

# MasAgro Biodiversidad

## Logros y Oportunidades

### Datos, herramientas, y fortalecimiento de capacidades

Contacto: Kate Dreher - [k.dreher@cgiar.org](mailto:k.dreher@cgiar.org)  
César Petrolí - [c.petroli@cgiar.org](mailto:c.petroli@cgiar.org)

31 agosto 2017

- Datos son un recurso valioso. . . como semillas
  - Datos pueden ser producto del trabajo de una temporada, pero también una inversión para nuevas investigaciones en el futuro
  - Para ser útil en el futuro, los datos deben de ser:

- De buena calidad del punto de captura
- Curado
- Bien almacenado
- Compartido con la comunidad en una manera **“FAIR”**
  - Findable
  - Accesible
  - Interoperable
  - Reutilizable

Todos los colaboradores, los equipos del Banco de Germoplasma, Recursos Genéticos, Maíz, y Trigo

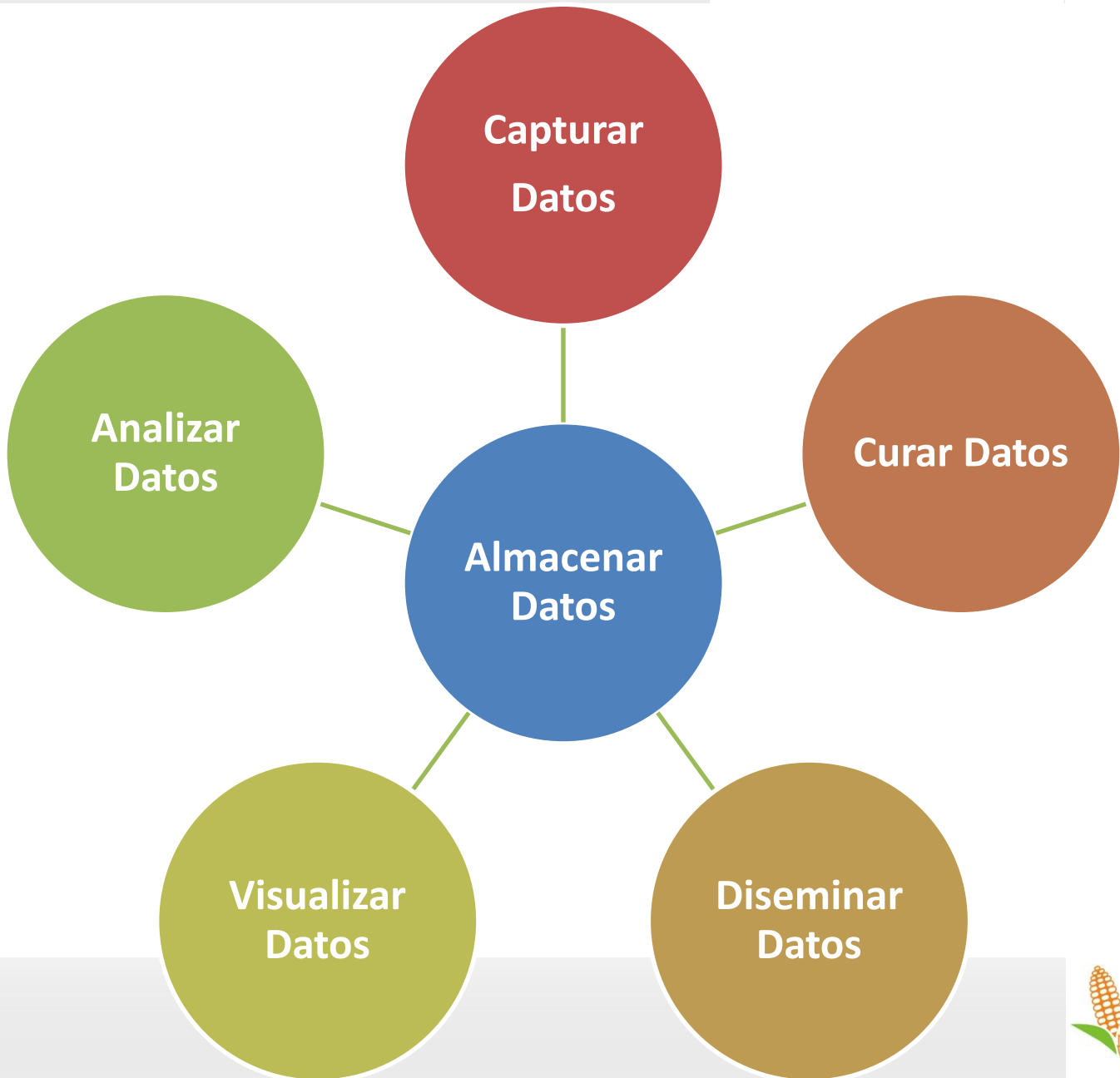
Equipo de datos de MAB

Equipo de datos de los Bancos de Germoplasma

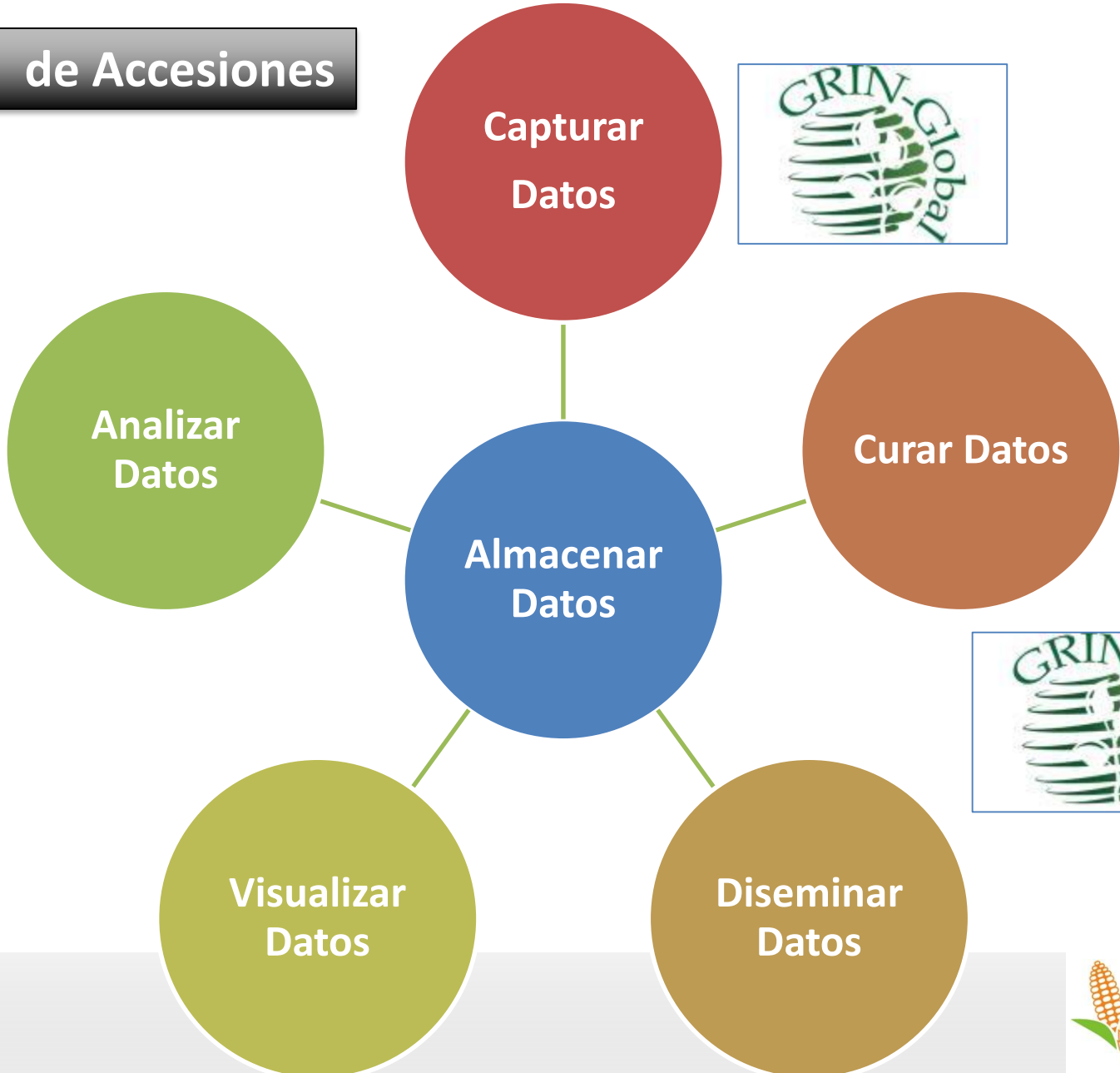
Equipo de IT

. . . con el apoyo de todos!

