



PROGRAMA DE FORMACIÓN PARA
LA INNOVACIÓN AGRARIA
- REALIZACIÓN -

FOLIO DE
BASES

075

CÓDIGO
(uso interno)

BID-FR-V-2003-1-4 014

1.- ANTECEDENTES GENERALES DE LA PROPUESTA

NOMBRE DE LA PROPUESTA

Curso internacional de entrenamiento en análisis de datos genético-moleculares: Genética de poblaciones y mapeo de QTLs.

TIPO DE ACTIVIDAD

Perfeccionamiento profesional.

LUGAR DONDE SE REALIZARÁ LA ACTIVIDAD

Región: VIII

Provincia :Ñuble

Ciudad o localidad: Chillán

AREA DE LA ACTIVIDAD

Rubro o área temática: Bioinformática

Tema: Genética de poblaciones y Mapeo de QTLs

ENTIDAD RESPONSABLE QUE REALIZA LA ACTIVIDAD

Nombre: INIA, Quilamapu

RUT:

Dirección comercial: Avenida Vicente Méndez 515

Fono:56-42-209500

Fax y E- mail: 56-42-209599

Cuenta Bancaria (Nº, tipo, banco):

REPRESENTANTE LEGAL DE LA ENTIDAD RESPONSABLE QUE REALIZA LA ACTIVIDAD

Nombre: Hernán Acuña Pommiez

RUT :

Dirección: Avenida Vicente Méndez 515, Casilla 426, Chillán

Fono:56-42-209601

Fax: 56-42-209599

E-mail: hacuna@quilamapu.inia.cl

Firma



COORDINADOR DE LA PROPUESTA (Adjuntar curriculum vitae en Anexo 1)

Nombre: Viviana Becerra V.

Cargo en la Entidad Responsable: Investigadora Genética /Biotecnología

RUT:

Dirección: Avenida Vicente Méndez 515, Casilla 426, Chillán

Fono: 56-42-209716

Fax: 56-42-209720

E-mail: vbecerra@quilamapu.inia.cl

Firma

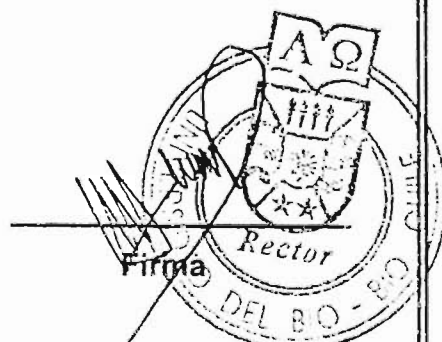


ENTIDAD ASOCIADA

Nombre: Universidad del Bío-Bío
RUT:
Dirección: Av. Collao N° 1202. Concepción
Fono: 41-731200
Fax: 41-731040
E-mail: ubb@ubiobio.cl

REPRESENTANTE LEGAL DE LA ENTIDAD ASOCIADA

Nombre: Hilario Hernández Gurruchaga
Cargo en la Entidad Asociada: Rector
RUT:
Dirección: Av. Collao N° 1202. Concepción
Fono: 41-731200
Fax: 41-731040





FECHA DEL PROGRAMA DE ACTIVIDADES

Inicio: 19 noviembre, 2003

Término: 20 diciembre, 2003

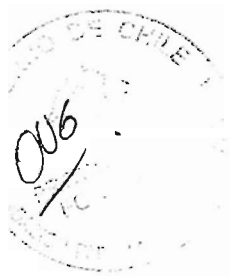
COSTO TOTAL DE LA PROPUESTA

FINANCIAMIENTO SOLICITADO

66.1 %

APORTE DE CONTRAPARTE

33.9 %





2. RESUMEN DE LA PROPUESTA

En el último tiempo el desarrollo de la biotecnología ha concitado un gran interés nacional y regional, lo que se ha concretado a través de diferentes propuestas. Paralelo a esta situación, se han ido estableciendo nuevos laboratorios y grupos de investigadores donde se están desarrollando diferentes aspectos de la biotecnología. Dentro de ellos, se incluyen tecnologías aplicables a la caracterización de recursos genéticos y al mejoramiento de plantas. En ambos tipos de estudios la aplicación de conceptos básicos y avanzados de genética de poblaciones y su evaluación estadística pasan a ser un requisito indispensable.

Una de las aplicaciones de la biotecnología en mejoramiento de plantas es la selección asistida, por medio de marcadores moleculares. Esta aplicación tiene una gran importancia ya que permitiría seleccionar genotipos con características de herencia simple, incluso algunas de herencia más compleja. Mediante esta tecnología, se puede seleccionar temprano un genotipo deseado, aunque la expresión de la característica sea tardía en el desarrollo de la planta (madurez de la fruta), o en el caso de un gen de resistencia a una determinada enfermedad, la selección se puede realizar aún en ausencia de la sintomatología de la enfermedad.

Para lograr este objetivo es necesario construir mapas de ligamiento genético que permitan establecer una relación estrecha entre el marcador y la característica en estudio. Si la característica deseada es de herencia simple, y es controlada por un gen, la relación entre el marcador genético y la característica genética es lineal. Sin embargo, muchas características productivas están controladas por varios genes, por lo tanto, la asociación del marcador molecular es con una o varias regiones del genoma del organismo o QTLs (loci de características cuantitativas). Todas estas aplicaciones necesitan un amplio conocimiento de principios genéticos y estadísticos.

El desarrollo de los recursos humanos ha estado centrado en el perfeccionamiento del desarrollo y aplicación de técnicas de Biología molecular, vale decir, en la generación de datos genéticos, con un escaso énfasis en el análisis estadístico de éstos. Por lo tanto, el objetivo general de esta actividad es entrenar profesionales ligados a la biotecnología en análisis de datos genético-molecular, mediante la participación de diferentes docentes extranjeros del más alto nivel científico. Del mismo modo se espera, después de esta actividad, continuar con una serie de propuestas de entrenamiento de profesionales a nivel regional y nacional.

Para lograr este objetivo se contempla: a) Aplicar conceptos básicos de genética de poblaciones a la caracterización de los recursos genéticos, b) Entregar conceptos básicos para el desarrollo de mapas de ligamiento genético y ubicación de QTLs, y c) Usar softwares desarrollados para estudios de genética de poblaciones y mapeo de QTLs



3. JUSTIFICACIÓN DE REALIZACIÓN DE LA ACTIVIDAD

Política Nacional y del Ministerio de Agricultura

Programa Nacional de Biotecnología, MINECON.
Programas Nacionales, FIA, CONICYT y otros

Fortalecimiento de capacidades humanas en el área de biotecnología.

Programa Nacional de Biotecnología, MINECON.
Programas Nacionales, FIA, CONICYT y otros

Necesidad Técnica Nacional

Como se mencionó anteriormente existe un desarrollo desigual entre la tecnología existente en los Laboratorios de Biotecnología capaces de generar una gran cantidad de datos y la capacidad y conocimiento para el análisis estadístico de ellos.

Para enfrentar este problema se plantea iniciar una serie de actividades de entrenamiento en el análisis de datos genéticos. En esta oportunidad se plantea la posibilidad de realizar dos módulos. El primero de ellos, estará enfocado al Análisis de datos genéticos de poblaciones y mapas asociados, mientras que el segundo se referirá al Mapeo de características Cuantitativas (QTLs). Los módulos tendrán una duración de dos días y medio y serán impartidos por cuatro distinguidos profesores del Instituto de Bioinformática de la Universidad de Carolina del Norte, EE. UU.

Relación beneficio/ costo favorable

Comparativamente, el costo de esta actividad es menor al valor de las pasantías individuales de 20 profesionales en EE.UU. Por ejemplo, la matrícula para cada módulo dictado en el Instituto de Bioinformática de la Universidad de Carolina del Norte es de US\$350 por participante.

Priorización institucional INIA.

Esta actividad se enmarca dentro de la priorización de las actividades del INIA en el área de recursos genéticos, mejoramiento de plantas y biotecnología.

Fortalecimiento Grupo de Especialidad en Biotecnología INIA.

