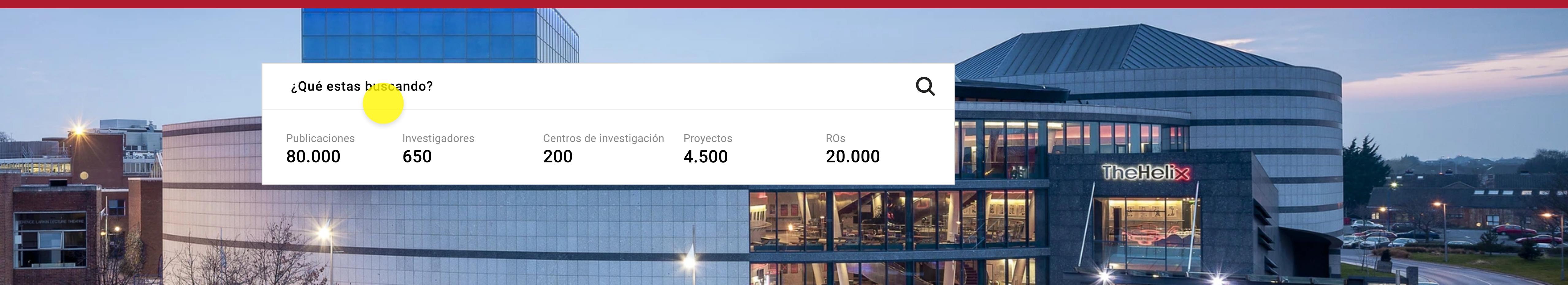


HÉRCULES | Home Actividad Reciente

- | Buscador
- | Listado facetado de recursos
- | Listado facetado de recursos con
reconocimiento de entidad



¿Qué estas buscando?

Publicaciones
80.000

Investigadores
650

Centros de investigación
200

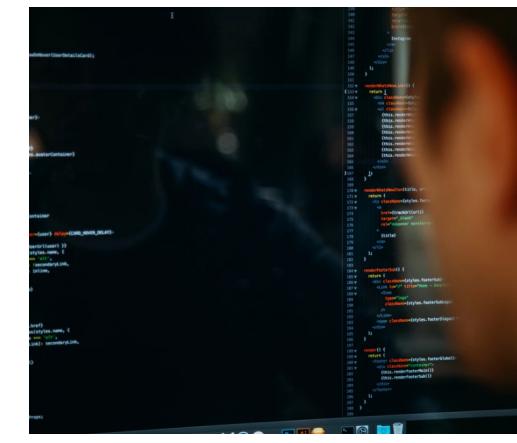
Proyectos
4.500

R0s
20.000



Últimas publicaciones

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools



2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

Top Investigadores



Nombre Apellidos Investigador
Universidad de La Rioja



Nombre Apellidos Investigador
Universidad de La Rioja



Nombre Apellidos Investigador
Universidad de La Rioja



Nombre Apellidos Investigador
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)

Top Centros de investigación



Química biológica de péptidos y proteínas
Universidad de La Rioja



Bioprocessos aplicados a la Economía Circular
Universidad de La Rioja



Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)

Top Proyectos



Plastics fate and effects in the human body
Química biológica de péptidos y proteínas



The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics
Bioprocessos aplicados a la Economía Circular



Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...



The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

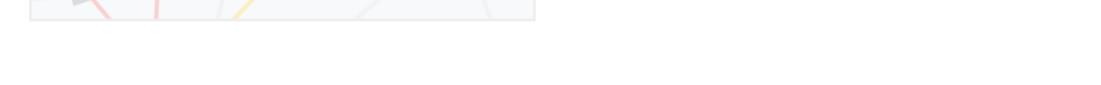


The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...



The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...



The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

Publicaciones **80.000** Investigadores **650** Centros de investigación **200** Proyectos **4.500** ROS **20.000**

Últimas búsquedas

-  Ross Girshick
-  Computer science
-  Yoshua Bengio
-  Machine learning
-  Computer science

**Top Investigadores**

 **Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

 **Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

 **Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

 **Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)

Top Centros de investigación

 Universidad de La Rioja
Química biológica de péptidos y proteínas

 Universidad de La Rioja
Bioprocessos aplicados a la Economía Circular

 Universidad de La Rioja
Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos

[Ver todos >](#)

Top Proyectos

 Química biológica de péptidos y proteínas
Plastics fate and effects in the human body

 Bioprocessos aplicados a la Economía Circular
The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics

 Universidad de La Rioja
Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow

[Ver todos >](#)

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**2009 Bioinformatics**

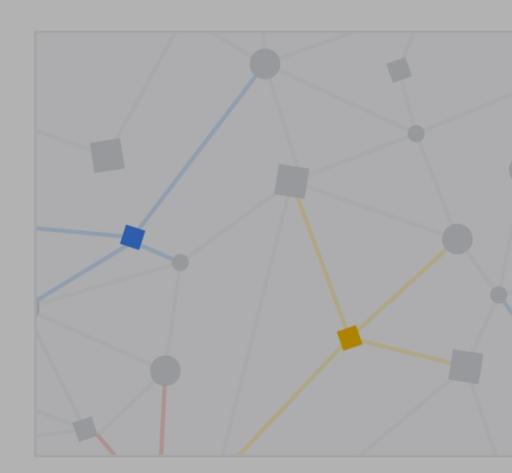
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**2009 Bioinformatics**

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools **2009 Bioinformatics**

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**2009 Bioinformatics**

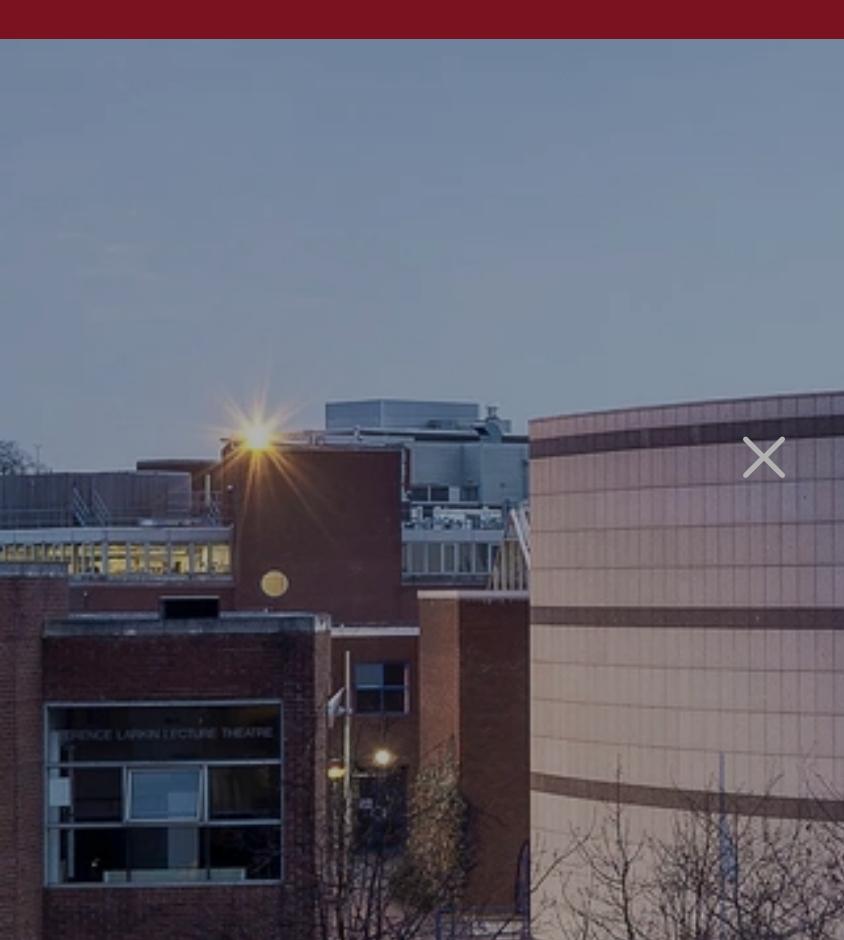
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**2009 Bioinformatics**

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...



- Título recurso
- Título recurso
- Nombre, Apellido Apellido
- Título recurso
- Centro de investigación
- Centro de investigación
- Nombre del proyecto
- [Buscar ABC en todo HÉRCULES >](#)
- Últimas publicaciones**
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
-
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
-
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
-
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
- 2009 Bioinformatics**
- Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

**Top Investigadores**

- Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

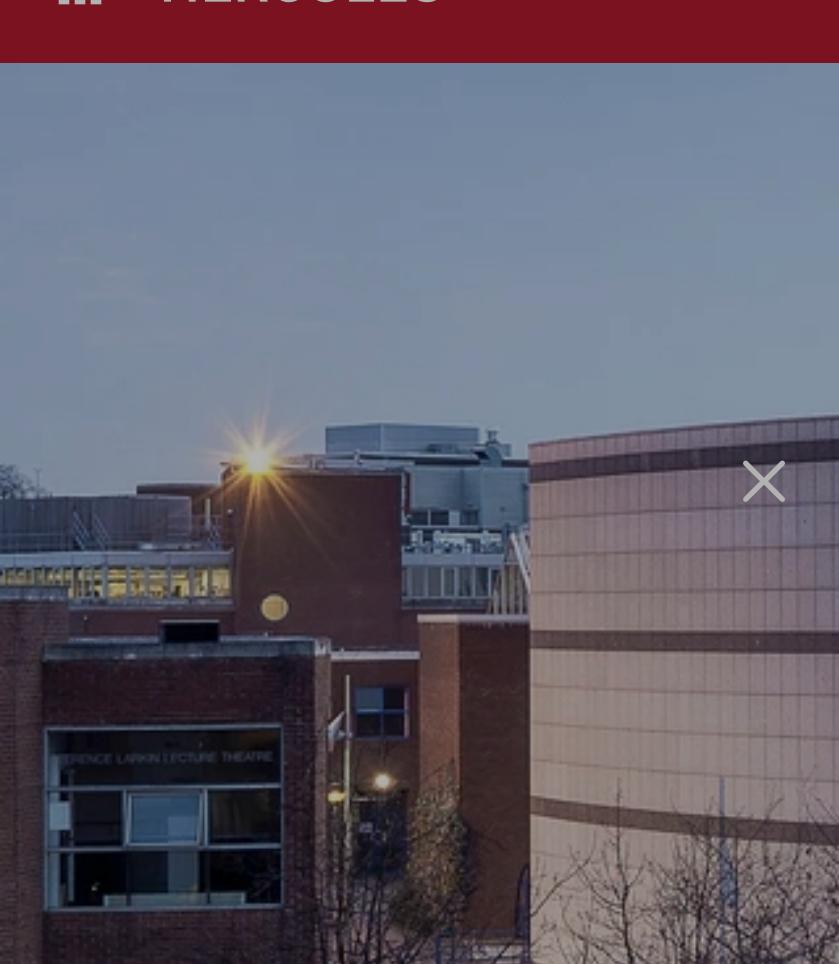
[Ver todos >](#)**Top Centros de investigación**

- Química biológica de péptidos y proteínas**
Universidad de La Rioja
- Bioprocessos aplicados a la Economía Circular**
Universidad de La Rioja
- Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)**Top Proyectos**

- Plastics fate and effects in the human body**
Química biológica de péptidos y proteínas
- The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics**
Bioprocessos aplicados a la Economía Circular
- Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)



PUBLICACIONES

- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Debate. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Debate. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta

[Ver más publicaciones >](#)

INVESTIGADORES

- Nombre, Apellido Apellido
- Nombre, Apellido Apellido

[Ver más investigadores >](#)

CENTROS DE INVESTIGACIÓN

- Centro de investigación
- Centro de investigación
- Centro de investigación

[Ver más centros de investigación >](#)

PROYECTOS

- Nombre del proyecto

[Ver más en todo HÉRCULES >](#)

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**

2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**

2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**

2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**

2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

**Top Investigadores**

- Nombre Apellidos Investigador**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)**Top Centros de investigación**

- Química biológica de péptidos y proteínas**
Universidad de La Rioja
- Bioprocessos aplicados a la Economía Circular**
Universidad de La Rioja
- Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)**Top Proyectos**

- Plastics fate and effects in the human body**
Química biológica de péptidos y proteínas
- The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics**
Bioprocessos aplicados a la Economía Circular
- Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow**
Universidad de La Rioja

[Ver todos >](#)

FILTRAR POR

ÁREA DE CONOCIMIENTO

Computer science (56)

Software (40)

Data mining (32)

Artificial intelligence (28)

Bioinformatics (24)

Data science (19)

Source code (14)

Ver más >

CENTRO

Cic bioGUNE (56)

Universidad de La Rioja (40)

Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR

Docente (56)

Personal investigador (40)

En formación (32)

Ver todas

ROL

NÚMERO PUBLICACIONES

NOTICIAS

ÍNDICE H

GRUPO DE INVESTIGACIÓN

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Publicaciones 2400

Exportar | Ordenar | Visualizar

Abc

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and...

Cargando recursos...

Publicaciones

Investigadores

Centros de investigación

Proyectos

ROs

FILTRAR POR

ÁREA DE CONOCIMIENTO

Computer science (56)

Software (40)

Data mining (32)

Artificial intelligence (28)

Bioinformatics (24)

Data science (19)

Source code (14)

Ver más >

CENTRO

Cic bioGUNE (56)

Universidad de La Rioja (40)

Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR

Docente (56)

Personal investigador (40)

En formación (32)

Ver todas >

ROL

NÚMERO PUBLICACIONES

NOTICIAS

ÍNDICE H

GRUPO DE INVESTIGACIÓN

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Investigadores 4.700

Exportar | Ordenar | Visualizar

Abc X

**Heng Li**

Harvard University

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Bob Handsaker**

University of California, Los Angeles

Publicaciones (778), H-index (52)

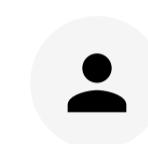
Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Alec Wysoker**

Broad Institute

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

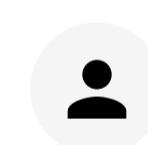
Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Alec Wysoker**

Broad Institute

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

**Caroline A Schneider**

University of Wisconsin-Madison

Publicaciones (778), H-index (52)

Heng Li is a Chinese bioinformatics scientist. He is an assistant professor at the department of Biomedical Informatics of Harvard Medical School and the department of Biostatistics & Computational Biology of Dana-Farber Cancer Institute. He was previously a research scientist working at the Broad Institute in Cambridge... ▾

Cargando recursos...

Publicaciones **80.000** Investigadores **650** Centros de investigación **200** Proyectos **4.500** ROS **20.000**

Últimas búsquedas

-  Ross Girshick
-  Computer science
-  Yoshua Bengio
-  Machine learning
-  Computer science

Top Investigadores

Universidad de La Rioja

Nombre Apellidos Investigador

Universidad de La Rioja

Nombre Apellidos Investigador

Universidad de La Rioja

Nombre Apellidos Investigador

Universidad de La Rioja

Nombre Apellidos Investigador[Ver todos >](#)**Top Centros de investigación**

Universidad de La Rioja

Química biológica de péptidos y proteínas

Universidad de La Rioja

Bioprocessos aplicados a la Economía Circular

Universidad de La Rioja

Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos[Ver todos >](#)**Top Proyectos**

Química biológica de péptidos y proteínas

Plastics fate and effects in the human body

Bioprocessos aplicados a la Economía Circular

The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics

Universidad de La Rioja

Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow[Ver todos >](#)

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

⋮

GraPPa: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

⋮

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

⋮

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

⋮

GraPPa: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

⋮

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

PUBLICACIONES

- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Debate. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Debate. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta
- Recurso. Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta

[Ver más publicaciones >](#)

INVESTIGADORES

- Eduardo Enrique Veas

[Ver más investigadores >](#)

CENTROS DE INVESTIGACIÓN

- Centro de investigación
- Centro de investigación
- Centro de investigación

[Ver más centros de investigación >](#)

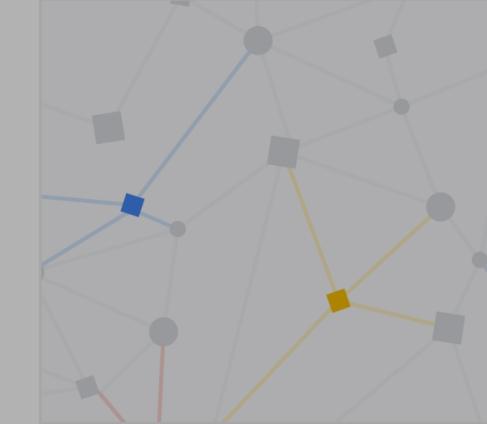
PROYECTOS

- Nombre del proyecto

[Ver más en todo HÉRCULES >](#)

Nombre Apellidos Investigador

GraPPa: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing



The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Lun 22, jun. 2020

⋮

Nombre Apellidos Investigador

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Lun 22, jun. 2020

⋮

Nombre Apellidos Investigador

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Lun 22, jun. 2020

⋮

Nombre Apellidos Investigador

GraPPa: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing



The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Lun 22, jun. 2020

⋮

Nombre Apellidos Investigador

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Lun 22, jun. 2020

⋮

Top Investigadores

Universidad de La Rioja

Nombre Apellidos Investigador

[Ver todos >](#)

Top Centros de investigación

Universidad de La Rioja

Química biológica de péptidos y proteínas

Universidad de La Rioja

Bioprocessos aplicados a la Economía Circular

Universidad de La Rioja

Catalizadores Heterogéneos para Procesos Químicos Selectivos

[Ver todos >](#)

Top Proyectos

Química biológica de péptidos y proteínas

Plastics fate and effects in the human body

Bioprocessos aplicados a la Economía Circular

The Sugar Code: from (bio)chemical concept to clinics

Universidad de La Rioja

Harmonisation of EU-wide nanomechanics protocols and relevant data exchange procedures, across representative cases; standardisation, interoperability, data workflow

[Ver todos >](#)

FILTRAR POR

ÁREA DE CONOCIMIENTO

Computer science (56)

Software (40)

Data mining (32)

Artificial intelligence (28)

Bioinformatics (24)

Data science (19)

Source code (14)

Ver más >

CENTRO

Cic bioGUNE (56)

Universidad de La Rioja (40)

Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR

Docente (56)

Personal investigador (40)

En formación (32)

Ver todas <

ROL

NÚMERO PUBLICACIONES

NOTICIAS

ÍNDICE H

GRUPO DE INVESTIGACIÓN

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

Publicaciones 2400

Exportar Ordenar Visualizar

Eduardo Enrique Veas

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

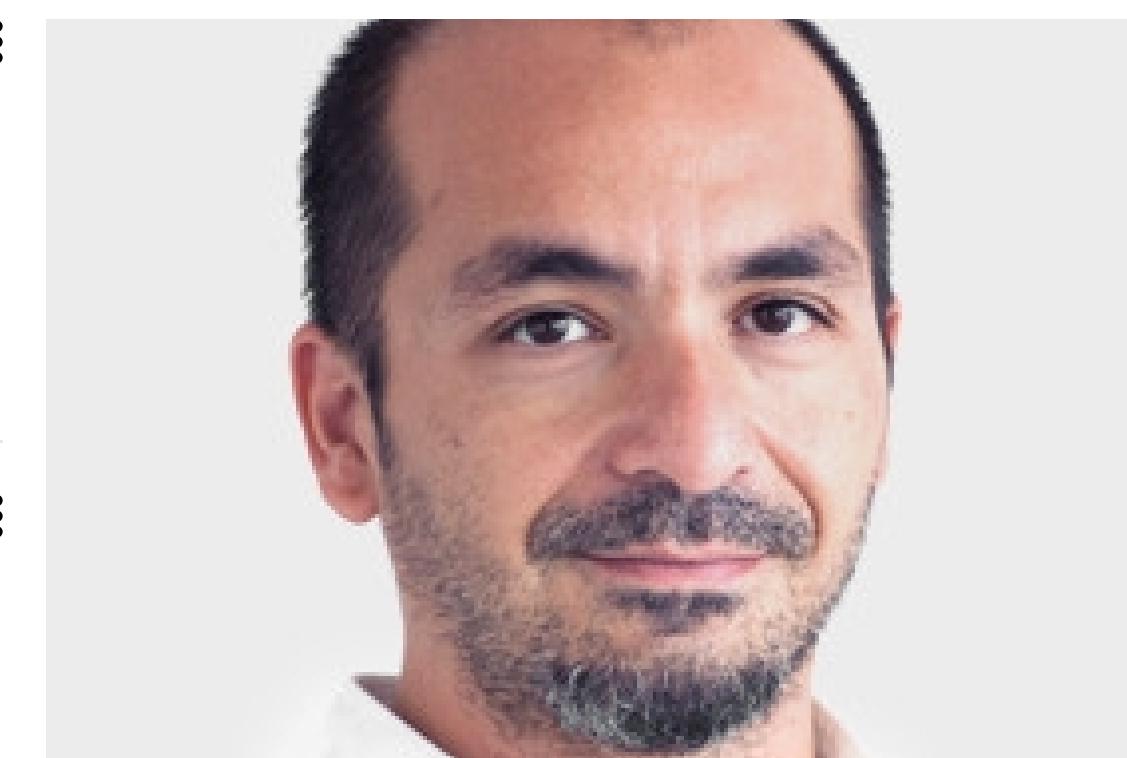
The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

Cargando recursos...