- En MAB, utilizamos y contribuimos al desarrollo de herramientas para
  - Capturar los datos
  - Curar los datos
  - Analizar los datos\*
  - Almacenar los datos
  - Diseminar los datos
  - Visualizar los datos
- Queremos compartir los datos, las herramientas, y brindar entrenamiento en el uso práctico de ambos



## Datos de Acciones




- Información básica sobre las materiales en el banco de Germoplasma está cargada en GRIN-Global
  - Nombres y otros identificadores
  - Datos de pasaporte
    - Sitio de colección
    - Especie
    - Color de grano
    - Raza primaria
  - Datos de caracterización
    - Altura de mazorca
    - Días a floración femenina

<http://mgb.cimmyt.org/gringlobal/search.aspx>

<http://wgb.cimmyt.org/gringlobal/search.aspx>

[Login](#) Para persona que retornan. ¿No tiene una cuenta en línea? [Regístrate Ahora](#)

 No hay artículos en [Carrito](#)

## CIMMYT-Maize Germplasm Bank 1.9.4



[Búsqueda](#) ▶ [Descriptors](#) ▶ [Taxonomía](#) ▶ [Ver el Carro](#) [Reports](#) [Mi Cuenta](#) ▶ [Help](#) ▶

Seleccione Idioma: **Español** ▼

[Página de Inicio](#) > [Búsqueda](#) > [General](#)

**Query Critería:**

Search String: tux%

Buscar Por...  

**Búsqueda**



[Opciones de Búsqueda](#) | [Búsqueda Avanzada](#)

Actions... ▼

Select: Todos, Ninguno, Inverso, Resaltada Opciones:    Mostrar  ▼ Artículos << <  ▼ de 109 >> >> Exportar.....

Agrupar Por:  ▼    Nombre de la planta    Taxonomía    Origen    Material    mantenido por    Disponibilidad 

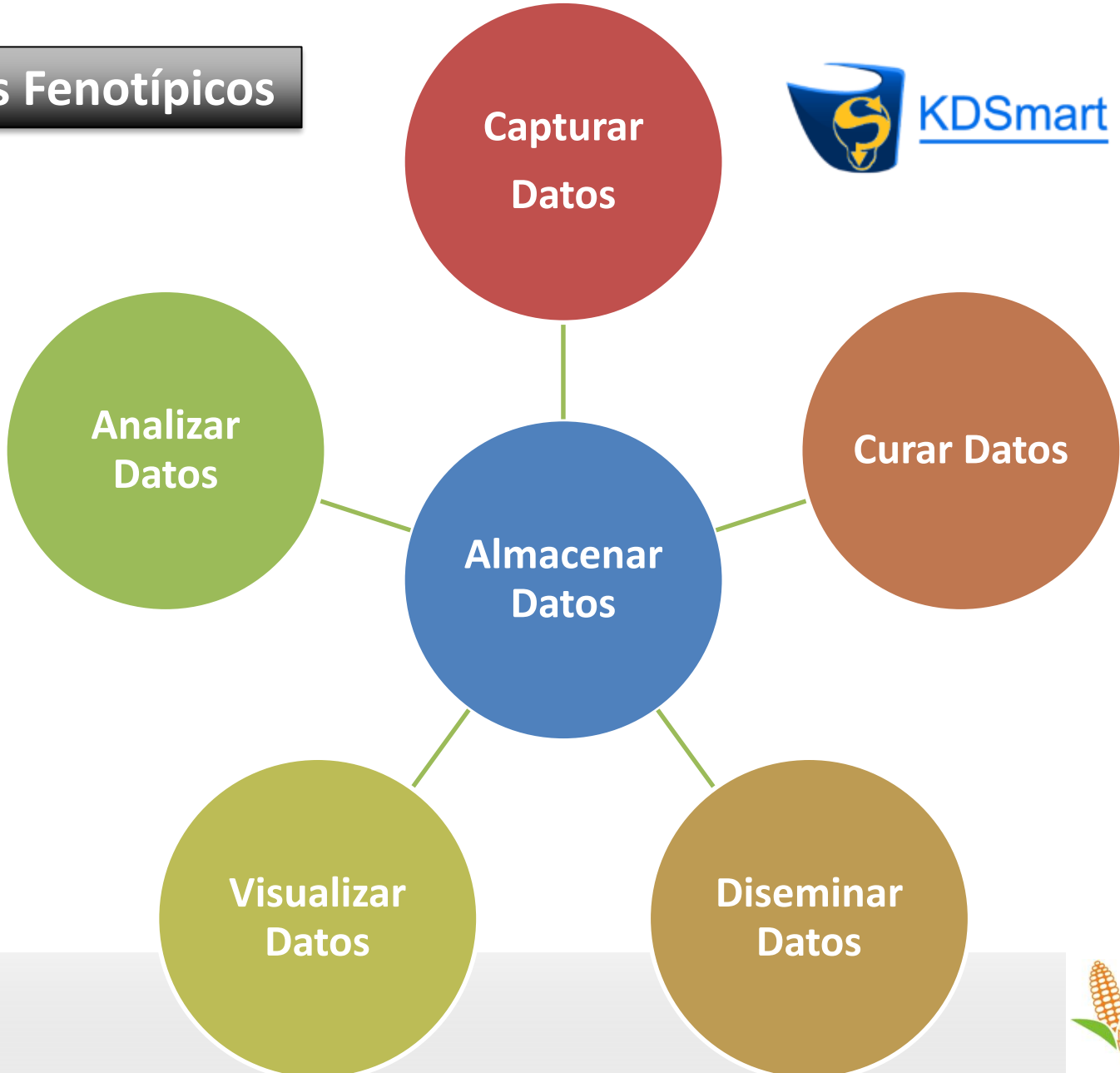
### Observaciones

Click link below to see detailed observation data:  
[Detailed Accession Observation Page](#)

### Datos de Caracterización y Evaluación:

Category										
Descriptor	Days To Anthesis	Days To Silking	Density	Ear Height	Field book status	Grain Color 1				
Value	83	90	40404	160	A - Approved	A - White	A - White	A - White	A - White	A - White
Study/Environment	Regeneration	Regeneration	Regeneration	Regeneration	Regeneration	DB 1994	DB 1999	Inv Reference	Passport	Regeneration

## Datos Fenotípicos



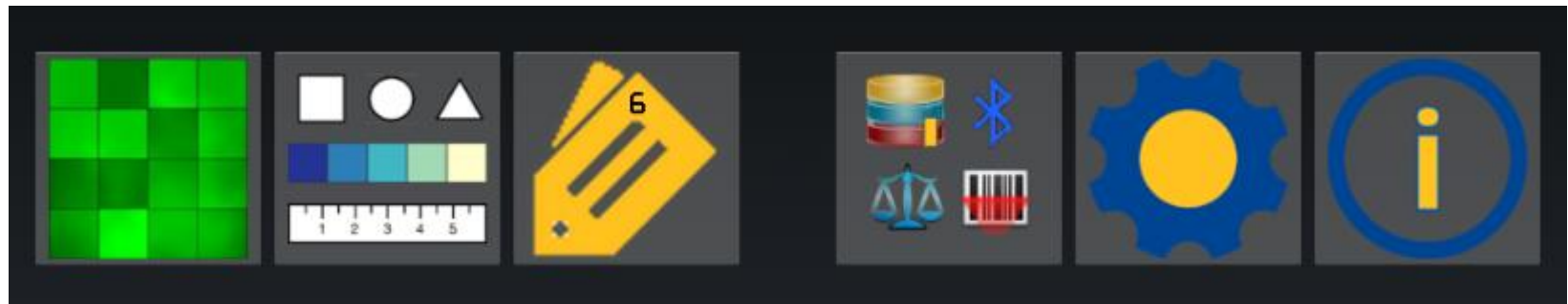


- La calidad de los datos empieza con su captura



- KDSmart

- Aplicación (app) de Android para teléfonos y tablets
  - Gratis y disponible en Google Play Store
- Puede tomar datos en los viveros, ensayos, invernaderos, laboratorios, etc.