En esta propuesta se aborda un tema de amplia necesidad dentro del grupo de especialidad de biotecnología.



Necesidades Regionales.

Política de desarrollo de la VIII región.

Desarrollo de la biotecnología como eje estratégico regional.

Desarrollo institucional.

Especialización del INIA Quilamapu. Apoyo a los programas de mejoramiento genético y Recursos Genéticos existentes en el CRI.

Apoyo al Centro de Biotecnología Agroalimentario, Universidad del Bío Bío - INIA Quilamapu, Chillán.

Desarrollo de capacidades en la formulación y gestión de proyectos en el área de la biotecnología y transferencia de tecnologías y conocimientos dentro y fuera de la región.

Apoyo a la presentación de la propuesta al FIA CO-V-2003-1 "Aplicaciones de la biotecnología al mejoramiento genético en arroz, trigo y porotos".

Ampliación de Red de Contactos Internacionales.

El contacto de los profesores que dictarán los módulos propuestos con los investigadores de Biotecnología del CRI Quilamapu, se inició con un entrenamiento realizado en la Universidad de Carolina del Norte (NCSU) financiado por el Proyecto INIA-FDI-CORFO. El Centro de Investigación de Bioinformática (BRC) de la NCSU, es uno de los centros para la investigación y la educación más importantes a nivel mundial.

El centro tiene dos misiones importantes:

- a) Investigación: la cual se enfoca principalmente en el desarrollo de nuevas herramientas computacionales y estadísticas para el análisis e interpretación de datos genómicos. La investigación incluye temas teóricos y prácticos en genética humana, plantas y animales.
- b) Educación: El centro provee una excelente oportunidad para la educación formal y entrenamientos para estudiantes graduados y profesionales dedicados a la genómica. El programa de estudios ofrece estudios de postgrado en Bioinformática y Estadística genética.

Nota: en esta o en las otras secciones del documento se pueden agregar cuántas hojas el postulante estime necesario. Al final del formulario se adjuntan hojas en blanco para anexar.



4. OBJETIVOS DE LA PROPUESTA

4.1. GENERAL:

Entrenar profesionales involucrados en biotecnología en el análisis de datos genéticos moleculares.

4.2 ESPECÍFICOS:

1. Entregar y aplicar conceptos básicos de genética de poblaciones a la caracterización de los recursos genéticos.
2. Entregar conceptos básicos para el desarrollo de mapas de ligamiento genético y ubicación de QTLs.
3. Usar softwares para obtener estimadores estadísticos en estudios de genética de poblaciones y mapeo de QTLs.
4. Iniciar una serie de entrenamientos relacionados con biotecnología, de alcance nacional.
5. Iniciar redes de trabajo nacionales e internacionales.

5. PARTICIPANTES EN LA ACTIVIDAD

5.1. PERFIL DE LOS PARTICIPANTES (Tipo, actividad, ámbito)

Profesionales que desarrollen investigación en el área de biotecnología, en genética de poblaciones y mejoramiento genético.

5.2. CARACTERÍSTICAS MATRÍCULA (valor, materiales y beneficios que incluye)

No habrá cobro de matrícula, pero se cobrará a los asistentes el costo de los apuntes de cada módulo. El alojamiento y comidas serán responsabilidad de cada participante.

5.3. CUPOS DE ASISTENCIA (Nº máximo de participantes)

El número máximo de participantes será de 20 por módulo, debido a los requerimientos computacionales de las horas prácticas de cada módulo.

5.4. BECAS (Número y condiciones de becas de matrícula o becas de asistencia, o ambas)

Se incluye en la propuesta el otorgamiento de 5 becas completas: alojamiento, almuerzo y materiales.



6. ANTECEDENTES DE LA INSTITUCION QUE REALIZA LA ACTIVIDAD (Adjuntar antecedentes adicionales en el Anexo N° 2)

El Instituto de investigaciones Agropecuarias, INIA pertenece al Ministerio de Agricultura cuya misión es "crear, captar, adaptar y transferir conocimientos científicos y tecnológicos para innovar en el ámbito productivo silvoagropecuario" (Memoria INIA 2001).

Su accionar se lleva a cabo en todas las regiones agrícolas del país, a través de centros regionales de investigación de operación autónoma, apoyados y coordinados por la Dirección Nacional, en Santiago. Estos centros hacen posible una actividad descentralizada que responde a las necesidades locales y concuerda con los lineamientos de regionalización en que está empeñado el Gobierno de la Nación. Los grupos de especialidad y programas nacionales permiten una instancia de discusión y análisis entre los especialistas y abordan problemas estratégicos que superan las posibilidades de solución local (Memoria INIA 2001).

El INIA cuenta con cuatro laboratorios de Biotecnología ubicados, de norte a sur, en los Centros Regionales de Investigación La Platina (Santiago), Quilamapu (Chillán), Carillanca (Temuco) y Remehue (Osorno).

Basados en esta misión, y organización nacional, el grupo de especialidad de Biotecnología presenta esta propuesta de perfeccionamiento profesional.

7.- PROGRAMA DE ACTIVIDADES DE LA PROPUESTA

FECHA (Día-mes-año)	ACTIVIDAD	OBJETIVO	LUGAR
Noviembre	Difusión por e-mail al red de biotecnología el curso.	Informar a profesionales los módulos a dictar Informar a profesionales el contenido académico de los módulos	Chillán, envío a nivel nacional.
Noviembre	Envío de ficha de postulación	Registrar y seleccionar a profesionales asistentes a los módulos. Resultado postulación: 30 de noviembre.	Chillán, envío a nivel nacional.
Noviembre	Envío de ficha de beca	Seleccionar becados: 30 de noviembre.	Chillán, envío a nivel nacional.
13-14 de diciembre	Traslado desde Raleigh, EE.UU. hasta Chillán.		
15-16-17 (1/2 día) de diciembre	Módulo de Genética de Poblaciones y Mapa Asociado.	Entregar conocimientos de Genética de Poblaciones y conocer softwares para el análisis de datos moleculares.	Chillán
17 (1/2 día)- 18 y 19 de diciembre	Módulo de Mapeo de caracteres cuantitativos (QTLs)	Entregar conocimientos de mapeo de QTLs y conocer softwares para el análisis de datos moleculares.	Chillán
20 de diciembre	Regreso a Raleigh, EE.UU.		



8. DESCRIPCIÓN DEL CURSO O PASANTÍA (u otra actividad técnica de formación)

8.1. RESUMEN

El proyecto contempla el perfeccionamiento profesional de investigadores y/o profesionales afines a la biotecnología en el análisis de datos genéticos moleculares, específicamente en Genética de Poblaciones y Mapeo genético de QTLs.

Estos tópicos serán impartidos por cuatro profesores del Centro de Investigación de Bioinformática (BRC) de la Universidad de Carolina del Norte (NCSSU). La duración de cada módulo será de dos días y medio, y se realizará mediante horas teóricas y prácticas.

8.2. ORIENTACIONES METODOLÓGICAS.

Los módulos consistirán en clases teóricas y prácticas, con una duración de 2.5 días.

El horario diario de clases será el siguiente:

8:30 –10:30: Clase teórica

10:30-11:00: Café

11:00: 13:00 : Clase teórica

13:00-14:30: Almuerzo

14:30-16:00: Clase teórica (ajustable a práctica)

16:00-16:30 Café

16:30-18:00 Clase práctica

8.3. APRENDIZAJES ESPERADOS Y CRITERIOS DE EVALUACIÓN.



Se espera que los profesionales asistentes a los módulos actualicen sus conocimientos en genética de población y mapeo genético. Además que discutan e interactúen con los Investigadores del BRC sobre un adecuado análisis de los datos genéticos. También es esperada conocer el manejo de software adecuados a este tipo de análisis. No se realizará evaluación formal de los profesionales asistentes.

8.4. CONTENIDOS GENERALES.

Módulo I: Análisis de genética de población y mapeo asociativo.

Estimación de frecuencias alélicas, inferencias de Hardy-Weinberg y linkage disequilibrium, caracterización y estructura de poblaciones, estimación de ligamiento, y probabilidades de parentesco. Comparaciones de casos, test de TDT, análisis de haploides.

