



Taller técnico “Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe” Fondo semilla – Fontagro

Bogotá, Colombia, marzo 2020



Copyright © 2020 Banco Interamericano de Desarrollo. Todos los derechos reservados; este documento puede reproducirse libremente para fines no comerciales.

FONTAGRO es un fondo administrado por el Banco pero con su propia membresía, estructura de gobernabilidad y activos. Se prohíbe el uso comercial no autorizado de los documentos del Banco, y tal podría castigarse de conformidad con las políticas del Banco y/o las legislaciones aplicables. Las opiniones expresadas en esta publicación son exclusivamente de los autores y no necesariamente reflejan el punto de vista del Banco Interamericano de Desarrollo, de su Directorio Ejecutivo ni de los países que representa.

La presente memoria ha sido preparada con las relatorías escritas por Víctor Manuel Nuñez Zarantes, María Victoria Bonnacarrere Martínez, Andrés Marcelo Carvajal Romero, Humberto Godofredo Prieto Encalada, Matthew Ronald Willmann, Nicolás Crescencio Mucci, Sergio Enrique Feingold, Elisa Quiala Mendoza, Daniel Felipe Salomone, Tatiana Paola Chávez Navarrete, Luz Stella Barrero Meneses, Sandra Patricia Valdés, Rodrigo Alfredo Martínez y ha sido editada por Aura Yaneth Camargo, María Elena Londoño Rubio.

Esta publicación puede solicitarse a:

FONTAGRO

Banco Interamericano de Desarrollo
1300 New York Avenue, NW, Stop W0908
Washington, D.C., 20577
Correo electrónico: fontagro@iadb.org
Tel: 1 (202) 623-3876/3242
www.fontagro.org

Contenidos

Agradecimientos.....	7
Resumen ejecutivo.....	8
Executive Summary.....	9
Abstract	10
Antecedentes.....	12
Desafío.....	13
Equipo de trabajo	14
Agenda.....	15
Presentación 1. Application of genome editing to agriculture. Matthew R. Willmann. Director, Plant Transformation Facility, Cornell University. USA.	20
Presentación 2. Estado del avance de las herramientas de edición génica en especies de producción animal en el mundo. Daniel Salamone. Universidad de Buenos Aires. Argentina.	21
Presentación 3. Enabling crop innovation with CropOS across breeding, genome editing, and trait development platforms. Mattew Begemann. Benson Hill Biosystems, USA. Presentación online. .	22
Presentación 4. Regulación y legislación de herramientas de edición aplicadas a recursos genéticos animales y vegetales. Sergio Feingold. INTA - Argentina.	22
Presentación 5. Edición génica con CRISPR/Cas9: acelerando el mejoramiento de cultivos. Sandra Patricia Valdés; J. Tohme; P. Chavarriaga. CIAT – Colombia. Alianza Bioversity Internacional - CIAT. AA.6713, Cali, Colombia.	23
Presentación 6. El desafío de la Edición de Genomas en Argentina y la Región. Sergio Feingold. Laboratorio de Agrobiotecnología de la EEA Balcarce. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - INTA - Argentina.	24
Presentación 7. Mejoramiento genético animal en Argentina. Nicolás Crescencio Mucci. INTA - Argentina.	26
Presentación 8. Mejoramiento genético vegetal en Chile. Humberto Prieto. INIA - Chile.	27
Presentación 9. Mejoramiento genético animal en Chile. Andrés Carvajal. INIA - Chile.	28

Presentación 10. Mejoramiento genético vegetal en Colombia. Víctor Manuel Nuñez Zarantes y Luz Stella Barrero Meneses. AGROSAVIA – Colombia.....	29
Presentación 11. Avances en selección Genómica y edición génica en Colombia. Rodrigo Alfredo Martínez Sarmiento. AGROSAVIA - Colombia.....	30
Presentación 12. El mejoramiento genético vegetal en Ecuador. Elisa Quiala Mendoza; Eduardo Sánchez Timm. INIAP / ESPOL - Ecuador.	31
Presentación 13. Mejoramiento genético vegetal en INIA. Victoria Bonnacarrere. Investigadora Principal, Unidad de Biotecnología, INIA - Uruguay.....	33
Lecciones aprendidas.....	34
Conclusiones.....	35
Referencias	36
Biografía de los participantes.....	37

Índice de figuras

Figure 1. Genome editing for crop improvement Farmer benefits: disease resistance. Tripathi et al., 2019.	20
Figure 2. CRISPR/Cas9-mediated loss of FGF5 function increases wool staple length in sheep. Wen-Rong Li et al. 2017	21
Figure 3. SuCms1 can process and cut efficiently with multiple gRNA structures	22
Figure 4. Enfoques y países con marco regulatorio similar. Argentina 2015; Chile 2017; Brasil 2018; Colombia 2018. Lic. Agustina Whelan- Dirección Nacional de Biotecnología.	23
Figure 5. Pardeamiento enzimático en papa	25
Figure 6. Producción in vitro de embriones porcinos como base para la edición génica	26
Figure 7. Our first grapevine edited populations for fungal tolerance - SWEET4, Ataf1, Air12, Del.....	27
Figure 8. Primer enfoque de edición génica en ganadería	29
Figure 9. SPDT phenotype and expression in Colombian cv. Similar to wild-type (W)	30
Figure 10. Disrupción del gen de la miostatina.....	31
Figure 11. Proceso in vitro y Plantas ex vitro del híbrido INIAP-Tenera obtenidas via embriogénesis somáticas..	32
Figure 12. Programa de mejoramiento genético en soya	33

Índice de fotos

Foto 1. Participantes Taller técnico “Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe” Fondo semilla – Fontagro, realizado en la ciudad de Bogotá – Colombia, del 16 al 18 de octubre de 2019.....	7
Foto 2. Equipo de trabajo en plena discusión - Rregión Andina.....	8
Foto 3. Equipo de trabajo en plena discusión - CONO SUR	9
Foto 4. Participantes y asistentes al taller de edición génica FONTAGRO-FONDO SEMILLA	13
Foto 5. Los dos equipos de trabajo en el descanso, celebrando el cumpleaños de Nicolás Mucci (Argentina- CONOSUR)	14
Foto 6. Presentaciones expertos Taller de Edición Génica.....	35
Foto 7. Amenizando la cena de cierre el taller. Cortesía del grupo de musical Rock LITOCROMÍA	35

Agradecimientos

Agradecimientos a FONTAGRO por la generación y soporte de esta iniciativa con base en el plan semilla; a la STA en cabeza de Eugenia Saini y David Gómez por su orientación y apoyo constante en la organización del taller regional “Edición génica en plantas y animales”, que permitió el encuentro de las agencias participantes en la formulación de las propuestas para la región Andina (Colombia y Ecuador) y del Cono Sur (Argentina, Chile y Uruguay).

Agradecimientos a la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria -AGROSAVIA-, por el soporte de los entes administrativos: Comunicaciones, Identidad y Relaciones Corporativas -CIRCO-, la Coordinación Administrativa y Financiera de Tibaitatá, la Dirección de investigación y la Dirección del centro de investigación Tibaitatá.

Especial agradecimiento a los expertos expositores, por su contribución al taller con presentaciones generales y avances puntuales dentro del estado del arte la edición génica en cultivos y animales.



Foto 1. Participantes Taller técnico “Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe” Fondo semilla – Fontagro, realizado en la ciudad de Bogotá – Colombia, del 16 al 18 de octubre de 2019.

Resumen ejecutivo

Durante la XXII reunión anual del Consejo Directivo de FONTAGRO, llevada a cabo los días 4 y 5 de octubre de 2018 en Guayaquil, Ecuador, se expresó la necesidad conformar una plataforma regional en temas de edición génica en el sector agrícola y ganadero. Como resultado de esta discusión, se concretó presentar una iniciativa sobre edición génica, para el fortalecimiento de programas de mejoramiento genético en especies vegetales y animales; en esta reunión se acordó realizar un taller denominado “Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe - FONTAGRO - Fondo semilla – Fontagro” en Colombia, para compartir el estado del arte en la temática y a la vez identificar aspectos claves a tener en cuenta en el diseño de una propuesta potencial de trabajo conjunto. Desde entonces dos grupos de trabajo, uno localizado en la región del Cono Sur y otro en la región Andina, han estado trabajando para analizar la factibilidad de construir una plataforma regional en esta temática.

El taller organizado por AGROSAVIA, se realizó en Bogotá durante los días 16 al 18 de octubre del 2019 con la participación de expositores y participantes de 7 países, donde se desarrolló la presentación del estado del arte de la tecnología de edición génica por parte de los expertos invitados, tanto en la parte animal como en la parte vegetal, con la participación tanto de entidades oficiales como de entidades privadas. De igual manera, cada agencia participante afiliada a FONTAGRO (Colombia, Ecuador, Uruguay, Chile y Argentina), presentó un breve estado del arte de los programas de mejoramiento incluyendo la aplicación o proyección de la edición génica, según el caso en cada país.

Mediante la discusión de los representantes de las agencias mencionadas y algunas entidades asistentes al taller, se formularon propuestas para la región Andina y para el Cono Sur. La meta principal del taller fue definir la versión final del proyecto consensuado formulado para la conformación de una plataforma de “edición génica en cultivos y ganadería para América latina y el caribe”. A lo largo del desarrollo del taller, se compartieron experiencias y resultados de proyectos de investigación, realizados en temas de mejoramiento genético en especies vegetales y animales, incluyendo la utilización de nuevas tecnologías, tales como la selección genómica y la edición génica; de igual manera se invitaron a referentes internacionales en el tema y se realizó una presentación del estado del arte de la normativa sobre la aplicación de la edición génica en la agricultura.



Foto 2. Equipo de trabajo en plena discusión - Región Andina

Executive Summary

During the 22nd annual meeting of the FONTARGO (Regional Fund for Agricultural Technology) board of directors, held on the 4th and 5th of October, 2018, in Guayaquil, Ecuador, a need was expressed for a regional platform of genome editing in the agricultural sector. As a result of the discussion it was decided to create an initiative to strengthen programs in this sector by applying gene editing and collaborating through a regional platform. It was further decided to hold a workshop titled "The gene editing workshop-Fondo semilla – Fontagro in crops and livestock for Latin America and the Caribbean in Colombia." The goals of this workshop were to present and illustrate state of the art technologies and approaches in genome editing in food crops and animals and to propose collaborative future projects. Since then, two work groups have been analyzing the feasibility of building a regional platform to strengthen the capacity of genetic research in the region.

The workshop, organized by AGROSAVIA, was conducted in Bogota, Colombia, from October 16th to 18th, 2019. Expert speakers from 7 countries gave talks on current projects on gene editing. Likewise, the participating agents of FONTARGO (Colombia, Ecuador, Uruguay, Chile and Argentina) presented briefs on how their individual programs were improving. After these presentations, a discussion was held in which two proposals were formulated, one for the Andean and another for the Cono Sur region.

The main goal of the workshop was to define the final version of the formulated consensual projects for the conformation of a Genome editing platform in crops and livestock for LAC. In addition, during the workshop, experiences and results of research projects carried out on the different countries on genetic improvement of plant and livestock were shared. This included the use of new technologies such as genomic selection and gene editing, genetic transformation among others. At the same time, the international invited referents on the subject shared their expertise through oral presentations about the state of the art on regulations of the application of gene editing in agriculture.



Foto 3. Equipo de trabajo en plena discusión - CONO SUR

Abstract

Plant and animal genetic improvement throughout history has been accompanied by different vehicles represented by new technologies. Among these, gene editing is revolutionizing the paradigm of plant and animal genetic improvement. In both, crops and animals, most of the methods used in conventional and modern breeding exploit natural or artificial genetic variation. This requires long and laborious processes of characterization and evaluation of progenies derived from crosses. In contrast, gene editing offers the possibility of quick genetic improvement by modifying the genomes in a precise and accurate way. This technique can reduce the times and costs of breeding animals and improving plants, with greater accessibility. For example, for clonally reproductive crops such as potatoes, bananas, cassava and sugar cane, or seed reproductive crops such as rice, maize, soybeans, and others the application of gene editing contributes to new schematic structures in programs for genetic improvement of elite genotypes.

Gene editing constitutes a significant advance in genetic modification technologies with a consequent impact on increasing genetic variability. Animal population improvement can be accelerated with the use of gene editing by introducing or creating beneficial alleles, without the consequences of linkage drag associated with traditional introgression. This generates great expectations about the integration of gene editing processes within genetic improvement programs. However, these results depend on the efficiency of the technique. The main goal of the workshop was to define the final version of the project formulated for the creation of a platform for gene editing in crops and livestock for Latin America and the Caribbean.

Key words: FONTAGRO, gene editing, improvement, platform, workshop

Introducción

El mejoramiento genético vegetal y animal a través de la historia, ha evolucionado de la mano de nuevas tecnologías o metodologías en diferentes épocas, en el caso del fitomejoramiento: la estadística, la citogenética, las mutaciones, el cultivo *in vitro*, la transformación genética, la edición génica, la selección asistida por marcadores, la genómica, la fenómica y la bioinformática. En la parte animal, técnicas como la inseminación artificial, el sexaje de embriones, la clonación, la transformación genética, la edición génica, la selección asistida por marcadores, la genómica, la fenómica y la bioinformática. De estas, la edición génica recientemente está revolucionando las perspectivas del mejoramiento genético vegetal y animal.

