



GOBIERNO DE CHILE
FUNDACIÓN PARA LA
INNOVACIÓN AGRARIA

PROGRAMA DE FORMACION

Recepcionado 8-3-04

Nº Ingreso 044

INSTRUCTIVO PARA LA PREPARACIÓN DEL INFORME TÉCNICO

PROGRAMA DE FORMACIÓN PARA LA INNOVACIÓN AGRARIA AÑO 2003

La Fundación para la Innovación Agraria (FIA) del Ministerio de Agricultura tiene la función de fomentar y promover la transformación productiva de la agricultura y de la economía rural del país. Para el cumplimiento de esta función proporciona financiamiento, impulsa y coordina iniciativas, programas o proyectos orientados a incorporar innovación en los procesos productivos, de transformación industrial o de comercialización en las áreas agrícola, pecuaria, forestal y dulceacuícola. En el marco de estos objetivos, FIA desarrolla actualmente cuatro líneas de acción fundamentales: Financiamiento a Proyectos de Innovación, Programas de Giras Tecnológicas y Consultores Calificados e iniciativas de Formación para la Innovación.

El objetivo del Programa de Formación para la Innovación Agraria es impulsar acciones orientadas a mejorar el nivel de formación de productores, profesionales y técnicos, de manera de fortalecer el proceso de innovación en el sector agrario chileno.

Para el logro de este objetivo este programa opera mediante el apoyo financiero para:

- la **participación** de productores, profesionales y técnicos del sector, en cursos cortos, cursos de especialización o perfeccionamiento, pasantías, seminarios o congresos y ferias o eventos organizados por instituciones o empresas nacionales o extranjeras.
- la **realización** de eventos, pasantías y otros eventos técnicos que se consideren necesarios para el desarrollo de un determinado rubro, pero que no se estén realizando actualmente en el país. El diseño de los eventos, sus objetivos y las materias que se busque abordar corresponderán a aquellas en las cuales no exista actualmente oferta en el país.

En este caso, y en el marco de las actividades ejecutadas por FIA dentro del Programa de Biotecnología del Gobierno de Chile (crédito BID), en convenio con el Ministerio de Economía, FIA abrió una convocatoria para financiar la asistencia de profesionales y técnicos chilenos o extranjeros con residencia definitiva en Chile ligados a la biotecnología silvoagropecuaria o acuícola, a una selección de los principales seminarios técnicos y ferias en esta área a nivel mundial. Para esto se priorizaron 9 eventos que se desarrollarán entre los meses de noviembre de 2003 y abril de 2004.

Con la aprobación de los seleccionados por parte de FIA, éstos adquirieron entre otros los siguientes compromisos:

- Emitir un **Informe Técnico** en un plazo de 30 días después de terminado el viaje.

- Realizar una presentación técnica acerca de los conocimientos adquiridos en la visita, la cual será organizada por FIA y será abierta a los interesados en el tema.

Los informes deben ser presentados en disquete y en papel (tres copias) de acuerdo a los formatos establecidos por FIA (y que se entregan a continuación) y en la fecha indicada como plazo de entrega en el contrato firmado con el beneficiario de la beca.

En la eventualidad de que los compromisos antes señalado no se cumplan, FIA procederá a ejecutar la garantía respectiva y la persona beneficiaria de la beca quedará imposibilitada de participar en nuevas iniciativas apoyadas por los diferentes Programas e instrumentos de financiamiento de FIA.

A continuación se entregan las instrucciones para la preparación del Informe Técnico del Programa de Formación para la Innovación Agraria, con el propósito de guiarlo sobre el contenido a desarrollar en el informe y el formato de presentación de la información.

CONTENIDO DEL INFORME TÉCNICO

PROGRAMA DE FORMACIÓN PARA LA INNOVACIÓN AGRARIA

1. Antecedentes Generales de la Propuesta

Nombre: Convocatoria – Apoyo para la Asistencia a Seminarios Técnicos y Ferias Biotecnológicas (Plant and Animal Genome XII Conference)

Código: BIOT-FP-L-2003-BIOT-028

Nombre Postulante Individual: LEE ANN MEISEL *****

Lugar de Formación (País, Región, Ciudad, Localidad): Estados Unidos, California, San Diego,
Town and Country Hotel

Fecha de realización: 8-15 de enero 2004

Objetivos de su participación en la actividad:

1. Perfeccionar mis capacidades como académica especializado en biotecnología vegetal, para mejorar y modernizar mis actividades docentes.
2. Presentar nuestros avances en el secuenciación de ESTs de Nectarinas a la comunidad científica internacional, para recibir “feed-back”
3. Formar contactos y lances con los expertos en el tema de genoma vegetal quien participaran en este congreso con el propósito de explorar las posibilidades de colaboraciones en el futuro.

