOC103718412 isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017156.1-1	Q9SK21	XP 010938121.1	transcription factor Pur-alpha 1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01017167.1-1	No hit	XP 010925867.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit L isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3			HA	GLFX01017			

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01017217.1-2	Q9SV68	XP_008794648.2	chloroplast envelope quinone oxidoreductase homolog [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017225.1-1	Q9STX2	XP_010939097.2	3-oxo-Delta(4,5)-steroid 5-beta-reductase [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01017226.1-1	No hit	XP_019705610.1	ubiquitin fusion degradation protein 1 homolog
EN1			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017235.1-1	Q9SIL6	XP_010911837.1	prohibitin-1, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017249.1-1	Q9FPT1	XP_010917891.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12 isoform X8 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017253.1-2	Q9SRZ6	ACF06623.1	ACF06623.1NADP-isocitrate dehydrogenase
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01017255.1-1	Q8W207	XP_008786801.1	COP9 signalosome complex subunit 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017260.1-1	Q9SVM8	KAG1363462.1	glycine-rich RNA-binding protein 4, mitochondrial-like [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2			EN		HA	GFLX01017263.1-2	Q56KY2	KAG1361252.1	GPN-loop GTPase 3 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017266.1	Q39023	XP_010920941.1	mitogen-activated protein kinase 5 [Elaeis guineensis]
					HA1						HA	GFLX01017267.1	Q49429	KAG1370034.1	multiple organellar RNA editing factor 2, chloroplastic
		EN3		DZ3					EN	DZ		GFLX01017292.1-2	P92985	XP_010920809.1	ran-binding protein 1 homolog b [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3		EN	DZ	HA	GFLX01017302.1-1	P27323	KAG1360773.1	Heat shock protein 83 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017303.1-1	Q9T091	XP_019708104.1	LOW QUALITY PROTEIN: vacuolar protein sorting-associated protein 268-like [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017305.1-1	Q49485	XP_010928633.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic
	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017308.1-1	Q8L716	XP_010943181.1	splicing factor U2af large subunit B isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017315.1-1	No hit	KAG1334226.1	activator of 90 kDa heat shock protein ATPase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017326.1-2	P29197	KAG1354807.1	Chaperonin CPN60-2, mitochondrial [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017343.1	Q9LFL3	XP_010919989.1	TOM1-like protein 1
					HA1		HA3				HA	GFLX01017357.1	Q8L6Y1	XP_008793636.2	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X2
EN1		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017362.1	Q9FG30	XP_008805470.1	zinc finger CCH domain-containing protein 31-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GFLX01017374.1-2	No hit	XP_010939499.1	uncharacterized protein LOC105058319
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017378.1-2	Q9LX07	XP_008782135.2	annexin D2-like
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01017379.1-2	Q9SIB9	XP_010943467.1	aconitate hydratase, cytoplasmic [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017381.1	Q84W89	XP_010923340.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017422.1-2	No hit	XP_010919324.1	UPF0160 protein C694.04c
EN1	EN2		DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017434.1-1	Q07098	XP_010915172.1	serine/threonine-protein phosphatase PP2A-1 catalytic subunit [Elaeis guineensis]
							HA3				HA	GFLX01017436.1	Q9LIAH	XP_010936333.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4
						HA2	HA3				HA	GFLX01017444.1-1	Q8L773	XP_026655748.2	THO complex subunit 4A-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017449.1-1	Q9LF46	XP_008800924.2	2-hydroxyacyl-CoA lyase-like [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01017474.1	Q9STE8	XP_008801596.2	protein TOC75-3, chloroplastic-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GFLX01017503.1-2	Q04492	XP_008810974.1	double-stranded RNA-binding protein 1-like isoform X4
			DZ2	DZ3					DZ			GFLX01017506.1	P35614	XP_010904595.1	eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3		EN		HA	GFLX01017507.1	Q9S9N1	XP_010905019.1	heat shock 70 kDa protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017542.1-1	Q8L611	XP_019707398.1	protein transport protein SEC31 homolog B isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GFLX01017548.1	Q9FT97	XP_010910002.1	alpha-galactosidase 1
EN1	EN2								EN			GFLX01017553.1-1	No hit	XP_019710618.1	erlin-2 isoform X3 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GFLX01017579.1	Q82081	XP_017696182.2	blue copper protein-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01017585.1-2	Q9C8P0	KAG1331157.1	dihydrodipolysine-residue acetyltransferase component 5 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2								EN			GFLX01017623.1-2	Q9LVH5	XP_008809807.2	outer envelope protein 64, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
				DZ3		HA2	HA3	HA4	DZ	HA		GFLX01017627.1-1	F4IYF8	XP_038975937.1	histidine--tRNA ligase, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01017649.1	Q9SXZ9	XP_010941184.1	60S ribosomal protein L9 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			GFLX01017683.1	Q6DBG8	XP_010931458.1	probable arabinosyltransferase ARAD1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017687.1-2	No hit	XP_010935585.1	uncharacterized protein LOC105055466
		EN3							EN			GFLX01017760.1	No hit	XP_010938259.1	uncharacterized protein LOC105057350 [Elaeis guineensis]
					HA1		HA3	HA4			HA	GFLX01017798.1-2	No hit	KAG1364239.1	hypothetical protein COCNU_11G010660
				DZ3						DZ		GFLX01017813.1-1	No hit	KAG1359569.1	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha, chloroplastic [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01017951.1-2	Q9A5S6	XP_029122576.1	photosynthetic NDH subunit of luminal location 5, chloroplastic
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01018118.1-1	No hit	XP_010927081.1	myosin-9 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			GFLX01018147.1-2	Q9FK25	XP_008775842.2	tricitrin 3',4',5'-O-trimethyltransferase-like [Phoenix dactylifera]
				DZ3					DZ			GFLX01018179.1-2	Q9LTR9	KAG1367646.1	glycylpeptide N-tetradecanoyltransferase 1 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018207.1	Q9SN86	KAG1334460.1	malate dehydrogenase, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3				HA	GFLX01018214.1	Q9STX5	KAG1359417.1	endoplasmic
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018227.1-2	Q84J78	XP_008800031.1	single-stranded DNA-binding protein, mitochondrial
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01018264.1	No hit	KAG1330156.1	putative ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase family member 3 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018267.1	Q8LG89	XP_010932617.2	basic blue protein
						HA2	HA3				HA	GFLX01018317.1-1	No hit	KAG1361862.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1
								HA4			HA	GFLX01018329.1-1	Q9LRP1	XP_010943867.1	novel plant SNARE 13
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01018359.1-2	Q9FMX7	XP_010918379.1	nicotinamide 2 [Elaeis guineensis]
							HA3				HA	GFLX01018360.1-2	Q9ZP06	KAG1346440.1	malate dehydrogenase, mitochondrial
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018379.1-1	Q8L8A5	XP_010932533.1	GRF-interacting factor 1
						HA2	HA4				HA	GFLX01018400.1	Q9LXC0	XP_008801341.1	guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018442.1-1	Q38853	XP_010905226.1	thiosulfate sulfurtransferase 16, chloroplastic isoform X1
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018450.1	Q8LFQ6	XP_010913704.1	glutaredoxin-C8
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018470.1-1	P52901	XP_010913424.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-1, mitochondrial
			DZ2	DZ3					DZ			GFLX01018471.1-1	Q39043	XP_010934830.1	luminal-binding protein 4 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GFLX01018520.1	No hit	XP_010943617.1	uncharacterized protein LOC105061305
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01018543.1-1	Q949Y3	XP_010913337.1	phosphoenolpyruvate phosphatase isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018549.1-1	P24704	XP_010910953.2	superoxide dismutase [Cu-Zn] [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018574.1-2	Q9LX65	XP_029118430.1	probable V-type proton ATPase subunit H isoform X2
				DZ3					DZ			GFLX01018664.1-2	Q9SU50	XP_008799558.1	probable trehalase [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018719.1-2	P29448	KAG1347470.1	thioredoxin H1 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01018720.1-2	P42825	XP_010933632.1	chaperone protein dnaJ A6 isoform X1
			DZ2			HA2	HA3	HA4	DZ	HA		GFLX01018721.1-1	P38418	XP_010913914.2	linoleate 13S-lipoxygenase 2-1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018722.1	Q945P1	XP_010921290.1	ricin B-like lectin R40G3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018723.1	P41127	XP_010940804.1	60S ribosomal protein L13-1 [Elaeis guineensis]
EN1				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018728.1-1	Q9S9W2	KAG1327182.1	tropinone reductase-like 3 [Cocos nucifera]
						HA2		HA4			HA	GFLX01018730.1-1	Q64688	KAG1348205.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018731.1-1	O50008	XP_008807626.2	5-methyltetrahydropteroylglutamate--homocysteine methyltransferase 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018735.1-2	P29514	XP_010922039.1	tubulin beta-5 chain [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018741.1-2	Q9SAB3	XP_010923889.2	polyadenylate-binding protein RBP45 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01018745.1-1	No hit	XP_019707679.1	uncharacterized protein LOC105049749 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018746.1-2	P49209	XP_008783757.2	60S ribosomal protein L9 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018751.1	Q9LDV4	XP_010937250.1	alanine aminotransferase 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018753.1-2	P48491	ACF06445.1	triose phosphate isomerase cytosolic isoform [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018759.1-1	Q8VYN9	XP_010931741.1	universal stress protein PHOS32 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018761.1-2	Q9LUV2	XP_010941506.1	stress-response A/B barrel domain-containing protein H51 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01018763.1	P20431	XP_008810004.2	plasma membrane ATPase [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01018765.1-1	F4ILR7	XP_010918433.1	bifunctional epoxide hydrolase 2 [Elaeis guineensis]
	EN2			DZ3					EN	DZ		GFLX01018766.1-1	P52410	XP_010915981.1	3-oxoacyl-acyl-carrier-protein synthase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1										

EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01018781.1	Q9FI56	XP_010929657.1	ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog CD48, chloroplastic isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018782.1-1	Q9LKA5	XP_010942336.1	multiple organellar RNA editing factor 8, chloroplastic/mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018784.1-2	Q9LFN6	XP_008806594.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018785.1-1	Q93VC9	XP_010907756.1	cathepsin B-like protease 3
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01018786.1-1	Q1PEP5	XP_010909800.1	nucleolin 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018793.1	P53492	AAT45848.1	actine [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018794.1	Q95IE1	XP_010939394.1	uncharacterized protein LOC105058225
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018797.1-2	O03983	KAG1363671.1	desiccation-related protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ3	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018804.1	O04204	KAG1365042.1	60S acidic ribosomal protein P0 [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018805.1-2	Q96329	KAG1339085.1	acyl-coenzyme A oxidase 4, peroxisomal [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018806.1	Q9SSB8	XP_008775030.1	cytochrome c oxidase subunit 5b-1, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018807.1	Q7DLR9	XP_010909242.1	proteasome subunit beta type-4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01018822.1-1	Q8RXN8	XP_008811104.1	uncharacterized protein LOC103722355 [Phoenix dactylifera]
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018825.1	Q9SK50	XP_010914046.2	protein TIC 55, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018831.1-1	Q84WM9	XP_008810682.1	uncharacterized protein LOC103722041 isoform X3 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018834.1-1	Q39173	XP_019704194.1	2-alkenal reductase (NADPH+-dependent)
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018837.1-2	Q94586	XP_038974983.1	probable 2-oxoglutarate-dependent dioxygenase AOP1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018840.1-2	No hit	XP_010911317.1	uncharacterized protein LOC105037336 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018841.1-1	Q96323	XP_010909855.1	leucoanthocyanidin dioxygenase
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018848.1-1	Q9FJ11	XP_010935173.1	adenylate kinase isoenzyme 6 homolog
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018853.1	Q93Z16	XP_010934313.1	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018854.1	Q9FK55	XP_038971235.1	cytochrome c1-2, heme protein, mitochondrial-like
						HA2					HA	GLFX01018855.1-1	P27323	KAG1359283.1	heat shock protein 83
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01018856.1-1	Q8LC83	XP_008810492.2	40S ribosomal protein S24-1-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GLFX01018857.1	No hit	XP_010933750.2	uncharacterized protein LOC105054054
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01018860.1	O04848	KAG1326338.1	Histone H2AX
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	GLFX01018861.1-2	No hit	XP_010920530.1	hsp70-binding protein 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018876.1-2	Q96262	KAG1335039.1	Plasma membrane-associated cation-binding protein 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018877.1	P13853	XP_008782319.1	18.1 kDa class I heat shock protein-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GLFX01018886.1-1	Q9ZP57	XP_010936838.1	transmembrane 9 superfamily member 3
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018887.1-1	No hit	XP_010928278.1	protein MEMO1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							FLX01018890.1-1	Q8H1Y0	XP_008793778.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01018895.1	Q94050	KAG1334205.1	transmembrane 9 superfamily member 2 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01018902.1-2	P30184	XP_010929163.1	leucine aminopeptidase 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			FLX01018907.1	O65201	XP_010916902.1	acyl-coenzyme A oxidase 2, peroxisomal [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01018919.1	Q1H5C9	XP_010936902.1	outer envelope pore protein 24A, chloroplastic [Elaeis guineensis]
							HA3				HA	GLFX01018922.1-1	Q9SQZ9	XP_010938472.1	PITH domain-containing protein At3g04780
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018923.1	Q9LSH2	KAG1334196.1	glutamate decarboxylase [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01018949.1-1	No hit	KAG1359218.1	molybdate-anion transporter [Cocos nucifera]
					HA1		HA3				HA	GLFX01018963.1-1	No hit	XP_008792556.1	formamidase-like isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018964.1-1	Q85528	XP_008793866.2	aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01018985.1-1	Q84WW2	XP_010933782.2	probable 6-phosphoglucanase 4, chloroplastic isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01018990.1-1	Q949Y0	XP_010912089.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 6 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	GLFX01018991.1-2	Q93V84	XP_010943971.1	protein FLX-like 1 isoform X1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019010.1-2	Q9ASR4	XP_010942417.1	branched-chain-amino-acid aminotransferase-like protein 2 isoform X1
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01019018.1-2	Q8L493	XP_010916006.1	D-amino-acid transaminase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01019035.1-2	Q94UX5	XP_010928557.1	UIM domain-containing protein WLUM1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		FLX01019043.1	Q9FIJ9	XP_010933557.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019044.1-2	No hit	XP_008784370.2	B-cell receptor-associated protein 31-like
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019057.1	O04905	ACF06543.1	ACF06543.1uridylyl kinase
					HA1	HA2	HA3				HA	GLFX01019064.1-1	O48670	XP_019701505.1	protein RER1A
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019071.1	Q95756	XP_010922613.1	ferritin-4, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019075.1-2	Q9ZP06	XP_038972725.1	malate dehydrogenase, mitochondrial-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01019084.1-1	Q9SVN5	XP_008792236.2	aminoacyl tRNA synthase complex-interacting multifunctional protein 1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019085.1-2	Q9ZV36	XP_010922371.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01019086.1-1	O04499	XP_010922826.1	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Elaeis guineensis]
								HA4			HA	GLFX01019094.1	Q6NPM8	XP_010940120.1	bifunctional phosphatase IMPL2, chloroplastic isoform X1
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019097.1-1	No hit	XP_026658529.2	probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		FLX01019103.1	P93028	XP_038980882.1	ubiquitin-activating enzyme E1 1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019125.1-2	Q8LGG8	XP_010917276.1	universal stress protein PHOS32
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	DZ	HA	FLX01019131.1-1	Q96255	XP_010932656.1	phosphoserine aminotransferase 2, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019142.1	P92549	AOA2P2CLF9	AOA2P2CLF9_ARATHATP synthase subunit alpha OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=atp1 PE=3 SV=1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01019156.1-2	Q8L4N1	XP_038981795.1	universal stress protein PHOS32-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019166.1-1	Q95J22	KAG1342341.1	putative Peroxidase 17
				DZ2	DZ3					DZ		FLX01019187.1-1	O22703	XP_010923269.1	glycine-rich RNA-binding protein RZ1C isoform X1 [Elaeis guineensis]
		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01019197.1-2	Q04613	AEM43916.1	ATP synthase F0 subunit 4 (mitochondrion) [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019205.1	Q84TD8	KAG1364343.1	protein FLX-like 2
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		FLX01019260.1-1	P27323	KAG1360773.1	Heat shock protein 83 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019286.1-1	Q39085	XP_010935511.1	delta(24)-sterol reductase
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019342.1-1	Q9SVN5	XP_010907221.1	probable methionine--tRNA ligase
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019410.1-2	O50008	XP_010909225.1	5-methyltetrahydropteroylglutamate--homocysteine methyltransferase 1
	EN2								EN			FLX01019454.1-2	No hit	XP_008805491.2	sister chromatid cohesion protein PD55 homolog A isoform X5 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019627.1	P55228	XP_010929009.1	glucose-1-phosphate adenylyltransferase small subunit, chloroplastic/amyloplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019665.1-2	P13853	XP_008809153.1	17.8 kDa class I heat shock protein-like
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	DZ	HA	FLX01019673.1-2	Q9SAU2	XP_008794578.2	ribulose-phosphate 3-epimerase, cytoplasmic isoform [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		FLX01019688.1-1	O80840	XP_008806840.1	phosphomannomutase [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019704.1	Q9FWA3	XP_010920025.1	6-phosphoglucuronate dehydrogenase, decarboxylating 1
					HA1	HA2	HA3				HA	GLFX01019706.1-2	Q8VYN9	XP_010931886.1	universal stress protein PHOS32
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019726.1-1	Q94F09	XP_010930795.1	protein disulfide isomerase-like 5-2
						HA2					HA	GLFX01019765.1-2	Q9MP2P	XP_008809919.2	secretory carrier-associated membrane protein 2-like
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		FLX01019772.1-2	Q9SN58	XP_010918160.1	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01019773.1-2	Q38806	XP_038975647.1	22.0 kDa class IV heat shock protein-like [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ		FLX01019777.1-1	Q9LFD5	KAG1360620.1	binding partner of ACD11 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01019783.1-1	O82179	XP_010927080.1	glycine cleavage system H protein 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			FLX01019788.1-1	Q9SRH5	XP_010932447.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3			HA	GLFX01019833.1-2	No hit	XP_010940884.1	plant UBQ domain-containing protein 8
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01019839.1-1	Q9LEY9	XP_008783062.1	H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 2-like protein
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		FLX01019888.1	Q94AH9	XP_008779265.2	rRNA 2'-O-methyltransferase fibrillarin 2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GLFX01019928.1-1	O24653	XP_010930328.2	guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2 isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3</											

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019939.1-1	Q9LHA8	XP_008776656.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019940.1	Q9LXL5	XP_010939862.1	sucrose synthase 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019941.1	Q9LU06	XP_010921602.1	60S ribosomal protein L19-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019942.1	Q9LZG0	XP_010934326.1	adenosine kinase 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019949.1-1	Q9M0E2	XP_008797876.1	60S ribosomal protein L28-2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019951.1-1	Q9FK25	KAG1360878.1	caffeic acid 3-O-methyltransferase [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019952.1-1	Q8LE58	XP_010906723.1	ESCRT-related protein CHMP18
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019953.1-2	Q9FJL3	XP_010905156.1	70 kDa peptidyl-prolyl isomerase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019954.1-1	P57106	XP_010920478.1	malate dehydrogenase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019956.1-1	No hit	XP_010938420.1	uncharacterized protein LOC105057492 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019957.1-1	Q94A52	XP_010940294.1	eukaryotic initiation factor 4A-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01019959.1-1	Q9FVE6	XP_010908741.1	histone deacetylase HD2 [Elaeis guineensis]
EN1		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019961.1-2	O65202	KAG1360763.1	peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019963.1-1	O80763	XP_029119459.1	probable nucleoredoxin 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019964.1-2	Q9LHA8	XP_008812036.1	heat shock 70 kDa protein 4-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019965.1-2	P17094	XP_010912008.1	60S ribosomal protein L3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01019972.1-1	Q9FLF0	ACF06615.1	40S ribosomal protein S9 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019977.1-2	Q9ASR1	XP_010915202.1	elongation factor 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019978.1-1	P92994	XP_008788521.1	trans-cinnamate 4-monooxygenase-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019981.1-1	Q8VZ89	XP_010938704.1	60S ribosomal protein L10a [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		GFLX01019984.1	Q9FMN4	XP_010928449.1	thioredoxin-like protein Clot [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019986.1-1	P51430	ACF06440.1	S6 ribosomal protein [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019987.1-1	O81235	XP_010938005.1	superoxide dismutase [Mn], mitochondrial
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019988.1-2	Q9C514	XP_010921021.1	40S ribosomal protein S7
EN1									EN			GFLX01019989.1	Q8L7Y9	KAG1337718.1	non-specific phospholipase C1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01019994.1	P29402	XP_008797088.2	calnexin homolog [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01019996.1-2	No hit	XP_010927633.1	basic leucine zipper and W2 domain-containing protein 2
						HA2	HA3				HA	GFLX01019997.1-1	B9DGD6	XP_008811062.2	acetyl-coenzyme A synthetase, chloroplastic/glyoxysomal
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020001.1-1	P52410	XP_010932377.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3				HA	GFLX01020003.1-2	Q9C681	XP_008813773.1	probable histone H2A.2 isoform X2
EN1	EN2	EN3							EN			GFLX01020010.1	P42791	XP_010938374.1	60S ribosomal protein L18-2 [Elaeis guineensis]
			DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GFLX01020019.1	Q9ZU52	XP_010916257.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020025.1-2	O01525	KAG1334586.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020031.1-2	Q9ZUC1	XP_010919649.1	uncharacterized protein LOC105043688 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020035.1-1	O952N1	XP_010915243.1	V-type proton ATPase subunit B 2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020036.1-2	Z23708	KAG1361204.1	putative Proteasome subunit alpha type-2-A [Cocos nucifera]
	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GFLX01020037.1	O04420	KAG1363561.1	uricase [Cocos nucifera]
						HA2					HA	GFLX01020039.1	Q9LX33	XP_008810767.2	protein farnesyltransferase/geranylgeranyltransferase type-1 subunit alpha
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020054.1	O65390	XP_008800699.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020059.1-2	Q8GYM1	XP_026656482.2	probable glutathione S-transferase para [Phoenix dactylifera]
						HA3	HA4				HA	GFLX01020065.1-2	O854Y1	AFI57868.1	AFI57868.1acetoacetyl-CoA thiolase
						HA3	HA4				HA	GFLX01020082.1	Q9XFH8	XP_010927631.1	thioredoxin F, chloroplastic
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020089.1	No hit	XP_010922346.1	selenoprotein H
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020093.1-2	O49429	XP_010912635.1	DAG protein, chloroplastic isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020100.1-1	Q9FNN5	XP_008799960.2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020111.1-2	Q84WJ9	XP_029121304.1	protein phosphatase 1 regulatory inhibitor subunit PPP1R7 homolog [Elaeis guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020112.1	P43287	KAG1361808.1	Aquaporin PIP2-4 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020158.1-1	P19037	XP_010925994.1	18.1 kDa class I heat shock protein
						HA3	HA4				HA	GFLX01020159.1-2	Q95I22	XP_010924572.1	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha homolog
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	GFLX01020162.1	Q5XF75	XP_008782956.2	elongation factor Ts, mitochondrial-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020173.1-2	Q957H4	XP_008776063.1	chorismate mutase 2, cytosolic-like
EN1				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020176.1-1	O65902	XP_038983525.1	cyclase-associated protein 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020192.1-1	Q9MAH0	KAG1367917.1	Phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme
			DZ2							DZ		GFLX01020198.1	Q9LV11	KAG1368831.1	Plasma membrane ATPase 1 [Cocos nucifera]
		EN3									HA	GFLX01020202.1	Q38906	KAG1334853.1	translocase of chloroplast 34, chloroplastic [Cocos nucifera]
	EN2	EN3			HA2	HA3	HA4	EN		HA		GFLX01020213.1-1	Q39230	XP_008809578.2	serine--tRNA ligase-like [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ		GFLX01020232.1	Q9SUT5	XP_010925825.1	protein SGT1 homolog isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			GFLX01020234.1-1	Q8VJY7	XP_010927528.1	chaperone protein ClpB3, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020246.1-2	O23627	XP_010909743.1	glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1
						HA2	HA3				HA	GFLX01020262.1-2	Q9LUM3	KAG1334392.1	Subtilisin-like protease SBT1.5
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020309.1	Q9CAI3	XP_017697381.1	putative cinnamyl alcohol dehydrogenase 4 isoform X2
					HA1		HA3	HA4			HA	GFLX01020337.1-1	O04153	XP_010927893.1	calreticulin-3
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		GFLX01020356.1-2	No hit	XP_010936409.1	protein PYRICULARIA ORYZAE RESISTANCE 21 [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		GFLX01020371.1-2	Q8VZ95	XP_010941137.1	vesicle-associated protein 1-2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			GFLX01020412.1-1	Q9LMT1	XP_010936858.1	LOW QUALITY PROTEIN: putative 3,4-dihydroxy-2-butanone kinase [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020421.1-2	Q9LUW0	XP_010905215.1	probable linoleate 9S-lipoxygenase 4
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020441.1	Q9CA28	KAG1326808.1	cinnamoyl-CoA reductase 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2								EN			GFLX01020510.1-2	Q94BR1	XP_010927576.1	uncharacterized protein LOC105049573 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020543.1-1	Q9XG9X	XP_008778039.2	mitochondrial import inner membrane translocase subunit Tim9
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01020545.1-2	Q8GYX8	XP_010927493.1	chaperone protein dnaJ 10 isoform X1
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1		HA3		EN	DZ	HA	GFLX01020555.1-1	P42742	XP_008791288.2	proteasome subunit beta type-1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020561.1	Q9ZQ19	XP_038974489.1	replication protein A 32 kDa subunit B-like
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020614.1-2	P24704	XP_010941777.1	superoxide dismutase [Cu-Zn] isoform X1
						HA2	HA3				HA	GFLX01020627.1-1	No hit	XP_008810519.1	uncharacterized protein LOC103721909
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020629.1-1	Q9XGY4	XP_008790726.1	mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM8-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3							EN			GFLX01020652.1-1	No hit	XP_008803895.1	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 2-like isoform X4 [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2						EN	DZ		GFLX01020673.1-1	P93028	KAG1338052.1	ubiquitin-activating enzyme E1 1 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020688.1-2	No hit	XP_010910793.2	uncharacterized protein LOC105036757 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GFLX01020704.1	O48832	KAG1354140.1	protein EARLY-RESPONSIVE TO DEHYDRATION 7, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020708.1-2	No hit	ACF06586.1	aluminum-induced protein [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3					HA	GFLX01020722.1-1	Q9NM9M	XP_008788681.1	probable NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 12
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020746.1-1	Q9SRK6	XP_010933552.1	60S ribosomal protein L37a [Elaeis guineensis]
					HA2	HA3	HA4				HA	GFLX01020751.1	Q95J44	ACF06539.1	ACF06539.1ubiquitin-conjugating enzyme family protein
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020754.1-1	P16181	XP_008776674.1	40S ribosomal protein S11-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020776.1-2	Q38862	XP_008782119.1	inositol-3-phosphate synthase
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	DZ		HA	GFLX01020777.1-2	No hit	XP_010928508.1	uncharacterized protein LOC105050253 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GFLX01020790.1-2	B9DGG8	AEQ94178.1	AEQ94178.1auxin-repressed protein
						HA2	HA3				HA	GFLX01020792.1-1	P25818	XP_008801219.1	probable aquaporin TIP1-1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GFLX01020793.1	Q9SD07	XP_010939896.1	adipocyte plasma membrane-associated protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3											

						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020810.1-2	Q9ZUT9	XP_008778205.1	40S ribosomal protein S5-like	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020811.1	Q8VY22	XP_010915618.1	protein trichome birefringence-like 39 isoform X1	
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01020817.1-2	Q9ASR1	XP_010924672.1	elongation factor 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020823.1-1	Q9SI20	XP_038975467.1	elongation factor 1-delta 1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020825.1	Q9FNP8	XP_010907667.1	40S ribosomal protein S19 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020826.1-1	Q9SX78	XP_008805244.2	probable carboxylesterase 2 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020828.1	Q9LZF6	XP_010935717.1	cell division cycle protein 48 homolog [Elaeis guineensis]	
							HA3	HA4				HA	GLFX01020834.1-2	Q9SRH5	XP_008808420.2	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020842.1-1	Q9SCV4	XP_038972182.1	beta-galactosidase 6 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020849.1-1	Q9SAR5	XP_010909897.1	ankyrin repeat domain-containing protein 2A isoform X1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020851.1	Q01525	XP_010937379.1	14-3-3-like protein B [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020856.1-2	Q9FWR5	XP_010931534.1	gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020858.1-1	P21238	XP_010918680.1	ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha isoform X2 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3				HA	GLFX01020859.1	Q9XK91	ACF06454.1	ACF06454.1eukaryotic translation initiation factor 5A isoform IV	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020865.1	Q9CSW6	XP_008777420.1	14-3-3-like protein D [Phoenix dactylifera]	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020867.1-1	No hit	XP_010925315.1	nucleolar protein 56 isoform X2	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020873.1-1	Q42351	KAG1342500.1	60S ribosomal protein L34	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020883.1	Q64530	XP_010923778.1	thiosulfate/3-mercaptopyruvate sulfurtransferase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		GLFX01020886.1-2	Q9S152	XP_010912375.1	NDRI/HIN1-like protein 10 [Elaeis guineensis]	
									HA4			HA	GLFX01020890.1	Q9LHH7	KAG1365216.1	bifunctional protein FOLD 2	
EN1						DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020894.1	Q9SN35	XP_010915480.1	ras-related protein RIC2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020900.1-2	O65595	XP_010918024.1	pyruvate kinase, cytosolic isozyme [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01020912.1-1	P68209	XP_010934473.1	succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2					DZ3					EN	DZ		GLFX01020933.1-1	Q9M2D8	XP_038982721.1	remorin-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
						DZ3					DZ			GLFX01020972.1-2	Q9ZW35	XP_008798953.1	proliferating cell nuclear antigen [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01020979.1-1	Q9VZM1	XP_010912607.1	N-terminal acetyltransferase A complex auxiliary subunit NAA15	
							HA1	HA2	HA3			HA	GLFX01021026.1	O65282	XP_010937293.1	20 kDa chaperonin, chloroplastic	
EN1	EN2	EN3									EN			GLFX01021044.1-1	Q9TK07	XP_019706606.1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 3, mitochondrial isoform X3 [Elaeis guineensis]
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021062.1-1	Q9FE63	KAG1346632.1	profilin-2	
EN1											EN			GLFX01021135.1-1	Q93216	KAG1353949.1	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit 2-like [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021195.1	P29511	XP_010941981.2	tubulin alpha chain	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021199.1-2	P06525	AAB39598.1	alcohol dehydrogenase A, partial [Washingtonia robusta]	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021202.1-2	Q6GKV1	XP_010937947.1	Golgi to ER traffic protein 4 homolog	
							HA2	HA3				HA	GLFX01021209.1	Q9MA79	XP_010911973.1	fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic	
EN1											EN			GLFX01021210.1-1	O23264	XP_010906171.1	selenium-binding protein 1 [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021214.1	Q9S1B9	XP_038982773.1	aconitate hydratase, cytoplasmic-like	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021216.1-2	Q9FMU6	XP_010939396.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial	
							DZ2					HA	GLFX01021233.1	Q9LTF2	XP_010930905.1	40S ribosomal protein S10-1 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA4				HA	GLFX01021234.1-1	Q9LK38	KAG1330869.1	putative Selenium-binding protein 1	
							DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	DZ	HA	GLFX01021267.1-2	P21238	XP_010935727.1	ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha [Elaeis guineensis]
	EN2													GLFX01021272.1	Q8W034	XP_010926404.1	DA2-associated protein 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3									EN			GLFX01021275.1-1	P93042	XP_010904950.1	protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ		GLFX01021277.1-2	Q9FWA3	XP_010933404.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Elaeis guineensis]
							HA2		HA4			HA	GLFX01021279.1	No hit	XP_010936259.2	7-methyl-GTP pyrophosphatase	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021289.1	P94072	XP_010910722.1	auxin-binding protein ABP20	
											EN			GLFX01021308.1	Q9SZN7	XP_010920102.1	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 27 [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021309.1	Q8VYN9	XP_010907383.1	universal stress protein PHOS32 isoform X3	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021324.1	Q8LAS8	XP_010939640.1	LIN1-like protein isoform X3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021326.1	Q9SK39	KAG1364402.1	putative steroid-binding protein 3 [Cocos nucifera]	
							DZ2	DZ3				HA	GLFX01021327.1-1	P43296	XP_010910124.1	cysteine proteinase 1 [Elaeis guineensis]	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021332.1	O23255	XP_010913095.1	adenosylhomocysteinase	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021333.1-2	Q08770	XP_008782699.2	60S ribosomal protein L10 [Phoenix dactylifera]	
							DZ3				DZ			GLFX01021335.1-1	No hit	KAG1331103.1	abscisic stress-ripening protein 5 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3				HA	GLFX01021336.1	P23686	KAG1326106.1	S-adenosylmethionine synthase	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021338.1-1	P13114	KAG1331623.1	Chalcone synthase 2	
	EN2						HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021340.1-1	Q9LHA8	XP_010922357.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021342.1-2	Q8GTVO	KAG1337991.1	putative Elongation factor 1-alpha [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021344.1-1	Q56WD9	XP_010940650.1	3-ketoacyl-CoA thiolase 2, peroxisomal [Elaeis guineensis]	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021348.1-1	P41088	ACQ41836.1	ACQ41836.1chalcone-flavanone isomerase	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021357.1	Q9SK23	XP_010926957.1	40S ribosomal protein S12 [Elaeis guineensis]	
							DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	DZ	HA	GLFX01021358.1-1	Q8LP98	KAG1365223.1	protein RALF-like 33 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021363.1-1	P34893	KAG1365496.1	10 kDa chaperonin, mitochondrial [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021364.1	O65282	KAG1334365.1	20 kDa chaperonin, chloroplastic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021365.1-2	Q9LUE4	XP_008813152.2	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021367.1-2	O50008	XP_010917850.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021369.1-1	Q96300	KAG1330548.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021370.1-1	Q9FMH6	XP_010936526.1	LOW QUALITY PROTEIN: MFP1 attachment factor 1-like [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3				DZ	HA	GLFX01021371.1	O81147	XP_010937324.1	proteasome subunit alpha type-6 [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021377.1	B3H5O1	XP_008789872.1	beta-glucosidase 22-like [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021379.1	P57106	XP_010935901.1	malate dehydrogenase, cytoplasmic [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021381.1	O48528	XP_010943568.1	outer envelope pore protein 16-3, chloroplastic/mitochondrial	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	GLFX01021386.1-2	Q8W034	KAG1361862.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021387.1	O23714	XP_010938140.1	proteasome subunit beta type-2-B [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ		GLFX01021393.1	B9DFG5	XP_008790659.1	PTI1-like tyrosine-protein kinase 3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021399.1-2	P43291	XP_010930862.1	serine/threonine-protein kinase SAPK7 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2					DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021402.1-2	Q9STH1	XP_010933724.1	hsp70-Hsp90 organizing protein [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3					HA1	HA2	HA3	HA4	EN			GLFX01021403.1-1	Q9SYG7	XP_010917487.1	aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 isoform X2 [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4					GLFX01021414.1-2	Q94A24	XP_008803988.1	probable calcium-binding protein CML7 isoform X1
							HA1	HA2	HA3	HA4				GLFX01021418.1-1	Q9C5R8	KAG1369736.1	2-Cys peroxiredoxin BAS1, chloroplastic
							HA1	HA2	HA3	HA4				GLFX01021420.1	Q9LFG2	XP_010922398.1	diaminopimelate epimerase, chloroplastic
							HA1	HA2	HA3	HA4				GLFX01021431.1	P9LDZ0	XP_010919345.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021432.1	P25819	QNH80833.1	catalase, partial [Arecia catechu]	
EN1	EN2										EN	DZ		GLFX01021437.1-2	Q9C5N2	XP_008795202.1	transmembrane 9 superfamily member 8-like [Phoenix dactylifera]
	EN2										EN			GLFX01021476.1-2	Q9LD43	KAG1359569.1	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha, chloroplastic [Cocos nucifera]
							HA1		HA3	HA4	EN			GLFX01021530.1-2	O04151	XP_026665627.2	calreticulin-like [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3	HA4					GLFX01021534.1-2	O50008	XP_008778395.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1-like
							HA1	HA2									

EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021615.1-2	F4JLP5	XP_010914552.1	dihydrolipoyl dehydrogenase 2, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN			GLFX01021619.1	Q9CSW6	KAG1346747.1	putative 14-3-3-like protein D [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021622.1-1	Q9T030	XP_010911620.1	isoflavone reductase-like protein [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021629.1-2	Q9LXM8	XP_010924305.1	60S acidic ribosomal protein P2A	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01021633.1-2	O04209	XP_010935636.1	clathrin light chain 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN	DZ	HA	GLFX01021635.1	F4HZG9	XP_008793195.2	xaal-Pro dipeptidase [Phoenix dactylifera]	
					HA1			HA4			HA	GLFX01021638.1	Q8RUD6	XP_010933323.1	protein HIGH ARSENIC CONTENT 1, mitochondrial	
					HA1						HA	GLFX01021642.1	Q8W593	XP_008776621.1	lactylglutathione lyase	
EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021649.1-1	O22287	XP_029120701.1	probable mannose-1-phosphate guanylyltransferase 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021655.1-1	Q9STN7	KAG1334438.1	protein BOBBER 1	
EN1									EN			GLFX01021657.1	Q67YC9	KAG1364250.1	putative ER membrane protein complex subunit 3 [Cocos nucifera]	
EN1					HA2	HA3	HA4	EN	HA		HA	GLFX01021660.1	P49227	XP_010930276.1	60S ribosomal protein L5 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA2	HA3	HA4	EN	HA		HA	GLFX01021663.1-2	Q9FFD2	KAG1363403.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2								EN		HA	GLFX01021668.1-2	Q8W034	XP_010929040.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021672.1-2	Q9S1J2	XP_010927351.1	probable ATP synthase 24 kDa subunit, mitochondrial	
									EN			GLFX01021673.1-2	No hit	KAG1354614.1	LysM domain-containing protein [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021674.1-2	Q9SW09	XP_010912028.1	40S ribosomal protein S10-1	
									HA		HA	GLFX01021676.1-2	No hit	XP_038970273.1	transmembrane protein 147	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021680.1	O22683	KAG1361859.1	cyanate hydratase	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021681.1-1	Q9FGX1	XP_010921453.2	ATP-citrate synthase beta chain protein 1	
						HA2	HA3				HA	GLFX01021682.1-2	Q42556	KAG1364459.1	Plasma membrane ATPase	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01021690.1	Q6NQE2	XP_010924018.1	probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
					HA2	HA3	HA4				HA	GLFX01021696.1-1	Q9SS37	XP_010904667.1	reticulon-like protein 88	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021699.1	P36397	XP_008796507.2	ADP-ribosylation factor 1-like	
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021704.1-1	Q94JV5	XP_010920972.1	nitrilase-like protein 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021711.1-2	Q8LGG8	XP_010921510.1	universal stress protein A-like protein [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021717.1	Q84MC1	XP_010941157.2	probable polygalacturonase [Elaeis guineensis]	
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01021719.1-2	Q9C8P0	XP_010910928.1	polyphenol oxidase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021724.1-1	Q9ZW36	XP_010927264.1	zinc finger CCH domain-containing protein 40 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021728.1-1	No hit	XP_008802808.2	uncharacterized protein LOC103716547 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021729.1-1	Q9FF52	XP_010929416.1	60S ribosomal protein L12-3 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021730.1	No hit	XP_008794812.2	transaldolase-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021734.1	Q9FGT8	ACF06575.1	temperature-induced lipocalin [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3							EN			GLFX01021738.1-1	P52577	XP_010906343.1	isoflavone reductase-like protein isoform X1 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021743.1-2	Q9FWR5	XP_010922032.1	gamma carbonic anhydrase 1, mitochondrial	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021746.1-1	P34066	KAG1366283.1	proteasome subunit alpha type-1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021747.1-2	O23255	XP_008794647.1	adenosylhomocysteinase-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021751.1	Q9SD57	XP_010925033.1	V-type proton ATPase subunit C [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01021752.1-2	P06525	XP_008786546.2	alcohol dehydrogenase 1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01021753.1	No hit	KAG1360745.1	myeloid leukemia factor 1	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01021757.1-1	F4IW47	XP_010941046.1	transketolase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		GLFX01021762.1	No hit	KAG1338836.1	putative Pre-mRNA-splicing factor SYF2 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021763.1-1	No hit	XP_038975467.1	elongation factor 1-delta 1-like	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021768.1-1	No hit	XP_008787293.2	uncharacterized protein LOC103705381	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021769.1-1	Q9SKY8	XP_010910113.1	heat shock 70 kDa protein 8 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021779.1	P34893	XP_010922051.1	10 kDa chaperonin, mitochondrial	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021780.1-1	Q96528	XP_008791900.1	catalase isozyme 2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021822.1	O23657	XP_038976841.1	ras-related protein RABCI [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3				HA	GLFX01021869.1	O22922	XP_010921064.1	U2 small nuclear ribonucleoprotein B"	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021871.1	O24616	XP_010935100.1	proteasome subunit alpha type-7 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021910.1-1	No hit	XP_010933563.1	uncharacterized protein C6C3.02c isoform X1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021916.1-1	Q9M224	XP_038975638.1	membrane steroid-binding protein 1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021921.1-1	Q42605	KAG1359210.1	bifunctional UDP-glucose 4-epimerase and UDP-xylose 4-epimerase 1 [Cocos nucifera]	
			DZ2	DZ3						DZ		GLFX01021923.1-1	Q9FV65	XP_008802834.1	40S ribosomal protein S15-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		GLFX01021942.1-1	P42737	XP_026663791.1	carbonic anhydrase 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021946.1-2	No hit	KAG1346757.1	calyculin-binding protein	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021948.1-1	Q94AF2	XP_008791763.1	ATP-dependent (S)-NAD(P)H-hydrate dehydratase [Phoenix dactylifera]	
	EN2			DZ3					EN	DZ	HA	GLFX01021951.1-2	P51413	XP_038984311.1	60S ribosomal protein L17-like [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021957.1	O04204	KAG1331864.1	60S acidic ribosomal protein P0	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021958.1-1	Q9FF55	XP_017700701.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01021960.1-1	Q8GTY0	KAG1339133.1	Elongation factor 1-alpha [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021961.1	P29516	XP_010926884.1	tubulin beta chain	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021963.1-2	O50431	XP_038980918.1	L-ascorbate peroxidase 1, cytosolic [Phoenix dactylifera]	
						HA3	HA4				HA	GLFX01021965.1	Q9CF77	AOC88995.1	AOC88995.1type X nonspecific lipid transfer protein LTPX04	
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01021966.1-1	Q9FUS9	XP_038978437.1	glutathione S-transferase U18-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01021968.1-2	Q9X191	ACF06454.1	eukaryotic translation initiation factor 5A isoform IV [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021976.1	P13853	XP_010923159.1	18.1 kDa class I heat shock protein [Elaeis guineensis]	
	EN2								EN			GLFX01021989.1-1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01021992.1-1	Q949X7	XP_010930238.1	probable diaminopimelate decarboxylase, chloroplastic	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021994.1-2	Q38950	XP_010942275.1	serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01021995.1-2	Q9LHP1	XP_008781795.2	60S ribosomal protein L7-2-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01021999.1-2	No hit	XP_010942090.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 9 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022001.1-2	P28188	XP_010934637.1	GTP-binding protein YPTM2 isoform X2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN	HA		GLFX01022014.1	O23264	XP_010905138.1	selenium-binding protein 1 isoform X2 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022030.1-1	Q9S2H4	XP_008786196.2	RNA-binding KH domain-containing protein PEPPER-like [Phoenix dactylifera]	
	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022031.1-2	P41377	XP_010915249.1	eukaryotic translation initiation factor 4A-8 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022035.1	Q9SAB3	XP_010930147.1	polyadenylate-binding protein RBP45	
EN1	EN2				HA1	HA2		HA4	EN		HA	GLFX01022042.1-1	P06525	XP_010912629.1	alcohol dehydrogenase 3-like [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01022049.1-2	Q9FME2	XP_029117457.1	ras GTPase-activating protein-binding protein 1 isoform X2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022075.1-2	O22263	KAG1365286.1	Disulfide-isomerase-like protein [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022086.1-2	O50008	XP_008778953.1	5-methyltetrahydropteroyltryglutamate--homocysteine methyltransferase 1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022088.1	Q38799	XP_010943741.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta-2, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022092.1-2	Q9SRZ6	XP_010924866.1	isocitrate dehydrogenase [NADP]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022097.1-2	Q9CAZ6	XP_010916329.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022101.1-1	Q5E924	XP_010941678.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3							EN			GLFX01022104.1-1	Q9FNN6	XP_010907625.1	transcription factor DIVARICATA [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	GLFX01022106.1-2	Q9QW84	XP_010907889.1	polyadenylate-binding protein RBP47	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022114.1-2	O81235	XP_010938005.1	superoxide dismutase [Mn], mitochondrial	
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022118.1	Q8GYW8	XP_008809095.2	acyl transferase 5-like	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA									