Módulo II: Mapeo de características cuantitativas.

Construcción de mapas de ligamiento genómico, análisis de marcadores simples a través de métodos de regresión múltiple, parcial, de intervalo y métodos compuestos. Niveles de significancia. Uso de software QTL-CARTORGRAPHER.

8.5. EQUIPO DOCENTE: Universidad de Carolina del Norte.

Dr. Bruce Weir, William Neal Reynolds Professor of Statistics and Genetics. Director of Bioinformatics Research Center (BRC).

Area de Investigación: Métodos estadísticos para la interpretación de datos genéticos, medidas de estructura de poblaciones y asociación y efectos de procesos evolutivos. Efecto de la estructura de las poblaciones y su asociación con métodos para la ubicación de genes que afectan la salud humana, determinaciones forensicas, procedimientos estadísticos para mapeo de genes asociados con características cuantitativas.

Dr. Dahlia Nielsen. Research Assistant Professor, Statistics.

Area de Investigación: Desarrollo de técnicas para mapeo genético en poblaciones humanas, uso de la historia poblacional para ubicar genes involucrados en enfermedades hereditarias.



9. RESULTADOS E IMPACTOS ESPERADOS

1. Profesionales entrenados en análisis de datos relacionados con Genética de poblaciones y mapeo genético de QTLs.
2. Conocimiento y manejo de softwares especializados.
3. Mejoramiento en la capacidad de análisis de datos generados en los proyectos.
4. Ampliación de la red de contactos y futuros proyectos colaborativos.
5. Posibilidades de pasantías y/o preparación de nuevos módulos en manejo estadístico de datos genéticos moleculares. Ejemplo, Filogenia molecular, genómica funcional, entre otros.

10.- EQUIPO DOCENTE (Adjuntar *curriculum vitae* en Anexo 4)

NOMBRE	RUT	FONO y e-mail	DIRECCIÓN POSTAL	REGIÓN (Ciudad y país si corresponde)	LUGAR DE TRABAJO	ACTIVIDAD PRINCIPAL	FIRMA
1. Bruce Weir		weir@stat.ncsu.edu	Bioinformatics Research Center (BRC), NC State University Campus Box 7566 Raleigh NC 27695-7566	Raleigh, EE.UU.	Bioinformatic Research Center (BRC), U. Carolina del Norte	Dirección de Investigación, Docencia	
2. Nielsen, Dahlia M		dahlia@statgen.ncsu.edu	Bioinformatics Research Center (BRC), NC State University Campus Box 7566 Raleigh NC 27695-7566	Raleigh, EE.UU..	Bioinformatic Research Center (BRC), U. Carolina del Norte	Investigación, docencia	
3. Christopher Basten		basten@stagen.ncsu.edu	Bioinformatics Research Center (BRC), NC State University Campus Box 7566 Raleigh NC 27695-7566	Raleigh, EE.UU..	Bioinformatic Research Center (BRC), U. Carolina del Norte	Investigación, docencia	
4. Zeng Zhao-Bang		zeng@statgen.ncsu.edu	Bioinformatics Research Center (BRC), NC State University Campus Box 7566 Raleigh NC 27695-7566	Raleigh, EE.UU.	Bioinformatic Research Center (BRC), U. Carolina del Norte	Investigación, docencia	



PAUTA DE CURRICULUM VITAE RESUMIDO

ANTECEDENTES PERSONALES

Nombre completo	VIVIANA L. BECERRA VELÁSQUEZ
RUT	
Fecha y Lugar de Nacimiento	09/04/1955. San Carlos.
Nacionalidad	Chilena
Dirección particular	Villa El bosque. Los maños 631. Chillán
Fono particular	42-275356
Fax particular	
Dirección comercial	Avda. Vicente Méndez 515. Chillán
Fono comercial	42-209716
Fax comercial	42-209720

ESTUDIOS

Educación básica	Chillán
Educación media	Chillán
Educación Técnica	
Educación profesional	Universidad de Concepción. Sede Chillán
Estudios de post grado	Universidad de California, Davis.



Completar ambas secciones o sólo una de ellas, según corresponda

EXPERIENCIA PROFESIONAL Y/O COMERCIAL	
Nombre y RUT de la Institución o Empresa a la que pertenece	Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación Quilamapu.
Cargo y Antigüedad	Jefe técnico- Transferencia tecnológica. CORPRIDE Chillán. 1985-1989. Docente Facultad de Agronomía. Universidad Adventista. Cátedra Genética General y Mejoramiento de Plantas. 1994-2001 Investigadora Biotecnología- 1998- a la fecha.
Resumen de las labores y responsabilidades a su cargo	Coordinación, preparación, presentación de proyectos interinstitucionales e interdisciplinarios. Desarrollo de proyectos de Investigación-desarrollo. Difusión de resultados de los proyectos de Investigación-desarrollo.
Otros antecedentes de interés	Adjunto

ANTECEDENTES ACADEMICOS Y ESTUDIOS SUPERIORES

Ingeniero Agrónomo. Facultad de Agronomía, Universidad de Concepción, Chillán, Chile.

Master of Science. Genetics and Plant Breeding; Agronomy and Range Sciences, University of California, Davis, U.S.A.

EXPERIENCIA PROFESIONAL AREA DE BIOTECNOLOGIA

Investigador Postgraduado; Universidad de California (1990-1993)

Docente Facultad de Agronomía; Universidad Adventista de Chile (1994-1998 julio)

Investigadora de Biotecnología; INIA CRI Quilamapu (1998 agosto--- a la fecha)

Docente Part-time; UNACH Genética y Mejoramiento de Plantas (1998-2001)

PERFECCIONAMIENTO EN GENETICA VEGETAL MOLECULAR

1. Gene manipulation for agricultural production. Agencia de Cooperación Internacional del Japón (JICA). University of Osaka Prefecture, Osaka, Japón. 1995.
2. Biotecnología para la conservación de la Agrobiodiversidad. Organización de los Estados Americanos (OEA). CIAT, Cali, Colombia. 1995.
3. Marcadores moleculares: Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP). CIAT, Cali, Colombia. 1995.
4. Marcadores moleculares en mejoramiento genético y organización de germoplasma: Nociones generales y manejo de datos. CRI Carillanca (INIA), Temuco, Chile. 1996.
5. Crioconservación de plantas. Centro Nacional de Investigaciones Científicas (CNIC). La Habana, Cuba. 1998.
6. Transgenia. Programa de Doctorado. Universidad Politécnica de Madrid y Universidad de Chile. 1998.
7. Fitopatología Molecular. Programa de Doctorado. Universidad Politécnica de Madrid y Universidad de Chile. 1998.
8. Virología Molecular. Programa de Doctorado. Universidad Politécnica de Madrid y Universidad de Chile. 1999.
9. Marcadores Moleculares en Genética Vegetal. EMBRAPA-CENARGEN. Brasilia, Brasil. 1999.
10. ADN arqueológico. Molecular Systematic Lab. Support Center. Smithsonian Institution. Washington D.C., U.S.A. 2000.
11. Population Genetics. North Caroline State University. 2003.
12. Molecular Phylogenetics. North Caroline State University. 2003.

PUBLICACIONES BIOTECNOLOGÍA

- Becerra- Velásquez, V.**, Gepts, P. 1994. RFLP diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in its centres of origin. **Genome** 37:256-263.
- Becerra, V.** ; Paredes, M.; González, C.; Lavín, A. 2001. Caracterización molecular de 62 posibles progenitores de *Fragaria chiloensis* (L.) Duch para un programa de mejoramiento. **Agro Ciencia** 17:145-152.
- Becerra, V.**, Paredes, M. 1999. Ingeniería Genética: producción de plantas transgénicas. **Bioleche- INIA Quilamapu** 12 (3):30-32.
- Becerra, V.**; Paredes, M. 2000. Marcadores bioquímicos y moleculares en estudios de diversidad genética. **Agric. Técnica** 60: 270-281.
- Becerra, V.**; Paredes, M.; Larrondo, C. 2000. Estudio metodológico para determinar diversidad genética en castaño (*Castanea sativa* Mill.) a través de RAPD. **Agro Ciencia** 16: 4-11
- Becerra, V.**; Paredes, M.; Romero, A.; Lavín, L. 2001. Diversidad bioquímica, molecular y morfológica en frutillas chilenas (*Fragaria chiloensis*) y sus implicancias en el mejoramiento genético de la especie. **Agric. Técnica** 61:413-428
- Becerra-Velásquez V.**; Gepts, P. 1994. Characterization of the genetic diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using RFLP markers. In: W.M Rocca, J.E. Mayer, M.A.