2. Antecedentes Generales: describir si se lograron adquirir los conocimientos y/o experiencias en la actividad en la cual se participó (no más de 2 páginas).

Financiamiento del programa de Formación para la Innovación Agraria Año 2003 – Apoyo para la Asistencia a Seminarios Técnicos y Ferias Biotecnológicas (Plant and Animal Genome XII Conference), me permitió asistir en la conferencia sobre los genomas de plantas y animales. Esta conferencia juntó expertos internacionales en estudios genómicos de numerosos especies de plantas y animales. Más que dos mil científicos internacionales participaron en este congreso. El congreso consistió de sesiones general/plenario, workshops (talleres), sesiones de posters y exhibiciones y demostraciones computacionales. Más información asociado con estos eventos está en los libros del resumen anexado a este informe técnico.

Las sesiones generales/plenarios consistieron en sesiones en las cuales científicos destacados en su investigación de genomas presentaron seminarios sobre sus estudios y sus nuevos descubrimientos. Durante estas sesiones Dr. Scot Tingey de DuPont Company presentó avances en la organización genómica de Maíz y sus implicaciones para genéticas aplicadas. Durante esta presentación, él presentó los avances de la organización genómica de maíz en la secuenciación del genoma de esta especie. El mapa físico de maíz es avanzado. Hay 125.121 BACs (cromosomas artificiales de bacteria) montados; 2000 contigs representando más que 90% del tamaño del genoma; 140,000 extremos de BACs secuenciados, 23,000 ESTs posicionados y la identificación de más que 35,000 loci; más que 90% de los contigs tienen uno o más anclas genéticas. Dr. Tingey, también enfatizó estudios hechos por Dr. Hugo Dooner de la Universidad de Rutgers que indica que diferentes variedades/cultivares del mismo especie pueden tener diferentes genes. Por esta razón, él dijo que es importante recordar que la secuenciación completa del maíz, es de la cultivar secuenciada y no necesariamente la genoma completa de todos los cultivares. Finalmente, Dr. Tingey mostró la importancia del análisis comparativo genómico para validar la función de genes.

Otros científicos que presentaron durante las sesiones generales/plenarios fueron: Dr. Wes Warren de la Universidad de Washington quien presentó los avances en el análisis del genoma de la gallina; Dr. Samir Hanash de la Universidad de Michigan quien presentó las dificultades y oportunidades de la proteómica; Dr. Maarten Koornet de la Universidad de Wageningen quien presentó los usos de la variación natural en *Arabidopsis* para análisis funcional; Dr. Meter Langridge de la Universidad de Adelaida quien presentó un seminario sobre la “breeding” molecular del trigo y mijo; Dr. Elliot Meyerowitz de CalTech quien presentó un seminario que mostró la integración de la informática como un nuevo método para analizar el meristemo apical del tallo (más información sobre el programa “Cellerator” usado en sus estudios está ubicado en el sitio Web de “Cellerator”, <http://www-aig.jpl.nasa.gov/public/mls/cellerator/>); Dr. John Yates del Instituto de Investigación Scripps quien presentó un seminario sobre proteómicas comprehensivas de las células.