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022136.1	Q95ZN1	XP_010943806.1	V-type proton ATPase subunit B 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022137.1-2	No hit	XP_010932263.1	glycosyl hydrolase 5 family protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022143.1	P48491	XP_010937618.1	triosephosphate isomerase, cytosolic [Elaeis guineensis]
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	GLFX01022145.1-2	P41127	XP_010940804.1	60S ribosomal protein L13-1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022147.1	Q9LIP2	XP_010905449.1	proteasome subunit beta type-5 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022148.1	Q9SYT0	KAG1366505.1	annexin D1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022154.1-2	P42644	KAG1358741.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022159.1-2	Q9SZA3	KAG1342581.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit K
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022161.1-2	P59224	XP_010941042.1	40S ribosomal protein S13 isoform X2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022164.1	Q8GUM2	XP_010922940.1	14 kDa zinc-binding protein
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022169.1-1	Q9FKK7	XP_008796227.1	xylose isomerase isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022172.1-1	Q9LUG9	XP_010938678.1	nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022175.1-2	Q96323	XP_010934075.1	leucoanthocyanidin dioxygenase
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022176.1-1	P59232	XP_019710496.1	ubiquitin-40S ribosomal protein S27a [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022179.1	No hit	XP_010907983.1	phosphatidylglycerol/phosphatidylinositol transfer protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1					DZ	HA	GLFX01022183.1	O65390	XP_010909333.1	aspartic proteinase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022185.1-1	Q9ZRD6	XP_008785824.1	VAMP-like protein YKT61 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022187.1-2	P53492	XP_019706201.1	actin-101 isoform X1
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022205.1	Q941A6	XP_010927863.1	succinate dehydrogenase subunit 6, mitochondrial
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022218.1-1	Q9SV20	XP_029121602.1	coatomer subunit beta-1
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022245.1-2	Q38936	XP_010905155.1	FK506-binding protein 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022247.1-1	Q9FME2	KAG1370077.1	ras GTPase-activating protein-binding protein 1
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		GLFX01022250.1-2	O80845	XP_010933889.1	peroxisomal membrane protein 11-5 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022251.1-1	No hit	XP_010940244.1	uncharacterized protein LOC105058883
						HA3	HA4				HA	GLFX01022270.1	Q9SKP6	XP_010935053.1	triosephosphate isomerase, chloroplastic
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022273.1	P49227	XP_008791818.1	60S ribosomal protein L5-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022278.1	Q9FJX2	XP_008799309.2	60S ribosomal protein L26-2-like
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022280.1-2	Q9C9K3	XP_008775478.1	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022283.1-2	Q96324	XP_038971323.1	glutathione S-transferase F12-like
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022285.1	P82873	XP_010914427.1	mitochondrial import receptor subunit TOM20
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022286.1	O49499	XP_008799011.2	caffeoyl-CoA O-methyltransferase
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022287.1-1	Q9ZVQ3	XP_010930358.1	glutathione S-transferase zeta class [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022290.1-2	Q9FKA4	XP_010911739.2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022291.1-1	Q9SAJ4	XP_010936568.1	phosphoglycerate kinase 3, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022292.1-1	O04499	XP_019708948.1	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022293.1-1	O04204	KAG1365042.1	60S acidic ribosomal protein P0
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022295.1-2	O65390	XP_008797519.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	GLFX01022296.1-1	Q9LFD5	XP_010937070.1	binding partner of ACD11.1 isoform X2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022299.1-2	P29963	XP_010912183.1	ras-related protein RABBIc [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		DZ		GLFX01022301.1	O65355	XP_008792313.1	gamma-glutamyl hydrolase 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022340.1-2	Q9SJQ9	XP_010932289.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022342.1-2	P51414	XP_008782300.1	60S ribosomal protein L26-1-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022343.1-2	P40941	XP_010913950.1	ADP/ATP carrier protein 1, mitochondrial
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022347.1	P49211	KAG1347974.1	60S ribosomal protein L32-1 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022348.1	Q9SRM5	XP_008800894.2	GD5L esterase/lipase CPRD49-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022352.1-1	Q8S8Q6	CBM36628.1	unnamed protein product [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022357.1-2	P25696	XP_038972413.1	enolase [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022360.1-1	P51102	XP_010926084.1	dihydroflavonol 4-reductase
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022362.1-1	Q94BT9	XP_019702688.1	copper transport protein ATX1 isoform X4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022363.1-1	No hit	XP_010923339.2	uncharacterized protein LOC105046447 [Elaeis guineensis]
EN1		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022369.1-2	Q9FJZ3	XP_010926118.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022371.1-2	O22707	XP_010929910.2	probable aldo-keto reductase 2
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022372.1	P93004	XP_008809438.2	probable aquaporin PIP2-6 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022383.1-1	Q9FT52	XP_010925342.1	ATP synthase subunit d, mitochondrial
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022392.1-1	No hit	XP_010909270.1	endo-1,3;1,4-beta-D-glucanase
						HA1	HA2	HA4			HA	GLFX01022405.1-1	No hit	XP_029122677.1	stem-specific protein TSJ1 isoform X1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022410.1-1	Q9SJQ9	XP_010927580.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022417.1-2	Q96321	XP_010914512.1	importin subunit alpha-1b [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022420.1	Q9LEV3	XP_010909683.1	CBS domain-containing protein CBSX3, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022442.1-1	P25696	XP_008791284.1	enolase [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022443.1-2	P31265	ACF06595.1	ACF06595.1 translationally controlled tumor protein
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022444.1-2	Q9LZ19	AGE46021.1	glutathione S-transferase [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022445.1-1	No hit	XP_008775375.2	AB hydrolase superfamily protein YfM-like
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022450.1-1	Q8H0X6	XP_008795132.1	cysteine proteinase inhibitor 12 [Phoenix dactylifera]
										DZ		GLFX01022462.1-2	P22953	KAG1371684.1	Heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	GLFX01022464.1-1	P06525	KAG1331212.1	alcohol dehydrogenase 1
						HA2	HA3				HA	GLFX01022465.1-2	Q9LJES	XP_008812836.2	YTH domain-containing protein ECT4-like
EN1						HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022475.1-2	Q9LUQ6	XP_010938353.1	60S ribosomal protein L19-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	GLFX01022476.1-2	Q8LD27	XP_010927181.1	proteasome subunit beta type-6 [Elaeis guineensis]
EN2	EN3		DZ2	DZ3					EN	DZ		GLFX01022478.1-2	Q9M015	XP_010938380.1	uncharacterized protein LOC105057462 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	GLFX01022483.1-2	No hit	XP_010924125.1	DNA-binding protein DDB G0278111 [Elaeis guineensis]
										DZ		GLFX01022484.1	No hit	XP_010919692.1	palmitoyl-protein thioesterase 1 [Elaeis guineensis]
										DZ		KAG1326109.1	Q9LT91	KAG1326109.1	peroxidase 5 [Cocos nucifera]
						HA2		HA4			HA	KAG1326147.1	Q9LSM9	KAG1326147.1	serine carboxypeptidase-like 26 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1326205.1	O22263	KAG1326205.1	Disulfide-isomerase-like protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2								EN			KAG1326211.1	Q05728	KAG1326211.1	phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase, chloroplastic/mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		KAG1326216.1	No hit	KAG1326216.1	hypothetical protein COCNU_01G001500 [Cocos nucifera]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1326223.1	Q3E902	KAG1326223.1	40S ribosomal protein S21 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3				HA	KAG1326242.1	Q9M9W1	KAG1326242.1	60S ribosomal protein L22-2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3							EN			KAG1326338.1	Q9S9K7	KAG1326338.1	Histone H2AX [Cocos nucifera]
EN2	EN3								EN			KAG1326340.1	Q9S9K7	KAG1326340.1	histone H2AX [Cocos nucifera]
												KAG1326367.1	Q9S9W3	KAG1326367.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 8 [Cocos nucifera]
										DZ		KAG1326368.1	Q9S9M4	KAG1326368.1	VIN3-like protein 2 [Cocos nucifera]
								HA4			HA	KAG1326447.1	P19456	KAG1326447.1	Plasma membrane ATPase, partial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1326519.1	P49077	KAG1326519.1	aspartate carbamoyltransferase, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1326542.1	Q9S9N1	KAG1326542.1	heat shock 70 kDa protein [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	KAG1326555.1	Q9SSQ9	KAG1326555.1	putative Phospholipase D alpha 1 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		DZ	HA	KAG1326556.1	Q9M099	KAG1326556.1	Serine carboxypeptidase 24 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		KAG1326601.1	O64740	KAG1326601.1	protein transport protein SEC13 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3							EN			KAG1326619.1	P46248	KAG1326619.1	

							HA2	HA3				HA	KAG1326921.1	Q9SUM3	KAG1326921.1	NADPH-cytochrome P450 reductase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1326936.1	Q9SZD4	KAG1326936.1	26S proteasome regulatory subunit 4 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1326977.1	Q9SU63	KAG1326977.1	aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1				DZ3						EN	DZ		KAG1327004.1	Q27GI3	KAG1327004.1	nucleobase-ascorbate transporter 6 [Cocos nucifera]
						HA2				HA			KAG1327011.1	AAGSN8	KAG1327011.1	putative Nuclear-pore anchor [Cocos nucifera]
						HA2				HA			KAG1327040.1	Q9SUG6	KAG1327040.1	plant UBx domain-containing protein 4 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1327063.1	F4JGR5	KAG1327063.1	putative Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta [Cocos nucifera]
	EN2			DZ3						EN	DZ		KAG1327142.1	Q39211	KAG1327142.1	DNA-directed RNA polymerases II, IV and V subunit 3 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1327173.1	Q8GYK2	KAG1327173.1	Lysophospholipase [Cocos nucifera]
EN1	EN2									EN		HA	KAG1327188.1	Q48771	KAG1327188.1	putative protein argonaute 16 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3					HA	KAG1327318.1	No hit	KAG1327318.1	hypothetical protein COCNU_01G012520 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1327345.1	Q03986	KAG1327345.1	Heat shock protein 81-3 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3							DZ		KAG1327355.1	Q8GXA4	KAG1327355.1	WPP domain-interacting protein 1 [Cocos nucifera]
EN1										EN			KAG1327381.1	Q9LTT9	KAG1327381.1	enhancer of mRNA-decapping protein 4 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN			KAG1327384.1	Q64989	KAG1327384.1	cytochrome P450 724B1 [Cocos nucifera]
EN1			DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1327498.1	Q8GWW7	KAG1327498.1	EMB1873-like protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1327631.1	Q80719	KAG1327631.1	pto-interacting protein 1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2		HA4			HA	KAG1327975.1	Q6ICX4	KAG1327975.1	Polypyrimidine tract-binding protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1327981.1	Q96520	KAG1327981.1	peroxidase 12 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3				HA	KAG1327992.1	Q84XU2	KAG1327992.1	small glutamine-rich tetratricopeptide repeat-containing protein [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1328064.1	Q56Z59	KAG1328064.1	Patellin-1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2			DZ3						EN	DZ		KAG1328265.1	P42814	KAG1328265.1	ribonuclease 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN			KAG1330155.1	Q9ZUN4	KAG1330155.1	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN			KAG1330165.1	P41376	KAG1330165.1	Eukaryotic initiation factor 4A-14 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330271.1	Q9LV66	KAG1330271.1	50S ribosomal protein L1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330288.1	Q5XPJ9	KAG1330288.1	SCAR-like protein 2 [Cocos nucifera]
							HA3	HA4				HA	KAG1330289.1	Q84VW9	KAG1330289.1	putative Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 [Cocos nucifera]
	EN2									EN			KAG1330411.1	Q9C5H4	KAG1330411.1	VHS domain-containing protein [Cocos nucifera]
						HA1						HA	KAG1330522.1	Q9ZSY9	KAG1330522.1	linolenate hydroperoxide lyase, chloroplastic [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330540.1	No hit	KAG1330540.1	NADH-ubiquinone oxidoreductase [Cocos nucifera]
				DZ3			HA3	HA4		DZ		HA	KAG1330574.1	Q9FGI6	KAG1330574.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330867.1	Q06915	KAG1330867.1	putative glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330975.1	Q39183	KAG1330975.1	serine/threonine-protein kinase D6PKL1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1330989.1	Q9LFA4	KAG1330989.1	hypothetical protein COCNU_02G009570 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1331021.1	Q9LZ23	KAG1331021.1	ACT domain-containing protein ACR12 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331056.1	Q9CAX6	KAG1331056.1	putative 40S ribosomal protein S14 [Cocos nucifera]
	EN2									EN			KAG1331140.1	Q9SYA6	KAG1331140.1	DNA-directed RNA polymerase subunit 10-like protein [Cocos nucifera]
	EN2						HA3	HA4		EN		HA	KAG1331210.1	P06525	KAG1331210.1	alcohol dehydrogenase 1 [Cocos nucifera]
	EN2		DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331240.1	K38806	KAG1331240.1	22.0 kDa class IV heat shock protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN			KAG1331349.1	Q9FJF5	KAG1331349.1	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, cytoplasmic isoform [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331368.1	Q93Y35	KAG1331368.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331437.1	Q9FZK4	KAG1331437.1	Nuclear transport factor 2A [Cocos nucifera]
	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1331442.1	Q9FMV1	KAG1331442.1	gamma carbonic anhydrase-like 2, mitochondrial [Cocos nucifera]
	EN2			DZ3						EN	DZ		KAG1331482.1	Q9SPE6	KAG1331482.1	Alpha-soluble NSF attachment protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331528.1	Q23254	KAG1331528.1	serine hydroxymethyltransferase 4 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1331530.1	Q23255	KAG1331530.1	Adenosylhomocysteinase [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1331553.1	Q9ZUT9	KAG1331553.1	40S ribosomal protein S5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1331555.1	Q9LV66	KAG1331555.1	hypothetical protein COCNU_02G015230 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3				HA	KAG1331623.1	P13114	KAG1331623.1	Chalcone synthase 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1331635.1	Q94F49	KAG1331635.1	histone H2A.1 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3							DZ		KAG1331672.1	B0F9L4	KAG1331672.1	putative Golgin candidate 6 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1331723.1	Q9M7T0	KAG1331723.1	peroxiredoxin-2F, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1331790.1	Q0WRX3	KAG1331790.1	serine carboxypeptidase II-3 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1331881.1	P93836	KAG1331881.1	4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1331899.1	No hit	KAG1331899.1	putative myosin-9 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN			KAG1331931.1	No hit	KAG1331931.1	hypothetical protein COCNU_02G018990 [Cocos nucifera]
EN1	EN2									EN			KAG1331951.1	Q9ZVD0	KAG1331951.1	putative Serrate RNA effector molecule [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1331979.1	No hit	KAG1331979.1	putative splicing factor 3B subunit 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1332010.1	O04983	KAG1332010.1	biotin carboxylase 1, chloroplastic [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1333928.1	O50008	KAG1333928.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate-homocysteine methyltransferase 1 [Cocos nucifera]
						HA1						HA	KAG1333976.1	Q9LJ97	KAG1333976.1	Late embryogenesis abundant protein D-34 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334027.1	F4HPY8	KAG1334027.1	putative aldo-keto reductase 1 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334033.1	F4HZB2	KAG1334033.1	protein SPIRRIIG [Cocos nucifera]
EN1										EN			KAG1334072.1	O65595	KAG1334072.1	Pyruvate kinase 1, cytosolic [Cocos nucifera]
						HA1						HA	KAG1334177.1	F4IHS2	KAG1334177.1	chromatin structure-remodeling complex protein SYD-like [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334257.1	Q9LP45	KAG1334257.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11 [Cocos nucifera]
							HA3					HA	KAG1334367.1	P52410	KAG1334367.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase I, chloroplastic [Cocos nucifera]
	EN2									EN			KAG1334385.1	Q9LXL5	KAG1334385.1	Sucrose synthase 1 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3				HA	KAG1334392.1	Q9LUM3	KAG1334392.1	Subtilisin-like protease SBT1.5 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334511.1	Q9LV91	KAG1334511.1	4-alpha-glucanotransferase DPE1, chloroplastic/amyloplastic [Cocos nucifera]
							HA2	HA3				HA	KAG1334538.1	Q38862	KAG1334538.1	Inositol-3-phosphate synthase [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1334542.1	Q9S283	KAG1334542.1	putative oxidoreductase [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334575.1	Q9SZC9	KAG1334575.1	putative copper-transporting ATPase PAA1, chloroplastic [Cocos nucifera]
	EN2									EN			KAG1334612.1	Q9SE96	KAG1334612.1	putative GEM-like protein 1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334631.1	O04496	KAG1334631.1	aspartyl protease 25 [Cocos nucifera]
							HA2		HA4			HA	KAG1334659.1	Q9LDD8	KAG1334659.1	putative Methylcrotonoyl-CoA carboxylase beta chain, mitochondrial [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334695.1	P29514	KAG1334695.1	Tubulin beta-4 chain [Cocos nucifera]
							HA3					HA	KAG1334860.1	Q9LP77	KAG1334860.1	putative inactive receptor kinase [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1334993.1	Q9LVY1	KAG1334993.1	nicotianamine aminotransferase A [Cocos nucifera]
EN1										EN			KAG1335000.1	Q9LIR6	KAG1335000.1	Beta-amylase 2, chloroplastic [Cocos nucifera]
										HA		HA	KAG1335033.1	No hit	KAG1335033.1	zinc finger protein CONSTANS-LIKE 1 [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1335064.1	Q9SIZ2	KAG1335064.1	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1335076.1	O9ZPI6	KAG1335076.1	Peroxisomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein [Cocos nucifera]
	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		KAG1335127.1	Q8RW87	KAG1335127.1	putative Ion protease, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1335243.1	Q96299	KAG1335243.1	14-3-3-like protein D [Cocos nucifera]
EN2	EN3					HA2	HA3	HA4		EN		HA	KAG1335246.1	Q9MAH0	KAG1335246.1	phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	KAG1335254.1	No hit	KAG1335254.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A [Cocos nucifera]
	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		KAG1335255.1	Q700D9	KAG1335255.1	two-component response regulator ARR10 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1335265.1	Q9FLC0	KAG1335265.1	Peroxidase P7 [Cocos nucifera]
				DZ3							DZ		KAG1335326.1	O49195	KAG1335326.1	hypothetical protein COCNU_03G014450 [Cocos nucifera]
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1335360.1	Q8LC83	KAG1335360.1	40S ribosomal protein S24-1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2						HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1335361.1	Q9XGZ0	KAG1335361.1	NADP-dependent malic enzyme [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1335476.1	Q93Z38	KAG1335476.1	putative Tryptophan aminotransferase-related protein 4 [Cocos nucifera]

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				EN	DZ		KAG1337698.1	Q9M069	KAG1337698.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]	
						HA3			HA		KAG1337703.1	Q5E913	KAG1337703.1	kinesin-like protein KIN-10C [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3				EN	DZ		KAG1337727.1	Q95T43	KAG1337727.1	pleckstrin domain-containing protein 1 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3		HA		KAG1337742.1	Q95R7R	KAG1337742.1	BTB/POZ domain-containing protein [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1337751.1	Q95D67	KAG1337751.1	putative ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 7, chloroplastic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				EN	DZ		KAG1337907.1	Q9LZ46	KAG1337907.1	histone H2A [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3		HA		KAG1337940.1	Q9LZ41	KAG1337940.1	60S ribosomal protein L35 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				EN	DZ		KAG1337959.1	Q9FY49	KAG1337959.1	leucine aminopeptidase [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1338030.1	Q0WNJ6	KAG1338030.1	Clathrin heavy chain 1 [Cocos nucifera]	
		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1338146.1	Q9LLR7	KAG1338146.1	Non-specific lipid-transfer protein 5 [Cocos nucifera]
	EN2	EN3							EN		KAG1338165.1	Q9LZV3	KAG1338165.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 8 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1338172.1	Q9SEI4	KAG1338172.1	26S proteasome regulatory subunit 6B [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		KAG1338209.1	Q94FN2	KAG1338209.1	protein MOR1 [Cocos nucifera]	
						HA3	HA4		HA		KAG1338259.1	No hit	KAG1338259.1	MAR-binding filament-like protein 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		KAG1338306.1	Q9ZVJ4	KAG1338306.1	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase [Cocos nucifera]	
EN1				DZ3					EN	DZ		KAG1338355.1	Q4Z553	KAG1338355.1	putative Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase II [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1338411.1	O81644	KAG1338411.1	putative Villin-2 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1338445.1	No hit	KAG1338445.1	BSD domain-containing protein C22A12.14c [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1338581.1	Q84WM9	KAG1338581.1	elongation factor 1-beta [Cocos nucifera]	
EN1	EN2								EN		KAG1338668.1	Q9LUE5	KAG1338668.1	YTH domain-containing protein ECT4 [Cocos nucifera]	
								HA4		HA	KAG1338840.1	Q8H1E8	KAG1338840.1	DNA (Cytosine-5)-methyltransferase DRM2 [Cocos nucifera]	
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1338844.1	O23044	KAG1338844.1	peroxidase 5-like [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1338955.1	Q9SK09	KAG1338955.1	Vicilin-like seed storage protein [Cocos nucifera]
	EN2	EN3							EN		KAG1338992.1	O80910	KAG1338992.1	putative TOM1-like protein 7 [Cocos nucifera]	
			DZ2	DZ3					DZ		KAG1339046.1	No hit	KAG1339046.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminy)asparagine amidase A [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	KAG1339061.1	Q9FFT4	KAG1339061.1	pyruvate decarboxylase 1 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3					DZ		KAG1339081.1	P46309	KAG1339081.1	putative Glutamate--cysteine ligase, chloroplastic [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1339232.1	O48818	KAG1339232.1	expansin-A4 [Cocos nucifera]	
						HA2				HA	KAG1339259.1	Q9STE8	KAG1339259.1	putative protein TC075-3, chloroplastic [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1341810.1	Q9C7Z9	KAG1341810.1	putative Serine carboxypeptidase-like 18 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1341882.1	Q03250	KAG1341882.1	glycine-rich RNA-binding protein GRP1A-like [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		KAG1341900.1	O65902	KAG1341900.1	cyclase-associated protein 1 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1342031.1	Q8L7W8	KAG1342031.1	putative Alpha-L-fucosidase 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1342149.1	Q9CAV0	KAG1342149.1	40S ribosomal protein S3a [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342155.1	Q9FJX3	KAG1342155.1	mitochondrial outer membrane protein porin 5-like [Cocos nucifera]	
						HA2				HA	KAG1342164.1	Q93ZN9	KAG1342164.1	aminotransferase ALD1 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342192.1	Q9FN05	KAG1342192.1	Alpha-glucosidase [Cocos nucifera]	
						HA2				HA	KAG1342211.1	P49688	KAG1342211.1	40S ribosomal protein S2-3 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342407.1	Q9SGZ5	KAG1342407.1	putative beta-D-xylosidase 7 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342482.1	Q9FLV0	KAG1342482.1	putative Flavone synthase [Cocos nucifera]
			DZ2						DZ		KAG1342563.1	O49006	KAG1342563.1	pectinesterase [Cocos nucifera]	
						HA3	HA4		HA		KAG1342609.1	O80763	KAG1342609.1	putative nucleoredoxin 1-1 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342610.1	O80763	KAG1342610.1	putative nucleoredoxin 1-1 [Cocos nucifera]	
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1342689.1	P59220	KAG1342689.1	putative Calmodulin [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1342718.1	Q9XFK7	KAG1342718.1	putative protein MOTHER of FT and TFL1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342807.1	Q93V56	KAG1342807.1	Soluble inorganic pyrophosphatase [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1342821.1	O49048	KAG1342821.1	putative Vacuolar protein sorting-associated protein 45 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3					DZ		KAG1346223.1	O48788	KAG1346223.1	putative inactive receptor kinase [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1346243.1	Q8VZM1	KAG1346243.1	N-terminal acetyltransferase A complex auxiliary subunit NAA15 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2			EN	DZ	HA	KAG1346258.1	Q9C827	KAG1346258.1	coatomer subunit beta'-1 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1346298.1	Q9XJ35	KAG1346298.1	putative ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 1, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1346371.1	Q42601	KAG1346371.1	carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		KAG1346394.1	Q9FJT9	KAG1346394.1	Zinc protease PQOL-like [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1346404.1	Q9LNF6	KAG1346404.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1346418.1	O82647	KAG1346418.1	pyruvate decarboxylase 1 [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1346442.1	Q9SRZ6	KAG1346442.1	isocitrate dehydrogenase [NADP] [Cocos nucifera]
EN1			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1346596.1	Q9SZE1	KAG1346596.1	putative 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase-like 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1346640.1	O04308	KAG1346640.1	putative Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha [Cocos nucifera]
EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		KAG1346674.1	Q9LNJ3	KAG1346674.1	aspartyl protease family protein 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1346726.1	Q94C70	KAG1346726.1	putative Nucleobase-ascorbate transporter 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2								EN			KAG1346828.1	O64700	KAG1346828.1	putative Urease accessory protein G [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1346853.1	P55230	KAG1346853.1	glucose-1-phosphate adenylyltransferase large subunit 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1346872.1	Q9LXM8	KAG1346872.1	60S acidic ribosomal protein P2B [Cocos nucifera]
		EN3				HA3			EN	HA	KAG1347051.1	O05212	KAG1347051.1	putative Bifunctional nuclease 2 [Cocos nucifera]	
	EN2			DZ3					EN	DZ		KAG1347180.1	Q95977	KAG1347180.1	vacuolar protein sorting-associated protein 28 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				EN	DZ	HA	KAG1347262.1	Q9M330	KAG1347262.1	putative proteasome inhibitor [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1347290.1	Q9M885	KAG1347290.1	40S ribosomal protein S7 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3			HA	KAG1347345.1	Q9FFT9	KAG1347345.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 32 [Cocos nucifera]	
	EN2			DZ3					EN	DZ		KAG1347360.1	Q95IB9	KAG1347360.1	Aconitate hydratase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				EN	DZ	HA	KAG1347438.1	No hit	KAG1347438.1	hypothetical protein COCNU_06G012670 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3					DZ			KAG1347494.1	Q95IV9	KAG1347494.1	purple acid phosphatase [Cocos nucifera]
						HA2	HA3			HA	KAG1347553.1	No hit	KAG1347553.1	hypothetical protein COCNU_06G013820 [Cocos nucifera]	
			DZ2	DZ3					DZ			KAG1347578.1	Q84W89	KAG1347578.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1347593.1	B9DHO0	KAG1347593.1	Tubulin alpha-3 chain [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3							EN			KAG1347739.1	Q9LUJ7	KAG1347739.1	vicillin-like antimicrobial peptides 2-2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN	HA		KAG1347755.1	Q9SRT9	KAG1347755.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Cocos nucifera]
	EN2	EN3							EN			KAG1347782.1	Q9SYZ2	KAG1347782.1	transcription initiation factor TFIID subunit 8 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1347827.1	Q9LF33	KAG1347827.1	putative UDP-glucose 6-dehydrogenase 4 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1347875.1	O65351	KAG1347875.1	putative Subtilisin-like protease SBT1.7 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1347934.1	Q95718	KAG1347934.1	serpin-ZXA [Cocos nucifera]
EN1		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1347937.1	Q9SU40	KAG1347937.1	L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]
			DZ2						DZ			KAG1348039.1	P50700	KAG1348039.1	Thaumatin-like protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1348050.1	P29516	KAG1348050.1	Tubulin beta-3 chain [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1348100.1	O82399	KAG1348100.1	malate dehydrogenase, glyoxysomal [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1348108.1	Q680P8	KAG1348108.1	hypothetical protein COCNU_06G019370 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1348243.1	Q43314	KAG1348243.1	hypothetical protein COCNU_06G020720 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1353890.1	P43287	KAG1353890.1	aquaporin PIP2-4 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3		DZ	HA	KAG1353977.1	Q0WL80	KAG1353977.1	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2			HA		KAG1353984.1	No hit	KAG1353984.1	hypothetical protein COCNU_07G000960 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1354011.1	O81270	KAG1354011.1	peroxygenase [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1354057.1	Q9XIP8	KAG1354057.1	protein CDI [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1354077.1	Q8H1H9	KAG1354077.1	Amine oxidase [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		KAG1354100.1	No hit	KAG1354100.1	hypothetical protein COCNU_07G002120 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	KAG1354102.1	Q38896	KAG1354102.1	glycine-rich protein 2 [Cocos nucifera]
							HA3	HA4		HA	KAG1354163.1	P93004	KAG1354163.1	Aquaporin PIP2 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1354171.1	P59259	KAG1354171.1	putative Histone H4 [Cocos nucifera]

		EN3							EN			KAG1354184.1	P46032	KAG1354184.1	protein NRT1/ PTR FAMILY 8.3 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1354201.1	Q9FN05	KAG1354201.1	alpha-glucosidase 2 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1354273.1	Q9M2M0	KAG1354273.1	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3							EN		HA	KAG1354327.1	Q9FJR0	KAG1354327.1	regulator of nonsense transcripts 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	KAG1354353.1	Q9S2H4	KAG1354353.1	RNA-binding KH domain-containing protein PEPPER [Cocos nucifera]
						HA2		HA4		HA	KAG1354371.1	O64481	KAG1354371.1	putative Subtilisin-like protease SBT2.5 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1354382.1	P28188	KAG1354382.1	GTP-binding protein YPTM2 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1354750.1	Q93YR3	KAG1354750.1	putative FAM10 family protein [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1354758.1	Q96323	KAG1354758.1	leucoanthocyanidin dioxygenase [Cocos nucifera]	
EN1	EN2								EN		HA	KAG1354807.1	P29197	KAG1354807.1	Chaperonin CPN60-2, mitochondrial [Cocos nucifera]
							HA3			HA	KAG1354988.1	P93014	KAG1354988.1	trichohyalin [Cocos nucifera]	
			DZ2			HA2				DZ	HA	KAG1355176.1	Q8LPR9	KAG1355176.1	protein TIC110, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1355177.1	Q9M1R2	KAG1355177.1	Proline--tRNA ligase, cytoplasmic [Cocos nucifera]
EN1	EN2					HA2	HA3		EN		HA	KAG1355228.1	Q8W575	KAG1355228.1	putative COP9 signalosome complex subunit 3 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3						DZ		KAG1355229.1	Q9ASP6	KAG1355229.1	nucleolin [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1355314.1	Q9MAQ0	KAG1355314.1	Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyloplastic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1355334.1	P31170	KAG1355334.1	putative Small heat shock protein, chloroplastic [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1358637.1	Q06327	KAG1358637.1	Lipoxygenase [Cocos nucifera]	
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1358666.1	O50008	KAG1358666.1	S-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 2 [Cocos nucifera]
	EN2								EN		KAG1358747.1	Q43386	KAG1358747.1	HMG-Y-related protein A [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		KAG1358800.1	Q8GTY0	KAG1358800.1	eukaryotic peptide chain release factor GTP-binding subunit ERF3A [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1358814.1	No hit	KAG1358814.1	activator of 90 kDa heat shock protein ATPase [Cocos nucifera]	
				DZ3						DZ		KAG1358858.1	Q9LXL5	KAG1358858.1	putative Sucrose synthase [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1358933.1	Q8LFC0	KAG1358933.1	isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3			HA	KAG1359024.1	Q9FMY5	KAG1359024.1	putative Splicing factor U2af small subunit A [Cocos nucifera]	
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ	HA	KAG1359292.1	Q9SU40	KAG1359292.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1359308.1	No hit	KAG1359308.1	L-lactate dehydrogenase A [Cocos nucifera]	
						HA2				HA	KAG1359357.1	P49209	KAG1359357.1	60S ribosomal protein L9 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1359387.1	Q9LQM3	KAG1359387.1	putative Zinc finger CCCH domain-containing protein 56 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2								EN		HA	KAG1359409.1	Q38900	KAG1359409.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-1 [Cocos nucifera]
					HA1					HA	KAG1359440.1	Q9ASS2	KAG1359440.1	protein FREE1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		KAG1359462.1	Q9CSY0	KAG1359462.1	Phospholipase D delta [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		KAG1359490.1	Q9M8R4	KAG1359490.1	protein Dj-1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1359529.1	Q9FX21	KAG1359529.1	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit STT3B [Cocos nucifera]
EN1	EN2								EN		KAG1359569.1	Q9LD43	KAG1359569.1	Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha, chloroplastic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1359597.1	Q67Y83	KAG1359597.1	putative serine carboxypeptidase-like 51 [Cocos nucifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1359629.1	Q9LZ82	KAG1359629.1	putative protein BTR1 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1359700.1	Q43291	KAG1359700.1	60S ribosomal protein L21-1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1359711.1	Q9FK55	KAG1359711.1	putative Cytochrome c1-1, heme protein, mitochondrial [Cocos nucifera]
							HA3	HA4		HA	KAG1359735.1	Q5QIT3	KAG1359735.1	Serine/threonine protein phosphatase 2A regulatory subunit B"beta [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1359742.1	Q93YV7	KAG1359742.1	hypothetical protein COCNU_08G011880 [Cocos nucifera]	
					HA2	HA3	HA4			HA	KAG1359762.1	Q67YI9	KAG1359762.1	clathrin interactor EPSIN 2 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	EN	DZ	HA	KAG1360654.1	Q84VW2	KAG1360654.1	putative 6-phosphogluconolactonase 4, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1360753.1	Q9SYT6	KAG1360753.1	putative 40S ribosomal protein S20-2 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1360773.1	P27323	KAG1360773.1	Heat shock protein 83 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1360793.1	Q5M729	KAG1360793.1	Dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase component 3 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial [Cocos nucifera]	
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	KAG1360831.1	Q9LVA0	KAG1360831.1	BAG family molecular chaperone regulator 7 [Cocos nucifera]
			DZ2							DZ		KAG1360861.1	Q9LW07	KAG1360861.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1360984.1	Q9FHW7	KAG1360984.1	SKP1-like protein 1 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3			HA	KAG1360993.1	O22467	KAG1360993.1	putative Histone-binding protein MSI1 [Cocos nucifera]	
						HA1				HA	KAG1361075.1	Q93Z87	KAG1361075.1	cat eye syndrome critical region protein 2 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1361079.1	Q9LRR4	KAG1361079.1	putative disease resistance protein RG4A [Cocos nucifera]	
						HA1				HA	KAG1361081.1	Q42344	KAG1361081.1	hypothetical protein COCNU_09G005440 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1361244.1	O04209	KAG1361244.1	clathrin light chain 2 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1361262.1	Q39043	KAG1361262.1	Luminal-binding protein 5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1361301.1	Q9SMT7	KAG1361301.1	oxalate--CoA ligase [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1361308.1	P29514	KAG1361308.1	Tubulin beta-1 chain [Cocos nucifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1361343.1	Q67Y83	KAG1361343.1	serine carboxypeptidase-like 51 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3							EN		KAG1361427.1	FAKBP5	KAG1361427.1	hypothetical protein COCNU_09G008900 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1361459.1	F4I893	KAG1361459.1	putative ABC transporter C family member 5 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1361818.1	No hit	KAG1361818.1	small nuclear ribonucleoprotein Sm D2 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1361976.1	No hit	KAG1361976.1	hypothetical protein COCNU_10G001950 [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3			HA	KAG1362018.1	Q94C12	KAG1362018.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 10-B [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3			HA	KAG1362028.1	No hit	KAG1362028.1	phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP]-like [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1362081.1	Q9FNX5	KAG1362081.1	dynamamin-related protein 1E [Cocos nucifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	KAG1362164.1	P28769	KAG1362164.1	hypothetical protein COCNU_10G003830 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1362212.1	Q39044	KAG1362212.1	Vacuolar-processing enzyme [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1362379.1	Q9LW07	KAG1362379.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]
EN1									EN		KAG1362489.1	Q39086	KAG1362489.1	putative Receptor-like serine/threonine-protein kinase SD1-7 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1362494.1	P29197	KAG1362494.1	chaperonin CPN60-2, mitochondrial [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3			HA	KAG1362586.1	No hit	KAG1362586.1	trichohyalin [Cocos nucifera]	
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1362707.1	Q9SU40	KAG1362707.1	putative L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1362709.1	P42761	KAG1362709.1	glutathione S-transferase F10 [Cocos nucifera]	
							HA3	HA4		HA	KAG1363184.1	No hit	KAG1363184.1	hypothetical protein COCNU_11G000110 [Cocos nucifera]	
					HA1					HA	KAG1363190.1	Q39224	KAG1363190.1	S-norcochloraurine synthase 1 [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1363273.1	Q9LDZ0	KAG1363273.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1363281.1	P39242	KAG1363281.1	thioredoxin reductase NTRB [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1363330.1	O49485	KAG1363330.1	putative D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic [Cocos nucifera]	
			DZ2	DZ3						DZ		KAG1363358.1	Q9FGR9	KAG1363358.1	thiol protease SEN102 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1363372.1	Q9SQI9	KAG1363372.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Cocos nucifera]
					HA1					HA	KAG1363460.1	Q9SV68	KAG1363460.1	Chloroplast envelope quinone oxidoreductase [Cocos nucifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1363464.1	No hit	KAG1363464.1	polyphenol oxidase, chloroplastic [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1363490.1	P82874	KAG1363490.1	putative Katanin p80 WD40 repeat-containing subunit B1 [Cocos nucifera]
				DZ3						DZ		KAG1363541.1	Q9FHR8	KAG1363541.1	delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, peroxis

						HA2	HA3	HA4			HA	KAG1363793.1	Q9LTT9	KAG1363793.1	enhancer of mRNA-decapping protein 4 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1363886.1	Q9M5J9	KAG1363886.1	polygalacturonase inhibitor [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1363891.1	Q9SLA8	KAG1363891.1	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] 1, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1363925.1	Q9C6D2	KAG1363925.1	methylthioribose kinase [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1363968.1	Q94BT0	KAG1363968.1	Sucrose-phosphate synthase [Cocos nucifera]
			DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	KAG1363977.1	Q9SIY3	KAG1363977.1	triphosphate tunnel metalloenzyme 3 [Cocos nucifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	KAG1364013.1	Q8W4M5	KAG1364013.1	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1364054.1	Q27GI3	KAG1364054.1	nucleobase-ascorbate transporter 6 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1364073.1	Q56YU0	KAG1364073.1	Aldehyde dehydrogenase family 2 member C4 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1364081.1	No hit	KAG1364081.1	Endo-1,3(4)-beta-glucanase 1 [Cocos nucifera]
							HA3				HA	KAG1364261.1	Q84JU4	KAG1364261.1	protein-tyrosine-phosphatase IBRS [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1364298.1	Q9S2E4	KAG1364298.1	putative Vacuolar protein sorting-associated protein 32 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1364307.1	Q8GWU0	KAG1364307.1	putative Phosphoglycolate phosphatase 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3				HA2			HA4	EN		HA	KAG1364318.1	Q38950	KAG1364318.1	serine/threonine-protein phosphatase 2A 65 kDa regulatory subunit A beta isoform [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN		HA	KAG1364338.1	No hit	KAG1364338.1	Bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1364357.1	P52901	KAG1364357.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-1, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1364371.1	Q1WIO6	KAG1364371.1	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1364388.1	Q9S9N1	KAG1364388.1	heat shock 70 kDa protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2							EN	DZ	HA	KAG1364459.1	Q9SJ83	KAG1364459.1	Plasma membrane ATPase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1364488.1	Q9SV21	KAG1364488.1	coatamer subunit beta-1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1365008.1	P0DH91	KAG1365008.1	putative ADP-ribosylation factor [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1365048.1	O80526	KAG1365048.1	ATP-citrate synthase alpha chain protein 3 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4		DZ	HA	KAG1365065.1	P29513	KAG1365065.1	beta-tubulin [Cocos nucifera]
EN1	EN2							HA3		EN		HA	KAG1365105.1	Q9SAJ4	KAG1365105.1	phosphoglycerate kinase 3, cytosolic [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1365234.1	Q9M907	KAG1365234.1	pentatricopeptide repeat-containing protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1365260.1	Q9LUM3	KAG1365260.1	subtilisin-like protease SBT1.5 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1365307.1	Q38858	KAG1365307.1	putative Calreticulin [Cocos nucifera]
EN1	EN2									EN		HA	KAG1365405.1	Q8L6V1	KAG1365405.1	putative Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3			HA	KAG1365482.1	Q3FE70	KAG1365482.1	putative sugar phosphate/phosphate translocator [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1365626.1	Q8RVW3	KAG1365626.1	Chalcone-flavonone isomerase family protein [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1365635.1	Q8RXL8	KAG1365635.1	putative UDP-xylose transporter 3 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1365644.1	Q9SRL5	KAG1365644.1	Ferritin [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1365677.1	Q9SF85	KAG1365677.1	Serine carboxypeptidase-like 27 [Cocos nucifera]
EN1	EN2									EN		HA	KAG1365678.1	P38389	KAG1365678.1	protein transport protein Sec61 subunit beta [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1365692.1	Q0WN16	KAG1365692.1	Clahtin heavy chain 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1365742.1	O23629	KAG1365742.1	Histone H2B [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1365761.1	P50699	KAG1365761.1	osmotin-like protein [Cocos nucifera]
EN1	EN2									EN		HA	KAG1365789.1	F41CK8	KAG1365789.1	putative protein IWS1 [Cocos nucifera]
							HA2				HA	KAG1365850.1	No hit	KAG1365850.1	hypothetical protein COCNU_12G008500 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3			HA	KAG1366211.1	Q9XFK7	KAG1366211.1	protein MOTHER of FT and TFL1 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366265.1	No hit	KAG1366265.1	hypothetical protein COCNU_13G000550 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1366276.1	F4IHJ0	KAG1366276.1	putative Phosphatidylinositol/phosphatidylcholine transfer protein SFH8 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366448.1	No hit	KAG1366448.1	hypothetical protein COCNU_13G002380 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1366466.1	A2RVJ8	KAG1366466.1	protein HEAT INTOLERANT 4 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1366540.1	Q9SJ22	KAG1366540.1	peroxidase 17 [Cocos nucifera]
	EN2									EN		HA	KAG1366584.1	P48348	KAG1366584.1	putative 14-3-3-like protein GF14 kappa [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	KAG1366603.1	Q0WRU2	KAG1366603.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1366691.1	Q9LEY9	KAG1366691.1	NHP2-like protein 1 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1366696.1	Q0WV25	KAG1366696.1	Tubulin alpha chain [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1366708.1	Q03250	KAG1366708.1	hypothetical protein COCNU_13G004980 [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366766.1	Q9FME2	KAG1366766.1	ras GTPase-activating protein-binding protein 1 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366777.1	Q9SD85	KAG1366777.1	flavonoid 3'-monooxygenase CYP75B3 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366793.1	Q9LF33	KAG1366793.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 5 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2							EN	DZ	HA	KAG1366855.1	Q9STX2	KAG1366855.1	3-oxo-Delta(4,5)-steroid 5-beta-reductase [Cocos nucifera]
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1366910.1	Q9FIJ3	KAG1366910.1	mitochondrial outer membrane protein porin 5 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367592.1	Q9SRH5	KAG1367592.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367613.1	Q9C827	KAG1367613.1	putative Coatamer subunit beta'-1 [Cocos nucifera]	
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1367618.1	Q9TK07	KAG1367618.1	3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 3, mitochondrial [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3			HA	KAG1367650.1	No hit	KAG1367650.1	putative CXC motif containing zinc binding protein [Cocos nucifera]	
EN1	EN2									EN		HA	KAG1367678.1	Q9FF14	KAG1367678.1	pyruvate decarboxylase 1 [Cocos nucifera]
							HA2				HA	KAG1367716.1	Q22704	KAG1367716.1	cytochrome B5-like protein [Cocos nucifera]	
						HA1		HA3			HA	KAG1367726.1	Q42479	KAG1367726.1	calcium-dependent protein kinase 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3								EN		HA	KAG1367764.1	No hit	KAG1367764.1	LysM domain containing protein [Cocos nucifera]
							HA2				HA	KAG1367797.1	O04904	KAG1367797.1	dihydroorotase, mitochondrial [Cocos nucifera]	
						HA1					HA	KAG1367807.1	P42730	KAG1367807.1	chaperone protein ClpB1 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367858.1	Q9L282	KAG1367858.1	far upstream element-binding protein 1 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367861.1	Q9LNJ3	KAG1367861.1	putative Aspartyl protease family protein 2 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367867.1	Q9SN58	KAG1367867.1	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Cocos nucifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	KAG1367966.1	Q8VZ56	KAG1367966.1	signaling mucin HKR1 [Cocos nucifera]	
							HA3				HA	KAG1367971.1	Q9ZU96	KAG1367971.1	ankyrin repeat-containing protein [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368086.1	Q9CSA9	KAG1368086.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Cocos nucifera]	
	EN2	EN3								EN		HA	KAG1368098.1	Q9MAH4	KAG1368098.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1368111.1	Q9MAK9	KAG1368111.1	26S proteasome regulatory subunit S10B [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1368123.1	Q9LV33	KAG1368123.1	beta-glucosidase 1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1368240.1	Q9M885	KAG1368240.1	40S ribosomal protein S7 [Cocos nucifera]
EN1			DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1368339.1	P42744	KAG1368339.1	NEDD8-activating enzyme E1 regulatory subunit AXR1 [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368342.1	Q9SU40	KAG1368342.1	L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]	
EN1	EN2						HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1368485.1	Q0WW26	KAG1368485.1	hypothetical protein COCNU_14G009530 [Cocos nucifera]
							HA1				HA	KAG1368580.1	Q37145	KAG1368580.1	calcium-transporting ATPase 10, plasma membrane-type [Cocos nucifera]	
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368588.1	Q9S2E7	KAG1368588.1	peroxidase 51 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1368605.1	O22287	KAG1368605.1	putative mannose-1-phosphate guanylyltransferase 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3			HA2	HA3		EN	DZ	HA	KAG1368644.1	Q96250	KAG1368644.1	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN		HA	KAG1368656.1	Q9FKC0	KAG1368656.1	60S ribosomal protein L13a-2 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3						DZ		HA	KAG1368689.1	Q9LIL4	KAG1368689.1	putative transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta3-like [Cocos nucifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368749.1	Q9LZ66	KAG1368749.1	sulfite reductase [ferredoxin], chloroplastic [Cocos nucifera]	
							HA2				HA	KAG1368759.1	Q9LMO2	KAG1368759.1	cycloartenol-C-24-methyltransferase 1 [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368793.1	P48578	KAG1368793.1	Serine/threonine-protein phosphatase PP2A catalytic subunit [Cocos nucifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	KAG1368829.1	F4J3R7	KAG1368829.1	putative Glycine-rich RNA-binding protein R21C [Cocos nucifera]	
EN1			DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1369667.1	X9LX17	KAG1369667.1	Purple acid phosphatase 18 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1369703.1	Q9T029	KAG1369703.1	putative 40S ribosomal protein S25 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	HA	KAG1369736.1	Q9CSR8	KAG1369736.1	2-Cys peroxidoreductase BAS1, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3								EN		HA	KAG1369842.1	Q8GUM0	KAG1369842.1	O-fucosyltransferase 11 [Cocos nucifera]
	EN2			DZ3						EN	DZ	HA				

	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	KAG1369939.1	Q945K7	KAG1369939.1	isocitrate dehydrogenase [NAD] catalytic subunit 5, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2			EN		HA	KAG1369945.1	Q9C5W3	KAG1369945.1	putative NAD kinase 2, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1369988.1	Q9LXD9	KAG1369988.1	Pectinesterase [Cocos nucifera]
				DZ3						DZ		KAG1370003.1	Q9FVV1	KAG1370003.1	GD5L esterase/lipase [Cocos nucifera]
					HA1						HA	KAG1370006.1	Q8L5Y6	KAG1370006.1	hypothetical protein COCNU_15G003720 [Cocos nucifera]
		EN3							EN			KAG1370081.1	Q9FPT5	KAG1370081.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2 [Cocos nucifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	KAG1370222.1	Q9LYR6	KAG1370222.1	putative protein NRT1/ PTR FAMILY 6.1 [Cocos nucifera]
					HA2		HA4				HA	KAG1370241.1	P29402	KAG1370241.1	calnexin [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3						DZ		KAG1370270.1	No hit	KAG1370270.1	desiccation-related protein PCC13-62 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1371026.1	Q04496	KAG1371026.1	basic 75 globulin [Cocos nucifera]
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		KAG1371037.1	Q9FGH9	KAG1371037.1	putative Amidase 1 [Cocos nucifera]
								HA4			HA	KAG1371076.1	Q9FNA3	KAG1371076.1	putative Alpha-N-acetylglucosaminidase [Cocos nucifera]
					HA2	HA3	HA4				HA	KAG1371083.1	Q81644	KAG1371083.1	Villin-2 [Cocos nucifera]
		EN3	DZ2	DZ3	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		KAG1371097.1	Q8L611	KAG1371097.1	protein transport protein SEC31 [Cocos nucifera]
EN2												KAG1371147.1	Q9SV50	KAG1371147.1	RNA pseudouridine synthase 6, chloroplastic [Cocos nucifera]
EN1	EN2				HA2	HA3	HA4	EN		HA		KAG1371174.1	Q8LAS8	KAG1371174.1	S-formylglutathione hydrolase [Cocos nucifera]
EN2	EN3			DZ3					EN	DZ		KAG1371203.1	Q9FKK7	KAG1371203.1	Xylose isomerase [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371249.1	Q9MA63	KAG1371249.1	Stress-related protein [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371290.1	P93033	KAG1371290.1	fumarate hydratase 1, mitochondrial [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371334.1	Q8VZF1	KAG1371334.1	acetate/butyrate-CoA ligase AAE7, peroxisomal [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1371342.1	Q9LEU8	KAG1371342.1	argininosuccinate lyase, chloroplastic [Cocos nucifera]
											HA	KAG1371379.1	Q9FLX7	KAG1371379.1	putative NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5, mitochondrial [Cocos nucifera]
					HA1	HA2					HA	KAG1371411.1	Q04499	KAG1371411.1	hypothetical protein COCNU_16G005050 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371450.1	P23686	KAG1371450.1	S-adenosylmethionine synthase [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371480.1	O81235	KAG1371480.1	putative Superoxide dismutase [Mn], mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	KAG1371522.1	Q6GKV1	KAG1371522.1	putative 40S ribosomal protein S7 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371573.1	Q9FKC0	KAG1371573.1	60S ribosomal protein L13a-4 [Cocos nucifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	KAG1371576.1	Q39033	KAG1371576.1	phosphoinositide phospholipase C 2 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1371589.1	P49206	KAG1371589.1	putative 40S ribosomal protein S26 [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3						HA4	EN		HA	KAG1371648.1	P53492	KAG1371648.1	putative Actin [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		KAG1371665.1	Q9LZ46	KAG1371665.1	histone H2A [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3	HA2	HA3	HA4		DZ	HA		KAG1371684.1	P22953	KAG1371684.1	Heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Cocos nucifera]
			DZ2	DZ3						DZ		KAG1371695.1	Q9SR22	KAG1371695.1	putative Pectin acetyltransferase [Cocos nucifera]
		EN3							EN			KAG1371701.1	Q8L6Z4	KAG1371701.1	putative 30S ribosomal protein S9, mitochondrial [Cocos nucifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		KAG1371702.1	Q9M069	KAG1371702.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]
EN1				DZ3	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		NP_001290534.1	Q39196	NP_001290534.1	probable aquaporin PIP1-2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		NP_001306839.1	O81235	NP_001306839.1	superoxide dismutase [Mn], mitochondrial-like precursor [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	O04499	O04499	O04499	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PGM1 PE=1 SV=3
			DZ2							DZ		O23207	O23207	O23207	Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g36750 PE=1 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			O49139	O49139	O49139	Putative DNA (cytosine-5)-methyltransferase CMT1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CMT1 PE=5 SV=2
EN1			DZ2						EN	DZ		O49506	O49506	O49506	Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GLO5 PE=1 SV=1
					HA2	HA3	HA4				HA	O64817	O64817	O64817	Casein kinase II subunit alpha-3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CKA3 PE=1 SV=1
EN1									EN			O80490	No hit	O80490	T12M4.13 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=T12M4.13 PE=4 SV=1
						HA3	HA4				HA	O81716	O81716	O81716	Probable protein phosphatase 2C 21 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PPC4-2 PE=1 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	O82197	O82197	O82197	Vacuolar protein sorting-associated protein 32 homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VPS32.1 PE=1 SV=1
EN1	EN2	EN3							EN			P0DKL6	P0DKL6	P0DKL6	Spliceosome-associated protein 130 B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=SAP130B PE=2 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	P19366	P19366	P19366	ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=atpB PE=1 SV=2
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	P20649	P20649	P20649	ATPase 1, plasma membrane-type OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AHA1 PE=1 SV=3
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	P22953	P22953	P22953	Heat shock 70 kDa protein 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HSP70-1 PE=1 SV=3
						HA3					HA	P22954	P22954	P22954	Heat shock 70 kDa protein 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HSP70-2 PE=1 SV=2
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	P34789	P34789	P34789	40S ribosomal protein S28-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPS28C PE=3 SV=1
EN1									EN			P38558	P38558	P38558	Tubulin gamma-2 chain OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=TUBG2 PE=1 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	P49205	P49205	P49205	40S ribosomal protein S17-1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPS17A PE=2 SV=3
						HA2	HA3				HA	P51430	P51430	P51430	40S ribosomal protein S6-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPS6B PE=1 SV=3
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		Q0WNN7	Q0WNN7	Q0WNN7	Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g30100, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At2g30100 PE=2 SV=2
						HA3	HA4				HA	Q0WSCO	Q9T041	Q0WSCO	Uncharacterized protein At4g27060 (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g27060 PE=2 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	Q0WWW3	Q93VR3	Q0WWW3	GDP-mannose 3',5'-epimerase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g28840 PE=2 SV=1
					HA1						HA	Q19EZ1	Q42484	Q19EZ1	Disease resistance protein (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g26090 PE=4 SV=1
	EN2								EN			Q38939	Q84J95	Q38939	GAS5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GAS5 PE=2 SV=1
								HA4			HA	Q39258	Q39258	Q39258	V-type proton ATPase subunit E1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VHA-E1 PE=1 SV=2
EN1									EN			Q41969	Q41969	Q41969	Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=EIF2B PE=1 SV=3
	EN2								EN			Q43279	P48491	Q43279	Triosephosphate isomerase (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=2
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	Q541W9	P53496	Q541W9	Uncharacterized protein At3g12110/T21B14_108 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g12110/T21B14_108 PE=2 SV=1
	EN2								EN			Q56XD7	No hit	Q56XD7	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1
						HA2	HA3				HA	Q5DWW1	Q9S818	Q5DWW1	Mutant protein of flavanone-3-hydroxylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g51240 PE=4 SV=1
					HA1	HA2	HA3				HA	Q5XV31	Q5XV31	Q5XV31	FRIGIDA-like protein 5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=FRIL5 PE=2 SV=1
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		Q67VY9	Q9ZTW3	Q67VY9	Putative vesicle-associated membrane protein, synaptobrevin 7B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g04740 PE=2 SV=1
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	Q683F9	Q1PF50	Q683F9	Prolyl carboxypeptidase like protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g36195 PE=1 SV=1
						HA2		HA4			HA	Q6DBP8	Q6DBP8	Q6DBP8	GATA transcription factor 11 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GATA11 PE=2 SV=1
		EN3							EN			Q8GUi7	No hit	Q8GUi7	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1