- Corrales, J. Thome (eds). **Proc. Phaseolus Beans Advanced Biotechnology Research Network (BARN)**. CIAT, Cali, Colombia. pp.53-59.
- Bliss, F.; Arulsekhar, S.; Foolad, M.R.; **Becerra, V.**; Warburton, M.; Dandekar, A.M.; Kocsisne, G.M.; Mydin, K.K. 2002. An expanded genetic linkage map of *Prunus* based on an interspecific cross between almond and peach. **Genome** 45: 520-529.
- Foolad, M.R.; Arulsekhar, S.; **Becerra, V.**; Bliss, F.A. 1995. A genetic map of *Prunus* based on an interspecific cross between peach and almond. **Theor. Appl. Genet.** 91: 262-269.
- Gepts, P.; Singh, S.; **Becerra-Velásquez, V.**; Koinange, E.M.K.; Sonnante, G.; Stockton, T. 1994. The genetic domestication in common bean. In: W.M. Rocca, J.E. Mayer, M.A. Pastor Corrales, J. Thome (eds). **Proc. Phaseolus Beans Advanced Biotechnology Research Network (BARN)**. CIAT, Cali, Colombia. pp.23-35.
- Kami, J; **Becerra, V.**; Debouck, D.; Gepts, P. 1995. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. **Proc. Natl. Acad. Sci., U.S.A.** 92:1101-1104.
- Paredes M.; **Becerra, V.**; Rojo, C.; del Pozo, A.; Ovalle, C.; Aronson, J. 2002. Ecotypic differentiation in *Medicago polymorpha* L. along an environmental gradient in central Chile. IV. RAPD study shows little genetic variation. **Euphytica** 123: 431-439.
- Paredes, M.; **Becerra, V.**; Mera, M.; Hinrichsen.1999. Marcadores moleculares en el mejoramiento de plantas. **Tierra Adentro** 25:26-28.
- Paredes, M.; **Becerra, V.**; Correa, P.; del Pozo, A. 2000. Relaciones enzimáticas entre especies de *Medicago*. **Rev. Chilena de Historia Natural** 73: 479-488.
- Rodríguez, M., Paredes, M., **Becerra, V.** 1999. Diversidad isoenzimática del germoplasma de lentejas (*Lens culinaris* Medic) naturalizada en Chile. **Agric. Técnica** 59: 186-195.
- Vera, C., Paredes, M., **Becerra V.** 1999. Estudio comparativo de diversidad morfológica, isoenzimática y RAPDs dentro y entre clases comerciales de frejol chileno (*Phaseolus vulgaris* L.). **Agric. Técnica** 59: 247-259.
- Warburton, M.; **Becerra-Velásquez, V.**; Goffreda, J.C.; Bliss, F.A. 1996. Utility of RAPD markers in identifying genetic linkages to genes of economic interest in peach. **Theor. Appl. Genet.** 93 :920-925.
- Becerra, V.**; Paredes, M.; Araya, S.; Debouck, D. Diversidad de ADN de cloroplasto y mitocondria en *Phaseolus vulgaris* L. y su relación al poroto común chileno, mediante PCR-RFLP. **Agric. Técnica**. En revisión
- Becerra, V.**; Paredes, M.; Debouck, D.; Bustamante, J.C. 2001. Origen del frejol chileno (*Phaseolus vulgaris* L.): III. Análisis de marcadores de AFLP. **Agric. Técnica** En revisión
- Paredes, M.; **Becerra V.**; Debouck, D.; Flores, F.; Valenzuela, A. 2001. Origen del frejol chileno: II. Antecedentes agronómicos. **Agric. Técnica**. En revisión
- Paredes, M.; **Becerra V.**; Debouck, D. 2001. Origen del frejol chileno: I. Antecedentes históricos y arqueológicos. **Agric. Técnica**. En revisión

CAPÍTULO DE LIBRO.



comercial. Ricardo Madariaga; Viviana Becerra; Mario Mellado. **FONDECYT N°1010499**. 2001-2004.

Estudio genético-molecular de hongos entomopatógenos chilenos y seguimiento de su actividad biológica en el suelo como agentes biocontroladores de plagas del suelo de importancia económica. Viviana Becerra V., Andrés France I., Mario Paredes C.; Macarena Gerding G. Ing. Agr. Entomología. **FONDECYT** 2003-2005.

FORESTALES.

Estudio de la variabilidad genética de *Orgilus obscurator* Ness en Chile. Ernesto Cisterna; Mario Paredes; Marcos Gerding; Viviana Becerra. **CPF-CONAF-INIA**. 1997.

Micropropagación y caracterización genética de selecciones de *Eucalyptus nitens* (Maiden). Mario Paredes; Viviana Becerra; Rodrigo Avilés; Maritza Tapia; Pilar Videla. **FDI-Empresas Forestales Mininco, Angol y Simpson-INIA**. 1998-2000.

Evaluación de la factibilidad del uso de la técnica de inmersión temporal en bioreactores para mejorar la eficiencia de la micropropagación en especies anuales, frutales y vides. Mario Paredes; Viviana Becerra; Rodrigo Avilés (INIA); Marcela Zúñiga (Hortifrut). **INIA-Hortifrut-FIA**. 2002-2004.

Caracterización genética de poblaciones de *Nothofagus obliqua* (Mirb. Et Oerst.) y *N. alpina* (Poepp. Et Endl.) Oerst (= *N. nervosa* (Phil.) Dim. Et al Mill.) mediante marcadores moleculares e isoenzimáticos. Mario Paredes; Viviana Becerra; Rodrigo Avilés (INIA, Chile); Leonardo Gallo; Paula Marchelli; (INTA, Argentina, univ. Nacional del Comahue, Argentina); Jorge Urrutia (CEFOR, Valdivia); Gustavo Moreno (CONAF, Chile); María P. Molina; Braulio Gutiérrez (INFOR, Chile); Roberto Ipinza; Verónica Emhart (PROGENESIS). Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria (**FONTAGRO**), Banco Interamericano de Desarrollo (BID). 2000-2002.

Contrato INFOR: Análisis molecular de procedencias nacionales de *Robinia pseudoacacia*. Parte del Proyecto **INFOR_FDI "Robinia: nueva alternativa de producción forestal para la zona central"**. Hugo Campos (INIA, CRI Carillanca); Mario Paredes; Viviana Becerra (INIA, CRI Quilamapu). 1999.

Desarrollo e implementación de herramientas moleculares para la caracterización de material genético forestal. **INIA-BIOFOREST-CMGF-FDI**. Mario Paredes; Viviana Becerra; R. Avilés (INIA); Claudio Balocchi; Jaime Zapata (BIOFOREST); Fernando Droppelmann (CMGF). 2001-2004.

Silvicultura clonal en rauli para aumentar la productividad de sitios forestales en la IX y X regiones del país. Ana M. Sabja; Roberto Ipinza. CEFOR-U. Austral de Chile; Viviana Becerra;



- Romero, A. 2000. Caracterización genética de frutillas (*Fragaria chiloensis* Deuch) a través de marcadores enzimáticos y moleculares Tesis Ingeniero Agrónomo, Facultad de Agronomía, Universidad Adventista de Chile.
- Venegas, V. 2002. Criopreservación de *Fragaria chiloensis* L. Duch, mediante encapsulación-vitrificación. Tesis Ingeniero Agrónomo, Facultad de Agronomía, Universidad Adventista de Chile. 34p.
- Vera, C. 1998. Relaciones genéticas entre genotipos de frejol chileno (*Phaseolus vulgaris* L) basadas en isoenzimas y RAPD. Tesis Ingeniero Agrónomo, Facultad de Agronomía, Universidad Adventista de Chile.