Según Hua et al., (2019), tanto en el fitomejoramiento como en el mejoramiento animal, la mayoría de los métodos utilizados en mejoramiento convencional y moderno, explotan la variación genética natural o artificial que requiere procesos largos y laboriosos de caracterización y evaluación de progenies derivadas de cruzamientos. Por el contrario, la edición génica ofrece la posibilidad de obtener cultivares mejorados de manera rápida, mediante la modificación de sus genomas de manera precisa y predecible (Gaj et al., 2013). La técnica puede reducir los tiempos y costos del mejoramiento en animales y plantas, con mayor accesibilidad; considerando, por ejemplo, los cultivos de reproducción clonal como la papa, el banano, la yuca, la caña de azúcar o la vid, la aplicación de la edición génica puede contribuir a nuevas estructuras de los esquemas en programas de mejoramiento genético de genotipos élite (Feingold et al., 2018).

En animales, la edición génica constituye un avance significativo en las tecnologías de modificación genética, con un consecuente impacto en el aumento de la variabilidad genética. El mejoramiento genético de una población animal, puede ser acelerado con el uso de la edición génica al crear nuevos alelos benéficos o introducir alelos deseables conocidos de otras razas, sin las consecuencias del arrastre por ligamiento asociado con introgresión tradicional (Tait-Burkard et al., 2018). En características monogénicas tales como la presencia o ausencia de cuernos, se ha calculado que el tiempo en el que se alcanza el genotipo deseado dentro de una población, utilizando edición génica junto con la selección genómica es cuatro veces menor que cuando solo se implementa selección genómica (Bastiaansen et al., 2018).

Con mutaciones simples y precisas, la edición génica ofrece la oportunidad de generar animales para producción de leche con mayor proporción de ácido linoleico conjugado y de proteínas beneficiosas para la salud humana o con inhibición en la secreción de proteínas alergénicas como la β -lactoglobulina (Feingold et al., 2018). Esto genera grandes expectativas sobre la integración de procesos de edición génica dentro de programas de mejoramiento genético, no obstante, estos resultados dependen de la eficiencia de la técnica, del acceso a los métodos actuales y de existencia o disponibilidad de genomas secuenciados.

La meta principal del taller fue definir la versión final del proyecto consensuado formulado, para la conformación de una plataforma de “Edición génica en cultivos y ganadería para América latina y el caribe”. Además, en el desarrollo del taller se compartieron experiencias y resultados de proyectos de investigación realizados en temas de mejoramiento genético en especies vegetales y animales, incluyendo la utilización de nuevas tecnologías, tales como la selección genómica y la edición génica; de igual manera se invitaron a referentes internacionales en el tema y se realizó una presentación del estado del arte de la normativa sobre la aplicación de la edición génica en la agricultura.

Antecedentes

La plataforma que se pretende conformar e implementar tiene como antecedentes las experiencias en mejoramiento genético, biotecnología y genética molecular de los programas de mejoramiento de cada una de las agencias de Fontagro participantes. Específicamente en edición génica, existe investigación en los 5 países participantes en diferentes cultivos y animales, como es el caso de Uruguay, Argentina y Chile, con proyección enfocada a la integración a los programas de mejoramiento genético de los países participantes.

Durante la XXII reunión anual del Consejo Directivo de FONTAGRO llevada a cabo los días 4 y 5 de octubre de 2018 en Guayaquil, Ecuador, se expresó la necesidad conformar una plataforma regional en temas de edición génica en el sector agrícola y ganadero. Como resultado de la discusión se concretó presentar una iniciativa sobre edición génica para el fortalecimiento de programas de mejoramiento genético en especies vegetales y animales. En esta reunión se acordó realizar un taller denominado "Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe. Fondo semilla – Fontagro" en Colombia, para compartir el estado del arte en la temática y a la vez identificar aspectos claves a tener en cuenta en el diseño de una propuesta potencial de trabajo conjunto. Desde entonces dos grupos de trabajo, uno localizado en la región del Cono Sur y otro en la región Andina, han estado trabajado para analizar la factibilidad de construir una plataforma regional en esta temática. El taller organizado por AGROSAVIA, se realizó en Bogotá durante los días 16 al 18 de octubre del 2019 con la participación de expositores y participantes de 7 países.



Desafío

Las instituciones asistentes, especialmente las agencias participantes en la formulación de las propuestas, expresaron la necesidad de abordar el concurso de nuevas tecnologías, asociadas al mejoramiento genético. Específicamente, mostraron la necesidad de implementar la nueva tecnología de modificación genética con base en la edición génica, para la generación de conocimiento y tecnologías que permitan el manejo más eficiente del germoplasma disponible en los diferentes programas de mejoramiento genético, para enfrentar limitantes de producción, factores abióticos y bióticos en cultivos y animales en ALC.

Se señaló también la gran necesidad de establecer y fortalecer la interacción de las instituciones a través de la plataforma que se conforme, para enfrentar de mejor forma los desafíos ante el cambio y la variación climática, responder a las demandas de alimentos frente a una población cada vez más creciente y contribuir con la innovación en mejora de cultivos y animales en los sistemas productivos prioritarios en los países de Latinoamérica.



Foto 4. Participantes y asistentes al taller de edición génica FONTAGRO-FONDO SEMILLA

Equipo de trabajo

1. Asociación de Cooperativas Argentinas -ACA-. Argentina. Mauro Sebastián Meier
2. Benson Hill Biosystems. USA. Matt Begemann
3. CIAT. Colombia. Sandra Patricia Valdés Gutiérrez
4. Cornell University. USA. Matthew Ronald Willmann
5. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria -AGROSAVIA-. Colombia. Juan Diego Palacio Mejía, Víctor Manuel Núñez Zarantes, Luz Stella Barrero Meneses, Rodrigo Alfredo Martínez Sarmiento, Juan Felipe Martínez Rocha, Yolanda Gómez Vargas, Aldemar Chávez Rodríguez, Jhon Jacobo Cañas Álvarez, Linda Yhiset Gómez Arias
6. Escuela Superior Politécnica del Litoral -ESPOL-. Ecuador. Tatiana Paola Chávez Navarrete
7. Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria -FONTAGRO-. USA. Eugenia Saini
8. Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria -INIA-. Uruguay. María Victoria Bonnacarrere Martínez
9. Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas -INIA-. Venezuela. Oscar de la Rosa
10. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias -INIA-. Chile. Andrés Marcelo Carvajal Romero, Humberto Godofredo Prieto Encalada
11. Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias -INIAP-. Ecuador. Elisa Quiala Mendoza
12. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria -INTA-. Argentina. Nicolás Crescencio Mucci, Sergio Enrique Feingold
13. Recombinetics. USA. José Fernando García. Ana María Pérez Obrien
14. Universidad de Buenos Aires -UBA-. Argentina. Daniel Felipe Salamone



Foto 5. Los dos equipos de trabajo en el descanso, celebrando el cumpleaños de Nicolás Mucci (Argentina-CONOSUR)

Agenda

Taller regional: Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe. Fondo semilla – Fontagro. Bogotá, Colombia 16 al 18 de octubre de 2019

Durante la XXII reunión anual del Consejo Directivo de FONTAGRO llevada a cabo los días 4 y 5 de octubre de 2018 en Guayaquil, Ecuador, se aprobó la iniciativa denominada “Edición génica para el mejoramiento genético en especies vegetales y animales” para conformar una plataforma regional en temas de edición génica en el sector agrícola y ganadero. Desde entonces, dos grupos, uno localizado en la región del Cono Sur y otro en la región Andina, han venido trabajando para analizar la factibilidad de construir una plataforma regional en esta temática.

En ese sentido, se propuso desarrollar entre el 16 al 18 de octubre de 2019, un taller denominado “Edición génica en cultivos y ganadería para América Latina y el Caribe. Fondo semilla – Fontagro” en Colombia, para compartir el estado del arte en la temática y a la vez de identificar aspectos claves a tener en cuenta en el diseño de una propuesta de trabajo conjunto.

Objetivos específicos:

1. Recopilar el estado del arte en mejoramiento genético y en edición génica (EG) en América Latina, el Caribe y el resto del mundo, con especial foco en la región del Cono Sur y la región Andina, y para rubros específicos de cultivos y animales, donde:
 - Se incluirá el estado actual de la EG en cada país, capacidades, experiencias, proyectos actuales relacionados.
 - Se incluirá antecedentes sobre los casos aplicados de EG a la agricultura en el mundo, con base en el aporte de expertos invitados.
 - Se presentará el impacto potencial de la EG en los trabajos de mejoramiento genético.
2. Presentar desafíos próximos y futuros de la EG en ALC y el mundo, especialmente en temas de regulaciones, capacidades y formación de recursos humanos, infraestructura institucional y otros temas relevantes que surjan durante la reunión.
3. Revisar la propuesta de proyecto consensuado de Plataforma de Edición Génica, para fortalecimiento de los programas de mejoramiento de cultivos y ganadería en América Latina y el Caribe, con el fin de llegar a acuerdos sobre la versión final del documento que se presentará al Fondo Semilla-FONTAGRO.

PAÍSES Y ENTIDADES PARTICIPANTES
COLOMBIA Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA
ARGENTINA Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria INTA
CHILE Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias – INIA
ECUADOR Escuela Superior Politécnica del Litoral – ESPOL
ECUADOR Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias - INIAP
URUGUAY Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria INIA
FONTAGRO Fondo Regional de Tecnología Agropecuaria
PROCISUR Programa Cooperativo para el Desarrollo Tecnológico Agroalimentario y Agroindustrial del Cono Sur



AGROSAVIA

Corporación colombiana de investigación agropecuaria



ESPOL
"Impulsando la sociedad del conocimiento"



Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria
U R U G U A Y

AGENDA

OCTUBRE 16 (MIÉRCOLES – DÍA 1)

08:00 a.m. - 08:10 a.m.	Bienvenida/AGROSAVIA
08:10 a.m. – 08:30 a.m.	Presentación de la iniciativa. Eugenia Saini /FONTAGRO
08:30 a.m. – 09:00 a.m.	Aplicación de la edición génica en la agricultura. Matthew Willmann. Director of the Plant Transformation Facility at Cornell University. USA
09:00 a.m. – 09:30 a.m.	Estado del avance de las herramientas de edición génica en especies de producción animal en el mundo. Daniel Salomone - Universidad de Buenos aires. Argentina
09:30 a.m. – 10:00 a.m.	Haciendo posible la innovación de cultivos con CropOS a través de las plataformas de mejoramiento genético, de edición de genomas y de desarrollo de atributos. Matt Begemann - Associate Director of Genome Editing & Trait Discovery; Kendra Meade - Director of Customer Success. Benson Hill Biosystems. USA
10:00 a.m. – 10:30 a.m.	Refrigerio
10:30 a.m. – 11:00 a.m.	Aplicación de la edición génica en procesos de mejoramiento animal. José Fernando García – Recombinetics. USA

11:00 a.m. – 11:30 a.m.	Regulación y legislación de herramientas de edición aplicadas a recursos genéticos animales y vegetales. Sergio Feingold. INTA – Argentina
11:30 a.m. – 12:00 m.	Aplicaciones del uso de la edición de genes para el mejoramiento de cultivos en el Centro Internacional de Agricultura Tropical. Sandra Patricia Valdés CIAT – Colombia.
12:00 m. – 01:00 p.m.	Almuerzo
01:00 p.m. – 01:30 p.m.	Mejoramiento genético vegetal en Argentina. Sergio Feingold. INTA – Argentina
01:30 p.m. – 02:00 p.m.	Mejoramiento genético animal en Argentina. Nicolás Crescencio Mucci. INTA - Argentina
02:00 p.m. – 02:30 p.m.	Mejoramiento genético vegetal en Chile. Humberto Prieto – INIA – Chile
02:30 p.m. – 03:00 p.m.	Mejoramiento genético animal en Chile. Andrés Carvajal. INIA. Chile
03:00 p.m. – 03:30 p.m.	Refrigerio
03:30 p.m. – 04:00 p.m.	Mejoramiento genético vegetal en Colombia. Víctor Manuel Núñez y Luz Stella Barrero Meneses - AGROSAVIA. Colombia
04:00 p.m. – 04:30 p.m.	Mejoramiento genético animal en Colombia. Rodrigo Martínez. - AGROSAVIA. Colombia
04:30 p.m. – 05:00 p.m.	Mejoramiento genético vegetal en Ecuador. Elisa Quiala Mendoza - INIAP. Ecuador
05:00 p.m. – 05:30 p.m.	Mejoramiento genético vegetal en Uruguay. Victoria Bonnacarrere. - INIA. Uruguay
05:30 p.m. – 06:00 p.m.	Cierre de jornada

OCTUBRE 17 (JUEVES – DÍA 2)

Presentación y discusión sobre la formulación del documento del proyecto consensuado y presupuesto.