					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	Q8GY15	P29514	Q8GY15	Tubulin beta chain OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g12250/MXC9_21 PE=2 SV=1	
EN1									EN			Q8L628	No_hit	Q8L628	Uncharacterized protein At1g73240 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g73240 PE=2 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q8L7A9	Q8L7A9	Q8L7A9	AP-4 complex subunit epsilon OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g31730 PE=1 SV=1	
EN1				DZ3					EN	DZ		Q8LAR5	Q00218	Q8LAR5	Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1	
EN1		EN3							EN			Q8S307	Q8S307	Q8S307	Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=BZR1 PE=1 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q8VZB7	No_hit	Q8VZB7	Uncharacterized protein At3g57790;F1588.20 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g57790 PE=2 SV=1	
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		Q8VZG1	Q8VZG1	Q8VZG1	Diacylglycerol kinase 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=DGK3 PE=1 SV=1	
	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		Q8VZM5	Q8VZM5	Q8VZM5	CSC1-like protein At4g15430 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g15430 PE=2 SV=1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	Q8W206	Q8W206	Q8W206	COP9 signalosome complex subunit 6a OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CSN6A PE=1 SV=2	
	EN2		DZ2						EN	DZ		Q93VF1	No_hit	Q93VF1	Eukaryotic translation initiation factor 4C OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q93W23	Q9SRE5	Q93W23	At1g63720/F24D7_9 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g63720 PE=2 SV=1	
		EN3		DZ3					EN	DZ		Q940F6	P42770	Q940F6	Glutathione reductase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=T5N23.2 PE=2 SV=1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	Q945U1.1	Q9FY65	Q945U1.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S15	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	Q94JQ4	Q94JQ4	Q94JQ4	Reactive Intermediate Deaminase A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RIDA PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				EN	DZ	HA	Q9CAJ7	No_hit	Q9CAJ7	PLAC8 family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g63830 PE=1 SV=1	
		EN3	DZ2						EN	DZ		Q9FE65	Q9FE65	Q9FE65	60S ribosomal protein L34-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPL34B PE=3 SV=1	
						HA2		HA4			HA	Q9FHA7	Q9FHA7	Q9FHA7	Transcription factor HEC1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HEC1 PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		Q9FIK9	No_hit	Q9FIK9	Gb1/AAF20218.1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g48610 PE=4 SV=1	
EN1									EN			Q9FKS0	Q9FKS0	Q9FKS0	Uridine kinase-like protein 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UKL1 PE=1 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9FKT3	Q9FKT3	Q9FKT3	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 30 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UBC30 PE=1 SV=1	
	EN2								EN			Q9FL07	Q9FL07	Q9FL07	RING-H2 finger protein ATL46 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=ATL46 PE=2 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q9FLA3	Q9FLA3	Q9FLA3	Putative FBD-associated F-box protein At5g44940 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g44940 PE=4 SV=2	
EN1	EN2								EN			Q9FMH8	Q9FMH8	Q9FMH8	Probable cysteine protease RD218 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RD218 PE=1 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9FT59	Q9FVR6	Q9FT59	Uncharacterized protein AT5g10730 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g10730 PE=4 SV=1	
						HA2					HA	Q9FY65	Q9FY65	Q9FY65	40S ribosomal protein S15-3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPS15C PE=2 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9LG29	F4J7S8	Q9LG29	F14J16.8 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=4 SV=1	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	Q9LHE7	Q9LHE7	Q9LHE7	Phytochrome-associated serine/threonine-protein phosphatase 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=FYPP3 PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		Q9LUL5	Q9LUL5	Q9LUL5	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g14330 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PCMP-H57 PE=2 SV=2
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9LV33	Q9LV33	Q9LV33	Beta-glucosidase 44 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=BGLU44 PE=2 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9LZL9	No_hit	Q9LZL9	At5g02130 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=NDP1 PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	Q9M1P5	P36397	Q9M1P5	ADP-ribosylation factor A1E OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=T17J13.250 PE=1 SV=1	
						HA3	HA4				HA	Q9M2A6	No_hit	Q9M2A6	ULP_PROTEASE domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=T12K4_30 PE=3 SV=1	
		EN3		DZ3					EN	DZ		Q9M2V7	Q9M2V7	Q9M2V7	ABC transporter G family member 16 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=ABCG16 PE=2 SV=2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	Q9M3C3	Q9M3C3	Q9M3C3	60S ribosomal protein L23a-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPL23AB PE=2 SV=1	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	Q9MAT0	Q9MAT0	Q9MAT0	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 1 homolog B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPN2B PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	Q9SJI8	Q9SJI8	Q9SJI8	Multiprotein-bridging factor 1a OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=MBF1A PE=2 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q9SMV6	Q9SMV6	Q9SMV6	Protein EXPORTIN 1A OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=XPO1 PE=1 SV=1	
			DZ2	DZ3						DZ		Q9SRZ6	Q9SRZ6	Q9SRZ6	Cytosolic isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CICDH PE=1 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9SSG7	Q22287	Q9SSG7	F25A4.12 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=F25A4.12 PE=4 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9SSR9	No_hit	Q9SSR9	F6D8.11 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=F6D8.11 PE=4 SV=1	
						HA2					HA	Q9STP8	Q9STP8	Q9STP8	Acyl-CoA-binding domain-containing protein 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=ACBP2 PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q9SUW9	No_hit	Q9SUW9	Uncharacterized protein AT4g22500 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g22495 PE=4 SV=1	
EN1									EN			Q9UE12	No_hit	Q9UE12	TREMBL:Q9UE12 Type I hair keratin 1 - Homo sapiens (Human).	
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		Q9XGM1	Q9XGM1	Q9XGM1	V-type proton ATPase subunit D OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VHA-D PE=1 SV=2	
						HA3					HA	Q9ZST4	Q9ZST4	Q9ZST4	Nitrogen regulatory protein P-II homolog OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GLB1 PE=1 SV=1	
EN1	EN2	EN3							EN			Q9ZVA7	Q9ZF45	Q9ZVA7	F9K20.7 protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g78880 PE=1 SV=1	
			DZ2							DZ		Q9ZVI9	Q9ZVI9	Q9ZVI9	Ethanolamine-phosphate cytidyltransferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PECT1 PE=1 SV=1	
						HA2	HA3	HA4			HA	Q9ZW72	B9DFG5	Q9ZW72	Protein kinase superfamily protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At2g43230 PE=1 SV=2	
						HA2	HA3	HA4			HA	QEP50182.1	P19366	QEP50182.1	CF1 subunit beta (chloroplast) [Brahea decumbens]	
						HA2	HA3	HA4			HA	QEP50439.1	P56765	QEP50439.1	acetyl-CoA carboxylase subunit beta (chloroplast) [Brahea moorei]	
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		QHQ97454.1	P56765	QHQ97454.1	acetyl-CoA carboxylase carboxyltransferase beta subunit (chloroplast) [Archontophoenix alexandrae]	
				DZ3						DZ		QNH80831.1	P25819	QNH80831.1	catalase, partial [Areca catechu]	
EN1	EN2	EN3				HA2			EN		HA	QNO18153.1	O04197	QNO18153.1	coronatine-insensitive protein 1 [Cocos nucifera]	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	QRZ59916.1	O03042	QRZ59916.1	ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase large subunit (chloroplast) [Euterpe edulis]	
	EN2								EN			W8Q3K7	Q9FX32	W8Q3K7	Sucrose synthase (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT1G73370 PE=2 SV=1	
						HA2	HA3				HA	XP_008774998.2	Q8LGG8	XP_008774998.2	universal stress protein PHO534 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008775139.1	No_hit	XP_008775139.1	glycine-rich protein 23-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008775144.1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like [Phoenix dactylifera]	
							HA3	HA4			HA	XP_008775346.1	Q93VR3	XP_008775346.1	GDP-mannose 3,5-epimerase 2 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008775517.2	Q9SGC1	XP_008775517.2	phosphoglucosyltransferase, cytoplasmic 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2					HA	XP_008775595.2	Q8L7S4	XP_008775595.2	microtubule-associated protein 70-1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1				DZ3					EN	DZ		XP_008776050.2	Q8VZH2	XP_008776050.2	aminopeptidase M1-B-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008776162.2	O03986	XP_008776162.2	LOW QUALITY PROTEIN: heat shock protein 81-1 [Phoenix dactylifera]	

						HA1					HA	XP_008776221.2	Q9M2A0	XP_008776221.2	ATPase 8, plasma membrane-type-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008776234.1	Q9LV66	XP_008776234.1	uncharacterized protein At5g48480 [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_008776572.2	Q7Y228	XP_008776572.2	probable glutamate carboxypeptidase LAMP1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008776573.1	Q9ZUX4	XP_008776573.1	uncharacterized protein At2g27730, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008776621.1	O65398	XP_008776621.1	lactoylglutathione lyase [Phoenix dactylifera]
				DZ3						EN	DZ	XP_008776624.2	Q93208	XP_008776624.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ	XP_008776656.1	P22953	XP_008776656.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_008776857.1	O23255	XP_008776857.1	adenosylhomocysteinease-like [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_008776889.2	P50318	XP_008776889.2	phosphoglycerate kinase, cytosolic-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008777010.1	Q9FJD4	XP_008777010.1	importin subunit beta-1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008777326.1	Q940T5	XP_008777326.1	LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase RDUF2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008777439.2	Q9F178	XP_008777439.2	putrescine hydroxycinnamoyltransferase 1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008777552.1	O49543	XP_008777552.1	cysteine desulfurase, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008777614.1	Q06327	XP_008777614.1	linoleate 9S-lipoxygenase 6-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2		HA4			HA	XP_008777800.1	O8LSU0	XP_008777800.1	COP9 signalosome complex subunit 4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2						EN	DZ		XP_008777840.2	F4YF8	XP_008777840.2	histidine--tRNA ligase, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008777882.1	O65595	XP_008777882.1	pyruvate kinase 1, cytosolic isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1						HA	XP_008778156.2	Q94JT5	XP_008778156.2	cyclase-like protein 3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN		XP_008778307.1	Q96242	XP_008778307.1	allene oxide synthase 2-like [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008778664.1	P25696	XP_008778664.1	enolase-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008778745.1	Q56VW9	XP_008778745.1	tubulin beta-2 chain-like [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3								EN		XP_008778852.2	Q9JUR4	XP_008778852.2	dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008778981.2	Q67Y83	XP_008778981.2	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008779051.1	Q39085	XP_008779051.1	delta(24)-sterol reductase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008779100.1	P28186	XP_008779100.1	ras-related protein RABE1c-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008779115.2	Q9LIP4	XP_008779115.2	cytochrome P450 71A1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008779118.1	Q56WH4	XP_008779118.1	histone deacetylase HD22-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008779526.2	Q9LQ55	XP_008779526.2	dynamitin-2A-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_008779540.2	Q9LHD1	XP_008779540.2	putative multidrug resistance protein [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN		XP_008779774.2	O82333	XP_008779774.2	probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.8 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008780865.2	Q9SK22	XP_008780865.2	40S ribosomal protein S16-like [Phoenix dactylifera]
						HA2					HA	XP_008780982.1	Q9FNP8	XP_008780982.1	40S ribosomal protein S19-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008781146.2	Q9FGX1	XP_008781146.2	ATP-citrate synthase beta chain protein 1-like [Phoenix dactylifera]
						HA3					HA	XP_008781398.1	Q0QWEE3	XP_008781398.1	cytochrome b-c1 complex subunit 6-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008781435.2	No hit	XP_008781435.2	abscisic stress-ripening protein 5-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008781455.2	Q96520	XP_008781455.2	cationic peroxidase SPC4-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008781468.1	Q9SW09	XP_008781468.1	40S ribosomal protein S10-1-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008781481.1	Q9CA23	XP_008781481.1	ubiquitin-fold modifier 1 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN		XP_008781532.2	F4J8D3	XP_008781532.2	protein TPLATE [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008781745.1	O23654	XP_008781745.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Phoenix dactylifera]
						HA2		HA4			HA	XP_008781955.1	Q9M8D3	XP_008781955.1	probable phosphoribosylformylglycinamide synthase, chloroplastic/mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ	XP_008782032.2	Q8LG11	XP_008782032.2	protein transport protein SEC31 homolog B-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008782191.2	Q39221	XP_008782191.2	SEC12-like protein 2 [Phoenix dactylifera]
					HA1						HA	XP_008782204.2	Q9SX79	XP_008782204.2	polyadenylate-binding protein RBP47-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008782296.1	Q9ZNT0	XP_008782296.1	protein SUPPRESSOR OF K(+) TRANSPORT GROWTH DEFECT 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1										EN		XP_008782406.3	F4HRT5	XP_008782406.3	protein CROWDED NUCLEI 1-like [Phoenix dactylifera]
				DZ3						DZ		XP_008782421.1	Q9FIK7	XP_008782421.1	acetyl-CoA acetyltransferase, cytosolic 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008782554.1	P49637	XP_008782554.1	60S ribosomal protein L27a-3-like [Phoenix dactylifera]
EN1			DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008782624.3	Q9FLC0	XP_008782624.3	peroxidase 4-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008782665.2	Q9SK09	XP_008782665.2	vicillin-like seed storage protein At2g28490 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008782813.1	Q9LQI9	XP_008782813.1	oligouridylate-binding protein 18-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008782885.1	Q9M2R0	XP_008782885.1	FT-interacting protein 7-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008782902.1	O65282	XP_008782902.1	20 kDa chaperonin, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008783276.2	Q0QWRX3	XP_008783276.2	serine carboxypeptidase II-3-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008783343.2	Q8GX69	XP_008783343.2	beta-galactosidase 7-like [Phoenix dactylifera]
					HA1		HA3				HA	XP_008783366.1	P16972	XP_008783366.1	ferredoxin-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008783477.2	Q9M069	XP_008783477.2	LOW QUALITY PROTEIN: glucan endo-1,3-beta-glucosidase 7 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2		HA4	EN	DZ	HA	XP_008783561.1	Q9CAI3	XP_008783561.1	probable cinnamyl alcohol dehydrogenase 1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008783590.2	O64640	XP_008783590.2	3-O-acetyl-papaveroxine carboxylesterase XCE2-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008783757.2	Q95ZX9	XP_008783757.2	60S ribosomal protein L9 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008783917.1	Q6NMR9	XP_008783917.1	GD5L esterase/lipase At5g45920 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008783985.1	P42813	XP_008783985.1	extracellular ribonuclease LE-like [Phoenix dactylifera]
				DZ3						DZ		XP_008784006.2	No hit	XP_008784006.2	uncharacterized protein LOC103703084 [Phoenix dactylifera]
EN1					HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008784145.2	Q42351	XP_008784145.2	LOW QUALITY PROTEIN: 60S ribosomal protein L34 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_008784330.2	Q9FLF0	XP_008784330.2	40S ribosomal protein S9-2 [Phoenix dactylifera]
						HA2					HA	XP_008784412.2	Q9SUG9	XP_008784412.2	mitogen-activated protein kinase 10-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008784517.1	No hit	XP_008784517.1	uncharacterized protein YraH [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_008784530.1	P22953	XP_008784530.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008784548.4	Q9FLG1	XP_008784548.4	LOW QUALITY PROTEIN: beta-xylosidase/alpha-L-arabinofuranosidase 2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008784560.1	O23044	XP_008784560.1	peroxidase 3-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008784609.2	O80934	XP_008784609.2	uncharacterized protein At5g02240-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008784644.1	P46637	XP_008784644.1	arginase 1, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008784796.1	Q9XI05	XP_008784796.1	proteasome subunit beta type-3 [Phoenix dactylifera]
				DZ3						DZ		XP_008784914.1	P52577	XP_008784914.1	isoflavone reductase-like protein [Phoenix dactylifera]
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008784950.1	O22969	XP_008784950.1	uncharacterized protein At2g34160-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1										EN		XP_008785106.2	No hit	XP_008785106.2	stAR-related lipid transfer protein 7, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008785408.1	O24412	XP_008785408.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 7 homolog A [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3										XP_008785444.1	Q9SR77	XP_008785444.1	uncharacterized protein LOC103704070 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008785449.1	Q9ZW35	XP_008785449.1	proliferating cell nuclear antigen [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008785687.1	Q03250	XP_008785687.1	glycine-rich RNA-binding protein GRP2A [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008785766.3	A1A6H3	XP_008785766.3	ribokinase [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008785823.1	P59226	XP_008785823.1	histone H3.2 [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_008785884.2	Q8RFX1	XP_008785884.2	probable splicing factor 3A subunit 1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008786188.2	Q9C827	XP_008786188.2	coatomer subunit beta'-1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4			HA	XP_008786232.2	Q8VZF1	XP_008786232.2	acetate/butyrate--CoA ligase AAE7, peroxisomal [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4			HA	XP_008786242.1	Q9LEU8	XP_008786242.1	argininosuccinate lyase, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3								EN		XP_008786326.2	F4HQD4	XP_008786326.2	heat shock 70 kDa protein 15-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008786531.2	O65595	XP_008786531.2	pyruvate kinase 1, cytosolic-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_008786670.2	P25857	XP_008786670.2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
					HA1						HA	XP_008786687.1	Q8LP08	XP_008786687.1	monosaccharide-sensing protein 2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3											

						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008787043.2	No hit	XP_008787043.2	aminoacylase-1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1						HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008787088.1	Q9X91	XP_008787088.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-2-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008787238.1	Q82399	XP_008787238.1	malate dehydrogenase, glyoxysomal [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008787242.1	Q9LXC9	XP_008787242.1	soluble inorganic pyrophosphatase 6, chloroplastic-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008787289.1	Q9C9C5	XP_008787289.1	60S ribosomal protein L6-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008787429.2	Q9FF86	XP_008787429.2	LOW QUALITY PROTEIN: BAHD acyltransferase DCR [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008787570.1	Q65396	XP_008787570.1	aminomethyltransferase, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
				DZ3							DZ		XP_008787931.1	Q8GVE8	XP_008787931.1	phosphoenolpyruvate carboxylase 4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008787944.2	Q9G251	XP_008787944.2	ATP synthase subunit O, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
				DZ3							DZ		XP_008787982.1	Q9SR72	XP_008787982.1	germin-like protein 2-4 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008788019.1	Q80585	XP_008788019.1	methylenetetrahydrofolate reductase 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ		HA	XP_008788050.2	Q9FMR9	XP_008788050.2	ruvB-like protein 1 [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008788110.1	Q39258	XP_008788110.1	V-type proton ATPase subunit E-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008788245.3	Q85340	XP_008788245.3	purple acid phosphatase 22-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008788259.1	Q8L756	XP_008788259.1	beta-hexosaminidase 3 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA3						HA	XP_008788360.2	Q8H1H9	XP_008788360.2	LOW QUALITY PROTEIN: primary amine oxidase-like [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008788434.1	Q9M888	XP_008788434.1	T-complex protein 1 subunit zeta 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008788526.1	P93026	XP_008788526.1	vacuolar-sorting receptor 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN			XP_008788546.1	Q9FWA3	XP_008788546.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008788592.1	Q8W4L0	XP_008788592.1	calcium-binding protein CBP-like [Phoenix dactylifera]
												HA	XP_008788681.1	Q9M9M9	XP_008788681.1	probable NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 12 [Phoenix dactylifera]
EN1										EN			XP_008788729.2	Q9FK25	XP_008788729.2	tricin 3',4',5'-O-trimethyltransferase [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008788846.1	P42731	XP_008788846.1	polyadenylate-binding protein 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3		DZ3						EN	DZ		XP_008788865.1	F4HTM3	XP_008788865.1	mannosyl-oligosaccharide glucosidase GCS1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN			XP_008789313.1	Q9SIZ2	XP_008789313.1	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha homolog [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008789433.2	No hit	XP_008789433.2	fibrous sheath CABYR-binding protein-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		XP_008789499.2	O81742	XP_008789499.2	beta-adaptin-like protein C [Phoenix dactylifera]
						HA2						HA	XP_008789524.1	Q23016	XP_008789524.1	probable voltage-gated potassium channel subunit beta [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008789558.2	P21238	XP_008789558.2	ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha-like [Phoenix dactylifera]
	EN2									EN			XP_008789602.2	Q8GXL7	XP_008789602.2	GATA transcription factor 17-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008789873.1	P31265	XP_008789873.1	translationally-controlled tumor protein homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008789891.1	Q9LMMU	XP_008789891.1	probable GDP-L-fucose synthase 1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008789932.1	Q9LZ19	XP_008789932.1	glutathione S-transferase 3 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3					HA	XP_008789991.1	Q9CSM0	XP_008789991.1	mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC [Phoenix dactylifera]
												HA	XP_008790008.2	Q9FLC0	XP_008790008.2	peroxidase P7-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008790025.3	Q04469	XP_008790025.3	enoyl-CoA delta isomerase 1, peroxisomal [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008790089.1	Q9X191	XP_008790089.1	eukaryotic translation initiation factor 5A-2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008790115.3	Q8L831	XP_008790115.3	nudix hydrolase 3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008790218.2	Q9SRG3	XP_008790218.2	protein disulfide-isomerase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2			DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008790734.2	Q93ZV7	XP_008790734.2	la protein 1-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3											XP_008790846.1	P0DM58	XP_008790846.1	DIS3-like exonuclease 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ		HA	XP_008790895.2	Q9ZPE7	XP_008790895.2	protein PHOSPHATE-INDUCED 1 homolog [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3								EN			XP_008790943.1	O81644	XP_008790943.1	villin-2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008790977.1	No hit	XP_008790977.1	stem-specific protein TSJ1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA		XP_008791035.2	Q8LPJ3	XP_008791035.2	alpha-mannosidase At3g26720 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN			XP_008791179.2	No hit	XP_008791179.2	uncharacterized protein LOC103708159 [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2								DZ		XP_008791269.2	Q8VYJ2	XP_008791269.2	AT-hook motif nuclear-localized protein 1-like [Phoenix dactylifera]
	EN2									EN			XP_008791289.2	Q9FQ09	XP_008791289.2	ATP-dependent DNA helicase 2 subunit KU80 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008791425.2	Q9T0A0	XP_008791425.2	long chain acyl-CoA synthetase 4-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008791501.1	No hit	XP_008791501.1	protein transport protein SEC23-like [Phoenix dactylifera]
EN1						HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008791533.1	Q9FF55	XP_008791533.1	protein disulfide isomerase-like 1-4 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008791576.2	Q9LZG0	XP_008791576.2	adenosine kinase 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN			XP_008791765.1	Q94AF2	XP_008791765.1	ATP-dependent (S)-NAD(P)H-hydrate dehydrogenase [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008791820.2	P17745	XP_008791820.2	eukaryotic translation initiation factor 2 subunit 3-like [Phoenix dactylifera]
						HA1		HA3				HA	XP_008791880.2	Q9SYM5	XP_008791880.2	trifunctional UDP-glucose 4,6-dehydrogenase/UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/UDP-4-keto-L-rhamnose-reductase RHM1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008791961.1	Q96324	XP_008791961.1	glutathione S-transferase F11-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008791985.2	Q9LZT4	XP_008791985.2	expansin-like A2 [Phoenix dactylifera]
				DZ3							DZ		XP_008792036.2	Q38882	XP_008792036.2	phospholipase D alpha 1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008792112.1	Q9CSU3	XP_008792112.1	26S proteasome regulatory subunit 8 homolog A-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008792409.2	Q9SU50	XP_008792409.2	endoglucaanse-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008792597.1	Q957T8	XP_008792597.1	serpin-ZXA-like [Phoenix dactylifera]
												HA	XP_008792725.1	Q42290	XP_008792725.1	probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_008792767.2	No hit	XP_008792767.2	uncharacterized protein LOC103709275 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3					HA	XP_008792869.2	Q9LVJ1	XP_008792869.2	subtilisin-like protease SBT1.4 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4				HA	XP_008792944.2	Q9FJL3	XP_008792944.2	70 kDa peptidyl-prolyl isomerase-like [Phoenix dactylifera]
						HA1						HA	XP_008792950.1	Q9FIF3	XP_008792950.1	40S ribosomal protein S8 [Phoenix dactylifera]
						HA2						HA	XP_008793066.1	Q96329	XP_008793066.1	acyl-coenzyme A oxidase 4, peroxisomal [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		XP_008793157.2	Q9NS58	XP_008793157.2	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_008793417.1	Q23237	XP_008793417.1	peroxidase 5-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008793600.3	Q9SVG5	XP_008793600.3	berberine bridge enzyme-like 18 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ		HA	XP_008793645.2	F4JLM5	XP_008793645.2	isoleucine--tRNA ligase, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008793726.2	Q9FT97	XP_008793726.2	uncharacterized protein LOC103709952 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008793820.2	A4G5N8	XP_008793820.2	nuclear-pore anchor isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA1						HA	XP_008793834.1	No hit	XP_008793834.1	uncharacterized protein LOC103710034 [Phoenix dactylifera]
		EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008793866.2	Q8S528	XP_008793866.2	aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
						HA1						HA	XP_008794112.1	Q38850	XP_008794112.1	transcription repressor MYB5-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008794202.1	O80834	XP_008794202.1	AT-hook motif nuclear-localized protein 9-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		XP_008794482.2	Q93VD3	XP_008794482.2	uncharacterized protein LOC103710517 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008794526.2	Q9SVY0	XP_008794526.2	LOW QUALITY PROTEIN: annexin D1-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2					HA	XP_008794641.2	Q9FN82	XP_008794641.2	uncharacterized protein LOC103710607 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008794645.1	Q23264	XP_008794645.1	selenium-binding protein 1 [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3							DZ		XP_008794647.1	Q23255	XP_008794647.1	adenosylhomocysteine-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008794735.2	P55228	XP_008794735.2	glucose-1-phosphate adenylyltransferase small subunit, chloroplastic/amyloplastic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_008794744.2	Q94A08	XP_008794744.2	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_008794777.2	Q9LW07	XP_008794777.2	probable polygalacturonase isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008795195.2	Q9SE96	XP_008795195.2	GEM-like protein 1 [Phoenix dactylifera]
								HA3	HA4			HA	XP_008795267.2	Q8L5Y6	XP_008795267.2	cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_008795325.2	Q		

						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008795765.2	Q8RWZ3	XP_008795765.2	probable acyl-CoA dehydrogenase IBR3 [Phoenix dactylifera]	
							HA3				HA	XP_008795768.2	Q81301	XP_008795768.2	pectinesterase-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	XP_008795819.2	No hit	XP_008795819.2	acanthoscurrin-2-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008795866.1	Q9ASR1	XP_008795866.1	elongation factor 2 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_008795890.1	Q93XX5	XP_008795890.1	PI-PLC X domain-containing protein At5g67130-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	XP_008795896.1	P42731	XP_008795896.1	polyadenylate-binding protein 2-like [Phoenix dactylifera]	
											DZ	XP_008796041.2	Q9FLX9	XP_008796041.2	angio-associated migratory cell protein isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
		EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008796062.2	P42770	XP_008796062.2	glutathione reductase, chloroplastic [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008796120.2	Q22812	XP_008796120.2	AT-hook motif nuclear-localized protein 10-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008796163.1	Q8LA58	XP_008796163.1	5-formylglutathione hydrolase [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796200.1	Q9C9K3	XP_008796200.1	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796227.1	Q9FKK7	XP_008796227.1	xylose isomerase isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008796259.2	Q39242	XP_008796259.2	LOW QUALITY PROTEIN: thioredoxin reductase NTRB-like [Phoenix dactylifera]	
			DZ2								DZ	XP_008796283.2	Q9SRQ7	XP_008796283.2	non-specific phospholipase C4-like [Phoenix dactylifera]	
		EN3									EN	XP_008796301.1	Q8VZJ2	XP_008796301.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008796414.2	Q9SLV5	XP_008796414.2	pentatricopeptide repeat-containing protein At4g38150-like [Phoenix dactylifera]	
EN2			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008796470.2	P43297	XP_008796470.2	oryzain alpha chain-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796571.2	Q0WRJ2	XP_008796571.2	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase FabG isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796582.2	No hit	XP_008796582.2	CCR4-NOT transcription complex subunit 3-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008796686.2	Q8LAD2	XP_008796686.2	LOW QUALITY PROTEIN: succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit alpha, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
			DZ2								DZ	XP_008796726.2	Q9LXA8	XP_008796726.2	probable beta-D-xylosidase 6 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796727.1	Q39043	XP_008796727.1	luminal-binding protein 5 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008796751.2	Q8L7K9	XP_008796751.2	NAD-dependent malic enzyme 59 kDa isoform, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008796836.2	Q8H183	XP_008796836.2	beta-ureidopropionase [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008796927.2	Q8VYJ7	XP_008796927.2	chaperone protein ClpB3, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	XP_008797087.2	Q8VZG7	XP_008797087.2	ribonuclease TUDOR 1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008797204.2	Q94BR1	XP_008797204.2	LOW QUALITY PROTEIN: MA3 DOMAIN-CONTAINING TRANSLATION REGULATORY FACTOR 1-like [Phoenix dactylifera]	
EN2			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008797336.1	P47998	XP_008797336.1	cysteine synthase [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_008797343.2	Q9LJ97	XP_008797343.2	late embryogenesis abundant protein D-34-like [Phoenix dactylifera]
				DZ3							DZ	XP_008797599.2	Q9SRU2	XP_008797599.2	auxin transport protein BIG [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008797647.1	Q8RUf8	XP_008797647.1	omega-amidase, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008797746.1	Q8W034	XP_008797746.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008797857.1	Q9CGG4	XP_008797857.1	endonuclease 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1											EN	XP_008797870.1	Q9LFN6	XP_008797870.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008797909.1	Q9FI66	XP_008797909.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog A isoform X2 [Phoenix dactylifera]	
EN1			DZ2								EN	DZ	XP_008797977.1	No hit	XP_008797977.1	uncharacterized protein LOC103713005 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008798085.1	Q42521	XP_008798085.1	glutamate decarboxylase 1-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008798121.2	No hit	XP_008798121.2	uncharacterized protein LOC103713104 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008798136.1	Q9C511	XP_008798136.1	UDP-sugar pyrophosphorylase [Phoenix dactylifera]
				DZ3							DZ	XP_008798162.1	Q23461	XP_008798162.1	LOW QUALITY PROTEIN: L-arabinokinase-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008798178.1	COLGU0	XP_008798178.1	pollen receptor-like kinase 1 [Phoenix dactylifera]
EN2			DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008798222.2	Q9SU40	XP_008798222.2	L-ascorbate oxidase homolog [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008798256.2	No hit	XP_008798256.2	putative 3,4-dihydroxy-2-butanone kinase [Phoenix dactylifera]	
											HA	XP_008798308.2	Q9SEZ1	XP_008798308.2	probable 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase-like 3, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008798369.1	No hit	XP_008798369.1	uncharacterized protein LOC103713277 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008798491.3	Q9S726	XP_008798491.3	probable ribose-5-phosphate isomerase 3, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008798680.2	Q2MH64	XP_008798680.2	mitogen-activated protein kinase kinase kinase 7-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008798710.1	No hit	XP_008798710.1	uncharacterized protein LOC103713526 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3									EN	XP_008798757.2	F4IQK5	XP_008798757.2	vicilin-like seed storage protein At2g18540 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN2							HA3	HA4			EN	HA	XP_008798874.2	P54968	XP_008798874.2	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3									EN	XP_008798952.1	Q9ZW34	XP_008798952.1	cytosolic enolase 3 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008799179.1	Q67252	XP_008799179.1	tubulin-folding cofactor B [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_008799249.1	Q82628	XP_008799249.1	V-type proton ATPase subunit G [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008799400.1	Q9M263	XP_008799400.1	germin-like protein 5-1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3									EN	XP_008799405.2	Q8LE10	XP_008799405.2	putative HVA22-like protein g isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3									EN	XP_008799414.1	Q9SKP6	XP_008799414.1	triosephosphate isomerase, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
EN2	EN3	DZ2	DZ3								EN	DZ	XP_008799698.2	Q9SJ52	XP_008799698.2	NDRI/HIN1-like protein 10 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008799765.1	Q9ZU25	XP_008799765.1	mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008799938.3	Q9SJQ9	XP_008799938.3	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008800005.2	Q94B60	XP_008800005.2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 4, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008800183.2	Q9LNU1	XP_008800183.2	CO(2)-response secreted protease-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008800188.1	Q9SZD4	XP_008800188.1	26S proteasome regulatory subunit 4 homolog A-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008800262.2	F4JZ70	XP_008800262.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3							DZ	XP_008800414.1	No hit	XP_008800414.1	uncharacterized protein LOC103714784 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008800430.2	P26587	XP_008800430.2	aquaporin TIP3-1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							DZ	HA	XP_008800438.1	Q8RX86	XP_008800438.1	alpha-galactosidase [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_008800479.1	Q81149	XP_008800479.1	proteasome subunit alpha type-5 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008800482.2	Q49006	XP_008800482.2	pectinesterase-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008800539.2	Q9LZFE	XP_008800539.2	cell division cycle protein 48 homolog [Phoenix dactylifera]	
EN1			DZ2								EN	DZ	XP_008800567.1	Q23016	XP_008800567.1	probable voltage-gated potassium channel subunit beta [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA3	HA4			HA	XP_008800699.2	Q65390	XP_008800699.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008800821.1	P31265	XP_008800821.1	translationally-controlled tumor protein homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_008800859.2	Q9C6I6	XP_008800859.2	electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008800876.1	Q84WV1	XP_008800876.1	T-complex protein 1 subunit gamma-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4			EN	DZ	XP_008800924.2	Q9LF46	XP_008800924.2	2-hydroxyacyl-CoA lyase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008800947.1	Q9FX54	XP_008800947.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic-like [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_008801119.1	Q8H107	XP_008801119.1	dihydrolipoylysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex 1, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008801137.2	Q9SQI8	XP_008801137.2	dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2										EN	XP_008801153.1	Q84L30	XP_008801153.1	ubiquitin receptor RAD23d-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_008801172.2	Q43735	XP_008801172.2	peroxidase 1-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008801219.1	P25818	XP_008801219.1	probable aquaporin TIP1-1 [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008801250.1	O81270	XP_008801250.1	peroxygenase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008801355.2	No hit	XP_008801355.2	uncharacterized protein LOC103715493 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008801441.2	Q9M084	XP_008801441.2	aspartate-tRNA ligase 2, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
						HA1		HA3	HA4		HA	XP_008801902.2	P31414	XP_008801902.2	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008802055.2	Q8L817	XP_008802055.2	alpha carbonic anhydrase 7-like [Phoenix dactylifera]
			DZ2								DZ	XP_008802257.2	Q67ZU1	XP_008802257.2	triacylglycerol lipase 2 [Phoenix dactylifera]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3							EN	DZ	XP_008802642.2	Q9FNA3	XP_008802642.2	alpha-N-acetylglucosaminidase [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008802734.1	Q9M069	XP_008802734.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Phoenix dactylifera]	

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008802786.2	Q859J2	XP_008802786.2	tyrosine--tRNA ligase 1, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]	
	EN2				HA1			HA4	EN		HA	XP_008802787.2	Q94A40	XP_008802787.2	coatamer subunit alpha-1 [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3						DZ	HA	XP_008802813.2	No hit	XP_008802813.2	CCR4-NOT transcription complex subunit 1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3				HA	XP_008802826.2	No hit	XP_008802826.2	ER membrane protein complex subunit 1 [Phoenix dactylifera]	
					HA1			HA4			HA	XP_008802868.2	Q9ASP6	XP_008802868.2	nucleolin-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_008803016.1	No hit	XP_008803016.1	uncharacterized protein LOC103716691 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008803056.1	A1A6K6	XP_008803056.1	RNA-binding protein 1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008803215.2	P28297	XP_008803215.2	isocitrate lyase [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008803271.1	Q9LV28	XP_008803271.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008803347.3	Q04496	XP_008803347.3	aspartyl protease AED3-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_008803383.2	Q9LXK7	XP_008803383.2	pectinesterase/pectinesterase inhibitor PPEB8 [Phoenix dactylifera]	
					HA1		HA3	HA4			HA	XP_008803401.2	Q9SYG1	XP_008803401.2	17.4 kDa class III heat shock protein [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3			HA	XP_008803480.1	Q9ZU93	XP_008803480.1	plant UBX domain-containing protein 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3			HA	XP_008803545.2	Q95MM9	XP_008803545.2	LOW QUALITY PROTEIN: probable carboxylesterase 5 [Phoenix dactylifera]		
							HA3			HA	XP_008803674.2	P06525	XP_008803674.2	alcohol dehydrogenase [Phoenix dactylifera]		
						HA2				HA	XP_008803686.1	O23255	XP_008803686.1	adenosylhomocysteinase [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008803806.1	No hit	XP_008803806.1	TATA-binding protein-associated factor 2N-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_008803816.2	Q9SIE7	XP_008803816.2	PLAT domain-containing protein 3-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008804082.1	Q9LZH9	XP_008804082.1	60S ribosomal protein L7a-2-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_008804086.1	Q9FFED	XP_008804086.1	putative 4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2				HA	XP_008804103.2	Q9LMK2	XP_008804103.2	protein LIGHT-DEPENDENT SHORT HYPOCOTYL5 5 [Phoenix dactylifera]		
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008804135.2	No hit	XP_008804135.2	malonyl CoA-acyl carrier protein transacylase [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008804304.2	Q9SIB9	XP_008804304.2	putative aconitate hydratase, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		HA	XP_008804431.2	Q6X8FH	XP_008804431.2	aspartic proteinase nepenthesin-1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_008804619.2	P42730	XP_008804619.2	chaperone protein ClpB1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008804639.1	O04499	XP_008804639.1	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008804692.2	Q9SHG6	XP_008804692.2	septin and tuftelin-interacting protein 1 homolog 1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008804765.1	Q9LX90	XP_008804765.1	polyadenylate-binding protein 2-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008804781.1	Q01525	XP_008804781.1	14-3-3 protein 6 [Phoenix dactylifera]		
					HA1	HA2				HA	XP_008804788.2	Q9SFC7	XP_008804788.2	F-box/kelch-repeat protein At3g23880-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_008804801.1	P57751	XP_008804801.1	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3			HA	XP_008804885.2	No hit	XP_008804885.2	pectinesterase inhibitor 12-like [Phoenix dactylifera]		
EN1									EN		HA	XP_008804920.2	Q9FN42	XP_008804920.2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit [Phoenix dactylifera]	
				DZ3	HA1					DZ	HA	XP_008805061.1	No hit	XP_008805061.1	UPF0098 protein Cpn_0877/CP_0992/CP10877/CPb0906 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3			HA	XP_008805101.2	Q9NM40	XP_008805101.2	pyruvate decarboxylase 1-like [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008805106.1	Q9SGA6	XP_008805106.1	40S ribosomal protein S19-2-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008805151.2	Q0WNJ6	XP_008805151.2	clathrin heavy chain 1 [Phoenix dactylifera]	
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_00880519.2	No hit	XP_00880519.2	uncharacterized protein LOC103718460 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008805595.2	Q94CF0	XP_008805595.2	EH domain-containing protein 1-like [Phoenix dactylifera]		
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008805677.1	Q9FXJ3	XP_008805677.1	mitochondrial outer membrane protein porin 5-like [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3			HA	XP_008805785.1	Q9C718	XP_008805785.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 20 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008805817.3	Q9FJZ3	XP_008805817.3	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008805818.3	Q9FJZ3	XP_008805818.3	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008805886.2	O82647	XP_008805886.2	pyruvate decarboxylase 1 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008806009.2	Q9SN86	XP_008806009.2	malate dehydrogenase, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008806302.2	Q9XIO5	XP_008806302.2	proteasome subunit beta type-3 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008806381.2	P38025	XP_008806381.2	phosphoribosylaminoimidazole-succinocarboxamide synthase, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008806431.1	BD9D20	XP_008806431.1	squamosa promoter-binding-like protein 16 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008806792.1	P49689	XP_008806792.1	40S ribosomal protein S30 [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_008806892.2	O8H0Y1	XP_008806892.2	outer envelope pore protein 24B, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2		HA4		HA	XP_008806985.1	Q9T0G2	XP_008806985.1	cytochrome c isoform X1 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2								EN	DZ		XP_008807135.1	No hit	XP_008807135.1	prostaglandin E synthase 2 [Phoenix dactylifera]	
EN1									EN		HA	XP_008807279.2	F4J144	XP_008807279.2	nodulin homeobox-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3			HA	XP_008807825.2	Q94A41	XP_008807825.2	uncharacterized protein LOC103720069 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3			HA	XP_008807839.1	P29402	XP_008807839.1	calnexin homolog [Phoenix dactylifera]		
						HA3	HA4			HA	XP_008807997.2	Q93ZM7	XP_008807997.2	chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial isoform X1 [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008808014.1	No hit	XP_008808014.1	uncharacterized protein LOC103720192 [Phoenix dactylifera]		
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008808183.2	Q9SGZ5	XP_008808183.2	probable beta-D-xylosidase 7 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008808269.1	Q94JX9	XP_008808269.1	nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 4 [Phoenix dactylifera]		
							HA3	HA4		HA	XP_008808923.2	P29830	XP_008808923.2	17.1 kDa class II heat shock protein-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008808926.2	Q8VZH2	XP_008808926.2	aminopeptidase M1-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008808936.2	Q9SYU9	XP_008808936.2	mitogen-activated protein kinase kinase 2-like [Phoenix dactylifera]		
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_008809027.1	P53492	XP_008809027.1	actin-2 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3							EN		HA	XP_008809196.2	Q9LD55	XP_008809196.2	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008809212.1	Q9ZNT0	XP_008809212.1	ATPase family AAA domain-containing protein 3-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3							EN		HA	XP_008809255.2	Q9SRO5	XP_008809255.2	receptor-like protein kinase ANXUR1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008809264.1	No hit	XP_008809264.1	huntingtin-interacting protein K-like [Phoenix dactylifera]		
						HA2				HA	XP_008809328.1	No hit	XP_008809328.1	transcription factor asR4 [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008809402.2	Q9SKU1	XP_008809402.2	clathrin light chain 2-like [Phoenix dactylifera]		
						HA1				HA	XP_008809520.2	O64495	XP_008809520.2	subtilisin-like protease 4 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008809587.3	No hit	XP_008809587.3	putative oxidoreductase TDA3 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008809644.1	Q9FIF3	XP_008809644.1	40S ribosomal protein S3 [Phoenix dactylifera]		
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008809953.3	No hit	XP_008809953.3	polyphenol oxidase, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008810026.2	Q9C820	XP_008810026.2	ras-related protein Rab7-like [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008810138.2	Q9SQR3	XP_008810138.2	strigolactone esterase D14 [Phoenix dactylifera]		
				DZ2	DZ3					DZ		XP_008810151.1	Q8L7A9	XP_008810151.1	AP-4 complex subunit epsilon [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_008810195.2	Q9LW07	XP_008810195.2	probable polygalacturonase isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3			HA	XP_008810214.2	Q9ZPI5	XP_008810214.2	glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein MFP-a [Phoenix dactylifera]		
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008810245.1	Q9LSO5	XP_008810245.1	NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like [Phoenix dactylifera]	
			DZ3							DZ		XP_008810759.3	Q8S9J6	XP_008810759.3	probable aspartyl proteinase GI2 [Phoenix dactylifera]	
					HA1	HA2	HA3			HA	XP_008810783.2	Q38796	XP_008810783.2	homeobox protein LUMINDEPENDENS-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3							EN		HA	XP_008810848.2	Q9SC24	XP_008810848.2	receptor-like protein kinase FERONIA [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008811018.2	Q8H103	XP_008811018.2	glucose-6-phosphate isomerase 1, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008811147.1	O03986	XP_008811147.1	heat shock protein 81-1-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2		DZ3			HA2	HA3			EN	DZ	HA	XP_008811353.1	Q9LT08	XP_008811353.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_008811582.2	No hit	XP_008811582.2	uncharacterized protein LOC103722708 isoform X2 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008811605.2	Q9LV21	XP_008811605.2	T-complex protein 1 subunit delta [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008811659.2	Q4Z262	XP_008811659.2	40S ribosomal protein S3a-like [Phoenix dactylifera]	
				DZ3						DZ		XP_008811753.2	Q8VJZ2	XP_008811753.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008811774.1	Q9LHG9	XP_008811774.1	nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 1 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2								EN			XP_008812231.1	Q9S861	XP_008812231.1	zinc-finger homeodomain protein 2-like [Phoenix dactylifera]	
						HA2				HA	XP_008812246.1	Q8VX29	XP_008812246.1	polyadenylate-binding protein RBP47B [Phoenix dactylifera]		
	</															