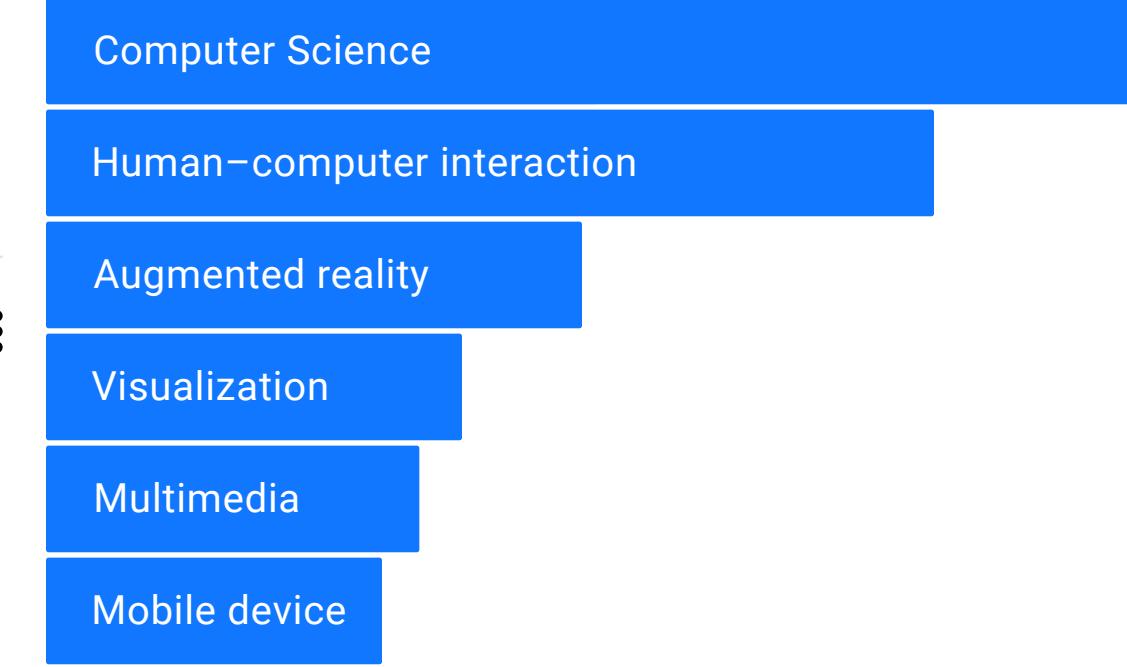
Eduardo Enrique Veas

Univ.-Prof. Dr.techn., MSc

Gerente de investigación e investigador senior en el campo de la interacción humano-computadora con enfoque en sistemas inteligentes interactivos, computación portátil, visualización, realidad virtual y aumentada. Fuerte experiencia en experiencia de usuario, metodología de evaluación UX, ciencia y tecnología de la información...

Temas de investigación

240



Ver todas

Red de colaboradores

60

- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69

Ver todas

FILTRAR POR**CENTRO** ▾

- Cic bioGUNE (56)
- Universidad de La Rioja (40)
- Universidad de Murcia (32)

[Ver más >](#)**ÁREA** ▾

- Química biológica (56)
- Nanotecnología (40)
- Ingeniería molecular (32)

[Ver más >](#)**TIPO DE INVESTIGADOR** ▾

- Docente (56)
- Personal investigador (40)
- En formación (32)

[Ver todas ▾](#)**ROL** ▾ **NÚMERO PUBLICACIONES** ▾ **NOTICIAS** ▾ **ÍNDICE H** ▾ **GRUPO DE INVESTIGACIÓN** ▾ **LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN** ▾ **Publicaciones 2400**

Eduardo Enrique Veas

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

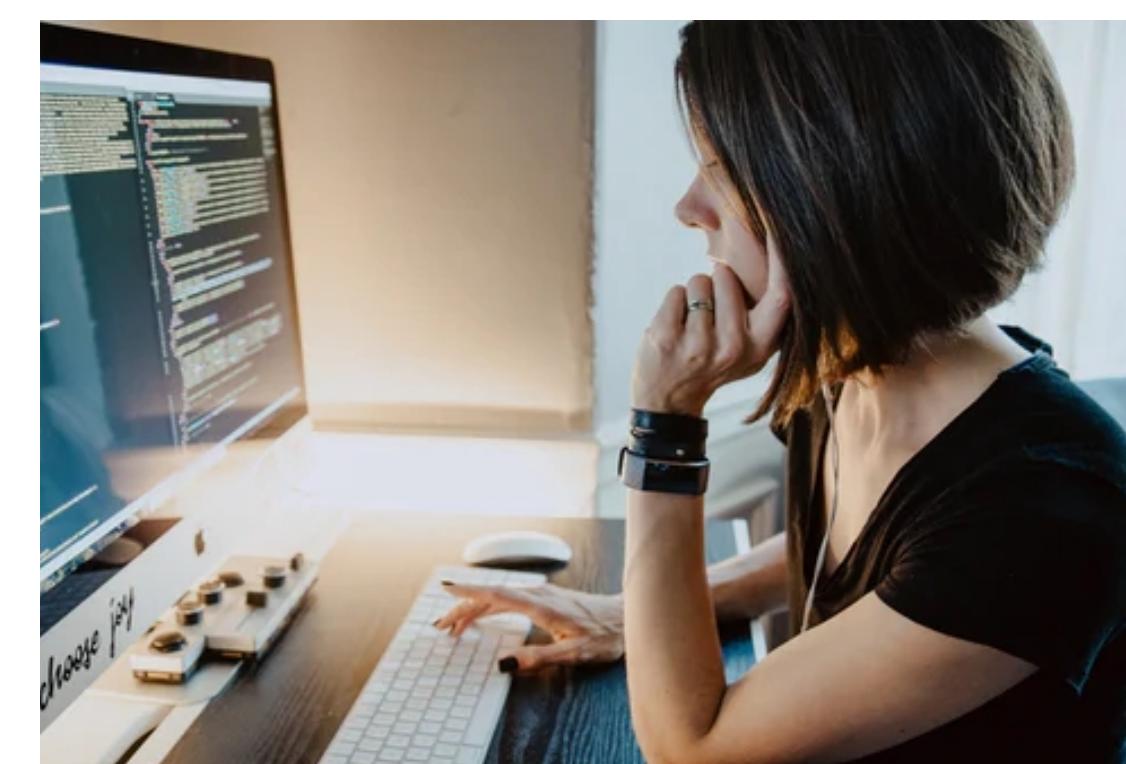
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

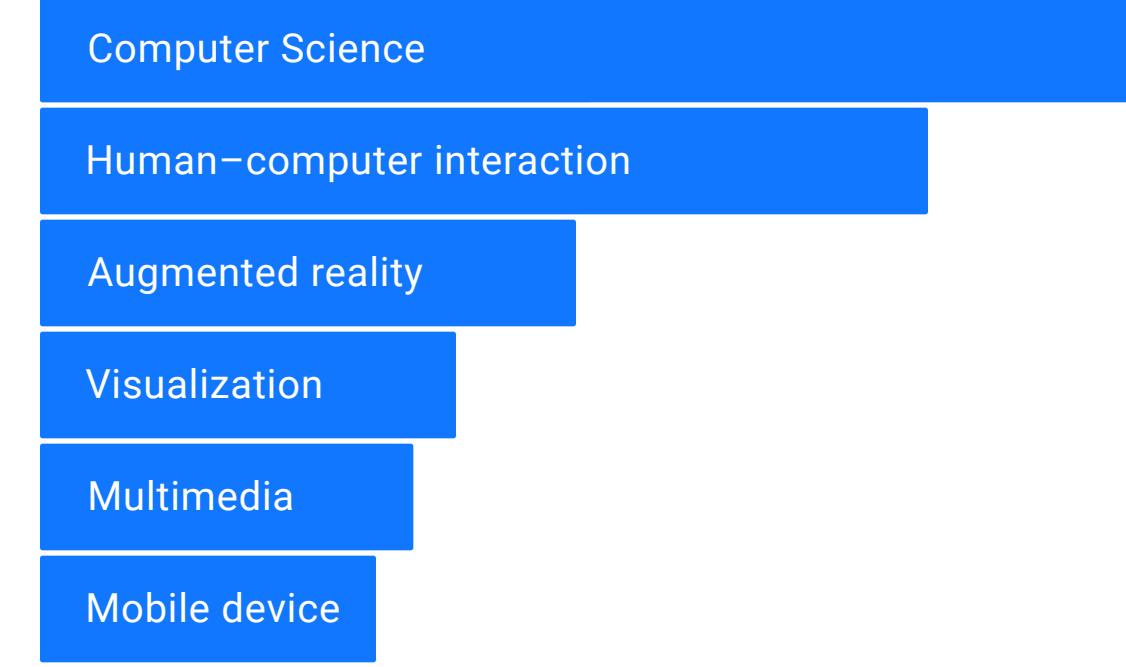
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by

[Cargando recursos...](#)[Exportar](#) ▾ [Ordenar](#) ▾ [Visualizar](#) ▾**Computer science**

Tema de investigación

Computer Science is the study of computers and computational systems. Unlike electrical and computer engineers, computer scientists deal mostly with software and hardware systems; this includes their theory, design, development, and application.

Temas de investigación**240**[Ver todas](#)**Red de colaboradores****60**

- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69
- Universidad de La Rioja
Francisco Corzana López
Publicaciones: 778 H-index: 69

[Ver todas](#)

HÉRCULES | [Ficha entidad](#)
| [Buscador sobre ficha de entidad](#)



Centro de investigación

Agencia de Proyectos de Investigación Avanzados-Energía

 Guardar en mi Espacio Personal

ARPA-E fue creada para financiar proyectos de tecnología de la energía que traduzcan descubrimientos científicos e invenciones de vanguardia en innovaciones tecnológicas y aceleren los avances tecnológicos en áreas de alto riesgo que la industria no es probable que opere de forma independiente. No financia mejoras mínimas en tecnologías existentes; dicha tecnología se apoya a través de programas DOE existentes, como los de la Oficina de Eficiencia Energética y Energía Renovable (EERE) del Departamento de Energía.

Información general

Centro

Centro Investigación

Departamento

Química

Áreas de conocimiento

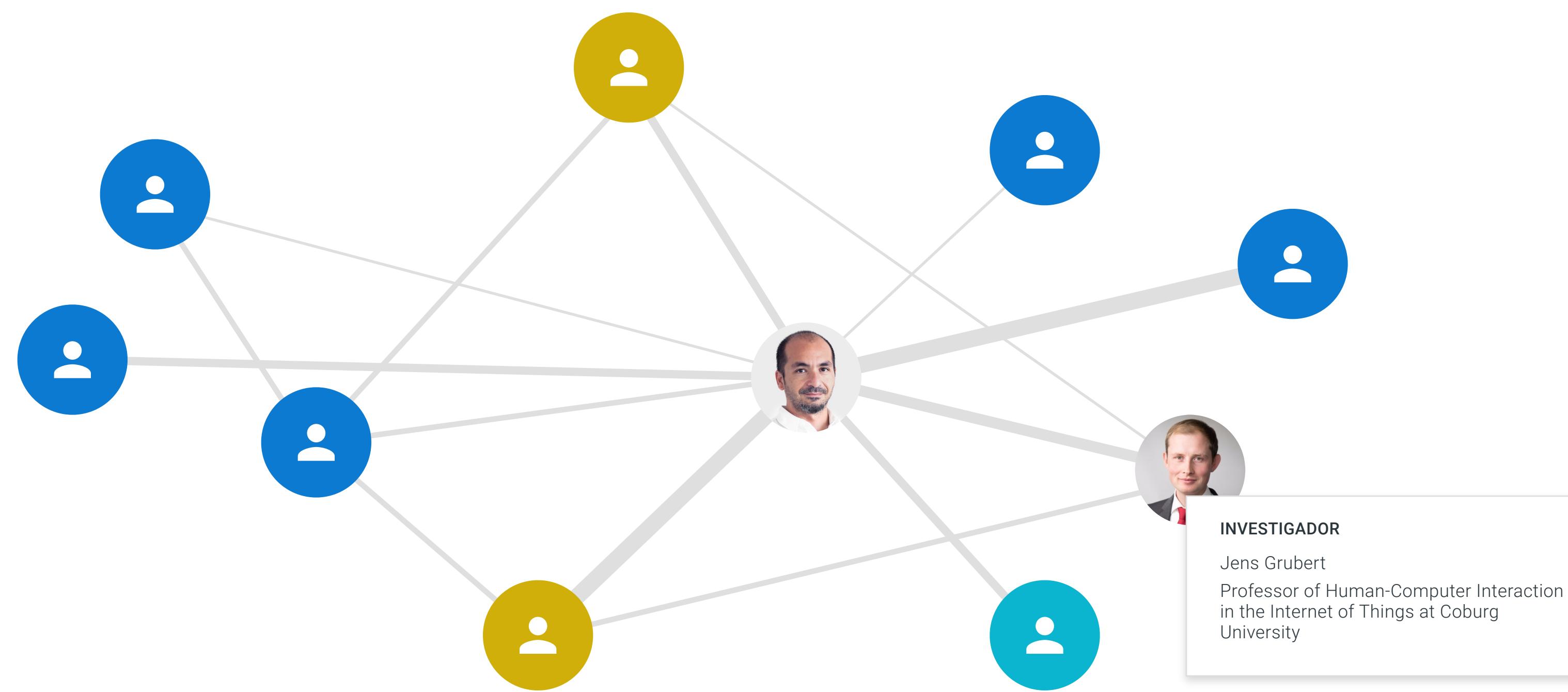
Química Orgánica

Equipo de investigación

Bioconjugación de proteínas

Investigadores	Publicaciones	Temas de investigación	Red de colaboración	Proyectos	R0s	Actividades y premios	
24	240	24	20	12	32	32	

Grafo de relaciones con otros investigadores



Listado de Investigadores relacionados

FILTRAR POR		Investigadores	90	Exportar	Ordenar	Visualizar
ÁREA DE CONOCIMIENTO	X	Categoría	X	Categoría	X	X
Computer science (56)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Software (40)			Organización	778	69	
Data mining (32)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Artificial intelligence (28)			Organización	778	69	
Bioinformatics (24)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Data science (19)			Organización	778	69	
Source code (14)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Ver más >			Organización	778	69	
CENTRO	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Cic bioGUNE (56)			Organización	778	69	
Universidad de La Rioja (40)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Universidad de Murcia (32)			Organización	778	69	
Ver más >		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
TIPO DE INVESTIGADOR	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
Docente (56)			Organización	778	69	
Personal investigador (40)		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
En formación (32)			Organización	778	69	
Ver todas >		Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
ROL	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
NÚMERO PUBLICACIONES	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
NOTICIAS	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
ÍNDICE H	X		Organización	778	69	
GRUPO DE INVESTIGACIÓN	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮
LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN	X	Nombre Apellido Investigador		Publicaciones	H-index	⋮

The screenshot shows a research profile page with the following key elements:

- Header:** Includes a search bar, a yellow circular icon, and a red 'X' button.
- Top Metrics:** Publications (80.000), Investigators (650), Centres of Research (200), Projects (4.500), and R&Ds (20.000).
- Ultimate Searches:** A list of recent searches including Ross Girshick, Computer science, Yoshua Bengio, Machine learning, and Computer science.
- Profile Summary:** Shows a large blue circular icon with a person icon, a smaller circular portrait of a man, and a box labeled "INVESTIGADOR" with the name Jens Grubert, title Professor of Human-Computer Interaction in the Internet of Things at Coburg University, and metrics 778 publications and H-index 69.
- Related Researchers:** A section titled "Listado de Investigadores relacionados" with filters for "ÁREA DE CONOCIMIENTO" (Computer science, Software, Data mining, Artificial intelligence, Bioinformatics, Data science, Source code), "CENTRO" (Cic biogUNE, Universidad de La Rioja, Universidad de Murcia), "TIPO DE INVESTIGADOR" (Docente, Personal investigador, En formación), "ROL" (Ver todas), "NÚMERO PUBLICACIONES" (Ver todas), "NOTICIAS" (Ver todas), "ÍNDICE H" (Ver todas), "GRUPO DE INVESTIGACIÓN" (Ver todas), and "LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN" (Ver todas). The main list displays 90 researchers, each with a profile picture, name, organization, publications, H-index, and a more details button.