08:00 a.m. – 10:00 a.m.	Mesas de trabajo por cada región (Cono Sur y Región Andina) para formulación de la propuesta de proyecto consensuado
10:00 a.m. - 10:30 a.m.	Refrigerio
10:30 a.m. – 12:00 m.	Revisión en plenaria de las propuestas para Cono Sur y Región Andina

12:00 m. – 01:00 p.m.	Almuerzo
01:00 p.m. – 02:00 p.m.	Revisión en plenaria de las propuestas para Cono Sur y Región Andina (continuación)
02:00 p.m. – 02:30 p.m.	Refrigerio
02:30 p.m. – 03:30 p.m.	Estructura del Presupuesto
03:30 p.m. – 04:30 p.m.	Estructura de gobernanza
4:30 p.m. – 05:30 p.m.	Cierre de la jornada

OCTUBRE 18 (VIERNES – Día 3)

Presentación de la estructura de la propuesta del proyecto consensuado, conclusiones del taller, acuerdos y compromisos de los participantes de cada país para consolidar la formulación final del proyecto.

08:00 a.m. – 10:00 a.m.	Presentación de la propuesta final,
10:00 a.m. – 10:30 a.m.	Refrigerio
10:30 a.m. – 12:00 m.	Conclusiones y acuerdos
12:00 m. – 01:00 p.m.	Almuerzo
01:00 p.m. – 02:00 p.m.	Traslado al Centro de Investigación de AGROSAVIA. Mosquera Cundinamarca
02:00 p.m. – 04:00 p.m.	Visita a los Laboratorios de Reproducción Animal, Genética Molecular y Producción Vegetal de AGROSAVIA - C.I. Tibaitatá
04:00 p.m. – 05:30 p.m.	Traslado de AGROSAVIA al Hotel Hilton Garden en Bogotá
05:30 p.m. – 07:00 p.m.	Brindis y cena de cierre

Presentaciones

Presentación 1. Application of genome editing to agriculture. Matthew R. Willmann. Director, Plant Transformation Facility, Cornell University. USA.

Plant scientists are constantly striving to improve crop plants in ways that directly benefit consumers, farmers, and food processors. These efforts are guided by a need to address a set of fundamental problems, including a rapidly growing world population, a changing climate, an ongoing battle against pathogens and insects, worsening soils, the negative effects of agriculture on the environment, and the need for tastier and more nutritious foods.

Researchers have used traditional plant breeding and transgenesis to address these issues, but both have significant disadvantages. Recently, genome editing has become reliable in plants, and this advance has the potential to dramatically speed research and crop improvement. Genome editing is a tool for making a specific genetic change at a targeted location in a genome. This technology, also called targeted mutagenesis, has been possible in bacteria, yeast, and mammalian systems for many years, but genome editing has only recently become efficient and widespread in plant research.

The most wide-ranging breakthrough for genome editing in plant science came in 2013, when the highly versatile CRISPR/Cas9 genome-editing system was first applied to plants. This method involves the use of the Cas9 nuclease, which is targeted to a specific site in a genome by binding a guide RNA (gRNA). The gRNA has a specific 20 nt sequence within it that binds to complementary places in the genome. Once this binding occurs, Cas9 creates a double-stranded break at the binding site. While the normal DNA repair systems usually repair such breaks without fail, errors can occur, resulting in sequence insertions and deletions at the target site. Further modifications of the system allow for targeted insertions and deletions of various sizes, single base pair changes, allelic swaps, and even epigenetic changes. Here we will discuss the technology, how it is applied in plants, and examples of its use for plant improvement.



Figure 1. Genome editing for crop improvement Farmer benefits: disease resistance. Tripathi et al., 2019.

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Mattew_Ronald.pdf

Presentación 2. Estado del avance de las herramientas de edición génica en especies de producción animal en el mundo. Daniel Salamone. Universidad de Buenos Aires. Argentina.

The recently developed engineered nucleases, such as zinc-finger nucleases, transcription activator-like effector nucleases, and clustered regularly interspaced short palindromic repeat (CRISPR)/CRISPR-associated nuclease (Cas) 9, provide new opportunities for gene editing in a straightforward manner. However, few reports are available regarding CRISPR application and efficiency in cattle. Here, the CRISPR/Cas9 system was used with the aim of inducing knockout and knock-in alleles of the bovine PRNP gene, responsible for mad cow disease, both in bovine fetal fibroblasts and in IVF embryos. Five single-guide RNAs were designed to target 875 bp of PRNP exon 3, and all five were codelivered with Cas9. The feasibility of inducing homologous recombination (HR) was evaluated with a reporter vector carrying EGFP flanked by 1 kbp PRNP regions (pHRegfp).

For somatic cells, plasmids coding for Cas9 and for each of the five single-guide RNAs (pCMVCas9 and pSPgRNAs) were transfected under two different conditions (1X and 2X). For IVF zygotes, cytoplasmic injection was conducted with either plasmids or mRNA. For plasmid injection groups, 1 pg pCMVCas9 + 0.1 pg of each pSPgRNA (DNA2X) was used per zygote. In the case of RNA, two amounts (RNA1X and RNA2X) were compared. To assess the occurrence of HR, a group additionally cotransfected or coinjected with pHRegfp plasmid was included. Somatic cell lysates were analyzed by polymerase chain reaction and surveyor assay. In the case of embryos, the *in vitro* development and the genotype of blastocysts were evaluated by polymerase chain reaction and sequencing. In somatic cells, 2X transfection resulted in indels and large deletions of the targeted PRNP region. Regarding embryo injection, higher blastocyst rates were obtained for RNA injected groups (46/103 [44.6%] and 55/116 [47.4%] for RNA1X and RNA2X) than for the DNA2X group (26/140 [18.6%], $P < 0.05$). In 46% (26/56) of the total sequenced blastocysts, specific gene editing was detected.

The total number of genetic modifications (29) was higher than the total number of gene-edited embryos, as three blastocysts from the group RNA2X reported more than one type of modification. The modifications included indels (10/56; 17.9%) and large deletions (19/56; 33.9%). Moreover, it was possible to detect HR in 1/8 (12.5%) embryos treated with RNA2X. These results report that the CRISPR/Cas9 system can be applied for site-specific edition of the bovine genome, which could have a great impact on the development of large animals resistant to important zoonotic diseases (Bevacqua et al, 2016).



Figure 2. CRISPR/Cas9-mediated loss of *FGF5* function increases wool staple length in sheep. Wen-Rong Li et al. 2017

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Daniel_Salamone.pdf

Presentación 3. Enabling crop innovation with CropOS across breeding, genome editing, and trait development platforms. Mattew Begemann. Benson Hill Biosystems, USA. [Presentación online.](#)

Breed, powered by CropOS™, is a predictive breeding platform that leverages genomic selection and machine learning to reduce development costs and time to market. Proprietary and pertinent public data are combined to give unprecedented insight into a population's genetics and enable breeders to target all their breeding goals simultaneously. Breed is designed as a user-friendly, customizable, and infinitely scalable cloud-based solution that positions breeders at the center of the decision process. Genome Editing is a powerful enabling technology, with applications across Breeding and Biotech trait development.

SuCms1 can process and cut efficiently with multiple gRNA structures

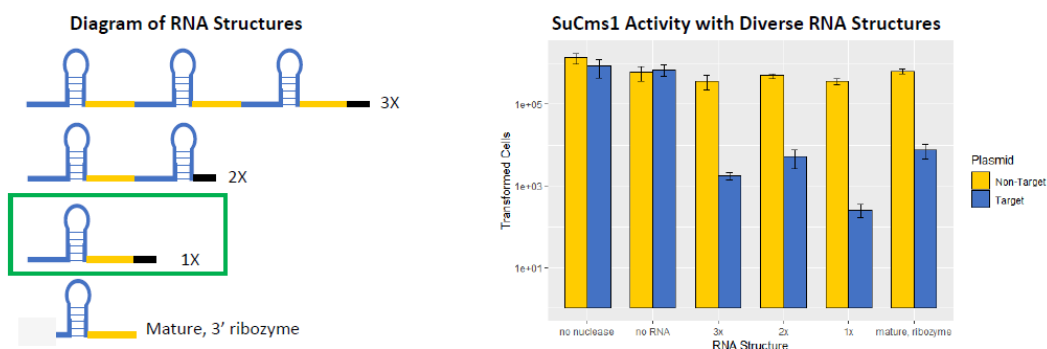


Figure 3. SuCms1 can process and cut efficiently with multiple gRNA structures

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Matt_Begemann_Benson_Hill_Agrosavia_workshop.pdf

Presentación 4. Regulación y legislación de herramientas de edición aplicadas a recursos genéticos animales y vegetales. Sergio Feingold. INTA - Argentina.

En la última década, las Nuevas Técnicas de Mejoramiento (NBT; del inglés New Breeding Techniques) permiten la introducción de cambios en los genomas de forma precisa y rápida. Una de las NBT con mayor potencial para el mejoramiento vegetal, es la de Edición Génica (EG), mediada por el sistema CRISPR/Cas (del inglés Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repats and CRISPR associated system) asociado a diferentes proteínas que cortan ADN. En el mundo y en la región la EG mediada por CRISPR/Cas ha sido adoptada rápidamente y se encuentran en desarrollo numerosos proyectos en cultivos de importancia productiva.

Las regulaciones predominantes en la Región sobre esta los productos emergidos de esta tecnología tienden a indicar que si la edición del genoma ocurre por inserción o delección de una o unas pocas bases de ADN, - similarmente a lo que ocurre en las variedades obtenidas por mutaciones inducidas-, los materiales derivados de edición génica tienen los mismos requisitos de aprobación que los obtenidos por mejoramiento convencional o mutagénesis natural o inducida. Esto permite que luego de su desarrollo, pueda incorporarse al mercado rápidamente, sin la necesidad de atravesar un largo y costoso proceso de regulatorio, lo que la transforma en una tecnología accesible para instituciones públicas y pequeñas y medianas empresas. En este sentido, la Resolución 173/15[1] del Ministerio de Agricultura, Ganadería y

Pesca de la Argentina establece: “para que un cambio genético sea considerado una nueva combinación de material genético, se analizará si se ha producido una inserción en el genoma en forma estable y conjunta de UNO (1) o más genes o secuencias de ADN que forman parte de una construcción genética definida”). Otros países como Brasil[2] y Chile[3] se han sumado a este concepto con sendas resoluciones. Adicionalmente, países como Uruguay, Paraguay y Colombia están avanzando en el mismo sentido.

A diferencia de Estados Unidos y de los países de nuestra región, mencionados anteriormente, la comunidad europea nuevamente se encuentra en una posición contraria, ya que existe un fallo de la Tribunal Supremo de Justicia que establece que todos los productos originados mediante edición génica deben ser considerados organismos genéticamente modificados. Sin embargo, a pesar de esto, la comunidad científica de Europa realizó una declaración abierta al Parlamento y la Comisión europea para que se revea esta decisión[4].



Figure 4. Enfoques y países con marco regulatorio similar. Argentina 2015; Chile 2017; Brasil 2018; Colombia 2018. Lic. Agustina Whelan- Dirección Nacional de Biotecnología.

Presentación 5. Edición génica con CRISPR/Cas9: acelerando el mejoramiento de cultivos. Sandra Patricia Valdés; J. Tohme; P. Chavarriaga. CIAT – Colombia. Alianza Bioversity Internacional - CIAT. AA.6713, Cali, Colombia.

La edición génica es una herramienta poderosa y eficaz para la validación y modificación de genes. En la Plataforma de Mejoramiento Avanzado de la Alianza Bioversity Internacional- CIAT, nos hemos enfocado en el uso de CRISPR/Cas9 para cuatro cultivos: yuca, arroz, cacao y frijón; en arroz se ha realizado la validación de los genes AGO4, TDF1 y EA, para mejoramiento. Estos genes fueron validados por su participación en resistencia a enfermedades, esterilidad masculina y femenina respectivamente. De igual manera se obtuvieron líneas editadas para el gen GBSSI, las cuales presentaron granos con mayor contenido de amilopectina (tipo waxy), dichas líneas pueden ser consideradas variedades de interés para la industria de salsas y aderezos, así como para arroz tipo Sushi.

Así mismo, se obtuvieron líneas editadas para el gen GN1A, con una producción de 25% más de granos comparados con el control no editado; dicho gen es un regulador negativo de las hormonas de crecimiento y diferenciación como las citoquininas, que al ser inactivado produce plantas con mayor número de panículas efectivas y mayor número de granos por panículas, característica típica de las variedades Indicas. En colaboración con otras instituciones hemos caracterizado líneas editadas de arroz resistentes a *Xanthomonas oryzae*, agente causal del añublo bacteriano, las cuales mostraron resistencia a diferentes

cepas de *Xanthomonas*, que hoy se encuentran en campos confinados del CIAT para evaluación agronómica y su posible uso en la introgresión de dicha resistencia a variedades latinoamericanas.

Estudios previos en el laboratorio han demostrado que el uso de CRISPR/Cas9, funciona de una manera reproducible y confiable en yuca. En dicho cultivo, la prueba concepto se realizó sobre callo embriogénico friable (CEF) generados a partir de un evento transgénico de yuca GUSPlus™ positiva. Este explante fue transformado con un vector binario CRISPR, diseñado para interrumpir la expresión del gen GusPlus™. Hoy tenemos en el campo más de 100 líneas de yuca editadas en el gen GBSSI para producir almidón tipo waxy. El uso de CRISPR/Cas9 se ve limitado por los procesos de transformación genética, por esta razón, paralelo a los trabajos realizados en edición para arroz y yuca, también se están desarrollando protocolos de transformación y edición para cacao y frijol.

