



**21^ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE**

21st International Oil Palm Conference

Mejoramiento mediante el uso de la selección genómica en palma de aceite

*Breeding through the use of Genomic Selection in
Oil Palm*

Iván Mauricio Ayala-Díaz, PhD

Líder de Fitomejoramiento y Coordinador (e) del
programa de Biología y Mejoramiento de Cenipalma

David Botero, Juan Malagón, Andrés Tupaz, Edison
Daza, Jenny Rodríguez, Alejandra Romero, Diego
Jarquín, Julián García-Abadillo, Carmenza Montoya,
Hernán Romero, et al



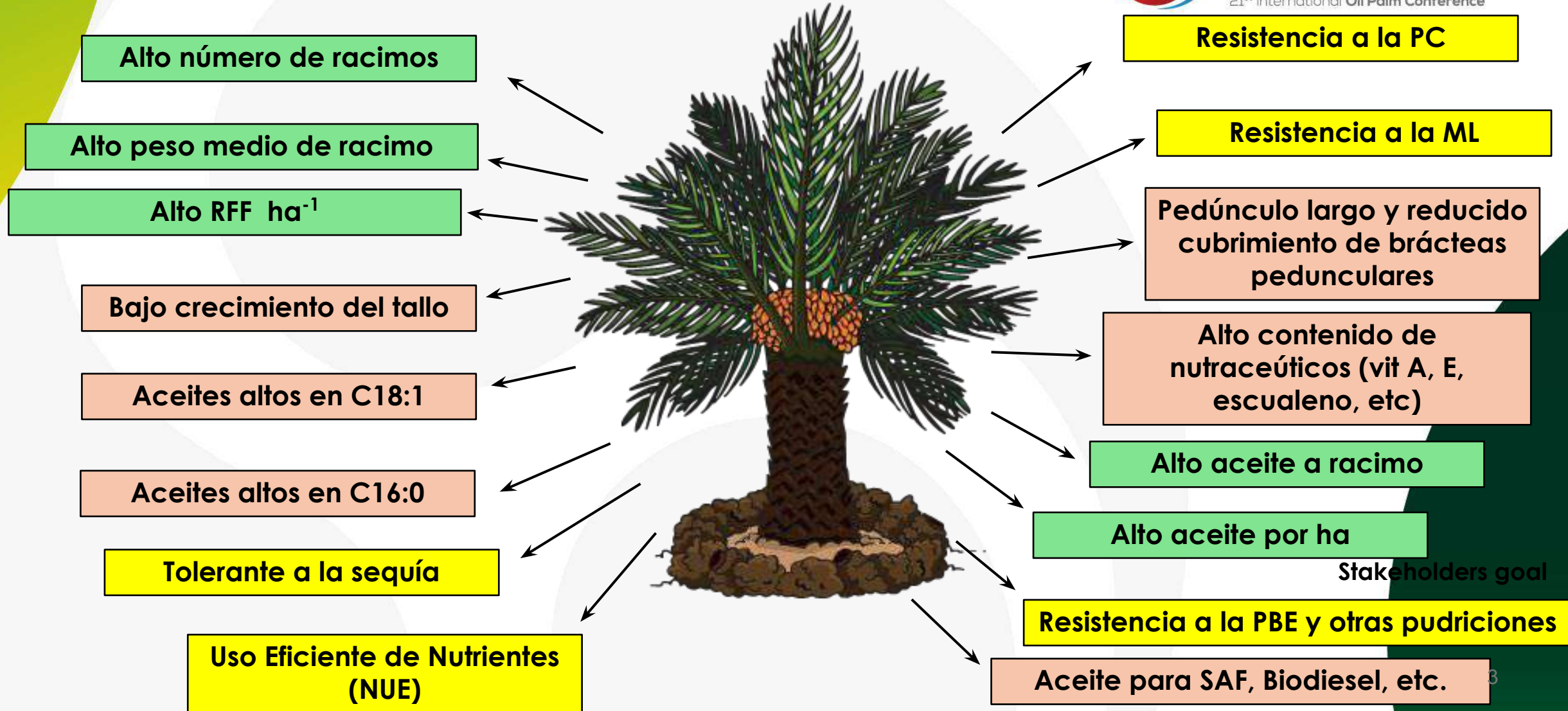
Contenido

1. Introducción
2. Usos, retos y perspectivas de la Selección Genómica
3. Casos de estudio
4. Consideraciones finales.

¿Cuál es el ideotipo de la palma de aceite?

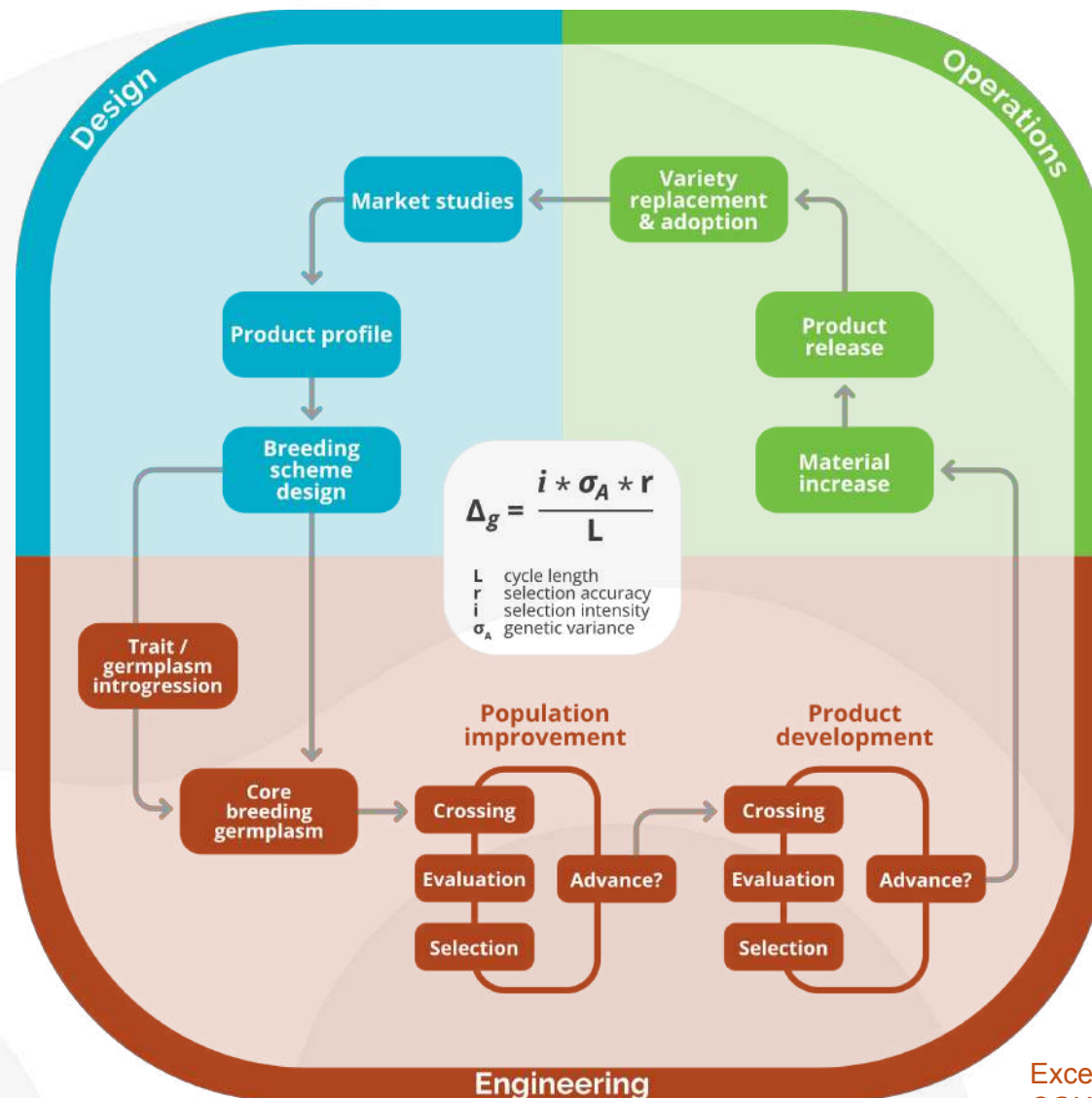


21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference





Escalamiento del
producto, mercadeo,
adopción (Tecnopalma o
una Spin-off de semillas)

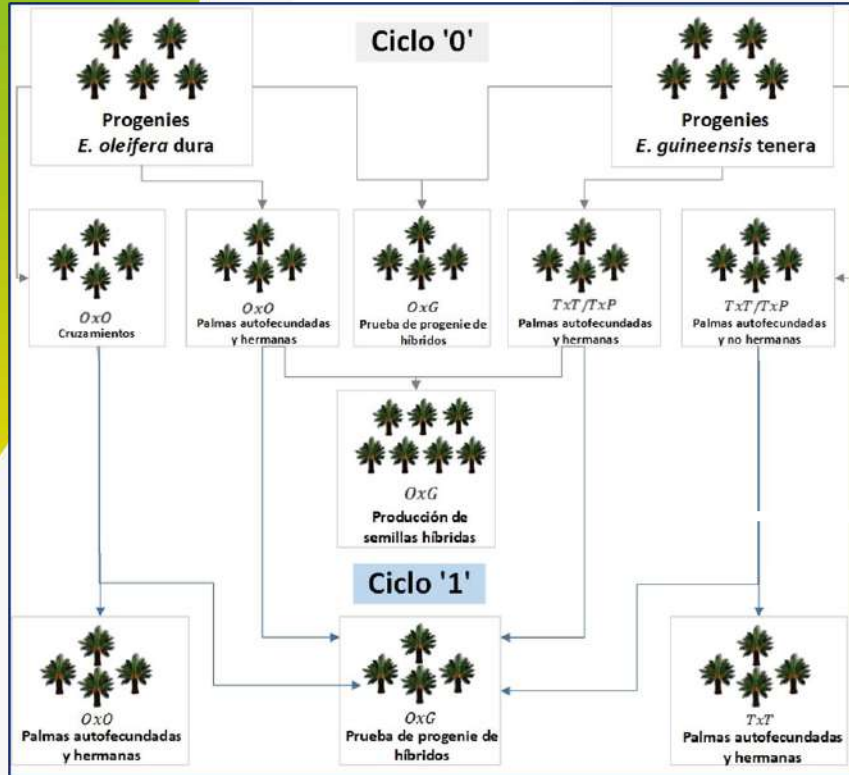


Excellence Breeding Platform ,
CGIAR

Limitantes (PC,
ML, DH) o
oportunidades
(valor agregado)

Caracterización del germoplasma, introgresar caracteres,
colecciones núcleo y de trabajo, mejoramiento de poblaciones
y evaluaciones de prueba (PEA)-GxExM.

Motivación

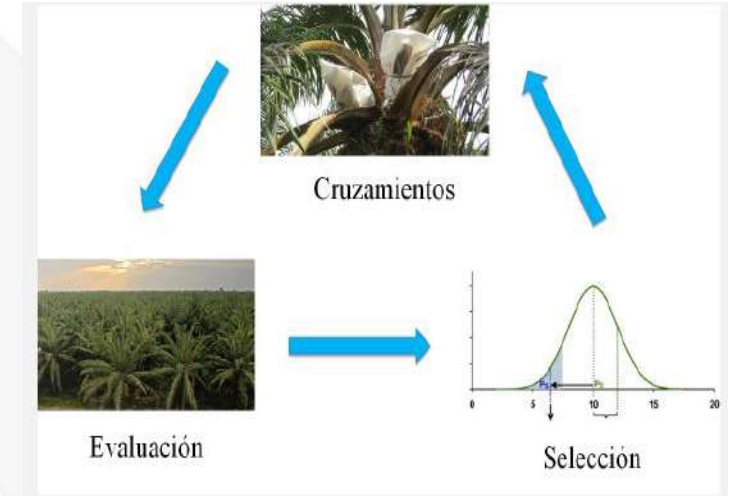


Los ciclos de mejoramiento de la palma son largos (>18 años en el mejor escenario)

En los últimos años se han desarrollado nuevas metodologías a partir de la genómica para el mejoramiento de plantas y animales



21ª CONFERENCIA INTERNACIONAL SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