**Eduardo Enrique Veas**

Univ.-Prof. Dr.techn., MSc

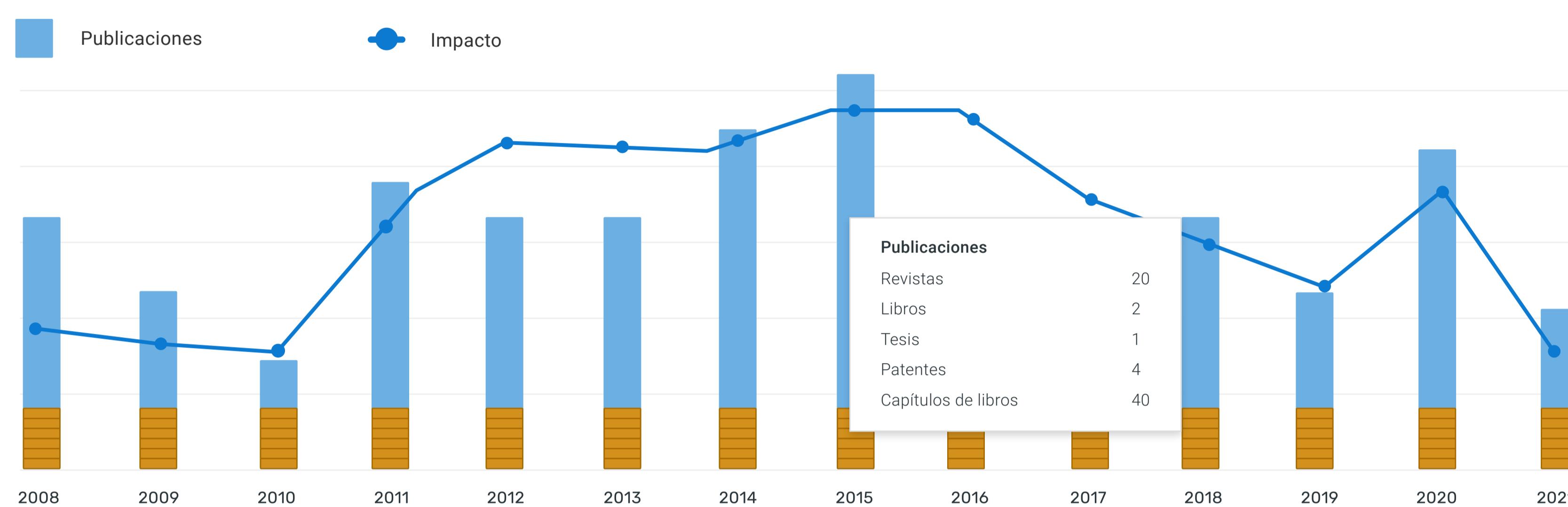
[Añadir al cluster](#)[Guardar en Espacio Personal](#)

Gerente de investigación e investigador senior en el campo de la interacción humano-computadora con enfoque en sistemas inteligentes interactivos, computación portátil, visualización, realidad virtual y aumentada. Fuerte experiencia en experiencia de usuario, metodología de evaluación UX, ciencia y tecnología de la información, ciencias de la computación, gráficos por computadora, métodos científicos. Capacidad para realizar investigaciones independientes. Capacidad para construir, capacitar y liderar equipos de investigación para lograr los niveles más altos de becas.

Centro
Centro InvestigaciónDepartamento
QuímicaÁreas de conocimiento
Química OrgánicaEquipo de investigación
Bioconjugación de proteínas

Publicaciones	Temas de investigación	Red Colaboradores	Proyectos	ROs	
2400	240	60	20	320	

Evolución temporal publicaciones



Listado de Publicaciones

FILTRAR POR

- ÁREA DE CONOCIMIENTO ▾ Q
- Computer science (56)
 - Software (40)
 - Data mining (32)
 - Artificial intelligence (28)
 - Bioinformatics (24)
 - Data science (19)
 - Source code (14)
- Ver más >

CENTRO ▾ Q

- Cic bioGUNE (56)
 - Universidad de La Rioja (40)
 - Universidad de Murcia (32)
- Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR ▾ Q

- Docente (56)
- Personal investigador (40)
- En formación (32)

Ver todas ▾

ROL ▾ Q

NÚMERO PUBLICACIONES ▾ Q

NOTICIAS ▾ Q

ÍNDICE H ▾ Q

GRUPO DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

Publicaciones 90[Exportar](#) ▾ [Ordenar](#) ▾

Abc X

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
- The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾



Home > Investigador > Eduardo Enrique Veas

**Eduardo Enrique Veas**

Univ.-Prof. Dr.techn., MSc

[Añadir al cluster](#)[Guardar en Espacio Personal](#)

Gerente de investigación e investigador senior en el campo de la interacción humano-computadora con enfoque en sistemas inteligentes interactivos, computación portátil, visualización, realidad virtual y aumentada. Fuerte experiencia en experiencia de usuario, metodología de evaluación UX, ciencia y tecnología de la información, ciencias de la computación, gráficos por computadora, métodos científicos. Capacidad para realizar investigaciones independientes. Capacidad para construir, capacitar y liderar equipos de investigación para lograr los niveles más altos de becas.

Centro

Centro Investigación

Departamento

Química

Áreas de conocimiento

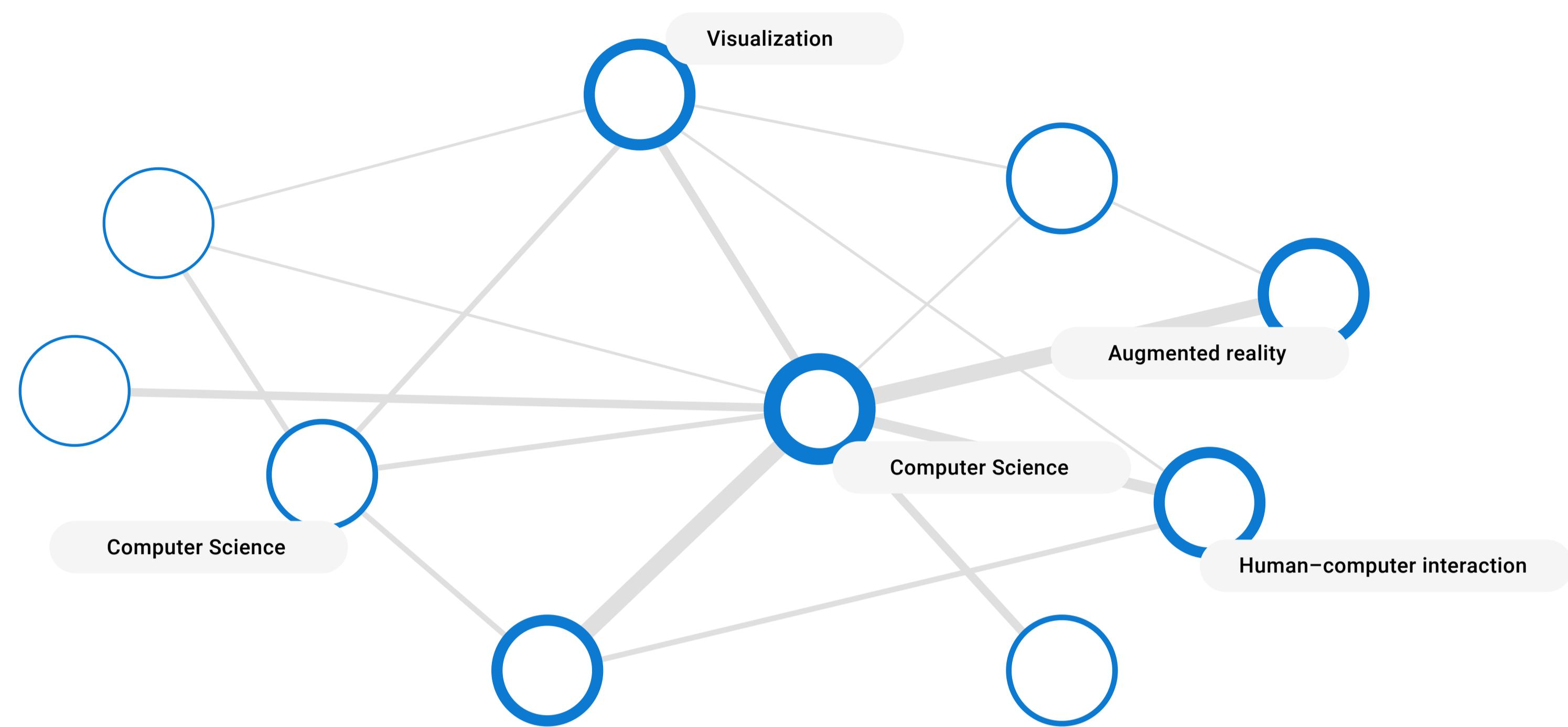
Química Orgánica

Equipo de investigación

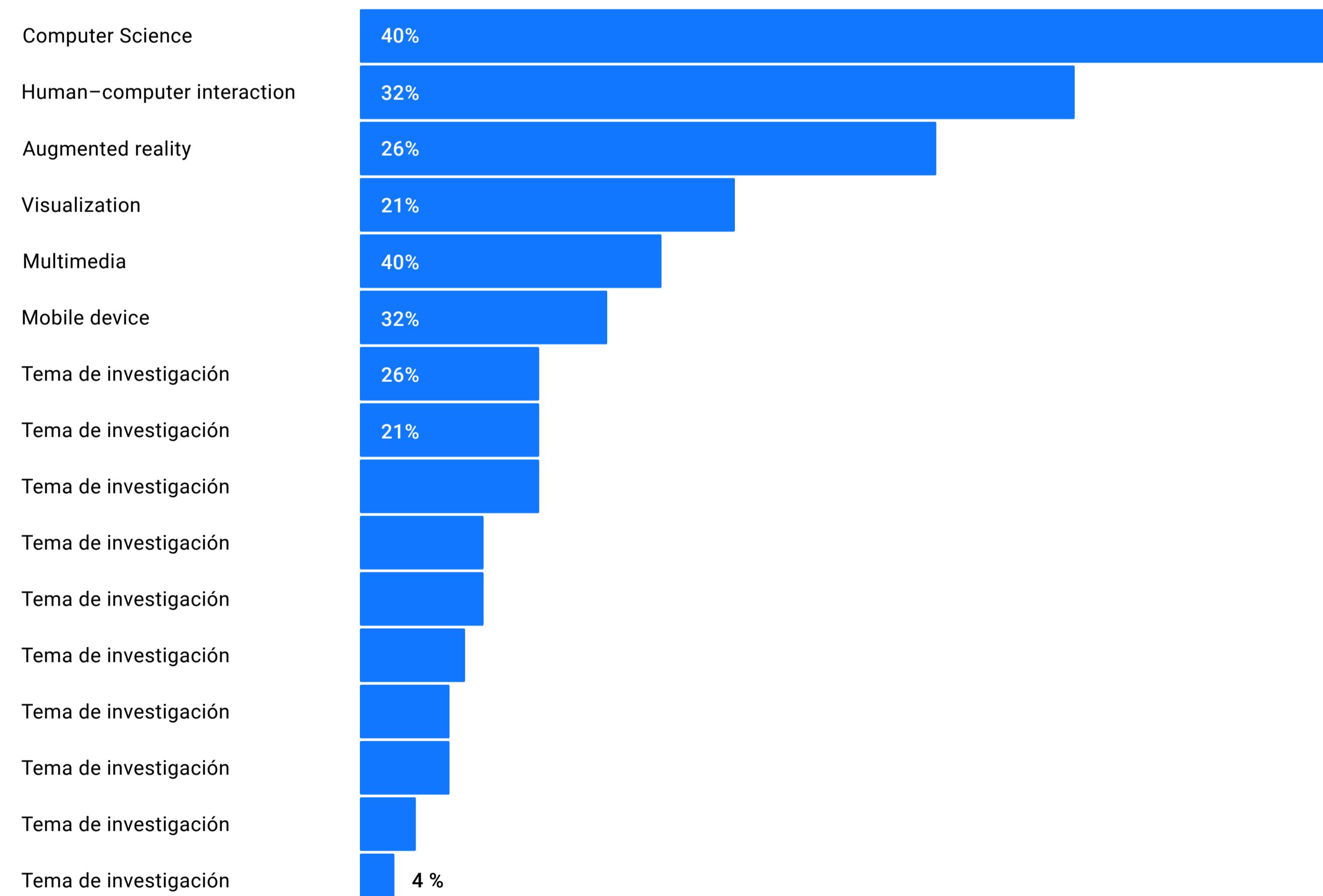
Bioconjugación de proteínas

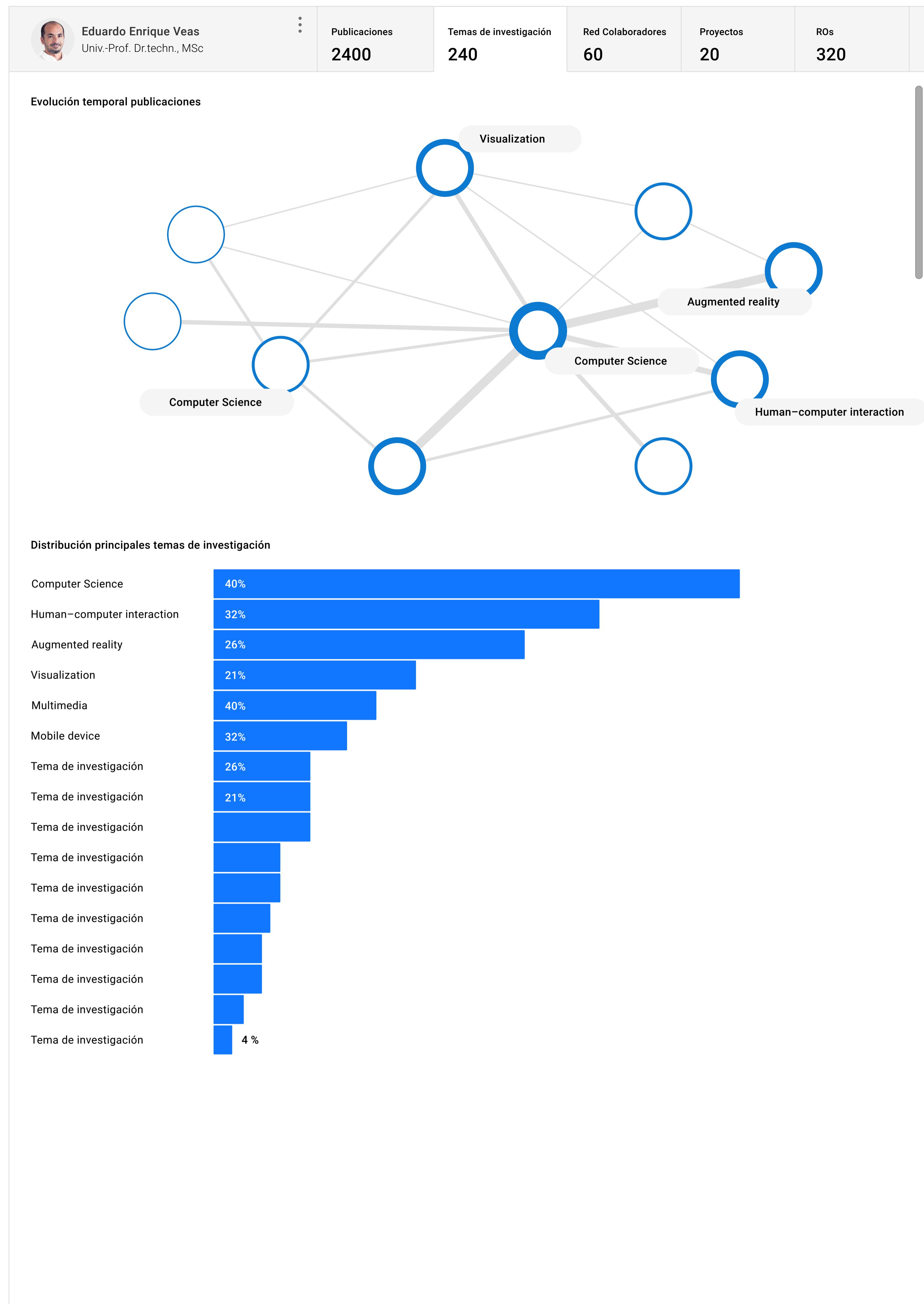
Publicaciones	Temas de investigación	Red Colaboradores	Proyectos	ROs	
2400	240	60	20	320	

Evolución temporal publicaciones



Distribución principales temas de investigación





[Home](#) > [Proyectos](#) > Deep Residual Learning for Image Recognition

REACH: EuRopEAn incubator for trusted and secure data value Chains

Facultad de Ciencias Sociales y Humanas, DeustoTech BAJA, Deusto Business School, Facultad de Ingeniería, Facultad de Derecho