Estudios

Etiquetas

Características

Dispositivos

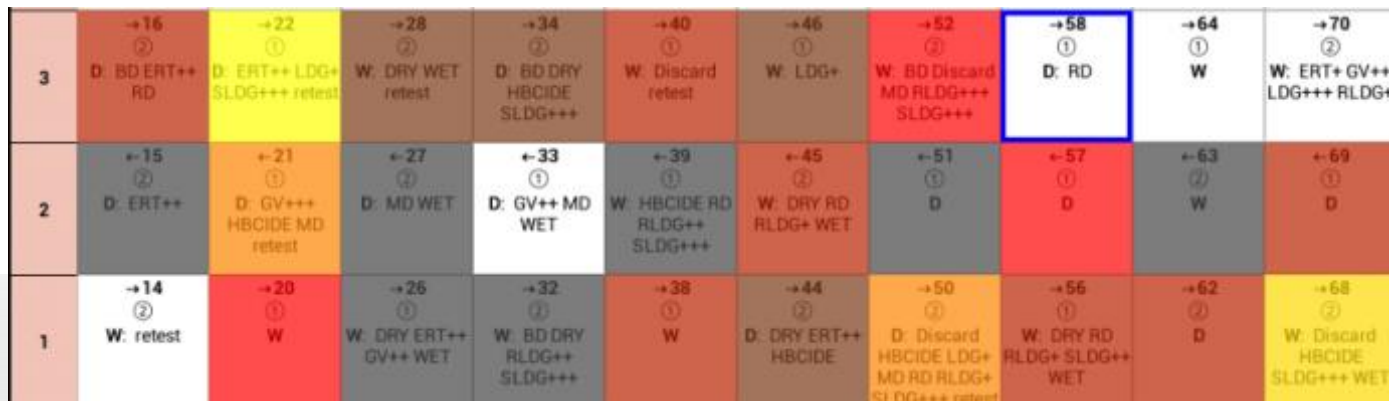
Ajustes

Información

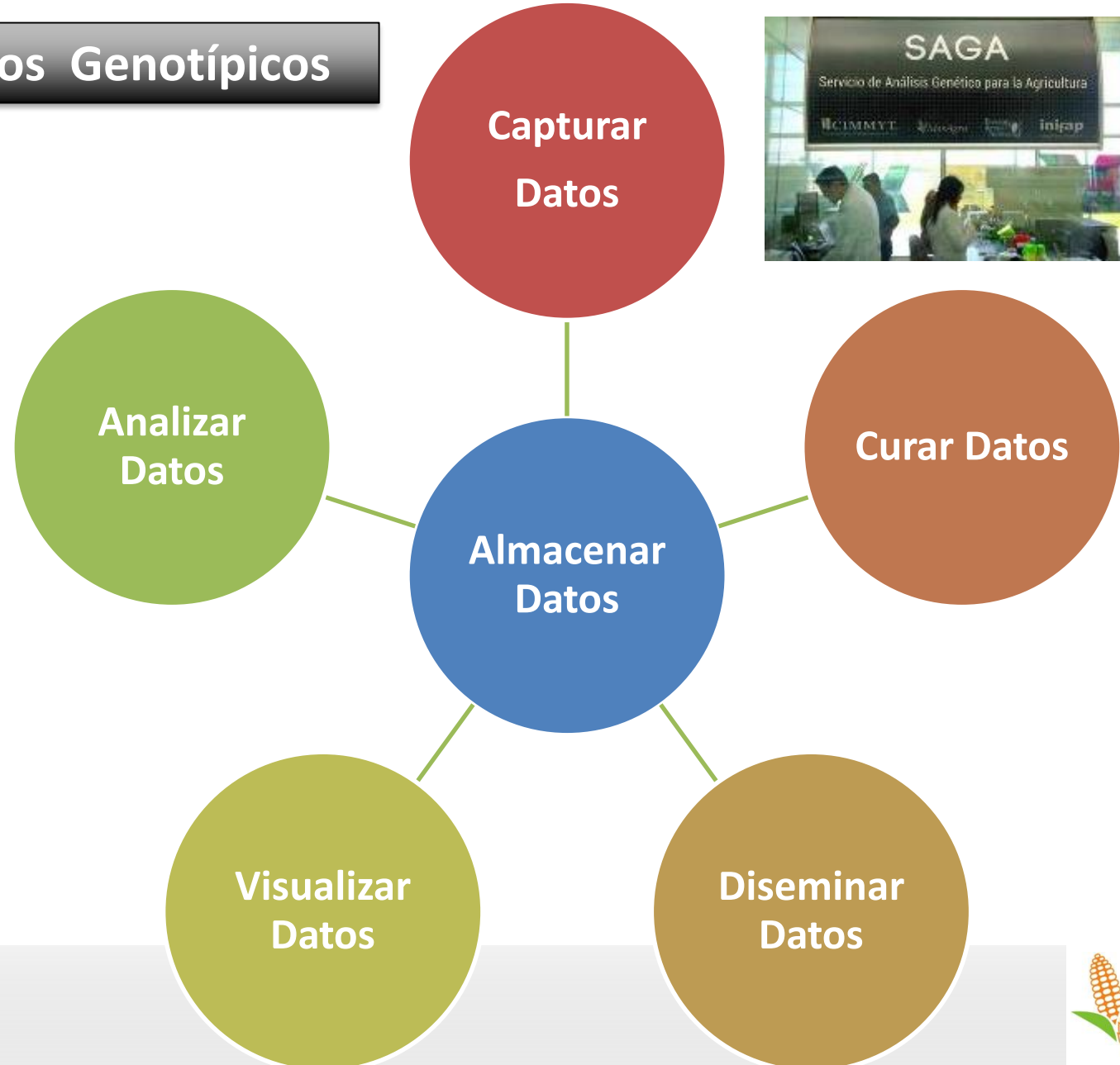
- Puede usar un mapa de campo para dirigir la ruta
  - Puede recibir una notificación cuando tiene que dar la vuelta



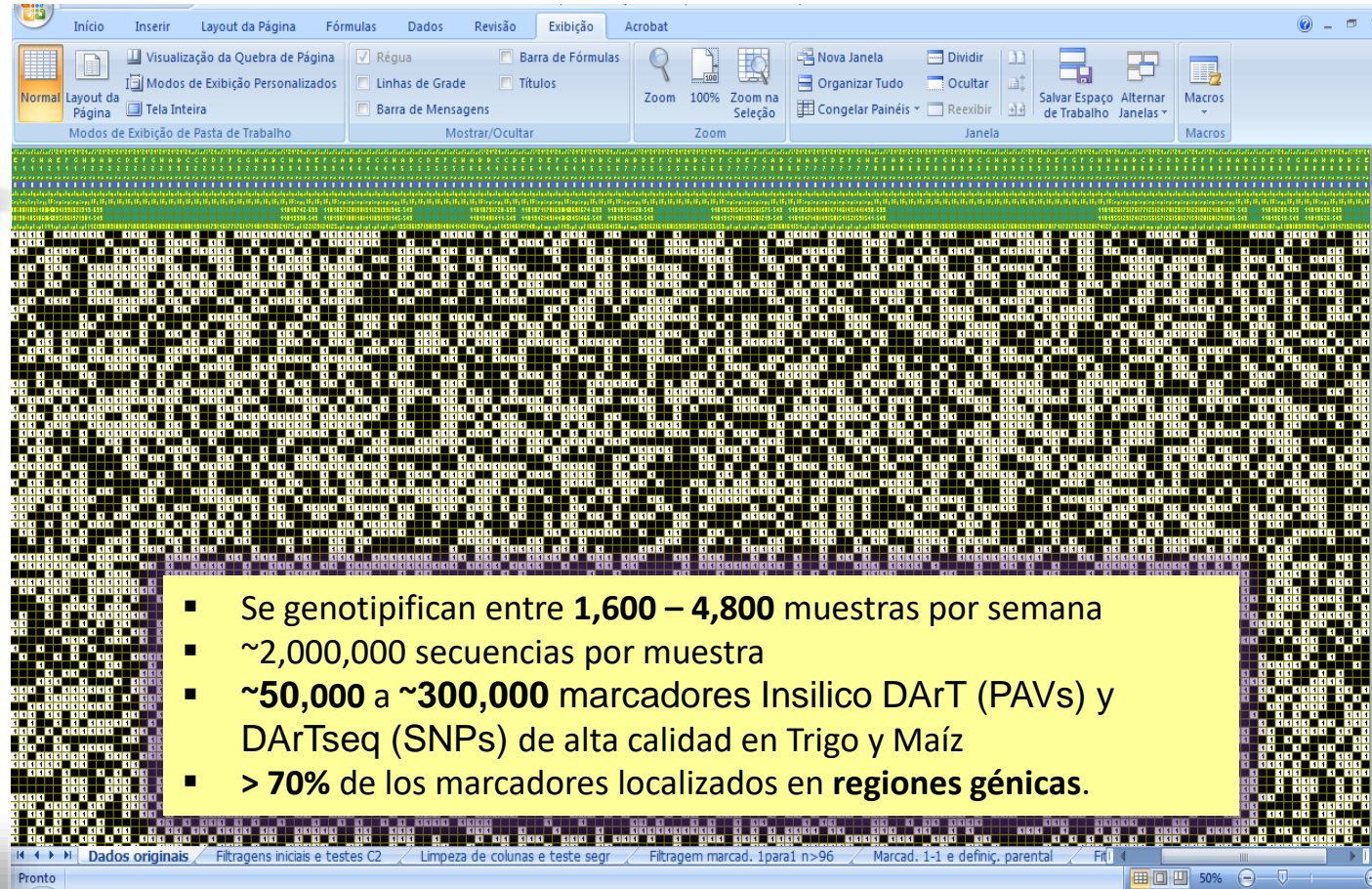
- Mapas de calor pueden mostrar rápidamente si hay fluctuaciones grandes o gradientes en los datos



