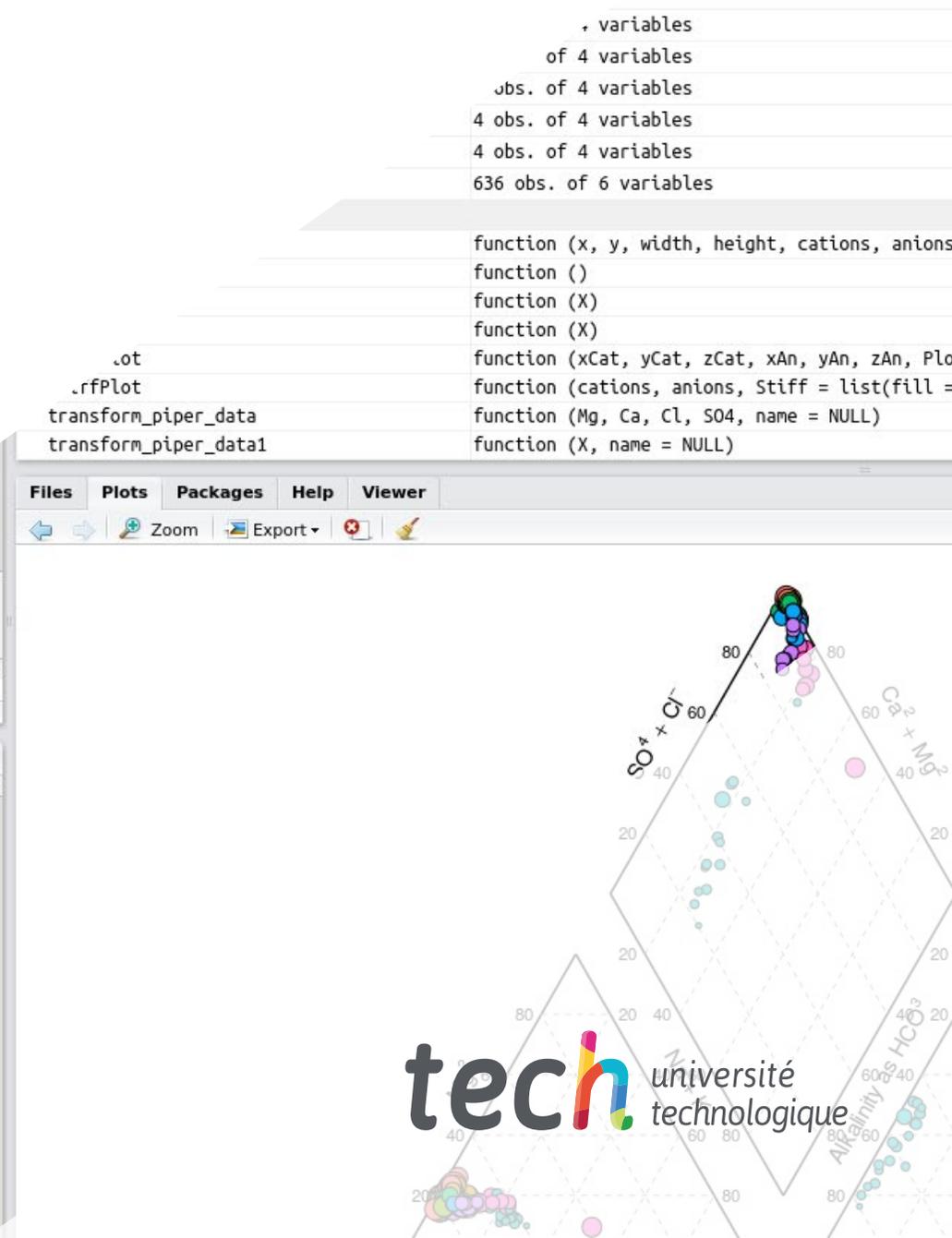


Certificat

Langage de Programmation R en Oncologie Génomique

```
..._data)  
R Script  
...0", "E"))  
data$Mg, Cl=data$Cl, SO4= data$SO4, name=data$Water  
...und  
...station=="YL-SW-2"|Station=="YL-SW-3"|Station=="YL-SW-4"|Station=="  
...=="YL-SW-7"|Station=="YL-SW-8")  
...er_data1(data, name=data$Wt)  
...Je added like...  
...+ geom_point(aes(x,y), data=piper_data)  
...ge:  
...2 rows containing missing values (geom_point).  
...coloring the points can be done using the observation value.  
...plot_piper() + geom_point(shape=21, aes(x,y, fill=St, size=CE), data=piper_data)
```