Los workshops (talleres) fueron seminarios más pequeños que correrían en paralelo. Detalles de estos workshops pueden ser obtenidos por los libros de resumen del congreso y/o al sitio de Web del congreso (www.intl-pag.org). Algunos de los workshops más interesantes para mí fueron: 1) el workshop de las frutas y nueces en el cual Renata Horn de la Universidad de Clemson presentó los avances de los mapas físicos y transcripcionales de *Prunus pérsica* y su desarrollo como modelo de las Rosáceas. 2) el workshop del consorcio internacional de la biotecnología de

“Sugar Cane” (ICSB) en el cual Dra. Helaine Carrer del Universidad de Sao Paulo presento datos asociado con la secuenciación completo del cloroplastos del sugarcane y sus similitudes y diferencias dentro los especies *Saccharum* (sorghum, maíz, arroz y trigo); En el workshop del legumbres el Dra. Martina Stromvik del Universidad McGill presento información sobre bioinformática en soya y sus análisis in silico de expresión génica. En el workshop de genotecas de ADN de inserciones de tamaño grande y sus aplicaciones, el Dr. Lotear Altschmied del Instituto del Genética de plantas presento información sobre aislamiento rápido de promotores del genoma de mote (barley). Durante el workshop sobre el proyecto internacional del genoma de uvas el Dr. John Cushman de la Universidad de Nevada-Reno mostró avances en el diseño de un Affymetrix Gene Chip para hacer estudios de micro-arreglos en *Vitis vinifera*. Información sobre el proyecto internacional en Vitis y el Gene Chip están disponibles en el sitio de Web <http://www.vitaceae.org/>. En esta mismo workshop sobre uvas, Dra. Delphine Vincente del Universidad de Nevada-Reno mostró análisis proteomica sobre Uvas tratada con estrés hídrico y salado. Datos asociados con este proyecto son disponible en el siguiente sitio Web: <http://cgf.ucdavis.edu/Visitors/Pipeline/getspecie/getspeciesaction.cfm?PlantGenusid=1>. En el workshop de Solanaceae el Dr. Sophien Kamoun del Universidad de Ohio State presento información sobre genómica funcional de *Phytophthora infestans* interacción con plantas solanáceas. Información asociado con esta presentación son disponible en los siguientes sitios de Web: <http://www.pfgd.org> y <http://www.solgd.org>. Durante esta workshop también información sobre la secuenciación del genoma del tomate fue presentado (<http://sgn.cornell.edu/index.html>). Durante el workshop de genéticas del organelos Dra. Alice Barkin del Universidad de Oregon, presento información sobre la genómica funcional de biogénesis de cloroplastos en Maíz y sus programas de extensión para mejorar educación en fotosíntesis (<http://chloroplast.uoregon.edu>). Dr. Klaas van Wijk, del Universidad de Cornell, presento un análisis del proteoma del tilakoide de cloroplastos de *Arabidopsis thaliana* (<http://cbsu.tc.cornell.edu/vanwijk>). Dr. Pal Maliga del Universidad de Rutgers, presento avances en estrategias a transformar el genoma de los plastidos usando tecnología de recombinación.

Fueron más que 1000 posters en el congreso, de cual yo presento uno y fue co-autor del otro. Los posters presentado por nosotros fueron titulado “Chilean Functional Genomics in *Prunus persica*: An approach towards understanding post-harvest problems in peaches and nectarines” (P1000) y “University of Chile’s Integrated Plant Gene Expression Database” (P1001). Ejemplos de nuestro posters y otros posters de interés son adjuntos.

3. Itinerario Realizado: entregar una relación de actividades de acuerdo al siguiente cuadro:

Fecha	Actividad	Objetivo	Lugar
8-01-04	Plant and Animal Genome XII. The International Conference on the Status of Plant and Animal Genome Research	Participación en el congreso y presentación del posters	Town and Country Hotel, San Diego, C.A. E.E.U.U.

Señalar las razones por las cuales algunas de las actividades programadas no se realizaron o se modificaron.

4. Resultados Obtenidos: descripción detallada de los conocimientos adquiridos. Explicar el grado de cumplimiento de los objetivos propuestos, de acuerdo a los resultados obtenidos. Incorporar en este punto fotografías relevantes que contribuyan a describir las actividades realizadas.

Participando en este congreso, yo logro a completar los objetivos presentados en el proyecto original. Logro a perfeccionar mis capacidades como Académico especializado en biotecnología vegetal para mejorar y modernizar mis actividades docentes. Muchos de los temas por el cual yo aprendí son incluidos en sección 2 de este informe. Además cuando regreso a la universidad, presento a los alumnos biotecnológico, bioquímica e informático quien está trabajando en nuestro proyecto genómica de nectarinas los avances y temas que aprendió durante el congreso. Además esta va a servir a mejorar mis actividades docentes a nivel pre- y post-grado durante este año académico. Adjunto son imágenes de nuestros posters y otras posters relevantes.