## Datos Genotípicos



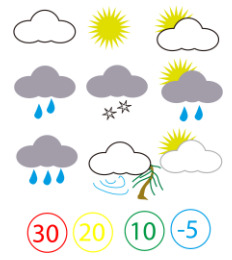
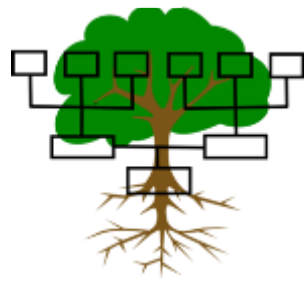
# SAGA - Servicio de Análisis Genético para la Agricultura



# Datos y herramientas integrados



Capturar Datos



Datos de Germoplasma, F

icos, Genealógicos, y Climáticos



**Germinate 3**

Visualizar Datos

Diseminar Datos





visualizar datos

**INTRO** DATOS + MEDIO AMBIENTE + GRUPOS ACERCA DE + BÚSQUEDA

 49 0 0



SeeD Maize Germinate

## Inicio

JHI

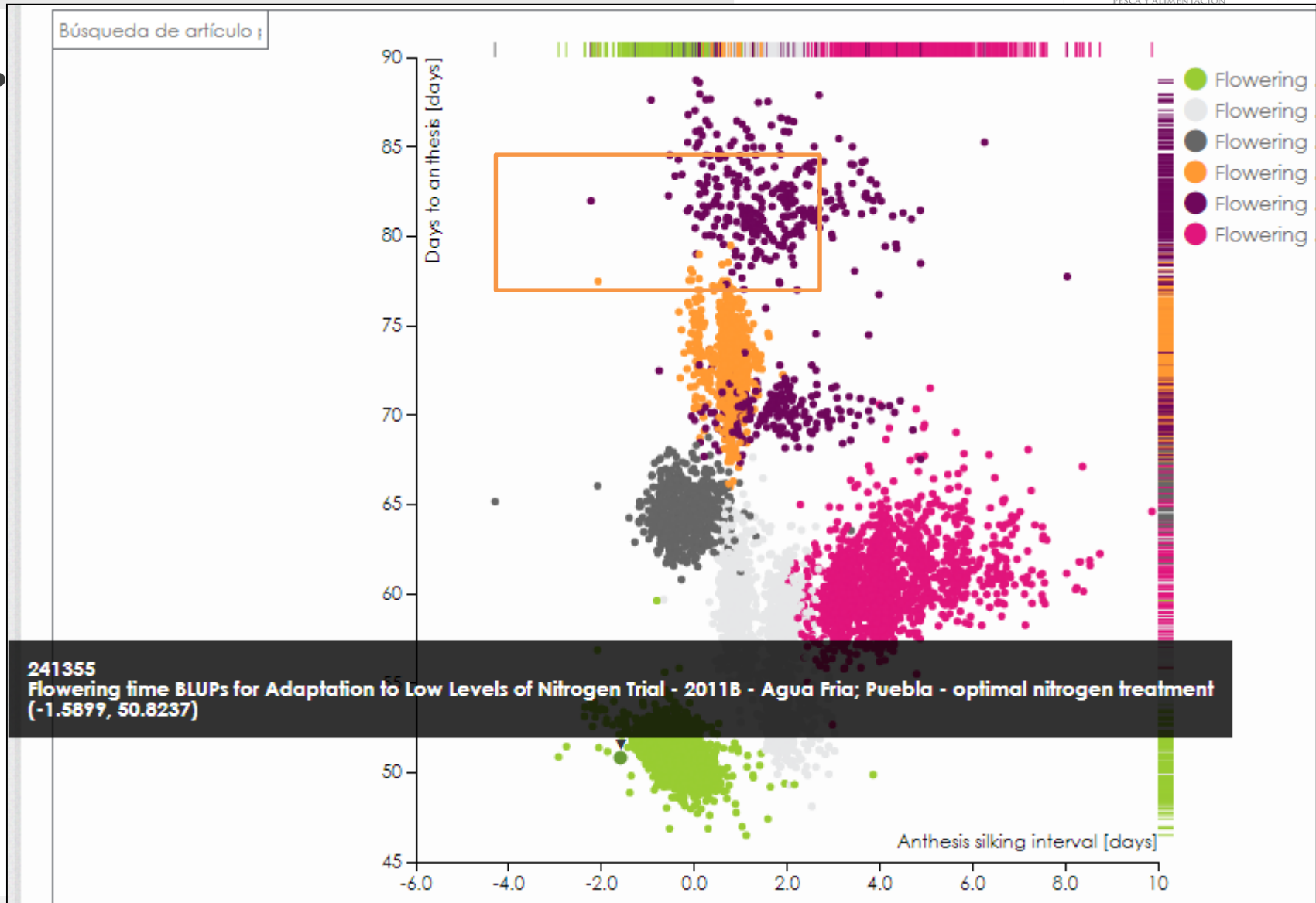
Germinate es un repositorio de datos gratuito, sostenido por el proyecto [MasAgro Biodiversidad](#) del [Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo](#) ( [CIMMYT](#) [↗](#)).

