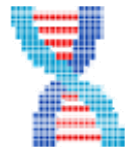




UNIVERSIDADE
DE VIGO

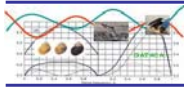
GENÉTICA DE POBLACIONES Y CITOGENÉTICA (GRUPO XB2)



RED GALLEGA DE
BIOINFORMÁTICA

<http://webs.uvigo.es/genxb2/>

Nuestro grupo de investigación de la Universidad de Vigo trabaja en diversos proyectos en el ámbito de la *simulación de procesos evolutivos por ordenador*

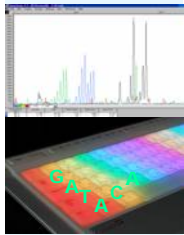


LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN EN BIOCOMPUTACIÓN



ESTRATEGIAS DE CONSERVACIÓN DE RECURSOS GENÉTICOS

Cada vez es mayor el número de especies que requieren de la intervención humana para evitar su extinción. Nuestro grupo diseña programas informáticos aplicables a la evaluación de la diversidad en poblaciones en cautividad y la gestión de recursos genéticos (Saura *et al.* 2008)



EVOLUCIÓN MOLECULAR Y GENÓMICA

Una limitación de ciertas técnicas de rastreo genómico como los AFLPs es la ocurrencia de homoplasia debida a la co-migración de fragmentos no homólogos. Estamos realizando estudios de simulación para determinar cómo la homoplasia se encuentra afectada por el tamaño y estructura de los genomas, y cuál es su impacto sobre la estimación de la proporción de genes afectados por la selección natural y la reconstrucción de la historia evolutiva de las especies (Caballero *et al.* 2008)



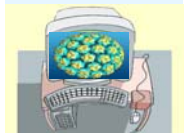
ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS MUTACIONALES

Utilizando programas informáticos, investigamos la naturaleza genética de la variación y, en particular, la tasa de mutación espontánea y otros parámetros mutacionales, así como su impacto en las poblaciones naturales (Fernández *et al.* 2005, Caballero 2006).



DESARROLLO DE HERRAMIENTAS DE SIMULACIÓN DE GENOMAS

Hemos desarrollado una metodología que permite la simulación eficiente de genomas hacia delante en el tiempo. Ellos nos permite contrastar el impacto del efecto combinado de distintos procesos evolutivos sobre los patrones de ADN (Carvajal-Rodríguez 2008)



EVOLUCIÓN IN SÍLICO DE VIRUS VIH y VPH

Estudiamos la evolución de la resistencia en VIH-1 bajo diferentes condiciones evolutivas. Utilizamos herramientas computacionales y simulación para detectar recombinación en VPH (Angulo & Carvajal-Rodríguez 2007)

Proyectos de investigación financiados

Ministerio de Educación y Ciencia
Xunta de Galicia
Universidad de Vigo
Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (INIA)

Referencias

- Angulo M., Antonio Carvajal-Rodríguez A. (2007) Evidence of recombination within human Alpha-Papillomavirus. *Virology Journal*, 4, 33.
- Caballero A. (2006) Analysis of the biases in the estimation of deleterious mutation parameters from natural populations at mutation-selection balance. *Genetical Research*, 88, 177-189.
- Caballero A., Quesada H., Rolán-alvarez E. (2008) Impact of AFLP fragment size homoplasy on the estimation of population genetic diversity and the detection of selective loci. *Genetics*. En prensa.
- Carvajal-Rodríguez A. (2008) GenomePop: A software for simulation of genomes and populations. En revisión.
- Fernández, B., García-Dorado, A., Caballero, A. (2005) The effect of antagonistic pleiotropy on the estimation of the average coefficient of dominance of deleterious mutations. *Genetics*, 171, 2097-2112.
- Saura M., Pérez-Figueroa A., Fernández J., Toro M.A., Caballero A. (2008) Preserving population allele frequencies in ex situ conservation programs. *Conservation Biology*. En prensa.