Genetic gain:
$$\Delta G = \frac{r(u, \hat{u}) \sigma_u i}{I}$$

Annual progress

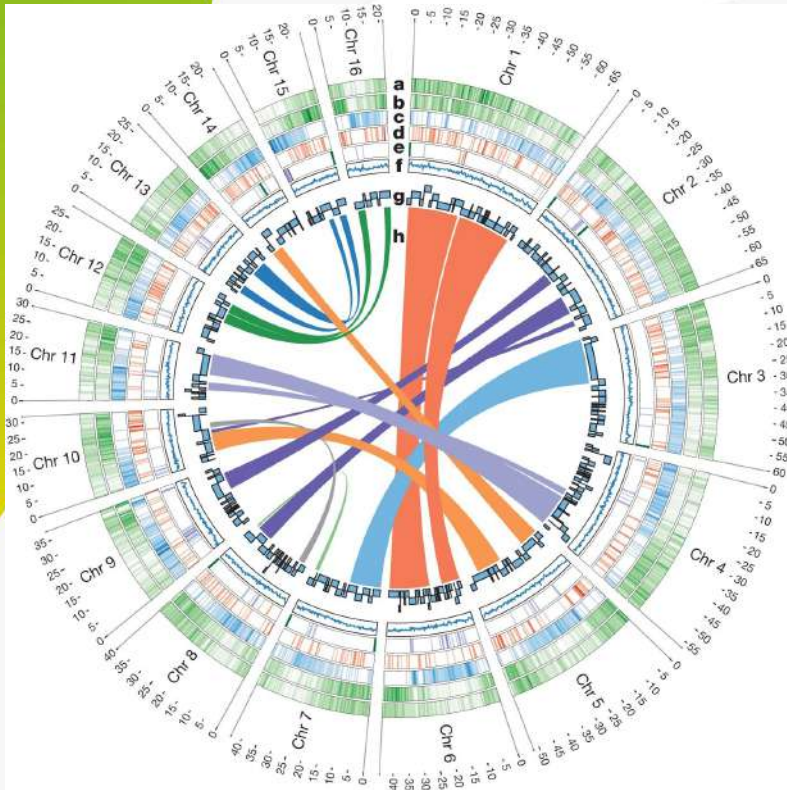
Accuracy

Generation Interval

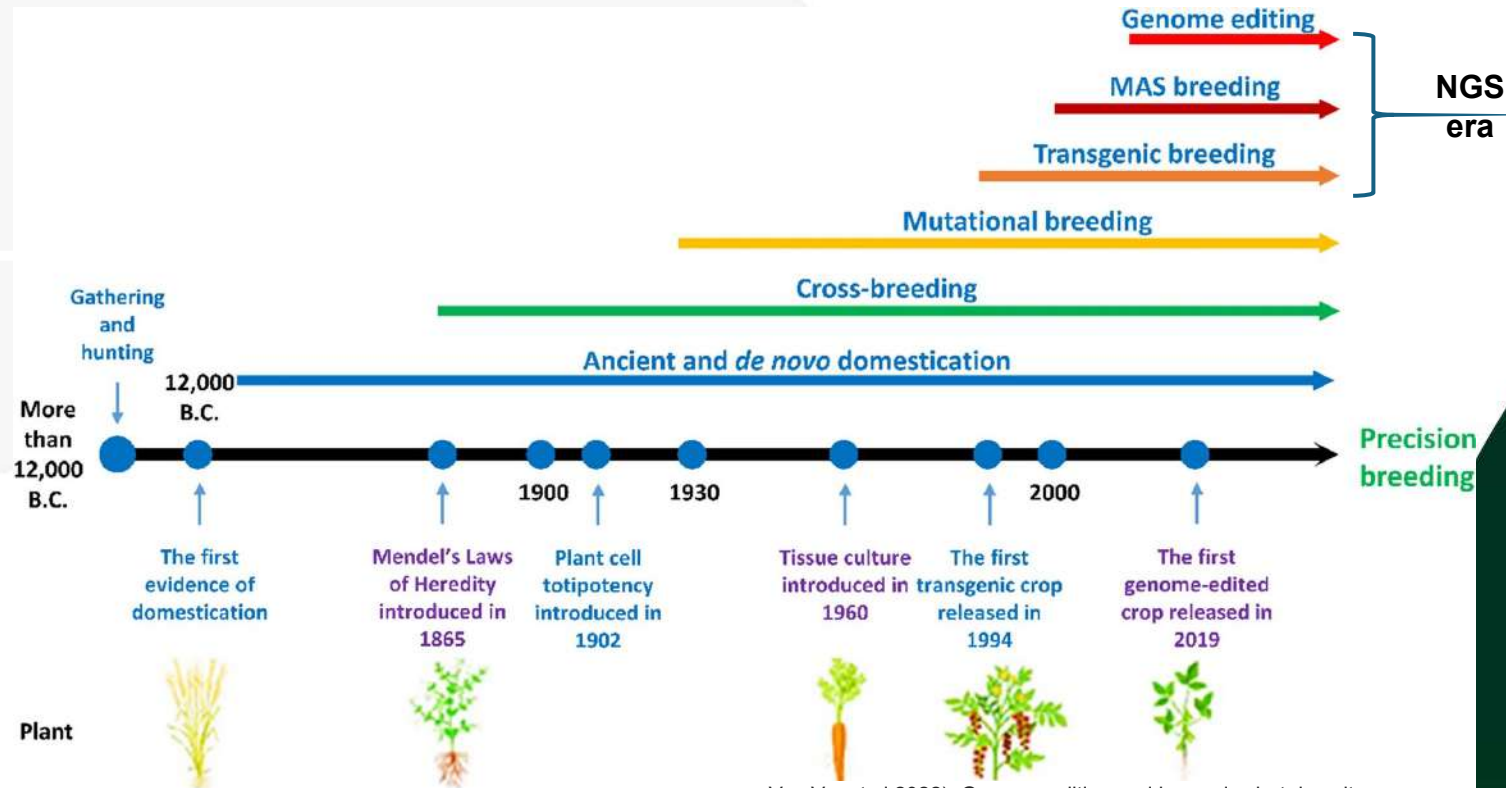
Genetic standard deviation

Selection Intensity

Tecnologías que permiten **optimizar** los programas de mejoramiento aumentando la precisión de selección y disminuyendo los tiempos de mejoramiento



La secuenciación de varios genomas de la palma de aceite ha permitido su uso como herramienta para optimizar los programas de mejoramiento de palma (**MPOB-2013**, SD- 2020, Wilmar 2023 y **MPOB-2024**). Cenipalma está secuenciando genomas del trasfondo genético presente en Colombia



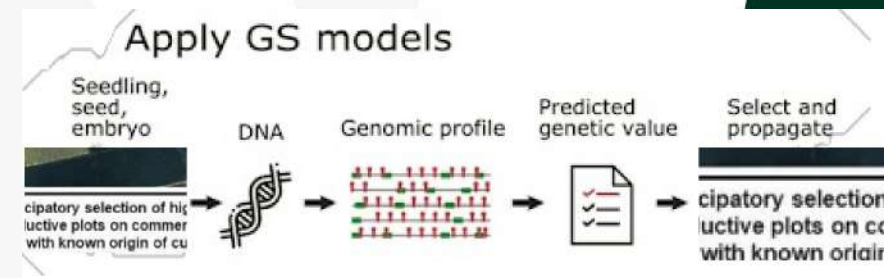
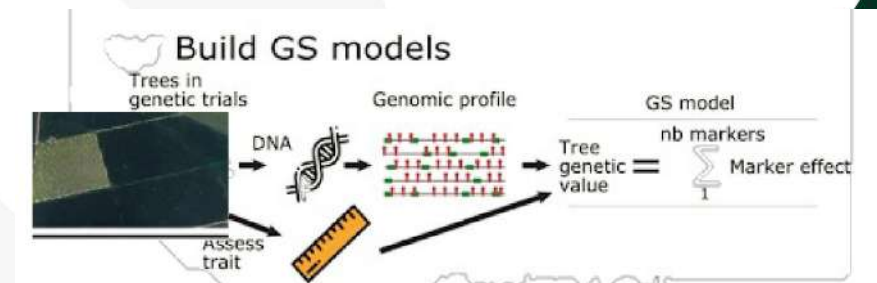
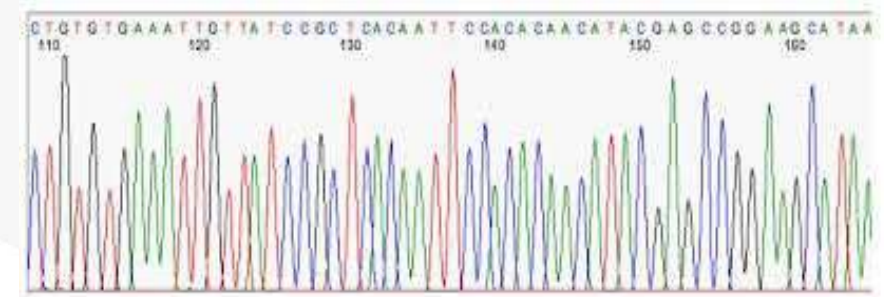
Van Vu, et al 2022). Genome editing and beyond: what does it mean for the future of plant breeding?. *Planta*, 255(6), 130.

- Las tecnologías de NGS permiten obtener genomas completos de palmas, acceder a su información biológica y capturar la variabilidad de forma más precisa

Selección genómica (GS)

La selección genómica permite estimar el **mérito genético** (Breeding Value - BV) de los rasgos cuantitativos en genotipos no observados utilizando marcadores moleculares y fenotipos conocidos a través de modelos calibrados para realizar predicciones

1. **Desarrollo de marcadores** no sinónimos o SNPs diferenciados en la población de estudio, ejemplo cultivos de plantas, recursos genéticos, razas de ganado, etc.
2. Construcción de modelos genómicos a partir de **datos fenotípicos de calidad** y el perfil genético resultante de la **secuenciación masiva**
3. **Implementación de modelos genómicos** para la selección de parentales o de individuos elite (progenies experimentales o comerciales y recursos genéticos)





21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Caso de estudio 1: Manejo y utilización de recursos genéticos en palma de aceite mediante selección genómica y GWAS

Genomic selection and GWAS as tools for *E. guineensis* genetic resources management.

Ayala-Díaz, IM; Daza, E; Rodriguez, J; Botero, D; Malagón, JS; Tupaz, A; Jarquín, D; García-Abadillo, J, Montoya, C and Romero, HM.



UF | IFAS
UNIVERSITY of FLORIDA

Diferencias entre GS y GWAS

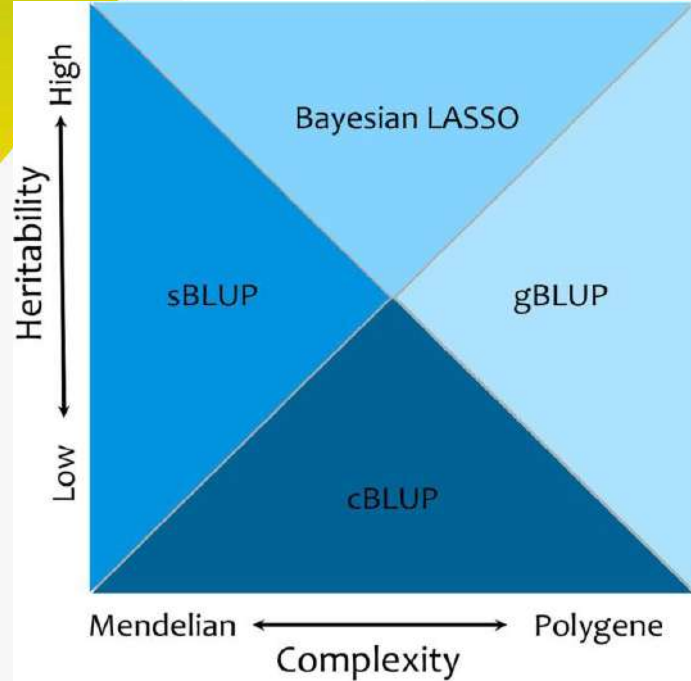


21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE

Palm Conference

CARACTERÍSTICA	SELECCIÓN GENÓMICA (GS)	GWAS
Objetivo	Predecir el valor genético de individuos para selección	Identificación de loci asociados a rasgos de interés
Enfoque	Predictivo	Explicativo
Uso de SNPs	Usa todos los SNPs simultáneamente, incluso los no significativos	Se enfoca en SNPs significativamente asociados al rasgo
Modelos	GBLUP, BayesA/B/C, LASSO, Ridge Regression, etc. Captura efectos pequeños y acumulativos	Regresión lineal, modelos mixtos, MLM, FarmCPU, etc. Tiende a detectar solo efectos grandes y significativos
Tamaño de muestra	Moderado	Grande
Aplicación	Selección temprana	Descubrimiento de genes
Interpretabilidad biológica	Menor (modelo caja negra en algunos casos)	Alta (identificación de genes candidatos)

Proceso de selección genómica



Wang, Jiabo, et al. "Expanding the BLUP alphabet for genomic prediction adaptable to the genetic architectures of complex traits." *Heredity* 121.6 (2018): 648-662.

GBLUP

Matrix Format: $Y = XB + e$

$$\begin{bmatrix} \bullet \\ \bullet \\ \bullet \\ \bullet \\ \bullet \end{bmatrix}_{\substack{n \\ (\text{\# rows})}} = \begin{bmatrix} \text{Plant} \\ \text{g} \\ \text{g} \\ \text{g} \\ \text{g} \end{bmatrix}_{\substack{n \\ (\text{\# columns})}} \begin{bmatrix} u \\ u \\ u \\ u \\ u \end{bmatrix}_{\substack{g \\ (\text{\# of breeding values})}} + \begin{bmatrix} e \\ e \\ e \\ e \\ e \end{bmatrix}_{\substack{n \\ (\text{\# of residuals})}}$$

where,
 $u \sim \text{MVN}(0, G\sigma_u^2)$

$$\begin{bmatrix} 9.87 \\ 14.48 \\ 9.91 \\ 14.64 \\ 9.55 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \text{GEBV1} \\ \text{GEBV2} \\ \text{GEBV3} \\ \text{GEBV4} \\ \text{GEBV5} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e \\ e \\ e \\ e \\ e \end{bmatrix}$$

IBS → Genomic Relationship Matrix (G)

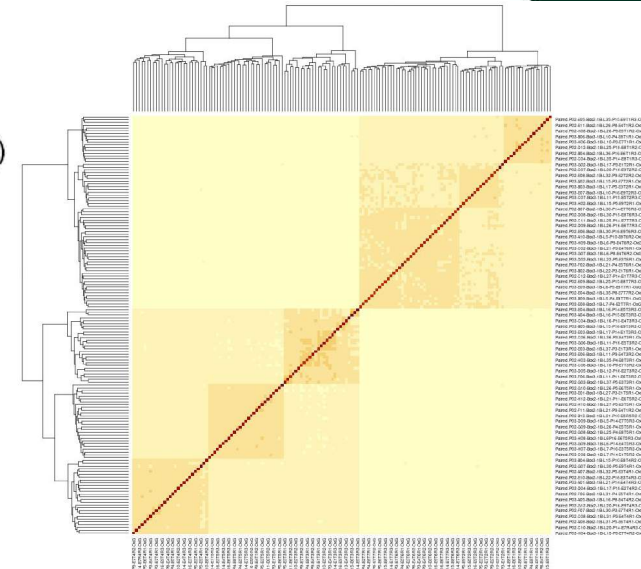
$$\begin{bmatrix} 0.0 & 0.23 & -0.82 & 0 & 0.23 \\ 0.70 & -0.94 & -0.1 & 0.11 & 0 \\ & 2.70 & 0 & -0.94 & -0.11 \\ & & 0.23 & -0.11 & 0.70 \end{bmatrix}$$

Mixed Model Equation

$$\begin{bmatrix} 1'1 & 1'X \\ 1'X & Z'Z + \sigma_e^2 \sigma_u^{-2} G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\mu} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'y \\ 1'y \end{bmatrix}$$



Genomic Estimated Breeding Value (GEBV)



Ferrao, 2023

Los marcadores se utilizan para calcular una matriz de covarianza que es proporcional a la **matriz de relación genómica G**.

