

El autoarchivo en el repositorio institucional de la Universidad de Vigo

Gerardo Marraud - Javier Martínez

XIV Workshop REBIUN sobre proyectos digitales | **VI Jornadas OS-Repositories**
Los horizontes de los repositorios - Córdoba, 11 a 13 de marzo de 2015



CRUE

REBIUN

Red de Bibliotecas Universitarias

▶ Empezamos por el final



Contacto | Sugerencias

Buscar por índices

Todo Investigo
Autores/as
Títulos
Materias UNESCO
Grupos de Investigación
Tipo de Contenidos
Títulos de Revista

Estadísticas

Ver estadísticas

Navegar por facetas

Investigo es el repositorio institucional de la Universidade de Vigo que recoge, difunde y científica de su personal investigador. Artículos, libros, capítulos o partes de libros, contr tesis doctorales leídas en la universidad, constituyen los principales contenidos del reposi

- Si desea buscar en Investigo utilice la barra de búsqueda situada en el menú de alguna de las modalidades de navegación que se ofrecen en el menú de la izquierda («Navegar por facetas»).
- Si desea depositar un documento, pulse en el enlace «Enviar», en el m instrucciones.

La gestión y mantenimiento de Investigo corresponde a la Biblioteca Universitari repositorio consulte las secciones de ayuda en el menú de la derecha o conta

Añadido Recientemente

prueba

prueba, prueba

doctoralThesis

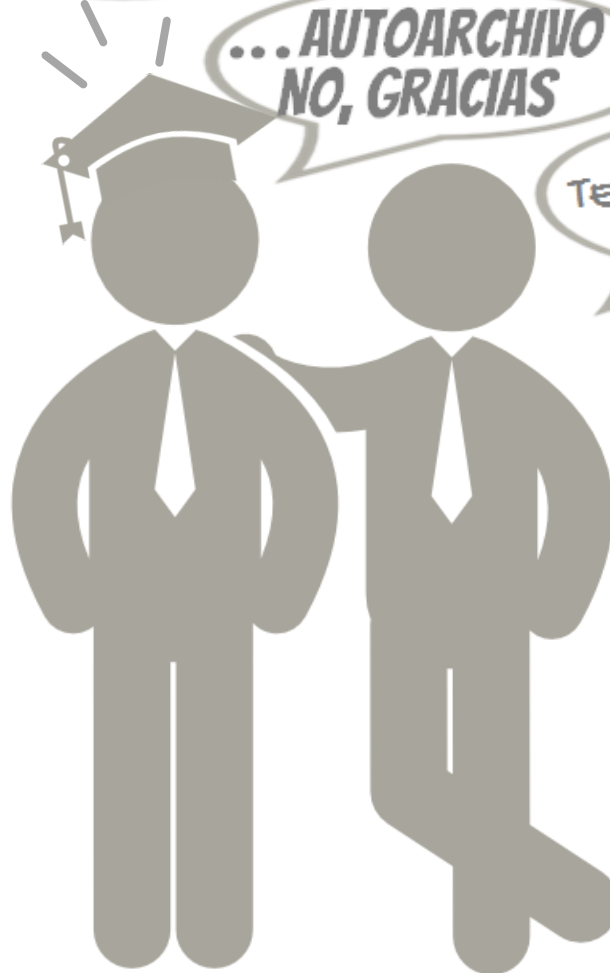
Análise e Intervención Psicosocioeducativa (X01)

Cultura (RD 56/2005)

OTRA
TECNOLOGÍA QUE HAY QUE
APRENDER..., MIEDO A INFRINGIR EL
COPYRIGHT..., RIESGO DE PERTURBAR EL
SISTEMA DE COMUNICACIÓN CIENTÍFICA...,
EL LÍO DE LOS DICHOSOS METADATOS...
¡¡ MÁS TRABAJO!!

**...AUTOARCHIVO
NO, GRACIAS**

HUMM...
TENEMOS UNA
IDEA...



Benvido ao sistema de autoarquivo do repositorio institucional da Universidade de Vigo. Por favor, seleccione o tipo de documento que desexa depositar.