EN1	EN2		DZ2					EN	DZ		XP_008812470.2	P43298	XP_008812470.2	receptor protein kinase TMK1-like [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4		HA	XP_008812531.1	Q9LXT9	XP_008812531.1	callose synthase 3-like [Phoenix dactylifera]		
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008812583.2	P26569	XP_008812583.2	histone H1-like [Phoenix dactylifera]		
									EN	DZ	XP_008812731.1	Q9LNC5	XP_008812731.1	110 kDa U5 small nuclear ribonucleoprotein component CLO-like [Phoenix dactylifera]		
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_008812821.2	Q9FNX5	XP_008812821.2	dynamitin-related protein 1E [Phoenix dactylifera]		
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008812989.2	No hit	XP_008812989.2	aspartate-semialdehyde dehydrogenase-like [Phoenix dactylifera]	
EN1				DZ3					EN	DZ	XP_008813087.2	Q8H0U4	XP_008813087.2	importin-5 [Phoenix dactylifera]		
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_008813151.2	Q9LJE4	XP_008813151.2	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_008813284.3	Q93Y22	XP_008813284.3	coatamer subunit delta-2-like [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3				HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_008813512.1	P35131	XP_008813512.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2 28-like [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA4	EN		HA	XP_008813526.1	Q84M96	XP_008813526.1	probable aldo-keto reductase 1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA4		HA	XP_008813527.2	O22707	XP_008813527.2	perakine reductase-like [Phoenix dactylifera]		
							HA3	HA4		HA	XP_008813566.2	Q9FZ86	XP_008813566.2	leucine-rich repeat extensin-like protein 3 [Phoenix dactylifera]		
						HA1	HA2	HA3		HA	XP_008813683.2	Q9SGD6	XP_008813683.2	arogenate dehydratase 1-like [Phoenix dactylifera]		
							HA2	HA4		HA	XP_010904647.1	P94077	XP_010904647.1	protein LCL3 isoform X1 [Elaeis guineensis]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010904747.1	Q8VZ19	XP_010904747.1	60S ribosomal protein L30 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010905079.1	F4IQK5	XP_010905079.1	vicilin-like seed storage protein At2g18540 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010905104.2	Q04980	XP_010905104.2	low-temperature-induced 65 kDa protein [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010905156.1	Q9FJL3	XP_010905156.1	70 kDa peptidyl-prolyl isomerase [Elaeis guineensis]	
	EN2									EN		XP_010905189.1	Q9SH69	XP_010905189.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010905194.1	O49499	XP_010905194.1	norbelladine 4'-O-methyltransferase isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA3	HA4		HA	XP_010905215.1	Q9LUW0	XP_010905215.1	probable linoleate 9S-lipoxygenase 4 [Elaeis guineensis]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010905224.1	F4JFN3	XP_010905224.1	heat shock protein 90-6, mitochondrial [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_010905235.1	P31168	XP_010905235.1	dehydrin DHN1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010905239.2	Q84P21	XP_010905239.2	LOW QUALITY PROTEIN: 4-coumarate--CoA ligase-like 4 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010905373.2	P29516	XP_010905373.2	tubulin beta-2 chain [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010905945.1	O80678	XP_010905945.1	UBP1-associated protein 2B [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2									EN		XP_010906017.1	Q0WRX3	XP_010906017.1	serine carboxypeptidase II-3 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906084.1	Q9SGE9	XP_010906084.1	phenylalanine--tRNA ligase beta subunit, cytoplasmic isoform X1 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906118.1	P49688	XP_010906118.1	40S ribosomal protein S2-2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010906123.1	P50700	XP_010906123.1	thaumatin-like protein 1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906169.1	Q06915	XP_010906169.1	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010906171.1	O23264	XP_010906171.1	selenium-binding protein 1 [Elaeis guineensis]	
	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906172.1	Q9SV68	XP_010906172.1	chloroplast envelope quinone oxidoreductase homolog [Elaeis guineensis]	
				DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	XP_010906200.1	No hit	XP_010906200.1	protein DEK isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906276.1	Q9SZE7	XP_010906276.1	peroxidase 51 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_010906314.1	Q4Z586	XP_010906314.1	uridine 5'-monophosphate synthase isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2									EN		XP_010906318.1	Q9MOV3	XP_010906318.1	DNA damage-binding protein 1a [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010906324.2	P43298	XP_010906324.2	receptor protein kinase TMK1-like [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_010906367.1	O22607	XP_010906367.1	WD-40 repeat-containing protein MS14 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906369.2	Q9SGV5	XP_010906369.2	berberine bridge enzyme-like 18 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3								EN		XP_010906556.1	P42731	XP_010906556.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010906615.1	Q9LVA0	XP_010906615.1	BAG family molecular chaperone regulator 7 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010906622.1	Q9SU40	XP_010906622.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_010906670.1	Q8S9J6	XP_010906670.1	aspartyl protease family protein AT5g10770 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010906790.2	Q9T043	XP_010906790.2	uncharacterized protein LOC105033615 [Elaeis guineensis]	
		EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010906804.1	Q8GUL2	XP_010906804.1	transportin MOS14 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_010906898.1	O81148	XP_010906898.1	proteasome subunit alpha type-4 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3			HA	XP_010907063.1	Q8L773	XP_010907063.1	THO complex subunit 4A isoform X2 [Elaeis guineensis]	
							HA2				HA	XP_010907071.1	Q9ZV36	XP_010907071.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6 [Elaeis guineensis]	
								HA4			HA	XP_010907081.1	Q0WQF4	XP_010907081.1	vacuolar protein sorting-associated protein 53 A [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010907148.1	Q948T9	XP_010907148.1	copper transport protein ATX1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3		EN	DZ	HA	XP_010907175.1	Q93ZN9	XP_010907175.1	probable LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010907269.1	Q38882	XP_010907269.1	phospholipase D alpha 1 [Elaeis guineensis]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010907406.1	F4J9I7	XP_010907406.1	RNA-binding protein Y14A [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010907619.3	Q9S1J2	XP_010907619.3	probable ATP synthase 24 kDa subunit, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010907658.1	Q9FJ95	XP_010907658.1	sorbitol dehydrogenase [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010907797.1	Q9FN08	XP_010907797.1	beta-galactosidase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010907826.1	Q8VYK6	XP_010907826.1	40S ribosomal protein S4-3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010907928.1	P25696	XP_010907928.1	enolase [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3								EN		XP_010908000.1	O49841	XP_010908000.1	ras-related protein RABC2a [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010908010.1	F4I116	XP_010908010.1	leucine--tRNA ligase, cytoplasmic [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010908064.1	No hit	XP_010908064.1	protein transport protein SEC23 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3			HA	XP_010908072.2	Q9T074	XP_010908072.2	LOW QUALITY PROTEIN: phosphoenolpyruvate carboxykinase (ATP)-like [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010908194.1	No hit	XP_010908194.1	fibrous sheath CABYR-binding protein [Elaeis guineensis]	
								HA4			HA	XP_010908274.1	Q96529	XP_010908274.1	adenylosuccinate synthetase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
							HA1	HA3	HA4		HA	XP_010908280.1	Q9LZX8	XP_010908280.1	brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 2 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010908287.1	Q9SMV6	XP_010908287.1	protein EXPORTIN 1A isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010908557.3	O23254	XP_010908557.3	serine hydroxymethyltransferase 4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3					HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_010908558.2	O23255	XP_010908558.2	adenosylhomocysteinase [Elaeis guineensis]	
						HA1					HA	XP_010908632.1	Q9SHH7	XP_010908632.1	probable glutathione S-transferase [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_010908721.1	O50008	XP_010908721.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010908756.1	Q96300	XP_010908756.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3			HA	XP_010908786.1	Q42601	XP_010908786.1	LOW QUALITY PROTEIN: carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010908810.1	Q9SMW7	XP_010908810.1	basic transcription factor 3 isoform X2 [Elaeis guineensis]
							HA2		HA4		HA	XP_010908818.1	Q9ZQA8	XP_010908818.1	polyadenylate-binding protein 7 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010908865.1	Q9M2R0	XP_010908865.1	FT-interacting protein 3-like [Elaeis guineensis]	
EN1			DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010909077.1	Q6NKW9	XP_010909077.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 8 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010909117.2	O65595	XP_010909117.2	pyruvate kinase 1, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1										EN		XP_010909128.1	No hit	XP_010909128.1	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105035304 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010909209.1	Q9SFU6	XP_010909209.1	callose synthase 9 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010909221.2	P58050	XP_010909221.2	LOW QUALITY PROTEIN: cytochrome P450 71A1 [Elaeis guineensis]	
							HA1	HA3			HA	XP_010909242.1	Q7DLR9	XP_010909242.1	proteasome subunit beta type-4 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010909270.1	No hit	XP_010909270.1	endo-1,3;1,4-beta-D-glucanase [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010909363.1	Q56WN1	XP_010909363.1	glutamine synthetase nodule isozyme [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010909491.1	Q9SQI8	XP_010909491.1	dihydrodipolysine-residue acetyltransferase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1										EN		XP_010909517.1	Q9LSQ5	XP_010909517.1	NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010909621.1	P94014	XP_010909621.1	germin-like protein 5-1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_010909643.1	Q9FIB6	XP_010909643.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog A [Elaeis guineensis]	

							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010909644.1	Q9M263	XP_010909644.1	germin-like protein 5-1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010909683.1	Q9LEV3	XP_010909683.1	CBS domain-containing protein CBSX3, mitochondrial [Elaeis guineensis]
	EN2			DZ3						EN	DZ		XP_010909790.1	Q9SAR5	XP_010909790.1	ankyrin repeat domain-containing protein 2A [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010909866.1	Q8RX86	XP_010909866.1	alpha-galactosidase isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010909911.1	Q8L940	XP_010909911.1	probable pyridoxal 5'-phosphate synthase subunit PDX1.1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010909941.1	O65396	XP_010909941.1	aminomethyltransferase, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010909984.1	Q9S7T8	XP_010909984.1	serpin-ZXA [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	XP_010910022.1	F4K6B8	XP_010910022.1	receptor kinase-like protein Xa21, partial [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010910092.1	F4IRE0	XP_010910092.1	transmembrane 9 superfamily member 12 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010910148.1	No hit	XP_010910148.1	polyphenol oxidase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1									EN			XP_010910150.1	Q8L283	XP_010910150.1	translocase of chloroplast 159, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010910164.1	Q9FIJ2	XP_010910164.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010910557.1	P06525	XP_010910557.1	alcohol dehydrogenase 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010910681.1	Q8H0U4	XP_010910681.1	transportin-1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010910841.1	Q9SU50	XP_010910841.1	endoglucanase-like, partial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010910890.1	Q8RXK7	XP_010910890.1	probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 41 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010911012.2	Q8LFC0	XP_010911012.2	isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010911090.1	No hit	XP_010911090.1	uncharacterized protein LOC105037085 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_010911110.1	Q9LK73	XP_010911110.1	UDP-glycosyltransferase 88F5, partial [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010911186.2	Q9LUJ7	XP_010911186.2	63 kDa globulin-like protein [Elaeis guineensis]	
			DZ2							DZ		XP_010911317.1	No hit	XP_010911317.1	uncharacterized protein LOC105037336 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010911540.1	Q9FIZ3	XP_010911540.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010911567.1	Q9SAA2	XP_010911567.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 6, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010911620.1	Q9T030	XP_010911620.1	isoflavone reductase-like protein [Elaeis guineensis]	
EN2			DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010911633.1	Q9SUZ9	XP_010911633.1	PITH domain-containing protein 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010911651.1	No hit	XP_010911651.1	intracellular protein transport protein USO1-like [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	XP_010911739.2	Q9FX54	XP_010911739.2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010911877.1	Q1PDX5	XP_010911877.1	subtilisin-like protease SBT3.9 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010912087.1	O23404	XP_010912087.1	pyruvate, phosphate dikinase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010912090.1	O23404	XP_010912090.1	pyruvate, phosphate dikinase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010912228.1	Q9LZRS	XP_010912228.1	histone deacetylase HDT2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010912239.1	Q9SIQ9	XP_010912239.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010912470.1	No hit	XP_010912470.1	uncharacterized protein LOC105038379 [Elaeis guineensis]	
			DZ2						DZ			XP_010912522.1	Q940G0	XP_010912522.1	transmembrane 9 superfamily member 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010912571.1	Q9ZP06	XP_010912571.1	malate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010912627.1	P06525	XP_010912627.1	alcohol dehydrogenase 3 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3			HA3				HA	XP_010912658.1	Q8L5Y6	XP_010912658.1	cullin-associated NEDD8-dissociated protein 1 [Elaeis guineensis]	
											HA	XP_010912661.1	Q9LXD1	XP_010912661.1	protein SUPPRESSOR OF GENE SILENCING 3 homolog [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010912701.1	O04486	XP_010912701.1	ras-related protein RABA2a [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010912721.1	Q38806	XP_010912721.1	22.7 kDa class IV heat shock protein [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010912722.1	Q38806	XP_010912722.1	22.0 kDa class IV heat shock protein [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	XP_010912936.1	Q9S587	XP_010912936.1	protein SIEVE ELEMENT OCCLUSION B [Elaeis guineensis]	
						HA2					HA	XP_010912953.1	O48845	XP_010912953.1	cytochrome b5 [Elaeis guineensis]	
EN1			DZ2						EN	DZ		XP_010912986.1	Q9S864	XP_010912986.1	protein NBR1 homolog [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN			XP_010913025.1	O80714	XP_010913025.1	uncharacterized protein LOC105038818 [Elaeis guineensis]	
					HA1						HA	XP_010913066.1	O64852	XP_010913066.1	protein IQ-DOMAIN 1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010913095.1	O23255	XP_010913095.1	adenosylhomocysteinase [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010913223.1	O03986	XP_010913223.1	heat shock protein 81-1 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3					DZ			XP_010913398.1	Q9MAU6	XP_010913398.1	protein disulfide isomerase-like 2-3 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010913401.1	Q94CF0	XP_010913401.1	EH domain-containing protein 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2			EN	DZ	HA	XP_010913416.1	Q8W4M5	XP_010913416.1	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010913436.1	Q9S795	XP_010913436.1	betaine aldehyde dehydrogenase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN			XP_010913445.1	No hit	XP_010913445.1	uncharacterized protein LOC105039127 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010913597.1	Q9C9C4	XP_010913597.1	enolase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN2									EN			XP_010913697.1	No hit	XP_010913697.1	cilia- and flagella-associated protein 251 [Elaeis guineensis]	
EN2						HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010913698.1	O65570	XP_010913698.1	villin-5 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	EN	DZ	HA	XP_010913749.1	Q96242	XP_010913749.1	allene oxide synthase 2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010913984.1	O81852	XP_010913984.1	bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010914279.1	Q9SAK4	XP_010914279.1	succinate-semialdehyde dehydrogenase, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010914368.1	Q9S9K7	XP_010914368.1	histone H2AX [Elaeis guineensis]	
		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010914386.2	O23044	XP_010914386.2	uncharacterized protein LOC105039804 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3				HA	XP_010914406.1	Q9SQT8	XP_010914406.1	bifunctional 3-dehydroquinase dehydratase/shikimate dehydrogenase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN			XP_010914449.1	Q9SU08	XP_010914449.1	auxilin-related protein 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2								EN			XP_010914512.1	Q96321	XP_010914512.1	importin subunit alpha-1b [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010914580.1	Q9FGX1	XP_010914580.1	ATP-citrate synthase beta chain protein 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010914656.1	Q940P8	XP_010914656.1	T-complex protein 1 subunit beta [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010914695.1	Q9M5K3	XP_010914695.1	dihydrolipoyl dehydrogenase 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010914699.1	Q9S863	XP_010914699.1	protein MODIFIER OF SNC1 1 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3							EN			XP_010914720.1	Q9FJB5	XP_010914720.1	probable disease resistance protein Atlg58602 [Elaeis guineensis]	
		EN3							EN			XP_010914812.1	F4I096	XP_010914812.1	mediator of RNA polymerase II transcription subunit 13 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010914836.1	Q8GUG7	XP_010914836.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 50 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010914880.1	O22969	XP_010914880.1	uncharacterized protein At2g34160 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010914940.1	Q38884	XP_010914940.1	serine-threonine kinase receptor-associated protein [Elaeis guineensis]	
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_010915043.1	Q9LW88	XP_010915043.1	nuclear pore complex protein NUP50A [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2		HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	XP_010915054.1	Q9S7C0	XP_010915054.1	heat shock 70 kDa protein 14 [Elaeis guineensis]	
					HA1		HA3	HA4			HA	XP_010915083.1	O05196	XP_010915083.1	polyadenylate-binding protein 3 [Elaeis guineensis]	
					HA1						HA	XP_010915100.1	Q9C5J9	XP_010915100.1	small GTPase LIP1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010915173.1	P29830	XP_010915173.1	17.3 kDa class II heat shock protein [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010915175.1	Q8VZH2	XP_010915175.1	aminopeptidase M1 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3					DZ			XP_010915207.1	No hit	XP_010915207.1	uncharacterized protein LOC105040400 [Elaeis guineensis]	
		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010915238.1	Q9C889	XP_010915238.1	PRA1 family protein F3 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010915345.1	Q8LC83	XP_010915345.1	40S ribosomal protein S24-1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1			HA4	EN	DZ	HA	XP_010915357.1	Q9XGZ0	XP_010915357.1	NADP-dependent malic enzyme isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010915385.1	Q9LIG0	XP_010915385.1	clavimate synthase-like protein At3g21360 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010915493.1	Q9FLC0	XP_010915493.1	peroxidase P7 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010915596.1	Q6NMR9	XP_010915596.1	GD5L esterase/lipase At5g45920 [Elaeis guineensis]	
						HA2					HA	XP_010915605.1	Q9ZP06	XP_010915605.1	malate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
		EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010915610.1	Q9FJA5	XP_010915610.1	GD5L esterase/lipase At5g45910 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1		EN3							EN			XP_010915616.1	Q9SKP0	XP_010915616.1	embryonic protein DC-8 [Elaeis guineensis]	

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010915890.1	Q8W593	XP_010915890.1	probable lactoylglutathione lyase, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010915893.1	Q9M0Y8	XP_010915893.1	vesicle-fusing ATPase [Elaeis guineensis]
												XP_010915964.1	No hit	XP_010915964.1	heme-binding protein 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010916133.1	Q9LTQ0	XP_010916133.1	ribonuclease 3-like protein 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1			DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010916166.1	Q9G300	XP_010916166.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]
							HA3				HA	XP_010916225.1	Q8LF21	XP_010916225.1	dynamitin-related protein 1C [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916235.1	Q9FGI6	XP_010916235.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]
							HA3	HA4			HA	XP_010916257.1	Q9ZU52	XP_010916257.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916292.1	Q9CA59	XP_010916292.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916336.1	No hit	XP_010916336.1	polyadenylate-binding protein-interacting protein 6 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010916373.1	P58223	XP_010916373.1	KH domain-containing protein HEN4 [Elaeis guineensis]
		EN3				HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010916390.1	No hit	XP_010916390.1	uncharacterized protein LOC105041220 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010916406.1	Q9FZH5	XP_010916406.1	mannose-6-phosphate isomerase 2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916440.1	P13853	XP_010916440.1	18.1 kDa class I heat shock protein [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010916455.1	No hit	XP_010916455.1	L-Ala-D/L-amino acid epimerase isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916508.1	P29514	XP_010916508.1	tubulin beta chain [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010916577.1	O23063	XP_010916577.1	STOREKEEPER protein [Elaeis guineensis]
						HA3	HA4			HA		XP_010916600.1	O23052	XP_010916600.1	uncharacterized TPR repeat-containing protein At1g05150 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_010916694.1	Q9SE96	XP_010916694.1	GEM-like protein 1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916710.1	Q9S7L9	XP_010916710.1	cytochrome c oxidase subunit 6b-1 [Elaeis guineensis]
		EN3							EN			XP_010916874.1	Q9LK73	XP_010916874.1	anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2					HA2	HA3		EN	HA		XP_010916888.1	Q9SYT0	XP_010916888.1	annexin D1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010916969.1	Q9SH59	XP_010916969.1	reticulon-like protein B3 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			XP_010916979.2	Q9S283	XP_010916979.2	uncharacterized oxidoreductase At4g09670 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_010917011.1	O80605	XP_010917011.1	sucrose transport protein SUT3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010917271.1	Q9ZP53	XP_010917271.1	glutamate decarboxylase [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_010917276.1	Q8LGG8	XP_010917276.1	universal stress protein PHOS32 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010917402.1	Q8H173	XP_010917402.1	40S ribosomal protein SA [Elaeis guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010917436.1	P52410	XP_010917436.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010917471.1	Q9SSA7	XP_010917471.1	GDSL esterase/lipase 5 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010917497.1	Q9SGC1	XP_010917497.1	phosphoglucosyltransferase, cytoplasmic 2 [Elaeis guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010917708.1	Q94K05	XP_010917708.1	T-complex protein 1 subunit theta [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010917716.1	Q95QR4	XP_010917716.1	NADPH-dependent aldehyde reductase-like protein, chloroplastic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010917723.1	P47998	XP_010917723.1	cysteine synthase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010917736.1	Q9LJ97	XP_010917736.1	late embryogenesis abundant protein D-34 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			XP_010917850.1	O50008	XP_010917850.1	5-methyltetrahydropteroylglutamate-homocysteine methyltransferase 1 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			XP_010917851.1	Q8LPJ4	XP_010917851.1	ABC transporter E family member 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010918160.1	Q9SN58	XP_010918160.1	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010918220.1	Q94A47	XP_010918220.1	serine/threonine-protein kinase BSK1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010918303.1	P31170	XP_010918303.1	small heat shock protein, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010918373.1	Q9LHG8	XP_010918373.1	protein ELC-like [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010918389.1	P50699	XP_010918389.1	osmotin-like protein [Elaeis guineensis]
						HA3					HA	XP_010918390.1	P22953	XP_010918390.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010918400.1	P46011	XP_010918400.1	bifunctional nitrilase/nitrile hydratase NIT48 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010918433.1	No hit	XP_010918433.1	bifunctional epoxide hydrolase 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010918543.1	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010918546.1	P29514	XP_010918546.1	tubulin beta chain [Elaeis guineensis]
EN1	EN2			DZ3		HA2			EN	DZ	HA	XP_010918555.1	O48646	XP_010918555.1	probable phospholipid hydroperoxide glutathione peroxidase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010918607.1	No hit	XP_010918607.1	uncharacterized protein LOC105042934 [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		XP_010918615.1	P32826	XP_010918615.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010918669.1	No hit	XP_010918669.1	uncharacterized protein LOC105042950 [Elaeis guineensis]
EN1									EN			XP_010918698.1	Q68DA0	XP_010918698.1	lysine-specific demethylase SE14 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010918780.1	No hit	XP_010918780.1	signal recognition particle receptor subunit beta isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA3	HA4			HA		XP_010918926.1	No hit	XP_010918926.1	uncharacterized protein LOC105043176 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010919010.1	Q9SQZ1	XP_010919010.1	40S ribosomal protein S17 [Elaeis guineensis]
							HA3	HA4			HA	XP_010919113.1	Q39024	XP_010919113.1	mitogen-activated protein kinase 2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010919345.1	Q9LDZ0	XP_010919345.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010919395.1	Q1PF50	XP_010919395.1	probable serine protease EDA2 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010919462.1	Q9STH1	XP_010919462.1	hsp70-Hsp90 organizing protein [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010919469.1	Q9SLN5	XP_010919469.1	methionine aminopeptidase 1A isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010919596.1	P57106	XP_010919596.1	malate dehydrogenase isoform X2 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010919612.1	Q9A4A0	XP_010919612.1	coatamer subunit alpha-1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_010919638.1	Q9SIE7	XP_010919638.1	PLAT domain-containing protein 3 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010919772.1	Q9SZH4	XP_010919772.1	RNA-binding KH domain-containing protein PEPPER [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010919822.1	O49636	XP_010919822.1	mitochondrial pyruvate carrier 4 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010919828.1	Q9G252	XP_010919828.1	ATP synthase subunit delta, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			XP_010919847.1	Q9CSZ1	XP_010919847.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010919889.1	Q9SS89	XP_010919889.1	cytochrome c oxidase subunit 5b-2, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_010919924.1	O22812	XP_010919924.1	AT-hook motif nuclear-localized protein 10-like [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010919949.1	Q9SA34	XP_010919949.1	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010919953.1	O64495	XP_010919953.1	subtilisin-like protease SBT1.7 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010920003.1	Q9CSW6	XP_010920003.1	14-3-3-like protein D isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010920025.1	Q9FWA3	XP_010920025.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Elaeis guineensis]
						HA1		HA4			HA	XP_010920077.1	Q9FN05	XP_010920077.1	uncharacterized protein LOC105044009 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010920081.1	No hit	XP_010920081.1	uncharacterized protein LOC105044011 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010920097.1	P93004	XP_010920097.1	probable aquaporin PIP2-6 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010920131.1	Q9M888	XP_010920131.1	T-complex protein 1 subunit zeta 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010920139.1	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010920173.1	Q9T003	XP_010920173.1	trans-resveratrol di-O-methyltransferase [Elaeis guineensis]
EN1									EN			XP_010920230.1	No hit	XP_010920230.1	cytosin-A isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA3	HA4			HA		XP_010920404.1	P46607	XP_010920404.1	homeobox-leucine zipper protein GLABRA 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010920645.1	Q9ZV36	XP_010920645.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010920686.1	No hit	XP_010920686.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_010920823.1	P46309	XP_010920823.1	glutamate-cysteine ligase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			XP_010920911.1	Q8GYD1	XP_010920911.1	protein disulfide isomerase-like 5-1 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		XP_010920995.1	Q9FJD4	XP_010920995.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_010921022.1	No hit	XP_010921022.1	uncharacterized protein LOC105044732 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010921052.1	Q9SCU1	XP_010921052.1	LOW QUALITY PROTEIN: patellin-6-like [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		XP_010921101.1	Q9FLC0	XP_010921101.1	peroxidase 4 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010921245.2	Q9M9K1	XP_010921245.2	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_010921331.1	O65595	XP_01092133	

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	XP_010921619.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaei guineensis]
						HA2					HA	XP_010921781.1	Q9SUI2	XP_010921781.1	nuclear cap-binding protein subunit 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ	HA	XP_010921862.1	Q84WM9	XP_010921862.1	elongation factor 1 beta [Elaei guineensis]
		EN3		DZ3					EN	DZ	HA	XP_010921893.1	Q8VJ2	XP_010921893.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010921922.2	O80800	XP_010921922.2	acyl carrier protein 2, mitochondrial [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010921978.1	Q9L055	XP_010921978.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922051.1	P34893	XP_010922051.1	10 kDa chaperonin, mitochondrial [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010922078.1	Q9C977	XP_010922078.1	pentatricopeptide repeat-containing protein At1g80270, mitochondrial isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922084.1	Q9FMP3	XP_010922084.1	dihydropyrimidinase [Elaei guineensis]
							HA3	HA4			HA	XP_010922239.1	Q9M2L4	XP_010922239.1	probable calcium-transporting ATPase 8, plasma membrane-type isoform X1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010922283.1	No hit	XP_010922283.1	uncharacterized protein LOC105045627 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	HA	XP_010922329.1	Q9M069	XP_010922329.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010922375.1	P58223	XP_010922375.1	RNA-binding KH domain-containing protein RCF3 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010922392.1	No hit	XP_010922392.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922405.3	O23629	XP_010922405.3	histone H2B [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922562.1	Q9LV33	XP_010922562.1	beta-glucosidase 1-like [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922580.1	Q9M040	XP_010922580.1	pyruvate decarboxylase 2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010922601.1	P93028	XP_010922601.1	ubiquitin-activating enzyme E1 1 isoform X1 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010922771.1	Q9LVZ3	XP_010922771.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 8 isoform X1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010922826.1	O04499	XP_010922826.1	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010923192.1	Q8VYN9	XP_010923192.1	universal stress protein PHOS32 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010923198.1	Q9LT08	XP_010923198.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010923303.1	Q9LV11	XP_010923303.1	plasma membrane ATPase 3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010923342.1	Q84W89	XP_010923342.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37 [Elaei guineensis]
EN1									EN			XP_010923349.1	No hit	XP_010923349.1	centrosomal protein of 55 kDa [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010923358.1	Q8H0U4	XP_010923358.1	importin-5 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010923506.1	Q9SF40	XP_010923506.1	60S ribosomal protein L4 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010923592.1	Q9LF33	XP_010923592.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010923627.1	Q9FKC0	XP_010923627.1	60S ribosomal protein L13a-2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010923945.1	Q38814	XP_010923945.1	thiamine thiazole synthase, chloroplastic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010924095.1	Q05212	XP_010924095.1	DNA damage-repair/tolerance protein DRT102 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010924103.1	Q9FIZ9	XP_010924103.1	peroxidase 72 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010924161.1	Q9LF46	XP_010924161.1	2-hydroxyacyl-CoA lyase [Elaei guineensis]
EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010924193.1	Q9SFU0	XP_010924193.1	protein transport protein Sec24-like At3g07100 [Elaei guineensis]
		EN3							EN			XP_010924269.1	Q9LF46	XP_010924269.1	2-hydroxyacyl-CoA lyase [Elaei guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010924298.1	P55230	XP_010924298.1	glucose-1-phosphate adenyltransferase large subunit 1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_010924510.1	P42697	XP_010924510.1	dynammin-related protein 5A isoform X1 [Elaei guineensis]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_010924612.2	Q9MAH0	XP_010924612.2	phosphoenolpyruvate carboxylase 2 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010924614.1	Q96299	XP_010924614.1	14-3-3-like protein D [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010924649.1	P42730	XP_010924649.1	chaperone protein ClpB1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010924891.1	O82647	XP_010924891.1	pyruvate decarboxylase 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010924959.1	No hit	XP_010924959.1	CXC motif containing zinc binding protein isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA3					HA	XP_010924995.1	O22607	XP_010924995.1	WD-40 repeat-containing protein MS14 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925000.3	P93042	XP_010925000.3	LOW QUALITY PROTEIN: protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925004.1	Q9LIC2	XP_010925004.1	transmembrane 9 superfamily member 7 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925249.1	Q9S588	XP_010925249.1	cytochrome c oxidase subunit 5b-2, mitochondrial [Elaei guineensis]
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_010925328.1	Q9S7C0	XP_010925328.1	heat shock 70 kDa protein 14 [Elaei guineensis]	
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925360.1	Q9SRH5	XP_010925360.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Elaei guineensis]
					HA1		HA3				HA	XP_010925381.1	O22446	XP_010925381.1	histone deacetylase 1 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010925428.1	No hit	XP_010925428.1	ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase family member 3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010925517.1	Q9FE63	XP_010925517.1	profilin-1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925584.1	Q9S7C0	XP_010925584.1	heat shock 70 kDa protein 14 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925701.1	Q05758	XP_010925701.1	ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2								EN			XP_010925724.1	Q9T0A0	XP_010925724.1	long chain acyl-CoA synthetase 4 [Elaei guineensis]
						HA2					HA	XP_010925919.2	Q49323	XP_010925919.2	LOW QUALITY PROTEIN: cellulose synthase-like protein D1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925921.1	Q8LPJ4	XP_010925921.1	ABC transporter E family member 2 isoform X1 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010925996.1	P13853	XP_010925996.1	16.9 kDa class I heat shock protein 2 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_010926010.1	Q9S120	XP_010926010.1	ribonucleoside-diphosphate reductase large subunit isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010926059.1	Q9LV35	XP_010926059.1	actin-interacting protein 1-2 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010926097.1	Q9FGI6	XP_010926097.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Elaei guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010926112.1	Q9SGC1	XP_010926112.1	phosphoglucosyltransferase, cytoplasmic 2 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3							EN			XP_010926132.1	Q84L31	XP_010926132.1	ubiquitin receptor RAD23d isoform X1 [Elaei guineensis]
		EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010926197.1	Q65390	XP_010926197.1	aspartic proteinase oryzasin 1 isoform X1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010926201.1	Q9LV28	XP_010926201.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaei guineensis]
								HA4			HA	XP_010926237.1	Q940M2	XP_010926237.1	alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog 1, mitochondrial [Elaei guineensis]
							HA3				HA	XP_010926275.1	Q38884	XP_010926275.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010926330.1	Q9LF44	XP_010926330.1	WEB family protein At4g27595, chloroplastic [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010926483.1	Q9LVH4	XP_010926483.1	GTPase activating protein 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010926497.1	Q9L540	XP_010926497.1	LOW QUALITY PROTEIN: protein ASPARTIC PROTEASE IN GUARD CELL 1 [Elaei guineensis]
						HA2					HA	XP_010926628.1	P56820	XP_010926628.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D [Elaei guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010926673.1	Q8L5T9	XP_010926673.1	cysteine proteinase inhibitor 5 [Elaei guineensis]
						HA2	HA3				HA	XP_010926713.1	Q8S944	XP_010926713.1	dynammin-related protein 3A [Elaei guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010926763.3	Q9FLC8	XP_010926763.3	tyrosine N-monooxygenase-like [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010926983.1	O04496	XP_010926983.1	aspartyl protease AED3-like [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010927073.1	No hit	XP_010927073.1	putative glucose-6-phosphate 1-epimerase isoform X1 [Elaei guineensis]
					HA1		HA3	HA4			HA	XP_010927081.1	No hit	XP_010927081.1	myosin-9 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010927173.1	Q9FF52	XP_010927173.1	60S ribosomal protein L12 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010927213.1	P41376	XP_010927213.1	eukaryotic initiation factor 4A-2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010927305.1	Q9C9K3	XP_010927305.1	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha [Elaei guineensis]
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3		EN		HA	XP_010927510.1	O49485	XP_010927510.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_010927528.1	Q8VJ7	XP_010927528.1	chaperone protein ClpB3, mitochondrial [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010927580.1	Q9S1Q9	XP_010927580.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010927793.1	O23627	XP_010927793.1	glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010927910.1	Q9FN48	XP_010927910.1	uncharacterized protein LOC105049839 isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1									EN			XP_010927925.1	No hit	XP_010927925.1	uncharacterized protein LOC105049853 [Elaei guineensis]
						HA2					HA	XP_010927967.1	Q9LMU0	XP_010927967.1	probable GDP-L-fucose synthase 1 [Elaei guineensis]
						HA2					HA	XP_010927989.1	Q9SIF2	XP_010927989.1	heat shock protein 90-5, chloroplastic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_010928065.1	Q8W034	XP_010928065.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1 [Elaei guineensis]
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_010928158.1	O03986	XP_010928158.1	heat shock protein

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA2	HA3			EN	DZ	HA	XP_010928349.1	P42731	XP_010928349.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2		DZ2	DZ3						HA4	EN	DZ	HA	XP_010928418.1	Q9ZVNA	XP_010928418.1	probable tyrosine-protein phosphatase DSPA [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3					HA	XP_010928633.1	O49485	XP_010928633.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
													HA	XP_010928694.1	O26550	XP_010928694.1	villin-3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010928724.1	Q23574	XP_010928724.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010928748.1	Q93Z08	XP_010928748.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6 [Elaeis guineensis]				
							HA2		HA4		HA	XP_010928855.1	No hit	XP_010928855.1	uncharacterized protein LOC10050504 isoform X1 [Elaeis guineensis]			
						HA1		HA3	HA4	HA	XP_010928964.1	No hit	XP_010928964.1	uncharacterized protein LOC100505079 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3			HA1		HA3		EN	HA	XP_010929010.2	Q9Y0V9	XP_010929010.2	small nuclear ribonucleoprotein SmD1a isoform X1 [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ	XP_010929040.1	Q8W034	XP_010929040.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein A1 [Elaeis guineensis]				
					HA1					HA	XP_010929105.1	P52901	XP_010929105.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-1, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]				
					HA1					HA	XP_010929145.1	Q1WIQ6	XP_010929145.1	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]				
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010929230.1	Q9LDA7	XP_010929230.1	probable protein phosphatase 2C 62 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010929283.1	No hit	XP_010929283.1	putative glucose-6-phosphate 1-epimerase [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3							EN	XP_010929331.1	Q9ZVD0	XP_010929331.1	serrate RNA effector molecule [Elaeis guineensis]					
						HA2	HA3			HA	XP_010929515.1	Q9FIE8	XP_010929515.1	histone H2A.1 [Elaeis guineensis]				
						HA2				HA	XP_010929516.1	P29402	XP_010929516.1	calnexin homolog [Elaeis guineensis]				
					HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010929528.1	Q9XIW1	XP_010929528.1	probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3			HA	XP_010929546.1	B9DG06	XP_010929546.1	acetyl-coenzyme A synthetase, chloroplastic/glyoxysomal isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010929635.1	Q9LYV6	XP_010929635.1	GEM-like protein 5 [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010929690.1	Q9FH54	XP_010929690.1	ethylene-responsive transcription factor ERF113 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ	XP_010929766.2	Q9M081	XP_010929766.2	protein transport protein Sec24-like Atg432640 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010929910.2	O22707	XP_010929910.2	probable aldo-keto reductase 2 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010929913.1	Q945M1	XP_010929913.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 beta subcomplex subunit 9 [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010929952.1	Q9FGR9	XP_010929952.1	vignain isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010930077.1	Q9LZC3	XP_010930077.1	malate synthase, glyoxysomal isoform X1 [Elaeis guineensis]			
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010930282.1	Q9LX65	XP_010930282.1	probable V-type proton ATPase subunit H [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010930367.1	Q9M9S0	XP_010930367.1	zinc-finger homeodomain protein 4 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010930426.1	O04486	XP_010930426.1	ras-related protein RABA2a [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2	EN3							EN	XP_010930456.1	No hit	XP_010930456.1	uncharacterized protein LOC1005051626 [Elaeis guineensis]					
EN1									EN	XP_010930532.1	No hit	XP_010930532.1	eukaryotic translation initiation factor 2D isoform X1 [Elaeis guineensis]					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010930617.1	O65595	XP_010930617.1	pyruvate kinase 1, cytosolic [Elaeis guineensis]				
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3		DZ	HA	XP_010930695.1	O65154	XP_010930695.1	RNA polymerase II transcriptional coactivator KIWI [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010930945.1	O96520	XP_010930945.1	cationic peroxidase SP4 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010930985.1	Q93V56	XP_010930985.1	soluble inorganic pyrophosphatase isoform X1 [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3							EN	XP_010931102.2	Q9SIH5	XP_010931102.2	probable F-box protein At2g36090 [Elaeis guineensis]					
			DZ2	DZ3					DZ	XP_010931146.2	Q9SJ52	XP_010931146.2	NDRI/HIN1-like protein 10 [Elaeis guineensis]					
	EN2	EN3							EN	XP_010931296.1	Q9FLB1	XP_010931296.1	abscisic acid receptor PYL4-like [Elaeis guineensis]					
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010931371.1	Q9SVN5	XP_010931371.1	tRNA-aminoacylation cofactor arc1 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ	XP_010931386.2	Q9FHKA	XP_010931386.2	protein ENHANCED DISEASE RESISTANCE 4 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010931493.2	P25R85	XP_010931493.2	beta-amylase [Elaeis guineensis]			
	EN2	EN3				HA3	HA4		EN	HA	XP_010931632.1	Q9LHH7	XP_010931632.1	bifunctional protein FOLD 2 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010931649.1	Q8LGG8	XP_010931649.1	universal stress protein PHOS34 [Elaeis guineensis]				
				DZ3					DZ	XP_010931678.1	Q9ZPI5	XP_010931678.1	glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein MFP-a [Elaeis guineensis]					
	EN2		DZ2						EN	DZ	XP_010931723.1	Q9LJ98	XP_010931723.1	probable prefoldin subunit 2 [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ	XP_010931728.1	No hit	XP_010931728.1	uncharacterized protein LOC1005052576 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2								EN	XP_010931859.1	O65398	XP_010931859.1	lactoylglutathione lyase [Elaeis guineensis]					
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010931898.1	Q8LG6Y	XP_010931898.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010931935.1	Q9SSK1	XP_010931935.1	asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
						HA2				HA	XP_010931977.1	Q8RFX8	XP_010931977.1	mitochondrial Rho GTPase 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010931989.1	Q94CK4	XP_010931989.1	annexin-like protein R4 [Elaeis guineensis]				
				DZ3					DZ	XP_010932085.1	FAHYR6	XP_010932085.1	subtilisin-like protease SBT2.4 [Elaeis guineensis]					
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010932235.1	Q1PF50	XP_010932235.1	lysosomal Pro-X carboxypeptidase isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010932283.1	Q94AR1	XP_010932283.1	uncharacterized protein LOC1005052991 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010932306.1	No hit	XP_010932306.1	signal recognition particle subunit SRP72 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010932447.1	Q9SRH5	XP_010932447.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010932581.1	Q9LK25	XP_010932581.1	prohibitin-3, mitochondrial [Elaeis guineensis]			
	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010932593.1	Q43386	XP_010932593.1	HMG-Y-related protein A [Elaeis guineensis]			
						HA2		HA4		HA	XP_010932640.1	Q9FM19	XP_010932640.1	hypersensitive-induced response protein-like protein 1 [Elaeis guineensis]				
EN1				DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010932656.1	Q96Z55	XP_010932656.1	phosphoserine aminotransferase 2, chloroplastic [Elaeis guineensis]			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010932747.1	Q9UEJ5	XP_010932747.1	YTH domain-containing protein ECT4 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3							EN	XP_010932897.1	Q84WL6	XP_010932897.1	protein WVD2-like 1 [Elaeis guineensis]					
						HA1	HA2	HA3	HA4	HA	XP_010932965.1	Q8VWF6	XP_010932965.1	protein STRICTOSIDINE SYNTHASE-LIKE 3 [Elaeis guineensis]				
						HA1	HA2	HA3	HA4	HA	XP_010932966.1	Q9FPT1	XP_010932966.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
		EN3							EN	XP_010933168.1	Q9M827	XP_010933168.1	sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 isoform X1 [Elaeis guineensis]					
	EN2	EN3							EN	XP_010933224.1	Q8RWN5	XP_010933224.1	glycine-rich RNA-binding protein RZIC isoform X1 [Elaeis guineensis]					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010933228.1	Q43291	XP_010933228.1	60S ribosomal protein L21-1 [Elaeis guineensis]				
						HA2		HA4		HA	XP_010933259.1	Q9SP02	XP_010933259.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP20-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
						HA1				HA	XP_010933434.1	Q8H1G0	XP_010933434.1	GATA transcription factor 18 isoform X1 [Elaeis guineensis]				
						HA1	HA2	HA3	HA4	HA	XP_010933455.1	No hit	XP_010933455.1	uncharacterized protein LOC1005053842 [Elaeis guineensis]				
		EN3							EN		XP_010933526.1	Q0WM29	XP_010933526.1	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010933580.1	P39207	XP_010933580.1	nucleoside diphosphate kinase B [Elaeis guineensis]			
						HA2	HA3			HA	XP_010933617.1	O22161	XP_010933617.1	protein ARABIDILLO 1 [Elaeis guineensis]				
						HA2				HA	XP_010933708.1	Q8H183	XP_010933708.1	beta-ureidopropionase isoform X1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010933724.1	Q9STH1	XP_010933724.1	hsp70-Hsp90 organizing protein [Elaeis guineensis]			
						HA2	HA3			HA	XP_010933831.1	Q9M0N1	XP_010933831.1	plant UBX domain-containing protein 10 [Elaeis guineensis]				
						HA2	HA3	HA4		HA	XP_010934326.1	Q9LZG0	XP_010934326.1	adenosine kinase 2 [Elaeis guineensis]				
						HA1	HA2	HA3	HA4	HA	XP_010934533.1	P93031	XP_010934533.1	GDP-mannose 4,6 dehydratase 1 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010934534.1	Q9FXI5	XP_010934534.1	protein IQ-DOMAIN 32 [Elaeis guineensis]				
EN1	EN2								EN		XP_010934538.1	Q9SJ44	XP_010934538.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C [Elaeis guineensis]				
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_010934565.1	Q06327	XP_010934565.1	probable linoleate 9S-lipoxygenase 5 [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010934602.1	Q5M729	XP_010934602.1	dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 2 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010934682.1	P42742	XP_010934682.1	proteasome subunit beta-type-1 [Elaeis guineensis]			
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010934764.1	P29514	XP_010934764.1	tubulin beta chain [Elaeis guineensis]			
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010934857.1	O80840	XP_010934857.1	phosphomannomutase [Elaeis guineensis]			
	EN2								EN	XP_010934886.1	Q9FNX5	XP_010934886.1	dynamamin-related protein 1E [Elaeis guineensis]					
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_010935079.1	Q9STX5	XP_010935079.1	endoplasmic homolog [Elaeis guineensis]			
EN1	EN2								EN	XP_010935183.1	Q9CSV0	XP_010935183.1	phospholipase D delta isoform X1 [Elaeis guineensis]					
EN1	EN2								EN	XP_010935194.1	Q8RWL6	XP_010935194.1	serine/threonine-protein kinase STY46 isoform X1 [Elaeis guineensis]					
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					DZ	XP_010935252.1	Q9SL48	XP_010935252.1	SEC1 family transport protein SLV1 [Elaeis guineensis]					
						HA1				HA	XP_010935334.1	F4K5X6	XP_010935334.1	protein CCA1 [Elaeis guineensis]				
							HA2			HA	XP_010935501.1	Q9LU44	XP_010935501.1	basic proline-rich protein isoform X1 [Elaeis guineensis]				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ	XP_010935511.1	Q39085	XP_010935511.1	delta(24)-sterol reductase [Elaeis guineensis]				

						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010935899.1	Q95F40	XP_010935899.1	60S ribosomal protein L4 [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010935910.1	Q9LUK0	XP_010935910.1	pyruvate kinase isozyme A, chloroplastic [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010936216.1	O80939	XP_010936216.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010936326.1	Q9FZE0	XP_010936326.1	beta-glucosidase 6 isoform X2 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3				HA	XP_010936365.1	Q9FLZ5	XP_010936365.1	phosphatidylinositol 3,4,5-trisphosphate 3-phosphatase and protein-tyrosine-phosphatase PTEN1 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010936539.1	Q8L7W8	XP_010936539.1	alpha-L-fucosidase 2 isoform X1 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3								EN			XP_010936614.1	Q22193	XP_010936614.1	U-box domain-containing protein 4 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010936718.1	P42795	XP_010936718.1	60S ribosomal protein L11 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010936719.1	Q9ZQG4	XP_010936719.1	scopoletin glucosyltransferase [Elaei guineensis]
		EN3								EN			XP_010936772.1	Q9FIK7	XP_010936772.1	acetyl-CoA acetyltransferase, cytosolic 1 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010936815.1	F4JMJ1	XP_010936815.1	heat shock 70 kDa protein 17 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		XP_010936920.1	Q9LE82	XP_010936920.1	RAN GTPase-activating protein 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010936967.1	Q8RUF8	XP_010936967.1	omega-amidase, chloroplastic [Elaei guineensis]
						HA1			HA4			HA	XP_010937054.1	Q9FLG1	XP_010937054.1	beta-xylosidase/alpha-L-arabinofuranosidase 2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010937193.1	Q9SCM3	XP_010937193.1	40S ribosomal protein S2-3 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010937277.1	Q9LXL5	XP_010937277.1	sucrose synthase 2 [Elaei guineensis]
								HA3				HA	XP_010937324.1	O81147	XP_010937324.1	proteasome subunit alpha type-6 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010937404.1	Q9FE06	XP_010937404.1	protein EXORDIUM-like 2 [Elaei guineensis]
EN1										EN			XP_010937408.1	Q9ZPE7	XP_010937408.1	protein EXORDIUM [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010937512.1	Q8GTYO	XP_010937512.1	elongation factor 1-alpha [Elaei guineensis]
							HA					HA	XP_010937574.1	Q9M254	XP_010937574.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.4-like [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010937600.1	Q93Y40	XP_010937600.1	oxysterol-binding protein-related protein 3C isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3					HA2	HA3	HA4	EN		HA	XP_010937656.1	Q9LHA8	XP_010937656.1	probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c [Elaei guineensis]
	EN2			DZ3						EN	DZ		XP_010937681.1	Q9ZSK3	XP_010937681.1	actin-depolymerizing factor 7 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010937703.1	No hit	XP_010937703.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit M [Elaei guineensis]
	EN2									EN			XP_010937804.1	Q8GTYO	XP_010937804.1	elongation factor 1-alpha [Elaei guineensis]
EN1	EN2									EN			XP_010937862.2	Q9FNR1	XP_010937862.2	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase E [Elaei guineensis]
EN1	EN2			DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010937887.1	Q96327	XP_010937887.1	ERBB-3 BINDING PROTEIN 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010937888.1	P92985	XP_010937888.1	ran-binding protein 1 homolog b [Elaei guineensis]
								HA3				HA	XP_010937989.1	O22886	XP_010937989.1	uroporphyrinogen decarboxylase isoform X1 [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010938082.1	O04499	XP_010938082.1	LOW QUALITY PROTEIN: 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase-like [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010938152.1	Q9LUJ7	XP_010938152.1	vicilin-like antimicrobial peptides 2-2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010938308.2	FAHXL0	XP_010938308.2	phospholipase A1 PLIP2, chloroplastic isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010938338.1	No hit	XP_010938338.1	pathogenesis-related protein 1-like isoform X2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010938368.1	Q9M111	XP_010938368.1	LOW QUALITY PROTEIN: sucrose synthase 4 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010938384.1	Q9M9W1	XP_010938384.1	60S ribosomal protein L22-2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010938423.1	Q8VYK6	XP_010938423.1	40S ribosomal protein S4-3 [Elaei guineensis]
							HA1	HA2	HA3			HA	XP_010938431.1	Q96266	XP_010938431.1	glutathione S-transferase 3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_010938447.1	AA1P8B59	XP_010938447.1	protein IQ-DOMAIN 14 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010938515.1	Q7W5U4	XP_010938515.1	mannosylglycoprotein endo-beta-mannosidase isoform X1 [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010938554.1	Q9ZN27	XP_010938554.1	ferredoxin-dependent glutamate synthase, chloroplastic isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010938730.1	Q9SF16	XP_010938730.1	T-complex protein 1 subunit eta [Elaei guineensis]
	EN2									EN			XP_010938781.1	Q9FR37	XP_010938781.1	amidase 1 isoform X1 [Elaei guineensis]
				DZ3							DZ		XP_010939013.1	Q9C729	XP_010939013.1	serine carboxypeptidase-like 18 isoform X2 [Elaei guineensis]
						HA1						HA	XP_010939022.1	Q9FMR9	XP_010939022.1	ruvB-like 2 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010939148.1	Q42290	XP_010939148.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Elaei guineensis]
EN1	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010939216.1	Q9LIB2	XP_010939216.1	alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010939269.1	Q9M069	XP_010939269.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 7 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010939287.1	Q9LF33	XP_010939287.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 5 [Elaei guineensis]
							HA1	HA2	HA3			HA	XP_010939378.1	Q9C5W6	XP_010939378.1	14-3-3-like protein GF14 iota [Elaei guineensis]
												HA	XP_010939624.1	Q8GTYO	XP_010939624.1	elongation factor 1-alpha [Elaei guineensis]
								HA3				HA	XP_010939692.1	Q01525	XP_010939692.1	14-3-3 protein 6 [Elaei guineensis]
EN1										EN			XP_010939734.1	Q9FMF5	XP_010939734.1	root phototropism protein 3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010939835.1	P0DKL6	XP_010939835.1	spliceosome-associated protein 130 A [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010939846.1	O49006	XP_010939846.1	pectinesterase [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010940031.1	Q96251	XP_010940031.1	ATP synthase subunit O, mitochondrial [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010940064.2	Q43314	XP_010940064.2	glutamate dehydrogenase 1, mitochondrial isoform X2 [Elaei guineensis]
						HA1	HA2					HA	XP_010940082.1	Q8VZT0	XP_010940082.1	putative H/ACA ribonucleoprotein complex subunit 1-like protein 1 [Elaei guineensis]
						HA1						HA	XP_010940102.1	O50039	XP_010940102.1	ornithine carbamoyltransferase, chloroplastic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ		XP_010940147.1	Q9SDY5	XP_010940147.1	NEDD8-conjugating enzyme Ubc12 isoform X1 [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010940159.1	Q8LPJ5	XP_010940159.1	isocitrate dehydrogenase [NADP] isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010940165.1	Q9FNE2	XP_010940165.1	glutaredoxin [Elaei guineensis]
EN1	EN2									EN			XP_010940278.1	Q9M8R4	XP_010940278.1	protein DJ-1 homolog D [Elaei guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010940435.2	Q8H0V6	XP_010940435.2	ABC transporter F family member 3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2							EN	DZ		XP_010940470.1	Q8W4L3	XP_010940470.1	probable serine/threonine-protein kinase BSK3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_010940533.1	O78310	XP_010940533.1	superoxide dismutase [Cu-Zn], chloroplastic [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010940597.1	Q38867	XP_010940597.1	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010940621.1	P21238	XP_010940621.1	rubisco large subunit-binding protein subunit alpha isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3								EN			XP_010940627.1	Q9S547	XP_010940627.1	pumilio homolog 1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_010940975.1	P42742	XP_010940975.1	proteasome subunit beta type-1 [Elaei guineensis]
							HA2		HA4			HA	XP_010940988.1	Q9FNK4	XP_010940988.1	ornithine aminotransferase, mitochondrial [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010941042.1	P59224	XP_010941042.1	40S ribosomal protein S13 isoform X2 [Elaei guineensis]
	EN2			DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010941046.1	F4IW47	XP_010941046.1	transketolase, chloroplastic [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010941056.1	O65202	XP_010941056.1	peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010941080.1	P27323	XP_010941080.1	heat shock protein 83 [Elaei guineensis]
				DZ3							DZ		XP_010941125.1	Q9SU40	XP_010941125.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaei guineensis]
												HA	XP_010941157.2	Q9LW07	XP_010941157.2	probable polygalacturonase [Elaei guineensis]
												HA	XP_010941255.1	Q94A49	XP_010941255.1	novel plant SNARE 11 isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010941296.1	Q9STX5	XP_010941296.1	endoplasmic reticulum chaperone [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010941309.1	Q24616	XP_010941309.1	proteasome subunit alpha type-7 [Elaei guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ		XP_010941331.1	Q9A5S2	XP_010941331.1	protein FREE1 [Elaei guineensis]
	EN2	EN3	DZ2						HA4	EN	DZ	HA	XP_010941415.1	Q9SIH8	XP_010941415.1	ubiquitin domain-containing protein DSK2a isoform X1 [Elaei guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_010941487.1	O80526	XP_010941487.1	ATP-citrate synthase alpha chain protein 3 [Elaei guineensis]
EN1		EN3		DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010941542.1	No hit	XP_010941542.1	serine/threonine-protein phosphatase 6 regulatory subunit 3 isoform X1 [Elaei guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010941646.1	No hit	XP_010941646.1	myosin-9 isoform X1 [Elaei guineensis]
							HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010941661.1	Q9SAJ4	XP_010941661.1	phosphoglycerate kinase 3, cytosolic [Elaei guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010941678.1	Q5E924	XP_010941678.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP

	EN2			DZ3				EN	DZ		XP_010942212.1	O48661	XP_010942212.1	spermidine synthase 1 [Elaeis guineensis]		
	EN2							EN			XP_010942266.1	Q9SRU2	XP_010942266.1	auxin transport protein BIG [Elaeis guineensis]		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010942326.1	Q8VZG7	XP_010942326.1	ribonuclease TUDOR 1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3							EN			XP_010942328.1	P29402	XP_010942328.1	calnexin homolog [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010942352.1	COLGH2	XP_010942352.1	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g56140 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010942368.1	No hit	XP_010942368.1	uncharacterized protein LOC105060391 [Elaeis guineensis]	
EN1									EN			XP_010942477.1	Q93YU5	XP_010942477.1	exocyst complex component SEC8 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010942481.2	Q67XQ0	XP_010942481.2	DUF21 domain-containing protein At4g14240 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010942768.1	No hit	XP_010942768.1	LOW QUALITY PROTEIN: myosin-2 heavy chain [Elaeis guineensis]	
EN1		EN3							EN			XP_010942916.1	Q9FIK0	XP_010942916.1	ATP-dependent 6-phosphofructokinase 2 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_010943004.1	Q6XBF8	XP_010943004.1	aspartic proteinase CDR1-like [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010943098.1	Q9FMU6	XP_010943098.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010943133.2	Q9FJZ3	XP_010943133.2	putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010943196.1	Q94JT5	XP_010943196.1	cyclase-like protein 3 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010943210.1	P48523	XP_010943210.1	cinnamyl alcohol dehydrogenase 2 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010943267.1	Q9ZVD5	XP_010943267.1	protein argonate 4B [Elaeis guineensis]
							HA3	HA4			HA	XP_010943331.1	Q9C9B0	XP_010943331.1	flavonol 3-O-glucosyltransferase UGT89B1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_010943403.1	Q9S548	XP_010943403.1	glycerol-3-phosphate dehydrogenase SDP6, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3							EN			XP_010943528.1	Q9FPR3	XP_010943528.1	AP2-associated protein kinase 1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_010943655.1	Q9LHE5	XP_010943655.1	mitochondrial import receptor subunit TOM40-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010943716.1	Q9LFA3	XP_010943716.1	monodehydroascorbate reductase 3, cytosolic [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2			HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_010943741.1	Q38799	XP_010943741.1	pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta-2, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_010943828.1	Q8VYF5	XP_010943828.1	N-carbamoylputrescine amidase [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3		EN		HA	XP_017695821.1	Q9LKA4	XP_017695821.1	UBP1-associated protein 2C-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_017696744.2	Q9ZU52	XP_017696744.2	fructose-bisphosphate aldolase 3, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_01769655.2	Q43284	XP_01769655.2	oleosin 16 kDa-like [Phoenix dactylifera]	
							HA3				HA	XP_017698260.2	Q9S1T7	XP_017698260.2	pentatricopeptide repeat-containing protein At2g13600-like [Phoenix dactylifera]	
							HA2	HA3			HA	XP_017698383.3	Q9ZT6	XP_017698383.3	eukaryotic translation initiation factor [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_017698415.1	P93834	XP_017698415.1	hexokinase-2-like [Phoenix dactylifera]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_017698870.2	Q9FZE0	XP_017698870.2	beta-glucosidase 6 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_017699107.1	O64740	XP_017699107.1	protein transport protein SEC13 homolog B-like [Phoenix dactylifera]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_017699547.2	No hit	XP_017699547.2	FK506-binding protein 5-like [Phoenix dactylifera]	
							HA3	HA4			HA	XP_017700701.1	No hit	XP_017700701.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_017701852.2	Q9ASR1	XP_017701852.2	elongation factor 2 [Phoenix dactylifera]	
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_019701784.1	No hit	XP_019701784.1	uncharacterized protein LOC105032249 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2		HA4	EN	DZ	HA	XP_019701838.1	Q8L5T9	XP_019701838.1	cysteine proteinase inhibitor 4 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3		EN		HA	XP_019701840.1	O23264	XP_019701840.1	selenium-binding protein 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_019702168.1	Q9C9Z2	XP_019702168.1	LOW QUALITY PROTEIN: protein RETICULATA-RELATED 3, chloroplastic-like [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_019702534.1	Q9M254	XP_019702534.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.4 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_019703273.1	No hit	XP_019703273.1	uncharacterized protein LOC109505270, partial [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_019703798.1	No hit	XP_019703798.1	LOW QUALITY PROTEIN: wound-induced basic protein [Elaeis guineensis]	
										DZ		XP_019703961.1	Q949Y3	XP_019703961.1	phosphoenolpyruvate phosphatase isoform X1 [Elaeis guineensis]	
			DZ3							DZ		XP_019704020.1	Q9LTT9	XP_019704020.1	enhancer of mRNA-decapping protein 4 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		EN	DZ	HA	XP_019704249.1	Q9M2R0	XP_019704249.1	FT-interacting protein 7 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_019704327.1	Q4Z593	XP_019704327.1	probable L-ascorbate peroxidase 6, chloroplastic/mitochondrial [Elaeis guineensis]	
				DZ3						DZ		XP_019704349.1	Q9LIP2	XP_019704349.1	proteasome subunit beta type-5 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_019704876.1	Q9FLG1	XP_019704876.1	uncharacterized protein LOC109505671 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA4			HA	XP_019704883.1	Q9FLG1	XP_019704883.1	uncharacterized protein LOC105042425 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN			XP_019704894.1	Q9FPT1	XP_019704894.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12 isoform X2 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_019705135.1	Q9M1R2	XP_019705135.1	proline--tRNA ligase, cytoplasmic isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_019705769.1	No hit	XP_019705769.1	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC105042719 [Elaeis guineensis]	
	EN2			DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_019706002.1	Q9LHE5	XP_019706002.1	mitochondrial import receptor subunit TOM40-1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	DZ	HA	XP_019706174.1	Q9SK09	XP_019706174.1	LOW QUALITY PROTEIN: vicilin-like seed storage protein At2g28490 [Elaeis guineensis]	
			DZ2	DZ3						DZ		XP_019706246.1	P54888	XP_019706246.1	delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase 1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_019706256.1	Q9FY49	XP_019706256.1	leucine aminopeptidase isoform X3 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_019706257.1	Q9SD76	XP_019706257.1	LOW QUALITY PROTEIN: alpha-glucan phosphorylase, H isozyme [Elaeis guineensis]	
		EN3								EN		XP_019706488.1	No hit	XP_019706488.1	malignant T-cell-amplified sequence 1 homolog [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2									EN		XP_019706802.1	O23212	XP_019706802.1	splicing factor U2af large subunit B isoform X4 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_019706859.1	O65390	XP_019706859.1	aspartic proteinase oryzasin-1 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_019706918.1	P42776	XP_019706918.1	G-box-binding factor 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_019706934.1	Q9LFP7	XP_019706934.1	probable serine/threonine-protein kinase PIX7 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
		EN3								EN		XP_019706936.1	No hit	XP_019706936.1	uncharacterized protein LOC105047674 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_019707602.1	Q6R2J8	XP_019707602.1	protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 8 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3								EN		XP_019708176.1	Q8RWG3	XP_019708176.1	protein RETICULATA-RELATED 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]	
						HA1		HA3			HA	XP_019708270.1	AOA1P8876	XP_019708270.1	uncharacterized protein LOC105050982 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_019708342.1	Q9C5D7	XP_019708342.1	norbelladine 4'-O-methyltransferase [Elaeis guineensis]	
	EN2			DZ3					EN	DZ		XP_019708593.1	No hit	XP_019708593.1	CTP synthase isoform X1 [Elaeis guineensis]	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_019709151.1	AOA1P8876	XP_019709151.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable amidase At4g34880 [Elaeis guineensis]	
	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_019709302.1	Q9LDZ0	XP_019709302.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Elaeis guineensis]	
EN1										EN		XP_019709418.1	P15455	XP_019709418.1	cocosin 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1		EN3								EN		XP_019709649.1	Q9LRR4	XP_019709649.1	putative disease resistance protein RGA1 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_019710004.2	Q9CZ29	XP_019710004.2	serine carboxypeptidase-like 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_019710017.1	O80763	XP_019710017.1	probable nucleoredoxin 1-2 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_019710108.1	Q9SGZ5	XP_019710108.1	probable beta-D-xylosidase 7 [Elaeis guineensis]	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_019710132.1	Q9FNR1	XP_019710132.1	glycine-rich RNA-binding protein 3, mitochondrial isoform X2 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_019710355.1	O23629	XP_019710355.1	histone H2B [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_019710385.2	Q8GXF8	XP_019710385.2	LOW QUALITY PROTEIN: E3 ubiquitin-protein ligase SGR9, amyloplastic [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3			HA	XP_019710436.1	No hit	XP_019710436.1	uncharacterized protein LOC105057416 [Elaeis guineensis]	
							HA2	HA3			HA	XP_019711020.1	No hit	XP_019711020.1	uncharacterized protein LOC105059588 isoform X1 [Elaeis guineensis]	
		EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_019711047.1	Q67Y83	XP_019711047.1	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X4 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2									EN		XP_026655858.1	B9DGD6	XP_026655858.1	acetyl-coenzyme A synthetase, chloroplastic/glyoxysomal-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
							HA3				HA	XP_026656039.1	F4IW47	XP_026656039.1	transketolase, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]	
EN1		EN3	DZ2	DZ3		HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_026656289.2	Q39173	XP_026656289.2	2-alkenal reductase (NADP(+)-dependent)-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_026656591.2	Q9FF31	XP_026656591.2	LEAF RUST 10 DISEASE-RESISTANCE LOCUS RECEPTOR-LIKE PROTEIN KINASE-like 2.1 [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3	HA4			HA	XP_026656941.1	Q9ZV36	XP_026656941.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_026658021.1	O9LZ53	XP_026658021.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme, chloroplastic/amyloplastic-like [Phoenix dactylifera]
	EN2									EN		XP_026658111.2	Q9M9G6	XP_026658111.2	cleavage stimulating factor 64-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]	
						HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_026658529.2	No hit	XP_026658529.2	probable 2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Phoenix dactylifera]

						HA2	HA3	HA4			HA	XP_026659049.1	No hit	XP_026659049.1	uncharacterized protein LOC103703699 [Phoenix dactylifera]
		EN3		DZ3					EN	DZ		XP_026659990.1	Q0WQF7	XP_026659990.1	dihydrolipoylysine-residue acetyltransferase component 1 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_026660236.2	Q94B70	XP_026660236.2	probable sucrose-phosphate synthase 1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_026660809.2	Q9FI56	XP_026660809.2	chaperone protein ClpC1, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]
							HA2	HA3			HA	XP_026661577.2	Q7Y232	XP_026661577.2	scopoletin glucosyltransferase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2			DZ3					EN	DZ		XP_026661701.2	Q9FJD4	XP_026661701.2	importin subunit beta-1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_026661983.2	Q23404	XP_026661983.2	pyruvate, phosphate dikinase 2 [Phoenix dactylifera]
						HA2		HA4			HA	XP_02666236.1	P4Z825	XP_02666236.1	chaperone protein dnaJ A6-like [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_026662965.2	No hit	XP_026662965.2	uncharacterized protein LOC103713621 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_026663657.1	P41376	XP_026663657.1	eukaryotic initiation factor 4A-15 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_026664569.2	O80585	XP_026664569.2	methylenetetrahydrofolate reductase 1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_026665386.2	No hit	XP_026665386.2	uncharacterized protein LOC103720044 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_026665422.1	Q9LW07	XP_026665422.1	probable polygalacturonase [Phoenix dactylifera]
EN1									EN			XP_026665619.2	O65271	XP_026665619.2	bifunctional protein FoD 4, chloroplastic-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
			DZ2							DZ		XP_026665764.1	No hit	XP_026665764.1	non-specific lipid-transfer protein 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1			DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_026666097.2	No hit	XP_026666097.2	transmembrane protein 120 homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_029117121.1	Q93VD3	XP_029117121.1	uncharacterized protein LOC105059328 [Elaeis guineensis]
							HA3	HA4			HA	XP_029117234.1	Q9LD57	XP_029117234.1	uncharacterized protein LOC105033802 isoform X1 [Elaeis guineensis]
			DZ2							DZ		XP_029117551.1	Q9LV71	XP_029117551.1	cytokinin dehydrogenase 3-like [Elaeis guineensis]
EN1	EN2								EN			XP_029117563.1	Q9LM76	XP_029117563.1	U-box domain-containing protein 44 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029117673.1	No hit	XP_029117673.1	alpha-taxilin [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029117769.1	O50008	XP_029117769.1	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 1 [Elaeis guineensis]
							HA2	HA3	HA4		HA	XP_029117811.1	Q9LUE4	XP_029117811.1	ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029117848.1	Q39230	XP_029117848.1	serine--tRNA ligase isoform X1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_029117999.1	No hit	XP_029117999.1	uncharacterized protein LOC114913497 [Elaeis guineensis]
	EN2								EN			XP_029118045.1	Q9FFR9	XP_029118045.1	cation/H(+) antiporter 18 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029118616.1	Q9LF79	XP_029118616.1	calcium-transporting ATPase 5, plasma membrane-type isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_029118684.1	Q9C9K3	XP_029118684.1	pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha [Elaeis guineensis]
		EN3							EN			XP_029118850.1	Q9LW07	XP_029118850.1	probable polygalacturonase isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	EN	HA		XP_029118871.1	Q2V3C1	XP_029118871.1	non-specific lipid-transfer protein A-like [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		XP_029119354.1	No hit	XP_029119354.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A [Elaeis guineensis]
								HA4		HA		XP_029119355.1	No hit	XP_029119355.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3			HA		XP_029119383.1	P58223	XP_029119383.1	KH domain-containing protein At4g18375 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_029119387.1	Q9LVQ0	XP_029119387.1	pectinesterase 31 [Elaeis guineensis]
EN1		EN3							EN			XP_029119467.1	Q9SYG7	XP_029119467.1	aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3							EN			XP_029119493.1	Q9C826	XP_029119493.1	momilactone A synthase isoform X1 [Elaeis guineensis]
			DZ2	DZ3						DZ		XP_029119509.1	No hit	XP_029119509.1	uncharacterized protein LOC105042209 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3			HA		XP_029119602.1	Q9LUM3	XP_029119602.1	subtilisin-like protease SBT.15 [Elaeis guineensis]
				DZ3		HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_029120028.1	No hit	XP_029120028.1	uncharacterized protein LOC105043906 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3						HA4	EN		HA	XP_029120062.1	O48832	XP_029120062.1	protein EARLY-RESPONSIVE TO DEHYDRATION 7, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_029120068.1	P55034	XP_029120068.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 4 homolog isoform X1 [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		XP_029120100.1	Q9FNC9	XP_029120100.1	mitochondrial import receptor subunit TOM9-2 [Elaeis guineensis]
						HA1					HA	XP_029120544.1	Q9CAF6	XP_029120544.1	probable DNA gyrase subunit A, chloroplastic/mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2								EN			XP_029120768.1	Q9ZSK3	XP_029120768.1	actin-depolymerizing factor 7, partial [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029120841.1	Q9SGA8	XP_029120841.1	UDP-glycosyltransferase 83A1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3			HA		XP_029120856.1	F4IUI4	XP_029120856.1	187-kDa microtubule-associated protein AIR9 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_029120958.1	Q8L4N1	XP_029120958.1	universal stress protein PHO532 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029121138.1	Q9FIB6	XP_029121138.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 12 homolog A isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029121153.1	Q93Z24	XP_029121153.1	beta-galactosidase 8 isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029121375.1	O65390	XP_029121375.1	aspartic proteinase oryzasin-1 [Elaeis guineensis]
		EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029121588.1	O64530	XP_029121588.1	thiosulfate/3-mercaptopyruvate sulfurtransferase 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]
			DZ2							DZ		XP_029121632.1	P38605	XP_029121632.1	cycloartenol Synthase isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_029121985.1	A4GSN8	XP_029121985.1	LOW QUALITY PROTEIN: nuclear-pore anchor [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_029122190.1	Q8VZK9	XP_029122190.1	cellulose synthase-like protein E1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_029122377.1	Q9FJF5	XP_029122377.1	glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, cytoplasmic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_029122391.1	Q9SZX3	XP_029122391.1	argininosuccinate synthase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_029122531.1	No hit	XP_029122531.1	keratin, type II cytoskeletal 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
	EN2								EN			XP_029122574.1	Q94L13	XP_029122574.1	protein BONZAI 1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	EN	HA	XP_029122677.1	No hit	XP_029122677.1	stem-specific protein TSJ1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_029122800.1	No hit	XP_029122800.1	uncharacterized protein LOC105052892 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029122845.1	Q9LP45	XP_029122845.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11 homolog [Elaeis guineensis]
	EN2								EN			XP_029123201.1	O22785	XP_029123201.1	pre-mRNA-processing factor 19 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		XP_029123428.1	No hit	XP_029123428.1	uncharacterized protein LOC105053881 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029123469.1	O04379	XP_029123469.1	protein argonaute 1B [Elaeis guineensis]
	EN2	EN3							EN			XP_029123498.1	Q7XA06	XP_029123498.1	LOW QUALITY PROTEIN: tricalbin-3 [Elaeis guineensis]
						HA2				HA		XP_029123563.1	Q9M2F8	XP_029123563.1	carbon catabolite repressor protein 4 homolog 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]
				DZ3						DZ		XP_029124024.1	Q9FLX7	XP_029124024.1	probable NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5, mitochondrial [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2				HA	XP_029124052.1	Q1PDV6	XP_029124052.1	LOW QUALITY PROTEIN: serine/threonine-protein kinase PBL27-like [Elaeis guineensis]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_029124182.1	Q9C7Z9	XP_029124182.1	serine carboxypeptidase-like 18 [Elaeis guineensis]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_029124328.1	Q9ZUG4	XP_029124328.1	translation initiation factor eIF-2B subunit alpha isoform X1 [Elaeis guineensis]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_029124499.1	Q9LZF1	XP_029124499.1	heavy metal-associated isoprenylated plant protein 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]
						HA2		HA4		HA		XP_038970163.1	F4HXQ7	XP_038970163.1	myosin-binding protein 1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_038970450.1	O82399	XP_038970450.1	malate dehydrogenase, glyoxysomal [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_038970527.1	P47998	XP_038970527.1	cysteine synthase [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4		HA		XP_038970708.1	Q9SJ44	XP_038970708.1	ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C isoform X1 [Phoenix dactylifera]
			DZ3							DZ		XP_038970714.1	Q9FHM7	XP_038970714.1	hypersensitive-induced response protein 4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ3			HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038970853.1	P21238	XP_038970853.1	ruBisCO large subunit-binding protein subunit alpha [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038970930.1	No hit	XP_038970930.1	uncharacterized protein LOC103696381 [Phoenix dactylifera]
						HA2				HA		XP_038971015.1	Q93Y22	XP_038971015.1	coatamer subunit delta-2-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_038971385.1	P25819	XP_038971385.1	catalase isozyme 2-like [Phoenix dactylifera]
						HA1		HA3			HA	XP_038971513.1	Q7GE23	XP_038971513.1	eukaryotic translation initiation factor 4G-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038971626.1	Q0WW26	XP_038971626.1	coatamer subunit gamma-2-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_038971745.1	Q9SCM3	XP_038971745.1	40S ribosomal protein S2-3-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4		HA		XP_038972113.1	Q9M1X0	XP_038972113.1	ribosome-recycling factor, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_038972557.1	No hit	XP_038972557.1	uncharacterized protein LOC103723908 [Phoenix dactylifera]

				DZ3						DZ		XP_038972681.1	Q9SF87	XP_038972681.1	polygalacturonase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	EN	DZ	HA	XP_038972725.1	Q9ZP06	XP_038972725.1	malate dehydrogenase, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
							HA3				HA	XP_038973019.1	P92523	XP_038973019.1	uncharacterized protein LOC120105044 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038973033.1	Q9FM9R	XP_038973033.1	ruvB-like 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1						HA	XP_038973624.1	Q9LP77	XP_038973624.1	probable inactive receptor kinase RLK902 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038974061.1	P31265	XP_038974061.1	translationally-controlled tumor protein homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]
		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038974174.1	Q9FX54	XP_038974174.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038974340.1	No hit	XP_038974340.1	endoplasmic reticulum metalloproteinase 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038974386.1	P59224	XP_038974386.1	putative calmodulin-like protein 2 isoform X2 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_038974531.1	Q9C977	XP_038974531.1	pentatricopeptide repeat-containing protein AT1g80270, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038974681.1	Q8VZJ2	XP_038974681.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038974849.1	P50699	XP_038974849.1	thaumatin-like protein [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038974904.1	F419T0	XP_038974904.1	BEACH domain-containing protein B isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_038974925.1	No hit	XP_038974925.1	uncharacterized protein LOC120106113 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		DZ	HA	XP_038975019.1	Q9M099	XP_038975019.1	serine carboxypeptidase 24-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_038975332.1	Q9FMR0	XP_038975332.1	peroxidase 60 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038975456.1	Q9FJZ3	XP_038975456.1	putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2		HA4			HA	XP_038975477.1	Q8LE52	XP_038975477.1	probable glutathione S-transferase DHAR2, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2					HA	XP_038975766.1	O22467	XP_038975766.1	WD-40 repeat-containing protein MS1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1		EN3							EN			XP_038976022.1	P26569	XP_038976022.1	LOW QUALITY PROTEIN: histone H1-like [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2						EN	DZ		XP_038976190.1	Q9FMX7	XP_038976190.1	nicotinamide 2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_038976249.1	B9DH00	XP_038976249.1	tubulin alpha-1 chain-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038976307.1	Q42539	XP_038976307.1	protein-L-isoaspartate O-methyltransferase-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038976411.1	P42791	XP_038976411.1	60S ribosomal protein L18-2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038976685.1	Q9M519	XP_038976685.1	polygalacturonase inhibitor-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038977149.1	Q9C9C6	XP_038977149.1	60S ribosomal protein L6-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038977304.1	Q8VY57	XP_038977304.1	ADP-ribosylation factor-like protein 8a isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038977337.1	No hit	XP_038977337.1	nodal modulator 1-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038977420.1	Q8VZJ2	XP_038977420.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038977727.1	Q8LV73	XP_038977727.1	probable methyltransferase PMT26 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038977742.1	Q56WN1	XP_038977742.1	glutamine synthetase nodule isozyme-like [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4			HA	XP_038978180.1	Q9C681	XP_038978180.1	probable histone H2A.3 [Phoenix dactylifera]
					HA1		HA3	HA4			HA	XP_038979104.1	Q39214	XP_038979104.1	disease resistance protein RPM1-like [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2						EN	DZ		XP_038979595.1	Q8VY50	XP_038979595.1	probable cysteine protease RD19D [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038980410.1	Q9LVM0	XP_038980410.1	probable inactive receptor kinase At5g58300 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3				HA	XP_038980569.1	Q9LPJ4	XP_038980569.1	cytochrome P450 71A1-like [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038980654.1	Q9LFR7	XP_038980654.1	probable carboxylesterase 17 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038980692.1	Q9MA55	XP_038980692.1	acyl-CoA-binding domain-containing protein 6 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
		EN3					HA3	HA4	EN		HA	XP_038981298.1	Q7Y228	XP_038981298.1	probable glutamate carboxypeptidase LAMP1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038981310.1	P93834	XP_038981310.1	hexokinase-2-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_038981612.1	O24456	XP_038981612.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038981738.1	P58223	XP_038981738.1	RNA-binding KH domain-containing protein RCF3-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
		EN3							EN			XP_038981794.1	No hit	XP_038981794.1	uncharacterized protein LOC103706569 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038981823.1	P25853	XP_038981823.1	beta-amylase-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038981950.1	Q9SU40	XP_038981950.1	L-ascorbate oxidase homolog [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038981965.1	Q9FPT1	XP_038981965.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12-like isoform X3 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038981992.1	O49447	XP_038981992.1	ADP-ATP carrier protein 1, mitochondrial-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038981999.1	Q9LDA7	XP_038981999.1	probable protein phosphatase 2C 62 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038982092.1	Q96250	XP_038982092.1	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038982416.1	Q9ZUC1	XP_038982416.1	2-haloacrylate reductase [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038982764.1	No hit	XP_038982764.1	phosphomannomutase/phosphoglucosyltransferase-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038982773.1	Q9SIB9	XP_038982773.1	aconitate hydratase, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038982865.1	Q6DBP4	XP_038982865.1	pectin acetyltransferase 7-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	EN	DZ	HA	XP_038983422.1	Q8LW78	XP_038983422.1	alpha-L-fucosidase 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3					EN	DZ		XP_038983428.1	Q8LW78	XP_038983428.1	alpha-L-fucosidase 2-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
				DZ3						DZ		XP_038983612.1	O81030	XP_038983612.1	probable L-gulonolactone oxidase 4 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2								EN			XP_038984082.1	Q8W4M5	XP_038984082.1	pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038984093.1	No hit	XP_038984093.1	protein MEMO1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038984134.1	P40941	XP_038984134.1	ADP-ATP carrier protein 1, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038984259.1	F41116	XP_038984259.1	LOW QUALITY PROTEIN: leucine--tRNA ligase, cytoplasmic-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038984263.1	O82616	XP_038984263.1	fructokinase-2-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038984330.1	Q9FHR8	XP_038984330.1	delta(3,5)-Delta(2,4)-dienoyl-CoA isomerase, peroxisomal [Phoenix dactylifera]
		EN3							EN			XP_038984332.1	No hit	XP_038984332.1	cilia- and flagella-associated protein 251-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3							EN			XP_038984565.1	Q9C999	XP_038984565.1	protein PIN-LIKES 2 [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038984810.1	Q8GYT0	XP_038984810.1	elongation factor 1-alpha-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_038984814.1	Q9SYT0	XP_038984814.1	annexin D2 [Phoenix dactylifera]
					HA1			HA4			HA	XP_038985036.1	Q588V7	XP_038985036.1	helicase and polymerase-containing protein TEBICHI isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038985362.1	Q9LP45	XP_038985362.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 11 homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038985451.1	Q9FLG1	XP_038985451.1	beta-glucosidase BoGH3B-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_038985538.1	Q9MAH0	XP_038985538.1	LOW QUALITY PROTEIN: SCAR-like protein 2 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2		DZ2	DZ3					EN	DZ		XP_038985551.1	Q9ZUN4	XP_038985551.1	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase 1-like [Phoenix dactylifera]
	EN2			DZ3					EN	DZ		XP_038985582.1	Q93ZG7	XP_038985582.1	LOW QUALITY PROTEIN: DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 38 [Phoenix dactylifera]
				DZ3			HA3	HA4	DZ	HA		XP_038985664.1	Q9LTT9	XP_038985664.1	enhancer of mRNA-decapping protein 4-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4			HA	XP_038985673.1	No hit	XP_038985673.1	myosin-9-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3							EN			XP_038985825.1	Q8GV79	XP_038985825.1	double-stranded RNA-binding protein 3-like [Phoenix dactylifera]
					HA1	HA2	HA3	HA4			HA	XP_03898595			

						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038987460.1	P52410	XP_038987460.1	LOW QUALITY PROTEIN: 3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase I, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
						HA1		HA3	HA4		HA	XP_038987566.1	Q95U34	XP_038987566.1	36.4 kDa proline-rich protein-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3		DZ3						EN	DZ	XP_038987880.1	Q9C5U8	XP_038987880.1	histidinol dehydrogenase, chloroplastic isoform X1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN		XP_038987989.1	O49485	XP_038987989.1	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
	EN2									EN		XP_038988416.1	Q9LHT0	XP_038988416.1	noroxomaritidine/norcroaginsodine reductase-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_038988448.1	O22263	XP_038988448.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable protein disulfide-isomerase A6 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_038988634.1	Q9FJY7	XP_038988634.1	pentatricopeptide repeat-containing protein At5g66520-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3								EN		XP_038988804.1	Q95D53	XP_038988804.1	UPF0481 protein At3g47200-like [Phoenix dactylifera]
						HA1					HA	XP_038988815.1	Q95D53	XP_038988815.1	UPF0481 protein At3g47200-like [Phoenix dactylifera]
							HA3	HA4			HA	XP_038988855.1	No hit	XP_038988855.1	putative methyltransferase DDB G0268948 [Phoenix dactylifera]
						HA2					HA	XP_038988947.1	P46309	XP_038988947.1	glutamate--cysteine ligase A, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_038988997.1	A7WM73	XP_038988997.1	beta-hexosaminidase 1 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2									EN		XP_038989018.1	Q9Z5K3	XP_038989018.1	actin-depolymerizing factor 7 isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038989297.1	Q9SH69	XP_038989297.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1, chloroplastic-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3				HA	XP_038989682.1	No hit	XP_038989682.1	probable aspartyl aminopeptidase isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2	HA3	HA4			HA	XP_038989689.1	Q9LZC3	XP_038989689.1	malate synthase, glyoxysomal [Phoenix dactylifera]
						HA1	HA2	HA3	HA4		HA	XP_038989867.1	Q941L3	XP_038989867.1	uncharacterized protein LOC103708117 [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3				HA2				EN	HA	XP_038990014.1	No hit	XP_038990014.1	LOW QUALITY PROTEIN: erlin-2-B-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	XP_038990165.1	Q9FE06	XP_038990165.1	protein EXORDIUM-like 2 [Phoenix dactylifera]
											HA4	XP_038990172.1	Q9SY69	XP_038990172.1	pentatricopeptide repeat-containing protein At1g10270 [Phoenix dactylifera]
	EN2		DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_038990232.1	P49243	XP_038990232.1	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase III, chloroplastic-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	EN	DZ	HA	XP_038990372.1	Q957E4	XP_038990372.1	formate dehydrogenase, mitochondrial [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3						EN	DZ	XP_038990384.1	Q9SR15	XP_038990384.1	tryptophan--tRNA ligase, cytoplasmic-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]
						HA2		HA4			HA	XP_038990403.1	F4HZQ7	XP_038990403.1	growth-regulating factor 6-like [Phoenix dactylifera]
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	EN	DZ	HA	YP_009315990.1	P92549	YP_009315990.1	ATPase subunit 1 (mitochondrion) [Cocos nucifera]

APÊNDICE B- LISTA DE ABREVIATURAS PARA TABELA S2	
Categoria GO	
Catalytic activity	CA
hydrolase activity	Hac
transporter activity	Tac
Carbohydrate binding	CB
lipid binding	LB
protein binding	PB
transferase activity	TrAc
Cell Wall	CW
Extracellular region	ExR
vacuole	VA
plastid	PL
signaling	SI
cell communication	CC
cell death	CD
biosynthetic process	BP
transport	TR
carbohydrate metabolic process	CM
protein metabolic process	PM
lipid metabolic process	LM
photosynthesis	FT
embryo development	ED
protein modification process	PMP
translation	TL
Pathway	
Glyoxylate and dicarboxylate metabolism	GD
Fatty acid elongation	FE
Fatty acid biosynthesis	FB
Fatty acid degradation	FD
Fructose and mannose metabolism	FMM
Galactose metabolism	GM
Starch and sucrose metabolism	SS
Amino sugar and nucleotide sugar metabolism	AMS
N-Glycan biosynthesis	N-GB
Other types of O-glycan biosynthesis	OB
O-Antigen nucleotide sugar biosynthesis	O-NB
Other glycan degradation	O-GD
Aminoacids Metabolism	AM

[illegible]

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					A0A178VQ77	Q9SLG9	A0A178VQ77	Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At2g38410 PE=4 SV=1							PB																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																				
-----	-----	-----	-----	-----	--	--	--	--	------------	--------	------------	--	--	--	--	--	--	--	----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001658.1-1	No_hit	XP_010926970.1	uncharacterized protein LOC105049109	Hac	CB								CM	LM						0.0000	78.95							GM							O-GD		
EN1									GFLX01001700.1-1	Q9SR52	XP_008807553.2	urease isoform X1 [Phoenix dactylifera]	Hac																0.0000	89.41																
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001752.1	Q9SAK4	XP_038978752.1	succinate-semialdehyde dehydrogenase, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]	CA								BP			ED					0.0000	65.42		GG			FD									AM		
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2			GFLX01001767.1-2	No_hit	XP_008796738.2	uncharacterized protein LOC103712110 isoform X4 [Phoenix dactylifera]																																		
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3					GFLX01001775.1-2	No_hit	XP_010917955.2	LOW QUALITY PROTEIN: putative phosphatidylglycerol/phosphatidylinositol transfer protein DDB_G0278295 [Elaeis guineensis]			LB				VA			TR						0.0000	69.63																	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001795.1	Q9FZH5	XP_010926023.1	mannose-6-phosphate isomerase 2 isoform X1	CA								BP	CM			ED	PMP			0.0000	76.95					FMM			AMS								
EN1	EN2		D22	DZ3					GFLX01001868.1-2	O22190	XP_010914349.1	probable indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.6 [Elaeis guineensis]	CA									BP							0.0000	59.74																
EN1	EN2								GFLX01001987.1-2	Q9SU40	XP_010906622.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]	CA					CW	ExR	VA								0.0000	77.34																	
EN1									GFLX01002015.1-1	O22467	XP_010935135.1	histone-binding protein MS11 [Elaeis guineensis]				PB					BP				ED			0.0000	73.85																	
					HA2	HA2	HA3	HA4	GFLX01002087.1-1	No_hit	XP_010921586.1	polyphenol oxidase, chloroplastic	CA																																	
					HA2	HA3	HA4		GFLX01002187.1	Q9LVY5	KAG1330606.1	actin-interacting protein 1-2				PB													0.0000	78.04																
EN1					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01002251.1-2	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]	Hac						VA				PM					0.0000	85.56																	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01002333.1	Q9SSF9	KAG1347531.1	pentatricopeptide repeat-containing protein														TL	0.0000	67.56																		
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01002336.1-2	Q9GS20	XP_008785855.1	peroxidase 12 [Phoenix dactylifera]	CA					CW	ExR	VA				LM				0.0000	69.5																	
									GFLX01002377.1-2	No_hit	XP_026660347.2	protein DOG1-like 3																																		
		EN3	D22	DZ3					GFLX01002429.1	O48724	XP_038985997.1	protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT 1-like [Phoenix dactylifera]				PB													0.0000	71.03																
EN1	EN2								GFLX01002634.1	Q1KPVO	XP_010927024.1	probable transmembrane GTPase FZO-like, chloroplastic isoform X3 [Elaeis guineensis]	CA			PB						CD						0.0000	81.89																	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01002704.1-1	No_hit	KAG1347659.1	hypothetical protein COCNU_06G014880				PB		CW				BP	CM		ED			0.0000	76.52																	
EN1									GFLX01002791.1	Q9SU50	KAG1354575.1	Trehalase [Cocos nucifera]	Hac									CM						0.0000	81.7							SS										
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01003186.1	Q9SAK4	XP_008786766.1	uncharacterized protein LOC103704993 [Phoenix dactylifera]	CA												ED			0.0000	73.2																AM	
	EN2	EN3		DZ3					GFLX01003575.1-2	Q0WP44	XP_019701762.1	protein HASTY 1 isoform X2 [Elaeis guineensis]				PB							TR					0.0000	78.83																	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01004519.1-2	No_hit	XP_010921586.1	polyphenol oxidase, chloroplastic																																		
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3					GFLX01004749.1-1	O23404	KAG1327811.1	Pyruvate, phosphate dikinase [Cocos nucifera]												FT				0.0000	87.61			GG														
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3					GFLX01004812.1	No_hit	XP_008812718.2	MICOS complex subunit MIC60-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]			LB	PB												0.0000	79.53																	
	EN2	EN3							GFLX01004914.1-2	Q93ZM7	XP_010925013.1	chaperonin CPN60-like 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]			PB			ExR	VA								0.0000	79.61																		
							HA4		GFLX01004973.1-1	O22467	XP_008060593.1	histone-binding protein MS11-like			PB										ED			0.0000	62.68																	
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005095.1-1	Q39043	XP_010918502.1	luminal-binding protein 4 isoform X2 [Elaeis guineensis]	Hac			PB		CW	VA					PM			0.0000	87.52																		
						HA2		HA4	GFLX01005101.1	Q94835	XP_010909277.1	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase, chloroplastic isoform X1	CA		CB							CD	BP			LM			0.0000	83.73																
		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005105.1-1	Q9LZH9	XP_010926689.1	60S ribosomal protein L7a-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]				PB			VA									0.0000	95.17																	
					HA1	HA2	HA3		GFLX01005106.1-1	Q42589	XP_038980837.1	non-specific lipid-transfer protein 1-like			LB	PB		CW	ExR				BP	TR				0.0000	64																	
EN1	EN2	EN3	D22		HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005114.1-1	No_hit	ACF06473.1	light-inducible protein ATL51 [Elaeis guineensis]																0.0000	81.18																	
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2		HA4	GFLX01005115.1	P24704	XP_010938694.1	superoxide dismutase [Cu-Zn] [Elaeis guineensis]	CA			PB			ExR	VA							0.0000	77.22																		
				DZ3					GFLX01005116.1-2	Q9C8G5	XP_008784823.2	CSC1-like protein ERD4 [Phoenix dactylifera]		Tac					VA								0.0000	59.58																		
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3					GFLX01005117.1-1	P56820	KAG1367989.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit D [Cocos nucifera]														TL	0.0000	87.15																		
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005118.1-2	Q6DBP4	XP_038979839.1	pectin acetyltransferase 8-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	Hac			PB		CW	ExR								0.0000	75.26																		
EN1	EN2								GFLX01005123.1	O04486	XP_008788335.1	ras-related protein RABA2a-like [Phoenix dactylifera]	Hac			PB			VA				TR		FT		0.0000	83.56																		
EN1				DZ3					GFLX01005128.1-1	Q9SUQ8	XP_008794746.2	disease resistance response protein 206 [Phoenix dactylifera]				PB						BP	TR				0.0000	64.38																		
				D22					GFLX01005130.1-2	No_hit	XP_038981201.1	putative methyltransferase DDB_G0268948 [Phoenix dactylifera]					TrAc										0.0000	70.06																		
EN1		EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005133.1-2	P42798	XP_029123920.1	40S ribosomal protein S15a isoform X1 [Elaeis guineensis]						CW	VA						TL	0.0000	89.93																			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005135.1-1	Q859J6	XP_010928184.2	aspartyl protease family protein At5g10770	Hac						ExR						PM		0.0000	56.67																		

EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005136.1	Q0WM29	XP_010933526.1	methylmalonate-semialdehyde dehydrogenase [acylating], mitochondrial [Elaeis guineensis]					PB	TrAc		VA					CM				TL	0.0000	94.1												AM
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005137.1-1	O65396	XP_010909941.1	aminomethyltransferase, mitochondrial						PB	TrAc											0.0000	87.88												AM
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005139.1	Q8VWG7	KAG1362449.1	FAM10 family protein [Cocos nucifera]	Hac					PB									PMP		0.0000	69.67													
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005140.1	Q8LGG8	XP_010921785.1	universal stress protein A-like protein isoform X1 [Elaeis guineensis]																		0.0000	58.69												
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005142.1-2	Q9LN4E	XP_010930218.1	fructokinase-1												BP	CM	LM				0.0000	79.32	GG			FMM	GM	SS	AMS					
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005146.1-1	Q9XI0I	XP_008790218.2	protein disulfide-isomerase-like [Phoenix dactylifera]	CA				PB			VA								FT ED		0.0000	62.55												
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005148.1	No_hit	XP_008781198.2	LOW QUALITY PROTEIN: uncharacterized protein LOC103701039								VA										0.0000	62.53												
EN1		EN3	D22	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005152.1-1	Q9LIP5	XP_010929928.1	cytochrome P450 71A1 [Elaeis guineensis]	CA																	0.0000	64.46												
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005153.1-1	Q9FJA6	XP_010940806.1	40S ribosomal protein S3-3 isoform X1								VA								TL	0.0000	94.18													
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005155.1-1	Q8LDP4	XP_008797942.2	peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP20-1 isoform X2 [Phoenix dactylifera]	CA				PB			ExR								PMP	0.0000	81.83													
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005156.1	Q96321	KAG1365276.1	importin subunit alpha-1b [Cocos nucifera]					PB			CW						TR				0.0000	85.29												
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005157.1-2	Q94J50	XP_008776970.1	cytochrome b-c1 complex subunit Rieske-4, mitochondrial-like	CA	Tac												TR				0.0000	83.77												
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005159.1-2	Q9C524	XP_010932642.1	probable fructokinase-6, chloroplastic													BP	CM	LM			0.0000	81.81	GG			FMM	GM	SS	AMS					
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005160.1-1	Q9SFH9	XP_019711227.1	delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloroplastic isoform X2	CA											BP					0.0000	82.08												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3		HA2	HA3		GFLX01005162.1-1	O81148	XP_010906897.1	proteasome subunit alpha type-4 [Elaeis guineensis]					PB			VA							PM			0.0000	71.25												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005163.1	Q9MAH3	XP_008783896.2	protein DJ-1 homolog B-like [Phoenix dactylifera]						TrAc								BP			PMP	0.0000	76.92												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005165.1-2	Q9C9C5	KAG1327253.1	60S ribosomal protein L6 [Cocos nucifera]																	TL	0.0000	84.71												
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	GFLX01005166.1-2	Q9LFU5	XP_010937961.1	probable tRNA [guanine(26)-N(2)]-dimethyltransferase 2 [Elaeis guineensis]					PB	TrAc	CW											0.0000	82.51												
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005167.1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like					PB											PM		0.0000	72.28												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005172.1	Q84WU0	KAG1368772.1	O-fucosyltransferase 36 [Cocos nucifera]					PB	TrAc		ExR	VA				BP	CM			PMP	0.0000	73.91											OB	
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005173.1-2	P15456	XP_008794577.1	glutelin type-D 1-like [Phoenix dactylifera]	CA																	0.0000	62												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005174.1	Q9LMA1	XP_019709484.1	probable flavin-containing monooxygenase 1 [Elaeis guineensis]	CA												CD	BP				0.0000	58.09												
EN1			D22	DZ3					GFLX01005175.1-1	No_hit	XP_010927633.1	basic leucine zipper and W2 domain-containing protein 2 [Elaeis guineensis]					PB													0.0000	91												
EN1	EN2		D22	DZ3					GFLX01005178.1-2	Q9LIK0	XP_010935910.1	pyruvate kinase isozyme A, chloroplastic [Elaeis guineensis]													BP	CM	LM			0.0000	62.52	GG											
					HA2	HA3	HA4		GFLX01005179.1-1	Q9FIF3	ACF06617.1	ACF06617.140S ribosomal protein S8					PB		CW										TL	0.0000	88.03												
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005182.1	P34788	XP_010932756.1	40S ribosomal protein S18 [Elaeis guineensis]	Hac				PB		CW	VA						LM			TL	0.0000	83.09												
	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005183.1-1	O64518	XP_010926867.1	metacaspase-5 [Elaeis guineensis]	Hac							ExR					CD		PM			0.0000	68.25												
					HA2			HA4	GFLX01005184.1-2	Q42551	XP_038982616.1	SUMO-conjugating enzyme SCE1-like					PB	TrAc										ED	PMP	0.0000	57.96												
EN1	EN2	EN3							GFLX01005189.1	Q8LAN3	XP_010912106.1	probable prolyl 4-hydroxylase 4 [Elaeis guineensis]	CA			CB													PMP	0.0000	78.05												AM
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005192.1-2	No_hit	KAG1369675.1	hypothetical protein COCNU_15G000410								CW	VA									0.0000	69.06												AM
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005199.1-2	Q9FWA3	XP_010933404.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Elaeis guineensis]	CA				PB									CM				0.0000	89.63												
						HA2			GFLX01005200.1-1	Q9FIJ4	XP_010909258.1	DNA repair RAD52-like protein 2, chloroplastic																		0.0000	66.84												
EN1	EN2	EN3		DZ3					GFLX01005202.1-1	No_hit	XP_010915111.1	phosducin-like protein 3 [Elaeis guineensis]																		0.0000	81.58												
EN1	EN2		D22	DZ3					GFLX01005203.1	Q39173	XP_019704194.1	2-alkenal reductase (NADP(+)-dependent) [Elaeis guineensis]	CA																	0.0000	80.24												
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005206.1-2	No_hit	KAG1330329.1	Succinate dehydrogenase assembly factor 4, mitochondrial																		0.0000	93.75											O-NB	
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2			GFLX01005214.1-2	Q8H107	XP_010943742.1	dihydrolipoylysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex 1, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]						TrAc											0.0000	63.66												AM	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005215.1-2	Q94CD1	XP_010911881.1	acyl transferase 5						TrAc								BP				0.0000	51.3												
	EN2								GFLX01005216.1-2	Q9M1C7	XP_038975230.1	putative ABC transporter C family member 15 [Phoenix dactylifera]		Tac						ExR	VA	SI			TR				0.0000	74.71													
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005217.1-1	P17745	XP_010906951.1	elongation factor TuA, chloroplastic [Elaeis guineensis]	Hac							CW								TL	0.0000	63.5													
	EN2		D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005219.1	O49453	XP_029123744.1	uncharacterized protein At4g28440 [Elaeis guineensis]																	0.0000	82.42													

