

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 & Animal Genome XII Conference)

Código: BIOT-FP-L-2003-2-BIOT-029

Nombre Postulante Individual: Herman Silva Ascencio

Lugar de Formación (País, Región, Ciudad, Localidad): USA, California, San Diego, Town & Country Hotel

Fecha de realización: Enero 8 al 15, 2004

Objetivos de su participación en la actividad:

- 1) Presentar el proyecto de Genómica Funcional en Nectarines a la comunidad internacional a través de la presentación de un póster.
- 2) Posicionar el nombre de Chile como un nuevo referente en el campo de la genómica.
- 3) Establecer los contactos necesarios para que nuestro proyecto se pueda incorporar a un consorcio internacional de secuenciación de *Prunus persica* que se coordina en Clemson University, USA.
- 4) Adquirir feed back en el área genómica y biotecnológica.

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).

Esta Conferencia (Plant & Animal Genome XII Conference) me sirvió para establecer contactos con otros académicos e investigadores involucrados en el tema de la Genómica. Se establecieron los contactos para incorporar nuestro proyecto al Consorcio internacional de secuenciación de *Prunus persica*. Este acuerdo deberá ser ratificado con el Directorio de nuestro proyecto. De igual modo se presento un póster con los resultados y avances de nuestro proyecto lo cual sirvió para que otros investigadores se interesaran en el tema y nos solicitaran colaboración en cuanto a las secuencias así como el desarrollo de bases de datos e intercambio de información.

Las diferentes ponencias así como las presentaciones plenarias me dieron el suficiente background para entender en mas profundidad temas como bases de datos, anotación, secuenciación, construcción de genotecas y programas informáticos para el uso de los datos generados.

También me ayudo para adquirir conocimientos en otras áreas relacionadas con nuestro proyecto como macroarrays y proteómica.

Toda la información en detalle puede ser vista en el sitio web de la Conferencia (<http://www.intl-pag.org>).

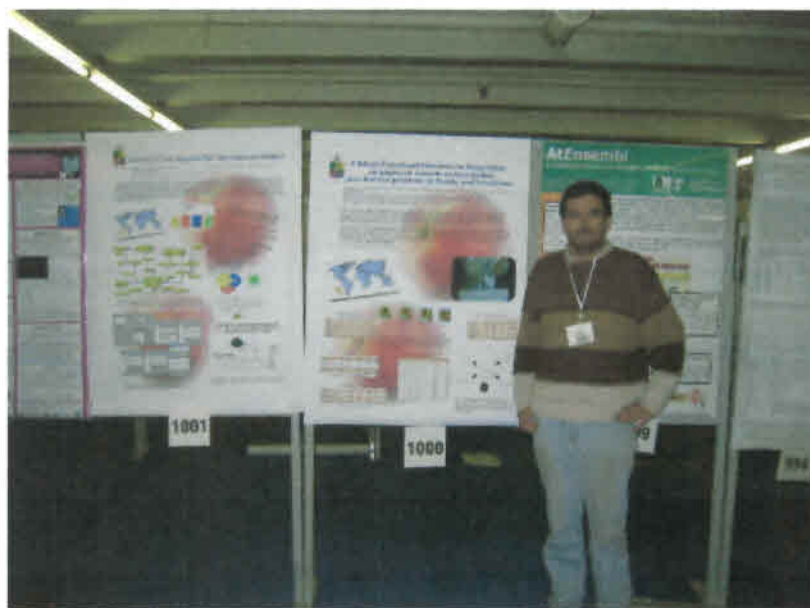
3. Itinerario Realizado: entregar una relación de actividades de acuerdo al siguiente cuadro:

Fecha	Actividad	Objetivo	Lugar
8-15 enero, 2004	Asistencia al Plant & Animal Genome XII Conference	Participación en la Conferencia y presentación de un póster	Town and Country Hotel, San Diego, CA, USA

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.

Todos los objetivos planteados fueron cumplidos en su totalidad. Nuevas técnicas para el cultivo de duraznos en el laboratorio fueron adquiridas de Clemson University al igual que análisis de bases de datos (se participo en dos workshop en el tema). La presentación del póster resulto beneficiosa no solo para el proyecto sino también para mi persona ya que fue posible intercambiar ideas e información con respecto al tema.



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).