Germinate contiene

- [datos fenotípicos](#) [↗](#)
- [datos genotípicos](#) [↗](#)
- [datos de pasaporte de accesiones](#) [↗](#)
- y además datos del germoplasma de maíz que ha sido analizado por el proyecto

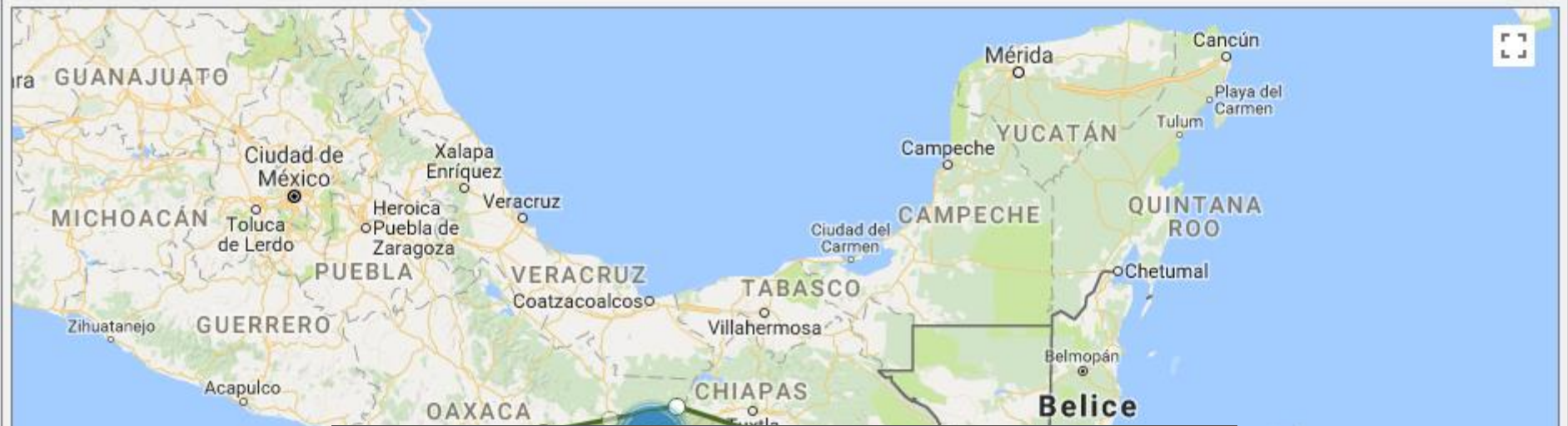


# Germinate



# Germinate

De click derecho en el polígono para quitarlo del mapa.



**Agregar nuevo grupo**

Sitios sureste\_1

**+ Añadir**      **⊘ Cancelar**

- Continuar**
- + Sitios de colecta en el p...**
- + Acciones en el políg...**

de 239

ongitud

-92.70

-92.70

-90.37

-92.09

-91.46

15.43 -92.12

14.46 -90.63

**Nicaragua**

©2017, Google, INEGI Términos de uso

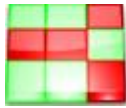


- Registro:
  - Es obligatorio . . . pero abierto a todos!!!
  - No es automático, pero tratamos de responder en <24 hs
  - Protege de los datos de MAB con una licencia para usar los datos
  - Permite al usuario guardar su germoplasma, sitios, y marcadores moleculares “favoritos”

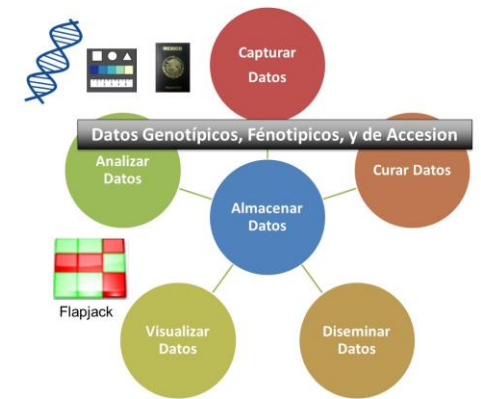
<http://germinate.seedsofdiscovery.org/maize/>

<http://germinate.seedsofdiscovery.org/wheat/>

- Flapjack



- Despliega datos genotípicos de SNPs, PAVs, y/o frecuencias en una matriz coloreada
- Puede añadir información sobre QTLs y datos fenotípicos
- Tiene herramientas para
  - Filtrar los datos
  - Ordenar los datos
  - Crear una matriz de similitud
  - Escoger materiales buenos para MABC
  - Verificar los F1s
- Germinate puede exportar los datos listo para abrir en Flapjack
  - Genotípicos
  - Fenotípicos



# Germinate y sus amigos de JHI

SeeD Wheat Germinate

**Germinate 3**

Se pueden seleccionar conjuntos no contiguos usando **Ctrl** / **X**

- Iranian Landraces - Selected Genotyped Accessions (2442)
- Mexican landraces - Selected Genotyped Accessions (8477)
- All germplasm (81154)
- Linked top-cross panel (LTP) para **Germoplasma**
- Mexican\_Accessions (11900)
- My-favorites
- Mexican-top-4 (4)

Seleccionar todo

Seleccione conjuntos de marcador

Se pueden seleccionar conjuntos no contiguos usando **Ctrl** / **X**

- DARTSeq markers for wheat diversity analysis (102479)
- Marcadores\_Prioridad\_1 (100)

**Marcadores**




Seleccionar todo

**Mapa**

Seleccione el mapa a utilizar en la exportación

- Unmapped DARTSeq marker map (102474)

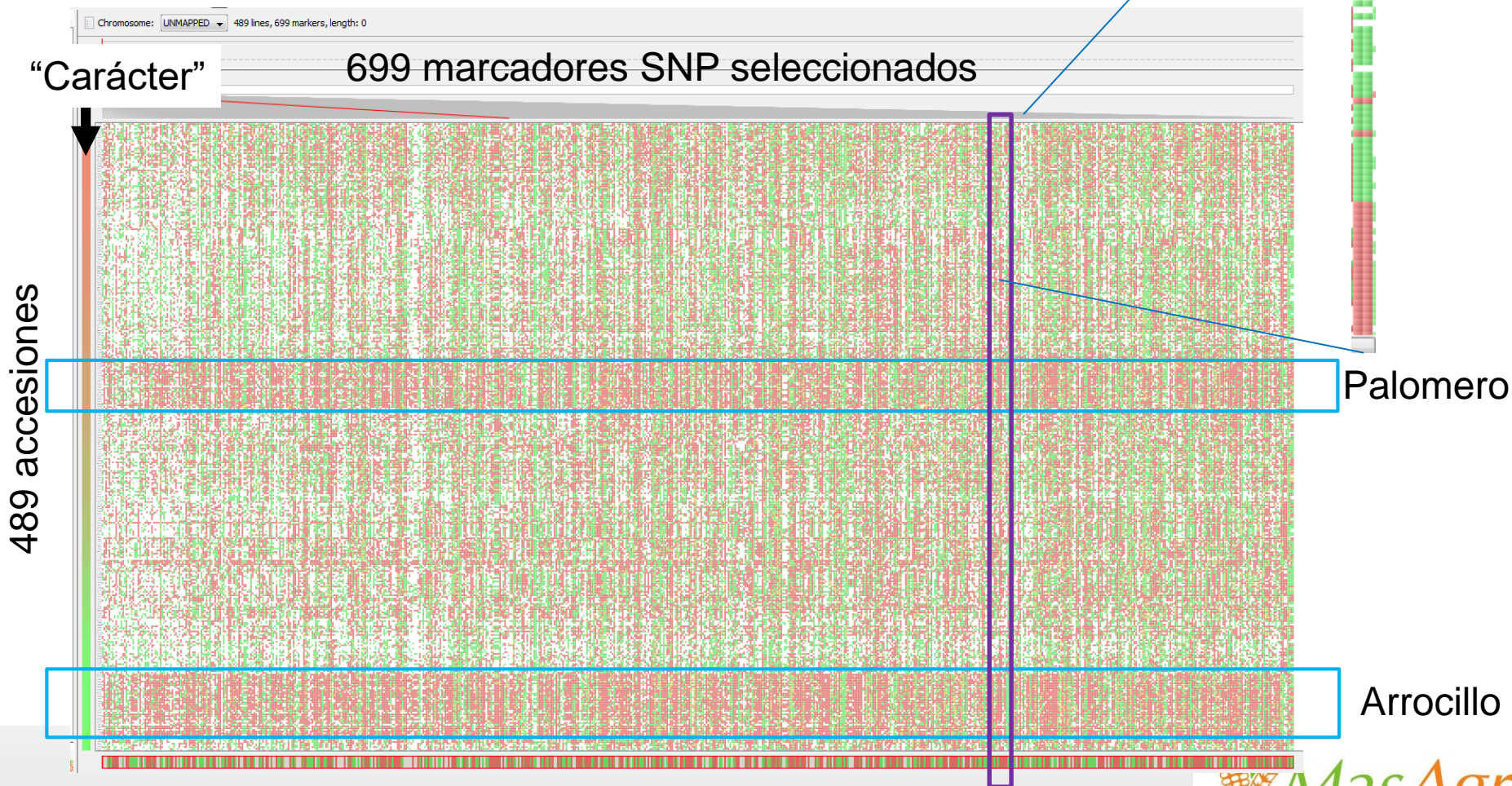
## Descargas

-  Descargar archivo "crudo"
-  Descargar archivo de mapa
-  Descargar archivo de Flapjack