EN1	EN2	EN3							GFLX01005226.1-2	Q9SMW7	XP_008793608.1	nascent polypeptide-associated complex subunit beta-like isoform X4 [Phoenix dactylifera]	CA				PB											0.0000	90.62					FMM		AMS								
	EN2								GFLX01005227.1-1	Q9ZW34	XP_029122066.1	cytosolic enolase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	CA								BP		CM						0.0000	72.16	GG													
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005228.1	F4JPR7	KAG1360686.1	plant UBx domain-containing protein 8					PB												0.0000	50.4														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005231.1-1	No_hit	XP_010938342.1	pathogenesis-related protein 1-like [Elaeis guineensis]					LB				SI																							AM
								HA4	GFLX01005235.1-2	Q9C820	XP_008792342.1	ras-related protein Rab7		Hac			PB				VA				TR				0.0000	86.12														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005236.1-2	Q9SPE6	KAG1370088.1	alpha-soluble NSF attachment protein [Cocos nucifera]					PB				VA				TR				0.0000	75.62														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005237.1-2	Q9LR9	XP_038987902.1	peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO5-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	CA						ExR					BP				0.0000	91.11	GD														
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005239.1-1	P9B3B4	XP_010924444.1	hexokinase-2 isoform X2 [Elaeis guineensis]				CB	PB			VA			CD	BP	TR	CM			0.0000	76.16	GG				FMM	GM	SS	AMS				AM		
								HA4	GFLX01005245.1-1	Q8RXN3	XP_010924122.1	phosphoenolpyruvate/phosphate translocator 1, chloroplastic	CA		Tac		PB			VA				TR				FT	ED	0.0000	66.81													
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005250.1-1	Q9ZPI5	XP_010931678.1	glyoxysomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein MFP-a [Elaeis guineensis]	CA							CW				BP				LM			0.0000	64.46				FE		FD				AM		
						HA2	HA3		GFLX01005252.1-2	Q9FH04	XP_008804784.2	alcohol dehydrogenase-like 7 isoform X1	CA																0.0000	75.36		GG				FD						AM		
	EN2	EN3					HA3	HA4	GFLX01005258.1-1	Q7DL51	XP_010930290.1	proteasome subunit beta type-7-B [Elaeis guineensis]		Hac										BP			PM			0.0000	76.78													
	EN2	EN3		DZ3					GFLX01005259.1	No_hit	KAG1331582.1	putative translocon-associated protein subunit beta [Cocos nucifera]									VA								0.0000	80.85														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005260.1-2	Q1WIQ6	XP_010929145.1	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]	CA												CM				0.0000	65.4		GG				FD						AM		
EN1	EN2	EN3							GFLX01005262.1-2	P43333	XP_008788096.2	U2 small nuclear ribonucleoprotein A' [Phoenix dactylifera]					PB												0.0000	86.28													AM	
				DZ3					GFLX01005263.1-2	Q9SHL7	XP_010918910.1	exosome complex exonuclease RRP44 homolog A isoform X2 [Elaeis guineensis]																	0.0000	61.09														
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005264.1	Q9CBF1	XP_010924001.1	eukaryotic translation initiation factor 5					PB												TL	0.0000	73.53													
						HA1	HA2		GFLX01005274.1-1	Q9CF75	KAG1330939.1	nuclear transport factor 2B					PB								TR					0.0000	80.09													
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01005281.1-1	P9Z963	XP_010915456.3	ras-related protein RABB1c [Elaeis guineensis]		Hac			PB				VA				TR				0.0000	72.94														
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005282.1-1	Q8W496	XP_038972135.1	protochlorophyllide-dependent translocon component 52, chloroplastic-like isoform X1	CA																0.0000	61.3														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005283.1	No_hit	XP_010922391.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]		Hac												PM			0.0000	91.75													AM	
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005288.1	Q9C8Y1	XP_010925997.1	probable calcium-binding protein CML18							VA									0.0000	68.2														
						HA2	HA3		GFLX01005289.1-2	Q8LAZ7	XP_010929274.1	COP9 signalosome complex subunit 5a		Hac			PB							BP		CM			PMP	0.0000	78.23													
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005292.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]							TrAc	CW		VA	PL			CM			0.0000	85.87							SS							
EN1		EN3							GFLX01005293.1-1	O22707	XP_010917618.1	probable aldo-keto reductase 1 [Elaeis guineensis]	CA													CM			0.0000	74.87													AM	
				DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005294.1-2	Q9XE51	XP_010937744.1	calcium-transporting ATPase 4, endoplasmic reticulum-type [Elaeis guineensis]			Tac									TR				0.0000	78.63														
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005299.1-2	Q8W034	XP_038978408.1	heterogeneous nuclear ribonucleoprotein 1-like																0.0000	73.35														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005300.1-1	Q9LZ82	XP_010924497.1	far upstream element-binding protein 1 [Elaeis guineensis]																	0.0000	60.39														
								HA4	GFLX01005302.1-2	Q9C8L4	XP_010904876.1	persulfide dioxygenase ETHE1 homolog, mitochondrial isoform X1		Hac														ED	0.0000	66.55														
				DZ2	DZ3				GFLX01005305.1-2	Q8LB47	KAG1326553.1	GrpE protein [Cocos nucifera]					PB												0.0000	77.64														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005308.1	Q70DU8	XP_010930724.1	aldehyde dehydrogenase family 3 member H1 [Elaeis guineensis]	CA								VA				BP		CM		LM	0.0000	71.26		GG				FD						AM	
							HA2		GFLX01005316.1	Q9LX90	XP_010917314.1	polyadenylate-binding protein 2 isoform X1					PB				VA								0.0000	81.47														
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005317.1-1	Q84VWV1	XP_010925482.1	T-complex protein 1 subunit gamma		Hac			PB											0.0000	59.34														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005319.1-1	O80934	XP_010922296.1	uncharacterized protein At2g37660, chloroplastic [Elaeis guineensis]	CA						ExR	VA									0.0000	72.14														
EN1	EN2								GFLX01005320.1-2	Q940H6	KAG1347932.1	Serine/threonine-protein kinase SAPK10 [Cocos nucifera]					LB	PB								BP	TR	CM		LM			PMP	0.0000	88.44									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005322.1	Q8VYF5	XP_010943828.1	N-carbamoylputrescine amidase [Elaeis guineensis]		Hac												BP				0.0000	60.25												AM	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01005323.1-2	P31414	XP_010928300.1	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump [Elaeis guineensis]		Hac	Tac						VA					TR	CM			0.0000	70.34													
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005330.1-1	No_hit	XP_008797756.2	uncharacterized protein LOC103712852 [Phoenix dactylifera]																	0.0000	65.86														
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005332.1-1	Q9STX5	KAG1359417.1	endoplasmic [Cocos nucifera]		Hac			PB		CW	ExR	VA					TR			0.0000	69.87														

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022161.1-2	P59224	XP_010941042.1	40S ribosomal protein S13 isoform X2 [Elaeis guineensis]				CW						TL	0.0000	93.19								
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022164.1	Q8GUN2	XP_010922940.1	14 kDa zinc-binding protein		Hac								0.0000	82.91									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022169.1-1	Q9FKK7	XP_008796227.1	xylase isomerase isoform X1 [Phoenix dactylifera]	CA				VA			CM		0.0000	91.4				FMM					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022172.1-1	Q9LHG9	XP_010938678.1	nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein 1 [Elaeis guineensis]	CA			PB			TR		0.0000	84.74										
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022175.1-2	Q96323	XP_010934075.1	leucoanthocyanidin dioxygenase		Hac	CB	PB				BP		0.0000	71.15										
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022176.1-1	P59232	XP_019710496.1	ubiquitin-40S ribosomal protein S27a [Elaeis guineensis]				PB					PMP	TL	0.0000	98.27								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022179.1	No_hit	XP_010907983.1	phosphatidylglycerol/phosphatidylinositol transfer protein [Elaeis guineensis]					VA			TR		0.0000	65.86									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				GFLX01022183.1	O65390	XP_010909333.1	aspartic proteinase [Elaeis guineensis]		Hac						PM	LM	0.0000	75.69									
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022185.1-1	Q9ZRD6	XP_008785824.1	VAMP-like protein YKT61 [Phoenix dactylifera]								TR		0.0000	77.39									
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022187.1-2	P53492	XP_019706201.1	actin-101 isoform X1				PB				TR		0.0000	98.26									
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022205.1	Q9A1A6	XP_010927863.1	succinate dehydrogenase subunit 6, mitochondrial						VA	PL			0.0000	59.54										
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022218.1-1	Q9SV20	XP_029121602.1	coatomer subunit beta-1								TR		0.0000	95.45										
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022245.1-2	Q38936	XP_010905155.1	FK506-binding protein 2 [Elaeis guineensis]	CA		LB	PB		VA			PMP	0.0000	67.79									
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022247.1-1	Q9FME2	KAG1370077.1	ras GTPase-activating protein-binding protein 1				PB					0.0000	70.14										
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022250.1-2	O80845	XP_010933889.1	peroxisomal membrane protein 11-5 [Elaeis guineensis]				PB					0.0000	89.93										
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022251.1-1	No_hit	XP_010940244.1	uncharacterized protein LOC105058883									0.0000	66.08										
						HA3	HA4	GFLX01022270.1	Q9SKP6	XP_010935053.1	triosephosphate isomerase, chloroplastic	CA				CW	ExR	VA		BP	CM	LM	FT	0.0000	83.96		GG		FMM			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022273.1	P49227	XP_008791818.1	60S ribosomal protein L5-like [Phoenix dactylifera]					VA					TL	0.0000	87.88								
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022278.1	Q9FIJ2	XP_008799309.2	60S ribosomal protein L26-2-like pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha-like [Phoenix dactylifera]				PB		VA				TL	0.0000	91.89									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022280.1-2	Q9C9K3	XP_008775478.1	glutathione S-transferase F12-like				PB	TrAc	CW	ExR	VA	BP		0.0000	66.14								
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022283.1-2	Q96324	XP_038971323.1	mitochondrial import receptor subunit TOM20				PB	TrAc	CW	ExR	VA	BP		0.0000	67.01									
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022285.1	P82873	XP_010914427.1	caffeoyl-CoA O-methyltransferase		Tac		PB		VA		TR		0.0000	67.01										
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022286.1	O49499	XP_008799011.2	glutathione S-transferase zeta class [Elaeis guineensis]				TrAc				BP		PMP	0.0000	75.06								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022287.1-1	Q9ZVQ3	XP_010930358.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Elaeis guineensis]				PB	TrAc					0.0000	66.26									AM
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022290.1-2	Q9FX54	XP_010911739.2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Elaeis guineensis]	CA			PB		CW		BP	CM	0.0000	89.05		GG							
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022291.1-1	Q9SAJ4	XP_010936568.1	phosphoglycerate kinase 3, cytosolic [Elaeis guineensis]					CW	ExR	VA	BP	CM	LM	FT	PMP	0.0000	92.6		GG				
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022292.1-1	O04499	XP_019708948.1	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase [Elaeis guineensis]	CA							CM		0.0000	91.8									
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022293.1-1	O04204	KAG1365042.1	60S acidic ribosomal protein P0				PB						TL	0.0000	89.32								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022295.1-2	O65390	XP_008797519.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like [Phoenix dactylifera]		Hac			ExR				PM	LM	0.0000	81.01								
					HA2	HA3			GFLX01022296.1-1	Q9LFD5	XP_010937070.1	binding partner of ACD11 1 isoform X2				PB				CD		0.0000	62.19									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022299.1-2	P92963	XP_010912183.1	ras-related protein RABBIc [Elaeis guineensis]		Hac		PB		VA		TR		0.0000	73.48									
			DZ2	DZ3					GFLX01022326.1-1	O65355	XP_008792313.1	gamma-glutamyl hydrolase 2-like [Phoenix dactylifera]		Hac			CW	ExR	VA		PM		0.0000	76.72								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022340.1-2	Q9SIQ9	XP_010932289.1	fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic [Elaeis guineensis]	CA				CW	ExR		BP	CM		0.0000	88.34		GG		FMM				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022342.1-2	P51414	XP_008782300.1	60S ribosomal protein L26-1-like [Phoenix dactylifera]				PB		VA				TL	0.0000	93.9								
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022343.1-2	P40941	XP_010913950.1	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial		Tac		PB		CW	VA		TR		0.0000	82.03									
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01022347.1	P49211	KAG1347974.1	60S ribosomal protein L32-1 [Cocos nucifera]										TL	0.0000	91.35								
					HA2	HA3	HA4	GFLX01022348.1	Q9SRM5	XP_008800894.2	GDSL esterase/lipase CPRD49-like		Hac				ExR				LM		0.0000	66.4								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022352.1-1	Q8S8Q6	CBM36628.1	unnamed protein product [Elaeis guineensis]										0.0000	71.97									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022357.1-2	P25696	XP_038972413.1	enolase [Phoenix dactylifera]	CA							BP	CM		0.0000	81.16		GG						
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022360.1-1	P51102	XP_010926084.1	dihydroflavonol 4-reductase	CA			PB				BP		LM	0.0000	76.08								
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022362.1	Q94BT9	XP_019702688.1	copper transport protein ATX1 isoform X4 [Elaeis guineensis]				PB				TR		0.0000	77.44									
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01022363.1-1	No_hit	XP_010923339.2	uncharacterized protein LOC105046447 [Elaeis guineensis]					VA					0.0000	61.73									
EN1		EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022369.1-2	Q9FIJ2	XP_010926118.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1 [Elaeis guineensis]		Hac			ExR			CM		0.0000	70.41				FMM				O-GD	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022371.1-2	O22707	XP_010929910.2	probable aldo-keto reductase 2	CA							CM		0.0000	88.6				FMM					

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

EN1			DZ3					Q8LAR5	Q00218	Q8LAR5	Phospho-2 dehydro-3 deoxyheptonate aldolase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1					PB	TrAc																	AM			
EN1		EN3						Q8S307	Q8S307	Q8S307	Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=BZR1 PE=1 SV=1					PB	TrAc		VA																		
						HA2	HA3	HA4		Q8VZB7	No_hit	Q8VZB7	Uncharacterized protein At3g57790;F1588.20 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g57790 PE=2 SV=1		Hac			CW	VA					CM													
EN1	EN2		DZ3						Q8VZG1	Q8VZG1	Q8VZG1	Diacylglycerol kinase 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=DGK3 PE=1 SV=1					PB							LM													
		EN2	DZ2	DZ3					Q8VZM5	Q8VZM5	Q8VZM5	CSC1-like protein At4g15430 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g15430 PE=2 SV=1			Tac				ExR					TR													
						HA1	HA2	HA3	HA4	Q8W206	Q8W206	Q8W206	COP9 signalosome complex subunit 6a OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CSN6A PE=1 SV=2		Hac			PB							PMP	0.0000	68.43										
		EN2	DZ2						Q93VF1	No_hit	Q93VF1	Eukaryotic translation initiation factor 4C OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1														TL	0.0000	98.3									
EN1	EN2	EN3							Q93W23	Q9SRE5	Q93W23	At1g63720/F24D7_9 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g63720 PE=2 SV=1															0.0000	62.28									
			EN3	DZ3					Q940F6	P42770	Q940F6	Glutathione reductase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=T5N23.2 PE=2 SV=1		CA										BP	CM				0.0000	64.05							
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	Q945U1.1	Q9FY65	Q945U1.1	RecName: Full=40S ribosomal protein S15					PB			VA						TL	0.0000	90.23									
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	Q94JQ4	Q94JQ4	Q94JQ4	Reactive Intermediate Deaminase A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RIDA PE=1 SV=1		Hac						VA				BP				0.0000	100								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				Q9CAI7	No_hit	Q9CAI7	PLAC8 family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g63830 PE=1 SV=1															0.0000	89.77									
			EN3	DZ2					Q9FE65	Q9FE65	Q9FE65	60S ribosomal protein L34-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPL34B PE=3 SV=1								VA						TL	0.0000	97.52									
						HA2		HA4	Q9FHA7	Q9FHA7	Q9FHA7	Transcription factor HEC1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HEC1 PE=1 SV=1					PB			ExR				BP	TR			0.0000	85.77								
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					Q9FIK9	No_hit	Q9FIK9	Gb AAF20218.1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT5g48610 PE=4 SV=1															0.0000	96.37									
EN1									Q9FKS0	Q9FKS0	Q9FKS0	Uridine kinase-like protein 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UKL1 PE=1 SV=1												BP	CM			0.0000	88.13								
						HA2	HA3	HA4	Q9FKT3	Q9FKT3	Q9FKT3	Ubiquitin-conjugating enzyme E2 30 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UBC30 PE=1 SV=1					PB								PMP	0.0000	94.01										
			EN2						Q9FL07	Q9FL07	Q9FL07	RING-H2 finger protein ATL46 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=ATL46 PE=2 SV=1					PB	TrAc							ED	PMP	0.0000	61.04									
EN1	EN2	EN3							Q9FLA3	Q9FLA3	Q9FLA3	Putative FBD-associated F-box protein AT5g44940 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT5g44940 PE=4 SV=2		Hac			PB	TrAc									0.0000	74.23									
EN1	EN2								Q9FMH8	Q9FMH8	Q9FMH8	Probable cysteine protease RD21B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RD21B PE=1 SV=1		Hac			PB			ExR					PMP	0.0000	79.75										
						HA2	HA3	HA4	Q9FT59	Q9FVR6	Q9FT59	Uncharacterized protein AT5g10730 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT5g10730 PE=4 SV=1		Hac										BP			PMP	0.0000	80.03								
						HA2			Q9FY65	Q9FY65	Q9FY65	40S ribosomal protein S15-3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RPS15C PE=2 SV=1					PB			VA						TL	0.0000	96.65									
						HA2	HA3	HA4	Q9LG29	F4J7S8	Q9LG29	F14J16.8 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=4 SV=1															0.0000	65.11									
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	Q9LHE7	Q9LHE7	Q9LHE7	Phytochrome-associated serine/threonine-protein phosphatase 3 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=FYPP3 PE=1 SV=1		Hac	Tac			PB				PL			TR		LM		PMP	0.0000	80.37						
EN1	EN2	EN3		DZ3					Q9LUL5	Q9LUL5	Q9LUL5	Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g14330 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=PCMP-H57 PE=2 SV=2						PB									PMP	0.0000	71.64								

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

EN1	EN2							XP_010919847.1	Q9C5Z1	XP_010919847.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B [Elaeis guineensis]					PB												TL	0.0000	68.74					O-NB		
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010919889.1	Q9S5B8	XP_010919889.1	cytochrome c oxidase subunit 5b-2, mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]																0.0000	80.27							
							HA2	HA3	HA4	XP_010919924.1	Q22812	XP_010919924.1	AT-hook motif nuclear-localized protein 10-like [Elaeis guineensis]			PB													0.0000	66.93							
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3						XP_010919949.1	Q9SA34	XP_010919949.1	inosine-5'-monophosphate dehydrogenase [Elaeis guineensis]	CA							BP								0.0000	78.06							
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010919953.1	O64495	XP_010919953.1	subtilisin-like protease SBT1.7 [Elaeis guineensis]	Hac				CW	ExR	VA					PM				0.0000	55.8							
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920003.1	Q9C5W6	XP_010920003.1	14-3-3-like protein D isoform X2 [Elaeis guineensis]	CA			PB					BP		CM					0.0000	88.3		GG					
							HA2	HA3	HA4	XP_010920025.1	Q9FWA3	XP_010920025.1	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 [Elaeis guineensis]	CA			PB							CM					0.0000	89.98							
						HA1			HA4	XP_010920077.1	Q9FN05	XP_010920077.1	uncharacterized protein LOC105044009 [Elaeis guineensis]	Hac		CB							CM						0.0000	67.33				GM	SS		
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920081.1	No_hit	XP_010920081.1	uncharacterized protein LOC105044011 isoform X1 [Elaeis guineensis]				PB												0.0000	71.13							
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920097.1	P93004	XP_010920097.1	probable aquaporin PIP2-6 [Elaeis guineensis]		Tac					VA					TR				0.0000	84.5							
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920131.1	Q9M888	XP_010920131.1	T-complex protein 1 subunit zeta 1 [Elaeis guineensis]	Hac			PB												0.0000	66.15							
EN1	EN2	EN3								XP_010920139.1	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]	Hac					CW	ExR	VA					PM			0.0000	67.97							
EN1	EN2	EN3								XP_010920173.1	Q9T003	XP_010920173.1	trans-resveratrol di-O-methyltransferase [Elaeis guineensis]				PB	TrAc							BP				0.0000	51.59					AM		
EN1										XP_010920230.1	No_hit	XP_010920230.1	cytospin-A isoform X1 [Elaeis guineensis]																0.0000	47.79							
							HA3	HA4		XP_010920404.1	P46607	XP_010920404.1	homeobox-leucine zipper protein GLABRA 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]				LB								BP					0.0000	66.14						
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3						XP_010920645.1	Q9ZV36	XP_010920645.1	UDP-glucuronic acid decarboxylase 6 isoform X1 [Elaeis guineensis]	CA								BP		CM						0.0000	89.33				AMS		
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920686.1	No_hit	XP_010920686.1	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial [Elaeis guineensis]	Hac												PM				0.0000	91.65					AM	
							HA2	HA3	HA4	XP_010920823.1	P46309	XP_010920823.1	glutamate--cysteine ligase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]	CA											BP					0.0000	93.48					AM	
EN1	EN2									XP_010920911.1	Q8GYD1	XP_010920911.1	protein disulfide isomerase-like 5-1 [Elaeis guineensis]								VA								0.0000	54.92							
							HA2			XP_010920995.1	Q9FJD4	XP_010920995.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]				PB									TR				0.0000	70.23						
				D22	DZ3					XP_010921022.1	No_hit	XP_010921022.1	uncharacterized protein LOC105044732 [Elaeis guineensis]					TrAc							BP			LM			0.0000	85.63			FB		
							HA2	HA3	HA4	XP_010921052.1	Q9SCU1	XP_010921052.1	LOW QUALITY PROTEIN: patellin-6-like [Elaeis guineensis]				LB									TR				0.0000	68.3						
					DZ3					XP_010921101.1	Q9FLC0	XP_010921101.1	peroxidase 4 [Elaeis guineensis]				PB		CW	ExR	VA				BP				PMP	0.0000	77.11						
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010921245.2	Q9M9K1	XP_010921245.2	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase isoform X1 [Elaeis guineensis]	CA												CM				0.0000	91.73						
	EN2					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010921331.1	O65595	XP_010921331.1	pyruvate kinase, cytosolic isozyme [Elaeis guineensis]													BP		CM			0.0000	88.49		GG			
							HA2	HA3		XP_010921463.1	Q3E8W4	XP_010921463.1	receptor-like protein kinase ANXUR2 [Elaeis guineensis]				PB		CW									PMP	0.0000	69.5							
						HA1	HA2	HA3		XP_010921517.1	Q8VZF1	XP_010921517.1	acetate/butyrate--CoA ligase AAE7, peroxisomal [Elaeis guineensis]	CA											BP		CM		LM			0.0000	71.51		GD	GG	
							HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010921615.1	C0LGG9	XP_010921615.1	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g53430 isoform X1 [Elaeis guineensis]				PB											PMP	0.0000	71.24						
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2		HA4		XP_010921619.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]					TrAc	CW			VA	PL					CM			0.0000	85.97				SS	
							HA2			XP_010921781.1	Q9SIU2	XP_010921781.1	nuclear cap-binding protein subunit 1 [Elaeis guineensis]				PB										TR			0.0000	78.7						
EN1	EN2	EN3		DZ3						XP_010921862.1	Q84WM9	XP_010921862.1	elongation factor 1-beta [Elaeis guineensis]																TL	0.0000	77.79						
			EN3		DZ3					XP_010921893.1	Q8VZJ2	XP_010921893.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaeis guineensis]	Hac					CW			VA						CM			0.0000	71.42				SS	
							HA2	HA3	HA4	XP_010921922.2	O80800	XP_010921922.2	acyl carrier protein 2, mitochondrial [Elaeis guineensis]				PB									BP	TR			LM			0.0000	69.64			
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010921978.1	Q9LD55	XP_010921978.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A isoform X1 [Elaeis guineensis]				PB											TL	0.0000	83.12							
EN1	EN2	EN3	D22	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4		XP_010922051.1	P34893	XP_010922051.1	10 kDa chaperonin, mitochondrial [Elaeis guineensis]	Hac			PB													0.0000	92.54						

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

[illegible]

APÊNDICE D - TABELA S3 - PROTEÍNAS REPRESENTATIVAS PARA O HAUSTÓRIO, ENDOSPERMA E ZONA DE DIGESTÃO CLASSIFICADAS PELAS BASES DE DADOS CAZY (CARBOIDRASES), MEROPS (PEPTIDASES), TCDB (TRANSPORTADORES) E WALLPROTDB (PROTEÍNAS DE PAREDE CELULAR) COM BLAST E-VALUE E-100																		
Endosperma			Zona de digestão		Haustório				Acesso	Acesso Arabidopsis	Acesso Arecaceae A.thaliana	Descrição	Acesso MEROPS	Família CAZy	Acesso TCDB	Família TCDB	WallProtDB	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4										
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A178U900	Q9FLG1	A0A178U900	Beta-glucosidase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_AtUG04160 PE=3 SV=1		CBM32				
EN1						HA2	HA3		A0A178UD94	Q949Y3	A0A178UD94	Purple acid phosphatase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g30750 PE=3 SV=1					WP	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					A0A178UE87	P35131	A0A178UE87	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g39450 PE=3 SV=1			P62837	3.A.20.1.1		
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A178UJQ6	Q9FM01	A0A178UJQ6	UDP-glucose 6-dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g36720 PE=3 SV=1		GT2				
EN1	EN2	EN3	DZ2						A0A178UL69	No_hit	A0A178UL69	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g23575 PE=4 SV=1			Q8VZJ5	8.A.125.1.3		
						HA2			A0A178UTX6	F4JRE0	A0A178UTX6	Transmembrane 9 superfamily member OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g14280 PE=3 SV=1			Q9LIC2	8.A.68.1.2		
				DZ2	DZ3				A0A178V5N0	O65258	A0A178V5N0	Beta-amylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g00630 PE=3 SV=1		GH14				
					HA1			HA4	A0A178V611	Q9ZR08	A0A178V611	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At4g04020 PE=4 SV=1					WP	
							HA3	HA4	A0A178V9C6	Q9M353	A0A178V9C6	CHX20 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g48090 PE=4 SV=1			Q9M353	2.A.37.4.8		
					HA1		HA3	HA4	A0A178VCC0	Q9LHA8	A0A178VCC0	HSP70 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At3g12610 PE=3 SV=1			P22953	1.A.33.1.1		
							HA3		A0A178W4Q5	Q9FX54	A0A178W4Q5	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g13910 PE=3 SV=1			B3ET62	3.A.23.6.1		
						HA2	HA3	HA4	A0A178W4U1	P41377	A0A178W4U1	eIF4A-2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At1g48730 PE=3 SV=1			P38919	3.A.18.1.1		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	A0A1P8AV08	O65390	A0A1P8AV08	Aspartic proteinase A1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=APA1 PE=1 SV=1	MER0590483					
	EN2	EN3							A0A1P8B4U4	Q9STQ2	A0A1P8B4U4	Subtilisin-like serine endopeptidase family protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=UNE17 PE=3 SV=1	MER0968457					
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A2P2CLF6	Q95748	A0A2P2CLF6	NADH dehydrogenase subunit 9 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=nad9 PE=3 SV=1			Q95748	3.D.1.6.3		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					A0A2P2CLF9	P92549	A0A2P2CLF9	ATP synthase subunit alpha OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=atp1 PE=3 SV=1			A1B8N8	3.A.2.1.7		
							HA3	HA4	A0A384L2V5	Q9LFW1	A0A384L2V5	UDP-arabinopyranose mutase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AXX17_At5g15170 PE=3 SV=1		GT75				
EN1				DZ3					A0A5S9TKV6	Q9SY55	A0A5S9TKV6	Calcium-transporting ATPase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS1011 PE=3 SV=1			Q9SY55	3.A.3.2.19		
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A5S9WNH0	Q39102	A0A5S9WNH0	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS4021 PE=3 SV=1	MER0002563					
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A5S9WVN1	Q42599	A0A5S9WVN1	4Fe-4S ferredoxin-type domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS6836 PE=3 SV=1			Q9FX83	3.D.1.6.3		

					HA1		HA3	HA4	A0A5S9WZ91	Q1PF50	A0A5S9WZ91	Uncharacterized protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS8014 PE=3 SV=1	MER0011758				
							HA3		A0A5S9XAC8	Q9FJD4	A0A5S9XAC8	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS10476 PE=4 SV=1			Q14974	1.I.1.1.3	
						HA2	HA3	HA4	A0A5S9XIH2	Q9SD76	A0A5S9XIH2	Alpha-1,4 glucan phosphorylase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS14909 PE=3 SV=1		GT35			
					HA1	HA2	HA3		A0A5S9YAS5	Q9FNC1	A0A5S9YAS5	Protein DETOXIFICATION OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=C24_LOCUS24439 PE=3 SV=1			F4JTB2	2.A.66.1.50	
EN1	EN2	EN3							A0A654EAD4	Q42605	A0A654EAD4	UDP-glucose 4-epimerase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS1386 PE=3 SV=1		GT2			
						HA2	HA3	HA4	A0A654FMD8	Q42592	A0A654FMD8	PEROXIDASE_4 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS17428 PE=3 SV=1					WP
					HA1				A0A654FQG5	O49725	A0A654FQG5	Probable purine permease OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS18532 PE=3 SV=1			Q9LPF6	2.A.7.14.3	
EN1	EN2	EN3							A0A654FUD1	Q8VZU9	A0A654FUD1	Derlin OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS19724 PE=3 SV=1			Q8VZU9	3.A.16.1.5	
						HA2	HA3	HA4	A0A654G6K7	F4KFX5	A0A654G6K7	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS24169 PE=3 SV=1			Q9FLD5	3.A.28.1.3	
						HA2	HA3		A0A654G930	Q9LVT3	A0A654G930	AAA domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS24963 PE=4 SV=1					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A654GEJ7	O24616	A0A654GEJ7	PROTEASOME_ALPHA_1 domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AN1_LOCUS26947 PE=4 SV=1	MER0000562				
						HA2		HA4	A0A7G2E5K6	O22714	A0A7G2E5K6	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS4276 PE=3 SV=1			Q9BX55	9.B.278.1.1	
EN1									A0A7G2EB02	Q9SI16	A0A7G2EB02	Peroxidase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS7020 PE=3 SV=1					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	A0A7G2EHA4	O82628	A0A7G2EHA4	GPI ethanolamine phosphate transferase 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS9803 PE=3 SV=1			P36051	9.A.6.1.1	
		EN3	DZ2	DZ3					A0A7G2EL19	Q93W32	A0A7G2EL19	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS10742 PE=3 SV=1					WP
EN1									A0A7G2F2J8	P46248	A0A7G2F2J8	Aspartate aminotransferase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS17269 PE=3 SV=1			P00505	9.A.70.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	A0A7G2FBV7	Q94BQ2	A0A7G2FBV7	(thale cress) hypothetical protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT9943_LOCUS19623 PE=3 SV=1			P32835	9.A.50.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					ABR19827.1	P43297	ABR19827.1	cysteine proteinase [Elaeis guineensis]	MER0630255				
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	ACF06507.1	No_hit	ACF06507.1	aldose 1-epimerase-like protein [Elaeis guineensis]		GH43_3			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	ACF06591.1	Q1PER6	ACF06591.1	cytosolic ascorbate peroxidase [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					AEQ94144.1	Q9FJH6	AEQ94144.1	putative ABC transporter homolog, partial [Elaeis guineensis]			Q9FJH6	3.A.1.121.10	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					AFS50097.1	Q9FLG1	AFS50097.1	beta-D-glucan exohydrolase [Elaeis guineensis]		GH3			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					AFS50098.1	Q9M069	AFS50098.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaeis guineensis]		GH17			
						HA2			AKQ51144.1	P56757	AKQ51144.1	ATP synthase CF1 alpha (plastid) [Borassus flabellifer]			BAK19946	3.A.2.1.10	
					HA1	HA2	HA3	HA4	AMW65143.1	P56772	AMW65143.1	clp protease proteolytic subunit (plastid) [Caryota mitis]	MER0424234				
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	B5TM95	P93306	B5TM95	NADH dehydrogenase subunit 7 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 PE=2 SV=1			P93306	3.D.1.6.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	B9DGS0	P40941	B9DGS0	ADP/ATP translocase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At5g13490 PE=2 SV=1			P31167	2.A.29.1.5	

	EN2								F4HWQ5	P46077	F4HWQ5	GF14 protein phi chain OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GF14 PHI PE=1 SV=1			P48349	8.A.98.1.8	
				DZ3					F4I336	Q9ASQ6	F4I336	Non-specific serine/threonine protein kinase OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g29730 PE=1 SV=1					WP
					HA1			HA4	F4KHG6	F4KHG6	F4KHG6	Carboxyl-terminal-processing peptidase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CTPA1 PE=1 SV=1	MER1062745				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000011.1	Q8H166	ABR19829.1	ABR19829.1cysteine proteinase	MER0120597				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000013.1	Q39196	ACB45460.1	aquaporin [Elaeis guineensis]			O24662	1.A.8.11.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01000037.1-1	O22666	XP_008786030.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Phoenix dactylifera]		GT75			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000038.1	Q01525	XP_010917299.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3							GFLX01000068.1-1	Q9C6B2	KAG1342037.1	Metal transporter Nramp2 [Cocos nucifera]			A6YPU3	2.A.55.2.14	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000077.1	Q42564	XP_008808406.1	probable L-ascorbate peroxidase 4, peroxisomal [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000080.1-1	Q9FMP3	XP_010914945.2	UDP-glycosyltransferase 73E1 [Elaeis guineensis]		GT1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000082.1-2	O81149	KAG1342566.1	Proteasome subunit alpha type-5 [Cocos nucifera]	MER0466797				
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000100.1-2	Q94A08	XP_010937013.1	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2 [Elaeis guineensis]		GH36			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01000101.1	Q9FMU6	XP_010939396.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial [Elaeis guineensis]			Q9FMU6	2.A.29.4.6	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000106.1-1	O04202	XP_010923104.1	eukaryotic translation initiation factor 3 subunit F isoform X2 [Elaeis guineensis]	MER0663641				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000138.1-1	Q8H0S9	XP_010935788.1	puromycin-sensitive aminopeptidase isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0165544				
								HA4	GFLX01000159.1	Q41951	XP_010915908.1	probable aquaporin TIP2-2			Q41951	1.A.8.10.10	
					HA1		HA3		GFLX01000162.1-1	No_hit	XP_038989707.1	protein transport protein Sec61 subunit alpha-like			Q9H9S3	3.A.5.9.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000166.1-1	Q9LF33	XP_010923592.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4 [Elaeis guineensis]		GT2			
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000167.1-2	Q9LT78	XP_010923265.1	zingipain-2 [Elaeis guineensis]	MER0630608				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000232.1	P46248	XP_010942149.1	aspartate aminotransferase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]			P00505	9.A.70.1.1	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000233.1	O23715	XP_010904710.1	proteasome subunit alpha type-3 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0650641				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000256.1-2	O82663	XP_010942023.1	succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial [Elaeis guineensis]			P31040	3.D.10.1.7	
					HA2	HA3			GFLX01000261.1-2	O80719	XP_010941479.1	pto-interacting protein 1					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000263.1-2	O64641	KAG1362461.1	Carboxylesterase 1	MER0630757				
					HA2	HA3	HA4		GFLX01000278.1-1	Q8VXY9	XP_019704329.1	immune-associated nucleotide-binding protein 9					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000281.1-1	P19171	XP_026656006.2	chitinase 3-like [Phoenix dactylifera]		GH19			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		GFLX01000294.1	Q1PF50	XP_010943424.1	lysosomal Pro-X carboxypeptidase [Elaeis guineensis]	MER0630313				
EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01000344.1-1	Q9FGL9	XP_010930126.1	probable aspartyl aminopeptidase [Elaeis guineensis]	MER0662744				
		EN3							GFLX01000417.1-2	Q9LXV3	XP_019708462.1	dicarboxylate transporter 1, chloroplastic [Elaeis guineensis]			Q41364	2.A.47.3.1	
								HA4	GFLX01000429.1	O23140	XP_010941233.1	AP-2 complex subunit mu			Q96CW1	9.B.278.1.4	
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000442.1	Q9LS40	XP_008798866.2	probable aspartyl protease At4g16563 [Phoenix dactylifera]	MER0630309				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000473.1-1	Q944K2	XP_008786131.2	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit [Phoenix dactylifera]			P39656	9.B.142.3.17	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000513.1-2	No_hit	KAG1359006.1	aminoacylase-1	MER0630864				
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000557.1-1	O22715	XP_008791180.2	AP-1 complex subunit mu-2 [Phoenix dactylifera]			Q9BXS5	9.B.278.1.1	

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01000607.1-2	Q9C550	XP_010931990.1	2-isopropylmalate synthase A [Elaeis guineensis]					WP
					HA1				GFLX01000634.1-1	No_hit	XP_008802418.1	non-lysosomal glucosylceramidase-like		GH116			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01000654.1	Q9FNB5	KAG1354169.1	ABC transporter G family member 20-like [Cocos nucifera]			Q9FNB5	3.A.1.204.31	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01000910.1-2	No_hit	XP_010925826.1	uncharacterized protein LOC105048262 [Elaeis guineensis]	MER0663897				
EN1	EN2	EN3							GFLX01000980.1-2	Q9M2R0	XP_010910862.1	FT-interacting protein 3 [Elaeis guineensis]			Q9FL59	9.A.57.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001141.1-1	F4JQH3	XP_010943163.1	aminopeptidase P1 isoform X2 [Elaeis guineensis]	MER0661101				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01001152.1	Q949P2	KAG1338235.1	putative arabinosyltransferase ARAD1 [Cocos nucifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001271.1-1	Q9LZS3	XP_010935254.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme, chloroplastic/amyloplastic		GH13_8			
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3		GFLX01001366.1	No_hit	XP_038989772.1	alpha-galactosidase mel1 isoform X3 [Phoenix dactylifera]		GH27			
EN1			DZ2	DZ3					GFLX01001471.1	No_hit	KAG1335254.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A [Cocos nucifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01001658.1-1	No_hit	XP_010926970.1	uncharacterized protein LOC105049109		GH2			
EN1									GFLX01001700.1-1	Q9SR52	XP_008807553.2	urease isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0413426				
EN1	EN2								GFLX01001987.1-2	Q9SU40	XP_010906622.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01002336.1-2	Q96520	XP_008785855.1	peroxidase 12 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1									GFLX01002791.1	Q9SU50	KAG1354575.1	Trehalase [Cocos nucifera]		GH37			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005095.1-1	Q39043	XP_010918502.1	luminal-binding protein 4 isoform X2 [Elaeis guineensis]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005118.1-2	Q6DBP4	XP_038979839.1	pectin acetyltransferase 8-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]		CE13			
EN1				DZ3					GFLX01005128.1-1	Q9SUQ8	XP_008794746.2	disease resistance response protein 206 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005135.1-1	Q8S9J6	XP_010928184.2	aspartyl protease family protein At5g10770	MER0630606				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005156.1	Q96321	KAG1365276.1	importin subunit alpha-1b [Cocos nucifera]			O60684	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		GFLX01005162.1-1	O81148	XP_010906897.1	proteasome subunit alpha type-4 [Elaeis guineensis]	MER0630549				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005167.1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like			Q84L31	3.A.16.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005172.1	Q84WU0	KAG1368772.1	O-fucosyltransferase 36 [Cocos nucifera]		GT0			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005183.1-1	O64518	XP_010926867.1	metacaspase-5 [Elaeis guineensis]	MER0663935				
	EN2								GFLX01005216.1-2	Q9M1C7	XP_038975230.1	putative ABC transporter C family member 15 [Phoenix dactylifera]			Q7GB25	3.A.1.208.21	
								HA4	GFLX01005235.1-2	Q9C820	XP_008792342.1	ras-related protein Rab7			P51149	9.A.3.1.1	
								HA4	GFLX01005245.1-1	Q8RXN3	XP_010924122.1	phosphoenolpyruvate/phosphate translocator 1, chloroplastic			P93642	2.A.7.9.3	
	EN2	EN3					HA3	HA4	GFLX01005258.1-1	Q7DLS1	XP_010930290.1	proteasome subunit beta type-7-B [Elaeis guineensis]	MER0006159				
						HA2	HA3		GFLX01005289.1-2	Q8LAZ7	XP_010929274.1	COP9 signalosome complex subunit 5a	MER0663717				
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005292.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]		GT4			
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005294.1-2	Q9XES1	XP_010937744.1	calcium-transporting ATPase 4, endoplasmic reticulum-type [Elaeis guineensis]			P92939	3.A.3.2.13	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01005323.1-2	P31414	XP_010928300.1	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump [Elaeis guineensis]			P21616	3.A.10.1.8	
EN1		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005339.1	Q949Q7	XP_008790132.2	serine carboxypeptidase II-2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0661709				
	EN2					HA2	HA3	HA4	GFLX01005355.1-1	Q9FHB6	XP_010910116.2	protein DETOXIFICATION 16 [Elaeis guineensis]			Q9C994	2.A.66.1.52	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005370.1-2	Q9FJ45	XP_008785157.1	GDSL esterase/lipase At5g45910-like					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005390.1-2	Q9LXD9	KAG1369988.1	Pectinesterase [Cocos nucifera]		CE8			
						HA2	HA3		GFLX01005408.1-2	O81845	XP_010928939.1	mitochondrial uncoupling protein 1 isoform X1			Q9MBE7	2.A.29.3.7	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005426.1-2	Q9SZV5	XP_010927223.1	subtilisin-like protease SBT2.5	MER0663952				

				DZ3	HA1				GFLX01005443.1-1	Q9M5P2	XP_010905602.1	secretory carrier-associated membrane protein 2 [Elaeis guineensis]			Q9SKT3	8.A.103.1.6	
EN1	EN2	EN3							GFLX01005445.1	No_hit	XP_010930434.1	aldose 1-epimerase [Elaeis guineensis]		GH43_3			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005472.1	Q9S834	XP_010938253.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 5, chloroplastic	MER0631061				
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005474.1	O81742	KAG1359685.1	beta-adaptin-like protein C			Q10567	9.B.278.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2			HA2	HA3	HA4	GFLX01005489.1-2	No_hit	KAG1346716.1	putative esterase YitV [Cocos nucifera]	MER0663342				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005524.1-2	Q94AM1	XP_010935479.1	probable cytosolic oligopeptidase A [Elaeis guineensis]	MER0663065				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01005561.1-1	Q9LX65	XP_008800912.2	probable V-type proton ATPase subunit H [Phoenix dactylifera]			Q9LX65	3.A.2.2.5	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005564.1	Q9M2R0	XP_010918556.1	FT-interacting protein 3			Q9FL59	9.A.57.1.5	
	EN2		DZ2	DZ3					GFLX01005583.1	X5JA13	XP_008807526.1	exocyst complex component 5 [Phoenix dactylifera]			Q8RVQ5	1.F.2.1.3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005588.1	F4HXZ1	XP_008806655.1	vacuolar-sorting protein BRO1-like [Phoenix dactylifera]			F4HXZ1	3.A.31.1.2	
						HA2	HA3		GFLX01005609.1-2	O80480	XP_010931776.1	importin subunit alpha			O60684	1.I.1.1.3	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005654.1	Q8VY06	XP_010939451.1	presequence protease 1, chloroplastic/mitochondrial isoform X2	MER0526789				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005670.1-1	No_hit	XP_010937062.1	aldose 1-epimerase [Elaeis guineensis]		GH43_3			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005679.1	Q56WF8	XP_010920652.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]	MER0663575				
						HA2	HA3	HA4	GFLX01005698.1-1	O82264	XP_010941763.1	NPL4-like protein			O82264	3.A.16.1.5	
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005721.1-1	Q9SIV9	XP_010933142.1	purple acid phosphatase isoform X1				WP
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005764.1-1	Q8VZF3	XP_010938262.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable glutamyl endopeptidase, chloroplastic [Elaeis guineensis]	MER0663165				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01005767.1-1	Q8LPQ8	XP_019703007.1	monosaccharide-sensing protein 2 isoform X2 [Elaeis guineensis]			Q8LPQ8	2.A.1.1.84	
					HA1			HA4	GFLX01005790.1-2	Q9FY49	KAG1337959.1	leucine aminopeptidase	MER0336326				
EN1	EN2		DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01005856.1	Q1EBV4	XP_010942530.1	protein DNA-DAMAGE INDUCIBLE 1 [Elaeis guineensis]	MER0659918				
			DZ2	DZ3					GFLX01005867.1-2	Q8VXZ7	XP_010937996.2	alpha-galactosidase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH27			
						HA2			GFLX01005877.1-2	Q9FGY9	XP_010923840.1	peptide-N(4)-(N-acetyl-beta-glucosaminy)l)asparagine amidase isoform X1			Q9FGY9	3.A.16.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01005937.1-2	Q5MAU8	XP_026664698.1	probable inactive purple acid phosphatase 1 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01006064.1-2	Q9LV33	KAG1368123.1	beta-glucosidase 1 [Cocos nucifera]		GH1			
EN1	EN2	EN3							GFLX01006083.1-1	Q9FJD4	XP_010912456.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]			Q14974	1.I.1.1.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01006147.1	Q8LKS5	XP_010905796.1	long chain acyl-CoA synthetase 6, peroxisomal			Q9XIA9	4.C.1.1.14	
EN1			DZ2			HA2	HA3		GFLX01006231.1-1	Q9M9A8	XP_008781591.2	aspartic proteinase Asp1-like [Phoenix dactylifera]	MER0662757				
						HA2	HA3	HA4	GFLX01006234.1-1	Q8H0V6	XP_008778513.1	ABC transporter F family member 3			Q9NUQ8	3.A.1.121.9	
EN1	EN2			DZ3			HA3		GFLX01006367.1-1	No_hit	XP_010934640.1	importin-5 isoform X3 [Elaeis guineensis]			O00410	1.I.1.1.3	
	EN2								GFLX01006498.1-1	Q8L7W8	XP_038983428.1	alpha-L-fucosidase 2-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]		GH95			
		EN3					HA3	HA4	GFLX01006501.1-2	Q94JZ8	XP_008804300.1	plant UBx domain-containing protein 7 [Phoenix dactylifera]			Q94JZ8	3.A.16.1.5	
EN1	EN2			DZ3					GFLX01006548.1-2	Q9S9K4	XP_038985917.1	aspartic proteinase 39-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]	MER0663923				
EN1									GFLX01006645.1	Q93Z24	KAG1367563.1	beta-galactosidase 8 [Cocos nucifera]		GH35			
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01006848.1	Q8L6Y1	XP_008793636.2	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X2 [Phoenix dactylifera]	MER0630502				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01006858.1-2	Q8L831	XP_008790115.3	nudix hydrolase 3 [Phoenix dactylifera]	MER0688652				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01006950.1-2	No_hit	XP_008794233.2	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminy)l)asparagine amidase A-like [Phoenix dactylifera]					WP

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01007062.1-2	Q949M9	XP_038989782.1	ATPase ARSA2 [Phoenix dactylifera]			A8IXB8	3.A.19.1.5	
EN1				DZ3					GFLX01007094.1	O80831	XP_010934794.1	beta-amylase 2, chloroplastic isoform X2 [Elaeis guineensis]		GH14			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01007172.1-2	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2		DZ2	DZ3					GFLX01007564.1	Q4V3D2	XP_010926618.1	aspartic proteinase-like protein 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0663923				
EN1	EN2								GFLX01007886.1	Q9M088	KAG1326829.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6 [Cocos nucifera]		GH17			
						HA2	HA3	HA4	GFLX01007890.1-2	P93655	XP_019704215.1	lon protease homolog, mitochondrial	MER0413690				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01008112.1	Q9FJZ9	XP_038987667.1	peroxidase 72-like [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2								GFLX01008194.1-2	Q9M2U5	XP_038989621.1	endochitinase B-like [Phoenix dactylifera]		GH19			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01008638.1-1	Q8RX86	XP_010909867.1	alpha-galactosidase isoform X2 [Elaeis guineensis]		GH27			
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01009027.1	Q9LIB2	XP_010939216.1	alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]		GT35			
EN1	EN2	EN3							GFLX01009494.1	Q949Y3	XP_029118549.1	phosphoenolpyruvate phosphatase isoform X3 [Elaeis guineensis]					WP
			DZ2	DZ3					GFLX01009802.1	Q8L7M0	XP_038975470.1	UDP-glycosyltransferase TURAN-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]		GT33			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01009848.1-1	Q9LMX4	XP_026664698.1	probable inactive purple acid phosphatase 1 [Phoenix dactylifera]					WP
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010222.1-1	Q05431	ACF06591.1	cytosolic ascorbate peroxidase [Elaeis guineensis]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010227.1-2	Q9SJL0	KAG1354965.1	putative UDP-glycosyltransferase 86A1		GT1			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010233.1-1	Q9SRT9	XP_008786030.1	UDP-arabinopyranose mutase 1		GT75			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01010236.1-1	P43297	XP_008796668.2	oryzain alpha chain-like [Phoenix dactylifera]	MER0630956				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010242.1-1	Q9C5A9	XP_008811786.2	ATP synthase subunit beta, mitochondrial-like			A0ZW41	3.A.2.1.11	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010259.1-2	Q9FJR1	XP_010913485.1	peroxidase 63					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010268.1-1	O23016	KAG1361425.1	putative voltage-gated potassium channel subunit beta			P63144	8.A.5.1.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010271.1	Q9SZN1	XP_010925008.1	V-type proton ATPase subunit B 2 isoform X1			Q9SZN1	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010275.1	Q9LV28	XP_010923802.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]			P63244	8.A.92.1.4	
EN1	EN2	EN3							GFLX01010290.1-2	Q9SVS1	KAG1353973.1	beta-glucosidase 18 [Cocos nucifera]		GH1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010299.1	Q8VZH2	XP_010915175.1	aminopeptidase M1 [Elaeis guineensis]	MER0412570				
			DZ2						GFLX01010323.1-2	Q9ZNT0	XP_010926491.1	protein SUPPRESSOR OF K(+) TRANSPORT GROWTH DEFECT 1 [Elaeis guineensis]			Q9ZNT0	3.A.31.1.2	
				DZ3					GFLX01010362.1-2	Q42093	XP_010906316.1	ABC transporter C family member 2 [Elaeis guineensis]			Q42093	3.A.1.208.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010364.1	P93028	XP_019702554.1	LOW QUALITY PROTEIN: ubiquitin-activating enzyme E1 1-like [Elaeis guineensis]			E7LWL7	3.A.16.1.2	
				DZ3					GFLX01010375.1-2	Q9FYQ8	XP_010929110.1	transmembrane 9 superfamily member 11 [Elaeis guineensis]			Q9LIC2	8.A.68.1.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010426.1-1	P94078	XP_010929675.1	alpha-mannosidase At3g26720 [Elaeis guineensis]		GH38			
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010438.1-2	O65351	XP_010939822.1	subtilisin-like protease SBT1.7 [Elaeis guineensis]	MER0571339				
			DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010450.1-1	Q94A40	KAG1354429.1	coatamer subunit alpha-1 [Cocos nucifera]			P53622	3.A.31.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010460.1-1	Q9M9Q6	XP_010926697.1	serine carboxypeptidase-like 50 [Elaeis guineensis]	MER0663377				
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	GFLX01010463.1	Q9LDZ0	XP_008810706.2	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Phoenix dactylifera]			G4NXA5	1.A.33.1.4	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01010472.1	Q8VXY9	XP_010932403.1	ureidoglycolate hydrolase	MER0592464				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010480.1-2	Q9LMF0	KAG1337800.1	7-deoxyloganic acid glucosyltransferase		GT1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010490.1-1	Q9MAU6	XP_010913398.1	protein disulfide isomerase-like 2-3 [Elaeis guineensis]			KA8286768.1	8.A.88.2.1	
EN1	EN2		DZ2			HA2	HA3	HA4	GFLX01010491.1	P42697	XP_010918171.1	dynamin-related protein 5A [Elaeis guineensis]			P50570	1.R.1.1.1	