La situación actual de los temas (Genómica funcional y bioinformática) se esta desarrollando en forma adecuada en Chile. El año 2003 fui uno de los organizadores del 2do. Taller de Bioinformática en Chile. En dicha ocasión se discutieron muchos temas de relevancia y una de las conclusiones fue que Chile debía mostrarse en el ámbito internacional. Esta Conferencia nos ayudo en esto. Es importante mencionar que los tres proyectos actualmente en curso en Genómica en el país estuvieron presentes. Quizás es bueno sugerir que cuando se participe en estas actividades debería haber una presentación tipo póster a lo menos. En el corto plazo hemos entregado la información a los participantes de nuestro proyecto. En el mediano plazo estoy invitado a un curso de Bioinformática y Genómica funcional que organiza la Universidad de Valparaíso a cargo del Dr. Adrián Palacios. Por último como un anexo encontraran la carta de invitación de Clemson University para asistir al meeting de *Prunus persica* a realizarse en mayo de este año. Para esto debemos conseguir financiamiento y quizás sería una buena oportunidad para que FIA nos prestara algo de colaboración en este sentido.

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
University of Arkansas	Yinong Yang	Associate Professor	(479)575-5635	217 Plant Science Building, Fayetteville, Arkansas 72701, USA	yyang@uark.edu
Allometra	Marta Matvienko	President and CEO	(530)792-8864	2604 Kalamazoo Place, Davis, CA 95616, USA	marta@allometra.com
Rutgers University	Hugo Dooner	Professor	(732)445-4684	190 Frelinghuysen Road, Piscataway, NJ 08854-8020, USA	dooner@waksman.rutgers.edu
Rutgers University	Pal Maliga	Professor	(732)445-5329	190 Frelinghuysen	maliga@waksman.rutger



GOBIERNO DE CHILE
FUNDACIÓN PARA LA
INNOVACIÓN AGRARIA

				n Road, Piscataway, NJ 08854- 8020, USA	s.edu
Brookhaven National Laboratory	Ben Burr	Scientist	(631)344- 3396	Biology Department, Bldg. 463, Brookhaven National Laboratory, Upton, NY 11973-5000, USA	burr@bnl.go v
Clemson University	Renate Horn	Research Scientist	(864)656- 6879	Department of Genetics, Biochemistry and Life Sciences Studies, Clemson University, Clemson, SC 29634, USA	rhorn@clem son.edu
North Carolina State University	Bryon Sosinski	Director	(919)513- 3883	CALS Genome Research Laboratory, Raleigh, NC 27695-8619, USA	bryonsosins ki@ncsu.ed u
Agencourt Bioscience Corporation	Mann A. Shoffner	Senior Manager- International Sales	(978)867- 2649	100 Cummings Center, Suite 107G, Beverly, MA 02115, USA	mann@agen court.com
Kyoto Prefectural University	Masashi Hirai	Professor of Cell and Genome Biology	(0744)- 93-3525	Seika, Kyoto, 619- 0244, Japan	mhirai@kab. seika.kyoto.j p

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.

A mi parecer esta Conferencia debería estar incluida en los llamados del FIA de cada año debido al mayor número de investigadores trabajando en esta área. Es importante que los investigadores busquen formas de colaboración a través de consorcios de las áreas relacionadas, etc. Un vacío importante en el área es el relacionado con propiedad intelectual. Aquí se nota una falencia importante para el país.

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.

Este meeting sirvió para solicitar la incorporación del proyecto de Genómica funcional en nectarines al Consorcio internacional de *Prunus persica*. También sirvió para profundizar los contactos con la compañía Agencourt que esta encargada de secuenciar para nosotros. En el meeting informal que tuvimos logramos que modificar el tipo de secuencia lo cual ayudara a nuestro proyecto.

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)
Ej.:		
Artículo		
Foto	1	Presentación poster
Foto		



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), el único problema fue la tardanza en comunicar el llamado para esta Conferencia lo que significó que los plazos de inscripción de trabajos estaban cerrados así como los descuentos para la inscripción. Lo mismo sucedió para alojarse en el mismo lugar de la Conferencia.

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

Las conexiones de los vuelos no fueron las mejores lo que nos hizo perder uno de los vuelos.

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

Definir con anticipación los llamados que se harán y no cancelar a última hora alguno de ellos. Coordinar de mejor manera los vuelos.

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

La actividad en la cual se participó cumplió con todas las metas propuestas, logramos presentar un trabajo, mostrar lo que estamos haciendo en Chile a nivel de Genómica y más importante lograr que Chile sea invitado a ser parte del Consorcio Internacional de *Prunus persica* (ver carta adjunta).

Fecha: 8/03/2004

Nombre y Firma beneficiario de la beca: Herman Silva Ascencio

Plant & Animal Genome XII

The International Conference on the Status of
Plant & Animal Genome Research.