Certificat

Langage de Programmation R en Oncologie génomique

- » Modalité: en ligne
- » Durée: 2 mois
- » Qualification: TECH Université Technologique
- » Intensité: 16h/semaine
- » Horaire: à votre rythme
- » Examens: en ligne

Accès au site web: www.techtitute.com/fr/medecine/cours/langage-programmation-r-oncologie-genomique

Sommaire

01

Présentation

page 4

02

Objectifs

page 8

03

Direction de la formation

page 12

04

Structure et contenu

page 16

05

Méthodologie

page 20

06

Diplôme

page 28

01

Présentation

Le concept d'Oncologie Génomique ou de Précision n'est pas entièrement nouveau; les médecins utilisent le groupe sanguin pour adapter les transfusions sanguines depuis plus d'un siècle. Ce qui est différent aujourd'hui, c'est la croissance rapide des données génomiques qui peuvent être collectées rapidement et à moindre coût auprès du patient et de la communauté au sens large, ainsi que le potentiel de compréhension qu'offre le partage de ces données. L'échelle et la complexité des données génomiques éclipsent les mesures traditionnellement utilisées dans les tests de laboratoire.



“

Améliorez vos connaissances en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique grâce à ce programme, dans lequel vous trouverez le meilleur matériel didactique et des études de cas réels. Découvrez dans ce programme les dernières avancées dans ce domaine afin d'exercer une pratique médicale de qualité"

L'un des objectifs fondamentaux du programme est de rapprocher et diffuser les connaissances informatiques qui sont déjà appliquées dans d'autres domaines, mais qui n'ont qu'une application minimale dans le monde médical; et malgré le fait que la médecine génomique soit une réalité, il est nécessaire d'interpréter avec précision l'énorme volume d'informations cliniques actuellement disponibles et de les associer aux données biologiques générées après une analyse bioinformatique. Ainsi, bien qu'il s'agisse d'un défi difficile à relever, il permettra d'explorer les effets des variations génétiques et les thérapies potentielles rapidement, à moindre coût et avec une plus grande précision que ce qui est actuellement possible.

L'être humain n'est pas naturellement équipé pour percevoir et interpréter des séquences génomiques, ni pour comprendre l'ensemble des mécanismes, des voies et des interactions qui se déroulent dans une cellule vivante, ni pour prendre des décisions médicales comportant des dizaines ou des centaines de variables. Pour aller de l'avant, il faut un système doté d'une capacité d'analyse surhumaine pour simplifier l'environnement de travail et montrer les relations et les proximités entre les variables. En Génomique et en Biologie, il est désormais reconnu qu'il vaut mieux consacrer des ressources à de nouvelles techniques de calcul qu'à la collecte pure et simple de données, ce qui est peut-être déjà le cas en Médecine et en Oncologie.

Nous disposons de millions de données et de publications, mais lorsqu'elles sont analysées par des médecins ou biologistes, les conclusions sont totalement subjectives et relatives aux publications qui sont hiérarchisées de manière arbitraire, ce qui génère des connaissances partielles, et de plus en plus éloignées des connaissances génétiques et biologiques disponibles et soutenues par le calcul. Par conséquent, le progrès considérable dans la mise en œuvre de la médecine de précision consiste à combler cette lacune, en analysant massivement les informations médicales et pharmacologiques disponibles.