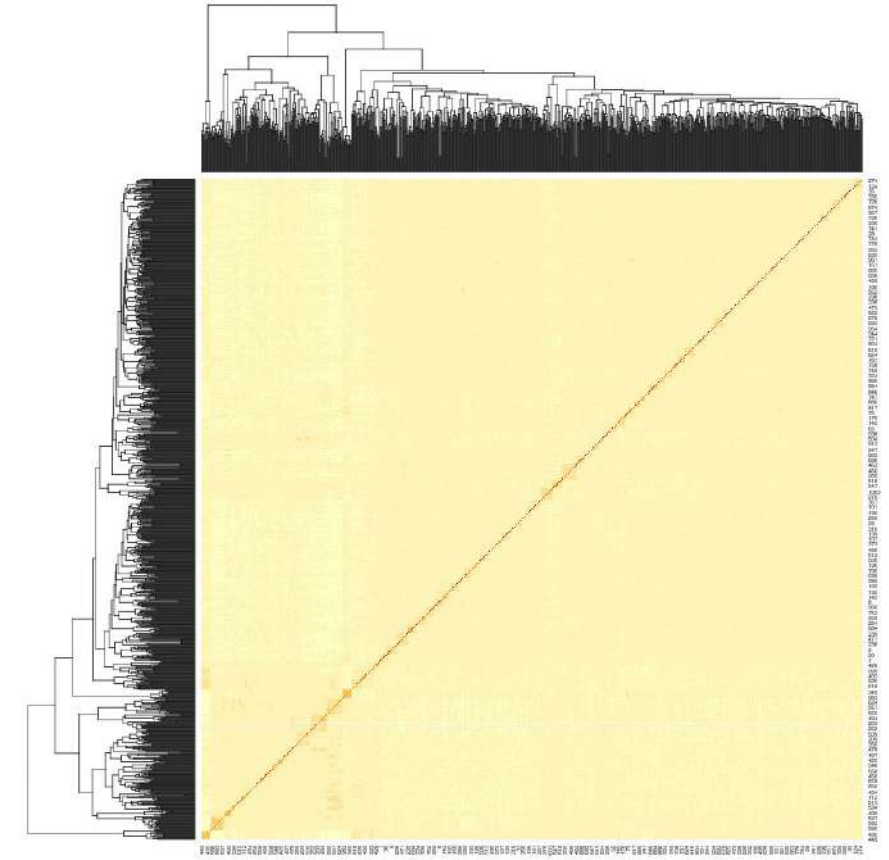
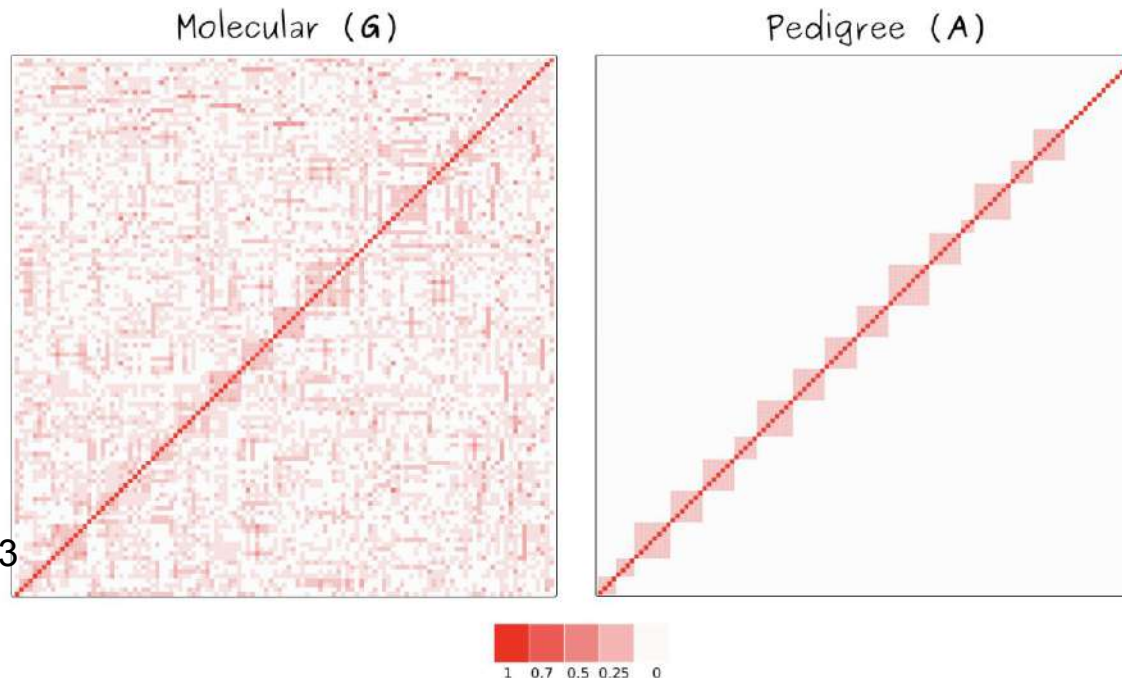
Manejo de recursos genéticos en palma de aceite mediante selección genómica y GWAS: **Matriz G**



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

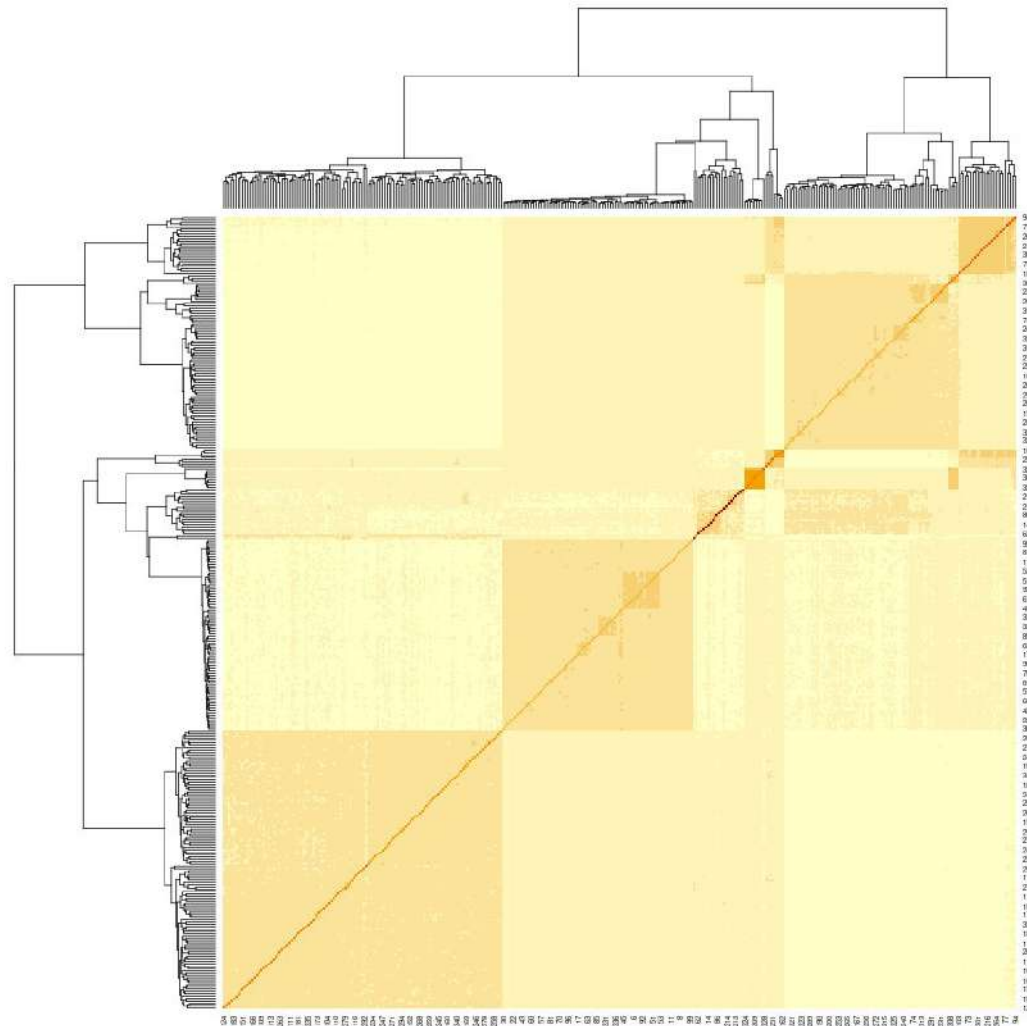
Genetic Diversity

- Best cross: combination between highest BV and diversity
- Genomic relationship are more precise than realized kinship
- ↑ Genetic Gain by ↑ diversity

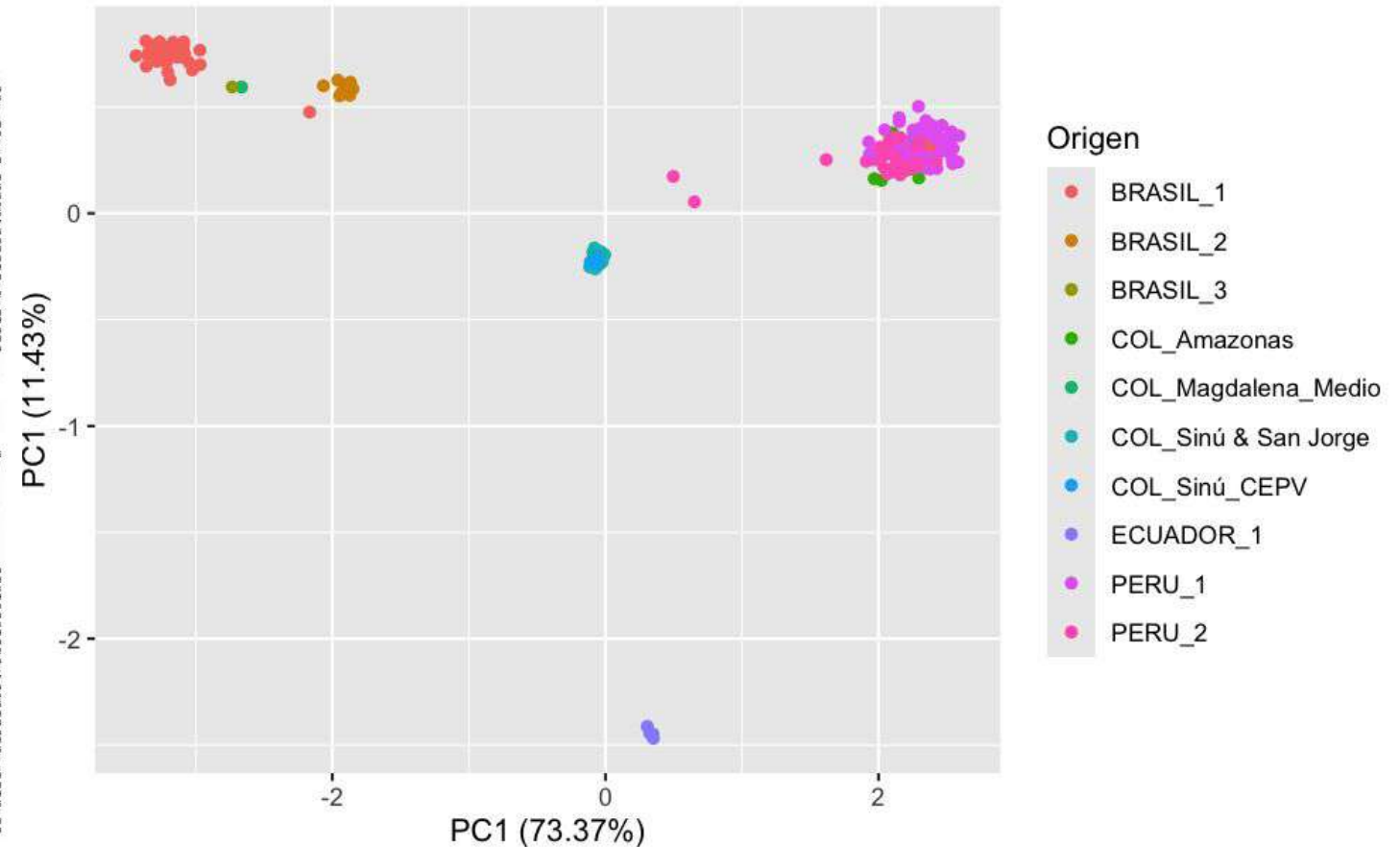


Molecular (G) or kinship matrix a partir de GBS de recursos genéticos de *Elaeis guineensis* (CEPV)

Matriz G y Análisis de los componentes principales de *E. oleifera*



Principal component Analysis for EO_MPOB1

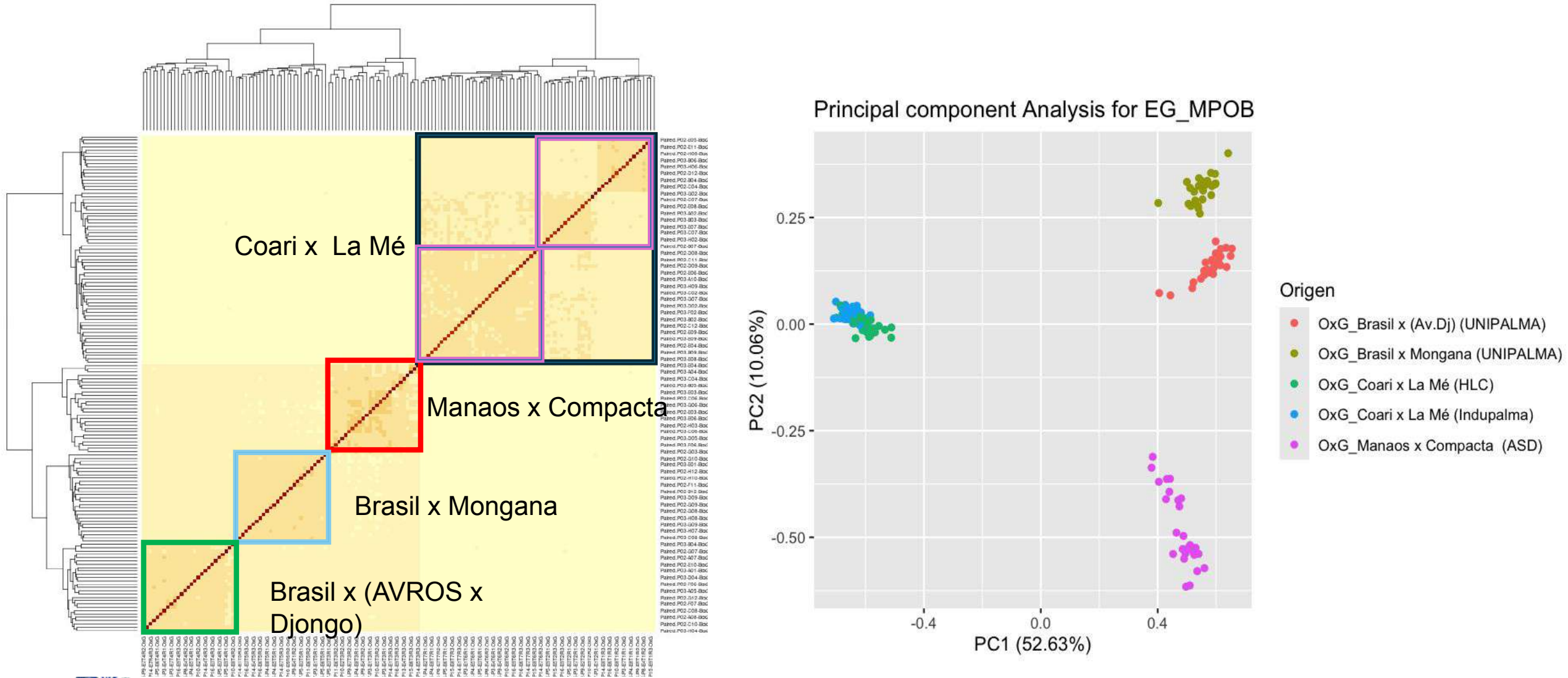


Molecular (G) or kinship matrix GBS in *E. oleifera* (LGC)



Genomic selection and GWAS in *E. oleifera* genetic resources
Ayala-Díaz, IM; Romero, A; Daza, A; Rodriguez, J; Guataquira, S; Botero, D;
Malagón, JS; Tupaz,; Caicedo, A; Romero, HM.