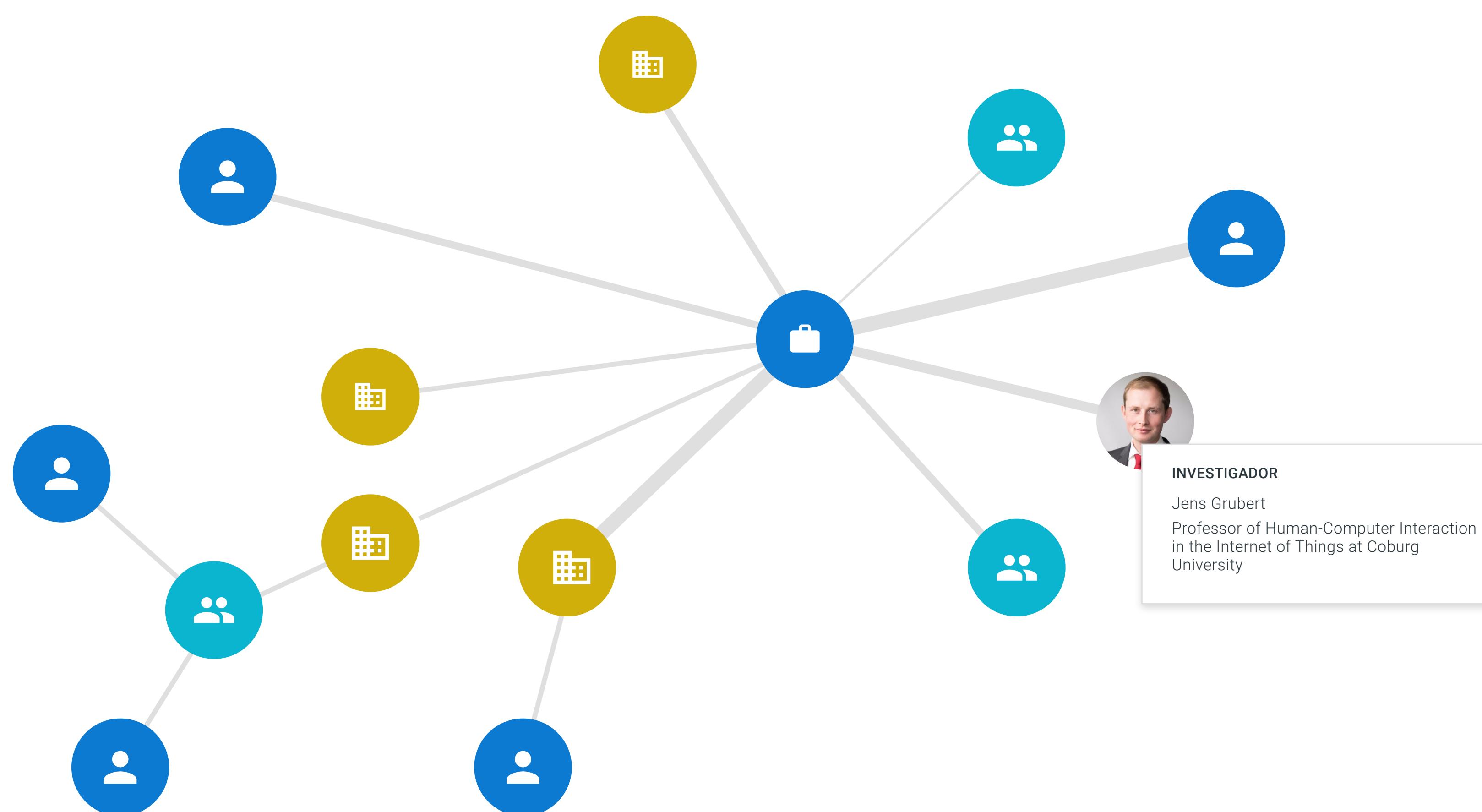
Europe has an opportunity to have a leading position on Data Economy, particularly in B2B scenarios. Special focus must be placed on accessing, sharing and reuse of data in an environment of security and Trust, which are fundamental preconditions for the Data Economy. The support of pilot projects and innovation spaces for experimenting with cross-sector multi-stakeholder data innovation is therefore urgent. Efforts need to concentrate on the provision of trusted and secure privacy-aware analytics solutions allowing for the secure sharing of proprietary industrial data along with personal data.

Información general

Fecha de inicio	Año de convocatoria	Fecha de fin	Estado
01/09/2020	01/09/2020	29/02/2024	Concedido
Ámbito	Tipo de proyecto	Cuantía	Código del proyecto
Unión europea	Competitivo	587.500 €	Código del proyecto
Acrónimo	Página web		
REACH	https://dkh.deusto.es/comunidad/explorer/recurso/reach-european-incubator-for-trusted-and-secure/		

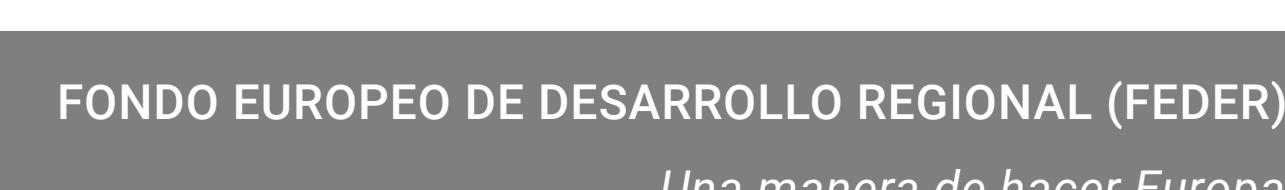
Participantes	Publicaciones	ROs	Autores	Temas de investigación	Memoria y entregables
24	240	60	20	24	16

Grafo de relaciones con otros investigadores



Listado de Investigadores relacionados

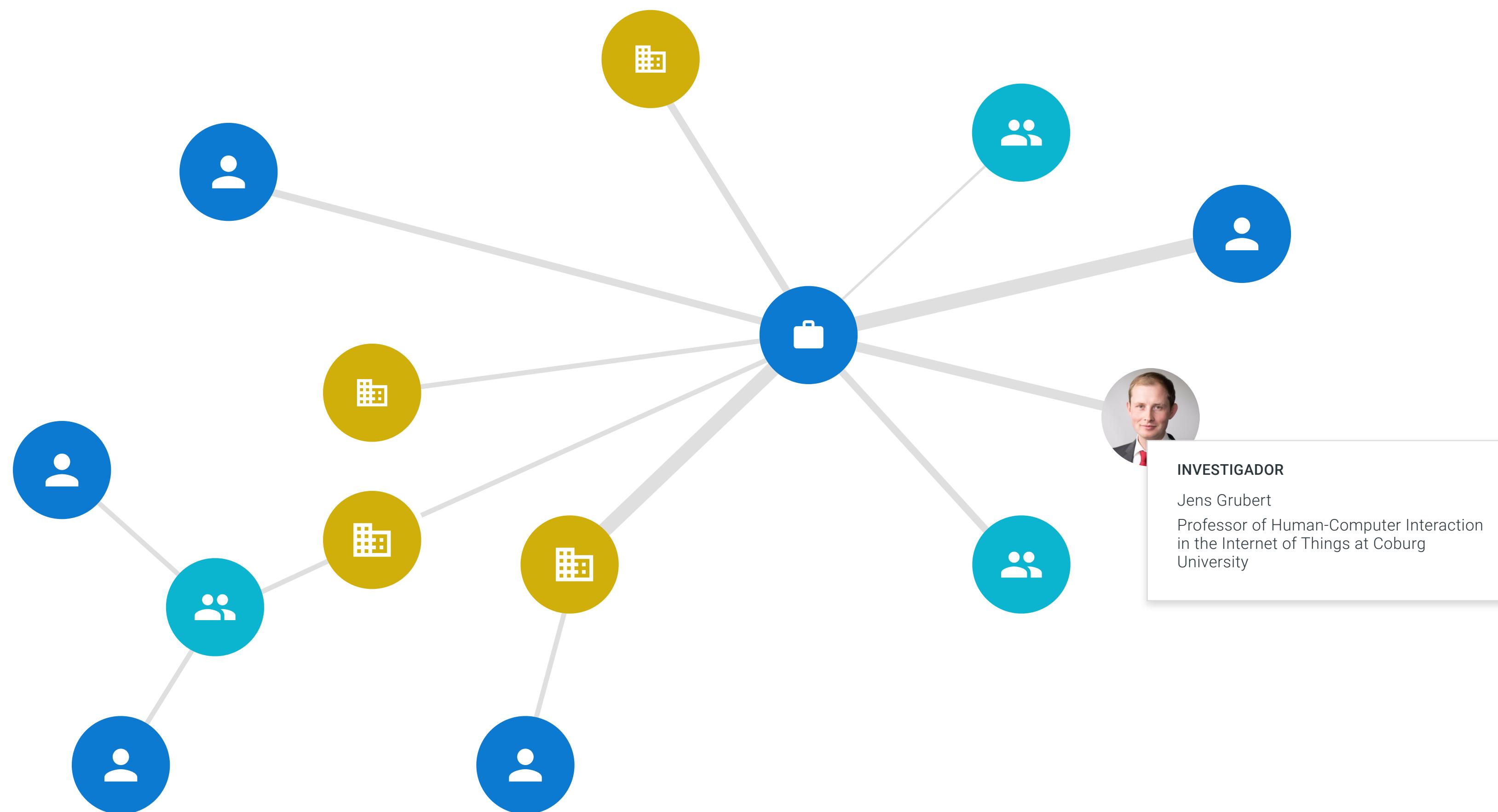
FILTRAR POR





 ARPA (Advanced Researchs Projects Agency) Agencia de Proyectos de Investigación Avanzados-Energía	Participantes 24	Publicaciones 240	ROs 60	Autores 20	Temas de investigación 24	Memoria y entregables 16
---	----------------------------	-----------------------------	------------------	----------------------	-------------------------------------	------------------------------------

Grafo de relaciones con otros investigadores



Listado de Investigadores relacionados

FILTRAR POR

ÁREA DE CONOCIMIENTO

- Computer science (56)
- Software (40)
- Data mining (32)
- Artificial intelligence (28)
- Bioinformatics (24)
- Data science (19)
- Source code (14)

Ver más >

CENTRO

- Cic bioGUNE (56)
- Universidad de La Rioja (40)
- Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR

- Docente (56)
- Personal investigador (40)
- En formación (32)

Ver todas >

ROL

NÚMERO PUBLICACIONES

NOTICIAS

ÍNDICE H

GRUPO DE INVESTIGACIÓN

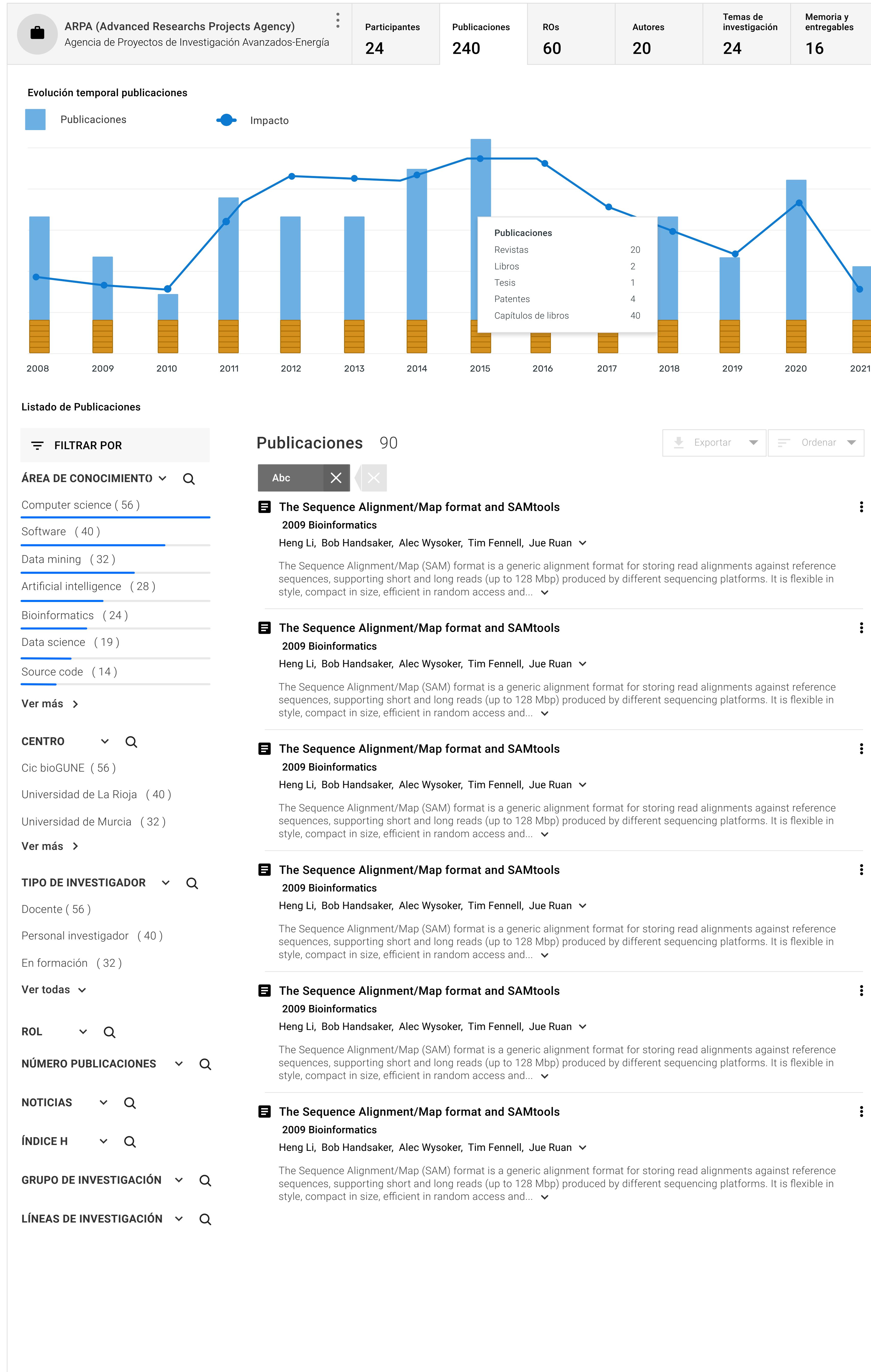
LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN

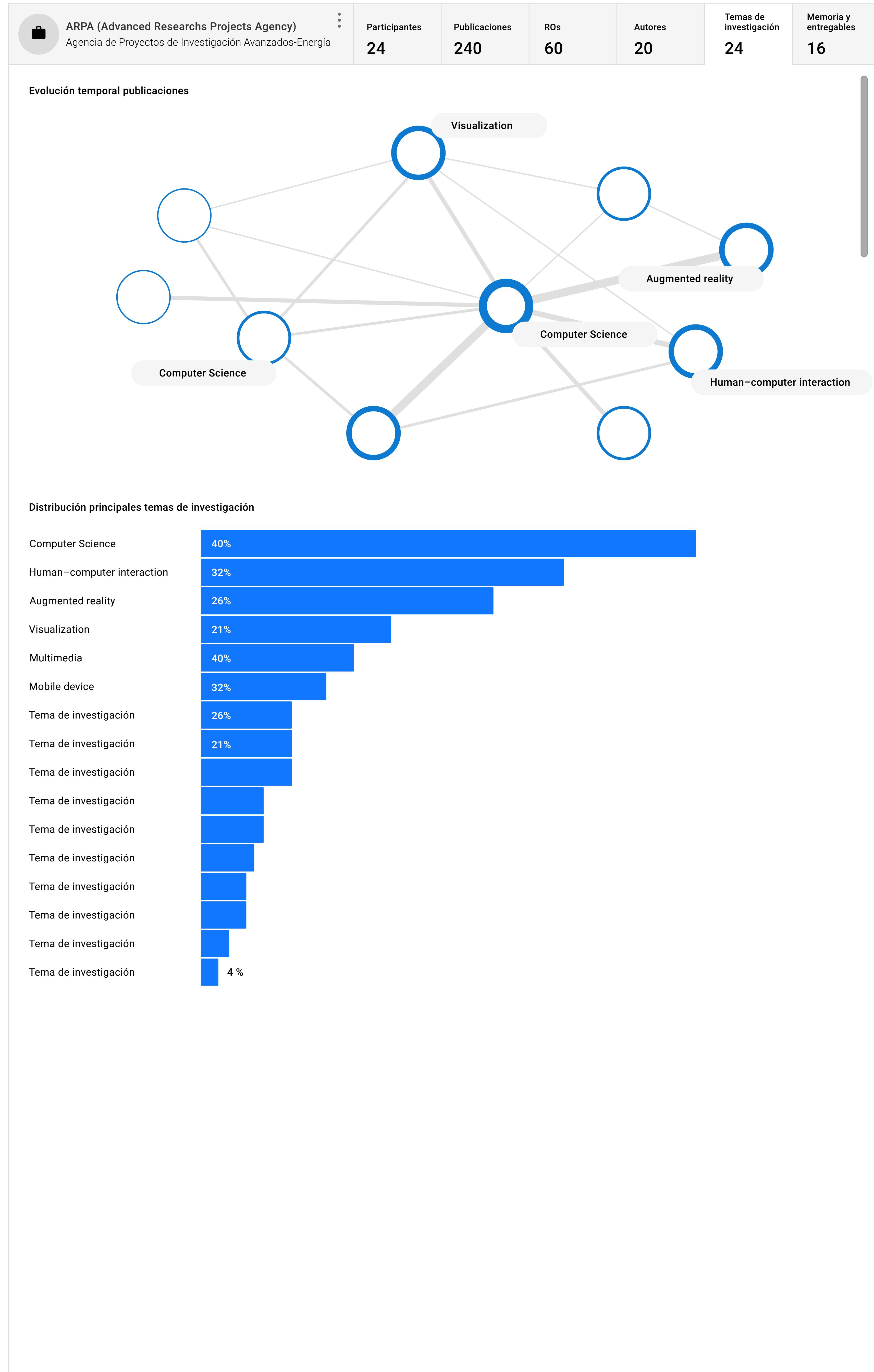
Investigadores 90

Exportar ▾ Ordenar ▾ Visualizar ▾

Categoría X Categoría X

	Nombre Apellido Investigador	Organización	Publicaciones	H-index	⋮
1	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
2	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
3	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
4	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
5	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
6	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
7	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
8	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
9	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
10	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
11	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
12	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
13	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
14	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
15	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
16	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
17	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
18	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
19	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
20	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
21	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
22	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
23	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
24	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
25	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
26	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
27	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
28	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
29	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
30	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
31	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
32	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
33	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
34	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
35	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
36	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
37	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
38	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
39	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
40	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
41	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
42	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
43	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
44	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
45	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
46	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
47	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
48	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
49	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
50	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
51	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
52	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
53	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
54	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
55	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
56	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
57	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
58	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
59	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
60	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
61	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
62	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
63	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
64	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
65	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
66	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
67	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
68	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
69	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
70	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
71	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
72	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
73	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
74	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
75	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
76	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
77	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
78	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
79	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
80	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
81	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
82	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
83	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
84	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
85	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
86	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
87	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
88	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
89	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮
90	Nombre Apellido Investigador	Organización	778	69	⋮







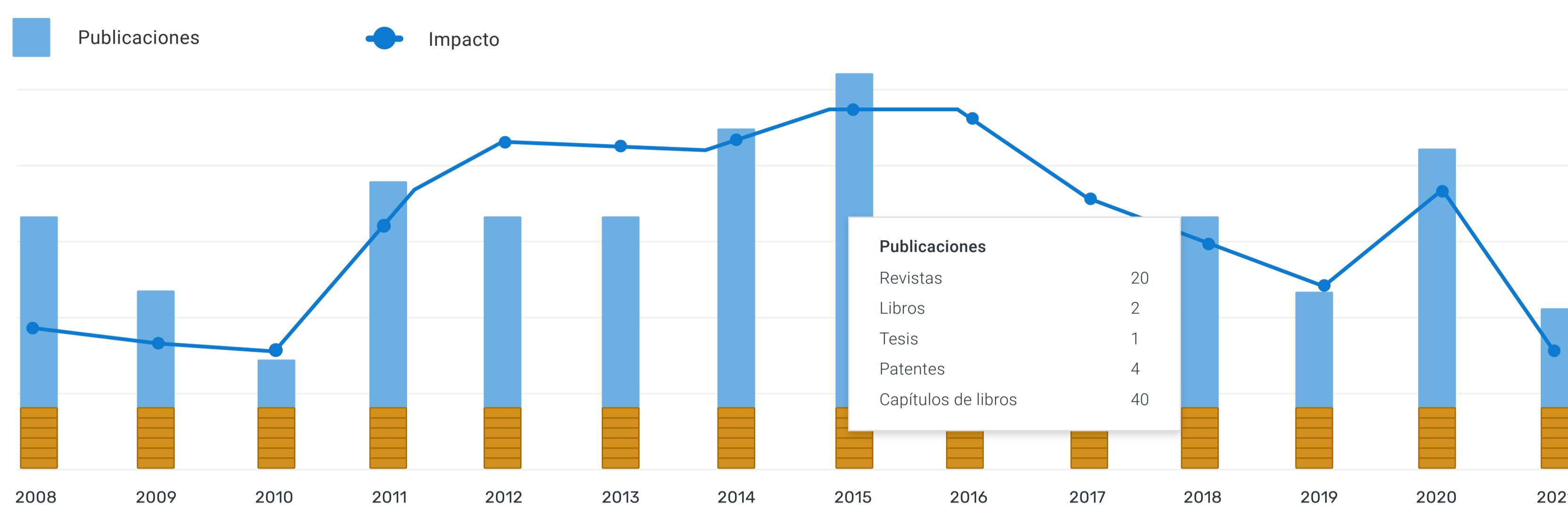
Linked Data Platform

[Guardar en mi espacio personal](#)


The term "Linked Data" refers to a set of best practices for publishing and connecting structured data on the Web. These best practices have been adopted by an increasing number of data providers over the last three years, leading to the creation of a global data space containing billions of assertions—the Web of Data. In this article, the authors present the concept and technical principles of Linked Data, and situate these within the broader context of related technological developments. They describe progress to date in publishing Linked Data on the Web, review applications that have been developed to exploit the Web of Data, and map out a research agenda for the Linked Data community as it moves forward.