Artigos



Ponencias



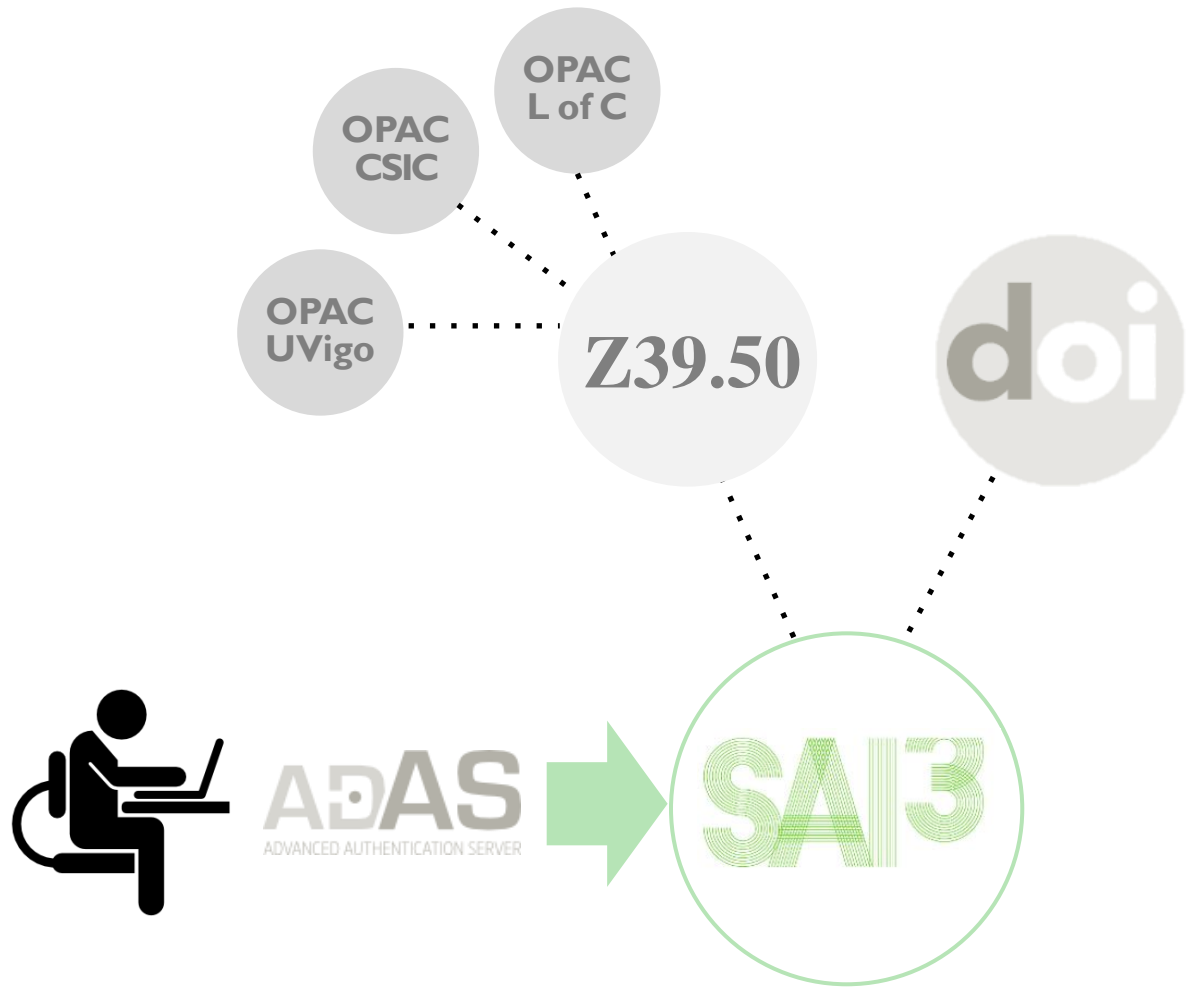
Comunicacións

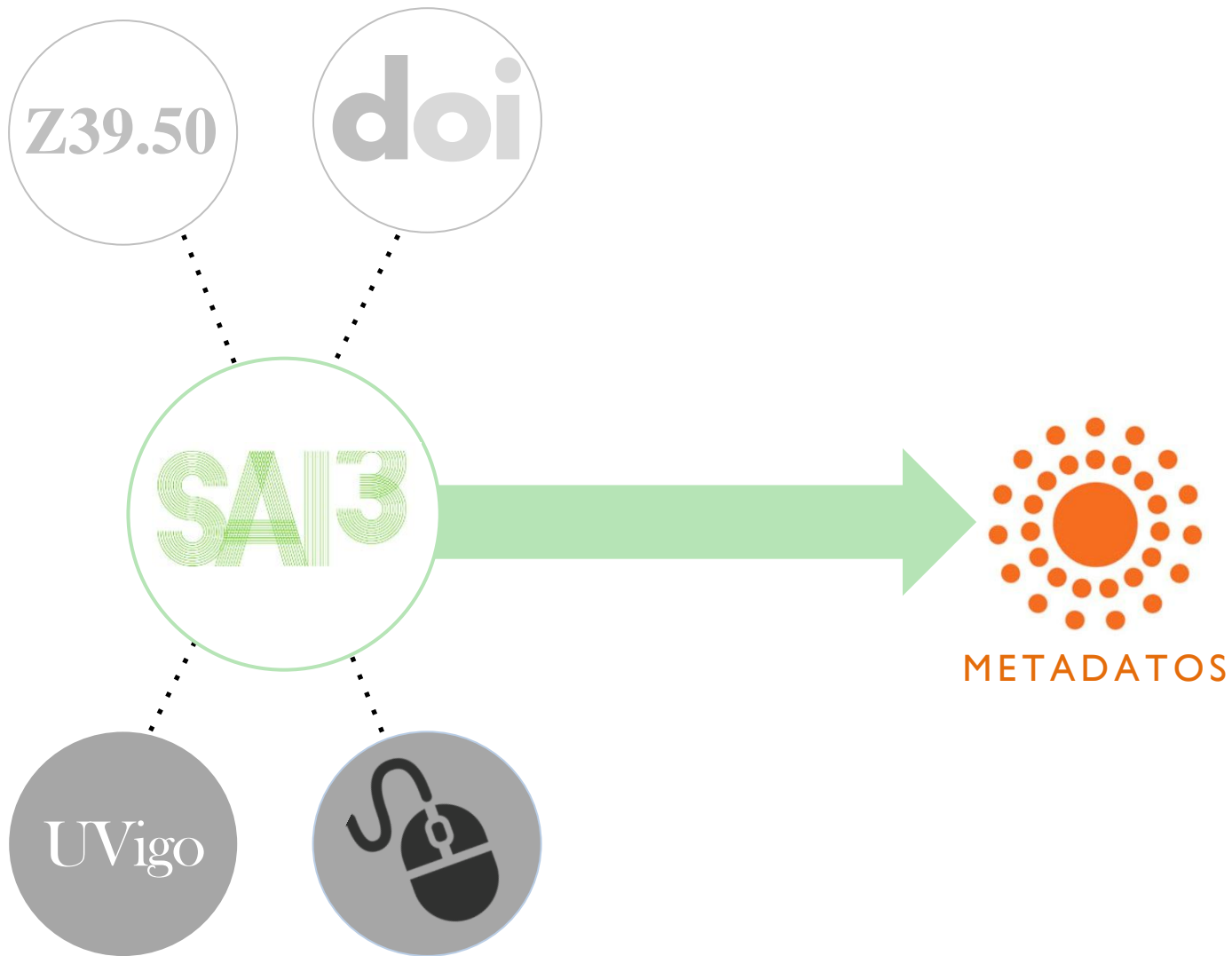


Capítulos

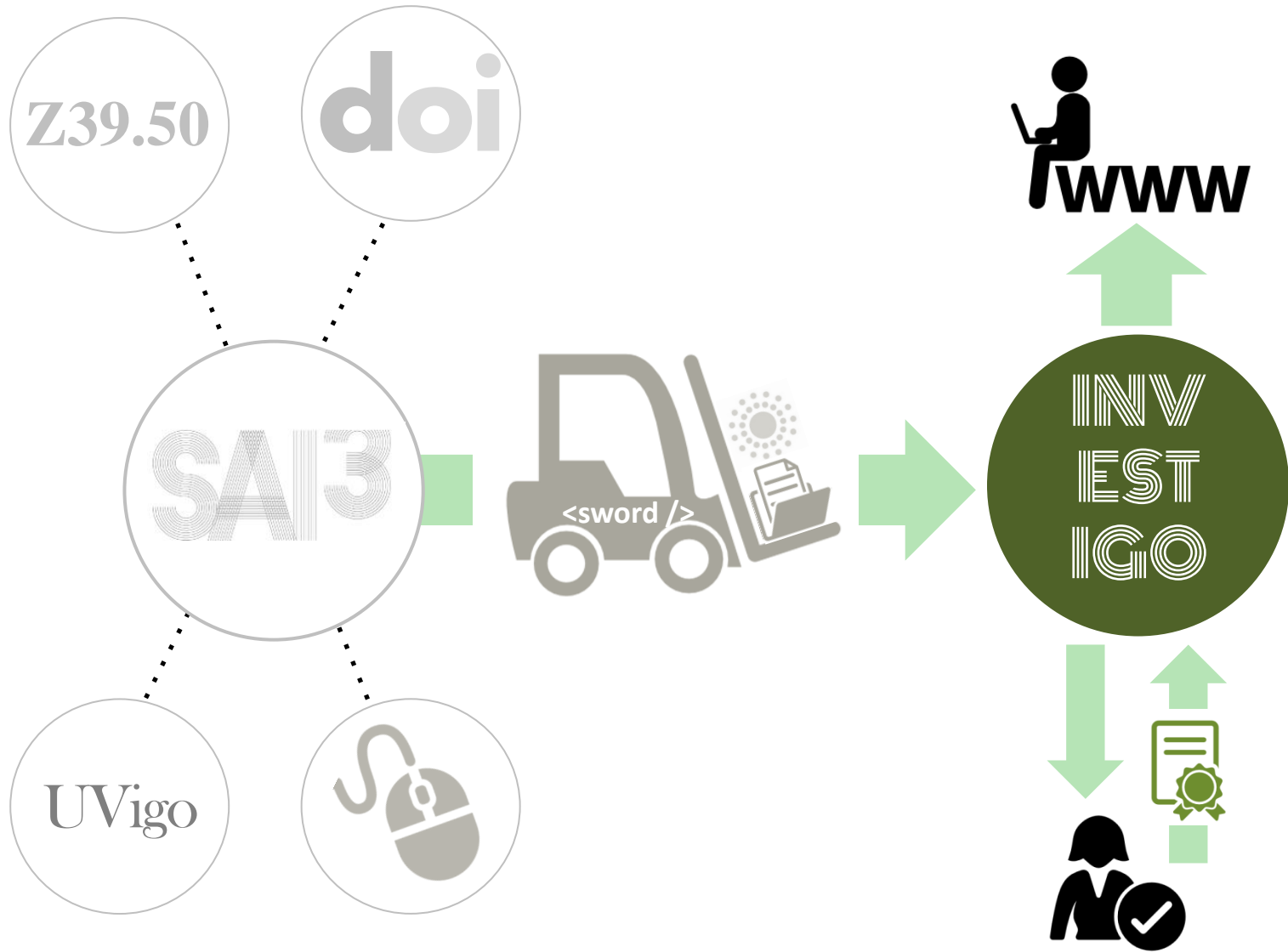


Libros









Benvindo ao sistema de autoarquivo do repositorio institucional da Universidade de Vigo. Por favor, seleccione o tipo de documento que desexa depositar.



Artigos



Ponencias



Comunicacións



Capítulos



Libros

Realice a búsqueda por título do artigo ou DOI:

Introduzca el título o el DOI del artículo



+ Alta manual

Búsqueda extendida

Z39.50

crossref

Z39.50

Benvido ao sistema de autoarquivo do repositorio institucional da Universidade de Vigo. Por favor, seleccione o tipo de documento que desexa depositar.