Matriz G y análisis de los componentes principales de OxG Población GWAS



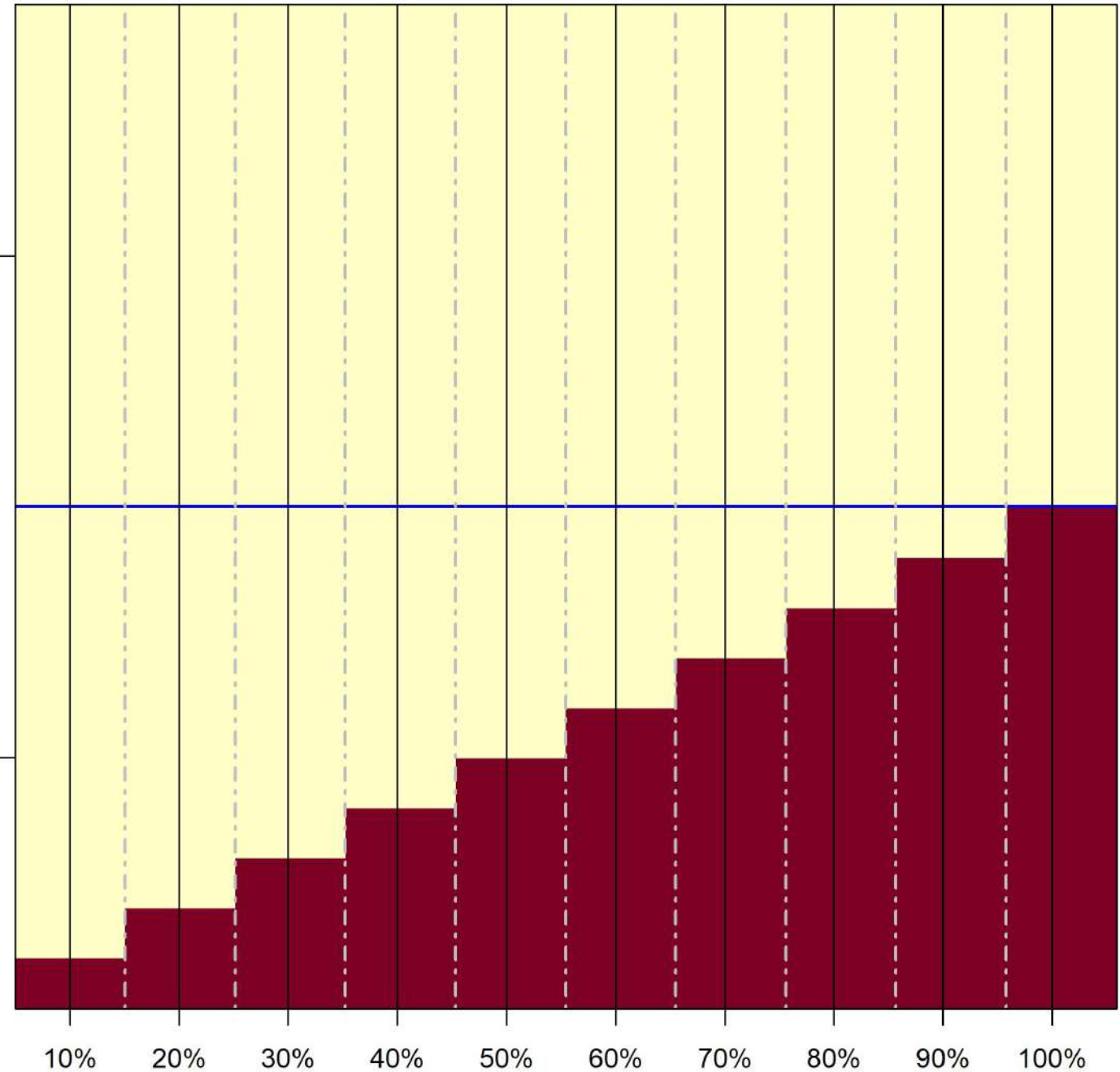
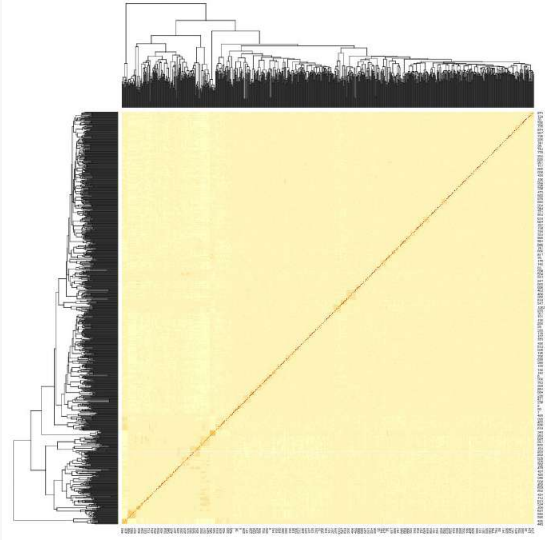
Esquemas de validación cruzada en recursos genéticos de *E. guineensis*

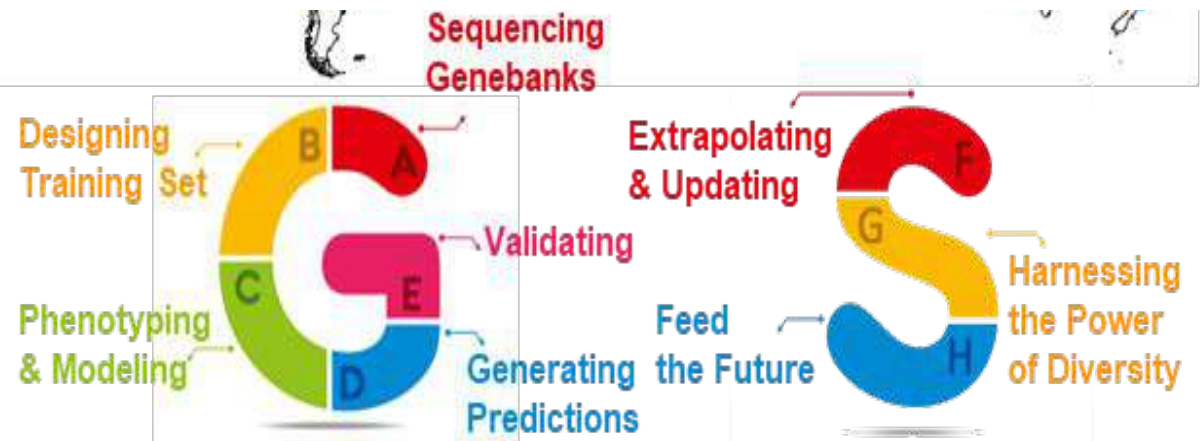
Población de evaluación:
500
genotipos

TST

Población de entrenamiento:
500
accessions

TRN



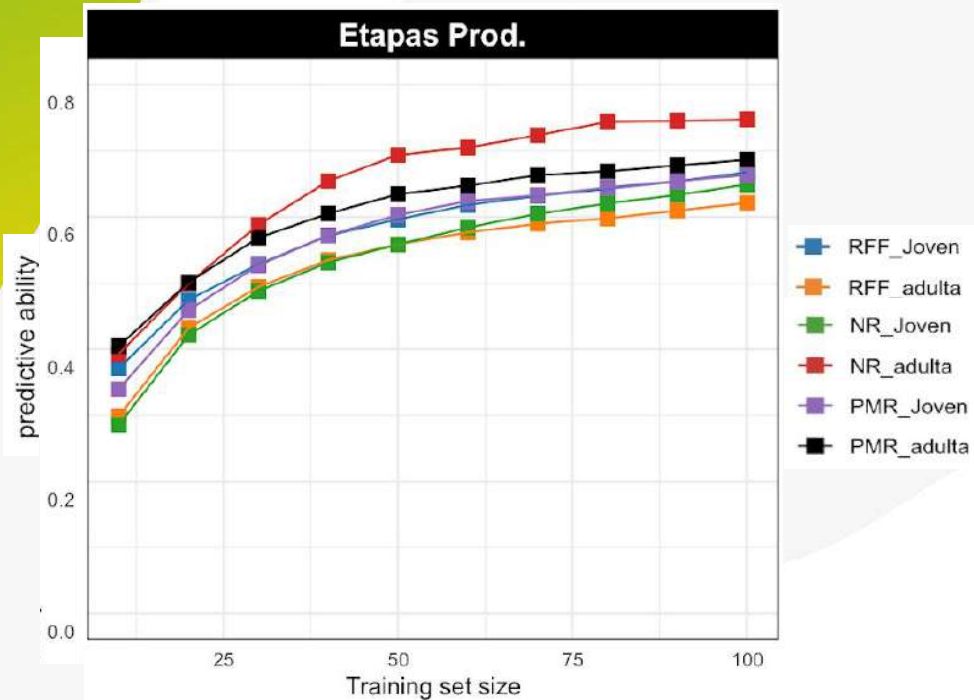


<https://www.plantbreeding.iastate.edu/project/turbocharging-gene-banks-through-genomic-selection>

Resultados: Manejo de recursos genéticos en palma de aceite mediante selección genómica y GWAS



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



El posible alcanzar una alta habilidad de predicción (r) en componentes de la producción en palma de aceite

SCIENTIFIC REPORTS

OPEN

Genomic Selection in Commercial Perennial Crops: Applicability and Improvement in Oil Palm (*Elaeis guineensis* Jacq.)

Received: 10 January 2017
Accepted: 13 April 2017
Published online: 06 June 2017

Qi Bin Kwong¹, Ai Ling Ong², Chee Keng Teh³, Fook Tim Chew⁴, Martti Tammi⁵, Sean Mayes⁶, Harikrishna Kulaveerasingam⁷, Suat Hui Yeoh⁸, Jennifer Ann Harikrishna⁹ & David Ross Appleton¹⁰

Cenipalma vs SD Guthrie

M/F: 0.78 vs 0.71

C/F: 0.74 vs 0.66

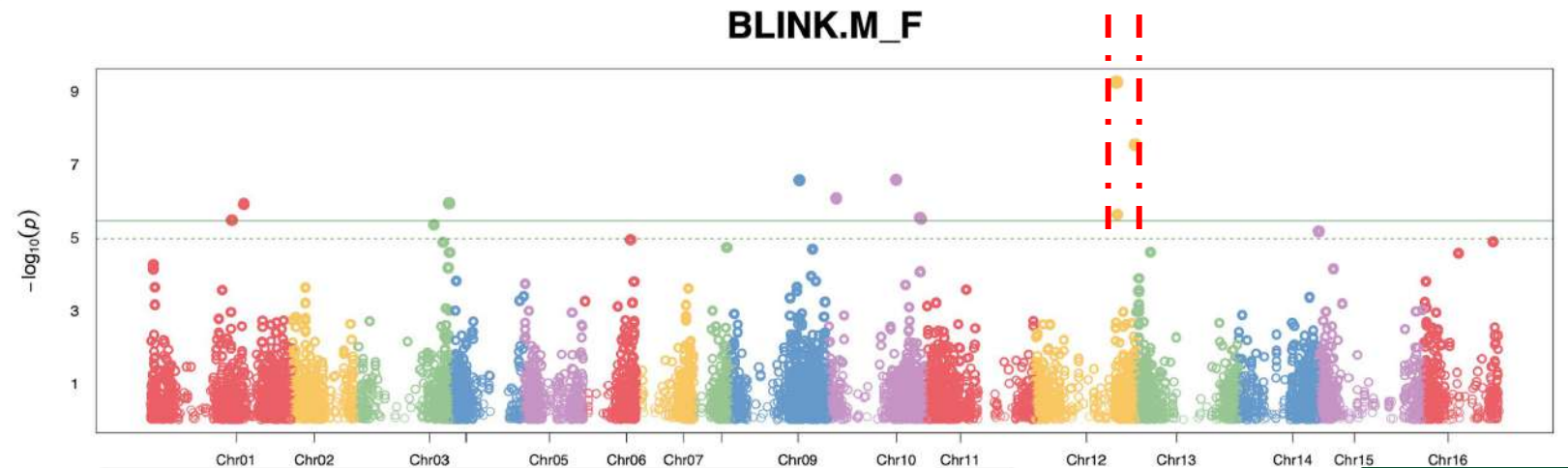
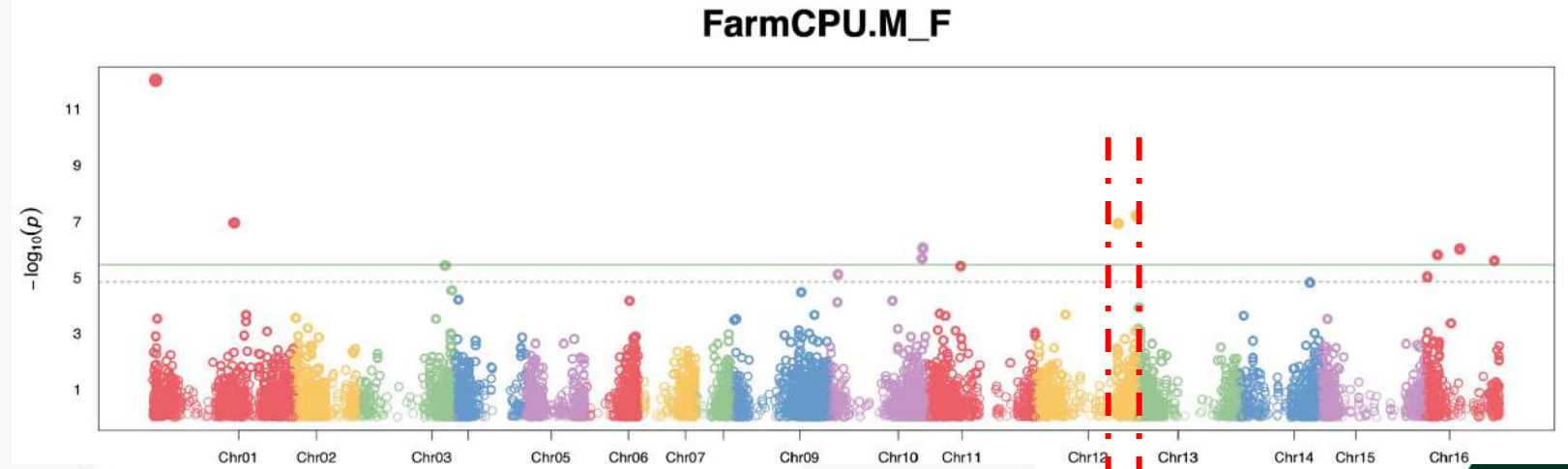
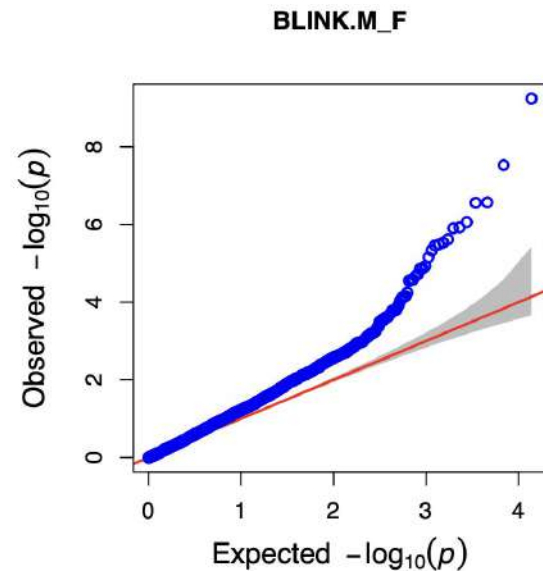
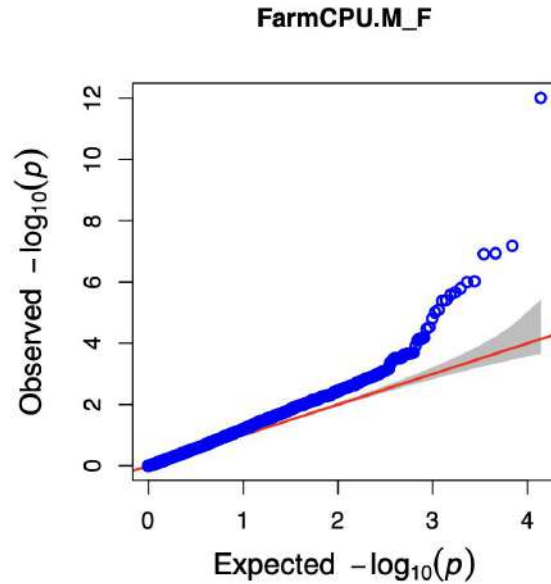
Ac/R: 0.64 vs 0.48