ANEXO 2

ANTECEDENTES DE LA INSTITUCION QUE REALIZA LA ACTIVIDAD

CURRICULUM VITAE

I. Nombre : INSTITUTO DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS

Razón Social : INIA

RUT :

Dirección : Instituto de Investigaciones Agropecuarias - INIA
Fidel Oteiza 1956 Pisos 11 y 12 Providencia.
Santiago, Chile.

Casilla : 16007 Correo 9 Santiago Chile

Teléfono : (56) (2) 2252118

Fax : (56) (2) 2258773

II. POLITICAS DEL INIA

El INIA fue creado como una institución destinada a realizar investigación agropecuaria, llegando a ser la principal institución en la materia. Posteriormente inició programas de transferencia de tecnología hacia los productores agrícolas y de preparación y ejecución de proyectos de desarrollo científico y agrícola. En la actualidad, sin perjuicio de las actividades de investigación básica y aplicada, el INIA, por medio de una adecuación interna y de la adopción de nuevos conceptos, ha creado una nueva rama de actividades denominada "Agronegocios y Consultorías" con el propósito de canalizar la transferencia tecnológica y la prestación de servicios profesionales y técnicos del Instituto. El propósito central de esta iniciativa es lograr que los resultados de los programas de investigación fluyan eficazmente hacia los sectores productivos agropecuarios y agroindustriales, así como hacia las instituciones públicas y privadas de financiamiento y, en general, agencias relacionadas con el agro y su desarrollo.

III. LA ADMINISTRACION DEL INIA

La administración central está integrada por un Consejo, cuyo presidente es el Ministro de Agricultura. El Director Nacional es el Sr. Francisco González del Río.

Bajo la autoridades anterior existen las Subdirecciones Nacionales de Investigación y Desarrollo y de Administración y Finanzas. Todas estas unidades se proyectan sobre los Centros Regionales de Investigación.

IV. LOS RECURSOS DEL INIA

El INIA cuenta con un equipo de 240 científicos y profesionales de los cuales el 50% tiene estudios de postgrado (Ph.D. y M.Sc.) en el extranjero. Posee 10 centros regionales de Investigación (CRI) y 9 Campos Experimentales en 11 de las 13 regiones del país. Cuenta con 45 laboratorios al servicio de los programas de investigación y de los usuarios externos, una moderna estación cuarentenaria y un banco base y tres bancos activos de germoplasma con capacidad de almacenamiento de 240.000 muestras.

V. CENTROS DE INVESTIGACION DEL INIA

Los centros regionales de Investigación /Desarrollo (CRI) son los siguientes :

<u>Nombre del CRI</u>	<u>Ubicación</u>	<u>Regiones de Influencia</u>
"Intihuasi"	La Serena	IV
"V Región"	V	V
"La Platina"	Santiago	Metrop.
"Rayentué"	VI	VI
"Raihuén"	Villa Alegre	VII
"Quilamapu"	Chillan	VII
"Carillanca"	Temuco	IX
"Remehue"	Osorno	X
"Tamel Aike"	Coyhaique	XI
"Kampenaiké"	Magallanes	XII

Integrando las actividades y el área de influencia de los CRI existen diversas dependencias como Subestaciones Experimentales y Predios Productivos.

VI. AREAS EN LAS QUE INIA REALIZA ACTIVIDADES Y SERVICIOS DE INVESTIGACION , TRANSFERENCIA DE TECNOLOGIA, CONSULTORIAS Y AGRONEGOCIOS.

Area Técnico Productiva.

- 1.- Mejoramiento genético de plantas y animales con liderazgo de producción de nuevas variedades y razas.
- 2.- Biotecnología e ingeniería genética en plantas y animales.
- 3.- Protección del medio ambiente a través de :

- Disminución de uso de pesticidas.
- Control biológico de plagas.
- Control integrado de plagas.
- Métodos de conservación de los recursos de suelo y agua.

4.- Aumento de la Productividad y Calidad :

- Mejoramiento genético para la producción competitiva.
- Control de malezas, enfermedades y plagas.

5.- Fertilidad en áreas esenciales para sistemas de producción sustentables :

- Fertilidad de suelos.
- Manejo de cultivos.
- Manejo de sistemas agrosilvopastorales.

6.- Sistema de Producción ganadera :

- Bovinos de carne y de leche.
- Ovinos de carne y de lana.
- Caprinos.
- Camélidos.

7.- Desarrollo de la hortofruticultura y viticultura :

- Nuevas alternativas productivas y su manejo.
- Cultivos Protegidos.

8.- Usos de mantenimiento y de recursos genéticos

9.- Riego : Sistemas de validación y de tecnificación del riego.

10.- Pequeña Agricultura :

- Proyectos de modernización o reconversión.
- Análisis de gestión de sistemas productivos.
- Paquetes tecnológicos productivos.

Area Agroeconómica

1.- Identificación, formulación, evaluación ex-ante, ejecución y supervisión de proyectos de desarrollo silvoagropecuario y agroindustriales.

2.- Gestión empresarial en actividades agropecuarias y agroindustriales.

3.- Seguimiento y evaluación de proyectos.

Area de Agronegocios y Productos

1.- Venta de :

- Semilla certificadas y/o corrientes de trigo cebada, arroz, habas, maíz, variedades "INIA".
- Semilla certificadas de papas, variedades INIA.
- Semilla botánica (TPS) de papas y asistencia técnica para su manejo.
- Material genético para ganadería caprina, ovina y de camélidos.
- Reproductores y semen de bovinos y ovinos.
- Plantas de frutales.

2.- Servicio de :

- Laboratorios para una gran cantidad de materias
- Control biológico e integrado de plagas.

VII. NOMINA DE ALGUNAS EMPRESAS, INSTITUCIONES Y SECTORES ATENDIDOS

- Agricultores Individuales y grupos de transferencia tecnológica en las regiones IV a XII
- Universidades en las regiones Metropolitana, VII, VIII, IX,X.
- Fondos Nacionales de Desarrollo Regional
- FONTEC-CORFO
- Soquimich
- Comisión Nacional de Riego
- Prochile
- Empresa de semillas PIONEER
- Universidad Católica
- FIA, MINAGRI
- FDI-CORFO
- FONDEF
- FONDECYT
- PRODECOP-SECANO

ALGUNOS EJEMPLOS DE PROYECTOS CONTRATADOS Y/O EN EJECUCION POR EL INIA

El listado que se presenta a continuación incluye algunos ejemplos de los proyectos en ejecución o contratados por el INIA. Se indica el título del proyecto, el Centro Regional de Investigación (CRI) de INIA responsable del proyecto, su área de influencia(región), la identificación del agente contratante o ejecutor, los beneficiarios y la fuente de financiamiento.

CRI "INTIHUASI IV REGION

- Manejo de poda y carga frutal para adelantar madurez en vides pisqueras, Agente contratante y beneficiario : Cooperativa Pisquera. Financiamiento : Coop. Pisquera.
- Validación de Tecnologías de riego en el Valle de Huasco.
Agente contratante y Financiero : Comisión Nacional de Riego(CNR)
Beneficiarios : Agricultores.

CRI "LA PLATINA" Regiones V , Metropolitana y VI.

- Determinación de enfermedades Virosas en Frutales y Vides, Agente Contratante y Financiero : FIA (Fondo de Investigaciones Agropecuarias. Minagri), Beneficiarios : Fruticultores.
- Mejoramiento y diversificación de la Producción y Mercados de Cebollas de exportación . Agente contratante PROCHILE-ODEPA, Beneficiario : agricultores, Financiamiento : PROCHILE
- Convenio Fitopatología de Frutales , Contratantes beneficiarios y financiamiento : Empresas privadas.
- Sistema de Validación y Transferencia de Tecnología de Riego en sistemas productivos de Riego y de actividades de apoyo Tecnológico en el área del proyecto Reparación del Embalse Convento Viejo , Agente Contratante y Financiamiento : PROMM, ODEPA, Beneficiarios : Agricultores

CRI" QUILAMAPU" Regiones VII y VIII.