Realice a búsqueda por título do artigo ou DOI:

Aportaciones al estudio del metabolismo del velociraptor



+ Alta manual

Búsqueda extendida

Atopáronse 1 resultados

Título do artigo	DOI/ISSN da revista	Título da revista	
Aportaciones al estudio del metabolismo del velociraptor: revisión crítica	12.3456/paleoecologia.100.123	Paleoecologia	

Z39.50 + crossref

Benvindo ao sistema de autoarquivo do repositorio institucional da Universidade de Vigo. Por favor, seleccione o tipo de documento que desexa depositar.



Resultado da búsqueda

Título do artigo	DOI / ISSN	Título da revista	
Aportaciones al estudio del metabolismo del velociraptor: revisión crítica	12.3456/paleoecologia.100.123	Paleoecologia	

Selección de c

Domingo Díaz Festivo
D. Díaz-Festivo
Domingo Díaz
Díaz Festivo, Domingo
Dionisio Díaz Festivo



Nome	Departamento	Grupo de Investigación	Pertence a Universidade de Vigo	Tipo
DÍAZ FESTIVO, DOMINGO (Díaz Festivo, Domingo)	Historia Natural	Jurassic Group	<input checked="" type="checkbox"/>	Autor
NITO DEL BOSQUE, ELENA (Nito del Bosque, Elena)	Historia Natural	Red de Estudios en Paleocología	<input checked="" type="checkbox"/>	Autor
Glass, Crystal	-----	-----	<input type="checkbox"/>	Autor
Fandelapatrie, Alonzo	-----	-----	<input type="checkbox"/>	Autor

Tras revisar a proposta do asistente do sistema e correxila, se foi o caso, dou por valida esta selección de autores.



