



21ª CONFERENCIA INTERNACIONAL SOBRE PALMA DE ACEITE

21st International Oil Palm Conference

Mejoramiento genético de precisión mediante el uso de la selección genómica Iván Ayala – Líder en Fitomejoramiento, Cenipalma Iván Ayala-Díaz^{1*}, Juan Malagon¹, David Botero¹, Diego Jarquín², Julián García-Abadillo², Edison Daza¹, and Hernán Mauricio Romero³ ¹Colombian Oil Palm Research Center—Cenipalma, Oil Palm Biology and Breeding Research Program ²University of Florida ³Department of Biology, Universidad Nacional de Colombia	
Abstract/ Resumen Idioma: Inglés	Abstract/ Resumen Idioma Español
Oil palm is the world's main source of fats and oils, with key applications in food, animal nutrition, nutraceuticals, and industry. Its genetic improvement faces challenges due to its perennial nature, with selection cycles that can last between 15 and 25 years. Genomic selection (GS) allows the genetic merit of quantitative traits in unobserved genotypes to be estimated using molecular markers and phenotypic data, while genome-wide association mapping (GWAS) identifies genomic regions associated with traits of agro-industrial interest. This paper presents case studies that integrate GS and GWAS to improve yield traits such as fresh fruit clusters (RFF), number of clusters (NR), and average cluster weight (PMR), as well as other traits of interest, evaluated in a diverse panel of genotypes. The models were calibrated with GBLUP and adjusted by deregulating, achieving accuracy improvements between 3% and 7%. The best predictions were obtained for AWP, followed by FFS, and lower accuracy for NB, being more reliable in adult palms. On the other hand, the growth rate in height was evaluated, a highly heritable trait that allows the evaluation of the quality of new prediction models or experimental approaches. In this regard, an approach based on Ridge with haplotypes was explored. This approach allows for expanding the number of associations in GWAS models and improving the performance of SG predictions, increasing their accuracy. The results demonstrate that the integration of advanced genomic tools could accelerate improvement, optimize the selection of parents and cultivars, and contribute to sustainable and resilient palm cultivation.	La palma de aceite es la principal fuente de grasas y aceites a nivel mundial, con aplicaciones clave en alimentación, nutrición animal, nutraceuticos e industria. Su mejoramiento genético enfrenta desafíos debido a su naturaleza perenne, con ciclos de selección que pueden durar entre 15 y 25 años. La selección genómica (GS) permite estimar el mérito genético de caracteres cuantitativos en genotipos no observados mediante marcadores moleculares y datos fenotípicos, mientras que el mapeo por asociación (GWAS) identifica regiones genómicas asociadas a rasgos de interés agroindustrial. Este trabajo presenta estudios de caso que integran GS y GWAS para mejorar caracteres de rendimiento como racimos de fruta fresca (RFF), número de racimos (NR) y peso promedio de racimos (PMR) y otros rasgo de interés, evaluados en un panel diverso de genotipos. Los modelos fueron calibrados con GBLUP y ajustados mediante des-reducción, logrando mejoras de precisión entre 3% y 7%. Las mejores predicciones se obtuvieron para PMR, seguidas por RFF, y menor precisión para NR, siendo más confiables en palmas adultas. Por otro lado, se evaluó la tasa de crecimiento en altura, rasgo altamente heredable que permite evaluar la bondad de nuevos modelos de predicción o aproximaciones experimentales. En este sentido, se exploró una aproximación basada en Ridge con haplotipos, enfoque permite ampliar el número de asociaciones en los modelos GWAS y mejorar el desempeño de las predicciones de SG, aumentando su precisión. Los resultados demuestran que la integración de herramientas genómicas avanzadas podrían acelerar el mejoramiento, optimizar la selección de progenitores y cultivares, y contribuir a una palmicultura sostenible y resiliente.