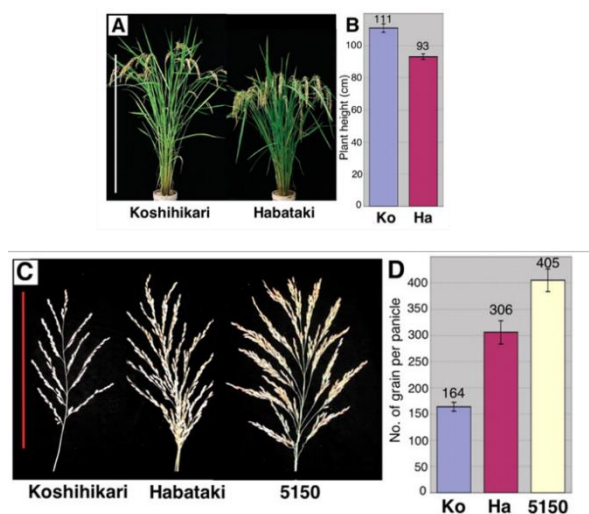


Figura 5. Mayor número de granos por panícula en arroz. Ashikari et al 2005.

Presentación 6. El desafío de la Edición de Genomas en Argentina y la Región. Sergio Feingold. Laboratorio de Agrobiotecnología de la EEA Balcarce. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria - INTA - Argentina.

La selección de genotipos superiores -plantas o animales-, siempre ha dependido de la existencia de diversidad genética. Desde la domesticación de especies, la variabilidad genética natural causada por mutaciones, poliploidización y cruzamientos a lo largo de la evolución, se ha ido reduciendo como consecuencia inevitable de la selección de individuos con características favorables. Distintas tecnologías han posibilitado la re-introducción de variabilidad a partir de cruzamientos (intra- o inter-específicos) realizados por el hombre, la inducción de mutaciones y más recientemente la ingeniería genética. Estas técnicas son herramientas básicas en el mejoramiento.

Hace unos 20 años, la ingeniería genética abrió la posibilidad de superar la incompatibilidad sexual de cualquier organismo vivo, para incorporar genes provenientes de cualquier organismo, incluso de diferentes reinos, generando organismos genéticamente modificados (OGM) también denominados transgénicos. Desafortunadamente, esta técnica no ha rendido todo su potencial, probablemente, los principales factores que pueden explicar este hecho son: i) una percepción pública negativa –e inesperada-

ii) la existencia de genotipos o especies recalcitrantes para ser transformados o regenerados y iii) el estricto y costoso proceso de desregulación para poder comercializar genotipos mejorados.

Este tercer factor ha contribuido a que los denominados “desarrollos biotecnológicos”, hayan estado concentrados en unas pocas empresas de presencia mundial, con poca participación relativa de entidades de investigación pública (Universidades, INIAs). La Edición Genómica (EG) constituye un avance significativo en las tecnologías de modificación genética, con su consecuente impacto en la introducción de la variabilidad; posee el potencial de realizar modificaciones en la secuencia de ADN dirigidas a genes específicos para alterar su expresión (apagarlos o sobre-expresarlos), reemplazar alelos e introducir transgenes en sitios específicos en el genoma. Se estima que esta técnica puede reducir drásticamente los tiempos del mejoramiento y puede producir una modificación radical en los programas de mejoramiento, tanto en animales como en plantas de reproducción agámica (como la papa, el banano, la yuca, la caña de azúcar o la vid, entre otros, todos cultivos de importancia para la región).

La EG presenta desafíos técnicos, especialmente si se requiere la expresión transitoria de la maquinaria de la edición. La ausencia de secuencias genéticas foráneas puede determinar que los organismos mejorados no presenten requisitos reglamentarios especiales como los transgénicos para su comercialización. La ausencia de marcadores de selección, plantea tanto una ventaja desde la percepción pública de los alimentos mejorados por esta técnica, como un cuello de botella que implicará un esfuerzo significativo en la identificación de la descendencia "editada". Los avances en la secuenciación de genomas de importancia agropecuaria, la identificación acabada de los genes -sus funciones y regulaciones-, se presenta como un requisito previo para la identificación las secuencias objetivo y de qué manera la edición cambiará su expresión.

Además, las secuencias de genomas completos de buena calidad permiten minimizar la posibilidad de que la maquinaria de edición génica realice cambios en regiones no deseadas ("off target"). Asimismo, se revaloriza el conocimiento de las variantes alélicas de origen natural y su impacto en el fenotipo, ya que a partir de esta información, se puede dirigir el reemplazo alélico en variedades y razas ya mejoradas, con el objetivo de eliminar de las poblaciones de mejoramiento genes deletéreos y enriquecerlas en alelos favorables.



Figure 5. Pardeamiento enzimático en papa

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Sergio_Feingold.pdf

Presentación 7. Mejoramiento genético animal en Argentina. Nicolás Crescencio Mucci. INTA - Argentina.

Desde que el hombre comenzó a domesticar a los animales, efectuó una presión de selección lo suficientemente fuerte como para generar cambios en el genoma. Hoy se cuenta con tecnologías precisas, de relativa facilidad de aplicación y bajo costo que permiten generar cambios tan, o aún más profundos a los mencionados, de una generación a la otra. Estas tecnologías, denominadas en términos generales "edición génica", son las que, en el presente, posibilitan una nueva forma de manipular la genética y epigenética animal, posibilitando la generación de individuos con aptitudes imposibles de lograr por técnicas de mejoramiento genético convencional.

En los últimos años, estas herramientas han mostrado un gran número de campos de aplicación en áreas de producción vegetal, producción animal y salud humana. El INTA, desde finales de 2012, se encuentra trabajando en edición génica sobre bovinos con el objetivo final de producir leche hipoalérgica para consumo humano. Más recientemente, se comenzó a trabajar sobre la especie porcina con el propósito de obtener animales con mayor desarrollo corporal. Ambos casos, se consideran plataformas tecnológicas básicas, para el desarrollo de investigaciones tecnológicas futuras. Se espera que, en los próximos años, el perfeccionamiento de estas técnicas sobre la base de resultados concretos, permita su utilización sin restricciones, para proceder en la búsqueda y logro de un equilibrio entre necesidades y oportunidades.



Figure 6. Producción *in vitro* de embriones porcinos como base para la edición génica

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Nicolas_Mucci.pdf

Presentación 8. Mejoramiento genético vegetal en Chile. Humberto Prieto. INIA - Chile.

En el año 2014 se inicia un proyecto cuya finalidad es implementar tecnologías de ingeniería genética que surgen en la época como nuevas alternativas a la tecnología de los denominados transgénicos. Las Nuevas Tecnologías de Mejoramiento Genético (NBTs), denominadas así porque son concebidas como un aporte a esta área de la agricultura, vienen a sumar desarrollos tecnológicos clásicos y nuevos en el área de la agricultura, con base en nuevos hallazgos científicos. Nuestro programa surge con el objetivo de desarrollar tecnología en el ámbito de las especies frutales leñosas, como los son vides y Prunus. Dada nuestra trayectoria, las tecnologías incluidas en nuestra agenda contemplaron la interferencia por RNA (RNAi) y edición por nucleasas. En el transcurso del nuestro trabajo, la edición génica mediada por nucleasas, inicialmente a través de TALEN y luego abordada a través de CRISPR-Cas, es que desarrollamos la tecnología en el país, y la aplicamos a dichas especies.

Durante el desarrollo de esta tecnología, nuestro programa generó nueva tecnología basada en CRISPR, proponiendo el uso ex profeso de doble guías de RNA, elementos básicos de la edición, lo que lleva a la eliminación de segmentos génicos que permiten asegurar el cese de la función de un gen. Como pruebas de concepto, desarrollamos poblaciones de individuos de vid 'Thompson Seedless' editados para genes vinculados a la susceptibilidad a enfermedades. Abordamos la eliminación de funciones génicas asociadas sensibilidad (técnicamente referida como susceptibilidad) a patógenos a través de CRISPR-Cas9, generando poblaciones de individuos editados de forma específica por la nucleasa. Dichos genes son el transportador de azúcares SWEET4, selectivamente secuestrado por patógenos fúngicos y bacterianos para usar la fuente de azúcares de la planta, el regulador negativo de defensa a hongos y bacterias ATAF1, la citocromo b AIR12 que participa en procesos oxidativos asociados a infecciones, y el represor transcripcional DELF1, que actúa como represor de sistemas defensivos de la planta que utilizan ácido salicílico.

En el curso de nuestro desarrollo experimental, también dimos paso al desarrollo teórico de CRISPR en estas especies, generando un servidor (público) que simula tanto on- como off-targets en los genomas sometidos a experimentación.



Figure 7. Our first grapevine edited populations for fungal tolerance - SWEET4, Ataf1, Air12, Del

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Humberto_Prieto.pdf

Presentación 9. Mejoramiento genético animal en Chile. Andrés Carvajal. INIA - Chile.

Chile se caracteriza por poseer una ganadería que se desarrolla en una variedad de ecosistemas que van desde el desierto en el norte grande, y praderas extensas en la zona sur y Patagonia. De allí la importancia de contar con evaluaciones genéticas locales, que permitan identificar los mejores animales a utilizar como reproductores. No obstante esta necesidad, no existen programas nacionales de evaluaciones genéticas para los principales rubros productivos, esto es, bovinos de leche y bovinos de carne. Estas producciones se desarrollan en la macrozona sur del país e incluye las regiones de la Araucanía, Los Ríos y Los Lagos.

La disponibilidad de germoplasma superior proviene del uso de la inseminación artificial (IA) para los bovinos de leche, y el uso principalmente de reproductores en pie para los bovinos de carne. INIA Chile comenzó en 2013 a instalar las bases de un programa de mejoramiento para bovinos y ovinos de carne, con una estructura de núcleos genéticos dispersos, vinculando el uso de reproductores en distintos rebaños de la institución. Las razas que conforman son Angus (rojo y negro) y Hereford para los bovinos, y Suffolk down, Border Leicester, Poll Dorset, Merino precoz, Texel, Corriedale y Chilota (raza criolla) en ovinos.

El programa incluye la identificación única de cada individuo, el registro de datos productivos (ej: peso al nacimiento, peso al destete) y evaluación genética mediante BLUP, para así identificar aquellos animales superiores y realizar la asignación de reproductores a cada rebaño, considerando parámetros de cosanguinidad. Este 2019 se realizó por vez primera el genotipado a gran escala de dos rebaños bovinos Angus, utilizando el panel Bovine SNP50 de modo, incluido en las evaluaciones de información genómica. En este ámbito de genética molecular, se han realizado varios trabajos utilizando marcadores moleculares de tipo SNP para diversas características relacionadas a producción de leche y carne. Por ejemplo, la distribución de los marcadores DGAT1 y SCD1 en rebaños lecheros y su incidencia en producción de leche, el contenido de sólidos totales y el perfil de ácidos grasos de la leche, o el marcador TLR4 y la susceptibilidad de bovinos lecheros a mastitis.

Otra área de interés y donde se tienen avances es el rescate, caracterización y valorización de los recursos genéticos animales (RGA) locales, principalmente ovinos. INIA en especial ha dedicado esfuerzos para caracterizar y valorizar razas ovinas criollas presentes en el sur de Chile (Oveja Chilota, Oveja Kunko), logrando inscribir oficialmente dichos biotipos como raza y obteniendo algún sello de origen (Indicación geográfica (I.G.) para el cordero Chilote). De esta forma se ha aportado a la sostenibilidad de dichos sistemas productivos ovinos que mayoritariamente están en manos de agricultores de pequeña escala (AFC) y/o comunidades indígenas.

En el ámbito de las biotecnologías reproductivas, la clonación ha sido utilizada desde el año 2007 principalmente en universidades (también INIA), pero siempre a nivel de investigación y/o académico, logrando generar bovinos que han tenido una sobrevivencia variable. No obstante y dado las barreras a la comercialización de putativos productos generados mediante esta técnica (animales como biofactorías), existe interés en la aplicación de la edición genética como una herramienta moderna y de mejor aceptación de parte del mercado y los consumidores. En este sentido, ya en 2018 se presentaron los primeros avances en el uso de esta biotecnología en fibroblastos bovinos, para la generación de leche con menor contenido de proteínas potencialmente alergénicas (U. La Frontera).

Alergia a la leche por B-CSN

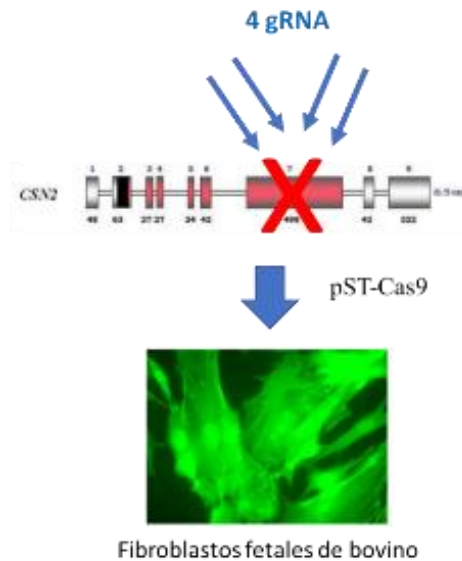


Figure 8. Primer enfoque de edición génica en ganadería

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Andres_Carvajal.pdf

Presentación 10. Mejoramiento genético vegetal en Colombia. Víctor Manuel Nuñez Zarantes y Luz Stella Barrero Meneses. AGROSAVIA – Colombia.