- Producción de forraje de Alta Calidad y Bajo Costo para producción intensiva en el Valle Regado. Ejecutor, contratante y financiamiento : INIA, beneficiarios : agricultores.
- Explotación de potencial Hortícola de la Provincia de Arauco, Ejecutor INIA, beneficiario : agricultores, Financiamiento : FNDR

CRI"KAMPENAIKE" , XII Región.

- Sistema intensivo de producción Bovina y Ovina , Agente contratante y Ejecutor : INIA, beneficiarios : ganaderos , Financiamiento : FONTEC.
- Explotación y Evaluación de Ventajas comparativas de Magallanes para producir hortalizas, Ejecutor : INIA, beneficiarios : agricultores, Financiamiento : FIA.
- Determinación de normas Agronómicas para la producción de Zarzaparrilla y Grosellas, con fines de exportación. Ejecutor :INIA , Beneficiarios : Agricultores, Financiamiento : FONTEC.
- Investigación en praderas mejoradas. Ejecutor : INIA, Beneficiarios : ganaderos, Financiamiento : INIA.



ANEXO 3 CONTENIDOS DE LA ACTIVIDAD

Los contenidos de los módulos serán enviados por el Dr. Bruce Weir, Director del BRC, para su duplicación y entrega a los profesionales asistentes.

BIOGRAPHICAL SKETCH

Provide the following information for the key personnel in the order listed for Form Page 2.
Follow the sample format for each person. **DO NOT EXCEED FOUR PAGES.**

NAME Bruce S. Weir	POSITION TITLE William Neal Reynolds Professor of Statistics and Genetics		
EDUCATION/TRAINING (Begin with baccalaureate or other initial professional education, such as nursing, and include postdoctoral training.)			
INSTITUTION AND LOCATION	DEGREE (if applicable)	YEAR(s)	FIELD OF STUDY
University of Canterbury, New Zealand	BSc(HONS)	1965	Mathematics
North Carolina State University	PhD	1968	Statistics, Genetics
University of California at Davis	Postdoc	1969	Genetics

Employment

1970-76: Department of Mathematics, Massey University, New Zealand
Senior Lecturer 1970-75, Reader 1976
1976- : Department of Statistics, North Carolina State University
Associate Professor 1976-81, Professor 1981-92, WNR Professor 1992-
Director, Bioinformatics Research Center, 2000-

Honors

1983 Guggenheim Fellowship (supported sabbatical at University of Edinburgh)
1990 USDA Superior Service Award for Scientific Research (Group Award)
1997 Fellow, American Association for the Advancement of Science
1998 Honorary Fellow, Royal Society of New Zealand
1999 Fellow, American Statistical Association

Experience

1990- Associate Editor, Journal of Heredity
1993- Editor, Theoretical Population Biology
1998- Associate Editor, Genetical Research
2000- Associate Editor, Genetic Epidemiology
2001- Member, NIH Genome Study Section
2002- Treasurer, Genetics Society of America

Recent Publications (From 7 books, 145 papers, 26 commentaries)

Weir, B.S. 2000. A statistician looks for human disease genes. Pp. 19–34 in J.P. Gustafson (editor)
"Genomes: 22nd Stadler Genetics Symposium," Plenum Press, New York.

Weir, B.S. 2000. What is the structure of human populations? Evolutionary Biology 32: 195--202.

- nam, J., J. Curran and B.S. Weir. 2000. Conditional genotypic probabilities for microsatellite loci. *Genetics* 155:1973--1980.
- man, Z., Afroze, T. and B.S. Weir. 2001. DNA typing results from two urban sub-populations of Pakistan. *Journal of Forensic Sciences* 46:111--115.
- dy, S.W., B.S. Weir, N.L. Kaplan and E.R. Martin. 2001. Analysis of SNPs in candidate genes using the pedigree disequilibrium test. *Genetic Epidemiology* 21:S441--S446.
- ika, W.A., B.S. Weir, S.R. Edwards, R.W. Thompson, D.M. Nielsen, J.C. Brocklebank, C. Zinkus, R. Martin and K.E. Hobler. 2001. Applying data mining techniques to the mapping of complex disease genes. *Genetic Epidemiology* 21:S435--S440.
- iang, S-P. and B.S. Weir. 2001. Estimating the total number of alleles using a sample coverage method. *Genetics* 159:1365--1373.
- Luca M., G. Rose, M. Bonafe, S. Garasto, V. Greco V., B.S. Weir, C. Franceschi and G. De Benedictis. 2001. Sex-specific longevity associations defined by Tyrosine Hydroxylase-Insulin-Insulin growth factor 2 on the 11p15.5 chromosomal region. *Experimental Gerontology* 36:1663--1671.
- nielsen, D.M. and B.S. Weir. 2001. Association studies for general disease models. *Theoretical Population Biology* 60:253--263.
- aykin, B.S., L.A. Zhivotovsky, P.H. Westfall and B.S. Weir. 2002. Truncated product method for combining p-values. *Genetic Epidemiology* 22:170--185.
- ihu, T-M., B.S. Weir and R. Wolfinger. 2002. A systematic statistical linear modeling approach to oligonucleotide array experiments. *Mathematical Biosciences* 176:35--51.
- Curran, J.M., J.S. Buckleton, C.M. Triggs and B.S. Weir. 2002. Assessing uncertainty in DNA evidence caused by sampling effects. *Science and Justice* 42:29--37.
- Weir, B.S. and W.G. Hill. 2002. Estimating F-statistics. *Annual Review of Genetics* 36:721--750.
- Spruill, S., S. Hardy, B.S. Weir and Jun Lu. 2002. Assessing sources of variability in microarray gene expression data. *BioTechniques* 33:916--923.
- Weir, B.S. 2002. Bioinformatics and approaches to identifying polygenic susceptibility traits. *Ann Periodontol* 7:1-7.
- Law, B., J.S. Buckleton, C.M. Triggs and B.S. Weir. 2003. Effects of population structure and admixture on exact tests for association between loci. *Genetics* 164:381-387.
- Laurie, C. and B.S. Weir. 2003. Dependency effects in multi-locus match probabilities. *Theoretical Population Biology* 63: 207-219.
- Brenner, C.H. and B.S. Weir. 2003. Issues and strategies in the DNA identification of World Trade Center victims. *Theoretical Population Biology* 63: 63:173-178.

Principal Investigator/Program Director (Last, first, middle): Weir, Bruce S.

_____, B.S. 1983. (Editor) Statistical Analysis of DNA Sequence Data.
_____, New York

_____, B.S., E.J. Eisen, M.M. Goodman and G. Namkoong (Editors). 1988.
_____. Proceedings of the Second International Conference on Quantitative
_____. Genetics. Sinauer, Sunderland, MA.

_____, A.H.D., M.T. Clegg, A.L. Kahler and B.S. Weir (Editors). 1989.
_____. Quantitative Population Genetics, Breeding and Genetic Resources. Sinauer, Sunderland, MA

_____, B.S. 1990. Genetic Data Analysis. Sinauer, Sunderland, MA.
_____. Russian edition published by Mir, Moscow, 1995;
_____. Chinese edition published by Publishing House of Agricultural Science, Beijing, 1996).