January 10-14, 2004 • Town & Country Hotel • San Diego, CA



Organizer:

Scherago International, Inc.
A Professional Conference Organizer
11 Penn Plaza, Suite 1003
New York, NY 10001
Phone (212) 643-1750
Fax (212) 643-1758
E-mail: pag@schicago.com
Web site: www.intl-pag.org

ORGANIZING COMMITTEE

Chairman

Stephen R. Heller, NIST (USA)

Co-Chairpersons

Plants:

Rebecca Doerge, Purdue University (USA)

Michael Gale, John Innes Centre (UK)

Ed Kaleikau, USDA/CSREES (USA)

Dave Matthews, USDA/ARS,
Cornell University (USA)

Graham Moore, John Innes Centre (UK)

Jerome P. Miksche, Emeritus Director,
USDA, Plant Genome Program (USA)

Rod Wing, University of Arizona (USA)

Animals:

Bhanu Chowdhary, Texas A&M (USA)

Noelle Cockett, Utah State University (USA)

Catherine Ernst, Michigan State University
(USA)

Martien Groenen, Wageningen University
(The Netherlands)

Abel Ponce de Leon,
University of Minnesota (USA)

Travel Grants Coordinators:

Douglas Bigwood, Bayer Corporation (USA)

Georgia Davis, University of Missouri (USA)

Rebecca Doerge, Purdue University (USA)

Abstract & WWW Coordinators:

Victoria Carollo, USDA/ARS/WRRC (USA)

David Grant, USDA/ARS & Iowa State
University (USA)

Gerard Lazo, USDA/ARS/WRRC (USA)

Kim Marshall, MMI Genomics (USA)

Special Duty Coordinators:

Hans Cheng, USDA/ARS (USA)

Max Rothschild, Iowa State University (USA)

Computer Room Organizers:

Gerard Lazo, USDA/ARS/WRRC (USA)

Noel Yap, Cornell University (USA)

Jing Yu, DNA Landmarks (Canada)

Cover artwork kindly provided by Applied Biosystems. Originally developed for the company's "Genetic Harvest" Agriculture Seminars, this image represents the importance of molecular genetic approaches in plant and animal research.

FINAL ABSTRACTS GUIDE

W263

PRION DISEASES IN DOMESTIC ANIMALS: PATTERNS OF POLYMORPHISM WITHIN PRNP EXON THREE AND THE ASSOCIATION WITH DISEASE

Christopher M. Seabury¹¹ Department of Veterinary Pathobiology, College of Veterinary Medicine, Texas A&M University, College Station TX (USA)

Amino acid polymorphisms encoded by exon 3 of the prion protein gene (PRNP) have been associated with transmissible spongiform encephalopathies (TSEs) in a variety of mammalian species. Central to the propagation and perpetuation of TSEs is the accumulation of an infectious protease-resistant isoform (PrP^{Sc}; scrapie protein) of the host-encoded cellular prion protein (PrP^C) in tissues of the central nervous system. The prototypical TSE, scrapie, has been observed in European sheep for over 200 years while the occurrence of bovine spongiform encephalopathy (BSE) dates to 1986, presumably resulting from scrapie and/or BSE infected cattle feed. To date, at least 13 amino acid polymorphisms encoded by exon 3 of the ovine prion protein gene (PRNP) have been described, and those associated with codons 136, 171, and to a lesser extent 154, have been shown to influence the phenotypic expression of scrapie. Likewise, at least 8 amino acid polymorphisms have been described for caprine PRNP exon 3, and those associated with caprine codons 142, 143, and 154 have been implicated in the incubation period and/or expression of scrapie. Discordantly, polymorphism data collected for PRNP exon 3 of domestic cattle have primarily been restricted to synonymous single nucleotide polymorphisms (SNPs) and indel variation within the octapeptide repeat region. Presently, only two PRNP exon 3 amino acid polymorphisms (S46I; S154N), observed at very low frequencies, have been recorded for domestic cattle. In addition, no definitive association between variation within PRNP exon 3 of domestic cattle and susceptibility to BSE has been demonstrated.

P999

AtEnsembl - A NEW ARABIDOPSIS GENOMIC RESOURCE

Nick James¹, David Craigon¹, Graeme Gill¹, Beatrice Schildknecht¹, Guo A Sun¹, Sean May¹¹ Nottingham Arabidopsis Stock Center, Plant Science Division, University of Nottingham, Sutton Bonington Campus, Loughborough, LE12 5RD, UK

A new Arabidopsis Genomic Resource has been developed at the Nottingham Arabidopsis Stock Center (NASC). Based on the Ensembl software developed at the EBI it provides a detailed and usable interface for browsing genomic information. In addition to containing a comprehensive range of genomic data, it also contains unique information such as the parallel display of both MIPS and TIGR annotations and the linking of Affymetrix probes from their genomic location to our large database of Affymetrix expression data. It is currently nearing completion and a test version can be viewed at http://atensembl.arabidopsis.info:8080/Arabidopsis_thaliana_TIGR/contigview

authors corrected

W154

USING ESTS FOR GENE IDENTIFICATION IN SOYBEAN: A HEURISTIC APPROACH

Rex T. Nelson¹, David Grant¹, Kent Weber¹, Randy C. Shoemaker¹¹ USDA ARS, CICGR, Iowa State University, Ames, IA, 50011, USA