# Germinate y sus amigos de JHI

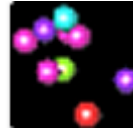
- Buscar las “huellas” dejadas por la selección

Gen de interés  
seleccionar el verde





- CurlyWhirly



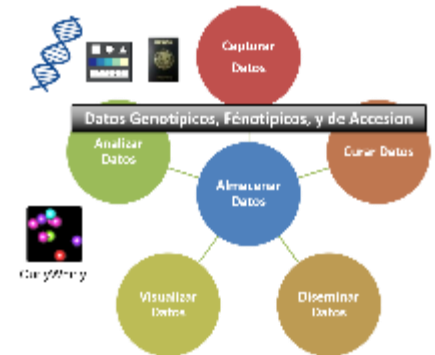
- Muestra los resultados de análisis de PCoA o PCA

- Despliega los datos en una manera multidimensional (3D)

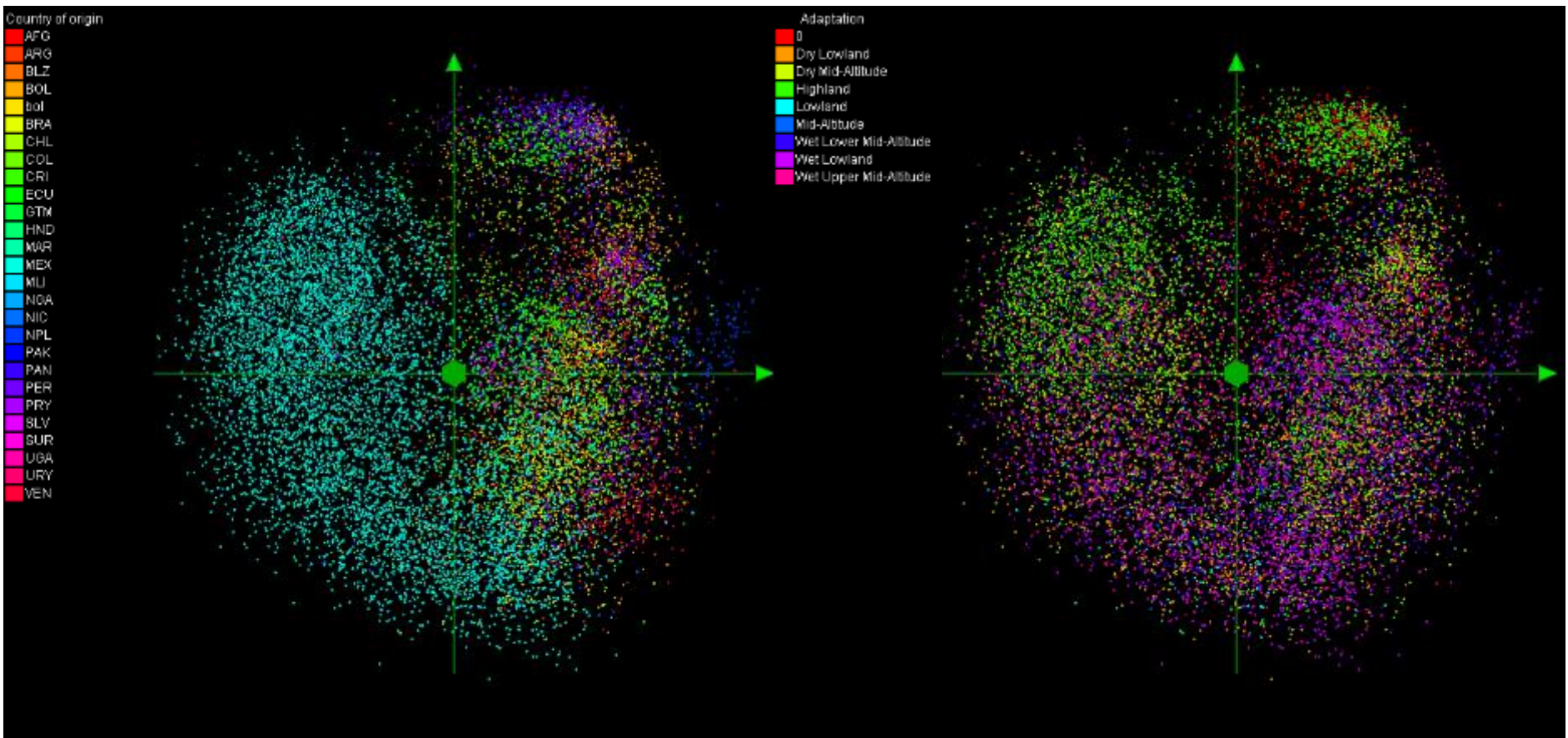
- Puede colorear los puntos según varias categorías

- Adaptación
- País de origen

- Permita el filtrado y la selección de puntos deseados



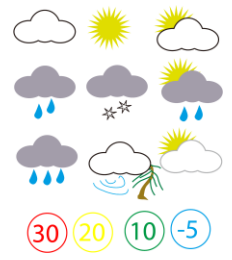
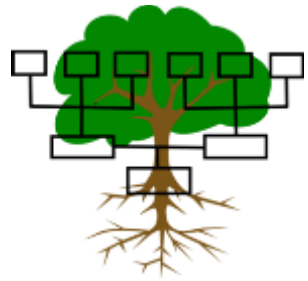
## Diversidad dentro del Banco de Germoplasma de Maíz de CIMMYT



# Datos y herramientas integrados



**Capturar  
Datos**



Datos de Germoplasma, Fenológicos, Genéticos, y Climáticos

Datos de Fenológicos, Genéticos, y Climáticos



**Dataverse**  
Project

**Visualizar  
Datos**

**Diseminar  
Datos**

- Dataverse
  - Repositorio en línea de conjuntos de datos y otros documentos
    - No tiene las herramientas de búsqueda y filtrado de Germinate
    - Pero ofrece la oportunidad a compartir datos muy vareados en formatos diferentes
      - .txt, .pdf, .csv, .xls, .hmp, .jpg, .flapjack, etc.
  - Agrupa los archivos relacionados en “estudios”
    - Despliega metadatos por cada estudio
    - Provee una citación y un URL persistente de Handle (similar a DOI)

<http://data.cimmyt.org/dvn/dv/seedsofdiscoverydvn>



# WHEAT MEXICAN ADAPTATION TRIAL WINTER 2011-2012

[< View Previous Study Listing](#)



hdl:11529/10016

Version: 1 - Released: Fri Aug 28 16:22:21 CDT 2015

## CATALOGING INFORMATION

[Data & Analysis](#)

[Comments](#)

[Versions](#)

**i** If you use these data, please add the following citation to your scholarly references. [Why cite?](#)

Data Citation

Saint Pierre, Carolina; Solís Moya, Ernesto; Hernández Muela, Víctor Manuel; Ireta Moreno, Javier; Fuentes Dávila, Guillermo ; Figuero López, Pedro; Zamora Villa, Víctor Manuel; Burgueño, Juan; Mathews, Ky; Barrios, Jose Luis; Castel Vega, Victor

# WHEAT MEXICAN ADAPTATION TRIAL WINTER 2011-2012

[< View Previous Study Listing](#)

hdl:11529/10016

Version: 1 - Released: Fri Aug 28 16:22:21 CDT 2015

[Cataloging Information](#)

## DATA & ANALYSIS

[Comments](#)

[Versions](#)

**i** Use the check boxes next to the file name to download multiple files. Data files will be downloaded in their default format. You can also download all the files in a category by checking the box next to the category name. You will be prompted to save a single archive file. Study files that have restricted access will not be downloaded.

Select all files

[Download All Selected Files](#)

### BLUPs

MAT\_Winter\_BLUPs.xlsx

application/octet-stream - 469 KB - 8 downloads



[Download](#)

Best linear unbiased predictions based on phenotypic measurements for one season.

### Locations

Trial sites - MAT Winter 2011-2012.csv

application/octet-stream - 670 bytes - 5 downloads



[Download](#)

Locations, geographic coordinates, and lead collaborator for each trial site used in the analysis

### Raw data

Mex Adaptation(1) Winter2011-12 TID80001 1SEEDMAT SEED-Dataverse.xlsx

application/octet-stream - 1 MB - 5 downloads



[Download](#)

Raw phenotypic data collected at the trial sites used for analysis.