Ce **Certificat en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique** contient le programme scientifique le plus complet et le plus actuel du marché. Les principales caractéristiques sont les suivantes:

- ♦ Le développement d'études de cas présentées par des experts en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique
- ♦ Son contenu graphique, schématique et éminemment pratique fournit des informations scientifiques et pratiques sur les disciplines essentielles à la pratique professionnelle
- ♦ Les avancées en Langage de Programmation R en Oncologie génomique
- ♦ Il contient des exercices pratiques où le processus d'auto-évaluation peut être réalisé pour améliorer l'apprentissage
- ♦ Avec un accent particulier sur les méthodologies innovantes en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique
- ♦ Tout cela sera complété par des cours théoriques, des questions à l'expert, des forums de discussion sur des sujets controversés et un travail de réflexion individuel
- ♦ Les contenus sont disponibles à partir de tout appareil fixe ou portable doté d'une connexion internet



Actualisez vos connaissances grâce à ce programme en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique

“

Ce Certificat est sûrement le meilleur investissement que vous puissiez faire dans le choix d'un programme de remise à niveau pour deux raisons: en plus de mettre à jour vos connaissances en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique, vous obtiendrez un diplôme délivré par TECH Université Technologique"

Son corps enseignant comprend des professionnels concernant le Langage de Programmation R en en Oncologie Génomique, qui apportent l'expérience de leur travail à cette formation, ainsi que des spécialistes reconnus issus de grandes entreprises et d'universités prestigieuses.

Grâce à son contenu multimédia développé avec les dernières technologies éducatives, ce programme permettra au professionnel d'apprendre de manière située et contextuelle, c'est-à-dire dans un environnement simulé qui fournira un apprentissage immersif programmé pour s'entraîner dans des situations réelles.

La conception de ce programme est basée sur l'Apprentissage par les Problèmes, grâce auquel l'étudiant devra essayer de résoudre les différentes situations de pratique professionnelle qui se présentent tout au long du programme. Pour cela, il sera assisté d'un système vidéo interactif innovant créé par des experts reconnus dans le Langage de Programmation R en Oncologie Génomique et possédant une grande expérience de l'enseignement.

Augmentez votre confiance dans la prise de décision en actualisant vos connaissances grâce à ce programme.

Saisissez l'occasion de vous informer sur les dernières avancées en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique et d'améliorer vos soins aux patients.



02 Objectifs

Le programme en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique vise à faciliter la performance du médecin dédié au traitement de la pathologie oncologique, dans laquelle il est nécessaire d'interpréter avec précision l'énorme volume d'informations cliniques actuellement disponibles, et de les associer aux données biologiques générées après une analyse bioinformatique.



“

Ce programme d'actualisation des connaissances créera un sentiment de sécurité dans l'exécution de la pratique médicale, ce qui vous aidera à vous épanouir personnellement et professionnellement”



Objectif général

- ♦ Être capable d'interpréter avec précision le volume d'informations cliniques actuellement disponibles et associées aux données biologiques générées après une analyse bioinformatique



Actualisez vos connaissances grâce à ce programme en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique.





Objectifs spécifiques

- Discuter de la manière dont le recours au séquençage de nouvelle génération (NGS) dans un contexte de diagnostic, soulève de nombreuses questions concernant l'identification et le signalement de variantes dans des gènes secondaires à la pathologie du patient
- Débuter dans le langage de programmation R, qui a l'avantage d'être un langage de programmation libre et de disposer de plusieurs paquets d'analyse statistique
- Apprendre les concepts de base de la programmation R tels que les types de données, l'arithmétique vectorielle et l'indexation
- Effectuer des opérations dans R, notamment trier, créer ou importer des données
- Apprendre comment la résolution de problèmes commence par une décomposition modulaire, puis d'autres décompositions de chaque module dans un processus appelé raffinement successif
- Apprenez les concepts de base de l'inférence statistique pour comprendre et calculer les valeurs p et les intervalles de confiance tout en analysant les données avec R
- Fournir des exemples de programmation R d'une manière qui aidera à faire le lien entre les concepts et la mise en œuvre
- Décrire les techniques statistiques les plus appropriées comme alternative lorsque les données ne sont pas conformes aux hypothèses requises par l'approche standard
- Apprenez les bases de la recherche reproductible en utilisant des scripts R pour analyser les données
- Utiliser des techniques de visualisation pour explorer de nouveaux ensembles de données et déterminer l'approche la plus appropriée
- Apprenez à visualiser les données, ce qui vous permettra d'extraire des informations, de mieux comprendre les données et de prendre des décisions plus efficaces
- Apprenez à prendre des données qui, à première vue, n'ont pas beaucoup de sens et à les présenter visuellement de manière à ce qu'elles soient utiles à votre analyse
- Apprenez à utiliser les trois principales sources de graphiques de R: base, lattice et ggplot2
- Savoir sur quoi se base chaque logiciel graphique pour définir celui à utiliser et les avantages offerts par chacun d'entre eux