While gene numeration in completed genomes can be accomplished using a number of *ab initio* gene-finding algorithms, gene numeration and identification using EST data is far less straightforward. Polymorphism in EST data can be the result of gene and allele defining differences, as well as splicing, cloning and sequencing artifacts. We will describe a heuristic algorithm for the identification and numeration of genes in the Williams and Williams82 cultivars of soybean which should be applicable for use in identifying actively transcribed genes in any highly inbred genome. Using this algorithm, we have been able to identify 12,133 gene families with 27,811 potential gene sequences in the Williams/Williams82 dataset. The assembly step failed to assemble 59,034 ESTs. These ESTs appear to represent transcripts of unique genes, although a small proportion may be artifacts of the cloning and sequencing steps. Taken together, these counts set an upper bound of 86,845 on the number of genes represented in our Williams/Williams82 collection of 176,014 ESTs. In addition, we collected 97,025 ESTs from non-Williams genotypes and compared them to the potential genes identified in Williams/Williams82. Among the 1399 potential genes which could unambiguously be associated with their homologous transcript(s) in the non-Williams EST collection, approximately 1000 exhibited allelic variation.

P1000

CHILEAN FUNCTIONAL GENOMICS IN *Prunus persica*: AN APPROACH TOWARDS UNDERSTANDING POST-HARVEST PROBLEMS IN PEACHES AND NECTARINESHerman Silva¹, Ricardo Baeza-Yates², Veronica Cambiasso³, Reinaldo Campos⁴, Mauricio Gonzalez², Lee Meisel¹, Ariel Orellana¹, Julio Retamales⁴¹ Lab. Gen Mol Veg, University of Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Stgo., Chile² Depto. de Ciencias de la Computación, Universidad de Chile, Blanco Encalada 2120, Santiago 6511224, Chile³ INTA, University of Chile, Macul 5540, Santiago, Chile⁴ INIA, La Platina, Santa Rosa 11610, Santiago, Chile

Chile, located in the southern hemisphere, is a major exporter of fruits. The counter-seasons in Chile provide an opportunity to export fresh fruits to the northern hemisphere. However, prolonged cold storage of the fruits during shipping often leads to a reduction in the quality of the fruits upon arrival at the market. To improve the quality of these fruits a national effort has begun to study post-harvest problems in fruits at the genomic level. The most serious quality problem that occurs is the chilling injury that peaches and nectarines suffer during cold-storage. This injury leads to peaches/nectarines that lack juices and flavor (wooliness). It is thought that during chilling injury a series of changes are produced that alter the normal processes of ripening and softening of the fruit. Presently, the causes of these alterations are poorly understood. We have begun a functional genomic approach towards defining the changes that occur during chilling injury in *Prunus persica*. Towards this end we are sequencing approximately 50,000 ESTs from fruits at four stages (1) non-ripe post-harvest, (2) ripened, (3) non-ripe cold-treated, (4) ripened cold-treated. The clones and sequence information generated from this effort will be used to analyze the global gene expression and protein accumulation levels using macroarray and proteomic analyses (<http://www.genomavegetal.cl>). Funding: Iniciativa Genoma Chile, FDI G02P1001

P1001

UNIVERSITY OF CHILE'S INTEGRATED PLANT GENE EXPRESSION DATABASE

Lee Meisel¹, Ricardo Baeza-Yates², Mariano Latorre¹, Nicolas Loira¹, Jonathan Maldonado¹, Andrea Morales¹, Andres Tittarelli¹, Paula Vizoso¹, Herman Silva¹¹ Lab. Gen Mol Veg, University of Chile, Las Palmeras 3425, Ñuñoa, Stgo., Chile² Depto. de Ciencias de la Computación, Universidad de Chile, Blanco Encalada 2120, Santiago 6511224, Chile

As part of the Chilean functional genomics initiative in *Prunus persica* we are modeling a relational database called UGE DB (Universidad de Chile Gene Expression Database). The UGE DB unifies four independent databases that we are developing. These are the RIGE DB (Ripening Gene Expression Data Base), HoGE DB (Hormone Gene Expression Data Base), ArThaS DB (*Arabidopsis thaliana* stress Data Base), and ProGE (Promoter Gene Expression Data Base). These relational databases will be populated with data from publications on gene expression and/or promoter analyses. The UGE DB is being designed such that correlations between genes that are co-regulated in response to various stress, hormones and/or ripening may be analyzed such that known and/or novel putative cis-elements may be identified and compared to previously characterized promoter sequences. Financing: Iniciativa Genoma Chile, FDI G02P1001

P1002 ✓
P004 ✓
P005 ✓