_____, B.S. 1995. (Editor). Human Identification: The Use of DNA Markers.
_____. Kluwer, Amsterdam.

_____, B.S. 1996. Genetic Data Analysis II. Sinauer, Sunderland, MA.

_____, I.W. and B.S. Weir. 1998. Interpreting DNA Evidence.
_____. Sinauer, Sunderland, MA.

BIOGRAPHICAL SKETCH

Provide the following information for the key personnel in the order listed for Form Page 2.
Follow the sample format for each person. **DO NOT EXCEED FOUR PAGES.**

topher J. Basten		POSITION TITLE	
		Research Associate Statistician	
EDUCATION/TRAINING (Begin with baccalaureate or other initial professional education, such as nursing, and include postdoctoral training.)			
INSTITUTION AND LOCATION	DEGREE (if applicable)	YEAR(s)	FIELD OF STUDY
University of Wisconsin, Madison	B.S.	1983	Mathematics
Michigan State University	Ph.D.	1988	Genetics and Cell Biology

EDUCATION AND EMPLOYMENT

- 1990 Postdoctoral Research Assistant, North Carolina State University
- 1991 Visiting Researcher, National Institute of Genetics, Mishima Japan
- 1993 Postdoctoral Research Assistant, University of Georgia
- 1997 Research Assistant Statistician, North Carolina State University
- Research Associate Statistician, North Carolina State University

PROFESSIONAL EXPERIENCE AND PROFESSIONAL MEMBERSHIPS

- 3- Member, Genetics Society of America
- 1-1999 Member, Japanese Genetics Society
- 7- Member, Sigma Xi

SELECTED PEER-REVIEWED PUBLICATIONS (IN CHRONOLOGICAL ORDER)

- Moody, M. E. and C. J. Basten, 1990. The evolution of latent genes in subdivided populations. *Genetics* 124:187-197.
- Basten, C. J. and B. S. Weir, 1990. Effect of gene conversion on variances of digenic identity measures. *Theoret. Pop. Biol.* 38:125-148.
- Weir, B. S. and C. J. Basten, 1990. Sampling strategies for distances between DNA sequences. *Biometrics* 46:551-582.
- Basten, C. J. and M. E. Moody, 1991. A branching process model for the evolution of transposons incorporating selection. *J. Math. Biol.* 29:743-761.
- Basten, C. J. and T. Ohta, 1992. Simulation study of a multigene family, with special reference to the evolution of compensatory advantageous mutations. *Genetics* 132:247-252.
- Ohta, T. and C.J. Basten, 1992. Gene conversion generates hypervariability at the variable regions of kallikreins and their inhibitors. *Mol. Phyl. Evol.* 1:87-90.
- Basten, C. J. and B. S. Weir, 1993. Effect of gene conversion on measures of digenic disequilibrium IN N. Takahata, editor, *Proceedings of the 17th Taniguchi Symposium on Population Paleogenetics*. Japan Scientific Societies Press, Tokyo.
- Basten, C.J. and M. A. Asmussen, 1993. A theoretical framework for estimating mitotic stability in conidial fungi. *Genetics* 134:361-368.
- J. Basten, B. S. Weir and Z.-B. Zeng, 1994. Zmap--a QTL cartographer IN C. Smith, J. S. Gavora, B. Benkel, J. Chesnais, W. Fairfull, J. P. Gibson, B. W. Kennedy and E. B. Burnside, editors, *Proceedings of the 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production: Computing Strategies and*

- Software. Organizing Committee, 5th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production, Guelph, Ontario, Canada.
- sen, M. A. and C. J. Basten, 1994. Sampling theory for cytonuclear disequilibria. *Genetics* 138:1351-1363.
- sen, M. A. and C. J. Basten, 1996. Constraints and normalized measures for cytonuclear disequilibria. *Heredity*, 76:207-214.
- . W., C. J. Basten and M. A. Asmussen, 1996. Cytonuclear genetic structure of a hybrid zone in lizards of the *Sceloporus grammicus* complex (Sauria, Phrynosomatidae). *Mol. Ecol.* 5:379-392.
- s, T. M., C. J. Basten and W. A. Anderson, 1996. Mitochondrial gene divergence of Colombian *Drosophila pseudoobscura*. *Mol. Biol. Evol.*, 13:1266-1275.
- t, C. J. and M. A. Asmussen, 1997. The exact test for cytonuclear disequilibria. *Genetics* 146:1165-1171.
- s, T. M., C. J. Basten, R. Dean, S. E. Mitchell, S. Kresovich and B. T. Forschler, 1999. Matriarchal genetic structure of subterranean termite (Isoptera: Rhinotermitidae) populations. *Sociobiology* 32:239-263.
- ey, C. S., C. J. Basten, B. Budowle, B. A. Giles, S. Ermlick and S. Gotwald, 1999. Use of combined frequencies for RFLP and PCR based loci in determining match probability. *J. Forens. Sci.* 44:385-388.
- ns, T.M., C. J. Basten, S. Kresovich and B. T. Forschler, 1999. Mitochondrial gene sequence questions *Reticulitermes* sp. social structure (Isoptera: Rhinotermitidae). *Sociobiology*, 34:161-172.
- , Z.-B., C.-H. Kao and C. J. Basten, 1999. Estimating the genetic architecture of quantitative traits. *Genetical Research*, 74:279-290.
- leton, J. S., J. M. Curran and C. J. Basten, 1999. Evaluating the statistical significance of single band profiles in VNTR analyses. *Science and Justice*, 40: 27-33.
- ns, T.M., M. I. Haverty, C. J. Basten and B. T. Forschler, 2000. Correlation of mitochondrial haplotypes with cuticular hydrocarbon phenotypes of sympatric *Reticulitermes* species from the southeastern United States. *J. Chem. Ecol.*, 26:1525-1542.
- en, C.J., 2000. Review of Genetics and the Analysis of Quantitative Traits by M. Lynch and B. Walsh. *Theoret. Pop. Biol.* 57:307.
- h, B.L., C. J. Basten and E. S. Buckler IV, 2002. Quantitative trait loci analysis of growth response to varying nitrogen sources in *Arabidopsis thaliana*. *Theor. Appl. Genet.* 104:743-750.

RESEARCH SUPPORT

COMPLETED

an Society for the Promotion of Science Fellowship, Jan-Dec, 1991 to work with Tomoko Ohta at the National Institute of Genetics, Mishima, Japan.

BIOGRAPHICAL SKETCH

Provide the following information for the key personnel in the order listed for Form Page 2.
Follow the sample format for each person. **DO NOT EXCEED FOUR PAGES.**

NAME Nielsen, Dahlia M.	POSITION TITLE Research Assistant Professor		
EDUCATION/TRAINING (Begin with baccalaureate or other initial professional education, such as nursing, and include postdoctoral training.)			
INSTITUTION AND LOCATION	DEGREE (if applicable)	YEAR(s)	FIELD OF STUDY
University of Utah, Salt Lake City	B.A.	1990	Political Science
University of Utah, Salt Lake City	B.S.	1992	Computer Science
North Carolina State University, Raleigh	M.Stat	1997	Statistics
North Carolina State University, Raleigh	Ph.D.	1999	Genetics

NOTE: The Biographical Sketch may not exceed four pages. Items A and B (together) may not exceed two of the four-page limit. Follow the formats and instructions on the attached sample.

- A. Positions and Honors.** List in chronological order previous positions, concluding with your present position. List any honors. Include present membership on any Federal Government public advisory committee.

02/1999 – 03/2000: Statistical Geneticist, Glaxo Wellcome Inc., Bioinformatics Dept.

Elected to *Sigma Xi*, Scientific Research Society, 1998

Elected to *Tau Beta Pi*, National Engineering Honor Society, 1993

- B. Selected peer-reviewed publications (in chronological order).** Do not include publications submitted or in preparation.

Nielsen, D.M. and Weir, B.S. (2002). Association Studies Under General Disease Models. *Theoretical Population Biology*, 60(3):253-263.

Nielsen, D.M. and Zaykin, D. (2001). Association mapping: where we've been, where we're going. *Expert Reviews in Molecular Diagnostics* 1(3):98-97.

Thomsberry, J.M., Goodman, M.M., Doebley, J., Kresovich, S., Nielsen, D., Buckler, E.S. (2001). *Dwarf8* Polymorphisms Associated with Variation in Flowering Time. *Nature Genetics* 28(3):286-289.

Nielsen, D.M. and Weir, B.S. (1999). A Classical Setting for Associations between Markers and Loci Affecting Quantitative Traits. *Genetical Research*, 74(3):271-277.

Nielsen, D.M., Ehm, M.G., Weir, B.S. (1998). Detecting Marker-Disease Association by Testing for Hardy-Weinberg Disequilibrium at a Marker Locus. *American Journal of Human Genetics*, 63:1531-1540.

Cockett, N.E., Jackson, S.P., Shay, T.L., Farnir, S., Berghman, G.D., Snowden, D.M., Nielsen, D.M., Georges, M. (1996). Polar Overdominance at the Ovine Callipyge Locus. *Science*, 273:236-238.