Ac/M: 0.41 vs 0.51

Resultados: Manejo de germoplasma en palma a través de GWAS - Rasgo M/F



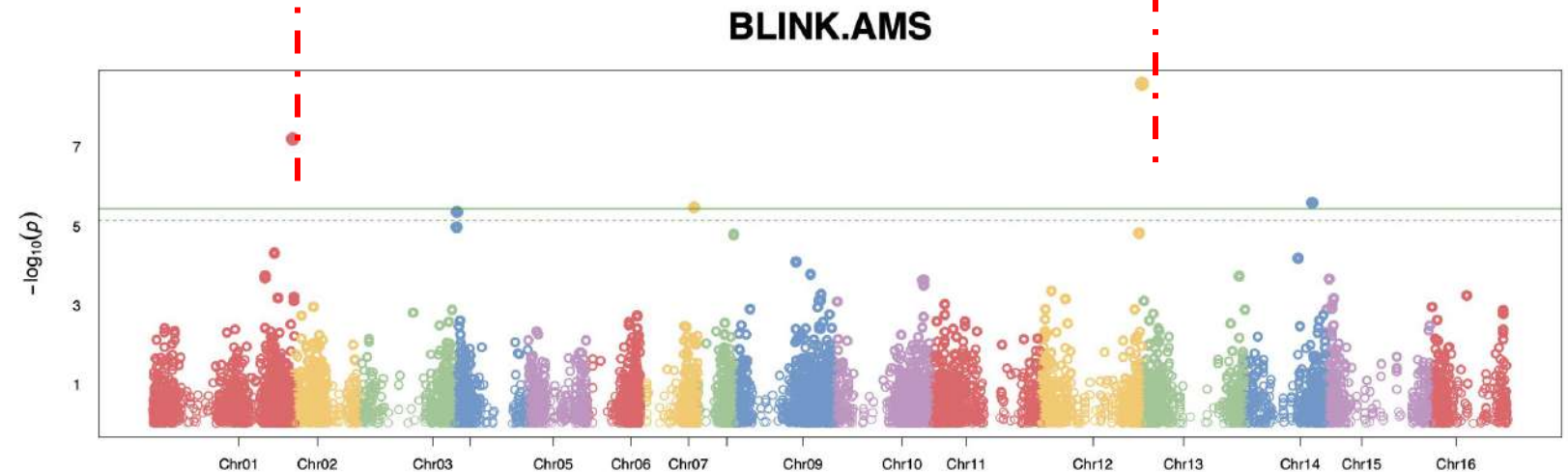
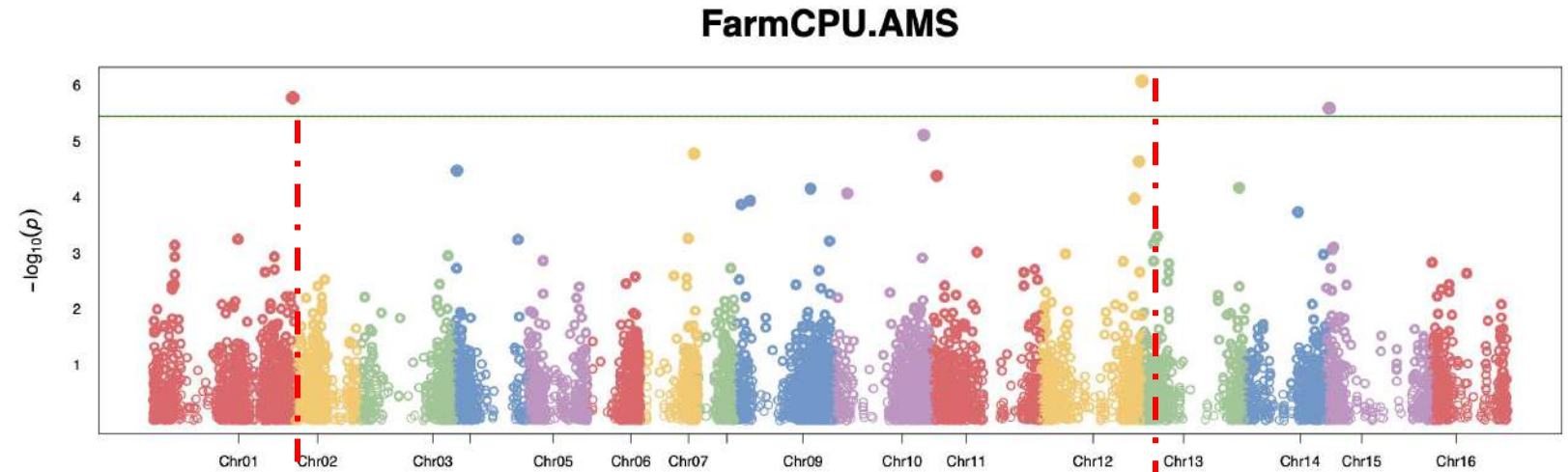
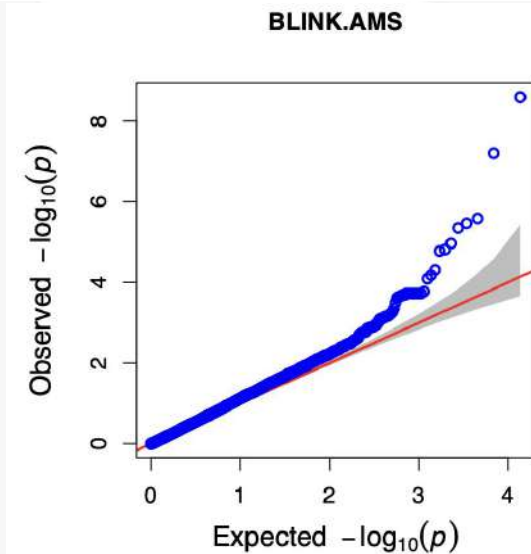
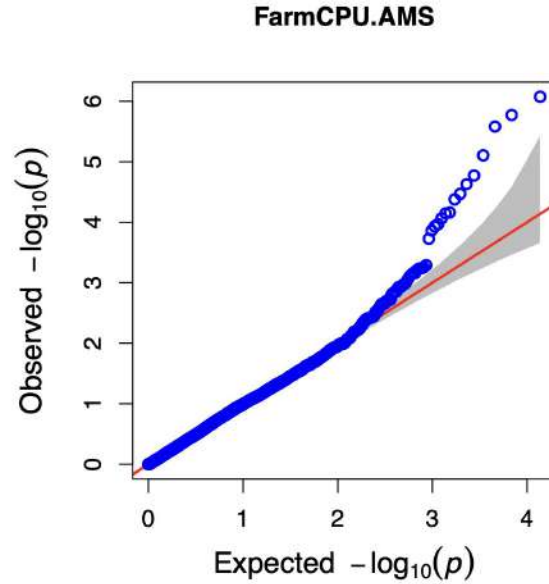
21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



Resultados: Manejo de germoplasma en palma a través de GWAS – Rasgo Aceite a mesocarpio



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



Rasgo	BLINK	FarmCPU	MLM	Total
a-caroteno	8	3		11
a-tocoferol		1		1
AMS	4	2		6
AR		5		5
b-caroteno		3		3
b+g tocotrienol	2	2		4
C/F	4	9	3	16
Color_ID	3	12		15
d-tocotrienol	3	4		7
Esteárico (C18:0)	3	3		6
General NR	3			3
General PMR	3	8		11
General RFF	4	4		8
Incremento de Altura anual (cm)	10	4		14
IY	2			2
Linoleico (C18:2n6c)	3			3
M/F	11	9		20
NR palma año (Etapa adulta)	18	14	2	34
NR palma año (Etapa Joven)	6	6		12
Oleico (C18:1n9c)	9	3		12
Palmítico (C16:0)	6	4		10
PMR palma (Etapa adulta)	5	6		11
PMR palma (Etapa Joven)	12	12		24
PR	6	6		12
RFF palma año (Etapa adulta)	5	5		10
RFF palma año (Etapa Joven)	5	4		9
Tipo_fruto_ID	13	11	5	29
TOTAL Vit A	6	4		10
Vaccénico (C18:1n7c)	7	6		13
Total general	161	150	10	321



**21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE**
21st International Oil Palm Conference

- **Resultados de GWAS:**
- 321 Variantes alélicas en 29 rasgos
- 161 en Blink
- 150 en FarmPCU
- 10 en MLM



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Caso de estudio 2: Predicciones genómicas a través de modelos de rendimiento en palma de aceite

Ayala-Díaz, IM;, J; Botero, D; Malagón, JS; Jarquín, D; García-Abadillo, J
and Romero, HM.

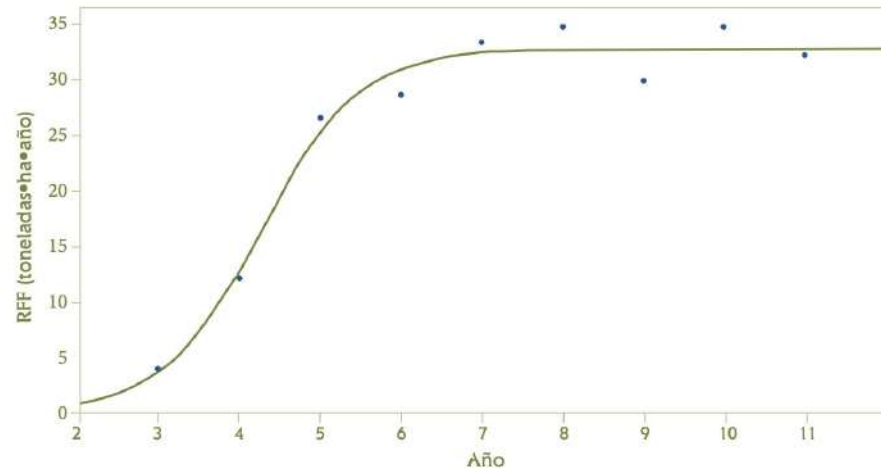


UF | IFAS
UNIVERSITY of FLORIDA

2. Predicciones genómicas a través de modelos de rendimiento en palma de aceite



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



1. Fitting the best yield model: AIC, BIC and RMSE



2. Model parameters

β_0 , β_1 and β_2



3. Generate Genomic Selection model

β_0 , β_1 and β_2

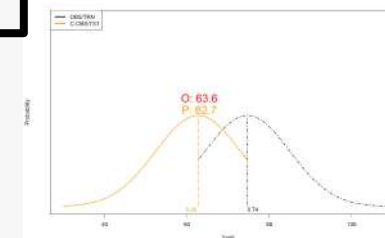
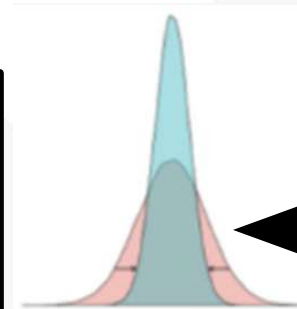


4. De-Shrinkage

β_0 β_0
 β_1 β_1
 β_2 β_2



5. Cross-validation: 5 k-folds and prediction of unobserved genotypes

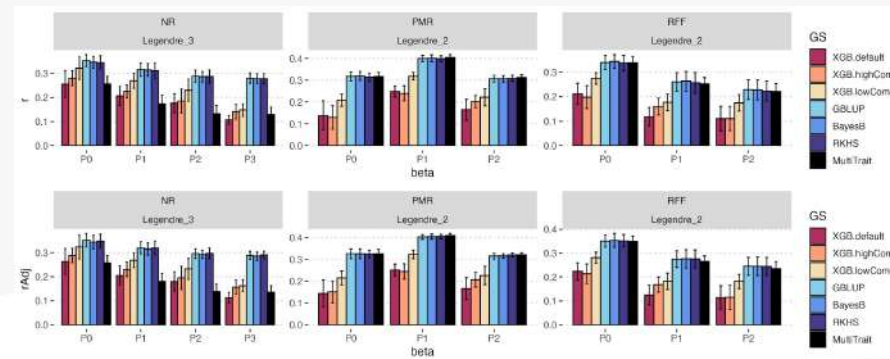


De los parámetros a los fenotipos

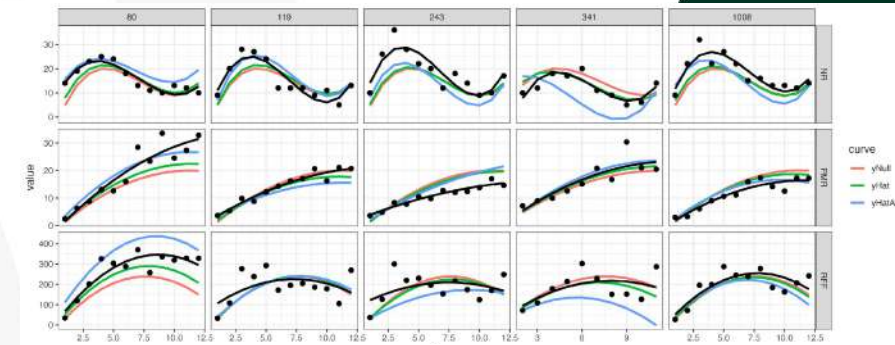


21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Paso 1
Fenotipos a
parámetros



