

## 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]**

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>	25/30	. Diseño de microarrays [2019.01]
5/10	. Modelos booleanos [2019.01]	30/00	<i>TIC especialmente adaptadas al análisis de secuencias que implican nucleótidos o aminoácidos [2019.01]</i>
5/20	. Modelos probabilísticos [2019.01]	30/10	. Alineamiento de secuencias; Búsqueda de homología [2019.01]
5/30	. Modelos temporales dinámicos [2019.01]	30/20	. Ensamblaje de secuencias [2019.01]
10/00	<i>TIC especialmente adaptadas para bioinformática evolutiva, p. ej. construcción o análisis del árbol filogenético [2019.01]</i>	35/00	<i>TIC especialmente adaptadas a las librerías combinatorias in silico de ácidos nucleicos, proteínas o péptidos [2019.01]</i>
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>	35/10	. Diseño de librerías [2019.01]
15/10	. Plegamiento de ácidos nucleicos [2019.01]	35/20	. Cribado de librerías [2019.01]
15/20	. Plegamiento de proteínas o de dominios [2019.01]	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>
15/30	. Identificación de medicamentos usando datos estructurales; Predicción del acoplamiento o de la unión [2019.01]	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]
20/00	<i>TIC especialmente adaptadas a la genómica o proteómica funcional, p.ej. asociaciones genotipo o fenotipo [2019.01]</i>	40/20	. Análisis supervisado de datos [2019.01]
20/10	. Ploidía o detección del número de copias [2019.01]	40/30	. Análisis no supervisado de datos [2019.01]
20/20	. Detección de alelos o de sus variantes, p.ej. detección de polimorfismo de nucleótido simple [SNP] [2019.01]	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>
20/30	. Detección de lugares o motivos de unión [2019.01]	50/00	<i>TIC para la programación de herramientas o de sistemas de bases de datos especialmente adaptadas a la bioinformática [2019.01]</i>
20/40	. Genética de poblaciones; Desequilibrio de la unión [2019.01]	50/10	. Ontologías; Anotaciones [2019.01]
20/50	. Mutagénesis [2019.01]	50/20	. Integración de datos heterogéneos [2019.01]
25/00	<i>TIC especialmente adaptadas a la hibridación; TIC especialmente adaptadas a la expresión de genes o de proteínas [2019.01]</i>	50/30	. Almacenamiento de datos; Arquitecturas informáticas [2019.01]
25/10	. Perfil de expresión génica o de proteínas; Estimación de la proporción de expresiones o normalización [2019.01]	50/40	. Cifrado de datos genéticos [2019.01]
25/20	. Reacción en cadena de la polimerasa [PCR]; Diseño del primer o de sondas; Optimización de la sonda [2019.01]	50/50	. Compresión de datos genéticos [2019.01]
		99/00	<i>Materia no prevista por otros grupos de esta subclase [2019.01]</i>