Materias Unesco ▼



Patrocinador ✎



Proyecto Europeo ✎



Derechos de acceso ▼



Ámbito de la editorial ▼



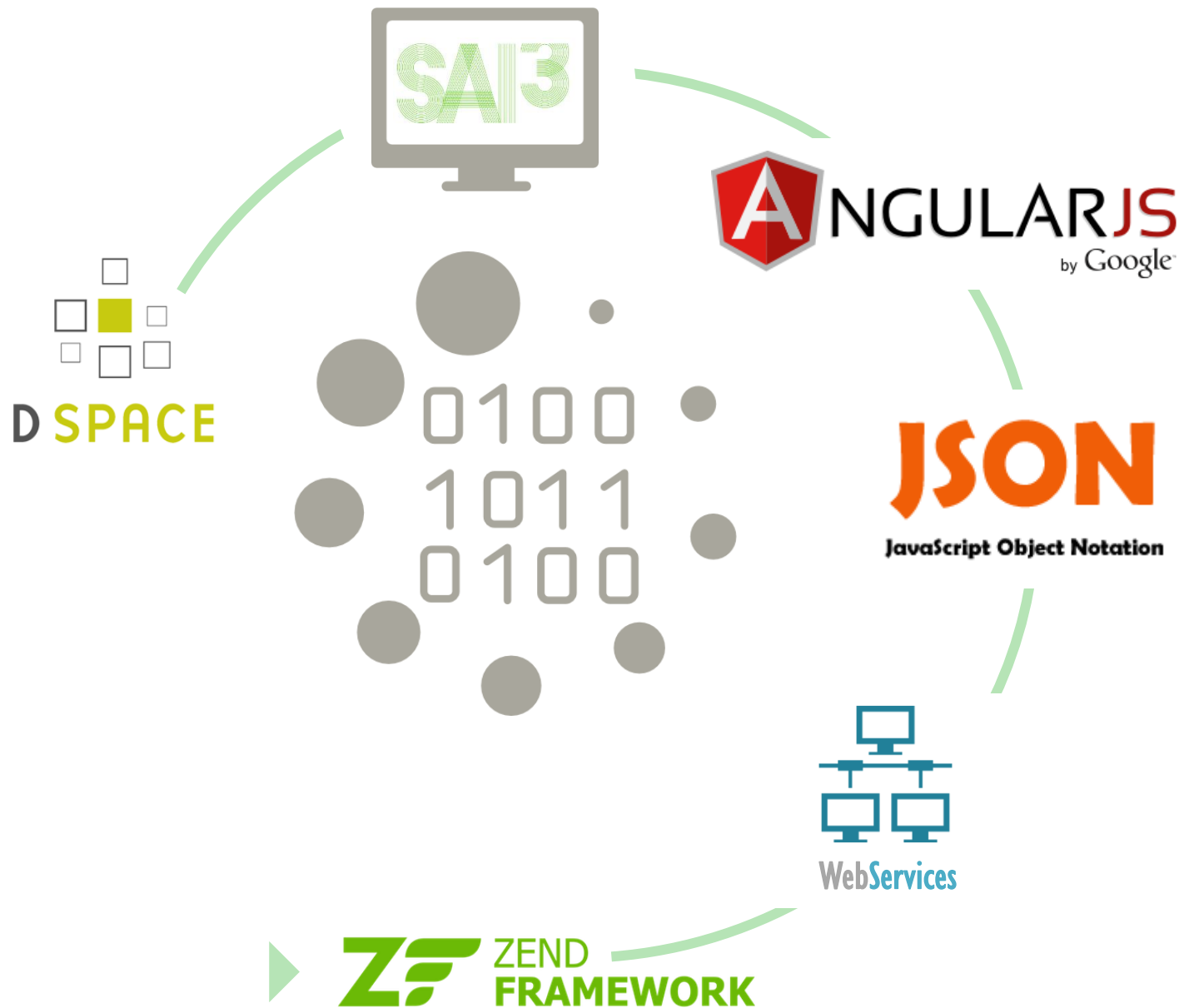
Tipo de documento ▼



Tipo de Congreso ▼



Url del Congreso ✎



```
{
  • journal_title: "Langmuir",
  • end_pag: "11435",
  • start_pag: "11431",
  • issn:
    [
      ◦ "07437463",
      ◦ "15205827"
    ],
  • volume: "25",
  • journal_number: "",
  • sponsor: "",
  • european_project: "",
  • bib_reference: "",
  • normalized_journal_title: "",
  • url_rights: "",
  • doc_type: "ARTICULO",
  • id: null,
  • send_date: null,
  • send_code: null,
  • authors:
    [
      ◦ {
        • id: "",
        • external_full_name: "Sánchez Iglesias,
          Ana",
        • dspace_full_name: "Sánchez Iglesias, Ana",
        • search_full_name: "ANA SANCHEZ IGLESIAS",
        • uvigo_member: false,
        • department: "",
        • group: ""
      }
    ]
}
```