Publicaciones	ROs	Proyectos	Investigadores	Red de colaboración	Repositorios	Temas de investigación	
2400	32	32	32	20	4	4	

Evolución temporal publicaciones



Listado de Publicaciones

FILTRAR POR	Publicaciones	Exportar	Ordenar
ÁREA DE CONOCIMIENTO ▾	90		
Computer science (56)			
Software (40)			
Data mining (32)			
Artificial intelligence (28)			
Bioinformatics (24)			
Data science (19)			
Source code (14)			
Ver más >			
CENTRO ▾			
Cic bioGUNE (56)			
Universidad de La Rioja (40)			
Universidad de Murcia (32)			
Ver más >			
TIPO DE INVESTIGADOR ▾			
Docente (56)			
Personal investigador (40)			
En formación (32)			
Ver todas ▾			
ROL ▾			
NÚMERO PUBLICACIONES ▾			
NOTICIAS ▾			
ÍNDICE H ▾			
GRUPO DE INVESTIGACIÓN ▾			
LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN ▾			

Publicaciones 90

ABC X ⌂

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾



Linked Data - the story so far

2009 International Journal on Semantic Web and Information Systems

[Citar](#)[Guardar en mi espacio personal](#)

Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido,

The term "Linked Data" refers to a set of best practices for publishing and connecting structured data on the Web. These best practices have been adopted by an increasing number of data providers over the last three years, leading to the creation of a global data space containing billions of assertions—the Web of Data. In this article, the authors present the concept and technical principles of Linked Data, and situate these within the broader context of related technological developments. They describe progress to date in publishing Linked Data on the Web, review applications that have been developed to exploit the Web of Data, and map out a research agenda for the Linked Data community as it moves forward.

Áreas de investigación

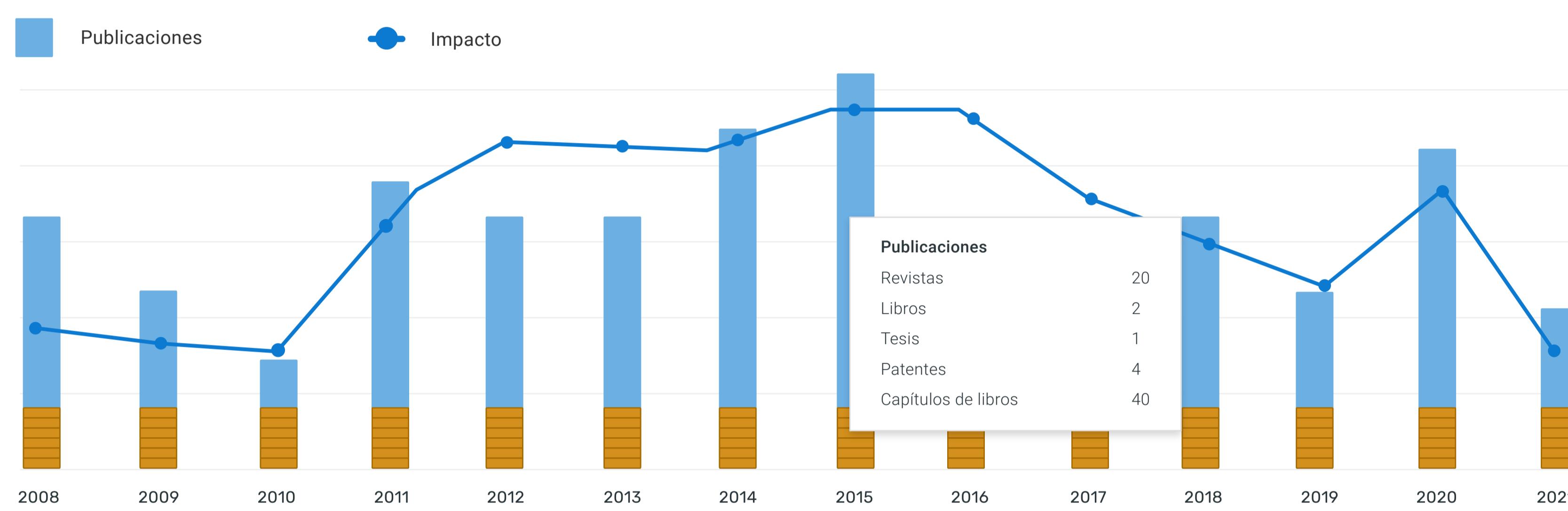
Computer Science Artificial Intelligence

Temas de investigación

Linked Data Platform Linked Data Data Web

Referencias	Publicaciones relacionadas
25	100

Evolución temporal publicaciones



Listado de Publicaciones

FILTRAR POR

- ÁREA DE CONOCIMIENTO ▾ Q
- Computer science (56)
 - Software (40)
 - Data mining (32)
 - Artificial intelligence (28)
 - Bioinformatics (24)
 - Data science (19)
 - Source code (14)

Ver más >

CENTRO ▾ Q

- Cic biogUNE (56)
- Universidad de La Rioja (40)
- Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR ▾ Q

- Docente (56)
- Personal investigador (40)
- En formación (32)

Ver todas ▾

ROL ▾ Q

NÚMERO PUBLICACIONES ▾ Q

NOTICIAS ▾ Q

ÍNDICE H ▾ Q

GRUPO DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

Publicaciones 90

Exportar ▾ Ordenar ▾

Abc X

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

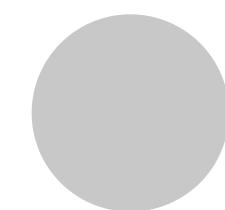
The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾



Sickle: OAI-PMH for Humans

2009 International Journal on Semantic Web and Information Systems

Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido,

The term "Linked Data" refers to a set of best practices for publishing and connecting structured data on the Web. These best practices have been adopted by an increasing number of data providers over the last three years, leading to the creation of a global data space containing billions of assertions— the Web of Data. In this article, the authors present the concept and technical principles of Linked Data

Áreas de investigación

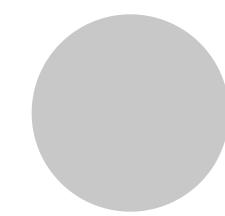
Computer Science Artificial Intelligence

Temas de investigación

Linked Data Platform Linked Data Data Web

Repository	Mapa de relaciones	Referencias	Publicaciones relacionadas																																								
25	25	25	100																																								
Fecha última actualización dd / mm / aaaa	Repository https://github.com/msicilia/sickle	Forks 4	Licencia Open Access																																								
Lenguajes de programación JAVA, PHP																																											
<table border="1"> <thead> <tr> <th colspan="2">Mathias Loesch Add stats badges to README</th> <th>0bb5495 on 15 Nov 2015</th> <th>150 commits</th> </tr> </thead> <tbody> <tr> <td></td><td>Added logo -- time to add some code now :)</td><td>8 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Update copyright</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Fix missing quotes</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>100% test coverage</td><td>7 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>update .gitignore</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Python 3 support.</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Update authors file</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Increase version to 0.5 + update CHANGES file</td><td>5 years ago</td><td></td></tr> <tr> <td></td><td>Added BSD license</td><td>8 years ago</td><td></td></tr> </tbody> </table>				Mathias Loesch Add stats badges to README		0bb5495 on 15 Nov 2015	150 commits		Added logo -- time to add some code now :)	8 years ago			Update copyright	5 years ago			Fix missing quotes	5 years ago			100% test coverage	7 years ago			update .gitignore	5 years ago			Python 3 support.	5 years ago			Update authors file	5 years ago			Increase version to 0.5 + update CHANGES file	5 years ago			Added BSD license	8 years ago	
Mathias Loesch Add stats badges to README		0bb5495 on 15 Nov 2015	150 commits																																								
	Added logo -- time to add some code now :)	8 years ago																																									
	Update copyright	5 years ago																																									
	Fix missing quotes	5 years ago																																									
	100% test coverage	7 years ago																																									
	update .gitignore	5 years ago																																									
	Python 3 support.	5 years ago																																									
	Update authors file	5 years ago																																									
	Increase version to 0.5 + update CHANGES file	5 years ago																																									
	Added BSD license	8 years ago																																									





Sickle: OAI-PMH for Humans

2009 International Journal on Semantic Web and Information Systems

Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido, Nombre Apellido Apellido,

The term "Linked Data" refers to a set of best practices for publishing and connecting structured data on the Web. These best practices have been adopted by an increasing number of data providers over the last three years, leading to the creation of a global data space containing billions of assertions—the Web of Data. In this article, the authors present the concept and technical principles of Linked Data

Áreas de investigación

Computer Science Artificial Intelligence

Temas de investigación

Linked Data Platform Linked Data Data Web

[Citar](#)[Guardar en mi espacio personal](#)

Repository	Mapa de relaciones	Referencias	Publicaciones relacionadas
25	25	25	100

Listado de Publicaciones

FILTRAR POR
Publicaciones 90
Exportar
Ordenar

ÁREA DE CONOCIMIENTO
ABC
X

- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan
- The Sequence Alignment/Map format and SAMtools**
2009 Bioinformatics
Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan

CENTRO

- Cic bioGUNE (56)
- Universidad de La Rioja (40)
- Universidad de Murcia (32)

TIPO DE INVESTIGADOR

- Docente (56)
- Personal investigador (40)
- En formación (32)

ROL

NÚMERO PUBLICACIONES

NOTICIAS

ÍNDICE H

GRUPO DE INVESTIGACIÓN

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN



Inicia sesión en HÉRCULES

Correo electrónico

Introduce tu correo electrónico

Contraseña

Introduce tu contraseña

[¿No puedes iniciar sesión?](#)

[INICIAR SESIÓN](#)

©2021 myGNOSS - Todos los derechos reservados.

[Política de privacidad](#) - [Aviso de usuario](#)



Registro en HÉRCULES

Datos básicos

Nombre

Introduce tu nombre

Apellidos

Introduce tus apellidos

Correo electrónico

Introduce tus apellidos

Contraseña

Introduce tu contraseña

De 6 a 12 caracteres: al menos una letra y un número

He leído y acepto la política de privacidad de myGNOSS

UNIRSE

Iniciar sesión

¿Ya eres usuario de myGNOSS?

O bien,



Regístrate con Twitter



Regístrate con Facebook



Regístrate con Google



Hola Félix , gracias por unirte a HÉRCULES



Datos personales

Nombre

Introduce tu nombre

Apellidos

Introduce tus apellidos

Localidad

Introduce tu localidad

País

Selecciona un país

Foto de perfil

Arrastra y suelta en la zona punteada una foto para tu perfil
Imágenes en formato .PNG, .JPG
Peso máximo de las imágenes 250 kb.

GUARDAR Y SIGUIENTE

¿Ya eres usuario de myGNOSS? [Iniciar sesión](#)



Hola Félix , gracias por unirte a HÉRCULES

Tus intereses

Árbol Lista

Buscar área temáticas

- Art ▾
 - Aesthetics ▾
 - Art history ▾
- Classics ▾
 - Ver más ▾
- Biology ▾
- Business ▾
- Computer science ▾
 - Algorithm ▾
 - Computer architecture ▾
 - Computer engineering ▾
 - Computer graphics ▾
 - Computer hardware ▾
 - Computer network ▾
 - Human-computer interaction ▾
 - Machine learning ▾
- Ver más ▾

GUARDAR Y SIGUIENTE

¿Ya eres usuario de myGNOSS? [Iniciar sesión](#)



HÉRCULES | Perfil Investigador conectado
Perfil Empresa



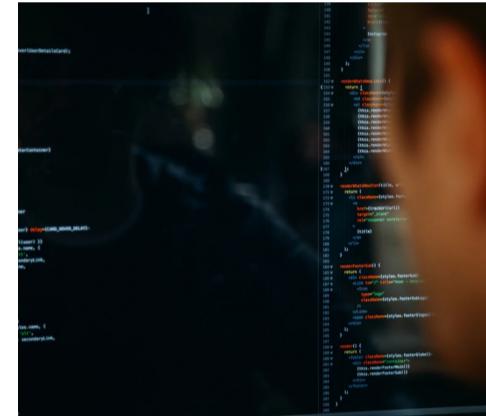
Home > Perfil personal

Alertas ROs

Modificados Sugerencias Recomendados

- Miguel Ángel Sicilia Lun 22, jun. 2020
- Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Innovación a tener en cuenta**
- Miguel Ángel Sicilia Lun 22, jun. 2020
- Innovación MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta**
- Miguel Ángel Sicilia Lun 22, jun. 2020
- Extensión MVC a Comunidades del innovación: Detalles a tener en cuenta**
- [Ver todos >](#)

Actividad investigadora en tus áreas de interés

- Nombre Apellidos Investigador Lun 22, jun. 2020
- Deep Multi-Modal Object Detection and Semantic Segmentation for Autonomous Driving**
- 
- The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...
- Nombre Apellidos Investigador Lun 22, jun. 2020
- GraPPa: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing**
- 
- The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...
- Nombre Apellidos Investigador Lun 22, jun. 2020
- Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute**
- The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Publicaciones y ROs que te pueden interesar

- Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS Lun 22, jun. 2020
- Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Innovación a tener en cuenta**
- Lore ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...
- Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS Lun 22, jun. 2020
- Innovación MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta**
- Lore ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...
- Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS Lun 22, jun. 2020
- Extensión MVC a Comunidades del innovación: Detalles a tener en cuenta**
- Lore ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...
- [Ver todos >](#)

**Miguel Ángel Sicilia**

Universidad de Alcalá

TRABAJO

- Publicaciones 256
- Menciones 3.328
- ROs 110

CONSULTAR

- Alertas
- Mi trayectoria investigadora
- Espacio personal

GESTIONAR

- Gestionar CV
- Gestionar ROs
- Mis Ofertas tecnológicas
- Configurar cuenta

Investigadores y Grupos de interés



Grupo de investigación

Miguel Ángel Sicilia

**Michael Verdonck**

Universidad de Alcalá

**Frederik Gailly**

Universidad de Alcalá

**Robert Pergl**

Universidad de Alcalá

[Ver todos >](#)



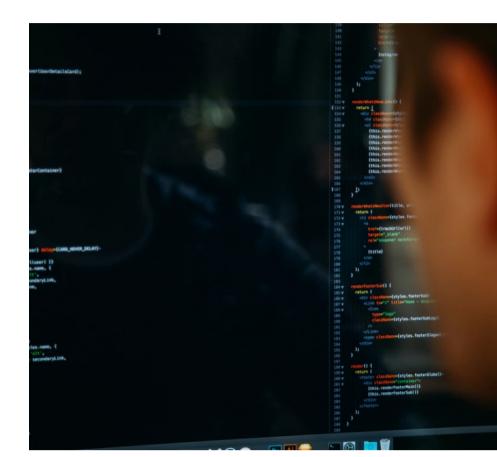
Home > Perfil personal

Actividad investigadora en tus áreas de interés

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

Deep Multi-Modal Object Detection and Semantic Segmentation for Autonomous Driving



The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

GraPPA: Grammar-Augmented Pre-Training for Table Semantic Parsing



The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Nombre Apellidos Investigador

Lun 22, jun. 2020

Stream Semantic Registers: A Lightweight RISC-V ISA Extension Achieving Full Compute

The ability to understand visual information from limited labeled data is an important aspect of machine learning. While image-level classification has been extensively studied in a semi-supervised setting, dense pixel-level classification with limited data has only drawn attention recently. In this...

Publicaciones y ROs que te pueden interesar

Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS

Lun 22, jun. 2020

Extensión MVC a Comunidades del ecosistema: Innovación a tener en cuenta

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...

Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS

Lun 22, jun. 2020

Innovación MVC a Comunidades del ecosistema: Detalles a tener en cuenta

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...

Ricardo Alonso Maturana - Equipo GNOSS

Lun 22, jun. 2020

Extensión MVC a Comunidades del innovación: Detalles a tener en cuenta

Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh. Etiam a interdum nibh, vitae ultrices nibh...

[Ver todos >](#)

Nombre Apellidos

Empresa

TRABAJO

Clusters 256

Recursos guardados 3.328

CONSULTAR

Espacio personal

GESTIONAR

Mis Ofertas tecnológicas ?