Winter MAT- raw data for analysis.xlsx

application/octet-stream - 1 MB - 9 downloads



[Download](#)

Raw data available for analysis.

### Summary statistics

MAT\_Winter\_summary\_stats.csv

Plain Text - 1 KB - 8 downloads



[Download](#)

Mean and standard error for each trait for each trial location.

291 investigadores, profesores, y estudiantes en cursos y talleres (2012-2017).

35 PhD, MSc y Licenciatura en MAB hasta la fecha.

Científicos están conduciendo proyectos de investigación para aplicar los productos de MAB en sus propios programas.



## 15 Talleres → 291 participantes

- KDSmart (Noviembre)
- Genotipificación y Atlas Molecular
- Selección Genómica
- GWAS (13 y 14 de Septiembre)
- Fenotipificación de Trigo (26 de Octubre)



## MAÍZ

---

- Variedades criollas de maíz con tolerancia putativa a la sequía
- Líneas semi-endogámicas de maíz tolerantes a la sequía
- Líneas semi-endogámicas tolerantes al complejo mancha de asfalto
- Variedades criollas de maíz con buena tolerancia putativa a altas temperaturas
- Líneas endogámicas de maíz azul

## TRIGO

---

- Líneas pre-mejoradas de trigo tolerantes a sequía
- Colección núcleo de variedades criollas mexicanas
- Colección núcleo de variedades criollas iraníes
- Líneas pre-mejoradas de trigo con buena tolerancia a altas temperaturas
- Líneas pre-mejoradas de trigo con buen rendimiento de grano

## SERVICIOS, TALLERES Y OPORTUNIDADES

---

- SAGA – Servicio de Análisis Genético para la Agricultura
- Taller – Uso del Atlas Molecular
- Taller – GWAS (Estudios de asociación del genoma completo)
- Taller – KDSmart
- Taller – Fenotipificación en Trigo

## HERRAMIENTAS

---

- 'KDSmart' – Captura digital de datos
- 'KDXplore' – Manejo de datos fenotípicos
- 'Flapjack' – Visualizador de datos genotípicos
- 'CurlyWhirly' – Visualizador de datos multi-dimensional
- 'AlphaSim' – Simulación y comparación de estrategias de mejoramiento
- 'Germinate' – Plataforma para almacenamiento y manejo de datos

## DATOS

---

- Datos genotípicos de maíz
- Datos genotípicos de trigo
- Datos fenotípicos de maíz
- Datos fenotípicos de trigo

## CONOCIMIENTOS (Proximamente)

---

- Publicaciones
- Folletos
- Presentaciones






## [KDSmart: Training Materials and Sample Files](#)

by Hearne, Sarah; Molnar, Terry; Garay, Carlos; Dreher, Kate; Ayala, Claudio

**Abstract:** KDSmart is an app that can be used for data collection on any Android-based tablet or smartphone. It has many helpful features for capturing data in field and lab settings.

This study contains documents and presentations that describe how ...[Continue](#) [+]

hdl:11529/10669

 224 downloads

Last Released: Mar 2,  
2017

## [Taller: "Análisis de Estudios de Genoma Completo e Introducción a la Predicción Genómica para el Mejoramiento de Maíz y Trigo." Agosto 2015](#)

by Romero Navarro, Jorge Alberto; Li, Huihui; Reyes Valdés, Manuel Humberto; Salinas, Gilberto

**Abstract:** El proyecto de SeeD (MasAgro - Biodiversidad) tiene como propósito el mayor aprovechamiento de recursos genéticos valiosos mediante tecnologías de punta y desarrollo de capacidades, para acelerar el desarrollo de variedades de maíz y trigo...[Continue](#) [+]

hdl:11529/10294

 221 downloads


Last Released: Mar 31,  
2017

## [Taller: "Aprovechamiento De Los Atlas Moleculares De Maíz Y Trigo." Diciembre 2015](#)

by Sansaloni, Carolina; Petroli, César; Franco, Jorge; Stephen, Gordon ; Raubach, Sebastian; Hearne, Sarah; Dreher, Kate

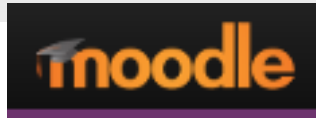
**Abstract:** PROPÓSITO GENERAL DE APRENDIZAJE: Al finalizar el taller, los participantes serán capaces de utilizar los atlas moleculares de maíz y trigo para el estudio, conservación y aprovechamiento de la diversidad genética.

hdl:11529/10578

 285 downloads

Last Released: Mar 31,  
2017

A través de un taller se...[Continue](#) [+]



 **KDSMART. APLICACIÓN DIGITAL PARA EL REGIST...**

[Home](#) [Dashboard](#) [Events](#) [My Courses](#) [This course](#)

[Training for Professionals](#) ▶ [KDSmart v2](#)

Your progress (0%)

 [Announcements](#)

 [Características de este curso](#)

 [Evaluación de conocimientos adquiridos](#)

### Plan de Formación

Propósito general de aprendizaje: **los participantes serán capaces de utilizar la aplicación *KDSmart* v 2.0.63 instalada en un dispositivo digital móvil con sistema operativo Android para registrar datos fenotípicos.**

El proceso de formación del curso consiste en 8 módulos como a continuación se mencionan:

1. La calidad de los datos fenotípicos en la investigación agrícola
2. Características principales de KDSmart (versión 2.0.63)
3. Instalación de KDSmart en un asistente digital personal (PDA)
4. Configuración de un PDA para usar KDSmart

<http://training.cimmyt.org>

# Colaboraciones Científicas (2016)

Científico	Institución	Tema
Pedro Figueroa	INIFAP	Resistencia a la roya amarilla del trigo de pan
Florencio Recendiz	Universidad de Guadalajara	Caracterización genotípica de la colección de maíz de CUCAB - UdG
Humberto Reyes	Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro	Modelos informáticos para seleccionar la diversidad genética basada en alelos raros y específicos
Sergio A. Rodriguez	Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro	Recursos genéticos para el mejoramiento de maíz forrajero en el altiplano mexicano
Francisco Zavala	Universidad Autónoma de Nuevo León	Germoplasma de maíz criollo con pigmentos útiles

# Colaboraciones Científicas (2017)

Científico	Institución	Tema
Ruairidh Sawers/Eric Gonzales	Langebio/Cinvestaf - Irapuato	Mapeo de rasgos cuantitativos de maíz asociados a su adaptación a las tierras altas del centro de México
Ruairidh Sawers/Rocío Aguilar	Langebio/Cinvestaf - Irapuato	Identificación de regiones genómicas de Palomero Toluqueño relacionadas con adaptación a Valles altos del Centro de México
Luis Alberto Peinado	INIFAP - Sinaloa	Implementación de estrategias genómicas para producir híbridos de maíz de alto valor nutricional
Francisco Quiroz	CIIDIR-IPN - Sinaloa	Caracterización genética de maíces tolerantes y susceptibles a Fusarium
Afonso Monteiro	Novasem - Guadalajara	Genotipificación de líneas endogámicas de maíz para la identificación de patrones heteróticos que auxilien en el desarrollo de híbridos productivos
Amalio Santacruz	COLPOS - Texcoco	Identificación de MM asociados a la capacidad de expansión del maíz Palomero mediante análisis de segregantes en masa
José Luis Spinoso	COLPOS - Texcoco	Caracterización genética en un banco de germoplasma de café ( <i>Coffea arabica</i> y <i>Coffea canephora</i> )
Victorino Morales Ramos	COLPOS - Córdoba	Desarrollo de capacidades para el análisis e interpretación de datos genotípicos del cafeto ( <i>Coffea arabica</i> L.)