Colombia es uno de los países megadiversos del planeta. La Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA, es responsable de la administración y salvaguarda de los recursos genéticos de Plantas, Animales y Microorganismos para alimentación y agricultura de la nación colombiana. AGROSAVIA contribuye al conocimiento y uso sostenible de estos recursos genéticos, mediante la implementación de métodos convencionales y modernos, como por ejemplo, la selección fenotípica convencional o el mapeo por asociación usando marcadores, basados en secuencia de última generación para algunos cultivos como la papa, la uchuva y el cacao.

AGROSAVIA también ha contribuido al desarrollo de programas de mejoramiento genético en diferentes especies de cultivo, a partir de lo cual ha generado variedades adaptadas a nichos productivos del país. Dentro de estas se destacan cultivares liberados de especies de cultivos transitorios (maíz, algodón), perennes (palma de aceite, cacao) frutales (Uchuva, marañón, guayaba), raíces y tubérculos (papa, arracacha, yuca), leguminosas (Frijol, soya) y hortalizas (berenjena, ajo) entre otras.

Recientemente, AGROSAVIA ha iniciado, a través de colaboraciones internacionales con la Universidad de Cornell, la Universidad de Minnesota y el USDA-ARS, con tecnologías de edición de genomas que involucran el sistema CRISPR-Cas9. Se está trabajando la especie arroz, como modelo para el mejoramiento de la tolerancia a estreses abióticos, particularmente la eficiencia en el uso del fósforo y la calidad del grano en cultivares adaptados a las condiciones de suelos ácidos y mejorados de la Altillanura de los Llanos Orientales de Colombia. Se presentan los avances generados hasta el momento y las posibilidades de continuidad a través del fondo de semillas FONTAGRO.

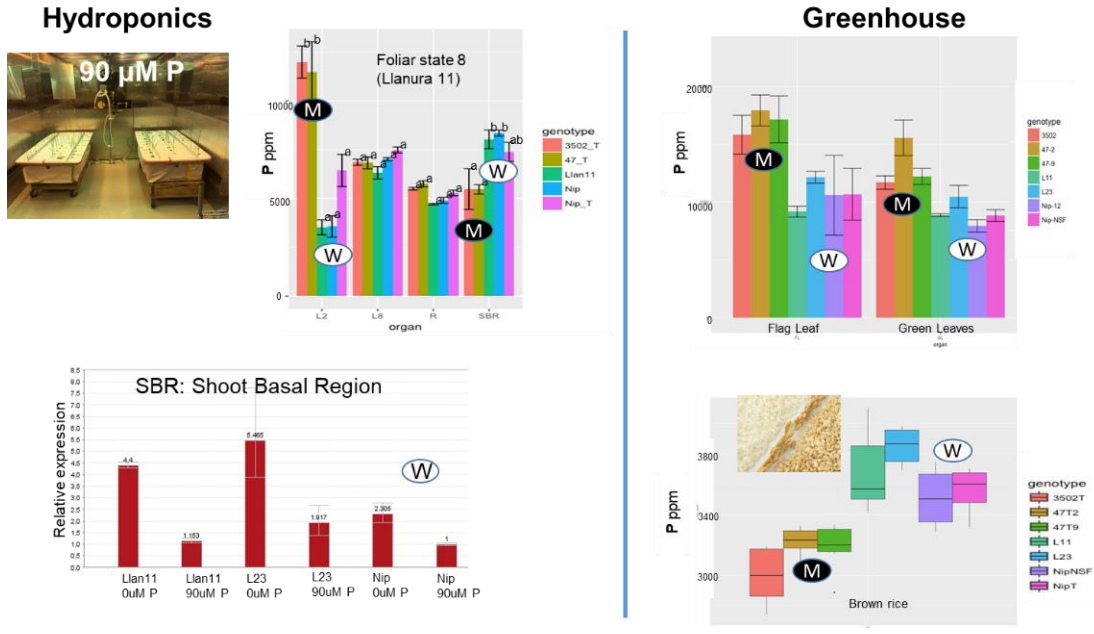


Figure 9. SPDT phenotype and expression in Colombian cv. Similar to wild-type (W)

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Victor_Nun%CC%83ez_y_Luz_Stella_Barrero1.pdf

Presentación 11. Avances en selección Genómica y edición génica en Colombia. Rodrigo Alfredo Martínez Sarmiento. AGROSAVIA - Colombia.

En el presente resumen, se ilustran los trabajos realizados en AGROSAVIA en el área de genética de las razas criollas, en aspectos relacionados con la conservación de bancos de germoplasma, la multiplicación de poblaciones mediante el plan de fomento, que llevo a obtener poblaciones superiores a las 100 ganaderías y más de 6000 registros de información genealógica y productiva, además se realizaron diferentes tipos de caracterización genómica, utilizando genotipado a gran escala, se determinó estructura poblacional, distancias genéticas, además de realizar análisis GWAS para identificar regiones del genoma, que controlan características como: crecimiento, desempeño reproductivo y adaptación; finalmente, las estrategias de selección, utilizando información genómica en el programa de mejoramiento, permitió la selección de candidatos para procesos de edición genómica, que permite en un futuro obtener una raza con mejor desempeño productivo, pero manteniendo sus capacidad de adaptación al trópico cálido Colombiano.

Se incluyen también los procesos de selección genómica para la raza Cebú Brahman, donde se tiene una plataforma de información genómica con más de 4500 animales genotipados, se predicen valores genéticos para 4n1 caracteres y se realiza asesoría a productores para uso de la plataforma, finalmente en la raza Simmental, se construye una plataforma de información genómica, trabajo realizado directamente con la asociación de productores y enfocado a la multiplicación de animales genéticamente superiores, que pueden ser obtenidos utilizando herramientas reproductivas de última generación.

Finalmente para el procesos de edición génica, esta metodología se realizará en células bovinas de la raza BON, que se llevará a cabo mediante la evaluación de dos sistemas de edición y dos tipos de célula. Se utilizarán plásmidos con la proteína Cas9 y el RNA guía y ribonucleoproteínas (RNP) acopladas al sgRNA sintetizado in-vitro. El ADN o las RNPs serán transfectadas en células de fibroblastos o células de médula ósea. De esta forma, se espera evaluar la eficiencia de edición, repetibilidad y efecto OFF-Target de cada una de las metodologías en los sistemas celulares elegidos.

En conclusión se indica que las llamadas tecnologías ómicas junto con la genética cuantitativa y finalmente la edición génica se pueden integrar en un proceso completo de selección para acelerar el progreso genético y poder obtener poblaciones animales de alta productividad y adaptadas a las condiciones del trópico colombiano.

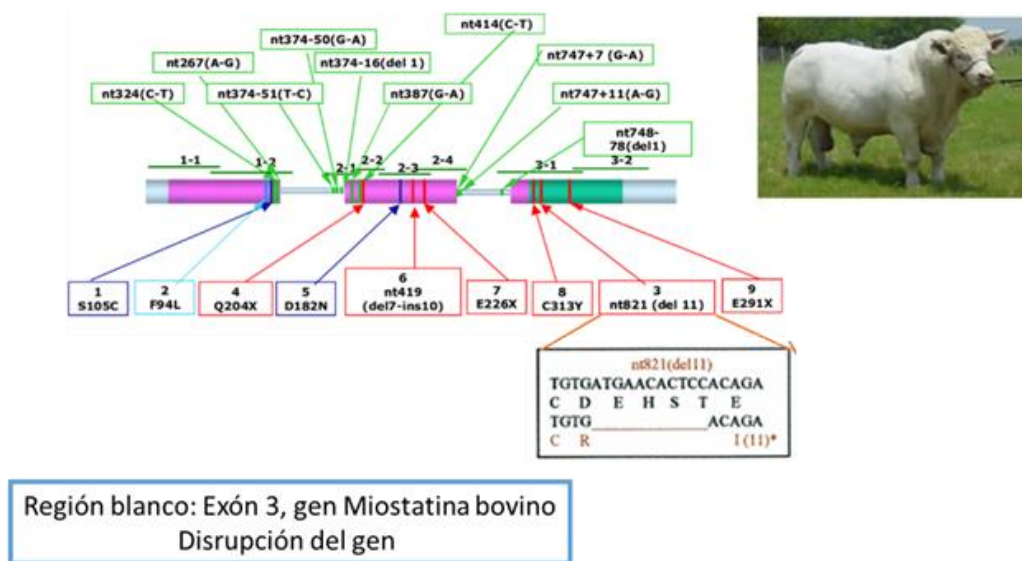


Figure 10. Disrupción del gen de la miostatina

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Rodrigo_Martinez.pdf

Presentación 12. El mejoramiento genético vegetal en Ecuador. Elisa Quiala Mendoza; Eduardo Sánchez Timm. INIAP / ESPOL - Ecuador.

El mejoramiento genético vegetal en el Ecuador, ha sido en mayor medida una responsabilidad que ha estado a cargo del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP); aún cuando existen resultados discretos en el sector académico e instituciones privadas relacionadas con la rama agrícola, es el Instituto quien ha marcado por más de 60 años el avance que percibe hoy el país, en materia de desarrollo y entrega de materiales mejorados al agricultor ecuatoriano. La cifra supera los 274 materiales, entre híbridos, clones y variedades en diferentes rubros como: arroz, banano, plátano, cacao, papa, café, palma africana, caucho, cereales, forestales, frutales, entre otros.

El método de mejora más utilizado ha sido el convencional, aunque en los últimos 15 años, la incorporación de herramientas biotecnológicas ha permitido caracterizar germoplasma cultivado y silvestre, generando información valiosa para los proyectos de mejoramiento genético y se han desarrollado protocolos de regeneración de plantas in-vitro vía organogénesis, embriogénesis somática y cultivo de anteras en diferentes cultivos. Sin embargo, aún resta implementar técnicas modernas de ingeniería genética que complementen estos estudios e impulsen el mejoramiento genético asistido por biotecnología.

El limitado avance en tema de ingeniería genética, se debe a que el marco regulatorio sobre los productos (transgénicos) es complejo debido a nuestras leyes. La constitución de la República, en su artículo 401 declara al Ecuador un país libre de cultivos y semillas transgénicas, permitiendo la investigación "excepcionalmente, y sólo en caso de interés nacional...", por lo que legalmente no existen cultivos transgénicos en el campo. Sin embargo, el reglamento al código orgánico del ambiente del Ecuador,

declara que se consideran “excepciones a organismos provenientes de mejoramiento genético que no posean ADN recombinante o foráneo en el genoma resultante”. De esta forma la edición de genes abre una nueva oportunidad para la generación de cultivos no transgénicos, usando New Breeding Techniques (NBTs), y cuya posibilidad de uso en el campo es aún mayor que los organismos transgénicos.

Esta tecnología (RNP; Ribonucleoprotein), no implica la introducción de un gen foráneo para el mejoramiento de las especies, por lo que los productos obtenidos (organismos editados), no deberían considerarse de la misma manera que un organismo transgénico, lo que permitiría impulsar de manera rápida los programas de mejora genética sin incumplir con el marco regulatorio establecido.

Para lograr este objetivo el INIAP debe asociarse con instituciones cuyo equipo de investigación posean conocimientos y experiencia en el uso de técnicas de ingeniería genética y biología molecular. En este sentido, es estratégica la alianza con el Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE), perteneciente a la Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), que cuenta con la fortaleza de tener especialistas, con experiencia en cultivo de tejidos, ingeniería genética y análisis de tolerancia a estrés en arroz, banano y otros organismos modelos, contando con las bases para la implementación de la plataforma de edición génica en estos cultivos de importancia para el país y la región.

Otra alianza importante la tendríamos con la Corporación Colombiana de Investigación agropecuaria-AGROSAVIA y la Universidad de Cornell, USA, este último como oferente de la tecnología CRISPR/Cas9 con tecnología RNP. La conferencia presentada aborda los logros alcanzados en el mejoramiento genético vegetal en el Ecuador, principalmente a través del INIAP y del CIBE-ESPOL, así como las potencialidades que tienen ambas instituciones para integrar la plataforma regional de Edición génica solicitada a los Fondos Semillas-FONTAGRO.

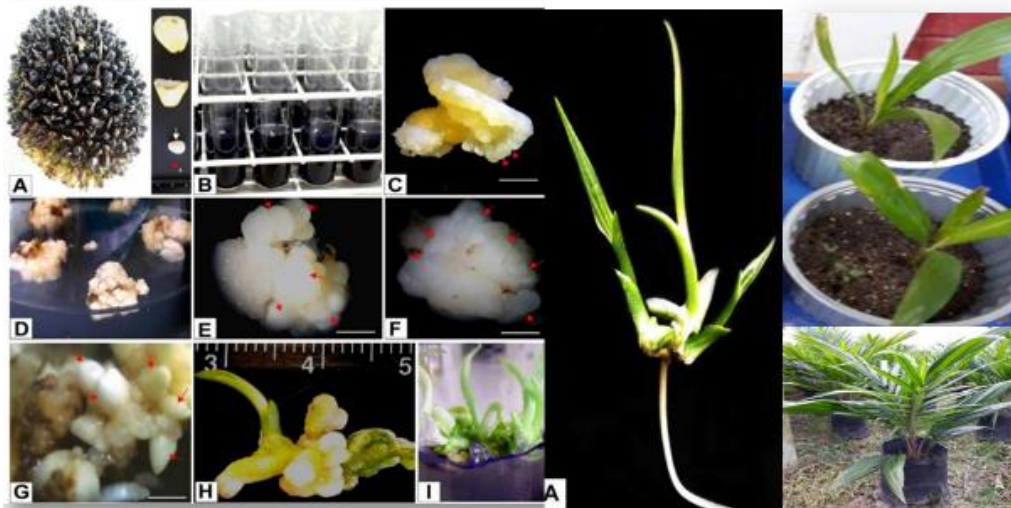


Figure 11. Proceso in vitro y Plantas ex vitro del híbrido INIAP-Tenera obtenidas via embriogénesis somáticas

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Elisa_Quiala_y_Tatiana_Chavez.pdf

Presentación 13. Mejoramiento genético vegetal en INIA. Victoria Bonnacarrere. Investigadora Principal, Unidad de Biotecnología, INIA - Uruguay.

El INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria) lidera los trabajos en mejoramiento genético vegetal en Uruguay. En ella se ejecutan programas de mejoramiento genético en soja, arroz, trigo, cebada, y diferentes especies citrícolas, frutícolas, hortícolas, forrajeras y forestales. En lo que respecta a edición génica, INIA tiene proyectos vinculados al mejoramiento en tomate, mandarina y soja. Soya es el principal cultivo extensivo de Uruguay, produciendo principalmente especies transgénicas resistentes a glifosato.

Últimamente, se ha comenzado a incursionar en el mercado de soja no transgénica, con calidad nutricional mejorada. Por esta razón el programa de mejoramiento de INIA esta dividido en dos subprogramas, soja transgénica y soja no transgénica. Este programa forma parte de la Red Nacional de Biotecnología Agrícola, constituida por las principales instituciones públicas de investigación (INIA, Universidad de la República y el IIBCE) y 5 empresas del sector privado. La estrategia de investigación de dicha red se describe en la figura 13.

En el marco de esta Red se han adquirido o mejorado las capacidades de generación de soja transgénica y de edición génica en soja. Los caracteres principales que se buscan mejorar con estas metodologías, esta vinculados a la tolerancia a sequía y a la mejora de la calidad nutricional del grano. Se ha puesto especial énfasis en la edición génica libre de ADN y en la búsqueda de sistemas de transformación génica mas eficientes.

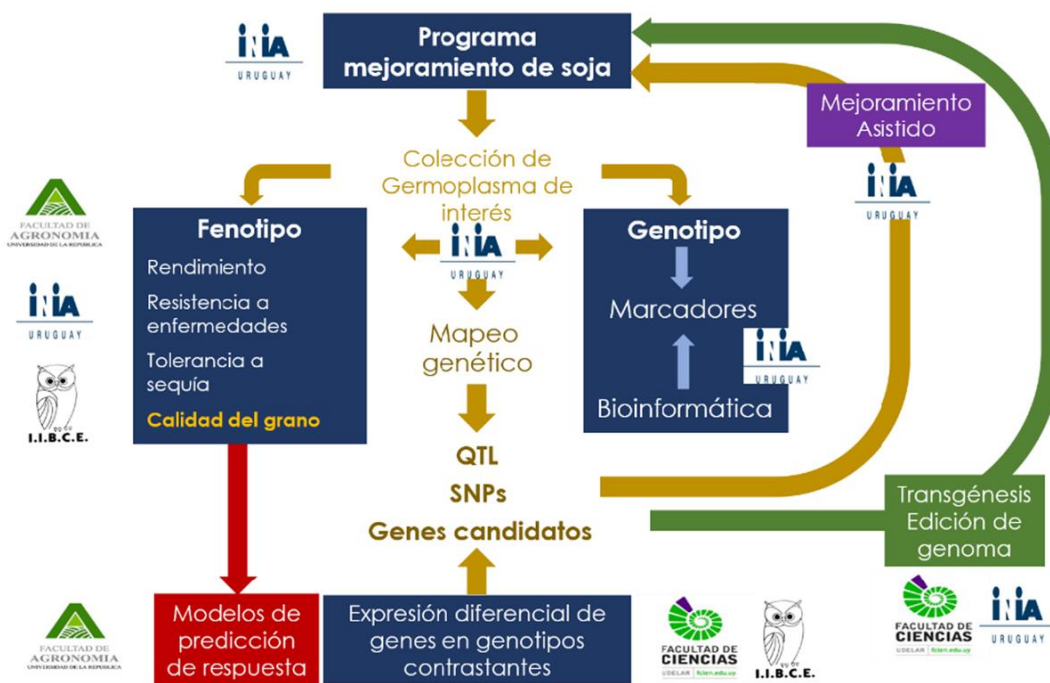


Figure 12. Programa de mejoramiento genético en soja

https://www.fontagro.org/new/uploads/adjuntos/Victoria_Bonnacarrere.pdf

Lecciones aprendidas

1. El taller es una gran herramienta para la preparación final de las propuestas
2. Llegar al taller con borrador de las propuestas previamente discutidas, aunque sea un esquema, facilitó la discusión y formulación final mediante una interacción enriquecedora.
3. La interacción de los participantes, independiente de su campo temático especializado, es fundamental para generar visión hacia posibles colaboraciones futura.
4. El conocimiento de lo que hacemos en los programas de mejoramiento de los países participantes, es una base importante para entender lo que se puede proyectar de manera conjuntamente en una plataforma de colaboración.
5. La edición de genes, puede abrir la ventana que necesita Ecuador para ampliar el alcance de sus programas de mejoramiento genético, para obtener oferta tecnológica como producto de la biotecnología en la población ecuatoriana.
6. La edición génica en vegetales y animales presenta una amplia gama de aplicaciones, sin embargo es necesario poner a punto tecnologías que apoyan esta estrategia.
 - De acuerdo con la información recibida mediante las diferentes presentaciones de los expertos invitados y de los representantes de los países participantes, el trabajo colaborativo entre entidades permitirá llevar a buen término el desarrollo de la investigación en limitantes de interés común.
7. La revisión del estado del arte, constituye un insumo previo fundamental para el ajuste del proyecto final.
8. Trabajar en equipo evita la duplicidad de esfuerzos y permite avanzar con mayor eficiencia en la búsqueda de resultados para afrontar problemas de común interés.
9. Se tiene la experiencia, los medios, la infraestructura y sobre todo el entusiasmo para desarrollar trabajos de edición génica en América Latina.
10. El taller fue interesante, pero algo extenso pues algunas presentaciones mostraron demasiado detalle.
11. La edición génica en plantas está más cerca de la aplicación comercial que la edición génica en animales.
12. La jornada del miércoles 16 resultó muy rica para conocer los distintos enfoques de la edición génica en plantas y animales en muchos países.
13. Se evidenciaron puntos clave en la aplicación / desarrollo de edición génica, excelentes oportunidades y fortalezas que nos pueden encaminar hacia productos finales claves.
14. Se conocieron las capacidades, fortalezas y necesidades de los países del cono sur y la región andina como línea base para la generación de la propuesta.
15. El conocimiento y la multidisciplinariedad, permiten crear grupos capaces de aumentar sus logros en tiempos y con resultados superiores a los comunes.
16. Las capacidades para el cultivo de tejidos de plantas en estos países están claramente establecidas que la aplicación de la edición de genes debería ser sencilla, excepto por la regulación.
17. Las capacidades mostradas por los países nos indican que el proyecto aterrizará en un campo fértil para lograr los objetivos planteados. No estamos en ceros, hay diferentes niveles, pero se tiene la base necesaria para establecer e implementarlas la tecnología.

Conclusiones

La interacción entre investigadores de las instituciones participantes vinculadas a las propuestas, universidades y empresas del sector privado, permitió crear un ambiente de posibles colaboraciones, no solo para el sostenimiento de la plataforma que se implemente, sino también para otros proyectos y capacitaciones puntuales en nuevas tecnologías.

La discusión en la formulación de los proyectos consensuados, permitió mostrar las experiencias y capacidades de los participantes en la definición y priorización de las líneas de trabajo para la conformación de la plataforma a través de la ejecución de las propuestas, una vez sean financiadas hacia futuro, a través de un proyecto consensuado donde se podrán articular próximas actividades de la plataforma.



Foto 6. Presentaciones expertos Taller de Edición Génica



Foto 7. Amenizando la cena de cierre del taller. Cortesía del grupo de musical Rock LITOCROMÍA

Referencias

Bastiaansen, J., Bovenhuis, H., Groenen, M., Megens, H., Mulder, H. (2018). The impact of genome editing on the introduction of monogenic traits in livestock. *Genetics Selection Evolution*, 50(1): 18.

Feingold, S.E, Bonnacarrère, V., Nepomuceno, A., Hinrichsen, P., Cardozo Tellez, L.5., Molinari, H., Barba, P., Eyherabide, G.1., Ceretta, S.2., Dujack, C.5. 2017. Edición génica: una oportunidad para la región. DEBATE RIA / Trabajos en prensa.

Gaj, T., Gersbach, C.A., and Barbas, C.F. (2013). ZFN, TALEN, and CRISPR/Cas-based methods for genome engineering. *Trends Biotechnol.* 31:397–405.

Hua K., Zhang J., Botella J.R., Ma C., Kong F., Liu B., and Zhu J.-K. (2019). Perspectives on the Application of Genome-Editing Technologies in Crop Breeding. *Mol. Plant.* 12, 1047–1059.

Biografía de los participantes

LUZ STELLA BARRERO MENESES



Licenciada en Biología y Química de la Universidad del Tolima, Colombia. Maestra en Microbiología de la Universidad de los Andes, Colombia. Doctorada en Genética de plantas de la Universidad de Cornell, USA. Investigadora de AGROSAVIA con experiencia en genética y biología molecular, con énfasis en el conocimiento y uso de los recursos genéticos, como apoyo a esquemas de mejoramiento de diferentes especies v.g. palma de aceite, papa, frutales, cultivos transitorios. Ha utilizado tecnologías de fenotipificación y genotipificación convencionales y modernas v.g. secuenciación del ADN o ARN, sistemas automatizados en frutos y raíces, entre otros, para la identificación y aislamiento de genes asociados con características de interés. Ha sido investigadora posdoctoral e investigadora visitante en la Universidad de Cornell, con énfasis en clonación de QTLs, genómica de solanáceas, genotipificación por secuenciación, mapeo por asociación y edición de genomas en cereales. Fue asesora de la Dirección

de Investigación y jefe del Departamento de Agrobiodiversidad en AGROSAVIA, donde contribuyó a la administración y manejo de los recursos genéticos para alimentación y agricultura de la nación colombiana, al análisis y recomendación de talento humano a nivel de PhD para su vinculación a AGROSAVIA y al establecimiento de alianzas estratégicas para el aprovechamiento sostenible de la biodiversidad. Ha conseguido financiación para 25 proyectos IDi. Ha participado en 60 congresos, cursos, talleres y misiones técnicas. Ha formado 37 estudiantes de pregrado, posgrado, jóvenes investigadores y técnicos. Ha realizado 64 publicaciones a nivel de resúmenes, capítulos de libro, libros y artículos científicos nacionales e internacionales.

HENRY ALEXANDER CORDOBA NOVOA



Ingeniero Agrónomo de la Universidad Nacional de Colombia – Bogotá, con más de cuatro años de experiencia en el área de biología molecular. Conocimiento y experiencia en bioinformática, interacciones moleculares planta-microorganismos, técnicas moleculares de transformación genética y diseño de experimentos. Ha trabajado en proyectos de investigación relacionados con la caracterización de materiales genéticos de tomate cherry para la sabana de Bogotá, respuestas fisiológicas de plantas de fresa bajo estrés hídrico y caracterización de comunidades microbianas resistentes a cadmio asociadas al cultivo de cacao. Realizó una estancia de investigación en el Instituto Chino de Genética y Biología del desarrollo en Beijing, trabajando en edición de genomas de plantas. Su trabajo estuvo enfocado en la tecnología de CRISPR/Cas9 y edición puntual de bases, generando y evaluando caracteres de interés agronómico, como resistencia a herbicidas en arroz y trigo. Actualmente se encuentra vinculado al Laboratorio de Genética Molecular de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA

C.I. Tibaitatá. Adelanta procesos de genotipificación, caracterización de plantas y microorganismos de interés agropecuario, pruebas de diagnóstico molecular, secuenciación de nueva generación y edición genética en bovinos.

ELISA QUIALA MENDOZA



Ingeniera en Agronomía, con una maestría en Biotecnología Vegetal y un doctorado en Ciencias Agrícolas mención Biotecnología Vegetal. Ha trabajado en el cultivo in vitro de células y tejidos vegetales, por más de 25 años con técnicas como la organogénesis y la embriogénesis somática en medios de cultivo semisólido y líquidos, la propagación masiva en biorreactores de inmersión temporal. Ha trabajado con diferentes especies tropicales y subtropicales dentro de ella se destacan: caña de azúcar, plátanos y plátanos, papa, café, yuca, coco, orquídea, diferentes especies de cactus, especies cubanas nativas y endémicas, medicinales y aromáticas, especies forestales (teca, caoba, pino, eucalipto). Desarrolló sus estudios de doctorado en la Universidad de Oviedo, España a través de dos becas otorgadas por la Agencia Española de Cooperación Internacional para el Desarrollo (AECID). Ha sido coordinadora de proyectos de investigación. En el área de la docencia, ha sido profesora de cursos de posgrado y profesora en programas de estudio de maestría y doctorado y ha supervisado las tesis de estudiantes de maestría y doctorado. En la actualidad trabaja como Investigadora Auxiliar en el Instituto Nacional de Investigación Agrícola (INIAP), donde conduce las investigaciones biotecnológicas para el mejoramiento genético del arroz y la palma aceitera.