03

Direction de la formation

Le corps enseignant du programme comprend d'éminents spécialistes en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique, qui apportent l'expérience de leur travail à cette formation. De plus, d'autres spécialistes au prestige reconnu participent à sa conception et à sa préparation, complétant ainsi le programme de manière interdisciplinaire.



“

Découvrez auprès de professionnels de référence, les dernières avancées concernant le Langage de Programmation R en Oncologie Génomique”

Direction



Dr Krallinger, Martin

- ♦ Chef de l'unité de recherche de textes du (CNIO)
- ♦ Il a terminé le processus de sélection pour devenir chef de l'unité de fouille de textes au (BSC)
- ♦ Expert dans le domaine de l'exploration de textes biomédicaux et cliniques et des technologies linguistiques
- ♦ Expert en Applications d'exploration de textes ciblés pour la sécurité des médicaments, la biologie des systèmes moléculaires et l'oncologie
- ♦ Il a participé à la mise en œuvre et à l'évaluation de composants biomédicaux de reconnaissance d'entités nommées, de systèmes d'extraction d'informations, d'indexation sémantique de grands ensembles de données de types de documents hétérogènes
- ♦ Participation au développement du premier méta-serveur d'annotation de textes biomédicaux (biocreative meta-server - BCMS) et du méta-serveur BeCalm
- ♦ Organisateur des défis d'évaluation de la communauté BioCreative pour l'évaluation des outils de traitement du langage naturel et a participé à l'organisation de tâches de fouille de textes biomédicaux dans divers défis communautaires internationaux, notamment l' IberEval et le CLEF



Dr Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- ♦ Chef du Service d'Oncologie de l'Hôpital Universitaire de Rey Juan Carlos
- ♦ Research Visitors at University of Southampton
- ♦ Master Universitaire en Bioinformatique et Biostatistique à UOC-UB
- ♦ Master en Analyse Bioinformatique à l'Université Pablo de Olavide
- ♦ Docteur en Médecine de l'Université Complutense de Madrid Mention Honorifique Cum Laude
- ♦ Membre de la Société Espagnole d'Oncologie Médicale et du Groupe GECP (Groupe Espagnol du Cancer du Poumon)
- ♦ Spécialiste (MIR) en Oncologie Médicale, Hôpital Universitaire San Carlos de Madrid
- ♦ Diplôme en Médecine et en Chirurgie, Université de Navarre

Professeurs

Dr Alberich Martí, Ricardo

- ♦ Professeur et Directeur, Sciences Mathématiques et Informatique
- ♦ Sciences en Informatique et Intelligence Artificielle à l'Université de Illes Balears

Dr Burón Fernández, María Rosario

- ♦ Service de Médecine Interne
- ♦ Hôpital Universitaire Infanta Cristina

Dr Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ Professeur d'Université, Sciences Mathématiques et Informatique, Sciences informatiques et intelligence artificielle, Université des Illes Balears

Dr Torres, Arnau Mir

- ♦ Professeur de Université, Sciences Mathématiques et Informatique, Sciences Informatique et Intelligence Artificielle à Université des Illes Baléares

04

Structure et contenu

La structure des contenus a été conçue par une équipe de professionnels issus des meilleurs centres éducatifs, universités et entreprises, conscients de la pertinence de la formation actuelle pour intervenir dans la préparation et le soutien des étudiants, et engagés dans un enseignement de qualité grâce aux nouvelles technologies éducatives.