Configurar cuenta

Investigadores y Grupos de interés



Grupo de investigación

Miguel Ángel Sicilia



Michael Verdonck

Universidad de Alcalá



Frederik Gailly

Universidad de Alcalá



Robert Pergl

Universidad de Alcalá

[Ver todos >](#)



Miguel Ángel Sicilia

Universidad de Alcalá



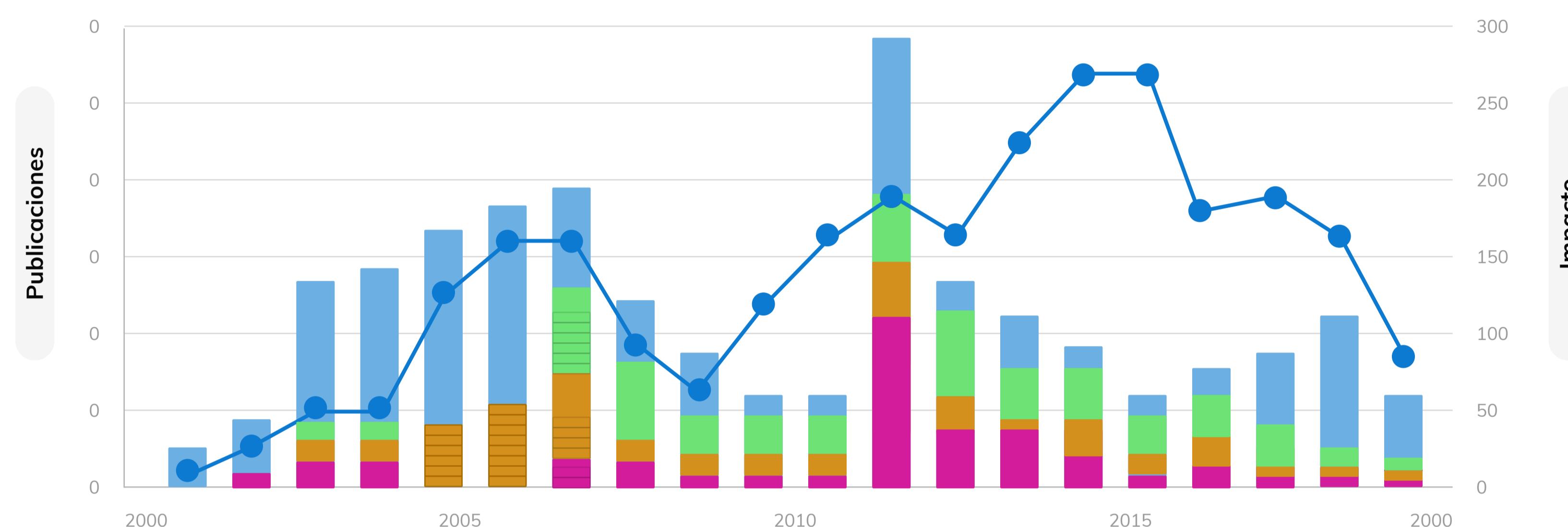
Gerente de investigación e investigador senior en el campo de la interacción humano-computadora con enfoque en sistemas inteligentes interactivos, computación portátil, visualización, realidad virtual y aumentada. Fuerte experiencia en experiencia de usuario, metodología de evaluación UX, ciencia y tecnología de la información, ciencias de la computación, gráficos por computadora, métodos científicos. Capacidad para realizar investigaciones independientes. Capacidad para construir, capacitar y liderar equipos de investigación para lograr los niveles más altos de becas.

Centro
Centro InvestigaciónDepartamento
QuímicaÁreas de conocimiento
Química OrgánicaEquipo de investigación
Bioconjugación de proteínas

Publicaciones	Temas de investigación	Red Colaboradores	Proyectos	ROs	
256	240	60	20	320	

Evolución temporal publicaciones

Publicaciones y ROs ▾ Impacto ▾



Listado de Publicaciones

FILTRAR POR

ÁREA DE CONOCIMIENTO ▾ Q

Computer science (56)

Software (40)

Data mining (32)

Artificial intelligence (28)

Bioinformatics (24)

Data science (19)

Source code (14)

Ver más >

CENTRO ▾ Q

Cic biogUNE (56)

Universidad de La Rioja (40)

Universidad de Murcia (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR ▾ Q

Docente (56)

Personal investigador (40)

En formación (32)

Ver todas ▾

ROL ▾ Q

NÚMERO PUBLICACIONES ▾ Q

NOTICIAS ▾ Q

ÍNDICE H ▾ Q

GRUPO DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN ▾ Q

Publicaciones 90

Exportar ▾ Ordenar ▾

Abc X

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

The Sequence Alignment/Map (SAM) format is a generic alignment format for storing read alignments against reference sequences, supporting short and long reads (up to 128 Mbp) produced by different sequencing platforms. It is flexible in style, compact in size, efficient in random access and... ▾

The Sequence Alignment/Map format and SAMtools

2009 Bioinformatics

Heng Li, Bob Handsaker, Alec Wysoker, Tim Fennell, Jue Ruan ▾

GOBIERNO
DE ESPAÑA
MINISTERIO
DE CIENCIA
E INNOVACIÓNUNIVERSIDAD DE
MURCIA

FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL (FEDER)

Una manera de hacer Europa





Miguel Ángel Sicilia
Universidad de Alcalá

Publicaciones
256

Temas de investigación
240

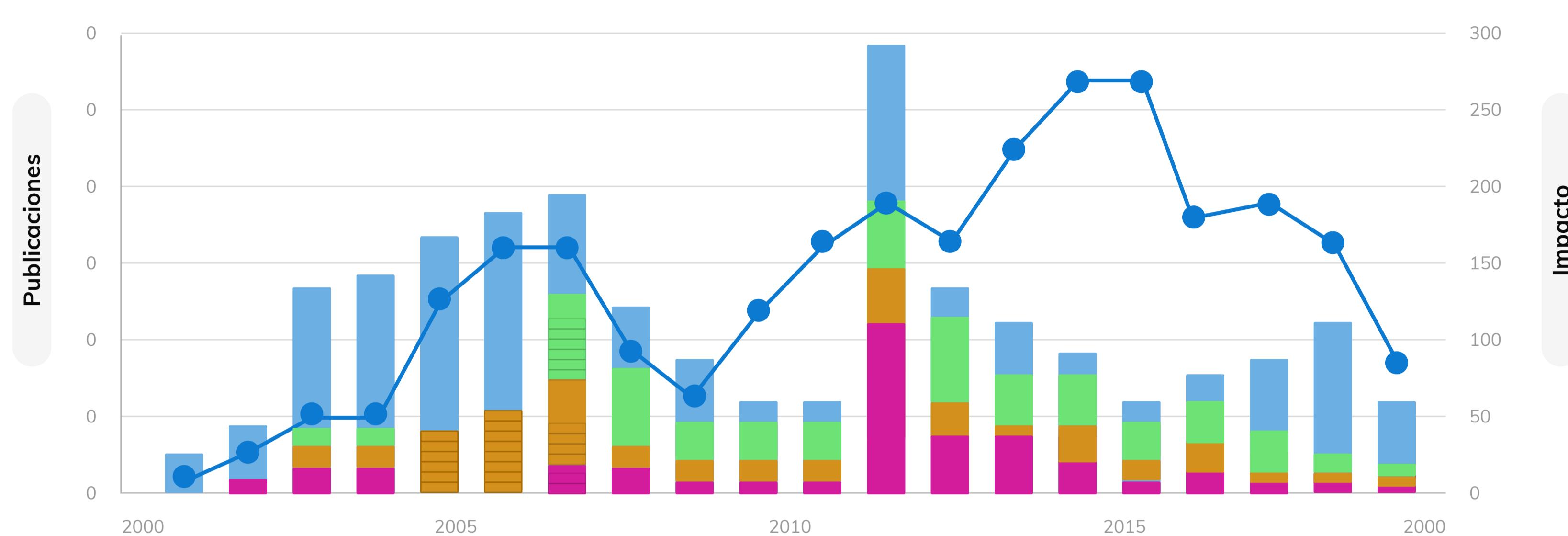
Red Colaboradores
60

Proyectos
20

ROs
320

Evolución temporal publicaciones

█ Publicaciones y ROs ● Impacto

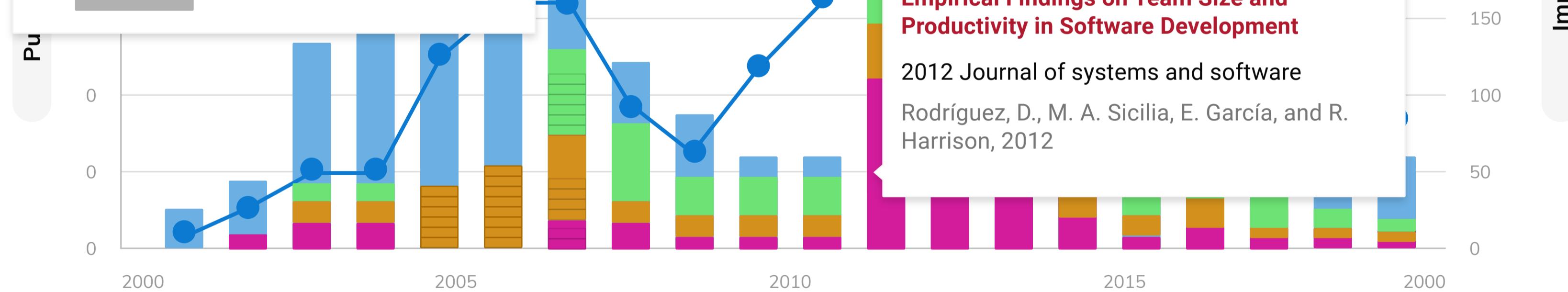


Evolución temporal publicaciones

Publicaciones ROs X

- Conferencias
- Revista
- Libro
- Capítulo libro
- Otra

Aplicar

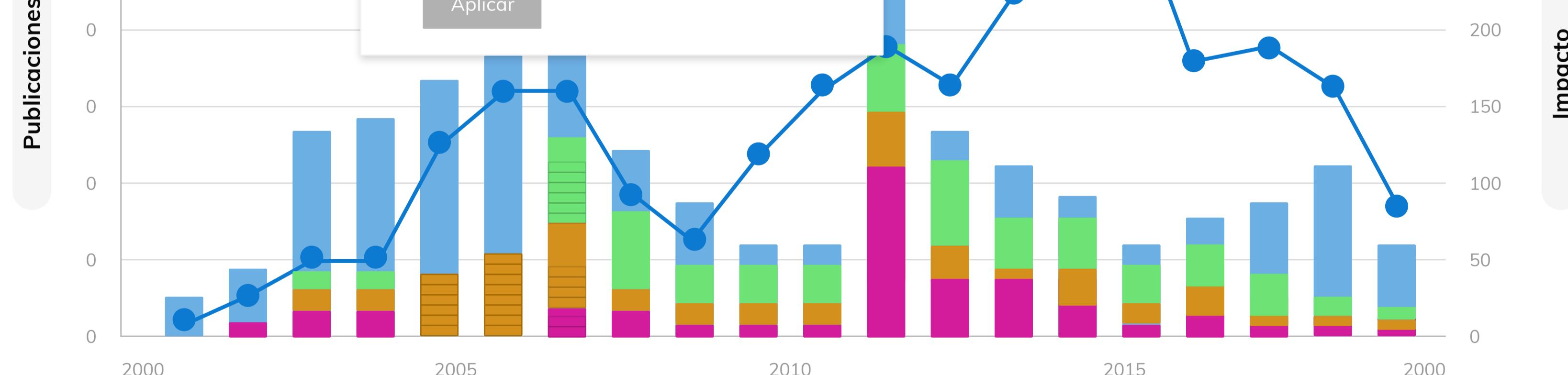


Evolución temporal publicaciones

Publicaciones y ROs ● Impacto

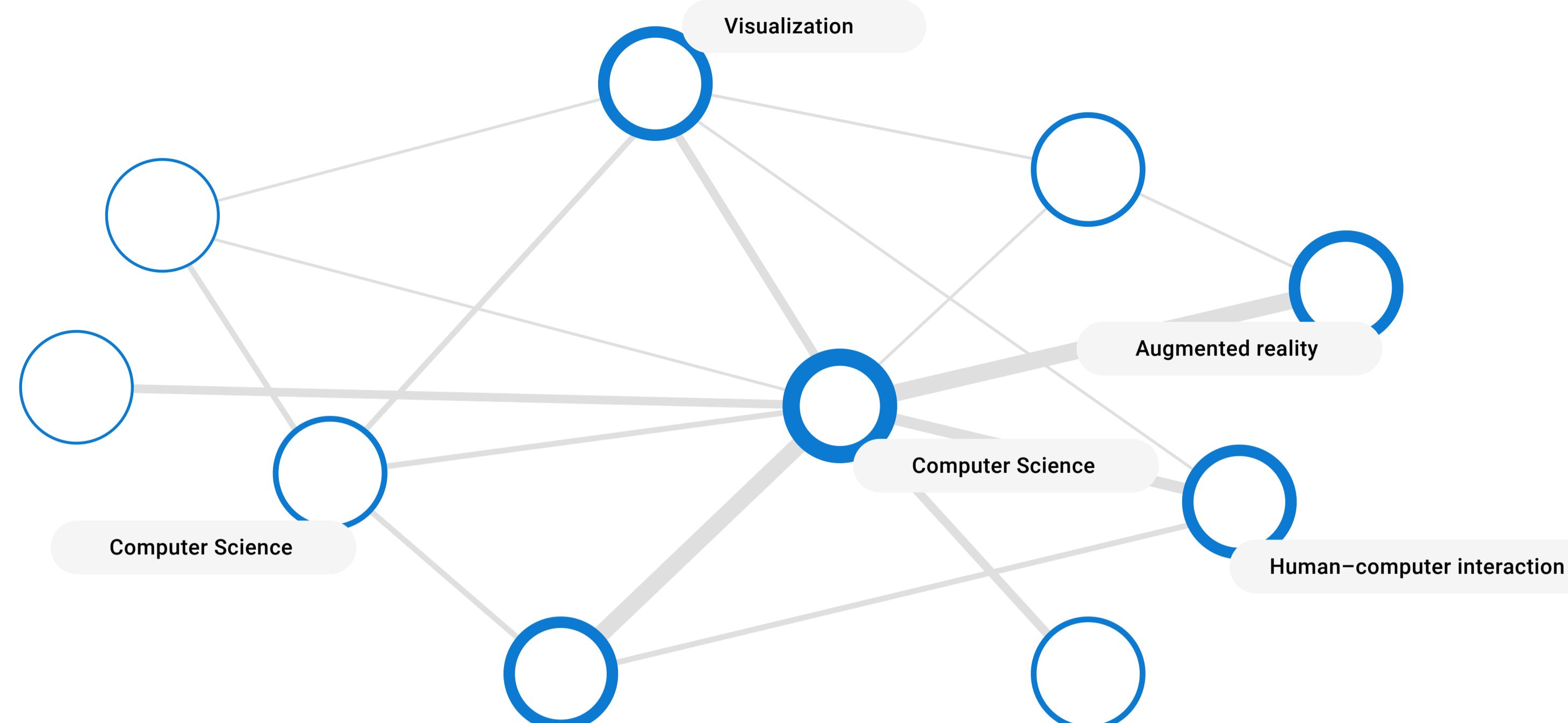
- Número de citas
- Índice Hércules
- Índice h

Aplicar

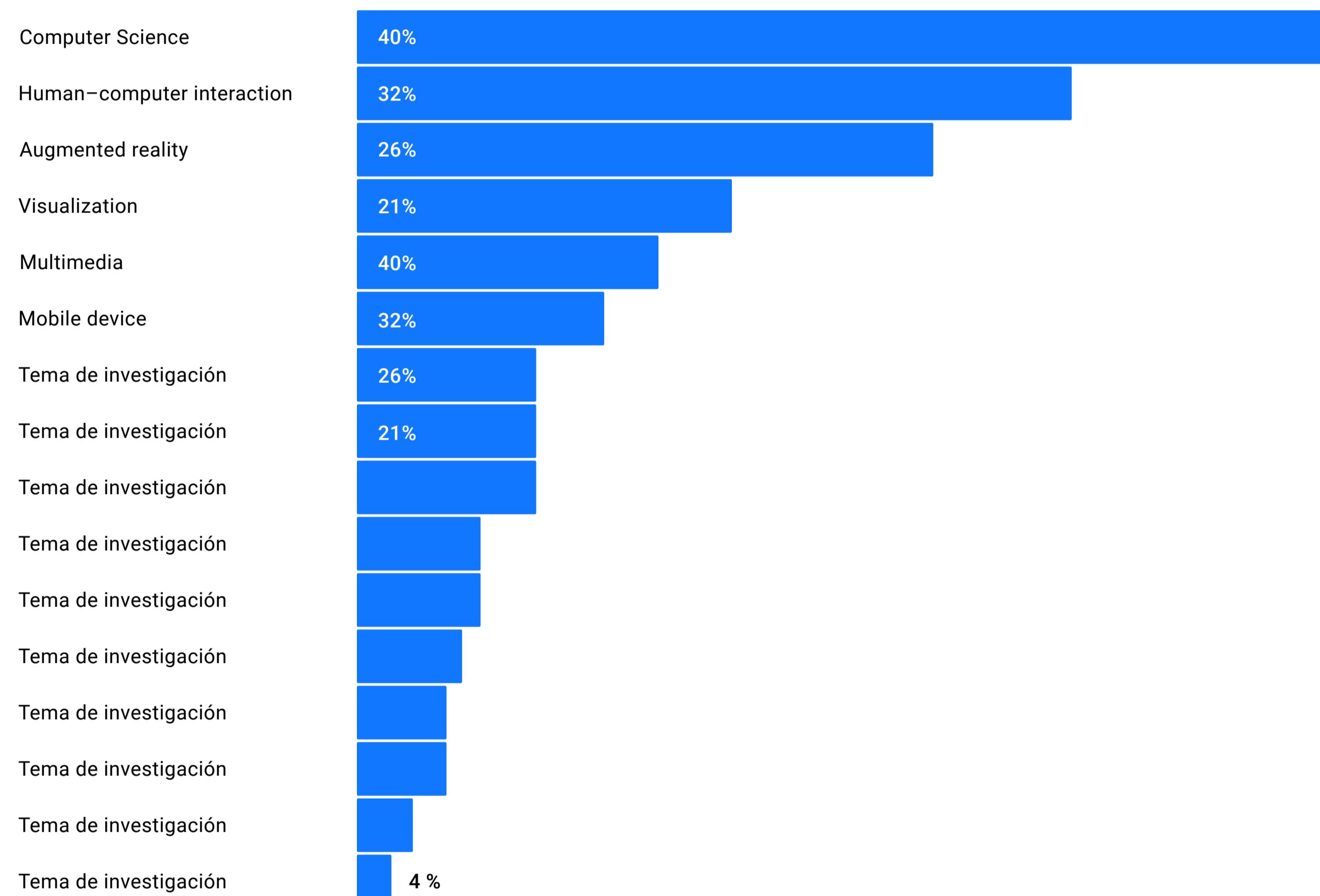



Miguel Ángel Sicilia
 Universidad de Alcalá
Publicaciones
256Temas de investigación
240Red Colaboradores
60Proyectos
20ROs
320

Evolución temporal publicaciones



Distribución principales temas de investigación





[Home](#) > [Trayectoria profesional](#) > Miquel Ángel Sicilia



Mi área privada > Gestión de ROs

FILTRAR POR

CENTRO ▾

Cic bioGUNE (56)

Universidad de La Rioja (40)

Universidad de Murcia (32)

Ver más >

ÁREA ▾

Química biológica (56)

Nanotecnología (40)

Ingeniería molecular (32)

Ver más >

TIPO DE INVESTIGADOR ▾

Docente (56)

Personal investigador (40)

En formación (32)

Ver todas ▾

ROL ▾

NÚMERO PUBLICACIONES ▾

NOTICIAS ▾

ÍNDICE H ▾

GRUPO DE INVESTIGACIÓN ▾

LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN ▾

Gestionar ROs 110

Exportar ▾

Ordenar ▾

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Tema de investigación XTema de investigación X

Etiquetas propuestas / sugeridas

Tema sugerido +Tema sugerido +Tema sugerido +

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Tema de investigación X

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Tema sugerido +

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

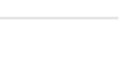
Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Deep Residual Learning for Image Recognition

Lun 22, jun. 2020



Lorem ipsum dolor sit amet, consectetur adipiscing elit. Aenean viverra varius augue, vitae ullamcorper mi maximus quis. Quisque convallis sapien leo, at tincidunt felis fermentum nec. Cras diam eros, lacinia at vestibulum ac, rhoncus eu nibh.