El objetivo de presentar nuestros avances en el secuenciación de ESTs de Nectarinas a la comunidad científica internacional, para recibir "feed-back" fue muy exitoso. Presentamos dos posters relacionado a nuestro trabajo y discutió con muchos científicos internacionales sobre nuestras iniciativas, actividades y las posibilidades de formar colaboraciones en el futuro.

El objetivo de formar contactos y lances con los expertos en el tema de genoma vegetal quienes participaran en este congreso con el propósito de explorar las posibilidades de colaboraciones en el futuro fue muy exitoso. Formo contactos con científicos trabajando en genómica funcional en *Prunus persica* y discutimos las posibilidades de formar colaboraciones conjunto. Incluso el Bryon Sosinski me pidió un carta de aporte para su postulación para un proyecto NSF para iniciar la secuenciación completo del genoma de *Prunus persica* (ver carta adjunto).

5. Aplicabilidad: explicar la situación actual de los temas en Chile (región), compararla con la tendencias y perspectivas en el país (región) y feria visitados y explicar la posible incorporación de los conocimientos adquiridos, en el corto, mediano o largo plazo, los procesos de adaptación necesarios, las zonas potenciales y los apoyos tanto técnicos como financieros necesarios para hacer posible su incorporación en nuestro país (región).

Recientemente en Chile, hay avances significativos en los estudios de genómica funcional gracias a la iniciativa genoma. Hay tres proyectos financiados por la Iniciativa Genoma en genómica funcional en plantas. Dos de estos proyectos son en *Vitis vinifera*, y uno en *Prunus persica*. Yo participo en el proyecto de *Prunus persica*, por esta razón voy a enfocar mis discusiones en esta especie. Dentro del último año nosotros estamos secuenciando un gran número de ESTs de *Prunus persica* (50,000). La número de ESTs de *Prunus persica* disponible públicamente son 10,000. Este significa que nosotros podremos hacer un impacto grande en un iniciativa internacional hace la secuenciación del genoma de *Prunus persica*. Sin embargo faltamos la infraestructura y financiamiento a participar directamente en esta iniciativa. Sería ideal que fuentes de financiamiento para qué científicos pueden participar activamente en una iniciativa internacional de la secuenciación de este genoma. Los iniciativas para secuenciar el genoma de esta especie son en una etapa temprana, que significa que Chile tiene una oportunidad a participar en esta iniciativa si financiamiento es disponible. La secuenciación de *Prunus persica* puede tener un impacto no solamente en duraznos y nectarinas, pero si *Prunus persica* es desarrollado como un modelo para árboles frutales, esta tipo de iniciativa puede tener un impacto en estudios en manzanas, peras, cerezas, almendras, papaya, etc.

6. Contactos Establecidos: entregar una relación de contactos establecidos de acuerdo al siguiente cuadro:

Institución/Empresa	Persona de Contacto	Cargo/Actividad	Fono/Fax	Dirección	E-mail
NC State University	Bryon Sosinski, Ph.D.	Director	Fono: 919 51 33883 Fax: 919 5133177	CALS Genome Research Laboratory Campus Box 8619/Partners II Building Raleigh, NC 27695.8619 USA	Bryon_sosinski@ncsu.edu
Kyoto Prefectural Institute of Agricultural Biotechnology	Dr. Masashi Hirai	Professor of Cell and Genome Biology / Senior Researcher	Fono: 0744933525 Fax: 0774933528	Seika, Kyoto, 6190244 Japan	mhirai@kab.seika.kyoto.jp
Kyoto Prefectural Institute of Agricultural Biotechnology	Dr. Masato Tsuru		Fono: 81774933526 Fax: 81774933528	74 Oji. Kitainayazuma. Sika-Cho, Soraku-Gun Kyoto 6190244 Japan	tsuro@kab.seika.kyoto.jp
Seibersdorf research	Mag. Silvia Fluch	Research Scientist	Fono: 430505503530 Fax: 430505503444	A-2444 Seibersdorf, Austria	Silvia.fluch@arcs.ac.at
P.A.L.M.	Oliver	Application	Fono:	www.palm-	Oliver.prange@p