JavaScript





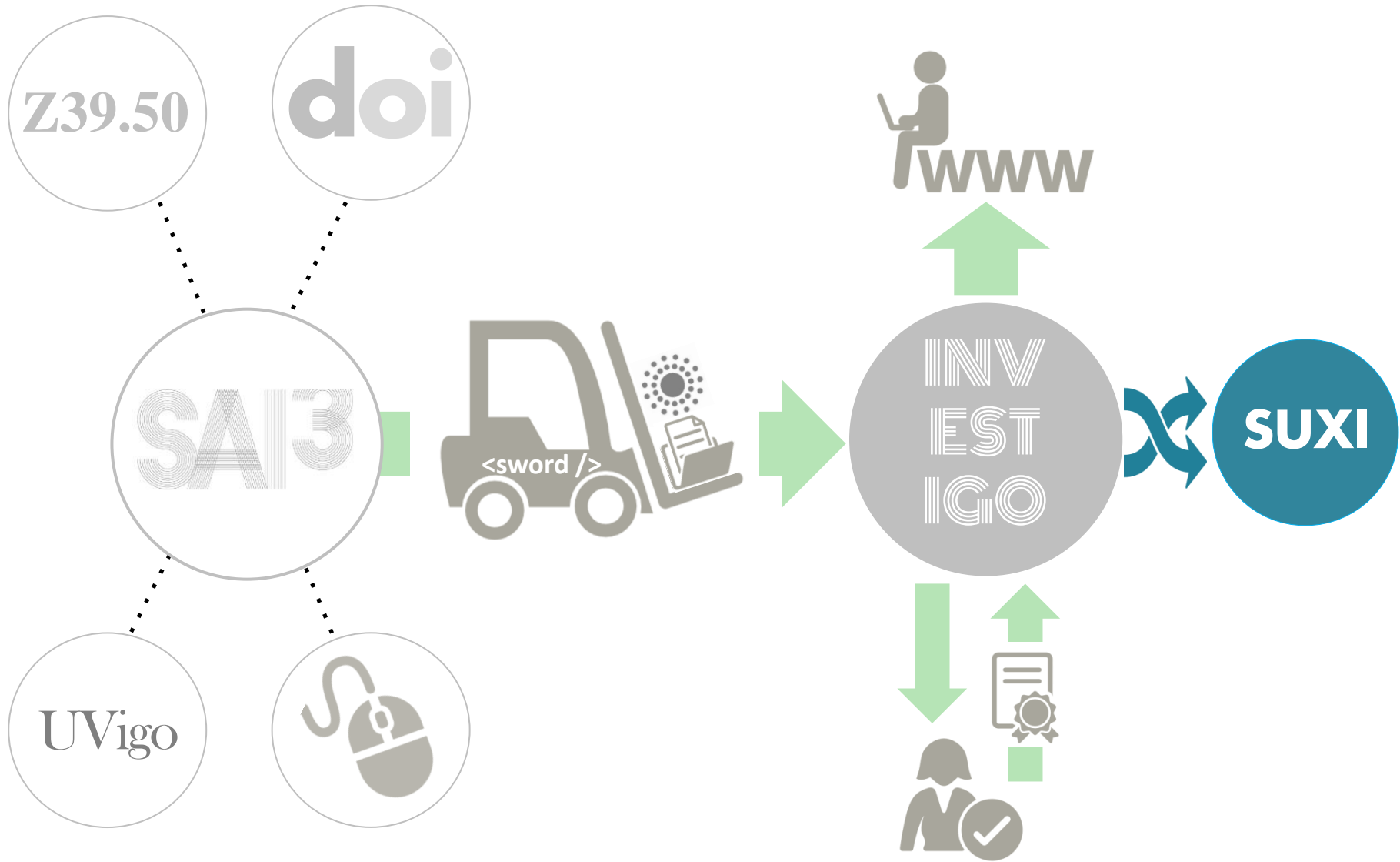
5½-10 minutos

Carr & Harnad, 2005



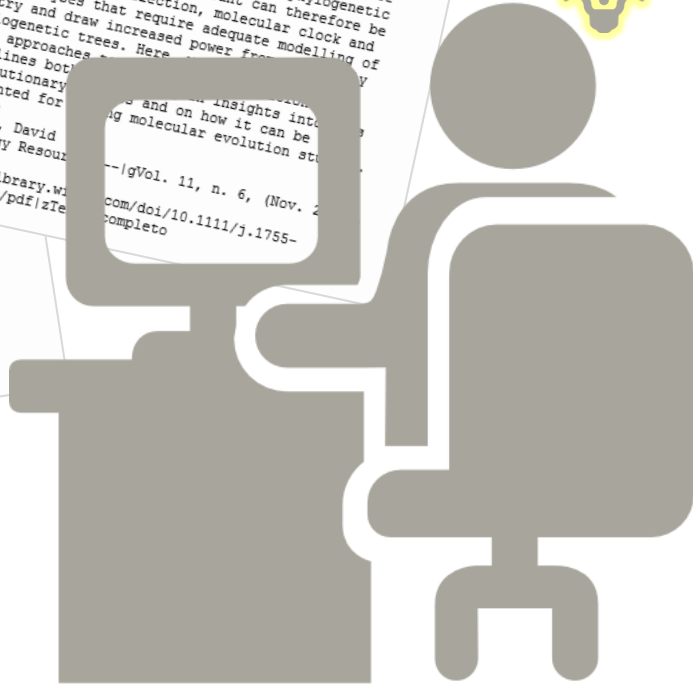
1½-2 minutos

Universidad de Vigo, 2015



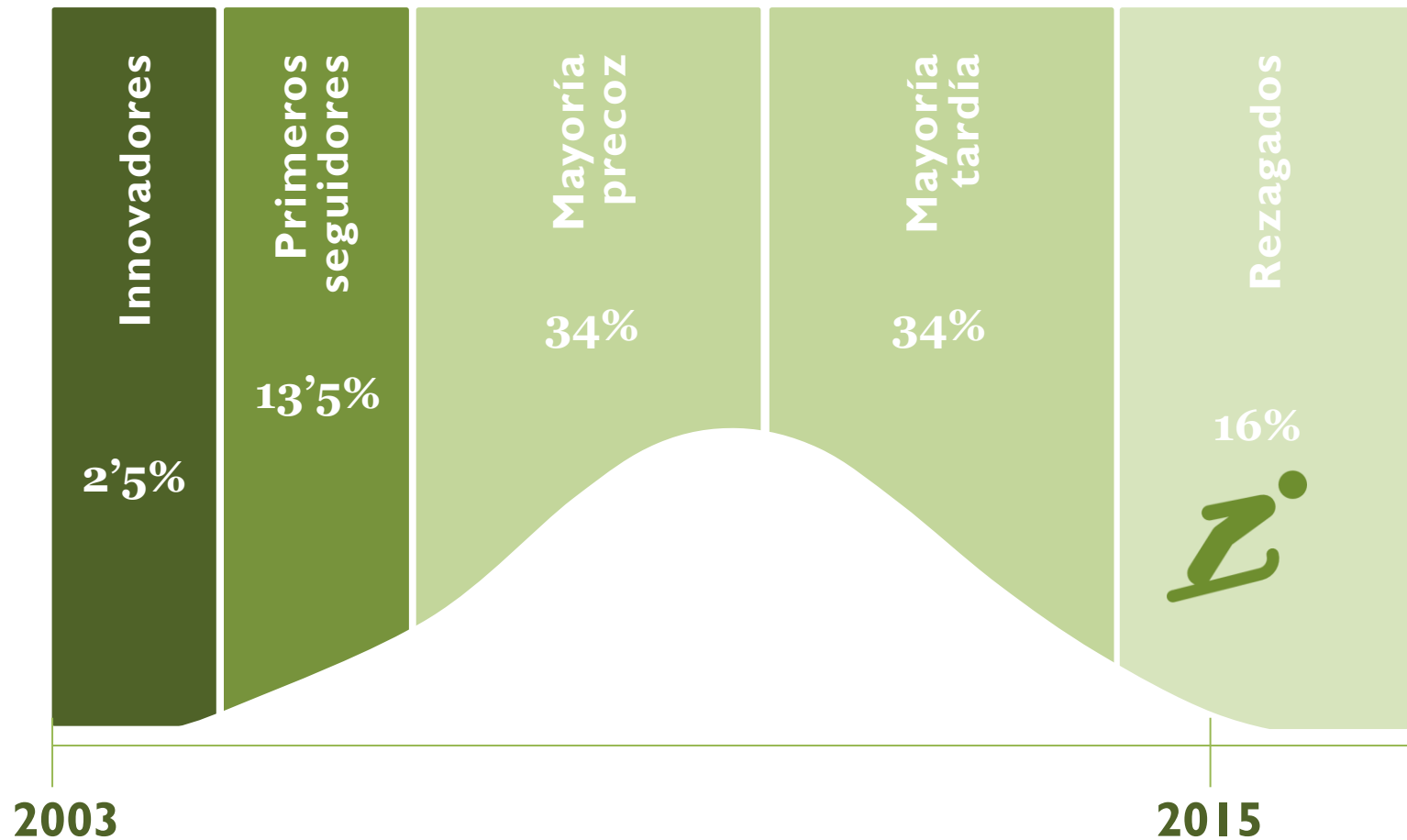
000 03354cam a22004454a 4500
 001 15514652
 005 20091027163407.0
 008 081107s2009 nyua b 001 0 eng c
 906 — |a 7 |b cbc |c pccadap |d 2 |e ncip |f 20 |g y-gencatg
 925 0_ |a acquire |b 2 shelf copies |x polity default
 955 — |b xh13 2009-09-02 z-processor |i xh06 2009-09-09 to Dewey |w rd11 2009-09-23
 010 — |a 2008941278
 016 7_ |a 101505472 |2 DNLM
 020 — |a 9781588299109 (hbk : alk. paper)
 020 — |a 1588299104 (hbk : alk. paper)
 020 — |a 9781597452519 (e-ISBN)
 020 — |a 1597452513 (e-ISBN)
 035 — |a (OCoLC)ocn316002768
 040 — |a NLM |c NLM |d YDXCP |d BNX |d SCB |d BTCTA |d OCLCQ |d CDX |d AGL |d DLC
 042 — |a pcc
 050 00 |a QH324.2 |b .B5475 2009
 060 00 |a W1 |b ME9618J v.537 2009
 060 10 |a QU 450 |b B6157 2009
 070 0_ |a QH324.2 |b .B566 2009
 082 00 |a 572.8/60285 |2 22
 245 00 |a Bioinformatics for DNA sequence analysis / |c edited by David Posada.
 280 — |a New York : |b Humana Press, |c c2009.
 300 — |a xiii, 354 p. : |b ill. : |c 27 cm.
 490 0_ |a Methods in molecular biology. |x 1064-3745 : |v 537
 490 0_ |a Springer protocols
 490 0_ |a Includes bibliographical references and index.
 504 — |a Similarity searching using BLAST / Kit J. Menlove, Mark Clement, and Keith
 505 0_ |a orthology assessment with OrthoMCL / Mary Egan ... [et al.] - Multiple alignm
 MAFFT / Kazutaka Katoh, George Asimenos, and Hiroyuki Toh - SeqVis : a to
 heterogeneity among aligned nucleotide sequences / Lars Sommer Jermin
 models of DNA evolution with ModelTest / David Posada - Estimating max
 with PhyML / Stéphane Guindon ... [et al.] - Trees from trees : construction
 using clann / Christopher J. Creevey and James O. Melosh
 sequences using datamonkey / ...
 Recombination ...