## CONVOCATORIA INVESTIGACIÓN MASAGRO BIODIVERSIDAD

Mayo 12, 2017 · por [jajohnson](#) · en [Sin categorizar](#) · [Edit](#)



En el marco del programa de Modernización Sustentable de la Agricultura Tradicional (**Programa MasAgro**), desarrollado por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (**SAGARPA**), y a través de su línea de acción MasAgro Biodiversidad liderada por el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (**CIMMYT**) se convoca a las

Instituciones de Educación, Centros Públicos de Investigación, fitomejoradores e investigadores en general a presentar propuestas de investigación, que incluyan, de manera enunciativa más no limitativa, los siguientes temas:

- Genotipificación de líneas de importancia para programas de mejoramiento (hasta 100 líneas), evaluación de la diversidad y el perfil genético del material incluido en el programa y su comparación con líneas elite y/o materiales del banco de germoplasma del CIMMYT.
- Uso de datos para capacitación en el análisis GWAS (Genome-Wide Association Study: Estudio de Asociación del Genoma Completo), así como el desarrollo y prueba de modelos de Selección Genómica.
- Colaboración con especialistas en biometría, mejoramiento y genética molecular de CIMMYT, para planear procesos de descubrimiento con el carácter de interés para su institución; incluyendo selección de germoplasma, diseño experimental, análisis fenotípico y métodos de análisis de datos.

# Seeds of Discovery

Unlocking the genetic potential of maize and wheat

[Acerca de SeeD](#) / [¿Cómo trabajamos?](#) / [Maíz](#) / [Trigo](#) / [Media](#)



Español

[Home](#) / [Convocatoria a Estudiantes MasAgro Biodiversidad 2017](#)

Search/ Buscar



**CIMMYT**



## CONVOCATORIA A ESTUDIANTES MASAGRO BIODIVERSIDAD 2017

Mayo 17, 2017 · por [cpetroli](#) · en [Sin categorizar](#)



En el marco del programa de Modernización Sustentable de la Agricultura Tradicional (**Programa MasAgro**), encabezado por la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (**SAGARPA**) y el Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (**CIMMYT**), a través de su línea de acción MasAgro Biodiversidad la cual tiene por objetivo fomentar el aprovechamiento sustentable de recursos genéticos mediante tecnologías de punta y desarrollo de capacidades, para acelerar el desarrollo de variedades de maíz y trigo de alto rendimiento, estables y tolerantes al cambio climático.

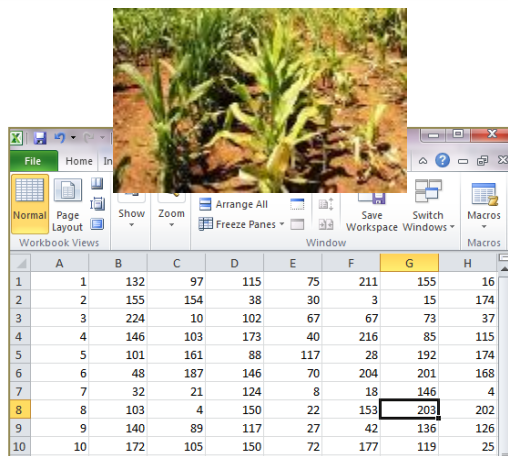
El CIMMYT, convoca a estudiantes mexicanos de licenciatura que deseen realizar tesis, prácticas profesionales o servicio social y maestría de universidades mexicanas o extranjeras para desarrollar investigaciones en temas relacionados con el aprovechamiento de los recursos genéticos de maíz y/o trigo empleando datos, herramientas, germoplasma, métodos y/o servicios producidos por el proyecto. Las áreas disciplinarias de los proyectos incluyen: genética, genómica, bioinformática, fitomejoramiento, biometría/estadística y otras afines a los objetivos de MasAgro-Biodiversidad.

<http://seedsofdiscovery.org/es/convocatoria-a-estudiantes-masagro-biodiversidad-2017/>

# Retos y Oportunidades

Excelencia en el manejo de datos, compartir datos, herramientas, y capacitación

**EQUIDAD!!**



	A	B	C	D	E	F	G	H
1	1	132	97	115	75	211	155	16
2	2	155	154	38	30	3	15	174
3	3	224	10	102	67	67	73	37
4	4	146	103	173	40	216	85	115
5	5	101	161	88	117	28	192	174
6	6	48	187	146	70	204	201	168
7	7	32	21	124	8	18	146	4
8	8	103	4	150	22	153	203	202
9	9	140	89	117	27	42	136	126
10	10	172	105	150	72	177	119	25

*Aumentar de manera sostenible la productividad de los sistemas de maíz y trigo para garantizar la seguridad alimentaria mundial y reducir la pobreza*





# Agradecimientos

**Jonás Aguirre** (UNAM), **Flavio Aragón** (INIFAP), **Gary Atlin**, **Odette Avendaño** (LANGEBIO), **Michael Baum** (ICARDA), **David Bonnett**, **Hans Braun**, **Ed Buckler** (Cornell Univ.), **Juan Burgueño**, **Vijay Chaikam**, **Alain Charcosset** (AMAZING), **Gabriela Chávez** (INIFAP), **Jiafa Chen**, **Charles Chen**, **Andrés Christen** (CIMAT), **Angelica Cibrian** (LANGEBIO), **Héctor M. Corral** (AGROVIZION), **Moisés Cortés** (CNRG), **Sergio Cortez** (UPFIM), **Denise Costich**, **Lino de la Cruz** (UdeG), **Etienne Duveiller**, **Marc Ellis**, **Armando Espinosa** (INIFAP), **Néstor Espinosa** (INIFAP), **Gilberto Esquivel** (INIFAP), **Luis Eguiarte** (UNAM), **Mustapha El-Bouhssini** (ICARDA), **Gaspar Estrada** (UAEM), **Juan D. Figueroa** (CINVESTAV), **Pedro Figueroa** (INIFAP), **Jorge Franco** (UDR), **Guillermo Fuentes** (INIFAP), **Bonnie Furman**, **Amanda Gálvez** (UNAM), **Héctor Gálvez** (SAGA), **Karen García**, **Silverio García** (ITESM), **Noel Gómez** (INIFAP), **Gregor Gorjanc** (Roslin Inst.), **Sarah Hearne**, **Carlos Hernández**, **Juan M. Hernández** (INIFAP), **Víctor Hernández** (INIFAP), **Luis Herrera** (LANGEBIO),



CNRG, Octubre 2013

**John Hickey** (Roslin Inst.), **Huntington Hobbs**, **Puthick Hok** (DArT), **Javier Ireta** (INIFAP), **Andrzej Kilian** (DArT), **Huihui Li**, **Marta Lopes**, **Francisco J. George Mahuku**, **Manjarrez** (INIFAP), **David Marshall** (JHI), **César Martínez**, **Carlos G. Martínez** (UAEM), **Manuel Martínez** (SAGA), **Ky Matthews**, **Iain Milne** (JHI), **Terrence Molnar**, **Moisés M. Morales** (UdeG), **Henry Ngugi**, **Francis Ogonnaya** (ICARDA), **Alejandro Ortega** (INIFAP), **Iván Ortíz**, **Leodegario Osorio** (INIFAP), **Natalia Palacios**, **José Ron Parra** (UdeG), **Tom Payne**, **Javier Peña**, **Cesar Petrolí** (SAGA), **Kevin Pixley**, **BM Prasanna**, **Ernesto Preciado** (INIFAP), **Matthew Reynolds**, **Sebastian Raubach** (JHI), **María Esther Rivas** (BIDASEM), **Carolina Roa**, **Alberto Romero** (Cornell Univ.), **Ariel Ruíz** (INIFAP), **Carolina Saint-Pierre**, **Jesús Sánchez** (UdeG), **Gilberto Salinas**, **Yolanda Salinas** (INIFAP), **Carolina Sansaloni** (SAGA), **Ruairidh Sawers** (LANGEBIO), **Sergio Serna** (ITESM), **Paul Shaw** (JHI), **Rosemary Shrestha**, **Aleyda Sierra** (SAGA), **Pawan Singh**, **Sukhwinder Singh**, **Giovanni Soca**, **Ernesto Solís** (INIFAP), **Kai Sonder**, **Ken Street** (ICARDA), **María Tattaris**, **Maud Tenailon** (AMAZING), **Fernando de la Torre** (CNRG), **Heriberto Torres** (Pioneer), **Samuel Trachsel**, **Grzegorz Uszynski** (DArT), **Ciro Valdés** (UANL), **Griselda Vásquez** (INIFAP), **Humberto Vallejo** (INIFAP), **Víctor Vidal** (INIFAP), **Eduardo Villaseñor** (INIFAP), **Prashant Vikram**, **Martha Willcox**, **Peter Wenzl**, **Víctor Zamora** (UAAAN)