Cargando recursos...



Open Research Society - open journal publishing

es.slideshare.net/msicilia/open-research-society-open-journal-publishing

slideshare | Buscar | Cargar | Iniciar sesión | Registrarse

Inicio Explorar

Sé el primero en recortar esta diapositiva

From open access to open research and information sustainability

Miguel-Angel Sicilia
Information Engineering Research Unit
[University of Alcalá]

1 de 11

Open Research Society - open journal publishing - Miguel Angel Sicilia

3.809 visualizaciones

Compartir Recomendar Descargar ...

Recomendado

Amplie su desarrollo profesional con Scribd
Scribd - Pruébala gratis 30 días

Berlin 6 Open Access Conference: Arun Arunachalam Cornelius Puschmann

Gnomio presentation Marisol Galindo Porras

Berlin 6 Open Access Conference: Salvatore Mele Cornelius Puschmann

Subject D Bs No Bus Med Nirmala last

Bibliometrics 101 Elaine Lasda

Berlin 6 Open Access

Título

Open Research Society - open journal

Descripción

Build on open Access and open source established practice

Temas de investigación

Introduce una etiqueta y pulsa AÑADIR

AÑADIR

Tema de investigación

Tema de investigación

Temas de investigación sugeridos

Tema sugerido

Tema sugerido

Tema sugerido

Repositorio

Introduce la url del repositorio

Categorizar

Buscar área temáticas

 Inteligencia Artificial

Detección facial

 Asistentes virtuales

Logística y transporte

Web semántica

Grafo de conocimiento

Procesamiento lenguaje natural

Museos (18)

Recetas (16)

Visible para

 Público Miembros de la comunidad Editores Personas y/o grupos específicos

Compartido para su edición

 No Personas y/o grupos específicos

Compartido para su visualización en otras comunidades

 No Sí**GUARDAR**

GUARDAR BORRADOR

CANCELAR

[Home](#) > [Proyectos](#) > Deep Residual Learning for Image Recognition

Open Research Society - open journal

University of Alcalá

Build on open Access and open source established practice

 Guardar en mi Espacio Personal

Información general

Fecha última actualización

11 / 10 / 2007

Repositorio

<https://github.com/msicilia/sickle>

Licencia

Open Access

Estado

Concedido

Temas de investigación

Tema de investigación

Tema de investigación

UNIVERSIDAD DE
MURCIA

Título

Descripción

Temas de investigación

AÑADIR

Repository

Categorizar



- Inteligencia Artificial**
 - Detección facial
 - Asistentes virtuales
 - Logística y transporte
- Web semántica
- Grafo de conocimiento
- Procesamiento lenguaje natural
- Museos (18)
- Recetas (16)

Visible para

 Público

- Miembros de la comunidad
- Editores
- Personas y/o grupos específicos

Compartido para su edición

 No

- Personas y/o grupos específicos

Compartido para su visualización en otras comunidades

 No

- Sí

GUARDAR

GUARDAR BORRADOR

CANCELAR



Home > Proyectos > Deep Residual Learning for Image Recognition

Sickle: OAI-PMH for Humans

Agencia de Proyectos de Investigación Avanzados-Energía

 Guardar en mi Espacio Personal


Sickle is a lightweight OAI-PMH cliente library written in Python. It has been designed for conveniently retrieving data from OAI interfaces the Pythonic way...

Información general

Fecha última actualización

dd / mm / aaaa

Repositorio

<https://github.com/msicilia/sickle>

Licencia

Open Access

Estado

Concedido

Temas de investigación

Previsualizar

Tema de investigación



Tema de investigación



Etiquetas propuestas / sugeridas

Tema sugerido



Tema sugerido



Tema sugerido



Repositorio	Mapa de relaciones	Referencias	Publicaciones relacionadas
25	25	25	100

Vincular

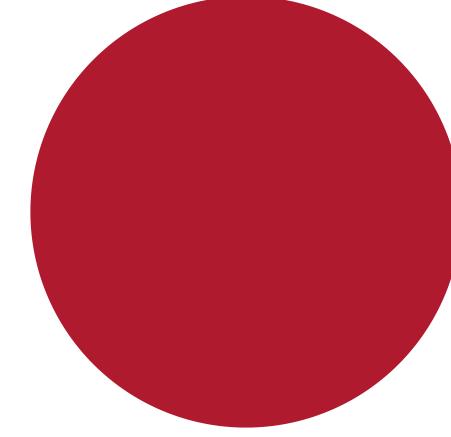
Mostrar



- Publicaciones propias
- Publicaciones de otros
- ROs Hércules propios
- ROs Hércules de otros
- Referencias externas

PRESENTACIÓN

Linking research information in the Web (and the role of academic libraries in it)



Relacionado con

Relacionado con

Bifurcado desde

CÓDIGO

Sickle: OAI-PMH for Humans

DOCUMENTACIÓN

Sickle: OAI-PMH for Humans

Publicación

Open Archives Initiative - Protocol for Metadata Harvesting - v2.0

2012

Carl Lagoze, Herbert Van de Sompel, Michael Nelson, Simeon Warner

Es parte de

VÍDEO

Tutorial: How to use Sickle

Referencia bibliográfica

CÓDIGO

VÍDEO

Sickle: OAI-PMH for Humans



Open Archives Initiative - Protocol for Metadata Harvesting - v2.0

PUBLICACIÓN

Open Archives Initiative - Protocol for Metadata Harvesting - v2.0



GOBIERNO

DE ESPAÑA

MINISTERIO DE CIENCIA E INNOVACIÓN

UNIVERSIDAD DE MURCIA



FONDO EUROPEO DE DESARROLLO REGIONAL (FEDER)

Una manera de hacer Europa



UNIÓN EUROPEA



Definir cluster

Nombre / Título cluster

Introduce un Nombre / Título cluster

Descripción

Introduce una descripción

Temas de investigación

Introduce una etiqueta y pulsa AÑADIR

AÑADIR

Número de investigadores a recomendar

Número de investigadores

Clasificación de áreas temáticas

Hércules

Horizonte Europeo

ODS

Plan España Digital 2025

GUARDAR Y SIGUIENTE >



Definir perfiles y áreas de investigación

¿Quieres buscar investigadores con experiencia en varias de las áreas seleccionadas?

Organiza las áreas por perfiles temáticos del investigador arrastrándolas aquí

Perfiles

▼  Experto en IoT

Área temática  Área temática  Área temática  

▼  Experto UX

Área temática  

▼  Psicólogo

 Seleccionar áreas temáticas

 Añadir otro perfil

GUARDAR Y SIGUIENTE >



Nuevo CLU

Seleccionar áreas temáticas



Categorías

Árbol

Lista

Buscar área temática



Inteligencia Artificial

Detección facial

Asistentes virtuales

Logística y transporte

Web semántica

Grafo de conocimiento

Procesamiento lenguaje natural

Museos (18)

Recetas (16)

GUARDAR

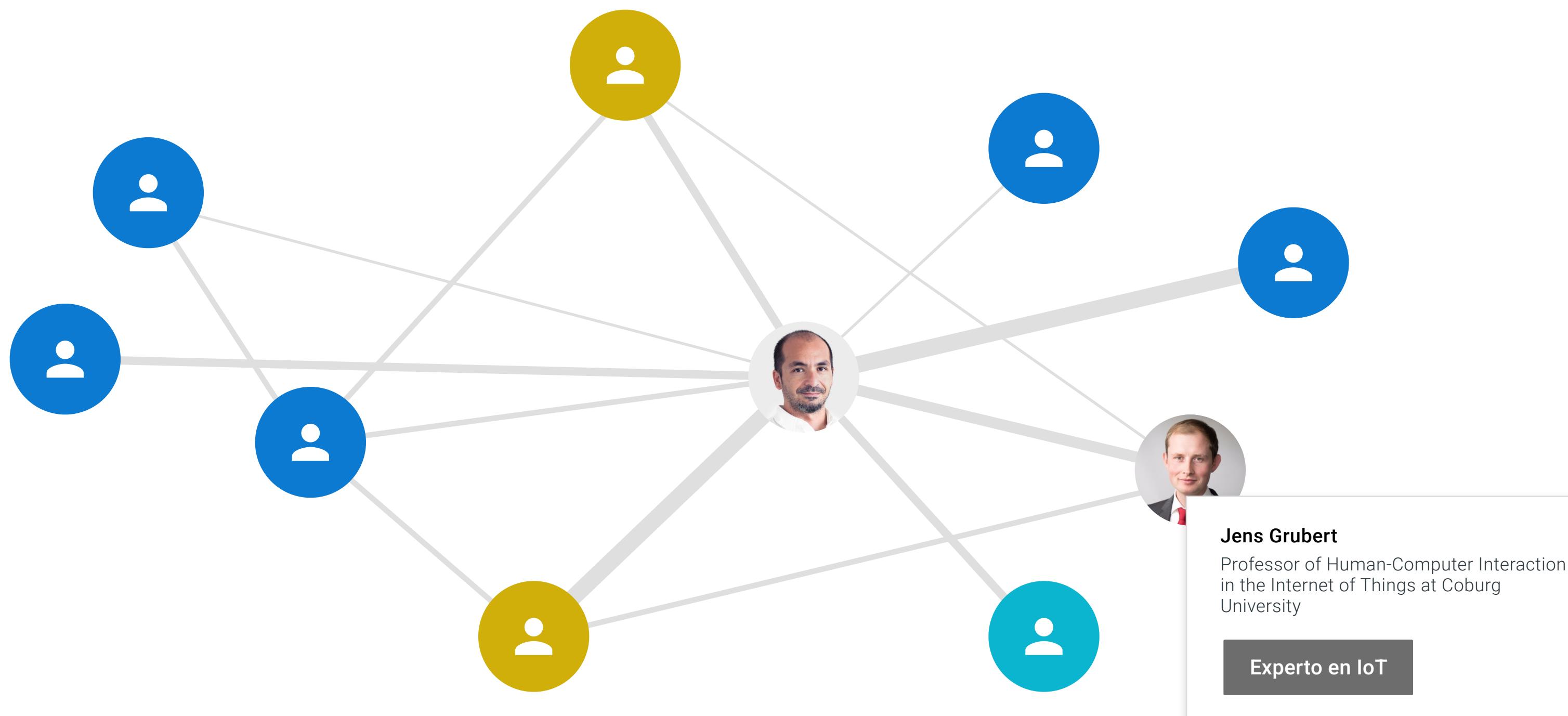
Añadir otro perfil

GUARDAR Y SIGUIENTE >



Recomendaciones y selección de investigadores

Grafo de relaciones con otros investigadores



Listado de Investigadores relacionados

FILTRAR POR		Investigadores 90					
PERFILES	Q	Categoría	X	Categoría	X	Exportar	Ordenar
Perfil I		Universidad de La Rioja					
Perfil II		Francisco Corzana López					
Perfil III		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
Ver más >		778 69					
ÁREA	Q	Universidad de La Rioja					
Química biológica (56)		Francisco Corzana López					
Nanotecnología (40)		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
Ingeniería molecular (32)		778 69					
Ver más >		Universidad de La Rioja					
TIPO DE INVESTIGADOR	Q	Francisco Corzana López					
Docente (56)		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
Personal investigador (40)		778 69					
En formación (32)		Universidad de La Rioja					
Ver todas >		Francisco Corzana López					
ROL	Q	Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
Universidad de La Rioja		778 69					
NÚMERO PUBLICACIONES	Q	Universidad de La Rioja					
Francisco Corzana López		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
NOTICIAS	Q	778 69					
ÍNDICE H	Q	Universidad de La Rioja					
Francisco Corzana López		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
GRUPO DE INVESTIGACIÓN	Q	778 69					
Universidad de La Rioja		Francisco Corzana López					
LÍNEAS DE INVESTIGACIÓN	Q	Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
Francisco Corzana López		778 69					
		Universidad de La Rioja					
		Francisco Corzana López					
		Publicaciones H-index Lun 22, jun. 2020					
		778 69					

GUARDAR

GUARDAR BORRADOR

CANCELAR



Nombre / Título cluster

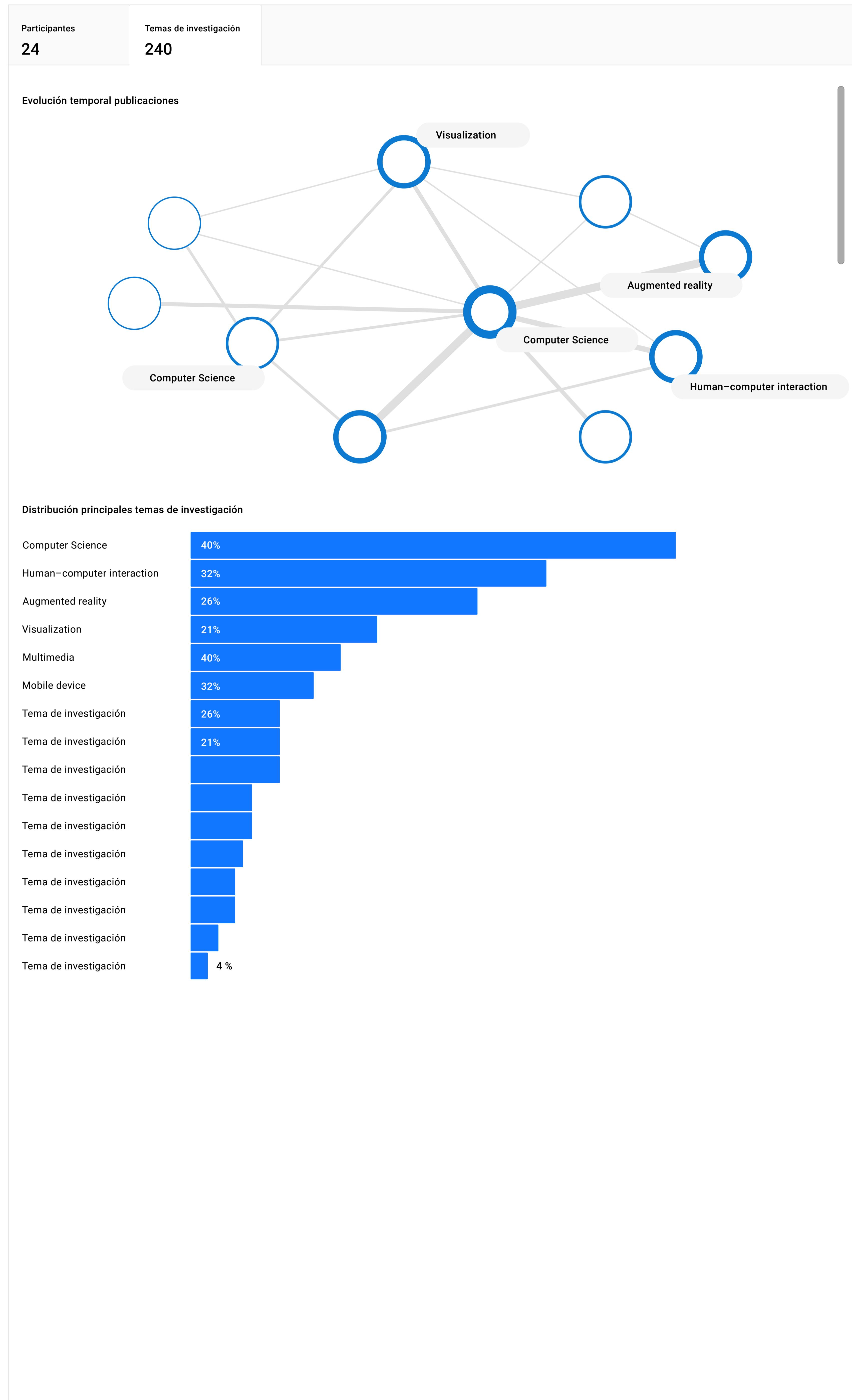
The term "Linked Data" refers to a set of best practices for publishing and connecting structured data on the Web. These best practices have been adopted by an increasing number of data providers over the last three years, leading to the creation of a global data space containing billions of assertions—the Web of Data. In this article, the authors present the concept and technical principles of Linked Data.