Paso 2
Predicción de parámetros
para
Nuevos genotipos

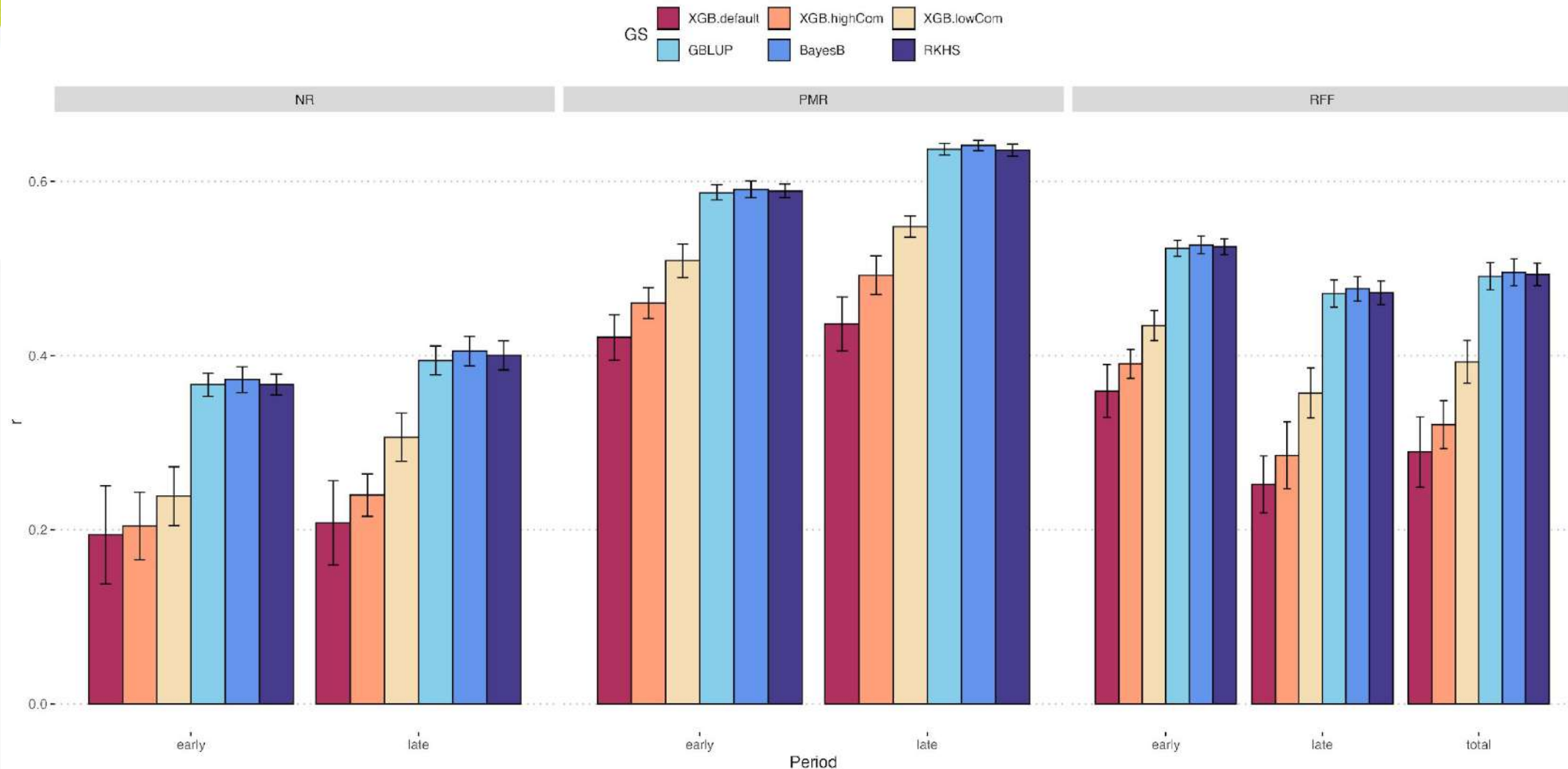


Paso 3
Predicción de fenotipos para
Nuevos genotipos

Selección genómica de producción en palma joven y adulta

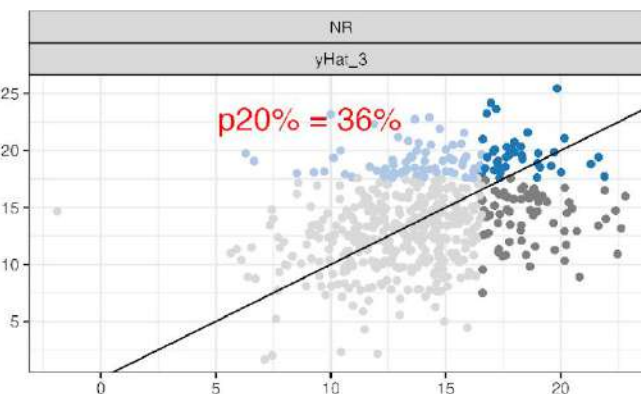
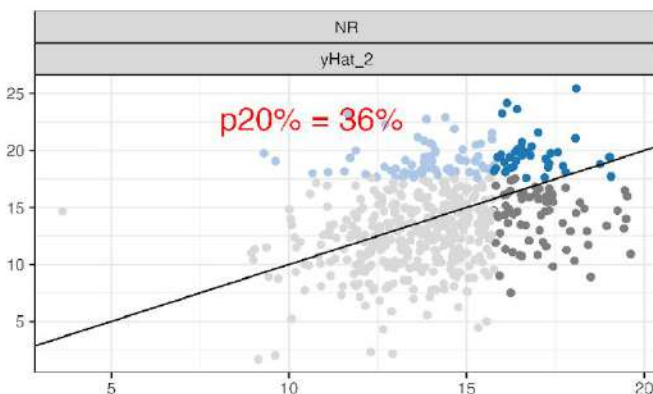
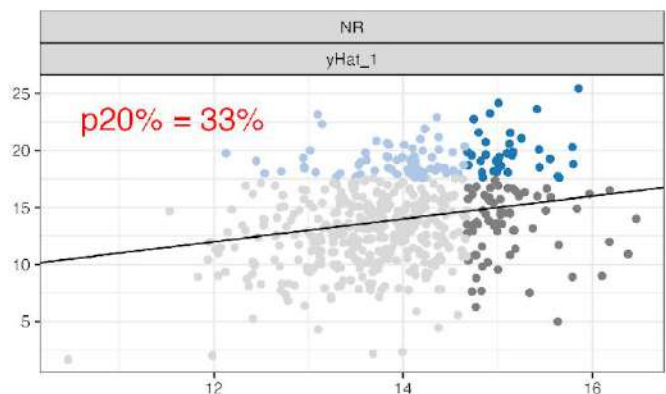


21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



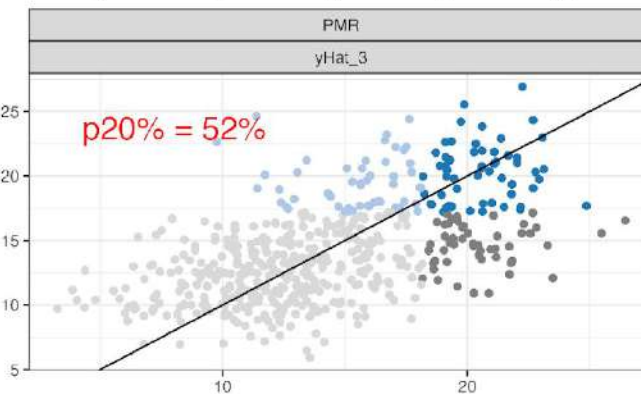
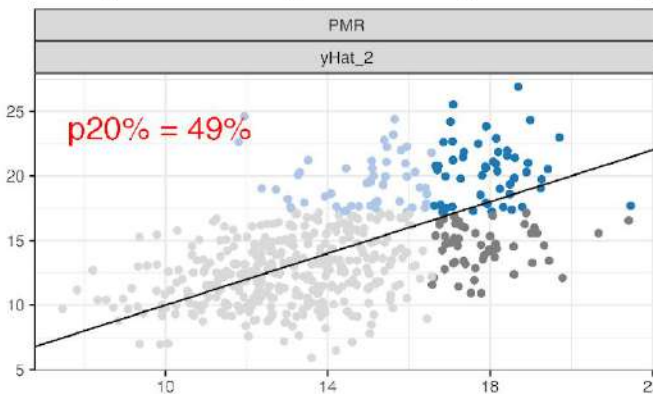
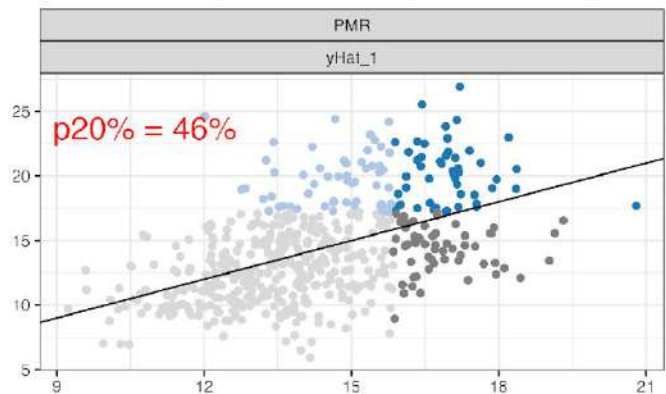
Resultados: Predicciones genómicas a través de modelos de rendimiento en palma de aceite

Número de racimos



obs

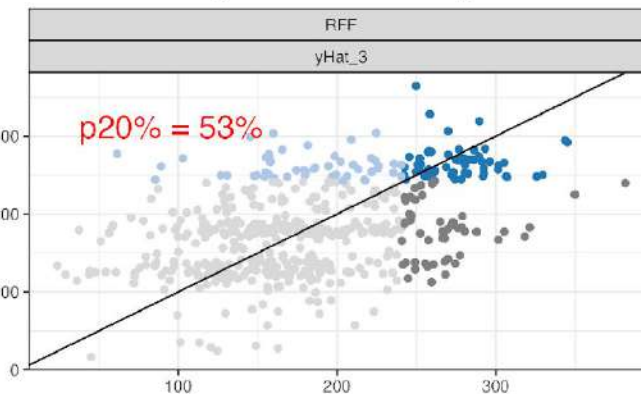
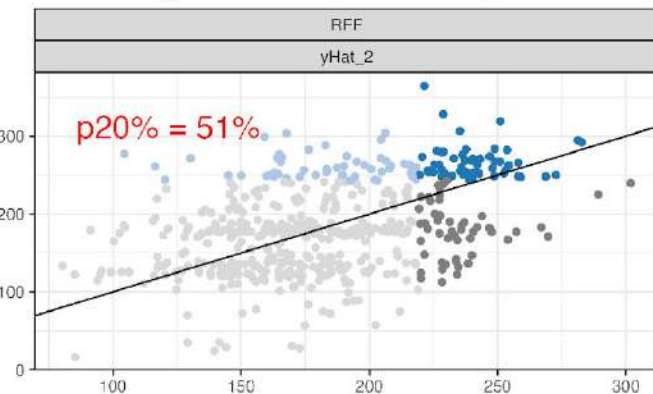
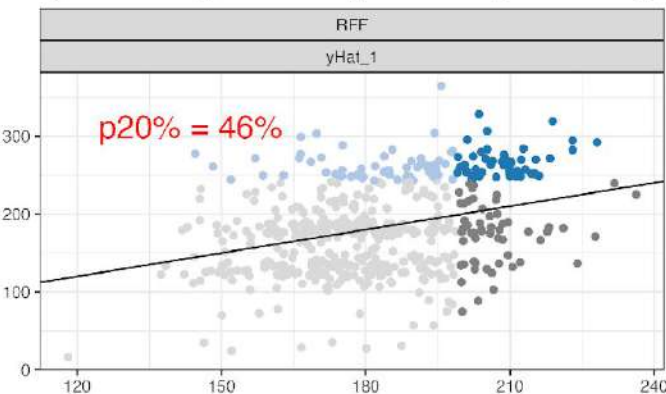
Peso medio de racimos (kg)



Quadrant

- 00
- 01
- 10
- 11

RFF
(kg
palma
año)



pred

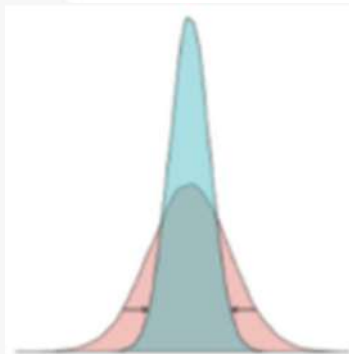
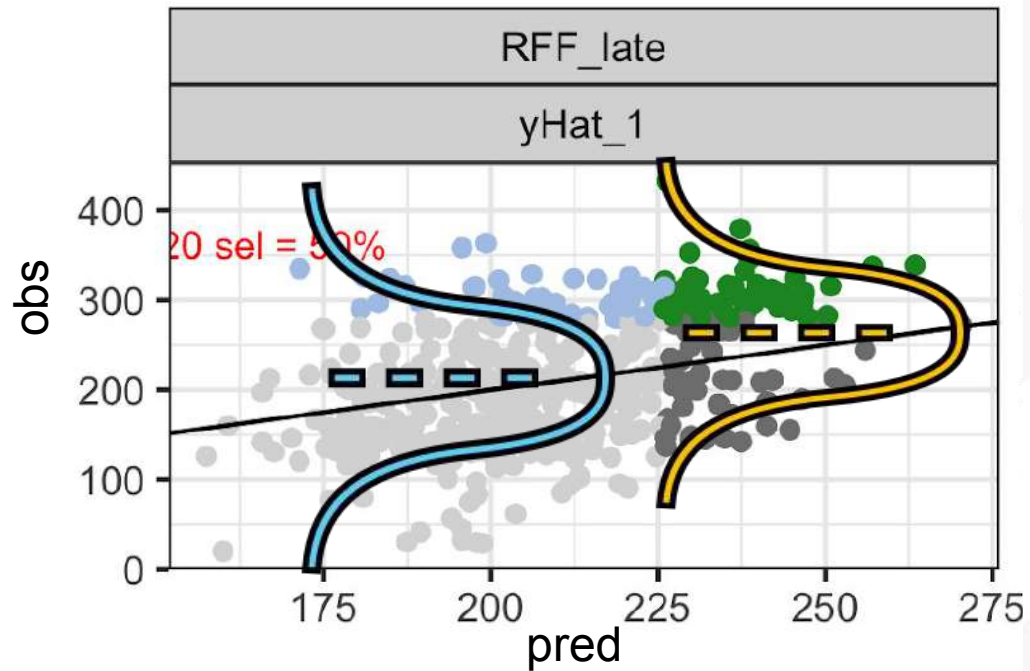


Resultados: Predicciones genómicas a través de modelos de rendimiento en palma de aceite

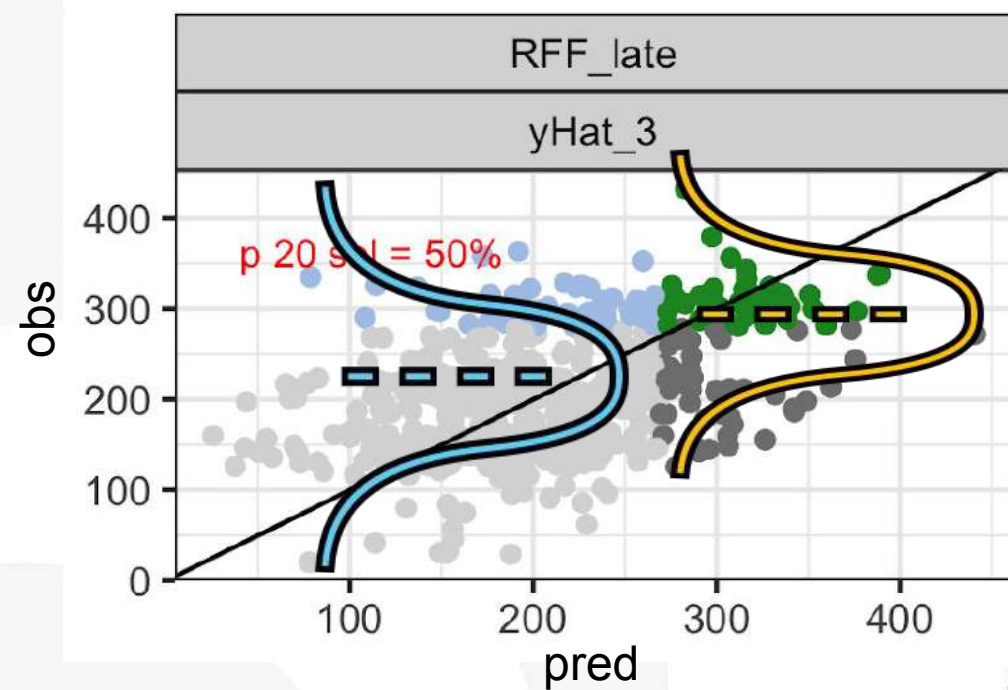


21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Shrinkage



Un-Shrinkage



$$\begin{aligned}\text{Gain} &= X_{\text{selected}} - X_{\text{obs}} \\ &= 300 - 225 \\ &= +75 \text{ kg palma}^{-1} \text{ year}^{-1} \\ &= 33\% \\ &= 32.2 \rightarrow 42.9 \text{ t ha}^{-1} \text{ year}^{-1}\end{aligned}$$



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Caso de estudio 3: ESTUDIOS DE ASOCIACIÓN DEL GENOMA BASADOS EN LA REGRESIÓN DE RIDGE PARA LA ESTIMACIÓN DE LA TASA DE ALTURA EN PALMA DE ACEITE

Malagón, JS; Ayala-Díaz, IM; J; Botero, Tupaz, A y Romero, HM.