			DZ2	DZ3					GFLX01010492.1-2	P92997	XP_010911724.1	putative germin-like protein 2-1 [Elaeis guineensis]						WP
						HA2	HA3	HA4	GFLX01010499.1-2	Q8L7B2	KAG1331564.1	Carboxypeptidase	MER0630543					
						HA2	HA3	HA4	GFLX01010507.1-2	No_hit	ACF06576.1	ACF06576.1ubiquitin fusion degradation protein				A8MQW3	3.A.16.1.5	
						HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010527.1	Q9LVW7	XP_010940660.1	carbamoyl-phosphate synthase small chain, chloroplastic isoform X1	MER0642651				
				DZ3					GFLX01010539.1-1	Q38890	XP_010909007.1	endoglucanase 10 [Elaeis guineensis]		GH9				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01010554.1-1	Q8W4S4	XP_010934090.1	V-type proton ATPase subunit a3 [Elaeis guineensis]				Q920R6	3.A.2.2.6	
		EN3							GFLX01010591.1	Q9SG80	XP_019706441.1	alpha-L-arabinofuranosidase 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH51				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		GFLX01010748.1-2	Q75W54	KAG1371074.1	putative Mannosylglycoprotein endo-beta-mannosidase [Cocos nucifera]		GH2				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01011097.1-1	Q8VYU7	XP_010936863.1	purple acid phosphatase 3 [Elaeis guineensis]						WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01011371.1-2	Q9SGZ5	KAG1342407.1	putative beta-D-xylosidase 7 [Cocos nucifera]		GH3				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	GFLX01011417.1	Q9LW07	XP_010909269.1	probable polygalacturonase [Elaeis guineensis]		GH28				
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012220.1	Q8L5T9	XP_010926673.1	cysteine proteinase inhibitor 5 [Elaeis guineensis]	MER0663925					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012454.1-2	P22953	XP_008784528.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]				P22953	1.A.33.1.1	
			DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01012457.1	Q39119	XP_008797891.1	vacuolar-processing enzyme [Phoenix dactylifera]	MER0663300					
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012476.1-2	P20431	XP_008804905.1	plasma membrane ATPase-like [Phoenix dactylifera]				P20649	3.A.3.3.7	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	GFLX01012480.1-1	Q9LIN2	XP_010930359.1	GDSL esterase/lipase At3g26430 [Elaeis guineensis]						WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012483.1-2	O82352	KAG1335126.1	reticulon-like protein B2				Q6DBN4	8.A.102.1.1	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012491.1-2	Q9M345	KAG1355338.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.2				Q9LSR8	1.A.87.2.3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01012499.1-1	Q9LHA4	XP_010934030.1	V-type proton ATPase subunit d2 [Elaeis guineensis]				P51863	3.A.2.2.6	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012507.1-1	Q9C5M0	XP_010925620.1	mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC [Elaeis guineensis]				Q8SF04	2.A.29.2.6	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		GFLX01012514.1-2	Q9LZF6	XP_010940629.1	cell division cycle protein 48 homolog [Elaeis guineensis]				P54609	3.A.16.1.5	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012521.1	Q9XGM1	XP_008808039.2	V-type proton ATPase subunit D-like				Q9XGM1	3.A.2.2.5	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01012546.1-2	Q9STW6	XP_010930060.1	stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic				Q02028	3.A.9.1.1	
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012547.1	Q9S7Y7	KAG1334793.1	alpha-xylosidase 1 [Cocos nucifera]		GH31				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012555.1-1	P32826	XP_010906753.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]	MER0663483					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01012569.1-1	P93026	XP_008792241.1	vacuolar-sorting receptor 1-like [Phoenix dactylifera]				P93026	9.B.87.1.13	
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01012573.1-2	Q9LVM5	XP_010919883.1	uric acid degradation bifunctional protein TTL isoform X1 [Elaeis guineensis]				Q9LVM5	9.B.35.1.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012578.1-2	O22769	KAG1368710.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 2, mitochondrial				O22769	3.D.1.6.3	
EN1	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012627.1-1	O04373	XP_008806725.2	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1 [Phoenix dactylifera]	MER0628548					
						HA2	HA3	HA4	GFLX01012707.1	Q8LB10	XP_008797482.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 4, chloroplastic-like	MER0588190					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012711.1-2	Q9M1H3	XP_010921961.1	ABC transporter F family member 4 [Elaeis guineensis]				Q8NE71	3.A.1.121.8	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012753.1-1	Q9FMD5	KAG1370016.1	protein TIC 40, chloroplastic				Q9SC41	3.A.9.1.1	
			DZ2	DZ3				HA4	GFLX01012762.1-1	Q9M2R0	KAG1361302.1	putative FT-interacting protein 1 [Cocos nucifera]				Q9FL59	9.A.57.1.5	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012804.1-1	Q9LZS3	XP_010940323.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme 1, chloroplastic/amyloplastic isoform X1		GH13_8				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01012913.1-2	Q9FLC0	XP_008790007.2	peroxidase P7-like [Phoenix dactylifera]						WP
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01013024.1-2	Q9LHF1	XP_038986392.1	leucine-rich repeat extensin-like protein 4 [Phoenix dactylifera]				Q9LJ64	3.A.20.1.2	
			DZ2	DZ3					GFLX01013067.1	Q8LPK4	XP_010933729.1	AP-2 complex subunit alpha-1 [Elaeis guineensis]				O95782	9.B.278.1.4	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01013122.1	Q8RXD9	XP_010938680.1	4-alpha-glucanotransferase DPE2		GH77				

EN1	EN2	EN3							GFLX01013215.1	Q8H0U4	XP_038972986.1	transportin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]			Q92973	1.I.1.1.3	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01013365.1-1	Q42556	KAG1364123.1	plasma membrane ATPase			P20649	3.A.3.3.7	
	EN2	EN3		DZ3					GFLX01013374.1-1	Q9M0X5	XP_019704849.2	uncharacterized protein LOC109505668 [Elaeis guineensis]					WP
			DZ2	DZ3					GFLX01013453.1-2	O80731	XP_010914803.1	pectin acetylesterase 10 isoform X1 [Elaeis guineensis]		CE13			
						HA2	HA3	HA4	GFLX01013590.1-2	Q9SU40	XP_010918208.1	L-ascorbate oxidase homolog					WP
EN1		EN3							GFLX01014163.1-2	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]	MER0663558				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014504.1-1	Q9SD76	XP_019706257.1	alpha-glucan phosphorylase, H isozyme		GT35			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014564.1	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]	MER0592297				
EN1	EN2		DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014832.1	Q39258	XP_008803010.1	V-type proton ATPase subunit E-like [Phoenix dactylifera]			Q39258	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014855.1-1	Q42290	XP_008792725.1	probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	MER0923304				
				DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014861.1-1	Q8LB02	XP_010905885.1	uncharacterized protein LOC105032976 [Elaeis guineensis]			P21912	3.D.10.1.7	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014868.1-1	P46644	XP_008789337.2	aspartate aminotransferase, cytoplasmic [Phoenix dactylifera]			P00505	9.A.70.1.1	
	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014881.1-2	Q42593	XP_010930723.2	probable L-ascorbate peroxidase 6, chloroplastic/mitochondrial isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014905.1	O23654	XP_010928724.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Elaeis guineensis]			O23654	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014919.1-1	Q0WNJ6	XP_010922576.1	clathrin heavy chain 1 [Elaeis guineensis]			Q00610	8.A.137.1.1	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01014921.1-2	Q9XJ35	XP_010933602.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 1, chloroplastic	MER0411747				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01014931.1-1	Q9SCZ4	XP_010921184.1	receptor-like protein kinase FERONIA [Elaeis guineensis]					WP
EN1									GFLX01014936.1-2	Q9FPT1	XP_008808605.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12-like isoform X6 [Phoenix dactylifera]	MER0433254				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01014948.1-1	Q9S9N1	XP_010905019.1	heat shock 70 kDa protein [Elaeis guineensis]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01014972.1	P93732	XP_008793050.2	proline iminopeptidase [Phoenix dactylifera]	MER0663856				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015001.1-1	Q7DLR9	XP_010941094.1	proteasome subunit beta type-4 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0630153				
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015007.1-1	Q9C5W6	XP_010923604.1	14-3-3-like protein GF14 iota [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015018.1-2	P46643	XP_010925610.2	aspartate aminotransferase, mitochondrial [Elaeis guineensis]			P00505	9.A.70.1.1	
			DZ2	DZ3	HA1	HA2			GFLX01015032.1-1	Q9LW07	XP_008810119.2	probable polygalacturonase [Phoenix dactylifera]		GH28			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015045.1	Q9FNX5	XP_010933528.1	dynammin-related protein 1E			P50570	1.R.1.1.1	
EN1									GFLX01015058.1-1	Q9M2P2	XP_010917251.1	metal tolerance protein 4 [Elaeis guineensis]			I7FXJ5	2.A.4.5.3	
							HA3	HA4	GFLX01015080.1-1	Q38908	KAG1354588.1	xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein 31		GH16_27			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015084.1-2	Q9FLG1	XP_010917875.1	uncharacterized protein LOC105042391 [Elaeis guineensis]		GH3			
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015129.1	O64740	XP_010914535.1	protein transport protein SEC13 homolog B [Elaeis guineensis]			P55735	1.I.1.1.3	
			DZ2	DZ3					GFLX01015236.1-2	O04619	XP_010914053.1	mitochondrial adenine nucleotide transporter ADNT1 [Elaeis guineensis]			O04619	2.A.29.23.4	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015288.1	Q9SD76	KAG1337765.1	Alpha-1,4 glucan phosphorylase		GT35			
EN1	EN2	EN3							GFLX01015344.1-2	Q9C827	XP_010927411.1	coatomer subunit beta'-1 isoform X2 [Elaeis guineensis]			P41811	3.A.31.1.1	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					GFLX01015349.1-1	Q9FKM2	XP_010918626.1	mitochondrial outer membrane protein porin 6 isoform X1 [Elaeis guineensis]			P42054	1.B.8.1.5	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015372.1	P31414	XP_008801902.2	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like [Phoenix dactylifera]			P21616	3.A.10.1.8	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01015502.1-2	O82616	XP_038984263.1	fructokinase-2-like		GH32			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01015795.1-1	Q96520	XP_008781453.1	peroxidase 12-like					WP

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01015852.1	P50700	KAG1348037.1	thaumatin-like protein 1 [Cocos nucifera]					WP
							HA3		GFLX01016174.1	Q9FLC0	KAG1365642.1	peroxidase 4					WP
	EN2			DZ3					GFLX01016412.1-2	F4JQH3	XP_010943163.1	aminopeptidase P1 isoform X2 [Elaeis guineensis]	MER0411863				
	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01016682.1-1	Q9LIB2	KAG1347833.1	putative Alpha-1,4 glucan phosphorylase [Cocos nucifera]		GT35			
						HA2	HA3	HA4	GFLX01016698.1	Q9LVI6	XP_010916205.1	probable inactive receptor kinase At1g48480					WP
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01016954.1-1	Q94BT0	KAG1327109.1	Sucrose-phosphate synthase [Cocos nucifera]		GT4			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01016962.1-1	P40941	KAG1364243.1	putative ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial			P31167	2.A.29.1.5	
	EN2								GFLX01016989.1-2	Q39258	KAG1338922.1	V-type proton ATPase subunit E [Cocos nucifera]			Q39258	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01016991.1-2	Q9C5A9	XP_010924170.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]			A0ZW41	3.A.2.1.11	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01016992.1-2	Q9SGA8	XP_029120841.1	UDP-glycosyltransferase 83A1		GT1			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017001.1-1	Q9C5A9	XP_010926076.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]			A0ZW41	3.A.2.1.11	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017008.1	Q1PF50	KAG1354513.1	putative serine protease EDA2 [Cocos nucifera]	MER0663535				
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01017017.1-1	Q9C4Z6	XP_010924141.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]			P63244	8.A.92.1.4	
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	GFLX01017030.1-2	Q8RWU7	XP_010932084.1	plant UBX domain-containing protein 4 [Elaeis guineensis]			Q8RWU7	3.A.16.1.5	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01017039.1	O04482	XP_010927076.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2	MER0662918				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017043.1	Q9M8R4	XP_010909370.1	protein DJ-1 homolog D [Elaeis guineensis]	MER0891420				
EN1	EN2	EN3		DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01017057.1-2	Q9LTX9	XP_010932308.1	stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic [Elaeis guineensis]			Q02028	3.A.9.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017062.1-1	Q9SGE0	XP_010910244.1	UDP-D-apiiose/UDP-D-xylose synthase 2 [Elaeis guineensis]		GT83			
							HA3		GFLX01017125.1	Q8GYK2	XP_008792088.1	acyl-protein thioesterase 2	MER0663735				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017180.1-2	Q9SK66	XP_008789505.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial			Q9SK66	3.D.1.6.3	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01017226.1-1	No_hit	XP_019705610.1	ubiquitin fusion degradation protein 1 homolog			A8MQW3	3.A.16.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01017303.1-1	Q9T091	XP_019708104.1	LOW QUALITY PROTEIN: vacuolar protein sorting-associated protein 26B-like [Elaeis guineensis]			O75436	9.A.3.1.1	
					HA1		HA3		GFLX01017357.1	Q8L6Y1	XP_008793636.2	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X2	MER0630502				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017381.1	Q84W89	XP_010923340.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37			O00571	1.I.1.1.3	
	EN2		DZ2	DZ3					GFLX01017474.1	Q9STE8	XP_008801596.2	protein TOC75-3, chloroplastic-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]			Q43715	1.B.33.2.1	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3		GFLX01017507.1	Q9S9N1	XP_010905019.1	heat shock 70 kDa protein [Elaeis guineensis]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2								GFLX01017623.1-2	Q9LVH5	XP_008809807.2	outer envelope protein 64, chloroplastic [Phoenix dactylifera]			Q9MUK5	3.A.9.1.1	
EN1									GFLX01017683.1	Q6DBG8	XP_010931458.1	probable arabinosyltransferase ARAD1 [Elaeis guineensis]		GT47			
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01017687.1-2	No_hit	XP_010935585.1	uncharacterized protein LOC105055466	MER0630982				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018267.1	Q8LG89	XP_010932617.2	basic blue protein					WP
					HA2	HA3	HA4		GFLX01018574.1-2	Q9LX65	XP_029118430.1	probable V-type proton ATPase subunit H isoform X2			Q9LX65	3.A.2.2.5	
				DZ3					GFLX01018664.1-2	Q9SU50	XP_008799558.1	probable trehalase [Phoenix dactylifera]		GH37			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01018763.1	P20431	XP_008810004.2	plasma membrane ATPase [Phoenix dactylifera]			P20649	3.A.3.3.7	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018765.1-1	F4ILR7	XP_010918433.1	bifunctional epoxide hydrolase 2 [Elaeis guineensis]	MER0663842				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018784.1-2	Q9LFN6	XP_008806594.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15 isoform X1 [Phoenix dactylifera]			Q13838	3.A.18.1.1	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01018785.1-1	Q93VC9	XP_010907756.1	cathepsin B-like protease 3	MER0662930				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	GFLX01018807.1	Q7DLR9	XP_010909242.1	proteasome subunit beta type-4 [Elaeis guineensis]	MER0663433				
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018825.1	Q9SK50	XP_010914046.2	protein TIC 55, chloroplastic [Elaeis guineensis]			O49931	3.A.9.1.1	

						HA2	HA3		GFLX01018886.1-1	Q9ZPS7	XP_010936838.1	transmembrane 9 superfamily member 3				Q84LF6	8.A.68.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01018895.1	Q940S0	KAG1334205.1	transmembrane 9 superfamily member 2 [Cocos nucifera]				Q84LF6	8.A.68.1.5	
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018902.1-2	P30184	XP_010929163.1	leucine aminopeptidase 1 [Elaeis guineensis]	MER0664006					
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01018990.1-1	Q949Y0	XP_010912089.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 6 [Elaeis guineensis]	MER0663306					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01019103.1	P93028	XP_038980882.1	ubiquitin-activating enzyme E1 1-like [Phoenix dactylifera]				E7LWL7	3.A.16.1.2	
						HA2	HA3	HA4	GFLX01019166.1-1	Q9SJZ2	KAG1342341.1	putative Peroxidase 17						WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01019939.1-1	Q9LHA8	XP_008776656.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]				P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01019940.1	Q9LXL5	XP_010939862.1	sucrose synthase 1 [Elaeis guineensis]		GT4				
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01019952.1-1	Q8LE58	XP_010906723.1	ESCRT-related protein CHMP1B				Q8LE58	3.A.31.1.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01019957.1-1	Q94A52	XP_010940294.1	eukaryotic initiation factor 4A-3 [Elaeis guineensis]				P38919	3.A.18.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01019964.1-2	Q9LHA8	XP_008812036.1	heat shock 70 kDa protein 4-like [Phoenix dactylifera]				P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020025.1-2	Q01525	KAG1334586.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]				P48349	8.A.98.1.8	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020035.1-1	Q9SZN1	XP_010915243.1	V-type proton ATPase subunit B 2				Q9SZN1	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020036.1-2	O23708	KAG1361204.1	putative Proteasome subunit alpha type-2-A [Cocos nucifera]	MER0663069					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020054.1	O65390	XP_008800699.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER1131201					
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020100.1-1	Q9FNN5	XP_008799960.2	NADH dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein 1, mitochondrial isoform X2				Q9FNN5	3.D.1.6.3	
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020112.1	P43287	KAG1361808.1	Aquaporin PIP2-4 [Cocos nucifera]				Q9XF58	1.A.8.11.7	
			DZ2						GFLX01020202.1	Q38906	KAG1334853.1	translocase of chloroplast 34, chloroplastic [Cocos nucifera]				Q41009	3.A.9.1.1	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1		HA3		GFLX01020555.1-1	P42742	XP_008791288.2	proteasome subunit beta type-1 [Phoenix dactylifera]	MER0662870					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01020806.1	Q9SY77	AIC82460.1	glycosyl hydrolases family 31 protein [Cocos nucifera]		GH31				
						HA2	HA3	HA4	GFLX01020811.1	Q8VY22	XP_010915618.1	protein trichome birefringence-like 39 isoform X1						WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020826.1-1	Q9SX78	XP_008805244.2	probable carboxylesterase 2 [Phoenix dactylifera]	MER0663788					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020828.1	Q9LZF6	XP_010935717.1	cell division cycle protein 48 homolog [Elaeis guineensis]				P54609	3.A.16.1.5	
							HA3	HA4	GFLX01020834.1-2	Q9SRH5	XP_008808420.2	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like				P46274	1.B.8.1.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020842.1-1	Q9SCV4	XP_038972182.1	beta-galactosidase 6 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH35				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01020851.1	Q01525	XP_010937379.1	14-3-3-like protein B [Elaeis guineensis]				P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01020865.1	Q9C5W6	XP_008777420.1	14-3-3-like protein D [Phoenix dactylifera]				P48349	8.A.98.1.8	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021216.1-2	Q9FMU6	XP_010939396.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial				Q9FMU6	2.A.29.4.6	
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021289.1	P94072	XP_010910722.1	auxin-binding protein ABP20						WP
						HA2	HA3	HA4	GFLX01021309.1	Q8VYN9	XP_010907383.1	universal stress protein PHOS32 isoform X3		CE8				
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021327.1-1	P43296	XP_010910124.1	cysteine proteinase 1 [Elaeis guineensis]	MER0663004					
	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01021340.1-1	Q9LHA8	XP_010922357.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Elaeis guineensis]				P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021369.1-1	Q96300	KAG1330548.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]				P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		GFLX01021371.1	O81147	XP_010937324.1	proteasome subunit alpha type-6 [Elaeis guineensis]	MER0688943					
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021377.1	B3H5Q1	XP_008789872.1	beta-glucosidase 22-like [Phoenix dactylifera]		GH1				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021387.1	Q23714	XP_010938140.1	proteasome subunit beta type-2-B [Elaeis guineensis]	MER1093426					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01021393.1	B9DFG5	XP_008790659.1	PTI1-like tyrosine-protein kinase 3 [Phoenix dactylifera]						WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021431.1	Q9LDZ0	XP_010919345.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial				P0A6Y8	1.A.33.1.2	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					GFLX01021437.1-2	Q9C5N2	XP_008795202.1	transmembrane 9 superfamily member 8-like [Phoenix dactylifera]				Q9LIC2	8.A.68.1.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	GFLX01021591.1-2	Q9SRT9	XP_008811806.2	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Phoenix dactylifera]		GT75				
					HA1	HA2			GFLX01021598.1-1	Q9FMP3	XP_010922084.1	dihydropyrimidinase	MER0663617					
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01021635.1	F4HZG9	XP_008793195.2	xaa-Pro dipeptidase [Phoenix dactylifera]	MER0079218					

EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	GFLX01021663.1-2	Q9FFD2	KAG1363403.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Cocos nucifera]		GT75			
						HA2	HA3		GFLX01021682.1-2	Q42556	KAG1364459.1	Plasma membrane ATPase			P19456	3.A.3.3.9	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01021717.1	Q84MC1	XP_010941157.2	probable polygalacturonase [Elaeis guineensis]		GH28			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021746.1-1	P34066	KAG1366283.1	proteasome subunit alpha type-1 [Cocos nucifera]	MER0663236				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021751.1	Q9SDS7	XP_010925033.1	V-type proton ATPase subunit C [Elaeis guineensis]			Q9SDS7	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021921.1-1	Q42605	KAG1359210.1	bifunctional UDP-glucose 4-epimerase and UDP-xylose 4-epimerase 1 [Cocos nucifera]		GT2			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021958.1-1	Q9FF55	XP_017700701.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH5_14			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01021963.1-2	Q05431	XP_038980918.1	L-ascorbate peroxidase 1, cytosolic [Phoenix dactylifera]					WP
	EN2								GFLX01021989.1-1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like [Phoenix dactylifera]			Q84L31	3.A.16.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022097.1-2	Q9C4Z6	XP_010916329.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]			P63244	8.A.92.1.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022136.1	Q9SZN1	XP_010943806.1	V-type proton ATPase subunit B 2 [Elaeis guineensis]			Q9SZN1	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022147.1	Q9LIP2	XP_010905449.1	proteasome subunit beta type-5 [Elaeis guineensis]	MER0126199				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022148.1	Q9SYT0	KAG1366505.1	annexin D1 [Cocos nucifera]			Q9SYT0	1.A.31.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022154.1-2	P42644	KAG1358741.1	14-3-3-like protein [Cocos nucifera]			P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1				GFLX01022183.1	O65390	XP_010909333.1	aspartic proteinase [Elaeis guineensis]	MER0445086				
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022250.1-2	O80845	XP_010933889.1	peroxisomal membrane protein 11-5 [Elaeis guineensis]			H2ER28	1.A.101.6.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022295.1-2	O65390	XP_008797519.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like [Phoenix dactylifera]	MER0680933				
			DZ2	DZ3					GFLX01022326.1-1	O65355	XP_008792313.1	gamma-glutamyl hydrolase 2-like [Phoenix dactylifera]	MER0663859				
						HA2	HA3	HA4	GFLX01022343.1-2	P40941	XP_010913950.1	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial			P31167	2.A.29.1.5	
EN1		EN3	DZ2	DZ3					GFLX01022369.1-2	Q9FJZ3	XP_010926118.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1 [Elaeis guineensis]		GH5_7			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022372.1	P93004	XP_008809438.2	probable aquaporin PIP2-6 [Phoenix dactylifera]			Q9ZVX8	1.A.8.11.6	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022450.1-1	Q8H0X6	XP_008795132.1	cysteine proteinase inhibitor 12 [Phoenix dactylifera]	MER0166568				
			DZ2	DZ3					GFLX01022462.1-2	P22953	KAG1371684.1	Heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Cocos nucifera]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	GFLX01022476.1-2	Q8LD27	XP_010927181.1	proteasome subunit beta type-6 [Elaeis guineensis]	MER0663941				
				DZ3					KAG1326109.1	Q9LT91	KAG1326109.1	peroxidase 5 [Cocos nucifera]					WP
						HA2		HA4	KAG1326147.1	Q9LSM9	KAG1326147.1	serine carboxypeptidase-like 26 [Cocos nucifera]	MER0663729				
								HA4	KAG1326447.1	P19456	KAG1326447.1	Plasma membrane ATPase, partial [Cocos nucifera]			P19456	3.A.3.3.9	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1326542.1	Q9S9N1	KAG1326542.1	heat shock 70 kDa protein [Cocos nucifera]			P22953	1.A.33.1.1	
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1326556.1	Q9M099	KAG1326556.1	Serine carboxypeptidase 24 [Cocos nucifera]	MER0658174				
EN1	EN2	EN3	DZ2						KAG1326601.1	O64740	KAG1326601.1	protein transport protein SEC13 [Cocos nucifera]			P55735	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3							KAG1326619.1	P46248	KAG1326619.1	Aspartate aminotransferase, chloroplastic [Cocos nucifera]			P00505	9.A.70.1.1	
					HA1				KAG1326887.1	Q9LU77	KAG1326887.1	Auxin efflux carrier component 2 [Cocos nucifera]			Q9LU77	2.A.69.1.2	
EN1			DZ2	DZ3					KAG1327004.1	Q27GI3	KAG1327004.1	nucleobase-ascorbate transporter 6 [Cocos nucifera]			Q41760	2.A.40.6.3	
						HA2			KAG1327040.1	Q9SUG6	KAG1327040.1	plant UBX domain-containing protein 4 [Cocos nucifera]			Q9SUG6	3.A.16.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1327631.1	O80719	KAG1327631.1	pto-interacting protein 1 [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1327981.1	Q96520	KAG1327981.1	peroxidase 12 [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3							KAG1330165.1	P41376	KAG1330165.1	Eukaryotic initiation factor 4A-14 [Cocos nucifera]			P38919	3.A.18.1.1	
				DZ3			HA3	HA4	KAG1330574.1	Q9FGI6	KAG1330574.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Cocos nucifera]			Q9FGI6	3.D.1.6.3	
						HA2	HA3	HA4	KAG1330867.1	Q06915	KAG1330867.1	putative glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 [Cocos nucifera]		GH17			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1331790.1	Q0WRX3	KAG1331790.1	serine carboxypeptidase II-3 [Cocos nucifera]	MER0630746				
	EN2								KAG1334385.1	Q9LXL5	KAG1334385.1	Sucrose synthase 1 [Cocos nucifera]		GT4			
						HA2	HA3		KAG1334392.1	Q9LUM3	KAG1334392.1	Subtilisin-like protease SBT1.5 [Cocos nucifera]	MER0663802				

					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1334511.1	Q9LV91	KAG1334511.1	4-alpha-glucanotransferase DPE1, chloroplastic/amyloplastic [Cocos nucifera]		GH77			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1334631.1	O04496	KAG1334631.1	aspartyl protease 25 [Cocos nucifera]	MER0663791				
							HA3		KAG1334860.1	Q9LP77	KAG1334860.1	putative inactive receptor kinase [Cocos nucifera]					WP
EN1									KAG1335000.1	Q9LIR6	KAG1335000.1	Beta-amylase 2, chloroplastic [Cocos nucifera]		GH14			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1335243.1	Q96299	KAG1335243.1	14-3-3-like protein D [Cocos nucifera]			P48349	8.A.98.1.8	
						HA2	HA3	HA4	KAG1335254.1	No_hit	KAG1335254.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A [Cocos nucifera]					WP
						HA2	HA3	HA4	KAG1335265.1	Q9FLC0	KAG1335265.1	Peroxidase P7 [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2					HA2	HA3	HA4	KAG1335554.1	Q8H156	KAG1335554.1	GTP-binding nuclear protein Ran-A1 [Cocos nucifera]			P32835	9.A.50.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1337698.1	Q9M069	KAG1337698.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]		GH17			
						HA2	HA3	HA4	KAG1337751.1	Q9SD67	KAG1337751.1	putative ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 7, chloroplastic [Cocos nucifera]	MER0663644				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1337959.1	Q9FY49	KAG1337959.1	leucine aminopeptidase [Cocos nucifera]	MER0336326				
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1338030.1	Q0WNJ6	KAG1338030.1	Clathrin heavy chain 1 [Cocos nucifera]			Q00610	8.A.137.1.1	
	EN2	EN3							KAG1338165.1	Q9LZV3	KAG1338165.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 8 [Cocos nucifera]		GH5_7			
	EN2		DZ2	DZ3					KAG1338844.1	O23044	KAG1338844.1	peroxidase 5-like [Cocos nucifera]					WP
			DZ2	DZ3					KAG1339046.1	No_hit	KAG1339046.1	peptide-N4-(N-acetyl-beta-glucosaminyl)asparagine amidase A [Cocos nucifera]					WP
			DZ2	DZ3					KAG1339081.1	P46309	KAG1339081.1	putative Glutamate--cysteine ligase, chloroplastic [Cocos nucifera]					WP
						HA2	HA3	HA4	KAG1339232.1	O48818	KAG1339232.1	expansin-A4 [Cocos nucifera]					WP
						HA2		HA4	KAG1339259.1	Q9STE8	KAG1339259.1	putative protein TOC75-3, chloroplastic [Cocos nucifera]			Q43715	1.B.33.2.1	
						HA2	HA3	HA4	KAG1341810.1	Q9C7Z9	KAG1341810.1	putative Serine carboxypeptidase-like 18 [Cocos nucifera]	MER0663091				
		EN3	DZ2	DZ3					KAG1342031.1	Q8L7W8	KAG1342031.1	putative Alpha-L-fucosidase 2 [Cocos nucifera]		GH95			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1342192.1	Q9FN05	KAG1342192.1	Alpha-glucosidase [Cocos nucifera]		GH31			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1342407.1	Q9SGZ5	KAG1342407.1	putative beta-D-xylosidase 7 [Cocos nucifera]		GH3			
			DZ2						KAG1342563.1	O49006	KAG1342563.1	pectinesterase [Cocos nucifera]		CE8			
			DZ2	DZ3					KAG1346223.1	O48788	KAG1346223.1	putative inactive receptor kinase [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2			KAG1346258.1	Q9C827	KAG1346258.1	coatomer subunit beta'-1 [Cocos nucifera]			P41811	3.A.31.1.1	
		EN3	DZ2	DZ3					KAG1346298.1	Q9XJ35	KAG1346298.1	putative ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit-related protein 1, chloroplastic [Cocos nucifera]	MER0411747				
EN1	EN2		DZ2						KAG1346394.1	Q9FJT9	KAG1346394.1	Zinc protease PQQL-like [Cocos nucifera]	MER0411636				
						HA2	HA3	HA4	KAG1346404.1	Q9LNF6	KAG1346404.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15 [Cocos nucifera]			Q13838	3.A.18.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1346640.1	O04308	KAG1346640.1	putative Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha [Cocos nucifera]	MER0922117				
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1346674.1	Q9LNI3	KAG1346674.1	aspartyl protease family protein 2 [Cocos nucifera]	MER0663340				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1346726.1	Q94C70	KAG1346726.1	putative Nucleobase-ascorbate transporter 2 [Cocos nucifera]			Q41760	2.A.40.6.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1346853.1	P55230	KAG1346853.1	glucose-1-phosphate adenyllyltransferase large subunit 1 [Cocos nucifera]		GT5			
	EN2			DZ3					KAG1347180.1	Q9S9T7	KAG1347180.1	vacuolar protein sorting-associated protein 28 [Cocos nucifera]			Q9S9T7	3.A.31.1.2	
			DZ2	DZ3					KAG1347494.1	Q9SIV9	KAG1347494.1	purple acid phosphatase [Cocos nucifera]					WP
			DZ2	DZ3					KAG1347578.1	Q84W89	KAG1347578.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37 [Cocos nucifera]			O00571	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	KAG1347755.1	Q9SRT9	KAG1347755.1	UDP-arabinopyranose mutase 1 [Cocos nucifera]		GT75			

						HA2	HA3	HA4	KAG1347827.1	Q9LF33	KAG1347827.1	putative UDP-glucose 6-dehydrogenase 4 [Cocos nucifera]		GT2			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1347875.1	O65351	KAG1347875.1	putative Subtilisin-like protease SBT1.7 [Cocos nucifera]	MER0663408				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1347934.1	Q9S7T8	KAG1347934.1	serpin-ZXA [Cocos nucifera]	MER0662990				
EN1		EN3	DZ2	DZ3					KAG1347937.1	Q9SU40	KAG1347937.1	L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]					WP
			DZ2						KAG1348039.1	P50700	KAG1348039.1	Thaumatococcus-like protein [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1353890.1	P43287	KAG1353890.1	aquaporin PIP2-4 [Cocos nucifera]			Q9XF58	1.A.8.11.7	
			DZ2	DZ3		HA2	HA3		KAG1353977.1	Q0WL80	KAG1353977.1	UDP-glucose:glycoprotein glucosyltransferase [Cocos nucifera]		GT24			
							HA3	HA4	KAG1354163.1	P93004	KAG1354163.1	Aquaporin PIP2 [Cocos nucifera]			Q9ZVX8	1.A.8.11.6	
		EN3							KAG1354184.1	P46032	KAG1354184.1	protein NRT1/ PTR FAMILY 8.3 [Cocos nucifera]			P46032	2.A.17.3.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1354201.1	Q9FN05	KAG1354201.1	alpha-glucosidase 2 [Cocos nucifera]		GH31			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1354273.1	Q9M2M0	KAG1354273.1	Glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]		GH17			
						HA2		HA4	KAG1354371.1	O64481	KAG1354371.1	putative Subtilisin-like protease SBT2.5 [Cocos nucifera]	MER0663550				
			DZ2			HA2			KAG1355176.1	Q8LPR9	KAG1355176.1	protein TIC110, chloroplastic [Cocos nucifera]			Q8LPR9	3.A.9.1.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1355314.1	Q9MAQ0	KAG1355314.1	Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyloplastic [Cocos nucifera]		GT5			
				DZ3					KAG1358858.1	Q9LXL5	KAG1358858.1	putative Sucrose synthase [Cocos nucifera]		GT4			
EN1	EN2			DZ3					KAG1359292.1	Q9SU40	KAG1359292.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3							KAG1359490.1	Q9M8R4	KAG1359490.1	protein DJ-1 [Cocos nucifera]	MER0891420				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1359529.1	Q9FX21	KAG1359529.1	dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit STT3B [Cocos nucifera]		GT66			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1359597.1	Q67Y83	KAG1359597.1	putative serine carboxypeptidase-like 51 [Cocos nucifera]	MER0663256				
			DZ2						KAG1360861.1	Q9LW07	KAG1360861.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]		GH28			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1361262.1	Q39043	KAG1361262.1	Luminal-binding protein 5 [Cocos nucifera]			P11021	1.A.33.1.5	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					KAG1361343.1	Q67Y83	KAG1361343.1	serine carboxypeptidase-like 51 [Cocos nucifera]	MER0663080				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1361459.1	F4I893	KAG1361459.1	putative ABC transporter C family member 5 [Cocos nucifera]			XP	3.A.1.208.44	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1362212.1	Q39044	KAG1362212.1	Vacuolar-processing enzyme [Cocos nucifera]	MER0662848				
		EN3	DZ2	DZ3					KAG1362379.1	Q9LW07	KAG1362379.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]		GH28			
	EN2		DZ2	DZ3					KAG1362707.1	Q9SU40	KAG1362707.1	putative L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1363273.1	Q9LDZ0	KAG1363273.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Cocos nucifera]			P0A6Y8	1.A.33.1.2	
			DZ2	DZ3					KAG1363358.1	Q9FGR9	KAG1363358.1	thiol protease SEN102 [Cocos nucifera]	MER0630960				
						HA2	HA3		KAG1363766.1	Q9LK73	KAG1363766.1	putative UDP-glucose:2-hydroxyflavanone C-glucosyltransferase [Cocos nucifera]		GT1			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1363886.1	Q9M5J9	KAG1363886.1	polygalacturonase inhibitor [Cocos nucifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1363968.1	Q94BT0	KAG1363968.1	Sucrose-phosphate synthase [Cocos nucifera]		GT4			
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1364054.1	Q27G13	KAG1364054.1	nucleobase-ascorbate transporter 6 [Cocos nucifera]			Q41760	2.A.40.6.3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1364081.1	No_hit	KAG1364081.1	Endo-1,3(4)-beta-glucanase 1 [Cocos nucifera]		GH81			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1		HA3	HA4	KAG1364388.1	Q9S9N1	KAG1364388.1	heat shock 70 kDa protein [Cocos nucifera]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2						KAG1364459.1	Q9SJB3	KAG1364459.1	Plasma membrane ATPase [Cocos nucifera]			P19456	3.A.3.3.9	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1365260.1	Q9LUM3	KAG1365260.1	subtilisin-like protease SBT1.5 [Cocos nucifera]	MER0662777				
EN1	EN2								KAG1365405.1	Q8L6Y1	KAG1365405.1	putative Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 [Cocos nucifera]	MER0662788				
						HA2	HA3		KAG1365482.1	Q3E6T0	KAG1365482.1	putative sugar phosphate/phosphate translocator [Cocos nucifera]			Q9SKJ7	2.A.7.9.17	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1365677.1	Q9SFB5	KAG1365677.1	Serine carboxypeptidase-like 27 [Cocos nucifera]	MER0662962				
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1365692.1	Q0WNU6	KAG1365692.1	Clathrin heavy chain 1 [Cocos nucifera]			Q00610	8.A.137.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1365761.1	P50699	KAG1365761.1	osmotin-like protein [Cocos nucifera]					WP

					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1366540.1	Q9SJZ2	KAG1366540.1	peroxidase 17 [Cocos nucifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1366793.1	Q9LF33	KAG1366793.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 5 [Cocos nucifera]		GT2			
						HA2	HA3	HA4	KAG1367592.1	Q9SRH5	KAG1367592.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Cocos nucifera]			P46274	1.B.8.1.4	
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1367613.1	Q9C827	KAG1367613.1	putative Coatomer subunit beta'-1 [Cocos nucifera]	MER0156555				
						HA2			KAG1367797.1	O04904	KAG1367797.1	dihydroorotase, mitochondrial [Cocos nucifera]	MER0663858				
						HA2	HA3	HA4	KAG1367861.1	Q9LNJ3	KAG1367861.1	putative Aspartyl protease family protein 2 [Cocos nucifera]	MER0663853				
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1367867.1	Q9SN58	KAG1367867.1	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Cocos nucifera]		GT2			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1368086.1	Q9CSA9	KAG1368086.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Cocos nucifera]			A0ZW41	3.A.2.1.11	
	EN2	EN3							KAG1368098.1	Q9MAH4	KAG1368098.1	putative polygalacturonase [Cocos nucifera]		GH28			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1368123.1	Q9LV33	KAG1368123.1	beta-glucosidase 1 [Cocos nucifera]		GH1			
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1368342.1	Q9SU40	KAG1368342.1	L-ascorbate oxidase [Cocos nucifera]					WP
					HA1			HA4	KAG1368580.1	Q37145	KAG1368580.1	calcium-transporting ATPase 10, plasma membrane-type [Cocos nucifera]			Q37145	3.A.3.2.11	
					HA1	HA2	HA3	HA4	KAG1368588.1	Q9SZE7	KAG1368588.1				M4E3U6	9.A.61.3.1	
			DZ2	DZ3					KAG1368689.1	Q9LIL4	KAG1368689.1	putative transmembrane emp24 domain-containing protein p24beta3-like [Cocos nucifera]	MER0614899				
EN1			DZ2	DZ3					KAG1369667.1	Q9LXI7	KAG1369667.1	Purple acid phosphatase 18 [Cocos nucifera]					WP
EN1	EN2	EN3							KAG1369842.1	Q8GUM0	KAG1369842.1	O-fucosyltransferase 11 [Cocos nucifera]		GT106			
EN1			DZ2	DZ3					KAG1369988.1	Q9LXD9	KAG1369988.1	Pectinesterase [Cocos nucifera]		CE8			
				DZ3					KAG1370003.1	Q9FVV1	KAG1370003.1	GDSL esterase/lipase [Cocos nucifera]					WP
		EN3							KAG1370081.1	Q9FPT5	KAG1370081.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 2 [Cocos nucifera]	MER0662469				
					HA2	HA3	HA4		KAG1370222.1	Q9LYR6	KAG1370222.1	putative protein NRT1/ PTR FAMILY 6.1 [Cocos nucifera]			Q9M390	2.A.17.3.7	
		EN3	DZ2	DZ3					KAG1371026.1	O04496	KAG1371026.1	basic 7S globulin [Cocos nucifera]					WP
							HA4		KAG1371076.1	Q9FNA3	KAG1371076.1	putative Alpha-N-acetylglucosaminidase [Cocos nucifera]		GH89			
		EN3	DZ2	DZ3	HA2	HA3	HA4		KAG1371097.1	Q8L611	KAG1371097.1	protein transport protein SEC31 [Cocos nucifera]			O94979	3.A.5.9.1	
EN1	EN2				HA2	HA3	HA4		KAG1371174.1	Q8LAS8	KAG1371174.1	S-formylglutathione hydrolase [Cocos nucifera]	MER0663177				
			DZ2	DZ3	HA2	HA3	HA4		KAG1371684.1	P22953	KAG1371684.1	Heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Cocos nucifera]			P22953	1.A.33.1.1	
			DZ2	DZ3					KAG1371695.1	Q9SR22	KAG1371695.1	putative Pectin acetylesterase [Cocos nucifera]		CE13			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					KAG1371702.1	Q9M069	KAG1371702.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Cocos nucifera]		GH17			
EN1				DZ3	HA2	HA3	HA4		NP_001290534.1	Q39196	NP_001290534.1	probable aquaporin PIP1-2 [Elaeis guineensis]			O24662	1.A.8.11.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	O82197	O82197	O82197	Vacuolar protein sorting-associated protein 32 homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VPS32.1 PE=1 SV=1			O82197	3.A.31.1.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	P19366	P19366	P19366	ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=atpB PE=1 SV=2			BAK19948	3.A.2.1.10	
					HA1	HA2	HA3	HA4	P20649	P20649	P20649	ATPase 1, plasma membrane-type OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AHA1 PE=1 SV=3			P20649	3.A.3.3.7	
					HA1	HA2	HA3	HA4	P22953	P22953	P22953	Heat shock 70 kDa protein 1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HSP70-1 PE=1 SV=3			P22953	1.A.33.1.1	
						HA3			P22954	P22954	P22954	Heat shock 70 kDa protein 2 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=HSP70-2 PE=1 SV=2			P22953	1.A.33.1.1	
	EN2								Q38939	Q84J95	Q38939	GASA5 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=GASA5 PE=2 SV=1					WP
							HA4		Q39258	Q39258	Q39258	V-type proton ATPase subunit E1 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VHA-E1 PE=1 SV=2			Q39258	3.A.2.2.5	
					HA1	HA2	HA3	HA4	Q683F9	Q1PF50	Q683F9	Prolyl carboxypeptidase like protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g36195 PE=1 SV=1	MER0304968				

EN1	EN2	EN3							Q8L7A9	Q8L7A9	Q8L7A9	AP-4 complex subunit epsilon OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At1g31730 PE=1 SV=1			Q9UPM8	9.B.278.1.5		
						HA2	HA3	HA4	Q8VZB7	No_hit	Q8VZB7	Uncharacterized protein At3g57790;F15B8.20 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At3g57790 PE=2 SV=1		GH28				
	EN2		DZ2	DZ3					Q8VZM5	Q8VZM5	Q8VZM5	CSC1-like protein At4g15430 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At4g15430 PE=2 SV=1			Q5XEZ5	1.A.17.5.10		
					HA1	HA2	HA3	HA4	Q8W206	Q8W206	Q8W206	COP9 signalosome complex subunit 6a OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=CSN6A PE=1 SV=2	MER0681869					
EN1	EN2								Q9FMH8	Q9FMH8	Q9FMH8	Probable cysteine protease RD21B OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=RD21B PE=1 SV=1	MER0013512					
						HA2	HA3	HA4	Q9LV33	Q9LV33	Q9LV33	Beta-glucosidase 44 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=BGLU44 PE=2 SV=1		GH1				
		EN3		DZ3					Q9M2V7	Q9M2V7	Q9M2V7	ABC transporter G family member 16 OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=ABCG16 PE=2 SV=2			Q9M2V7	3.A.1.204.30		
EN1	EN2	EN3							Q9SMV6	Q9SMV6	Q9SMV6	Protein EXPORTIN 1A OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=XPO1 PE=1 SV=1			O14980	1.I.1.1.3		
EN1	EN2	EN3	DZ2						Q9XGM1	Q9XGM1	Q9XGM1	V-type proton ATPase subunit D OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=VHA-D PE=1 SV=2			Q9XGM1	3.A.2.2.5		
						HA2	HA3	HA4	Q9ZW72	B9DFG5	Q9ZW72	Protein kinase superfamily protein OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=At2g43230 PE=1 SV=2					WP	
						HA2	HA3	HA4	QEP50182.1	P19366	QEP50182.1	CF1 subunit beta (chloroplast) [Brahea decumbens]			BAK19948	3.A.2.1.10		
	EN2								W8Q3K7	Q9FX32	W8Q3K7	Sucrose synthase (Fragment) OS=Arabidopsis thaliana OX=3702 GN=AT1G73370 PE=2 SV=1		GT4				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008775144.1	Q84L31	XP_008775144.1	ubiquitin receptor RAD23d-like [Phoenix dactylifera]			Q84L31	3.A.16.1.5		
EN1				DZ3					XP_008776050.2	Q8VZH2	XP_008776050.2	aminopeptidase M1-B-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0412570					
					HA1				XP_008776221.2	Q9M2A0	XP_008776221.2	ATPase 8, plasma membrane-type-like [Phoenix dactylifera]			Q9SH76	3.A.3.3.8		
			DZ2	DZ3					XP_008776572.2	Q7Y228	XP_008776572.2	probable glutamate carboxypeptidase LAMP1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0027447					
				DZ3					XP_008776624.2	Q93Z08	XP_008776624.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6-like [Phoenix dactylifera]		GH17				
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_008776656.1	P22953	XP_008776656.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2-like [Phoenix dactylifera]			P22953	1.A.33.1.1		
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008777010.1	Q9FJD4	XP_008777010.1	importin subunit beta-1-like [Phoenix dactylifera]			Q14974	1.I.1.1.3		
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008778981.2	Q67Y83	XP_008778981.2	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0631040					
						HA2	HA3		XP_008779540.2	Q9LHD1	XP_008779540.2	putative multidrug resistance protein [Phoenix dactylifera]			Q9LHD1	3.A.1.201.34		
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008781455.2	Q96520	XP_008781455.2	cationic peroxidase SPC4-like [Phoenix dactylifera]					WP	
EN1	EN2	EN3	DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008781745.1	O23654	XP_008781745.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Phoenix dactylifera]			O23654	3.A.2.2.5		
						HA2		HA4	XP_008781955.1	Q9M8D3	XP_008781955.1	probable phosphoribosylformylglycinamide synthase, chloroplastic/mitochondrial [Phoenix dactylifera]	MER0087959					
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_008782032.2	Q8L611	XP_008782032.2	protein transport protein SEC31 homolog B-like [Phoenix dactylifera]			O94979	3.A.5.9.1		
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008782296.1	Q9ZNT0	XP_008782296.1	protein SUPPRESSOR OF K(+) TRANSPORT GROWTH DEFECT 1-like [Phoenix dactylifera]			Q9ZNT0	3.A.31.1.2	