Georges, M., Nielsen, D., Mackinnon, M., Mishra, A., Okimoto, R., Pasquino, A.T., Sargeant, L., Sorensen, A., Steele, M.R., Zhao, X., Womack, J.E., Hoeschele, I. (1994). Mapping Quantitative Trait Loci Controlling Milk Production in Dairy Cattle by Exploiting Progeny Testing. *Genetics*, 139:907-920.

Research Support. List selected ongoing or completed (during the last three years) research projects (federal and non-federal support). Begin with the projects that are most relevant to the research proposed in this application. Briefly indicate the overall goals of the projects and your role (e.g. PI, Co-Investigator, Consultant) in the research project. Do not list award amounts or percent effort in projects.

NIH Grant GM 45344 (Weir, PI)

Investigation of statistical methods for association-based genetic mapping experiments in outbred populations.

R01 AG17566-02 (Schwinn, PI) 09/2001 - 08/2002

Pharmacology of Vascular Alpha1a-Adrenergic Receptors

Analysis of associations between Vascular Alpha1a-Adrenergic Receptor and Hypertension.

Consultant

Research Agreement, Discovery Machine Inc. 06/2002 - 12/2002

Subcontract to Phase-I NSF SBIR to Discovery Machine, Inc.

Development of automated tools for gene mapping experiments.

Consultant

Research Agreement, Cimarron Software Inc. (Weir, PI) 04/2000 - 06/2001

Development of automated tools for gene mapping experiments.

Co-investigator

BIOGRAPHICAL SKETCH

Provide the following information for the key personnel in the order listed for Form Page 2
Follow the sample format for each person. DO NOT EXCEED FOUR PAGES.

G, Zhao-Bang		POSITION TITLE	
		Professor	
EDUCATION/TRAINING (Begin with baccalaureate or other initial professional education, such as nursing, and include postdoctoral training.)			
INSTITUTION AND LOCATION	DEGREE (if applicable)	YEAR(s)	FIELD OF STUDY
Huazhong Agricultural University	B.Sc.	1981	Animal Science
University of Edinburgh	Ph.D.	1986	Quantitative Genetics
North Carolina State University	Postdoct.	1986-1990	Statistics

EMPLOYMENT

1983-1991	Assistant Lecturer, Department of Animal Science, Huazhong Agricultural University
1991-1994	Visiting Assistant Professor, Department of Statistics, North Carolina State University
1994-1999	Research Assistant Professor, Department of Statistics, North Carolina State University
1999-2001	Research Associate Professor, Department of Statistics, North Carolina State University
2001-present	Professor of Statistics and Genetics, North Carolina State University
2002-present	Acting Director, Bioinformatics Research Center, North Carolina State University

PROFESSIONAL EXPERIENCE

1994-2002	Associate Editor, <i>Genetics</i>
1995-2000	Associate Editor, <i>Theoretical Population Biology</i>
1995	Organizer of symposium on "Mapping Quantitative Trait Loci", <i>Annual Meeting of the Society for the Study of Evolution</i> , Montreal, Canada, July
1996-1997	NSF Computational Biology Activities Review Panel
1996, 1997	NIH/NHLBI Special Emphasis Review Panel
1998	Organizer of symposium on "Mapping and Characterizing Genes Affecting Quantitative Traits", <i>The XVIIIth International Congress of Genetics</i> , Beijing, China, August 10-15
1999	USDA/ARS Animal Genome and Genetical Mechanisms Review Panel
2000	NIH/NHGRI Genome Research Review Committee
2001	Vice Chairman, <i>International Symposium on Mapping and Identification of Genes for Complex Polygenic Traits and Diseases</i> , Changsha, Hunan, China, May 23-26
2001-present	Editorial Board, <i>Journal of Zhejiang University (Agriculture & Life Sciences)</i>
2002	NIH Genome Study Section, 2002 (Ad hoc in June)
2002-2006	NIH/NIGMS Biomedical Research and Research Training (Subcommittee B), 2002-2006
2002-2005	Representative of the Eastern and Western North American Regions of the International Biometric Society (ENAR/WNAR) to Section G: Biological Sciences of the American Association for the Advancement of Science (AAAS)

SCHOLARSHIPS, HONORS AND AWARDS

1987	Overseas Research Student Award, British Government
1993	Phi Kappa Phi Faculty Membership
1993	Sigma Xi membership
2001	D. D Mason Faculty Award

RECENT PUBLICATIONS (PAST 4 YEARS)

- I, Zeng ZB, Teasdale RD. 1999. Multiple interval mapping for quantitative trait loci. *Genetics* **152**(3):1203-16.
- K, Eisman R, Morey L, Patty A, Sparks J, Tausek M, Zeng ZB. 1999. An analysis of polygenes affecting wing shape on chromosome 3 in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* **153**(2):773-86.
- ZB, Kao CH, Basten CJ. 1999. Estimating the genetic architecture of quantitative traits. *Genet Res.* **74**(3):279-89. Review.
- Zeng ZB. 2000. A general mixture model approach for mapping quantitative trait loci from diverse cross designs involving multiple inbred lines. *Genet Res.* **75**(3):345-55.
- W, Tao SH, Zeng ZB. 2000. Inferring linkage disequilibrium between a polymorphic marker locus and a trait locus in natural populations. *Genetics* **156**(1):457-67.
- C, Pasyukova EG, Zeng ZB, Hackett JB, Lyman RF, Mackay TF. 2000. Genotype-environment interaction for quantitative trait loci affecting life span in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* **154**(1):213-27.
- ZB, Liu J, Stam LF, Kao CH, Mercer JM, Laurie CC. 2000. Genetic architecture of a morphological shape difference between two *Drosophila* species. *Genetics* **154**(1):299-310.
- Z., B. Li and Z.-B. Zeng (2000) Molecular dissection of quantitative traits: new perspectives from *Populus*. pp. 475-490 in "Molecular Biology of Woody Plants" edited by S. M. Jian and S. C. Minocha, Kluwer Academic Publishers, The Netherlands.
- R.L., Z.-B. Zeng, D. M. O'Malley, S. E. McKeand and R. R. Sederoff (2000) The case for molecular mapping in forest tree breeding. *Plant Breeding Reviews* **19**: 41-68.
- R.L., Y F. Han, J.J. Hu, J.J. Fang, L. Li, M.L. Li. and Z.-B. Zeng (2000) An integrated genetic map of *Populus deltoides* based on amplified fragment length polymorphisms. *Theoretical and Applied Genetics* **100**: 1249-1256.
- er K, Eisman R, Higgins S, Morey L, Patty A, Tausek M, Zeng ZB. 2001. An analysis of polygenes affecting wing shape on chromosome 2 in *Drosophila melanogaster*. *Genetics* **159**(3):1045-57.
- SS, Wu R, Ma CX, Zeng ZB, Yang MC, Casella G. 2001. A multivalent pairing model of linkage analysis in autotetraploids. *Genetics* **159**(3):1339-50.
- R, Gallo-Meagher M, Littell RC, Zeng ZB. 2001. A general polyploid model for analyzing gene segregation in outcrossing tetraploid species. *Genetics* **159**(2):869-82.
- R, Zeng ZB. 2001. Joint linkage and linkage disequilibrium mapping in natural populations. *Genetics* **157**(2):899-909.
- T, Huang M, Wang M, Zhu LH, Zeng ZB, Wu R. 2001. Preliminary interspecific genetic maps of the *populus* genome constructed from RAPD markers. *Genome* **44**(4):602-9.
- R, Ma CX, Painter I, Zeng ZB. 2002. Simultaneous maximum likelihood estimation of linkage and linkage phases in outcrossing species. *Theor. Popul. Biol.* **61**(3):349-63.
- CH, Zeng ZB. 2002. Modeling epistasis of quantitative trait loci using Cockerham's model. *Genetics* **160**(3):1243-61.
- R, Ma CX, Wu SS, Zeng ZB. 2002. Linkage mapping of sex-specific differences. *Genet Res.* **79**(1):85-96.