LEADER 00000nab a2200000 i 4500
 001 BUV
 008 111130s2011 gbr
 040 BUV|bgao
 049 |cIBA
 100 1 Martin, Darren P. 000 eng d
 245 00 Analysing recombination in nucleotide sequences / |cDarren
 P. Martin, Philippe Lemey, David Posada
 260 |c2011
 520 3 Throughout the living world, genetic recombination and
 nucleotide substitution are the primary processes that
 create the genetic variation upon which natural selection
 acts. Just as analyses of substitution patterns can reveal
 a great deal about evolution, so too can analyses of
 recombination. Evidence of genetic recombination within
 the genomes of apparently asexual species can equate with
 evidence of cryptic sexuality. In sexually reproducing
 species, nonrandom patterns of sequence exchange can
 provide direct evidence of population subdivisions that
 prevent certain individuals from mating. Although an
 interesting topic in its own right, an important reason
 for analysing recombination is to account for its
 potentially disruptive influences on various phylogenetic-
 based molecular evolution analyses. Specifically, the
 evolutionary histories of recombinant sequences cannot be
 accurately described by standard bifurcating phylogenetic
 trees. Taking recombination into account can therefore be
 pivotal to the success of selection, molecular clock and
 various other analyses that require adequate modelling of
 shared ancestry and draw increased power from
 inferred phylogenetic trees. Here we provide guidelines for
 computational approaches to properly account for recombination
 important evolutionary insights into how it can be
 properly accounted for and on how it can be
 Lemey, Philippe
 Posada González, David
 Molecular Ecology Resour
 pp. 943-955
 856 40 |uhttp://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/j.1755-
 0998.2011.03026.x/pdf/zTe
 --|gVol. 11, n. 6, (Nov. 2
 com/doi/10.1111/j.1755-
 completo



FMT BK
 LDR -----nam-a22-----1-4500
 001 CSIC001202279
 008 090729s2009-----usa-----000-0-eng-d
 020 |a 978-1-58829-910-9
 040 |a E5-MaCSI |b spa |c VL
 080 |a 577:004
 24510 |a Bioinformatics for DNA Sequence Analysis: / |c edited by David
 Posada.
 260 |a New York NY : |b Humana Press, |c cop. 2009.
 300 |a XII, 354 p. : |b il. : |c 24 cm.
 4901 |a Methods in Molecular Biology |v 537
 504 |a Bibliografía e índice
 650 4 |a Bioinformática.
 7001 |a Posada, David |e ed.
 830 0 |a Methods in Molecular Biology |v 537
 SYS 001202279

Acabamos por el principio



Gerardo **Marraud**
Javier **Martínez**

dirbuv@uvigo.es
javiermartinez@uvigo.es

Iconos: <http://www.flaticon.com/authors/freepik>