EN1			DZ2	DZ3					XP_008782624.3	Q9FLC0	XP_008782624.3	peroxidase 4-like [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008782885.1	Q9M2R0	XP_008782885.1	FT-interacting protein 7-like [Phoenix dactylifera]			Q9FL59	9.A.57.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	XP_008783276.2	Q0WRX3	XP_008783276.2	serine carboxypeptidase II-3-like [Phoenix dactylifera]	MER0630746				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008783343.2	Q8GX69	XP_008783343.2	beta-galactosidase 7-like [Phoenix dactylifera]		GH35			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008783477.2	Q9M069	XP_008783477.2	LOW QUALITY PROTEIN: glucan endo-1,3-beta-glucosidase 7 [Phoenix dactylifera]		GH17			
						HA2	HA3	HA4	XP_008783590.2	O64640	XP_008783590.2	3-O-acetyl papaveroxine carboxylesterase CXE2-like [Phoenix dactylifera]	MER0630757				
					HA1	HA2	HA3		XP_008784530.1	P22953	XP_008784530.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Phoenix dactylifera]			P22953	1.A.33.1.1	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008784548.4	Q9FLG1	XP_008784548.4	LOW QUALITY PROTEIN: beta-xylosidase/alpha-L-arabinofuranosidase 2-like [Phoenix dactylifera]		GH3			
						HA2	HA3	HA4	XP_008784560.1	O23044	XP_008784560.1	peroxidase 3-like [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008784796.1	Q9XI05	XP_008784796.1	proteasome subunit beta type-3 [Phoenix dactylifera]	MER0630802				
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008785408.1	O24412	XP_008785408.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 7 homolog A [Phoenix dactylifera]	MER0630812				
						HA2	HA3	HA4	XP_008786188.2	Q9C827	XP_008786188.2	coatamer subunit beta'-1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]			P41811	3.A.31.1.1	
						HA2	HA3		XP_008786670.2	P25857	XP_008786670.2	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic [Phoenix dactylifera]			B3ET62	3.A.23.6.1	
					HA1				XP_008786687.1	Q8LPQ8	XP_008786687.1	monosaccharide-sensing protein 2 [Phoenix dactylifera]			Q8LPQ8	2.A.1.1.84	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008786741.1	Q9SRH5	XP_008786741.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1-like [Phoenix dactylifera]			P46274	1.B.8.1.4	
					HA1	HA2	HA3		XP_008786957.3	Q8LPF3	XP_008786957.3	probable pectinesterase 68 [Phoenix dactylifera]		CE8			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008787043.2	No_hit	XP_008787043.2	aminoacylase-1 isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0630864				
						HA2	HA3	HA4	XP_008787238.1	O82399	XP_008787238.1	malate dehydrogenase, glyoxysomal [Phoenix dactylifera]		GH3			
			DZ2	DZ3					XP_008787982.1	Q9SR72	XP_008787982.1	germin-like protein 2-4 [Phoenix dactylifera]					WP
	EN2		DZ2	DZ3					XP_008788110.1	Q39258	XP_008788110.1	V-type proton ATPase subunit E-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]			Q39258	3.A.2.2.5	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008788245.3	Q8S340	XP_008788245.3	purple acid phosphatase 22-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_008788259.1	Q8L7S6	XP_008788259.1	beta-hexosaminidase 3 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH20			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008788526.1	P93026	XP_008788526.1	vacuolar-sorting receptor 1-like [Phoenix dactylifera]			P93026	9.B.87.1.13	
EN1		EN3		DZ3					XP_008788865.1	F4HTM3	XP_008788865.1	mannosyl-oligosaccharide glucosidase GCS1-like [Phoenix dactylifera]		GH63			
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_008789499.2	O81742	XP_008789499.2	beta-adaptin-like protein C [Phoenix dactylifera]			Q10567	9.B.278.1.1	
						HA2			XP_008789524.1	O23016	XP_008789524.1	probable voltage-gated potassium channel subunit beta [Phoenix dactylifera]			P63144	8.A.5.1.3	
						HA2	HA3		XP_008789991.1	Q9C5M0	XP_008789991.1	mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC [Phoenix dactylifera]			Q8SF04	2.A.29.2.6	
								HA4	XP_008790008.2	Q9FLC0	XP_008790008.2	peroxidase P7-like [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008790115.3	Q8L831	XP_008790115.3	nudix hydrolase 3 [Phoenix dactylifera]	MER0436327				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_008791035.2	Q8LPJ3	XP_008791035.2	alpha-mannosidase At3g26720 [Phoenix dactylifera]		GH38			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008791425.2	Q9T0A0	XP_008791425.2	long chain acyl-CoA synthetase 4-like [Phoenix dactylifera]			Q9XIA9	4.C.1.1.14	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008791985.2	Q9LZT4	XP_008791985.2	expansin-like A2 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008792409.2	Q9SU50	XP_008792409.2	endoglucanase-like [Phoenix dactylifera]		GH9			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008792597.1	Q9S7T8	XP_008792597.1	serpin-ZXA-like [Phoenix dactylifera]	MER0662990				
						HA2	HA3	HA4	XP_008792725.1	Q42290	XP_008792725.1	probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Phoenix dactylifera]	MER0923304				
						HA2	HA3		XP_008792869.2	Q9LVJ1	XP_008792869.2	subtilisin-like protease SBT1.4 [Phoenix dactylifera]	MER0663803				

EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_008793157.2	Q9SN58	XP_008793157.2	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Phoenix dactylifera]		GT2			
EN1	EN2	EN3							XP_008793417.1	O23237	XP_008793417.1	peroxidase 5-like [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008793600.3	Q9SVG5	XP_008793600.3	berberine bridge enzyme-like 18 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008793726.2	Q9FT97	XP_008793726.2	uncharacterized protein LOC103709952 isoform X1 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_008794482.2	Q93VD3	XP_008794482.2	uncharacterized protein LOC103710517 [Phoenix dactylifera]			M5BEH1	8.A.104.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008794526.2	Q9SYT0	XP_008794526.2	LOW QUALITY PROTEIN: annexin D1-like [Phoenix dactylifera]			Q9SYT0	1.A.31.1.8	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008794735.2	P55228	XP_008794735.2	glucose-1-phosphate adenyltransferase small subunit, chloroplastic/amyloplastic [Phoenix dactylifera]		GH13_11			
EN1	EN2	EN3							XP_008794744.2	Q94A08	XP_008794744.2	probable galactinol--sucrose galactosyltransferase 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH36			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008794777.2	Q9LW07	XP_008794777.2	probable polygalacturonase isoform X1 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2	EN3							XP_008795325.2	Q93VV5	XP_008795325.2	protein NRT1/ PTR FAMILY 4.3-like [Phoenix dactylifera]			Q8H157	2.A.17.3.16	
							HA3		XP_008795768.2	O81301	XP_008795768.2	pectinesterase-like [Phoenix dactylifera]		CE8			
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008796163.1	Q8LAS8	XP_008796163.1	S-formylglutathione hydrolase [Phoenix dactylifera]	MER0630595				
		EN3							XP_008796301.1	Q8VZJ2	XP_008796301.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]		GH17			
	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_008796470.2	P43297	XP_008796470.2	oryzain alpha chain-like [Phoenix dactylifera]	MER0630601				
			DZ2						XP_008796726.2	Q9LXA8	XP_008796726.2	probable beta-D-xylosidase 6 [Phoenix dactylifera]		GH3			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008796727.1	Q39043	XP_008796727.1	luminal-binding protein 5 [Phoenix dactylifera]			P11021	1.A.33.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008797857.1	Q9C9G4	XP_008797857.1	endonuclease 2-like [Phoenix dactylifera]		GH35			
EN1									XP_008797870.1	Q9LFN6	XP_008797870.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]			Q13838	3.A.18.1.1	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_008798178.1	COLGU0	XP_008798178.1	pollen receptor-like kinase 1 [Phoenix dactylifera]					WP
	EN2		DZ2	DZ3					XP_008798222.2	Q9SU40	XP_008798222.2	L-ascorbate oxidase homolog [Phoenix dactylifera]					WP
	EN2						HA3	HA4	XP_008798874.2	P54968	XP_008798874.2	IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 3 [Phoenix dactylifera]	MER0630311				
						HA2	HA3	HA4	XP_008799400.1	Q9M263	XP_008799400.1	germin-like protein 5-1 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2		HA4	XP_008799765.1	Q9ZU25	XP_008799765.1	mitochondrial-processing peptidase subunit alpha-like [Phoenix dactylifera]	MER0922066				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008800005.2	Q94B60	XP_008800005.2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 4, chloroplastic [Phoenix dactylifera]	MER0630350				
						HA2	HA3	HA4	XP_008800183.2	Q9LNU1	XP_008800183.2	CO(2)-response secreted protease-like [Phoenix dactylifera]	MER0630359				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3			HA3	HA4	XP_008800262.2	F4J270	XP_008800262.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Phoenix dactylifera]		GH17			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008800430.2	P26587	XP_008800430.2	aquaporin TIP3-1-like [Phoenix dactylifera]			P26587	1.A.8.10.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	XP_008800438.1	Q8RX86	XP_008800438.1	alpha-galactosidase [Phoenix dactylifera]		GH27			
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008800479.1	O81149	XP_008800479.1	proteasome subunit alpha type-5 [Phoenix dactylifera]	MER0505546				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008800482.2	O49006	XP_008800482.2	pectinesterase-like [Phoenix dactylifera]		CE8			
						HA2	HA3	HA4	XP_008800539.2	Q9LZF6	XP_008800539.2	cell division cycle protein 48 homolog [Phoenix dactylifera]			P54609	3.A.16.1.5	
EN1			DZ2						XP_008800567.1	O23016	XP_008800567.1	probable voltage-gated potassium channel subunit beta [Phoenix dactylifera]			P63144	8.A.5.1.3	
					HA1		HA3	HA4	XP_008800699.2	O65390	XP_008800699.2	aspartic proteinase oryzasin-1-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0680933				

EN1	EN2								XP_008801153.1	Q84L30	XP_008801153.1	ubiquitin receptor RAD23d-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]			Q84L30	3.A.16.1.5	
					HA1	HA2	HA3		XP_008801172.2	Q43735	XP_008801172.2	peroxidase 1-like [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008801219.1	P25818	XP_008801219.1	probable aquaporin TIP1-1 [Phoenix dactylifera]			P25818	1.A.8.10.3	
					HA1		HA3	HA4	XP_008801902.2	P31414	XP_008801902.2	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like [Phoenix dactylifera]			P21616	3.A.10.1.8	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008802642.2	Q9FNA3	XP_008802642.2	alpha-N-acetylglucosaminidase [Phoenix dactylifera]		GH89			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008802734.1	Q9M069	XP_008802734.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Phoenix dactylifera]		GH17			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008802766.1	Q9LHA8	XP_008802766.1	heat shock 70 kDa protein 4-like [Phoenix dactylifera]			P22953	1.A.33.1.1	
	EN2				HA1			HA4	XP_008802787.2	Q94A40	XP_008802787.2	coatomer subunit alpha-1 [Phoenix dactylifera]			P53622	3.A.31.1.1	
						HA2	HA3		XP_008802826.2	No_hit	XP_008802826.2	ER membrane protein complex subunit 1 [Phoenix dactylifera]			Q8N766	3.A.27.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008803271.1	Q9LV28	XP_008803271.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Phoenix dactylifera]			P63244	8.A.92.1.4	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008803347.3	O04496	XP_008803347.3	aspartyl protease AED3-like [Phoenix dactylifera]	MER0630454				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008803383.2	Q9LXK7	XP_008803383.2	pectinesterase/pectinesterase inhibitor PPE8B [Phoenix dactylifera]		CE8			
					HA1	HA2	HA3		XP_008803480.1	Q9ZU93	XP_008803480.1	plant UBX domain-containing protein 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]			Q9ZU93	3.A.16.1.5	
						HA2	HA3		XP_008803545.2	Q9SMM9	XP_008803545.2	LOW QUALITY PROTEIN: probable carboxylesterase 5 [Phoenix dactylifera]	MER0630458				
EN1	EN2	EN3							XP_008804431.2	Q6XBF8	XP_008804431.2	aspartic proteinase nepenthesin-1-like [Phoenix dactylifera]	MER0629941				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008804781.1	Q01525	XP_008804781.1	14-3-3 protein 6 [Phoenix dactylifera]			P48349	8.A.98.1.8	
EN1									XP_008804920.2	Q9FN42	XP_008804920.2	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit [Phoenix dactylifera]	MER0662829				
				DZ3	HA1				XP_008805061.1	No_hit	XP_008805061.1	UPF0098 protein CPn_0877/CP_0992/CPj0877/CpB0906 [Phoenix dactylifera]	MER0785675				
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_008805151.2	Q0WNJ6	XP_008805151.2	clathrin heavy chain 1 [Phoenix dactylifera]			Q00610	8.A.137.1.1	
						HA2	HA3	HA4	XP_008805817.3	Q9FJZ3	XP_008805817.3	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1-like [Phoenix dactylifera]		GH5_7			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008805818.3	Q9FJZ3	XP_008805818.3	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1-like [Phoenix dactylifera]		GH5_7			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008806302.2	Q9XI05	XP_008806302.2	proteasome subunit beta type-3 [Phoenix dactylifera]	MER0630011				
					HA1	HA2	HA3		XP_008807825.2	Q94A41	XP_008807825.2	uncharacterized protein LOC103720069 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH13_6			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008808183.2	Q9SGZ5	XP_008808183.2	probable beta-D-xylosidase 7 [Phoenix dactylifera]		GH3			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008808926.2	Q8VZH2	XP_008808926.2	aminopeptidase M1-like [Phoenix dactylifera]	MER0412570				
EN1	EN2	EN3							XP_008809255.2	Q9SR05	XP_008809255.2	receptor-like protein kinase ANXUR1 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1				XP_008809520.2	O64495	XP_008809520.2	subtilisin-like protease 4 [Phoenix dactylifera]	MER0631010				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008810026.2	Q9C820	XP_008810026.2	ras-related protein Rab7-like [Phoenix dactylifera]			P51149	9.A.3.1.1	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_008810138.2	Q9SQR3	XP_008810138.2	strigolactone esterase D14 [Phoenix dactylifera]	MER0631007				
			DZ2	DZ3					XP_008810151.1	Q8L7A9	XP_008810151.1	AP-4 complex subunit epsilon [Phoenix dactylifera]			Q9UPM8	9.B.278.1.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_008810195.2	Q9LW07	XP_008810195.2	probable polygalacturonase isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH28			
				DZ3					XP_008810759.3	Q8S9J6	XP_008810759.3	probable aspartic proteinase GIP2 [Phoenix dactylifera]	MER0630166				
EN1	EN2	EN3							XP_008810848.2	Q9SCZ4	XP_008810848.2	receptor-like protein kinase FERONIA [Phoenix dactylifera]					WP

EN1	EN2			DZ3		HA2	HA3		XP_008811353.1	Q9LT08	XP_008811353.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog [Phoenix dactylifera]	MER0906419				
			DZ2	DZ3					XP_008811753.2	Q8VZJ2	XP_008811753.2	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]		GH17			
EN1	EN2		DZ2						XP_008812470.2	P43298	XP_008812470.2	receptor protein kinase TMK1-like [Phoenix dactylifera]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_008812531.1	Q9LXT9	XP_008812531.1	callose synthase 3-like [Phoenix dactylifera]		GT48			
EN1				DZ3					XP_008813087.2	Q8H0U4	XP_008813087.2	importin-5 [Phoenix dactylifera]			O00410	1.I.1.1.3	
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010905239.2	Q84P21	XP_010905239.2	LOW QUALITY PROTEIN: 4-coumarate--CoA ligase-like 4 [Elaeis guineensis]			Q42524	4.C.1.1.7
EN1	EN2								XP_010906017.1	Q0WRX3	XP_010906017.1	serine carboxypeptidase II-3 [Elaeis guineensis]	MER0662081				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010906123.1	P50700	XP_010906123.1	thaumatin-like protein 1 [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_010906169.1	Q06915	XP_010906169.1	probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase A6 [Elaeis guineensis]		GH17			
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010906276.1	Q9SZE7	XP_010906276.1				M4E3U6	9.A.61.3.1
			DZ2	DZ3					XP_010906324.2	P43298	XP_010906324.2	receptor protein kinase TMK1-like [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_010906369.2	Q9SVG5	XP_010906369.2	berberine bridge enzyme-like 18 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010906622.1	Q9SU40	XP_010906622.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]					WP
						HA1	HA2	HA3	XP_010906670.1	Q8S9J6	XP_010906670.1	aspartyl protease family protein At5g10770 [Elaeis guineensis]	MER0662323				
						HA1	HA2	HA3	XP_010906898.1	O81148	XP_010906898.1	proteasome subunit alpha type-4 [Elaeis guineensis]	MER0662889				
						HA2	HA3	HA4	XP_010907797.1	Q9FN08	XP_010907797.1	beta-galactosidase 3 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH35			
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010908287.1	Q9SMV6	XP_010908287.1	protein EXPORTIN 1A isoform X1 [Elaeis guineensis]			O14980	1.I.1.1.3
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010908756.1	Q96300	XP_010908756.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010908865.1	Q9M2R0	XP_010908865.1	FT-interacting protein 3-like [Elaeis guineensis]			Q9FL59	9.A.57.1.5	
EN1			DZ2	DZ3					XP_010909077.1	Q6NKW9	XP_010909077.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 8 [Elaeis guineensis]		GH17			
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010909209.1	Q9SFU6	XP_010909209.1	callose synthase 9 [Elaeis guineensis]		GT48		
						HA1		HA3	XP_010909242.1	Q7DLR9	XP_010909242.1	proteasome subunit beta type-4 [Elaeis guineensis]	MER0663433				
						HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010909270.1	No_hit	XP_010909270.1	endo-1,3;1,4-beta-D-glucanase [Elaeis guineensis]	MER0209651			
			DZ2	DZ3					XP_010909621.1	P94014	XP_010909621.1	germin-like protein 5-1 [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_010909644.1	Q9M263	XP_010909644.1	germin-like protein 5-1 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010909866.1	Q8RX86	XP_010909866.1	alpha-galactosidase isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH27			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010909984.1	Q9S7T8	XP_010909984.1	serpin-ZXA [Elaeis guineensis]	MER0662990				
			DZ2	DZ3					XP_010910092.1	F4JRE0	XP_010910092.1	transmembrane 9 superfamily member 12 [Elaeis guineensis]			Q9LIC2	8.A.68.1.2	
EN1									XP_010910150.1	O81283	XP_010910150.1	translocase of chloroplast 159, chloroplastic [Elaeis guineensis]			Q41010	3.A.9.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010910681.1	Q8H0U4	XP_010910681.1	transportin-1 [Elaeis guineensis]			Q92973	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010910841.1	Q9SUS0	XP_010910841.1	endoglucanase-like, partial [Elaeis guineensis]		GH9			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010910890.1	Q8RXK7	XP_010910890.1	probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 41 [Elaeis guineensis]		CE8			
EN1	EN2	EN3	DZ2						XP_010911110.1	Q9LK73	XP_010911110.1	UDP-glycosyltransferase 88F5, partial [Elaeis guineensis]		GT1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010911540.1	Q9FJZ3	XP_010911540.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 1 [Elaeis guineensis]		GH5_7			
								HA4	XP_010911567.1	Q9SAA2	XP_010911567.1	ATP-dependent Clp protease proteolytic subunit 6, chloroplastic [Elaeis guineensis]	MER0004603				
			DZ2						XP_010912522.1	Q940G0	XP_010912522.1	transmembrane 9 superfamily member 1 [Elaeis guineensis]			O04091	8.A.68.1.7	
			DZ2	DZ3					XP_010913398.1	Q9MAU6	XP_010913398.1	protein disulfide isomerase-like 2-3 [Elaeis guineensis]			KA8286768.1	8.A.88.2.1	
		EN3				HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010914386.2	O23044	XP_010914386.2	uncharacterized protein LOC105039804 [Elaeis guineensis]				WP

EN1	EN2								XP_010914512.1	Q96321	XP_010914512.1	importin subunit alpha-1b [Elaeis guineensis]			O60684	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010915175.1	Q8VZH2	XP_010915175.1	aminopeptidase M1 [Elaeis guineensis]	MER0412570				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010915493.1	Q9FLC0	XP_010915493.1	peroxidase P7 [Elaeis guineensis]					WP
		EN3		DZ3					XP_010915610.1	Q9FJ45	XP_010915610.1	GDSL esterase/lipase At5g45910 isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
	EN2								XP_010915809.1	Q9C820	XP_010915809.1	ras-related protein Rab7 [Elaeis guineensis]			P51149	9.A.3.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010915893.1	Q9M0Y8	XP_010915893.1	vesicle-fusing ATPase [Elaeis guineensis]			P46459	1.F.1.1.1	
EN1			DZ2		HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010916166.1	Q96300	XP_010916166.1	14-3-3-like protein [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
						HA2	HA3	HA4	XP_010916235.1	Q9FGI6	XP_010916235.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]			Q9FGI6	3.D.1.6.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010916292.1	Q9C5A9	XP_010916292.1	ATP synthase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]			A0ZW41	3.A.2.1.11	
		EN3							XP_010916874.1	Q9LK73	XP_010916874.1	anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase [Elaeis guineensis]		GT1			
EN1	EN2					HA2	HA3		XP_010916888.1	Q9SYT0	XP_010916888.1	annexin D1 isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q9SYT0	1.A.31.1.8	
						HA2	HA3	HA4	XP_010917011.1	O80605	XP_010917011.1	sucrose transport protein SUT3 isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q9SXM0	2.A.2.4.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010917471.1	Q9SSA7	XP_010917471.1	GDSL esterase/lipase 5 [Elaeis guineensis]					WP
EN1									XP_010917851.1	Q8LPJ4	XP_010917851.1	ABC transporter E family member 2 [Elaeis guineensis]			P61221	3.A.1.31.4	
EN1	EN2	EN3							XP_010918160.1	Q9SN58	XP_010918160.1	UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 [Elaeis guineensis]		GT2			
			DZ2	DZ3					XP_010918373.1	Q9LHG8	XP_010918373.1	protein ELC-like [Elaeis guineensis]			Q9LHG8	3.A.31.1.2	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010918389.1	P50699	XP_010918389.1	osmotin-like protein [Elaeis guineensis]					WP
							HA3		XP_010918390.1	P22953	XP_010918390.1	heat shock cognate 70 kDa protein 2 [Elaeis guineensis]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010918433.1	No_hit	XP_010918433.1	bifunctional epoxide hydrolase 2 [Elaeis guineensis]	MER0663842				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010918543.1	F4JVN6	XP_010918543.1	tripeptidyl-peptidase 2 [Elaeis guineensis]	MER0663477				
				DZ3					XP_010918615.1	P32826	XP_010918615.1	serine carboxypeptidase-like [Elaeis guineensis]	MER0663483				
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_010919345.1	Q9LDZ0	XP_010919345.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Elaeis guineensis]			P0A6Y8	1.A.33.1.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010919395.1	Q1PF50	XP_010919395.1	probable serine protease EDA2 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0663535				
	EN2	EN3		DZ3					XP_010919469.1	Q9SLN5	XP_010919469.1	methionine aminopeptidase 1A isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0663538				
EN1	EN2		DZ2			HA2	HA3	HA4	XP_010919612.1	Q94A40	XP_010919612.1	coatamer subunit alpha-1 [Elaeis guineensis]			P53622	3.A.31.1.1	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010919953.1	O64495	XP_010919953.1	subtilisin-like protease SBT1.7 [Elaeis guineensis]	MER0663555				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920003.1	Q9C5W6	XP_010920003.1	14-3-3-like protein D isoform X2 [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
					HA1			HA4	XP_010920077.1	Q9FN05	XP_010920077.1	uncharacterized protein LOC105044009 [Elaeis guineensis]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010920097.1	P93004	XP_010920097.1	probable aquaporin PIP2-6 [Elaeis guineensis]			Q9ZVX8	1.A.8.11.6	
EN1	EN2	EN3							XP_010920139.1	O49607	XP_010920139.1	subtilisin-like protease SBT1.6 [Elaeis guineensis]	MER0663558				
						HA2			XP_010920995.1	Q9FJD4	XP_010920995.1	importin subunit beta-1 [Elaeis guineensis]			Q14974	1.I.1.1.3	
				DZ3					XP_010921101.1	Q9FLC0	XP_010921101.1	peroxidase 4 [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3		XP_010921463.1	Q3E8W4	XP_010921463.1	receptor-like protein kinase ANXR2 [Elaeis guineensis]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010921615.1	COLGG9	XP_010921615.1	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g53430 isoform X1 [Elaeis guineensis]		CBM57			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2		HA4	XP_010921619.1	Q9M111	XP_010921619.1	sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]		GT4			
		EN3		DZ3					XP_010921893.1	Q8VZJ2	XP_010921893.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaeis guineensis]		GH17			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010922084.1	Q9FMP3	XP_010922084.1	dihydropyrimidinase [Elaeis guineensis]	MER0663617				
							HA3	HA4	XP_010922239.1	Q9M2L4	XP_010922239.1	probable calcium-transporting ATPase 8, plasma membrane-type isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q37145	3.A.3.2.11	

EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010922329.1	Q9M069	XP_010922329.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase [Elaeis guineensis]		GH17			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010922562.1	Q9LV33	XP_010922562.1	beta-glucosidase 1-like [Elaeis guineensis]		GH1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010922601.1	P93028	XP_010922601.1	ubiquitin-activating enzyme E1 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]			E7LWL7	3.A.16.1.2	
						HA2	HA3	HA4	XP_010922771.1	Q9LZV3	XP_010922771.1	mannan endo-1,4-beta-mannosidase 8 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH5_7			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010923198.1	Q9LT08	XP_010923198.1	26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog [Elaeis guineensis]	MER0906419				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010923303.1	Q9LV11	XP_010923303.1	plasma membrane ATPase 3 [Elaeis guineensis]			P20649	3.A.3.3.7	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010923342.1	Q84W89	XP_010923342.1	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 37 [Elaeis guineensis]			O00571	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_010923358.1	Q8H0U4	XP_010923358.1	importin-5 [Elaeis guineensis]			O00410	1.I.1.1.3	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010924103.1	Q9FJZ9	XP_010924103.1	peroxidase 72 [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3		XP_010924298.1	P55230	XP_010924298.1	glucose-1-phosphate adenylyltransferase large subunit 1 [Elaeis guineensis]		GH13_11			
					HA1	HA2	HA3		XP_010924510.1	P42697	XP_010924510.1	dynamin-related protein 5A isoform X1 [Elaeis guineensis]			P50570	1.R.1.1.1	
						HA2	HA3	HA4	XP_010924614.1	Q96299	XP_010924614.1	14-3-3-like protein D [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010924649.1	P42730	XP_010924649.1	chaperone protein ClpB1 [Elaeis guineensis]			Q9FI56	3.A.9.1.2	
						HA2	HA3	HA4	XP_010925004.1	Q9LIC2	XP_010925004.1	transmembrane 9 superfamily member 7 [Elaeis guineensis]			Q9LIC2	8.A.68.1.2	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010925360.1	Q9SRH5	XP_010925360.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Elaeis guineensis]			P46274	1.B.8.1.4	
EN1	EN2								XP_010925724.1	Q9T0A0	XP_010925724.1	long chain acyl-CoA synthetase 4 [Elaeis guineensis]			Q9XIA9	4.C.1.1.14	
						HA2			XP_010925919.2	O49323	XP_010925919.2	LOW QUALITY PROTEIN: cellulose synthase-like protein D1 [Elaeis guineensis]	GT2				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010925921.1	Q8LPJ4	XP_010925921.1	ABC transporter E family member 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]			P61221	3.A.1.31.4	
						HA2	HA3		XP_010926097.1	Q9FGI6	XP_010926097.1	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial [Elaeis guineensis]			Q9FGI6	3.D.1.6.3	
	EN2	EN3							XP_010926132.1	Q84L31	XP_010926132.1	ubiquitin receptor RAD23d isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q84L31	3.A.16.1.5	
		EN3		DZ3					XP_010926197.1	O65390	XP_010926197.1	aspartic proteinase oryzasin-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0680933				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010926201.1	Q9LV28	XP_010926201.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Elaeis guineensis]			P63244	8.A.92.1.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010926497.1	Q9LS40	XP_010926497.1	LOW QUALITY PROTEIN: protein ASPARTIC PROTEASE IN GUARD CELL 1 [Elaeis guineensis]	MER0663920				
						HA2	HA3		XP_010926673.1	Q8L5T9	XP_010926673.1	cysteine proteinase inhibitor 5 [Elaeis guineensis]	MER0663925				
						HA2	HA3		XP_010926713.1	Q8S944	XP_010926713.1	dynamin-related protein 3A [Elaeis guineensis]			O00429	1.N.6.1.2	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010926983.1	O04496	XP_010926983.1	aspartyl protease AED3-like [Elaeis guineensis]	MER0663938				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010927213.1	P41376	XP_010927213.1	eukaryotic initiation factor 4A-2 [Elaeis guineensis]			P38919	3.A.18.1.1	
EN1				DZ3					XP_010928215.1	Q9FNA3	XP_010928215.1	alpha-N-acetylglucosaminidase isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH89			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010928724.1	O23654	XP_010928724.1	V-type proton ATPase catalytic subunit A [Elaeis guineensis]			O23654	3.A.2.2.5	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010928748.1	Q93Z08	XP_010928748.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 6 [Elaeis guineensis]		GH17			
						HA2		HA4	XP_010928855.1	No_hit	XP_010928855.1	uncharacterized protein LOC105050504 isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP

					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010929528.1	Q9XIW1	XP_010929528.1	probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase [Elaeis guineensis]		GH16_20			
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010929952.1	Q9FGR9	XP_010929952.1	vignain isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
						HA2	HA3	HA4	XP_010930282.1	Q9LX65	XP_010930282.1	probable V-type proton ATPase subunit H [Elaeis guineensis]			Q9LX65	3.A.2.2.5	
						HA2	HA3	HA4	XP_010930945.1	Q96520	XP_010930945.1	cationic peroxidase SPC4 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010931493.2	P25853	XP_010931493.2	beta-amylase [Elaeis guineensis]		GH14			
						HA2	HA3	HA4	XP_010931898.1	Q8L6Y1	XP_010931898.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 14 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0662788				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010931989.1	Q94CK4	XP_010931989.1	annexin-like protein RJ4 [Elaeis guineensis]			O65848	1.A.31.1.5	
				DZ3					XP_010932085.1	F4HYR6	XP_010932085.1	subtilisin-like protease SBT2.4 [Elaeis guineensis]	MER0662790				
						HA2	HA3	HA4	XP_010932235.1	Q1PF50	XP_010932235.1	lysosomal Pro-X carboxypeptidase isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0662796				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010932447.1	Q9SRH5	XP_010932447.1	mitochondrial outer membrane protein porin 1 [Elaeis guineensis]			P46274	1.B.8.1.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010932581.1	Q9LK25	XP_010932581.1	prohibitin-3, mitochondrial [Elaeis guineensis]			Q84VJ0	8.A.21.2.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010932966.1	Q9FPT1	XP_010932966.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0433359				
		EN3							XP_010933168.1	Q9M8Z7	XP_010933168.1	sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GT1			
						HA2	HA3		XP_010933831.1	Q9M0N1	XP_010933831.1	plant UBX domain-containing protein 10 [Elaeis guineensis]			Q9M0N1	3.A.16.1.5	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010934533.1	P93031	XP_010934533.1	GDP-mannose 4,6 dehydratase 1 [Elaeis guineensis]		GT4			
	EN2								XP_010934886.1	Q9FNX5	XP_010934886.1	dynamin-related protein 1E [Elaeis guineensis]			P50570	1.R.1.1.1	
EN1	EN2								XP_010935194.1	Q8RWL6	XP_010935194.1	serine/threonine-protein kinase STY46 isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
					HA1	HA2		HA4	XP_010936216.1	O80939	XP_010936216.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase IV.1-like [Elaeis guineensis]			Q9LSR8	1.A.87.2.3	
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010936326.1	Q9FZE0	XP_010936326.1	beta-glucosidase 6 isoform X2 [Elaeis guineensis]		GH1			
						HA2	HA3	HA4	XP_010936539.1	Q8L7W8	XP_010936539.1	alpha-L-fucosidase 2 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH95			
						HA2	HA3	HA4	XP_010936719.1	Q9ZQG4	XP_010936719.1	scopoletin glucosyltransferase [Elaeis guineensis]		GT1			
					HA1			HA4	XP_010937054.1	Q9FLG1	XP_010937054.1	beta-xylosidase/alpha-L-arabinofuranosidase 2 [Elaeis guineensis]		GH3			
						HA2	HA3	HA4	XP_010937277.1	Q9LXL5	XP_010937277.1	sucrose synthase 2 [Elaeis guineensis]		GT4			
							HA3		XP_010937324.1	O81147	XP_010937324.1	proteasome subunit alpha type-6 [Elaeis guineensis]	MER0663230				
								HA4	XP_010937574.1	Q9M2S4	XP_010937574.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.4-like [Elaeis guineensis]			Q9LSR8	1.A.87.2.3	
EN1	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	XP_010937656.1	Q9LHA8	XP_010937656.1	probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c [Elaeis guineensis]			P22953	1.A.33.1.1	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010938368.1	Q9M111	XP_010938368.1	LOW QUALITY PROTEIN: sucrose synthase 4 [Elaeis guineensis]		GT4			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010938515.1	Q75W54	XP_010938515.1	mannosylglycoprotein endo-beta-mannosidase isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH2			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010938554.1	Q9ZNZ7	XP_010938554.1	ferredoxin-dependent glutamate synthase, chloroplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0663172				
	EN2								XP_010938781.1	Q9FR37	XP_010938781.1	amidase 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q9MUK5	3.A.9.1.1	
				DZ3					XP_010939013.1	Q9C7Z9	XP_010939013.1	serine carboxypeptidase-like 18 isoform X2 [Elaeis guineensis]	MER0663184				

EN1	EN2	EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010939148.1	Q42290	XP_010939148.1	LOW QUALITY PROTEIN: probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta, mitochondrial [Elaeis guineensis]	MER0923033				
EN1	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010939216.1	Q9LIB2	XP_010939216.1	alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic isoform X1 [Elaeis guineensis]		GT35			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010939269.1	Q9M069	XP_010939269.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase 7 [Elaeis guineensis]		GH17			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010939287.1	Q9LF33	XP_010939287.1	UDP-glucose 6-dehydrogenase 5 [Elaeis guineensis]		GT2			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010939378.1	Q9C5W6	XP_010939378.1	14-3-3-like protein GF14 iota [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
							HA3		XP_010939692.1	Q01525	XP_010939692.1	14-3-3 protein 6 [Elaeis guineensis]			P48349	8.A.98.1.8	
						HA2	HA3	HA4	XP_010939846.1	O49006	XP_010939846.1	pectinesterase [Elaeis guineensis]		CE8			
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_010940435.2	Q8H0V6	XP_010940435.2	ABC transporter F family member 3 [Elaeis guineensis]			Q9NUQ8	3.A.1.121.9	
EN1	EN2	EN3			HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010940975.1	P42742	XP_010940975.1	proteasome subunit beta type-1 [Elaeis guineensis]	MER0644308				
				DZ3					XP_010941125.1	Q9SU40	XP_010941125.1	monocopper oxidase-like protein SKU5 [Elaeis guineensis]					WP
								HA4	XP_010941157.2	Q9LW07	XP_010941157.2	probable polygalacturonase [Elaeis guineensis]		GH28			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010941309.1	O24616	XP_010941309.1	proteasome subunit alpha type-7 [Elaeis guineensis]	MER0655602				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010942088.1	P30184	XP_010942088.1	leucine aminopeptidase 2, chloroplastic [Elaeis guineensis]	MER0658267				
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_010942352.1	COLGH2	XP_010942352.1	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g56140 isoform X1 [Elaeis guineensis]		CBM57			
EN1									XP_010942477.1	Q93YU5	XP_010942477.1	exocyst complex component SEC8 isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q93YU5	1.F.2.1.3	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_010943004.1	Q6XB8F	XP_010943004.1	aspartic proteinase CDR1-like [Elaeis guineensis]	MER0660850				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010943098.1	Q9FMU6	XP_010943098.1	mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial [Elaeis guineensis]			Q9FMU6	2.A.29.4.6	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_010943133.2	Q9FJZ3	XP_010943133.2	putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9 [Elaeis guineensis]		GH5_7			
							HA3	HA4	XP_010943331.1	Q9C9B0	XP_010943331.1	flavonol 3-O-glucosyltransferase UGT89B1 [Elaeis guineensis]		GT1			
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_010943655.1	Q9LHE5	XP_010943655.1	mitochondrial import receptor subunit TOM40-1 isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q9SX55	1.B.8.2.3	
			DZ2	DZ3					XP_017698870.2	Q9FZE0	XP_017698870.2	beta-glucosidase 6 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH1			
						HA2	HA3	HA4	XP_017699107.1	O64740	XP_017699107.1	protein transport protein SEC13 homolog B-like [Phoenix dactylifera]			P55735	1.I.1.1.3	
							HA3	HA4	XP_017700701.1	No_hit	XP_017700701.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH5_14			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2		HA4	XP_019701838.1	Q8L5T9	XP_019701838.1	cysteine proteinase inhibitor 4 [Elaeis guineensis]	MER0630331				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019702534.1	Q9M2S4	XP_019702534.1	L-type lectin-domain containing receptor kinase S.4 [Elaeis guineensis]			Q9LSR8	1.A.87.2.3	
			DZ2	DZ3					XP_019703961.1	Q949Y3	XP_019703961.1	phosphoenolpyruvate phosphatase isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3		XP_019704249.1	Q9M2R0	XP_019704249.1	FT-interacting protein 7 [Elaeis guineensis]			Q9FL59	9.A.57.1.5	
						HA2	HA3	HA4	XP_019704327.1	Q42593	XP_019704327.1	probable L-ascorbate peroxidase 6, chloroplastic/mitochondrial [Elaeis guineensis]					WP
				DZ3					XP_019704349.1	Q9LIP2	XP_019704349.1	proteasome subunit beta type-5 [Elaeis guineensis]	MER0126199				
			DZ2	DZ3					XP_019704876.1	Q9FLG1	XP_019704876.1	uncharacterized protein LOC109505671 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH3			
					HA1	HA2		HA4	XP_019704883.1	Q9FLG1	XP_019704883.1	uncharacterized protein LOC105042425 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH3			

	EN2	EN3				HA2	HA3	HA4	XP_019704894.1	Q9FPT1	XP_019704894.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12 isoform X2 [Elaeis guineensis]	MER0433254				
	EN2			DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019706002.1	Q9LHE5	XP_019706002.1	mitochondrial import receptor subunit TOM40-1 [Elaeis guineensis]			Q9SX55	1.B.8.2.3	
					HA1	HA2	HA3		XP_019706256.1	Q9FY49	XP_019706256.1	leucine aminopeptidase isoform X3 [Elaeis guineensis]	MER0336326				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019706257.1	Q9SD76	XP_019706257.1	LOW QUALITY PROTEIN: alpha-glucan phosphorylase, H isozyme [Elaeis guineensis]		GT35			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_019706859.1	O65390	XP_019706859.1	aspartic proteinase oryzasin-1 [Elaeis guineensis]	MER0590483				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019706934.1	Q9LFP7	XP_019706934.1	probable serine/threonine-protein kinase PIX7 isoform X1 [Elaeis guineensis]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2						XP_019707602.1	Q6R2J8	XP_019707602.1	protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 8 [Elaeis guineensis]					WP
	EN2			DZ3					XP_019708593.1	No_hit	XP_019708593.1	CTP synthase isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0662779				
	EN2				HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019709302.1	Q9LDZ0	XP_019709302.1	heat shock 70 kDa protein, mitochondrial [Elaeis guineensis]			POA6Y8	1.A.33.1.2	
						HA2	HA3	HA4	XP_019710004.2	Q9C7Z9	XP_019710004.2	serine carboxypeptidase-like 1 isoform X1 [Elaeis guineensis]	MER0663095				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_019710108.1	Q9SGZ5	XP_019710108.1	probable beta-D-xylosidase 7 [Elaeis guineensis]		GH3			
		EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_019711047.1	Q67Y83	XP_019711047.1	serine carboxypeptidase-like 51 isoform X4 [Elaeis guineensis]	MER0663256				
EN1	EN2		DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_026656591.2	Q9FF31	XP_026656591.2	LEAF RUST 10 DISEASE-RESISTANCE LOCUS RECEPTOR-LIKE PROTEIN KINASE-like 2.1 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_026658027.1	Q9LZS3	XP_026658027.1	1,4-alpha-glucan-branching enzyme, chloroplastic/amyloplastic-like [Phoenix dactylifera]		GH13_8			
						HA2	HA3	HA4	XP_026660236.2	Q94BT0	XP_026660236.2	probable sucrose-phosphate synthase 1 [Phoenix dactylifera]		GT4			
						HA2	HA3		XP_026661577.2	Q7Y232	XP_026661577.2	scopoletin glucosyltransferase-like [Phoenix dactylifera]		GT1			
EN1	EN2			DZ3					XP_026661701.2	Q9FJD4	XP_026661701.2	importin subunit beta-1-like [Phoenix dactylifera]			Q14974	1.I.1.1.3	
EN1	EN2	EN3							XP_026663657.1	P41376	XP_026663657.1	eukaryotic initiation factor 4A-15 [Phoenix dactylifera]			P38919	3.A.18.1.1	
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_026665422.1	Q9LW07	XP_026665422.1	probable polygalacturonase [Phoenix dactylifera]		GH28			
EN1			DZ2	DZ3					XP_026666097.2	No_hit	XP_026666097.2	transmembrane protein 120 homolog isoform X1 [Phoenix dactylifera]			G0ZL54	1.A.119.1.1	
EN1	EN2	EN3							XP_029117121.1	Q93VD3	XP_029117121.1	uncharacterized protein LOC105059328 [Elaeis guineensis]			M5BEH1	8.A.104.1.5	
EN1	EN2								XP_029117563.1	Q9LM76	XP_029117563.1	U-box domain-containing protein 44 [Elaeis guineensis]			A9T3V6	1.A.87.4.1	
	EN2								XP_029118045.1	Q9FFR9	XP_029118045.1	cation/H(+) antiporter 18 [Elaeis guineensis]			Q9SUQ7	2.A.37.4.2	
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_029118616.1	Q9LF79	XP_029118616.1	calcium-transporting ATPase 5, plasma membrane-type isoform X1 [Elaeis guineensis]			Q9LF79	3.A.3.2.10	
		EN3							XP_029118850.1	Q9LW07	XP_029118850.1	probable polygalacturonase isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH28			
						HA2			XP_029119354.1	No_hit	XP_029119354.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A [Elaeis guineensis]		GH5_14			
								HA4	XP_029119355.1	No_hit	XP_029119355.1	probable glucan 1,3-beta-glucosidase A [Elaeis guineensis]		GH5_14			
						HA2	HA3	HA4	XP_029119387.1	Q9LVQ0	XP_029119387.1	pectinesterase 31 [Elaeis guineensis]		CE8			
						HA2	HA3		XP_029119602.1	Q9LUM3	XP_029119602.1	subtilisin-like protease SBT1.5 [Elaeis guineensis]	MER0663802				
					HA1	HA2	HA3	HA4	XP_029120841.1	Q9SGA8	XP_029120841.1	UDP-glycosyltransferase 83A1 [Elaeis guineensis]		GT1			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_029121153.1	Q93Z24	XP_029121153.1	beta-galactosidase 8 isoform X1 [Elaeis guineensis]		GH35			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_029121375.1	O65390	XP_029121375.1	aspartic proteinase oryzasin-1 [Elaeis guineensis]	MER0630781				
						HA2	HA3	HA4	XP_029122190.1	Q8VZK9	XP_029122190.1	cellulose synthase-like protein E1 [Elaeis guineensis]		GT2			
					HA1	HA2			XP_029124052.1	Q1PDV6	XP_029124052.1	LOW QUALITY PROTEIN: serine/threonine-protein kinase PBL27-like [Elaeis guineensis]					WP

EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_029124182.1	Q9C7Z9	XP_029124182.1	serine carboxypeptidase-like 18 [Elaeis guineensis]	MER0663188				
				DZ3					XP_038972681.1	Q9SFB7	XP_038972681.1	polygalacturonase-like [Phoenix dactylifera]		GH28			
					HA1				XP_038973624.1	Q9LP77	XP_038973624.1	probable inactive receptor kinase RLK902 [Phoenix dactylifera]					WP
		EN3		DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_038974174.1	Q9FX54	XP_038974174.1	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic [Phoenix dactylifera]			B3ET62	3.A.23.6.1	
		EN3	DZ2	DZ3					XP_038974340.1	No_hit	XP_038974340.1	endoplasmic reticulum metalloproteinase 1 [Phoenix dactylifera]	MER0663926				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_038974681.1	Q8VZJ2	XP_038974681.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]		GH17			
					HA2	HA3	HA4		XP_038974849.1	P50699	XP_038974849.1	thaumatin-like protein [Phoenix dactylifera]					WP
			DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_038975019.1	Q9M099	XP_038975019.1	serine carboxypeptidase 24-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0630152				
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_038975332.1	Q9FMR0	XP_038975332.1	peroxidase 60 [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_038975456.1	Q9FJZ3	XP_038975456.1	putative mannan endo-1,4-beta-mannosidase 9 [Phoenix dactylifera]		GH5_7			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3		HA2	HA3	HA4	XP_038976685.1	Q9M5J9	XP_038976685.1	polygalacturonase inhibitor-like [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2								XP_038977337.1	No_hit	XP_038977337.1	nodal modulator 1-like [Phoenix dactylifera]			Q5JPE7	8.A.146.1.1	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_038977420.1	Q8VZJ2	XP_038977420.1	glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like [Phoenix dactylifera]		GH17			
	EN2	EN3	DZ2						XP_038979595.1	Q8VYS0	XP_038979595.1	probable cysteine protease RD19D [Phoenix dactylifera]	MER0630444				
EN1	EN2		DZ2	DZ3					XP_038980410.1	Q9LVM0	XP_038980410.1	probable inactive receptor kinase At5g58300 isoform X1 [Phoenix dactylifera]					WP
					HA2	HA3	HA4		XP_038980654.1	Q9LFR7	XP_038980654.1	probable carboxylesterase 17 [Phoenix dactylifera]	MER0662237				
		EN3				HA3	HA4		XP_038981298.1	Q7Y228	XP_038981298.1	probable glutamate carboxypeptidase LAMP1 [Phoenix dactylifera]	MER0027447				
EN1	EN2	EN3							XP_038981612.1	O24456	XP_038981612.1	guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein A [Phoenix dactylifera]			P63244	8.A.92.1.4	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_038981823.1	P25853	XP_038981823.1	beta-amylase-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH14			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_038981950.1	Q9SU40	XP_038981950.1	L-ascorbate oxidase homolog [Phoenix dactylifera]					WP
EN1	EN2								XP_038981965.1	Q9FPT1	XP_038981965.1	ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 12-like isoform X3 [Phoenix dactylifera]	MER0433254				
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	XP_038981992.1	O49447	XP_038981992.1	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]			P31167	2.A.29.1.5	
EN1	EN2								XP_038982865.1	Q6DBP4	XP_038982865.1	pectin acetylesterase 7-like isoform X1 [Phoenix dactylifera]		CE13			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3				HA4	XP_038983422.1	Q8L7W8	XP_038983422.1	alpha-L-fucosidase 2 isoform X1 [Phoenix dactylifera]		GH95			
EN1	EN2	EN3		DZ3					XP_038983428.1	Q8L7W8	XP_038983428.1	alpha-L-fucosidase 2-like isoform X2 [Phoenix dactylifera]		GH95			
					HA2	HA3	HA4		XP_038984134.1	P40941	XP_038984134.1	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial-like [Phoenix dactylifera]			P31167	2.A.29.1.5	
					HA2	HA3			XP_038984814.1	Q9SYT0	XP_038984814.1	annexin D2 [Phoenix dactylifera]			Q9SYT0	1.A.31.1.8	
	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_038985451.1	Q9FLG1	XP_038985451.1	beta-glucosidase BoGH3B-like [Phoenix dactylifera]		GH3			
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3					XP_038988997.1	A7WM73	XP_038988997.1	beta-hexosaminidase 1 [Phoenix dactylifera]		GH20			
					HA2	HA3			XP_038989682.1	No_hit	XP_038989682.1	probable aspartyl aminopeptidase isoform X1 [Phoenix dactylifera]	MER0630048				
EN1	EN2	EN3			HA2				XP_038990014.1	No_hit	XP_038990014.1	LOW QUALITY PROTEIN: erlin-2-B-like [Phoenix dactylifera]			O94905	1.P.1.1.1	
					HA2		HA4		XP_038990403.1	F4HZQ7	XP_038990403.1	growth-regulating factor 6-like [Phoenix dactylifera]			Q9LPF1	2.A.7.4.6	
EN1	EN2	EN3	DZ2	DZ3	HA1	HA2	HA3	HA4	YP_009315990.1	P92549	YP_009315990.1	ATPase subunit 1 (mitochondrion) [Cocos nucifera]			A1B8N8	3.A.2.1.7	