 [Editar](#)


Áreas de investigación

Computer Science
Artificial Intelligence

Temas de investigación

Linked Data Platform
Linked Data
Data Web


**TIPO DE INDICADOR**

ENTRADA

RRHH (56)

Financiación (40)

Gobierno (32)

[Ver más >](#)

SALIDA

Patentes (56)

Impacto (40)

Gobierno (32)

[Ver más >](#)

ORGANIZACIÓN Y GRUPOS

Organización 1 (56)

Organización 2 (40)

Organización 3 (32)

[Ver más >](#)

INVESTIGADORES Y GRUPOS

ÁREAS DE INVESTIGACIÓN

Indicadores 200

Abc

 Título del indicador

Financiación

Valor / unidad

 Título del indicador

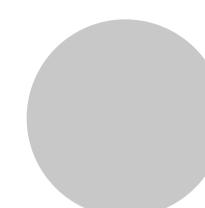
Financiación

Valor / unidad

Exportar

Ordenar

Visualizar

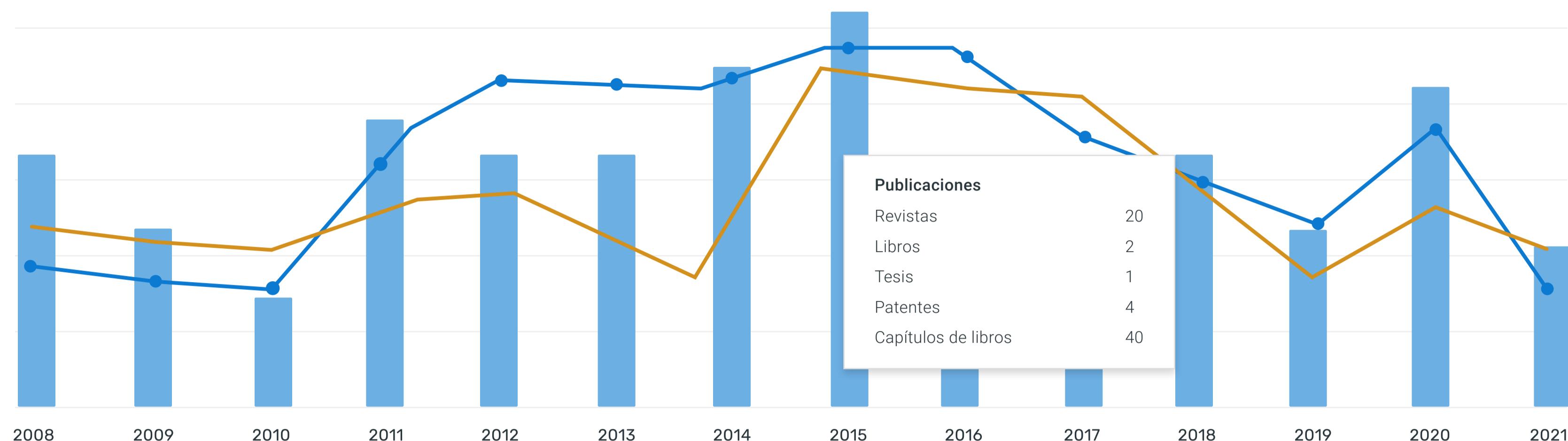


Financiación

Indicador financiación



Gráfico del indicador


[Definiciones](#) [Fuentes](#) [Datos](#)

Financiación

Descripción

Nullam in rutrum orci. Curabitur sollicitudin neque sollicitudin feugiat imperdiet. **Vestibulum at mattis enim. Donec nulla risus, tincidunt nec risus nec, sagittis tristique elit.** Aliquam feugiat eu augue sed placerat. Proin consectetur faucibus mi, ac aliquam massa. Nam dapibus dictum eros quis porttitor. In in pulvinar neque. Morbi quis risus mattis, vestibulum erat sed, vulputate lectus. Cras venenatis ex ligula, nec vestibulum arcu pharetra at. Quisque dictum sodales massa, eu facilisis urna semper ac. Pellentesque imperdiet ac lacus hendrerit laoreet. Nulla at malesuada mi, placerat imperdiet ipsum. Donec id lorem porta, maximus orci et, aliquet velit. Praesent condimentum quam lorem, ac imperdiet sem porttitor malesuada.

Cálculo

Nullam in rutrum orci. Curabitur sollicitudin neque sollicitudin feugiat imperdiet. **Vestibulum at mattis enim. Donec nulla risus, tincidunt nec risus nec, sagittis tristique elit.** Aliquam feugiat eu augue sed placerat. Proin consectetur faucibus mi, ac aliquam massa. Nam dapibus dictum eros quis porttitor. In in pulvinar neque. Morbi quis risus mattis, vestibulum erat sed, vulputate lectus.

Recursos Humanos

Descripción

Nullam in rutrum orci. Curabitur sollicitudin neque sollicitudin feugiat imperdiet. **Vestibulum at mattis enim. Donec nulla risus, tincidunt nec risus nec, sagittis tristique elit.** Aliquam feugiat eu augue sed placerat. Proin consectetur faucibus mi, ac aliquam massa. Nam dapibus dictum eros quis porttitor. In in pulvinar neque. Morbi quis risus mattis, vestibulum erat sed, vulputate lectus.

Cálculo

Nullam in rutrum orci. Curabitur sollicitudin neque sollicitudin feugiat imperdiet. **Vestibulum at mattis enim. Donec nulla risus, tincidunt nec risus nec, sagittis tristique elit.** Aliquam feugiat eu augue sed placerat. Proin consectetur faucibus mi, ac aliquam massa. Nam dapibus dictum eros quis porttitor. In in pulvinar neque. Morbi quis risus mattis, vestibulum erat sed, vulputate lectus.



Comparativa

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN A

Tipo de proyecto

Competitivo

Año de convocatoria

2018

Ámbito

Unión Europea

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN B

Tipo de proyecto

Competitivo

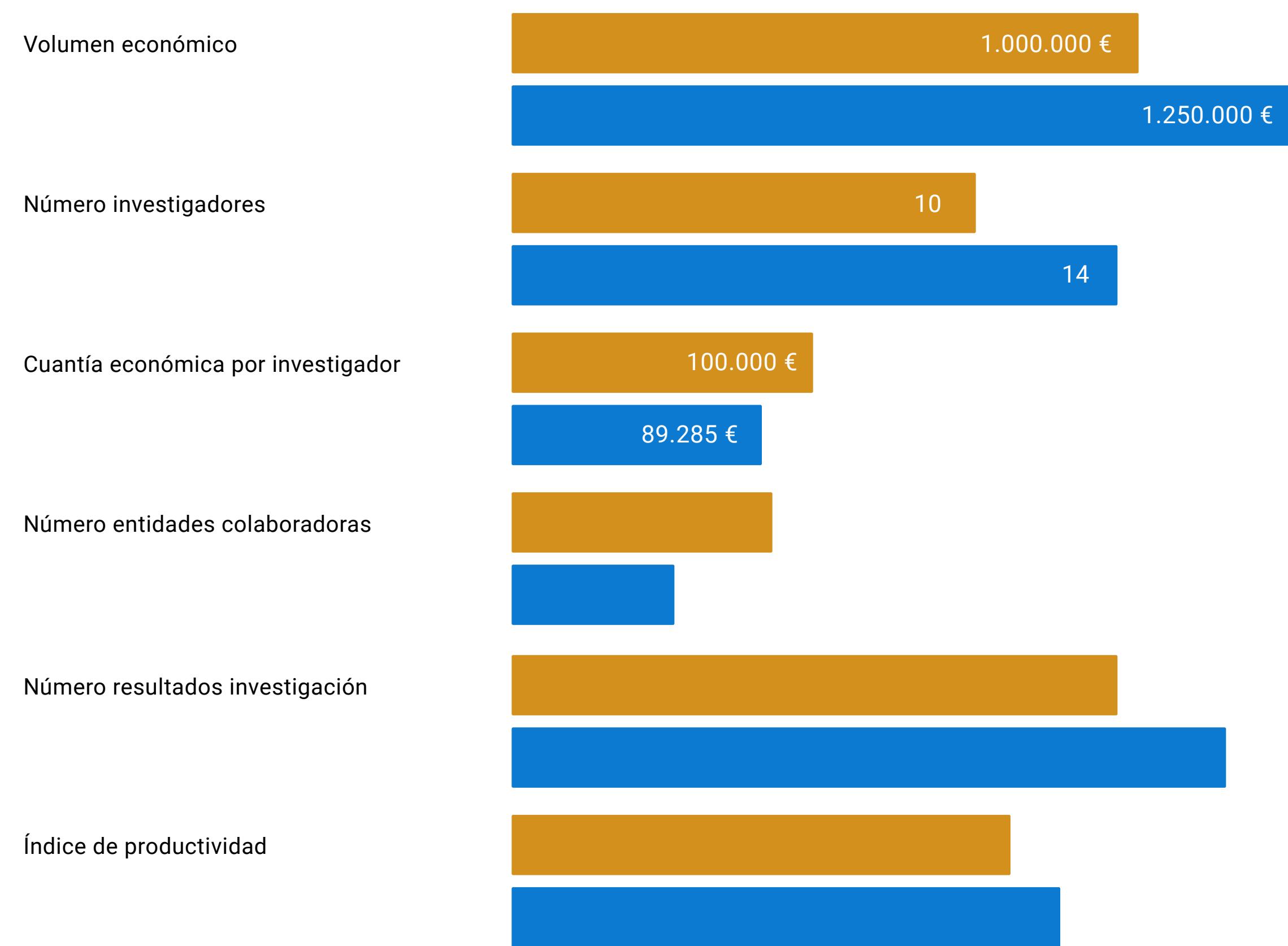
Año de convocatoria

2020

Ámbito

Unión Europea

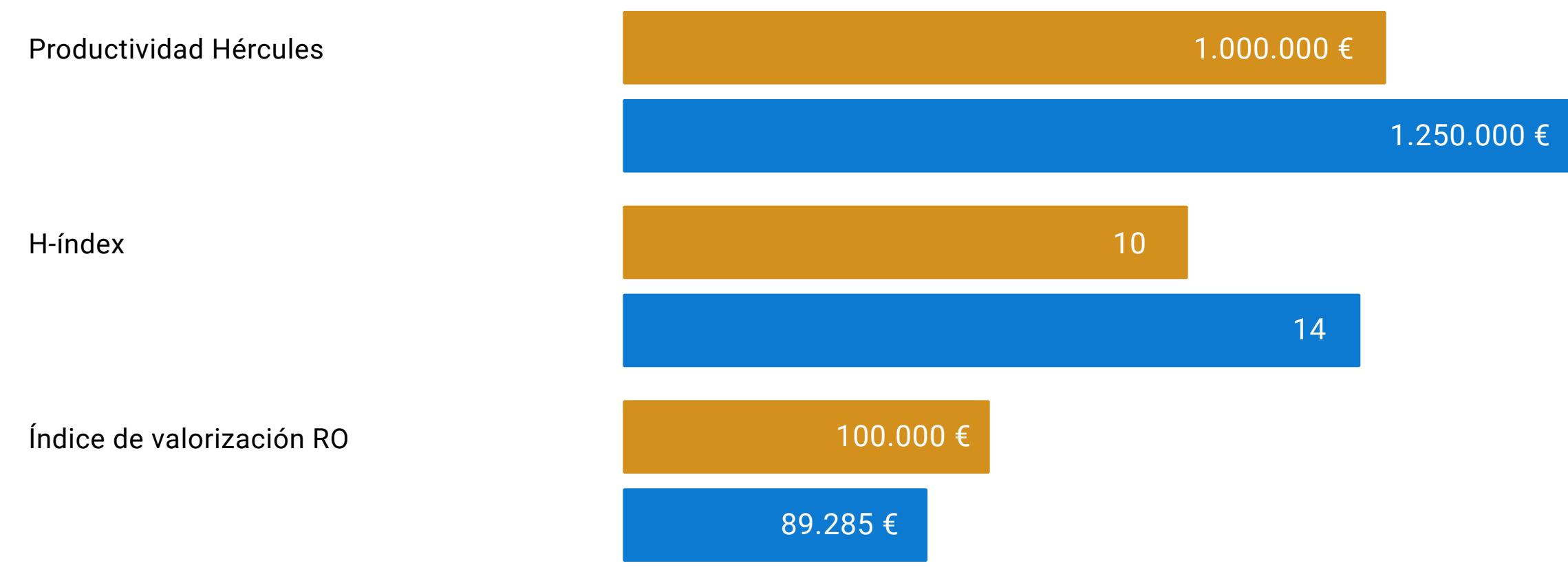
Principales indicadores



Indicadores directores de proyecto

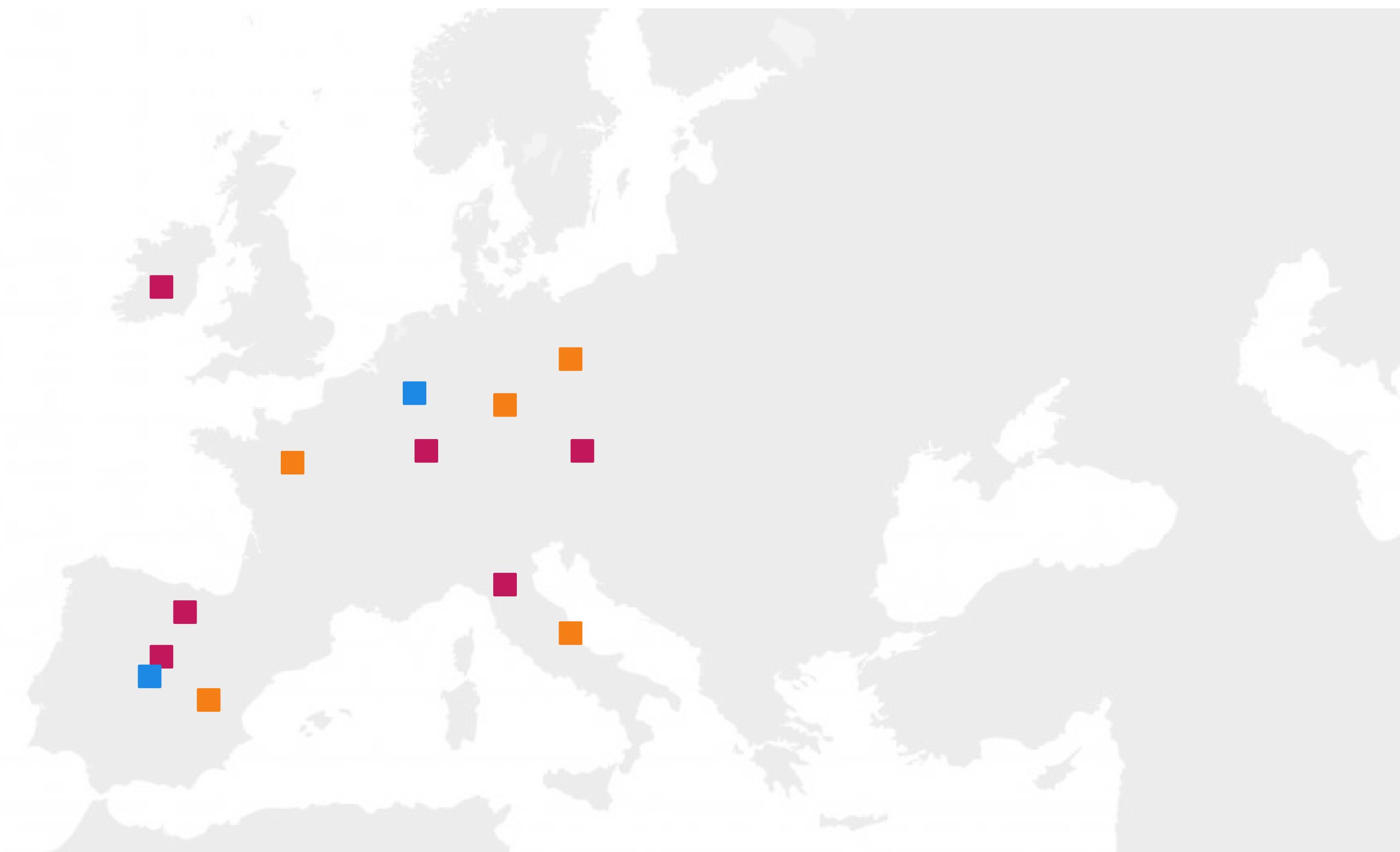
■ Director de proyecto 1
Andrés López Pérez

■ Director de proyecto 2
Fernando García Martínez

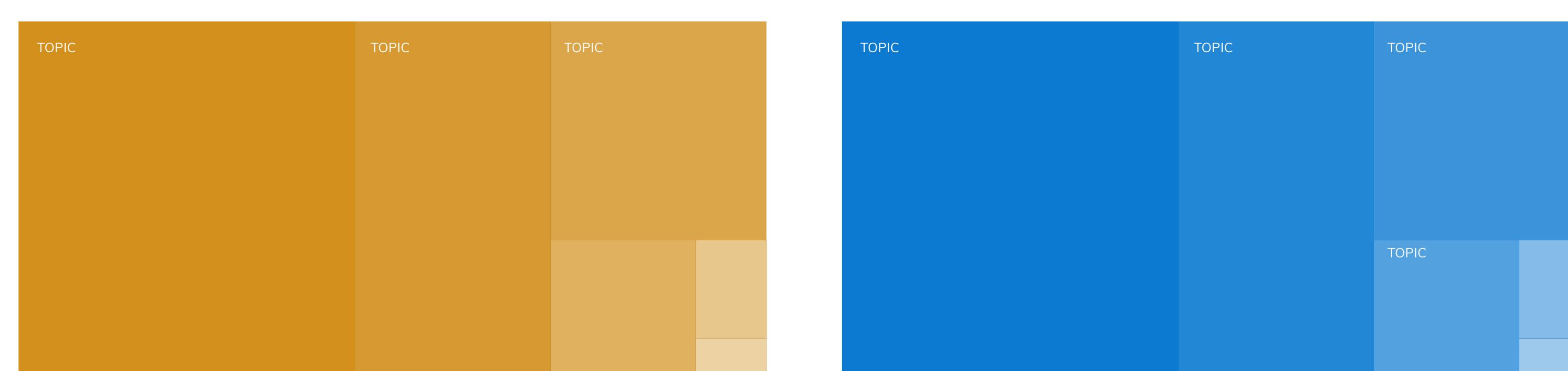


Indicadores directores de proyecto

■ Investigadores
■ Financiadores
■ Colaboradores



Temáticas / topics





Comparativa

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN A

Tipo de proyecto

Competitivo

Año de convocatoria

2018

Ámbito

Unión Europea

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN A

PROYECTO DE INVESTIGACIÓN B

Número investigadores

10

14

Distribución por sexos

Hombres

Mujeres

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por titulación

Catedráticos

Doctores

Graduados

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número entidades

Número resultados

Índice de productividad

Indicadores directores de proyecto

Productividad H

H-index

Índice de valorización

Distribución por edad

Principales indicadores

Volumen económico

Número investigadores

Cuantía económica

Número ent