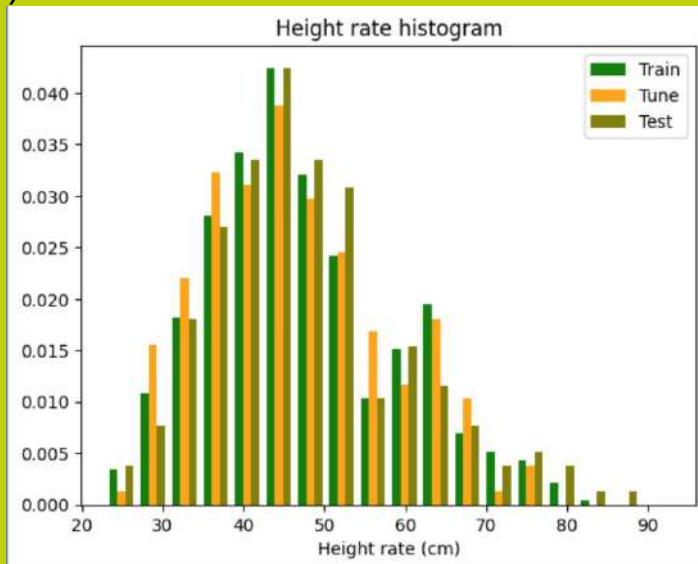


Tasa de crecimiento

Caso de estudio

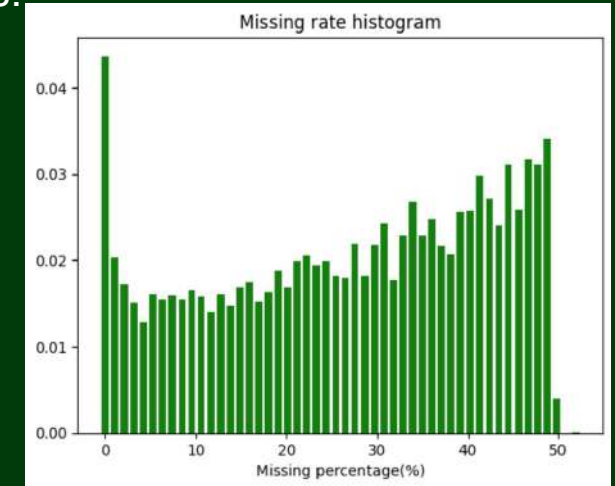
Fenotipo

La tasa de incremento anual de altura se estimó en 1004 de diferentes orígenes. Para el ajuste y la prueba del modelo, la población total se dividió en tres conjuntos, de acuerdo con una estrategia de retención: entrenamiento (598), prueba (200) y ajuste (200).



Genotipo

19.462 SNPs obtenidos por medio de GBS, empleando: BWA, GATK, GLnexus, VCFtools.



Método

Del GWAS al GS



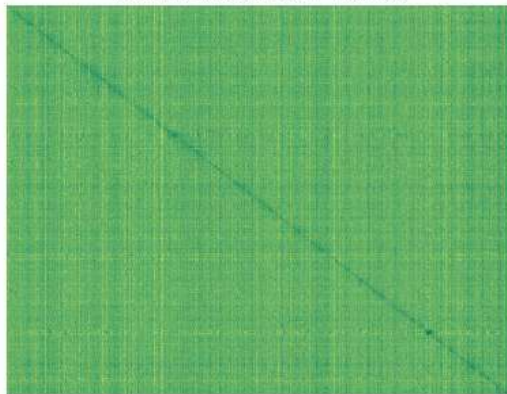
21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

Reducción de la
complejidad

Reducir
información
redundante por
medio de
agrupamiento
jerárquico.

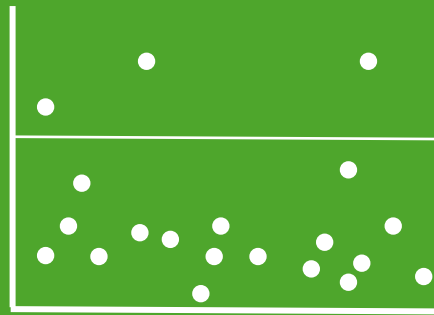


Variant correlation matrix



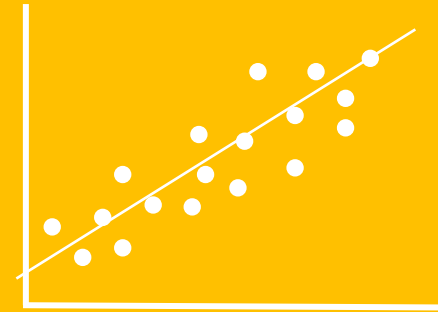
Estudios de asociación
(GWAS)

Regresión de Ridge
para la
estratificación de
variantes.



Estimación del rasgo

Predicción de
rasgos basado la
estratificación
realizada.



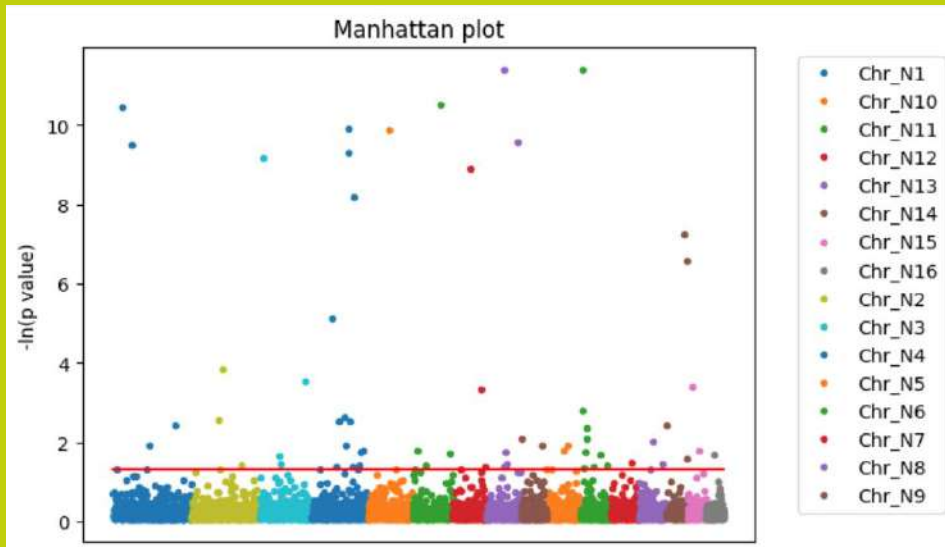
Resultados

El nuevo pipe-line



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

GWAS

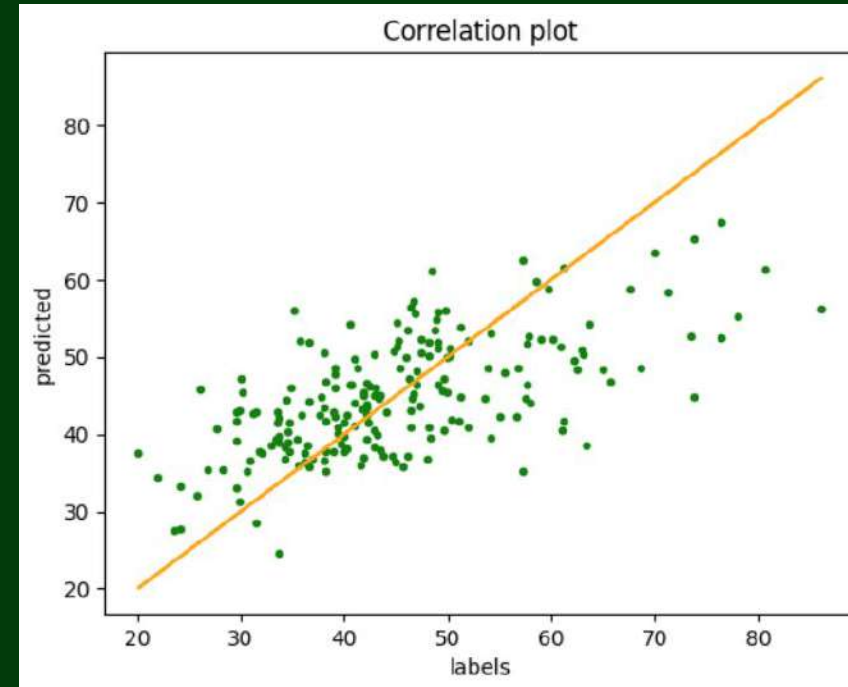


Regresión de Ridge: Encontradas 71 asociaciones.

FARM-CPU: Encontradas 19 asociaciones

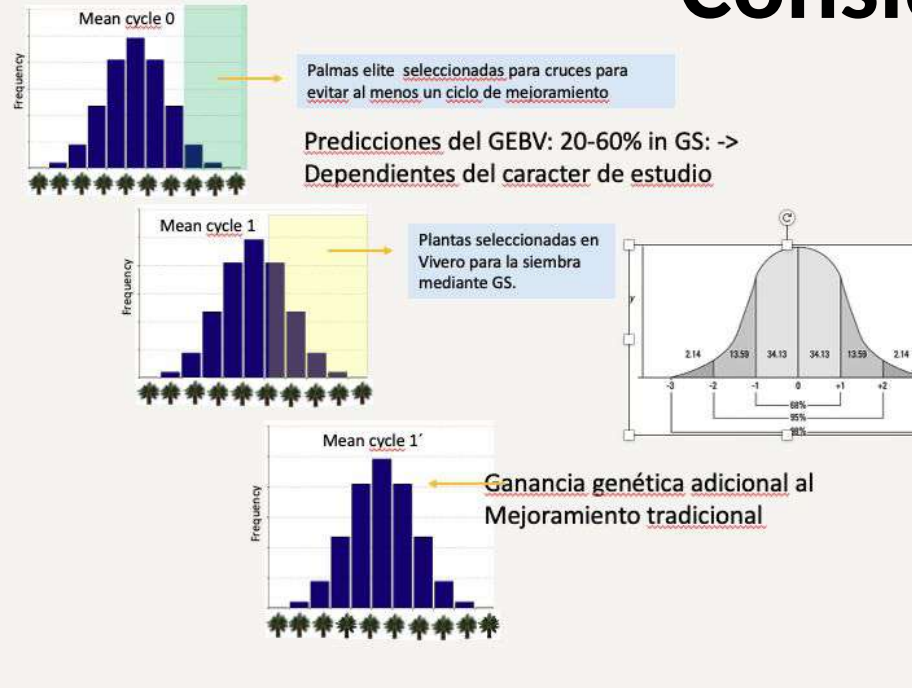
Concordancia de 0.82.

GS

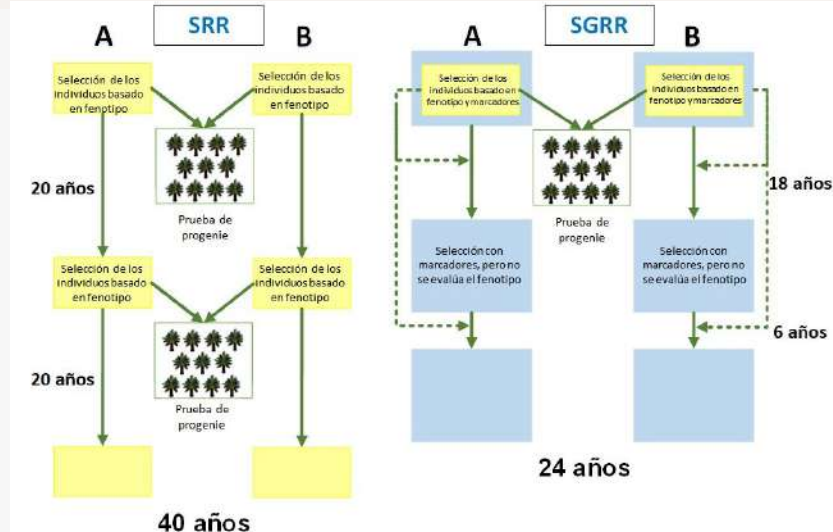


Regresión de Ridge: r de 0.63, error de 7.23 cm/año

Consideraciones finales



- Reducción en los tiempos de mejoramiento entre el **30 y 40%**
- Reducción de espacio de las colecciones de trabajo hasta en un **50%**
- Reducción hasta de un **30%** en el tamaño de las pruebas de evaluación sembrando las de mayor potencial para evaluación basado en **GS**
- **Identificación de regiones del genoma** relacionadas a caracteres de interés agroindustrial (GWAS)
- Nuevos enfoques en la selección genómica utilizando modelos de crecimiento y usos potenciales en modelos de enfermedades - ejm, AUDPC).



