

SECCIÓN G — SECCION G — FISICA

G16 TECNOLOGÍAS DE LA INFORMACIÓN Y DE LA COMUNICACIÓN [TIC] ESPECIALMENTE ADAPTADAS PARA ÁREAS DE APLICACIÓN ESPECÍFICAS [2018.01]**G16B BIOINFORMATICA, es decir, TECNOLOGIAS DE LA INFORMACION Y DE LA COMUNICACION [TIC] ESPECIALMENTE ADAPTADAS PARA EL PROCESAMIENTO DE DATOS GENETICOS O DATOS RELACIONADOS CON PROTEINAS EN LA BIOLOGÍA MOLECULAR COMPUTACIONAL [2019.01]**

-
- | | |
|---|--|
| <p>5/00 <i>TIC especialmente adaptadas para modelizar o realizar simulaciones en sistemas biológicos, p. ej. redes de regulación genética, redes de interacción entre proteínas o redes metabólicas [2019.01]</i></p> <p>5/10 . Modelos booleanos [2019.01]</p> <p>5/20 . Modelos probabilísticos [2019.01]</p> <p>5/30 . Modelos temporales dinámicos [2019.01]</p> <p>10/00 <i>TIC especialmente adaptadas para bioinformática evolutiva, p. ej. construcción o análisis del árbol filogenético [2019.01]</i></p> <p>15/00 <i>TIC especialmente adaptadas para el análisis de estructuras moleculares bidimensionales o tridimensionales, p. ej. relaciones estructurales o funcionales o alineamiento de estructuras [2019.01]</i></p> <p>15/10 . Plegamiento de ácidos nucleicos [2019.01]</p> <p>15/20 . Plegamiento de proteínas o de dominios [2019.01]</p> <p>15/30 . Identificación de medicamentos usando datos estructurales; Predicción del acoplamiento o de la unión [2019.01]</p> <p>20/00 <i>TIC especialmente adaptadas a la genómica o proteómica funcional, p.ej. asociaciones genotipo o fenotipo [2019.01]</i></p> <p>20/10 . Ploidía o detección del número de copias [2019.01]</p> <p>20/20 . Detección de alelos o de sus variantes, p.ej. detección de polimorfismo de nucleótido simple [SNP] [2019.01]</p> <p>20/30 . Detección de lugares o motivos de unión [2019.01]</p> <p>20/40 . Genética de poblaciones; Desequilibrio de la unión [2019.01]</p> <p>20/50 . Mutagénesis [2019.01]</p> <p>25/00 <i>TIC especialmente adaptadas a la hibridación; TIC especialmente adaptadas a la expresión de genes o de proteínas [2019.01]</i></p> <p>25/10 . Perfil de expresión génica o de proteínas; Estimación de la proporción de expresiones o normalización [2019.01]</p> <p>25/20 . Reacción en cadena de la polimerasa [PCR]; Diseño del primer o de sondas; Optimización de la sonda [2019.01]</p> | <p>25/30 . Diseño de microarrays [2019.01]</p> <p>30/00 <i>TIC especialmente adaptadas al análisis de secuencias que implican nucleótidos o aminoácidos [2019.01]</i></p> <p>30/10 . Alineamiento de secuencias; Búsqueda de homología [2019.01]</p> <p>30/20 . Ensamblaje de secuencias [2019.01]</p> <p>35/00 <i>TIC especialmente adaptadas a las librerías combinatorias in silico de ácidos nucleicos, proteínas o péptidos [2019.01]</i></p> <p>35/10 . Diseño de librerías [2019.01]</p> <p>35/20 . Cribado de librerías [2019.01]</p> <p>40/00 <i>TIC especialmente adaptadas a la bioestadística; TIC especialmente adaptadas al aprendizaje automático o a la minería de datos relacionados con la bioinformática, p.ej. descubrimiento de conocimiento o detección de patrones [2019.01]</i></p> <p>40/10 . Procesamiento de la señal, p.ej. a partir de la espectrometría de masas o de la reacción en cadena de la polimerasa [2019.01]</p> <p>40/20 . Análisis supervisado de datos [2019.01]</p> <p>40/30 . Análisis no supervisado de datos [2019.01]</p> <p>45/00 <i>TIC especialmente adaptadas a la visualización de datos relacionados con la bioinformática, p. ej. exposición de mapas o de redes [2019.01]</i></p> <p>50/00 <i>TIC para la programación de herramientas o de sistemas de bases de datos especialmente adaptadas a la bioinformática [2019.01]</i></p> <p>50/10 . Ontologías; Anotaciones [2019.01]</p> <p>50/20 . Integración de datos heterogéneos [2019.01]</p> <p>50/30 . Almacenamiento de datos; Arquitecturas informáticas [2019.01]</p> <p>50/40 . Cifrado de datos genéticos [2019.01]</p> <p>50/50 . Compresión de datos genéticos [2019.01]</p> <p>99/00 <i>Materia no prevista por otros grupos de esta subclase [2019.01]</i></p> |
|---|--|