SERGIO ENRIQUE FEINGOLD



Graduado como Ingeniero Agrónomo en la Facultad de Agronomía de la Universidad de Buenos Aires en 1987, realiza estudios de Maestría (FAUBA) y Doctorado (FCEyN-UBA) en proteínas de reserva relacionadas con la calidad en trigo. Pionero en el país en el uso de marcadores moleculares y mapas genéticos aplicados al mejoramiento vegetal, tanto en el ámbito público como privado. Desde 1999 responsable del Laboratorio de Agrobiotecnología del Área de Investigación en Agronomía del INTA de Balcarce, especializándose en Genómica Funcional en *Solanum* sp. Participó como investigador Responsable por Argentina en el Consorcio de Secuenciación del Genoma de la Papa, publicado en la revista Nature en 2011. Los proyectos actuales del equipo de investigación que lidera, se orientan al estudio de genes responsables de la calidad industrial y nutricional de la papa y en la adaptación y uso de nuevas tecnologías de edición génica en plantas. Desde 2014, desempeña funciones como Coordinador del Programa Nacional de Biotecnología del INTA.

MAURO SEBASTIÁN MEIER



Mauro Meier es Licenciado en Ciencias Biológicas por la Universidad del Sur (UNS) de Argentina, con estudios de Doctorado en Biología en mapeo genético relacionado con la apomixis en *Eragrostis curvula*. Durante sus estudios de pregrado y posgrado, fue también docente de la cátedra de genética y biotecnología agrícola en la misma Universidad. En su trabajo en el ámbito público (UNS-CONICET), utilizó marcadores moleculares como RAPD, AFLP, SSR y SNP-GBS, para obtener una población de mapeo y generar mapas genéticos destinados al conocimiento básico de *E. curvula*. En la construcción de la población uso técnicas de cruzamiento de parentales, cultivo in vitro y el fenotipado lo realizó por estudios citoembrológicos. Actualmente trabaja en el ámbito privado, como responsable del Laboratorio Biotecnológico de la Asociación de Cooperativas

Argentinas (ACA), donde utiliza marcadores moleculares aplicados al mejoramiento genético de maíz, trigo, girasol, soja y sorgo. En el mismo laboratorio, también se realizan haploides duplicados de trigo y maíz para la ganancia de generaciones. Como responsable del área de biotecnología de la ACA, lidera proyectos de vinculación tecnológica con Universidades, el INTA y con empresas privadas orientados a estudio de genes de resistencia a enfermedades y genes, que confieran calidad industrial y nutricional a los distintos cultivos. Trabajando también en vinculación y mediante el uso de edición génica, se apunta al desarrollo de cultivos con resistencias a herbicidas y mejorar su calidad nutricional.

MARÍA VICTORIA BONNECARRERE MARTÍNEZ



Trabaja en Biotecnología Agropecuaria con énfasis en mejoramiento molecular de cultivos, principalmente soja. Ha trabajado en genotipado, mapeo genético, mejoramiento asistido por marcadores moleculares y recientemente (en colaboración con Universidad de la República) en edición génica. En el año 2013 obtuvo el título de Doctora en Ciencias Biológicas. (UdelaR, Uruguay), en 2002 el Master of Science in Molecular Biology (KUL, Bélgica) y en 1999 los títulos de Licenciada en Bioquímica e Ingeniera Agrónoma (Universidad de la República, Montevideo, Uruguay). Desde el año 2003 a 2014, fue investigadora adjunta de la Unidad de Biotecnología INIA-Uruguay y desde 2015 a la fecha, investigadora principal. Ha sido tutora de un gran número de estudiantes de grado y posgrados de la UdelaR, Uruguay. Proyectos de investigación de los últimos 5 años: Red

Nacional de Biotecnología Agrícola; aproximaciones genómicas, fisiológicas y de mejoramiento para incrementar la tolerancia a sequía en soja, mejoramiento genético de arroz, mejoramiento genético de soja, desarrollo de una plataforma de fenotipado, como base para la mejora de la tolerancia a estrés ambiental de cultivos y ajustes de modelos de simulación, búsqueda de marcadores de tolerancia/sensibilidad a sequía en plantas, mapeo asociativo para la identificación de marcadores asociados a rendimiento, calidad y resistencia a enfermedades arroz. Revistas en las que ha publicado: Photosynthesis Research, The Plant Genome, Frontiers in Plant Science, Genes, Genomes and Genetics, Plant Science, Crop Science, Euphytica, Agrociencias y EJB.

JHON JACOBO CAÑAS ÁLVAREZ



Zootecnista de la Universidad de Antioquia, tiene un máster en Ciencias Animales y un doctorado en Producción Animal con énfasis en mejoramiento genético animal de la Universidad Autónoma de Barcelona. Actualmente pertenece al grupo de investigación llamado Recursos Genéticos y Biotecnología Animal de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria – AGROSAVIA. Dentro de la Corporación se desempeña como investigador PhD desde hace cuatro años, trabajando en diferentes proyectos de conservación y mejora genética de razas criollas bovinas y ovinas. Posee competencias en el área de Genética y Mejoramiento Animal, Biomodelación, Estadística y Lenguajes de Programación con énfasis en datos de secuenciación genómica. También con criterios en gestión de proyectos, productividad y sostenibilidad, teniendo como eje central la investigación, el trabajo en equipo y la innovación. Durante los últimos años ha adquirido experiencia en el manejo de datos productivos y moleculares, para la implementación de programas de mejoramiento genético con inclusión de las más recientes herramientas de información genómica.

OSCAR DE LA ROSA



Médico Veterinario, Doctor en Biotecnología Agrícola. Investigador en el Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA) desde el 2008, Coordinador adjunto del área de Producción Animal, Coordinador del Laboratorio de Biotecnología Agrícola Animal del CENIAP. Docente e instructor a cargo de las asignaturas: biología molecular, marcadores moleculares e introducción a la genética molecular” del Doctorado en Biotecnología Agrícola del INIA-CENIAP. Docente a cargo de la asignatura: tópicos avanzados de Biología Molecular” de la Maestría en Medicina Veterinaria de la Universidad Central de Venezuela. Tutor de dos tesis a nivel de pregrado y una tesis doctoral. Coordinador del comité doctoral del Doctorado en Biotecnología Agrícola Animal del INIA-ESAT. Actividades de Investigación: Coordinador proyecto “Caracterización de tres polimorfismos del gen SLC11a1, asociados a resistencia (in

vitro) a *Brucella abortus* en rebaños bovinos Criollo Limonero y Carora”. Programa PEII. (2013-2014). Coordinador proyecto “Estrategias para fortalecer el mejoramiento genético del rebaño nacional bovino”. Código PZ-BOV-DP2. Financiamiento especial Plan Productivo Zamora. (2014-2016). Coordinador proyecto “Desarrollo de innovaciones tecnológicas para la generación de insumos estratégicos en el fortalecimiento de la seguridad y soberanía agroalimentaria”. Código SIPES 1504. (2016-2019). Coordinador Nacional Proyecto “Genetic improvement of sheep and goat in Latin American and the Caribbean region for controlling gastrointestinal parasite through genetic selection”. RLA/5/071 (ARCAL CXLIV). (2016-2019). Punto focal proyecto “Intensificación sustentable de la lechería”. FTG/RF-15940-RG. FONTAGRO (2017-2020). Ponente en diversos eventos especializados con temática vinculada a la producción animal y el mejoramiento genético. Autor-coautor en 11 publicaciones arbitradas.

YOLANDA GÓMEZ VARGAS



Médica veterinaria, con línea de profundización en Salud Pública, pasante del Instituto de Genética en el área de animales domésticos (pasantía y trabajo de tesis en diagnóstico molecular de parásitos en caninos antiexplosivos de la Policía Nacional). Máster en Ciencias Microbiología con línea de profundización en Biología Molecular de agentes infecciosos. Tesis de maestría enfocada en resistencia y susceptibilidad a garrapatas en el ganado criollo colombiano BON, becada durante el proceso de maestría. Como parte de la experiencia profesional, ha trabajado durante 10 años en el área de biología molecular, en diferentes proyectos de investigación relacionados con identificación de marcadores asociados con calidad de carne, leche, resistencia a enfermedades, caracterización y diagnóstico molecular de patógenos en animales. Actualmente, se encuentra vinculada como investigadora máster, desempeñando el rol de coordinadora de la red de laboratorios de Genética Molecular de la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA; adelanta y dirige trabajos

asociados con identificación y caracterización molecular de microorganismos, plantas y animales, empleando herramientas especializadas como genotipado a gran escala, secuenciación de fragmentos y secuenciación de nueva generación.

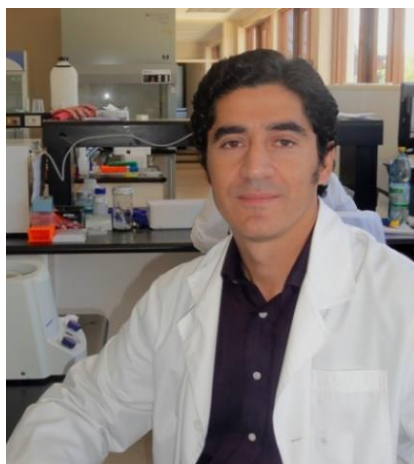
HUMBERTO GODOFREDO PRIETO ENCALADA



Bioquímico, Doctor en Bioquímica. 24 años en INIA-Chile centro La Platina, en el Laboratorio de Biotecnología. Orientado hacia las áreas de ingeniería genética de plantas, el foco de su investigación ha sido la genómica de la interacción Vid-patógenos, implementación y comprensión de la tecnología de RNA interferente en especies leñosas y silenciamiento génico, desarrollo y uso de microRNAs artificiales. Recientemente, dedicado al desarrollo de los sistemas de edición génica (CRISPR-Cas) en estas mismas especies, ampliándola en la actualidad hacia papa y arroz. Los principales productos de su investigación en los últimos años son: líneas de vid transgénicas ‘Thompson seedless’ con tolerancia a hongos; líneas transgénicas de ciruelo con resistencia a Plum pox virus utilizando silenciamiento de genes virales y también de la planta; desarrollo de un microRNA artificial para modulación de la expresión de genes; genes para péptidos con actividad antimicrobiana; sistemas de biorreactores para vides y cerezos; una plataforma web para modelamiento de flujo génico entre especies vegetales en Chile; sistemas de trazabilidad y de transmisión de datos desde el campo;

sitio web y base de datos para genomas de especies frutales y “biotools” utilizadas en las nuevas tecnologías de mejoramiento de precisión (www.fruit-tree-genomics.com). La mayor parte de estos trabajos ha finalizado en documentos de protección de su propiedad o de registro de marca (Flujo Génico); y también de forma progresiva en publicaciones de tipo técnico. Publicaciones: -Research Gate https://www.researchgate.net/profile/Humberto_Prieto. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-9013-1906>. - Scopus Author ID: 22986099900. -Loop profile: 430476- Web of Science ResearcherID B-4400-2008

ANDRES MAURICIO CARVAJAL



Bioquímico y doctor en Ciencias Biológicas (PUC). Desde 2008 investigador en el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA Chile) en el área de genética y biotecnología animal. Está a cargo del laboratorio de biotecnología de INIA Remehue en la región de Los Lagos, donde el de trabajo se orienta a la caracterización de recursos genéticos animales (RGA) locales y la identificación de animales superiores para su uso como reproductores en rebaños comerciales. Estos trabajos se basan en el uso de técnicas de biotecnología y biología molecular, principalmente el uso de marcadores genéticos de tipo SNP asociados a producción de leche y carne bovina, así como también el estudio de parámetros de genética poblacional en rebaños ovinos del sur de Chile. Su trabajo también se orienta a la agregación de valor de productos pecuarios a través del aseguramiento de parámetros de inocuidad y sanidad animal (ej: diagnóstico molecular de patógenos), y el desarrollo de estudios genéticos para la obtención de sellos de calidad como la indicaciones

geográficas y denominaciones de origen (ej: oveja Chilota, oveja Kunko). Miembro de la Sociedad Chilena de Producción Animal y la Sociedad Chilena de Genética. Más info en: <http://www.inia.cl/personal/carvajal-romero-andres-marcelo/> ; https://www.researchgate.net/profile/Andres_Carvajal2

EDUARDO SÁNCHEZ TIMM



Graduado de la carrera ingeniería agrícola y biológica de la Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), realizando trabajo de investigación sobre la estandarización de la transformación genética de células embriogénicas de banano, variedad 'Williams' (AAA), mediada por *Agrobacterium tumefaciens*, en el Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE). Una vez finalizado este trabajo de investigación, se incorporó al equipo del CIBE, y durante su participación en el proyecto de identificación de genes candidatos de resistencia a Sigatoka negra, fue acreedor de la beca Borlaug de la USDA (United States Department of Agriculture), para hacer una estancia de investigación en Louisiana State University (LSU) en Estados Unidos. Luego de culminada la estancia, por su experiencia y luego de rendir los exámenes de ingreso, fue admitido en el programa doctoral de la misma universidad, donde realizó investigación en distintos tipos de estrés en arroz, así como cultivo de tejidos, e ingeniería genética, regulando la expresión de factores de transcripción para el desarrollo de líneas tolerantes a estrés. Una vez

culminado el programa doctoral, se reintegró a la ESPOL como docente en la Facultad de Ciencias de la Vida (FCV) e investigador en el CIBE donde ahora es coordinador de investigación del laboratorio de cultivo de tejidos y participa en algunos proyectos del centro.