Microlaser Technologies	Prange, Ph.D.	Specialist P.A.L.M. North America	6047837284	microlaser.com	alm-microlaser.com
Waksman Institute Rutgers University	Dr. Pal Maliga	Profesor	Fono: 732-445-5329 Fax: 732-445-5735	190 Frelinghuysen Road Piscataway, NJ 08854--8020	maliga@waksman.rutgers.edu
Waksman Institute Rutgers University	Dr. Hugo Dooner	Profesor	Fono: 732-445-4684 Fax: 732-445-5735	190 Frelinghuysen Road Piscataway, NJ 08854--8020	Dooner@waksman.rutgers.edu
Brookhaven National Laboratory	Benjamín Burr	Profesor	Fono: 631 344-3396 fax: 631 344-3407	Biology Department, Bldg. 463 Brookhaven National Laboratory Upton, NY 11973-5000	burr@bnl.gov
Brookhaven National Laboratory	Frances Burr	Profesora	Fono: 631 344-3396 fax: 631 344-3407	Biology Department, Bldg. 463 Brookhaven National Laboratory Upton, NY 11973-5000	burr@bnl.gov
University of Sao Paulo	Helaine Carrer	Profesora			hecarrer@carpa.ciagri.usp.br
Department of Genetics, Biochemistry and Life Science Studies Clemson University	Renate Horn	Research Scientist			rhorn@clemson.edu

7. Detección de nuevas oportunidades y aspectos que quedan por abordar: señalar aquellas iniciativas detectadas en la actividad de formación, que significan un aporte para el rubro en el marco de los objetivos de la propuesta, como por ejemplo la posibilidad de realizar nuevos cursos, participar en otras ferias y establecer posibles contactos o convenios. Indicar además, en función de los resultados obtenidos, los aspectos y vacíos tecnológicos que, a la luz de los conocimientos adquiridos en esta actividad, aún quedan por abordar para la modernización del tema en el país.

Oportunidades nuevos detecta incluye la posible participación en un reunión para formar un consorcio internacional para secuenciar la genoma de *Prunus persica* en la Universidad de Clemson. Ver correos electrónicos adjuntos.

8. Resultados adicionales: capacidades adquiridas por el participante individual y/o el grupo, como por ejemplo, formación de una organización, incorporación (compra) de alguna maquinaria, desarrollo de un proyecto, firma de un convenio, etc.

Invitación para participar en un conferencia sobre Genómicas en Rosaceae. Sin embargo, no puedo asistir por falta de financiamiento.

9. Material Recopilado: junto con el informe técnico se debe entregar un set de todo el material recopilado durante la actividad de formación (escrito y audiovisual) ordenado de acuerdo al cuadro que se presenta a continuación (deben señalarse aquí las fotografías incorporadas en el punto 4):

Tipo de Material	Nº Correlativo (si es necesario)	Caracterización (título)
Fotos del Posters	1-8	Fotos de varios posters
Libro de Programa del Congreso	9	Plant & Animal Genome XII, Final Program & Exhibit Guide
Libro de Resúmenes del Congreso	10	Plant & Animal Genome XII, Final Abstracts Guide
Email de Bryon Sosinski	11	Email de Bryon Sosinski
Email de Albert Abbott	12	Email de Albert Abbott



10. Aspectos Administrativos

10.1. Organización previa a la actividad de formación

a. Apoyo de la Entidad a cargo de la organización del viaje

___ bueno ___X___ regular ___ malo

(Justificar)

En general la organización fue bueno, sin embargo, el tiempo de notificación de la aprobación del viaje, ante del viaje fue muy corto. Por esta razón nuestros resúmenes no fueron incluidos en el libro oficial del congreso (pero si están en la base de datos y un adjunto fue entregado a todos los participantes), y un aumento en el gasto de inscripción. Además, el itinerario para viajar al congreso fue mal. Tuvimos que tomar tres diferente vuelos (haciendo el tiempo de viaje mas largo que necesario) y perdimos el vuelo de conexión desde Miami al Dallas por el poco tiempo entre la llegada y despegue de nuestros vuelos.

b. Información recibida durante la actividad de formación

___X___ amplia y detallada ___ aceptable ___ deficiente

c. Trámites de viaje (visa, pasajes, otros)

___ bueno ___X___ regular ___ malo

d. Recomendaciones (señalar aquellas recomendaciones que puedan aportar a mejorar los aspectos administrativos antes indicados)

Tratar de organizar los viajes mejor

11. Conclusiones Finales: entregar las conclusiones finales del participante de la actividad de formación, incluyendo el nivel de satisfacción de los objetivos personales.