Cross, et al, 2015. Planteamiento teórico del uso de la selección genómica para reducir los tiempos de mejoramiento

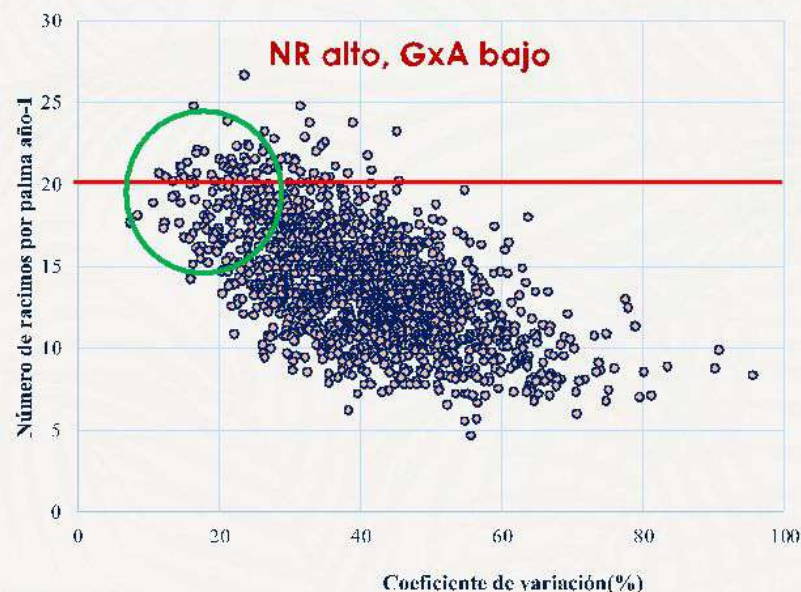
- Selección adicional de los mejores genotipos en vivero para aumentar la

Impactos esperados

Mejoramiento enfocado en déficit hídrico: Selección de parentales en colecciones biológicas



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference

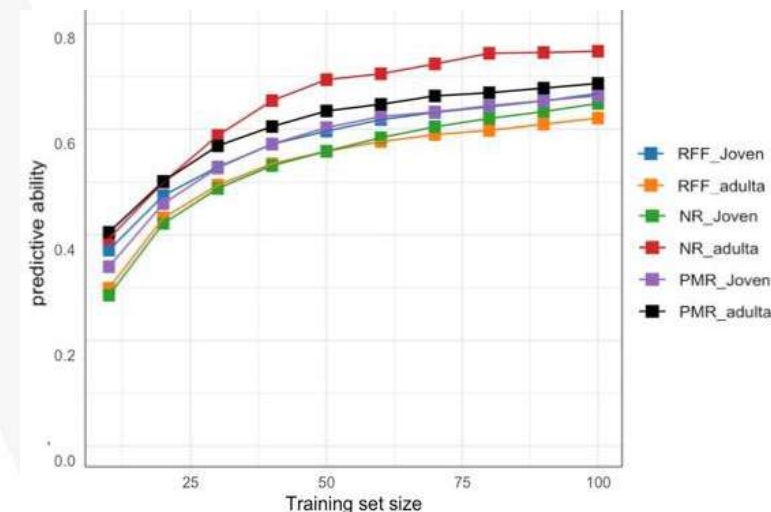


Número de racimos en la colección Angola - FIPS

Reducciones entre 10 y 25% en el número de racimos (NR)

Años de DH

	6 YAP		7 YAP		8 YAP		9 YAP		10 YAP		11 YAP		12 YAP
Rank	FAM	BLUP NR	FAM	BLUP NR	FAM	BLUP NR	FAM	BLUP NR	FAM	BLUP NR	FAM	BLUP NR	FAM
1	5-10	23.7	5-9	21.1	3-10	15.8	3-10	16.3	3-10	15.9	3-10	12.9	5-9
2	3-10	22.8	3-10	20.7	5-9	15.4	5-9	15.2	3-3	15.2	3-3	12.1	3-10
3	3-1	21.9	3-11	20.2	5-10	15.2	3-3	14.9	5-9	14.8	2-3	11.7	1-9
4	3-11	21.9	3-1	20.1	3-3	15.1	5-10	14.7	1-4	4.1	5-9	11.3	3-3
5	5-8	21.8	3-3	19.6	5-3	14.8	3-11	14.3	3-1	13.9	3-8	11.1	5-10
6	1-9	21.7	1-9	19.4	3-8	14.5	3-8	14.2	1-9	13.6	3-4	11.1	1-8
7	5-9	21.6	5-8	19.0	5-8	14.0	5-8	14.2	3-4	13.4	5-10	10.9	3-8
8	3-3	21.5	3-8	18.8	3-11	13.9	5-3	13.9	5-10	13.3	5-3	10.8	3-11
9	2-2	20.7	5-10	18.7	3-1	13.9	1-8	13.8	3-11	13.3	3-9	10.5	5-8
10	3-8	20.7	3-4	18.3	5-6	13.6	5-4	13.5	3-8	13.0	2-6	10.4	2-3
11	3-4	20.6	2-3	18.1	1-8	13.6	3-4	13.5	5-3	13.0	1-9	10.3	5-3
12	5-3	20.6	1-8	18.1	1-8	13.0	3-1	13.2	3-9	12.9	2-2	10.2	2-2
13	1-8	20.5	5-3	17.3	1-4	12.9	1-4	13.0	5-4	12.8	3-1	10.2	3-4
14	1-2	20.3	2-2	17.0	5-4	12.8	2-2	12.9	1-8	12.6	3-11	9.8	4-4
15	3-9	20.1	1-4	17.0	3-4	12.6	1-3	12.8	2-2	12.6	1-4	9.6	5-7
16	5-1	19.9	5-1	16.9	5-7	12.5	2-6	12.3	5-7	12.6	4-4	9.5	2-8
17	1-4	19.9	4-4	15.9	5-1	12.5	5-2	12.3	1-3	12.4	1-6	9.5	5-4
18	1-7	19.8	3-9	16.8	2-2	12.5	5-7	12.0	5-8	12.4	4-2	9.5	1-4
19	1-3	19.4	5-2	15.8	2-6	12.4	3-9	11.7	1-7	12.2	5-7	9.4	3-1
20	2-6	19.3	1-6	15.5	5-2	12.2	4-4	11.6	1-6	11.9	1-2	9.3	5-2
21	5-7	19.3	5-7	15.5	2-3	12.0	1-3	11.5	2-9	11.6	1-5	9.3	5-1
22	5-2	18.8	2-6	15.3	4-4	11.8	1-7	11.5	5-2	11.5	4-5	9.3	5-6
23	2-5	18.7	5-4	16.3	2-9	11.8	5-1	11.5	2-6	11.7	5-2	9.2	3-9
24	4-4	18.6	5-6	15.7	3-9	11.7	4-5	11.0	4-1	11.7	1-1	9.1	2-6
25	2-3	18.6	2-1	15.5	4-6	11.6	2-3	10.9	2-3	11.6	1-3	9.1	2-5
26	5-4	18.5	1-7	15.4	1-6	11.4	4-2	10.9	1-2	11.5	5-1	9.0	1-2
27	1-5	18.1	1-2	15.3	4-5	11.3	1-6	10.8	4-5	11.3	3-6	8.9	1-5
28	3-6	17.7	3-7	14.9	1-5	11.2	1-2	10.8	4-4	11.3	1-7	8.9	3-6
29	4-2	17.3	4-2	14.8	1-7	11.2	4-1	10.8	5-1	11.2	2-8	8.9	1-7
30	2-1	17.3	4-5	14.6	1-3	11.1	4-6	10.7	3-7	11.2	2-1	8.8	4-2
31	5-6	17.3	2-9	14.4	1-2	11.0	5-6	10.4	4-2	11.1	5-8	8.7	4-5



Cultivares tolerantes
al déficit hídrico

Validación cruzada de modelos de selección genómica en Pruebas de Evaluación Agronómica (PEA)



21^º CO
INTERNACIONAL
SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



PEA de cruzamientos de porte bajo

7 ENSAYOS | 6 MUNICIPIOS

Se evalúan
227 cruzamientos,
21 son comunes en las
3 zonas palmeras
2 testigos comerciales

10.734 palmas sembradas
en 75 hectáreas

PEA de híbridos O_xG

7 ENSAYOS | 7 MUNICIPIOS

Desempeño de cruzamientos
O_xG obtenidos en las
colecciones biológicas del
CE Palmar de la Vizcaina

12.918
PALMAS SEMBRADAS
EN 100
HECTÁREAS

PEA de clones con resistencia a la PC

6 ENSAYOS | 5 MUNICIPIOS

1.571 PALMAS

11 hectáreas dedicadas a
la evaluación de diferentes
ortets obtenidos mediante
el proceso de clonación de
palmas supervivientes a la PC

Las PDO son un complemento dentro
del proyecto PEA. Se realizan con la
colaboración de las plantaciones y
su objetivo es determinar, desde el
punto de vista de los palmicultores,
el comportamiento agronómico y
frente a plagas y enfermedades.

En total son

238 ha
SEMBRADAS

en plantaciones
de las zonas

Norte,
Central y
Oriental

que han permitido
emplear áreas para
el proyecto

PEA de cruzamientos D_xP con posible resistencia a la PC

5 ENSAYOS | 5 MUNICIPIOS

Se evalúan
203 cruzamientos junto
a 6 testigos comerciales

7.500
PALMAS SEMBRADAS
EN 52
HECTÁREAS

Modelos de selección genómica evaluados en pruebas multi-localizadas (MET) para rasgos poligénicos como componentes de producción, **tolerancia al déficit hídrico** o **resistencia a enfermedades**



Cultivares resistentes a la PC



Cultivares eficientes en el uso
de nutrientes



Cultivares que faciliten
la polinización



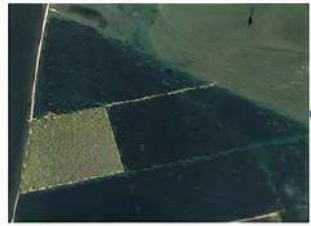
Cultivares tolerantes
al déficit hídrico



Cultivares resistentes a la ML

Impactos esperados

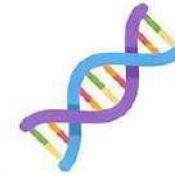
Scheme for distribution of genetically improved oil palm plants well suited to local conditions



Participatory selection of highly productive plots on commercial farms with known origin of cultivar
Selection based on Fresh Fruit Bunches (FFB/plot)



Participatory evaluation and selection of best individuals from selected plots
Selection based on yield traits: Fresh Fruit Bunches (FFB), bunch number (BN), average bunch weight (ABW) and oil potential (OB)



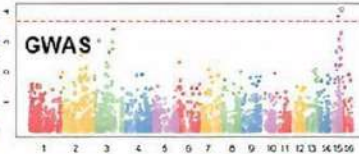
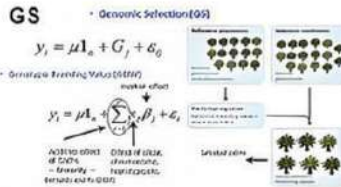
Genotyping of best individuals

Breeders and seed multipliers identify parents of selected individuals which are then crossed.



Establish nurseries with seeds generated by crossing the best parents

Identification of genomic patterns associated with yield traits and other complementary traits if possible



Genotyping of seedlings in nursery and identification of those with superior genotypes
Genomic Selection and/or GWAS



Distribute superior genotypes to growers
Adapted to local conditions with yield advantage over the original populations expected to be a minimum 10%



Discard individuals with poor genotypes



21ª CONFERENCIA INTERNACIONAL SOBRE PALMA DE ACEITE
21st International Oil Palm Conference



Agricultural Systems
Volume 212, December 2023, 103756



Perspective

A scheme for distribution of genetically improved oil palm plants well suited to local conditions

James H. Cock^a, Iván M. Ayala-Díaz^b, Hernán M. Romero^{b,c}

Implementación de mejoramiento participativo en palma de aceite usando selección genómica



“Recuerde, la selección Genómica es solo una herramienta en la caja de herramientas del mejorador –usted sigue teniendo el control”

Agronomix Seminar, sep 2025

G × E × M
IN DEPTH

G – GENOTYPE
Definition: The genetic potential of the corn hybrid/variety

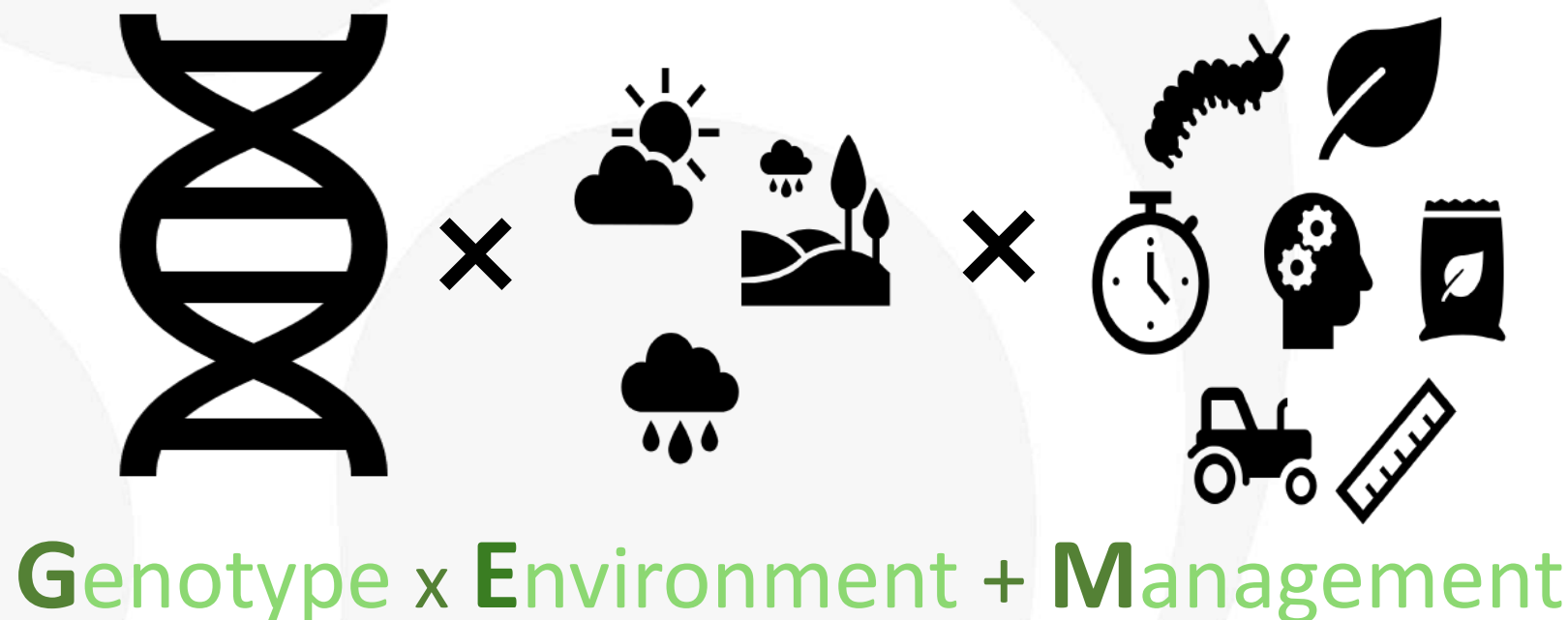
Breeding focus:	Major challenges:
Drought/heat-tolerant genes	Climate change
Pest & disease resistance	Soil fertility decline
Nutrient use efficiency (NUE)	New pest/disease pressures
Grain quality traits	

E – ENVIRONMENT
Definition: All external conditions

Major challenges:	Breeding response:
Climate change	Testing hybrids across multi-location trials (METs)
Soil fertility decline	Stress-adaptive breeding
New pest/disease pressures	Simulation models

M – MANAGEMENT
Definition: Agronomic practices applied by farmers

Key interventions:	Example
Seed → Nutrients	Stability—hybrids that perform consistently across varying conditions
Water → Pest & Disease	
Mechanization & HDPS	



Gracias!

Iván Mauricio Ayala-Díaz

Investigador titular, líder de
Fitomejoramiento

iajala@cenipalma.org



@cenipalma



21ª CONFERENCIA
INTERNACIONAL
SOBRE **PALMA DE ACEITE**

21st International Oil Palm Conference

2025



Programa de Biología & Mejoramiento: Labs de
semillas, Bioquímica y Biotecnología de Cenipalma.

Fondo de Fomento Palmero administrado por
Fedepalma.