JUAN FELIPE MARTÍNEZ ROCHA



Médico veterinario graduado de la Universidad Nacional de Colombia (2010), con una maestría en Agrociencias de Massey University en Nueva Zelanda. Actualmente se desempeña como investigador máster en la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) coordinando la red de laboratorios de reproducción animal a nivel nacional. Ha trabajado en laboratorios de genética molecular y reproducción animal en proyectos de investigación donde se han identificado marcadores moleculares asociados a características de interés económico como calidad de carne y leche en bovinos y resistencia a enfermedades en ovinos. También ha realizado estudios de estructura y diversidad genética en razas criollas de especies bovinas, ovinas y porcinas. Cuenta con experiencia en campo desarrollando actividades de reproducción asistida y salud de hato en bovinos y en sistemas de producción lecheros y de doble propósito. Ha trabajado directamente con diferentes técnicas de genotipado y análisis de datos genotípicos y fenotípicos incluyendo estimación de valores genéticos para programas de mejoramiento en bovinos, evaluación de sistemas productivos y su interacción con grupos raciales. Ha manejado proyectos comerciales y de vinculación de tecnologías en bovinos para su difusión y fomento entre productores ganaderos. Ha trabajado en conjunto con otras entidades internacionales para la evaluación y adaptación de nuevas tecnologías en el trópico y ha estado a cargo de bancos de germoplasma ovinos locales mantenidos in vivo. Cuenta con más de 15 publicaciones científicas en temas relacionados con producción, genética y mejoramiento en animales de producción.

ANA MARÍA PÉREZ O'BRIEN



Doctora en Ciencias Animales de la Universidad de Ciencias y Recursos Naturales de Viena, Austria (BOKU). Título de doble Maestría en el programa internacional Erasmus Mundus en Mejoramiento animal y genética (EMABG), con titulación de la Universidad AgroParisTech como Magister en diversidad animal y genética, y de la Universidad BOKU como Master Erasmus Mundus in Animal Breeding and Genetics. Médica Veterinaria y Zootecnista de la Universidad CES de Colombia. Consultora internacional y asesora en proyectos de mejoramiento genético animal, aplicación y uso de información genómica en mejoramiento y genética poblacional, e investigación en técnicas de edición génica para el mejoramiento de precisión en animales de producción. Consultora para Latinoamérica de la empresa americana ACCELIGEN, líder mundial en mejoramiento de precisión mediante el uso de tecnologías de edición génica en especies productivas.

ALDEMAR CHÁVEZ RODRÍGUEZ



Más de veinte de años experiencia en reproducción bovina a nivel comercial en Colombia y diferentes países como Venezuela, Panamá, Nicaragua y Guatemala. Su experiencia se basa en las áreas de inseminación artificial, congelación de semen, producción de embriones convencional e in vitro en diferentes especies de animales domésticos. Así como investigación de la dinámica folicular y sincronización de la onda folicular para el diseño de protocolos de inseminación y súper ovulación para diferentes razas de ganado. Experiencia en diseño, montaje, funcionamiento, producción de medios de cultivo para procesamiento de semen y producción de embriones convencionales e in vitro en animales domésticos. Actualmente es aliado de la coordinación de investigación y desarrollo de negocios y transferencia de tecnología del centro de investigación de AGROSAVIA, CI Tibaitatá. En el programa de

biotecnología y conservación de razas criollas, y líder del proyecto de producción de embriones in vitro congelados en diferentes especies, genotipados.

MATTHEW RONALD WILLMANN



Matthew Willmann recibió su título de pregrado en Ciencia General de Plantas de la Universidad de Cornell y su Doctorado en Genética de la Universidad de Harvard. Después de postdoctorados en la Universidad de Pennsylvania, Matthew regresó a Cornell como director del Centro de transformación de plantas (CAL S Plant Transformation Facility-PTF). El centro de transformación de plantas es un centro de servicio genera plantas transgénicas y genomas de plantas por CRISPR/Cas9 para usuarios de Cornell y usuarios externos. El centro también realice investigación para mejorar métodos de transformación de plantas y edición genómica. Matthew es miembro del “Advisory Board for the Cornell Alliance for Science”, una organización que apoya y promueve la biotecnología de plantas. También es miembro del “the editorial board of The CRISPR Journal” y será editor asociado del próximo “Journal Frontiers in Gene Editing”. Con la intención de incrementar la aceptación de la

biotecnología de plantas, Matthew ha presentado muchas charlas para el público sobre cómo se generan las plantas transgénicas y editadas. Recientemente, se ha enfocado en liderar talleres en ciencia y comunicación en ciencia alrededor del mundo sobre la edición de genomas.

RODRIGO ALFREDO MARTÍNEZ SARMIENTO



Investigador PhD Senior de AGROSAVIA, Líder del grupo de investigación Recursos Genéticos y Biotecnología Animal (Categoría A1 -2019-2020), Formación doctoral en Genética Animal, con experiencia en Selección Genómica, conservación y caracterización de recursos genéticos animales, diseño de programas de apareamiento de optima contribución y mínima consanguinidad, para conservar la variabilidad genética de las poblaciones de razas criollas y razas comerciales, estudios de variabilidad utilizando información genealógica, productiva e información molecular, obtenida a partir de secuenciación de Sanger, información de genotipado a gran escala y secuencia de ultima generación. Coordinación de subsistema nacional de Bancos de Germoplasma animal, para la conservación de razas bovinas, ovinas y porcinas criollas desde 2008 a 2012. Líder de programas de mejoramiento genético en razas comerciales y razas criollas desde 2012 a 2017 y desde 2017 Director de investigación y Desarrollo de AGROSAVIA.

VÍCTOR MANUEL NÚÑEZ ZARANTES



Ingeniero Agrónomo de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira Valle del Cauca, Corpoica, Maestría en Fitomejoramiento. Con experiencia en Fitomejoramiento, Biotecnología y Genética Molecular, Cruzamientos intraespecíficos / interespecíficos / intergénicos. Micropropagación, Cultivo anteras/micropóras, rescate embriones. Transformación genética-maíz, soya, arveja, papa, uchuva; citogenética-arroz, maíz, uchuva y papa; marcadores ADN-Papa, soya, palma, uchuva, cacao, tabaco, papaya, guayaba y mora. nto y genética vegetal de la Universidad de Minnesota, Saint Paul, Minnesota Estados Unidos. Con experienci laboral en Pioneer HI-Bred, Iowa State University, ICI GARST SEEDS y CIAT. Instructor Biología-Iowa State University (Premio excelencia enseñanza); Docente Maestría- Biología Aplicada en la Universidad Militar Nueva Granada en Bogotá, Colombia. Tutor de Tesis de maestría y pregrado, jóvenes investigadores Colciencias. Coordinador Programa Nacional de Recursos Genéticos y

Biotecnología y laboratorio cultivo de tejidos. Líder de proyectos de investigación y Consultor en transgénicos para MADR. Evaluador de proyectos de Colciencias, de la Universidad de Córdoba, del Banco de la República, de la Universidad Nacional de Colombia sede Medellín, de pLoS one, . Obtención las variedades uchuva Andina y Dorada, variedades de algodón resistentes a lepidópteros- tolerantes a glifosato San Juanera, Oasis y Nevada. Investigador principal designado para el Macroproyecto uchuva; Investigador principal de los proyectos de uchuva y mora; Investigador Asociado de proyectos en mora, fique y algodón.

DANIEL SALAMONE



Médico Veterinario, Master en Science, con doctorado en Biotecnología y Biomedicina. Disciplina principal de investigación científica Veterinaria, Biología. Disciplina desagregada veterinaria y especialización pecuaria-zootecnia. Campo de aplicación Produccion animal. Optimización de métodos para la producción de rumiantes transgénicos. Agregación embrionaria y complementación trofoblástica en la clonación animal. Lugar de trabajo INPA, unidad ejecutora de investigaciones en produccion animal.

JOSE FERNANDO GARCÍA



São Paulo State University (Unesp). Escuela de Ciencias Agrícolas y Veterinarias, Jaboticabal. Departamento de Medicina Veterinaria Preventiva y Reproducción Animal, São Paulo, Brasil. Centro Colaborador de la Agencia Internacional de Energía Atómica (OIEA) sobre Genómica y Bioinformática Animal, Araçatuba, São Paulo, Brasil. Universidad Estatal de São Paulo (Unesp). Escuela de Medicina Veterinaria, Araçatuba. Departamento de Apoyo, Producción y Sanidad Animal, São Paulo, Brasil.

SANDRA PATRICIA VALDÉS GUTIÉRREZ



Ingeniera agrónoma de la Universidad Nacional de Colombia, Maestría Universidad de Caldas en Fitopatología. Identificación del organismo asociado a un nuevo disturbio en café denominado "Chamusquina". Pregrado/Universitario Universidad Nacional de Colombia - Sede Palmira Ingeniería Agronómica. Corporación Biotec de 2014. University of Missouri - Columbia. USA 2011. Producción de plantas transgénicas de soya y tabaco Noviembre 2011 - Abril 2014. University of Missouri - Columbia. USA - 2009 – 2011. Caracterización de las interacciones entre la proteína P6 del virus del mosaico de la coliflor y las proteínas CHUP1 y SRC2.2 de Arabidopsis thaliana. Centro Nacional de Investigaciones de Café - Transformación de cepas de Beauveria Bassiana para mejorar su patogenicidad sobre la broca del café Hypothenemus Hampei. Identificación del organismo causante de un nuevo disturbio en café denominado "Chamusquina". Centro de investigación de la caña de azúcar de Colombia - Obtención de variedades de caña de azúcar para la industria azucarera. Centro Internacional de Agricultura Tropical - Métodos de Inoculación del Virus (VNRA) de la

Necrosis Rayada del Arroz (Entorchamiento), Caracterización de Poblaciones Derivadas de un Cruzamiento Interespecífico por su Resistencia al Vector y/o al Virus y su Control Químico.

MATTEW BEGEMANN



Científico investigador y líder de biología molecular en Benson Hill Biosystems. Director asociado, edición de genes y descubrimiento de rasgos en Benson Hill Biosystems. Doctor en Microbiología, Universidad de Wisconsin- Madison. Universidad de Missouri Columbia. Licenciado en Ciencias. Bioquímica.

NICOLÁS CRESCENCIO MUCCI



Nació en Coronel Dorrego, Provincia de Buenos Aires, Argentina, el 17 de octubre de 1973. Se graduó de Médico Veterinario en la Facultad de Ciencias Veterinarias de la Universidad Nacional de La Plata en 1998, donde obtuvo una distinción por mejor promedio de su promoción. Realizó una Maestría en la Universidad Nacional de Mar del Plata en el área de producción de embriones por fecundación in vitro y criopreservación. A partir del año 2005 es Técnico Investigador en el Laboratorio de Producción in vitro, criopreservación y clonación de embriones, de INTA Balcarce. Cuenta con más de 45 publicaciones en revistas, seminarios y congresos nacionales e internacionales. Ha dictado numerosos cursos de capacitación en producción in vitro e in vivo de embriones, así como, de criopreservación y clonación. Participa como docente en la formación de estudiantes de grado y posgrado en la Universidad Nacional de Mar del Plata, Universidad de San Martín e IIB-INTECH CONICET, y ha sido invitado como docente de posgrado en Universidades Nacionales y extranjeras en las temáticas de Neonatología en bovinos de alto riesgo, Biotécnicas Reproductivas in vitro y Biología Molecular. Ha sido acreedor de becas de CONICET, INTA Y CABBIO, y recibida capacitación en el extranjero (Canadá, Estados Unidos, Francia) en diversas temáticas relacionadas a la Producción in vitro de embriones, Clonación, Biología Molecular y Edición Génica. Fue corresponsable de la obtención del primer bovino bitransgénico del mundo productor de lisozima y lactoferrina humanas en leche. En los últimos años obtuvo, 12 premios (Nacionales e Internacionales) y diversos reconocimientos por parte de Presidencia de la Nación, INTA y Cámara de Diputados, por sus trabajos en clonación y transgénesis. Nicolás Mucci es consultor de diversos centros reproductivos nacionales en rumiantes y equinos, revisor de revistas nacionales e internacionales indexadas. Desde 2014 es representante del INTA ante la Comisión Nacional Asesora en Biotecnología (CONABIA) dependiente del Ministerio Nacional de Agroindustria, en la temática “Generación de Organismos Animales Genéticamente Modificados”. Actualmente se encuentra realizando un Doctorado en la Universidad Nacional de Mar del Plata, en colaboración con la Universidad de San Martín y la Universidad de California, en la temática de “generación de bovinos knock outs mediante la tecnología de edición génica mediada por CRISPR CAS 9”, cuyo objetivo final será la obtención de un animal productor de leche hipoalérgica.

www.fontagro.org

