

G16 特定の用途分野に特に適合した情報
通信技術 [I C T] [2 0 1 8 . 0 1]

注

1. このクラスでは以下のものを包含しない:
- a. グループ G 0 6 F 1 8 / 0 0 に分類される, パターン認識;
 - b. 管理目的, 商用目的, 金融目的, 経営目的または監督目的に特に適合したデジタル計算またはデータ処理のシステムまたは方法であって, サブクラス G 0 6 Q に分類されるもの;
 - c. 画像データ処理または生成であって, サブクラス G 0 6 T に包含されるもの。
2. このクラスでは, 下記の用語または表現は以下に示す意味で用いられる:
- a. I C T [情報通信技術] は, I T [情報技術] も含む;
 - b. " 特に適合した I C T " は, グループ G 0 6 F 1 7 / 0 0 で使用される, " 特に適合したデジタル計算またはデータ処理システムまたは方法 " も含む。

G16B バイオインフォマティクス, すなわち
計算分子生物学において遺伝子または
蛋白質関連データの処理を行うこと
に特に適合した情報通信技術 [I C
T] [2 0 1 9 . 0 1]

- 5/00 システムバイオロジーにおけるモデル化またはシミュレーションに特に適合した I C T, 例. 遺伝子制御ネットワーク, 蛋白質相互作用ネットワークまたは代謝ネットワーク [2 0 1 9 . 0 1]
- 5/10 ・ブーリアンモデル [2 0 1 9 . 0 1]
- 5/20 ・確率モデル [2 0 1 9 . 0 1]
- 5/30 ・動的時間モデル [2 0 1 9 . 0 1]
- 10/00 進化的バイオインフォマティクスに特に適合した I C T, 例. 系統樹の構築または分析 [2 0 1 9 . 0 1]
- 15/00 2 次元または 3 次元の分子構造の分析に特に適合した I C T, 例. 構造または機能相関, または構造アライメント [2 0 1 9 . 0 1]
- 15/10 ・核酸の折りたたみ [2 0 1 9 . 0 1]
- 15/20 ・タンパク質またはドメインの折りたたみ [2 0 1 9 . 0 1]
- 15/30 ・構造データを用いた薬物ターゲティング; ドッキングまたは結合予測 [2 0 1 9 . 0 1]
- 20/00 機能ゲノミクスまたはプロテオミクスに特に適合した I C T, 例. 遺伝子型 - 表現型相関 [2 0 1 9 . 0 1]
- 20/10 ・倍数性またはコピー数の検出 [2 0 1 9 . 0 1]
- 20/20 ・対立遺伝子または変異体の検出, 例. 一塩基多型 [S N P] の検出 [2 0 1 9 .

- 0 1]
- 20/30 ・結合領域またはモチーフの検出 [2 0 1 9 . 0 1]
- 20/40 ・集団遺伝学; 連鎖不平衡 [2 0 1 9 . 0 1]
- 20/50 ・突然変異生成 [2 0 1 9 . 0 1]
- 25/00 ハイブリダイゼーションに特に適合した I C T; 遺伝子または蛋白質発現に特に適合した I C T [2 0 1 9 . 0 1]
- 25/10 ・遺伝子または蛋白質発現プロファイリング; 発現比率推定または正規化 [2 0 1 9 . 0 1]
- 25/20 ・ポリメラーゼ連鎖反応 [P C R]; プライマーまたはプローブの設計; プローブの最適化 [2 0 1 9 . 0 1]
- 25/30 ・マイクロアレイの設計 [2 0 1 9 . 0 1]
- 30/00 核酸またはアミノ酸の配列分析に特に適合した I C T [2 0 1 9 . 0 1]
- 30/10 ・配列アライメント; ホモロジー検索 [2 0 1 9 . 0 1]
- 30/20 ・配列アセンブリ [2 0 1 9 . 0 1]
- 35/00 i n s i l i c o による核酸, 蛋白質またはペプチドのコンビナトリアルライブラリに特に適合した I C T [2 0 1 9 . 0 1]
- 35/10 ・ライブラリの設計 [2 0 1 9 . 0 1]
- 35/20 ・ライブラリのスクリーニング [2 0 1 9 . 0 1]
- 40/00 生物統計学に特に適合した I C T; バイオインフォマティクスに関連した機械学習またはデータマイニングに特に適合した I C T, 例. 知識発見またはパターン検出 [2 0 1 9 . 0 1]
- 40/10 ・信号処理, 例. 質量分析 [M S] または P C R [2 0 1 9 . 0 1]
- 40/20 ・教師つき分析 [2 0 1 9 . 0 1]
- 40/30 ・教師なし分析 [2 0 1 9 . 0 1]
- 45/00 バイオインフォマティクスに関連したデータの可視化に特に適合した I C T, 例. マップやネットワークの表示 [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/00 バイオインフォマティクスに特に適合した I C T プログラミングツールまたはデータベースシステム [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/10 ・オントロジー; アノテーション [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/20 ・異種データの統合 [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/30 ・データウェアハウス; コンピューティングアーキテクチャ [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/40 ・遺伝子データの暗号化 [2 0 1 9 . 0 1]
- 50/50 ・遺伝子データの圧縮 [2 0 1 9 . 0 1]
- 99/00 このサブクラスの他のグループに分類されない主題事項 [2 0 1 9 . 0 1]