Con la excepción de algunas inconveniencias en el viaje al congreso, mi participación en el congreso y este programa fue muy interesante y exitosa. Mi participación en este congreso me permito a presentar nuestros avances en genómica funcional en Chile, aprender de los avances de otros científicos trabajando en genómicas y hacer contactos con ellos para iniciar posible colaboraciones en el futuro.

Fecha: 8/3/04

Nombre y Firma beneficiario de la beca:

AÑO 2003

[illegible]

[illegible][illegible]



GOBIERNO DE CHILE
FUNDACION PARA LA
INNOVACION AGRARIA

Material Recopilado 3

Ensembl
An Arabidopsis Ensemble at the Nottingham Arabidopsis Stock Centre (NASC)

The Ensembl database provides a comprehensive resource for the Arabidopsis genome. It includes a detailed map of the genome, showing gene locations and structures. The database is accessible via a web interface, allowing users to explore genomic data in various ways. Key features include:

- Genome browser: A detailed view of the genome, showing gene locations and structures.
- Gene structure: A detailed view of gene structure, showing exons and introns.
- Gene expression: A detailed view of gene expression data, showing expression levels across different tissues and conditions.
- Gene annotation: A detailed view of gene annotation, showing gene names, functions, and other relevant information.

For more information, visit www.ensembl.org

930 Integrated Pipeline for Large-scale Characterization of Plant EST Data with a Web-based Interface

This poster describes a web-based interface for the large-scale characterization of plant EST data. The interface is designed to be user-friendly and accessible to researchers in the field of plant genomics. It provides a comprehensive overview of the data, including a detailed map of the genome, gene structure, and gene expression data. The interface is accessible via a web browser, allowing users to explore the data in various ways. Key features include:

- Genome browser: A detailed view of the genome, showing gene locations and structures.
- Gene structure: A detailed view of gene structure, showing exons and introns.
- Gene expression: A detailed view of gene expression data, showing expression levels across different tissues and conditions.
- Gene annotation: A detailed view of gene annotation, showing gene names, functions, and other relevant information.

For more information, visit www.ensembl.org

The Plant Ontology Consortium

The Plant Ontology Consortium (POC) is a collaborative effort to develop a common ontology for plant research. The consortium includes researchers from various institutions, including the University of California, Berkeley, the University of Wisconsin-Madison, and the University of Texas at Austin. The POC has developed a comprehensive ontology of plant terms, which is used to describe plant structures, functions, and other relevant information. The ontology is accessible via a web interface, allowing researchers to explore the data in various ways. Key features include:

- Genome browser: A detailed view of the genome, showing gene locations and structures.
- Gene structure: A detailed view of gene structure, showing exons and introns.
- Gene expression: A detailed view of gene expression data, showing expression levels across different tissues and conditions.
- Gene annotation: A detailed view of gene annotation, showing gene names, functions, and other relevant information.

For more information, visit www.plantontology.org

931 The Plant Ontology Consortium

This poster describes the Plant Ontology Consortium (POC) and its efforts to develop a common ontology for plant research. The consortium includes researchers from various institutions, including the University of California, Berkeley, the University of Wisconsin-Madison, and the University of Texas at Austin. The POC has developed a comprehensive ontology of plant terms, which is used to describe plant structures, functions, and other relevant information. The ontology is accessible via a web interface, allowing researchers to explore the data in various ways. Key features include:

- Genome browser: A detailed view of the genome, showing gene locations and structures.
- Gene structure: A detailed view of gene structure, showing exons and introns.
- Gene expression: A detailed view of gene expression data, showing expression levels across different tissues and conditions.
- Gene annotation: A detailed view of gene annotation, showing gene names, functions, and other relevant information.

For more information, visit www.plantontology.org