“

Ce Certificat en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique contient le programme scientifique le plus complet et le plus actuel du marché”

Module 1. Analyse des données dans les projets de *Big Data*: Langage de Programmation R

- 1.1. Introduction au langage de programmation R
 - 1.1.1. Qu'est-ce que R?
 - 1.1.2. Installation de R et de l'interface graphique R
 - 1.1.3. Paquets
 - 1.1.3.1. Paquets standard
 - 1.1.3.2. Paquets contribués et CRAN
- 1.2. Caractéristiques de base de R
 - 1.2.1. L'environnement R
 - 1.2.2. Logiciels et documentation connexes
 - 1.2.3. R et statistiques
 - 1.2.4. R et le système de fenêtres
 - 1.2.5. Utiliser R de manière interactive
 - 1.2.6. Une session d'introduction
 - 1.2.7. Obtenir de l'aide sur les fonctions et les caractéristiques
 - 1.2.8. Commandes R, sensibilité à la casse, etc
 - 1.2.9. Récupération et correction des commandes précédentes
 - 1.2.10. Exécution de commandes ou déviation de la sortie vers un fichier
 - 1.2.11. Permanence des données et suppression des objets
- 1.3. Types d'objets R
 - 1.3.1. Manipulations simples; nombres et vecteurs
 - 1.3.1.1. Vecteurs et affectation
 - 1.3.1.2. Arithmétique vectorielle
 - 1.3.1.3. Génération de séquences régulières
 - 1.3.1.4. Vecteurs logiques
 - 1.3.1.5. Valeurs manquantes
 - 1.3.1.6. Vecteurs de caractères
 - 1.3.1.7. Vecteurs d'indice
 - 1.3.1.7.1. Sélection et modification des sous-ensembles d'un ensemble de données
 - 1.3.1.8. Autres types d'objets
 - 1.3.2. Les objets, leurs modes et leurs attributs
 - 1.3.2.1. Attributs intrinsèques: mode et longueur
 - 1.3.2.2. Modification de la longueur d'un objet
 - 1.3.2.3. Obtenir et définir des attributs
 - 1.3.2.4. La classe d'un objet
 - 1.3.3. Facteurs ordonnés et non ordonnés
 - 1.3.3.1. Un exemple concret
 - 1.3.3.2. La fonction `tapply()` et les matrices inégales
 - 1.3.3.3. Facteurs ordonnés
 - 1.3.4. Matrices
 - 1.3.4.1. Matrices
 - 1.3.4.2. Indexation des matrices Sous-sections d'une matrice
 - 1.3.4.3. Tableaux d'indices
 - 1.3.4.4. La fonction `array()`
 - 1.3.4.5. Arithmétique mixte des vecteurs et des tableaux La règle du recyclage
 - 1.3.4.6. Le produit externe de deux matrices
 - 1.3.4.7. Transposée généralisée d'une matrice
 - 1.3.4.8. Multiplication matricielle
 - 1.3.4.9. Valeurs propres et vecteurs propres
 - 1.3.4.10. Décomposition en valeur singulière et déterminants
 - 1.3.4.11. Formation de matrices partitionnées, `cbind()` et `rbind()`
 - 1.3.4.12. La fonction de concaténation, `c()`, avec les matrices
 - 1.3.5. Tableaux de fréquence des facteurs
 - 1.3.6. Listes
 - 1.3.6.1. Construire et modifier des listes
 - 1.3.6.2. Listes de concaténation
 - 1.3.7. *Cadres de données*
 - 1.3.7.1. Comment créer des *Dataframes*?
 - 1.3.7.2. Attacher `()` et détacher `()`
 - 1.3.7.3. Travailler avec *Dataframes*

- 1.4. Lecture et écriture de données
 - 1.4.1. La fonction `read.table()`
 - 1.4.2. La fonction `scan()`
 - 1.4.3. Accès aux jeux de données intégrés
 - 1.4.4. Chargement de données à partir d'autres paquets R
 - 1.4.5. Modification des données
- 1.5. Regroupement, boucles et exécution conditionnelle
 - 1.5.1. Expressions groupées
 - 1.5.2. Déclarations de contrôle
 - 1.5.2.1. Exécution conditionnelle: instructions *if*
 - 1.5.2.2. Exécution répétitive: boucles *for*, répétition et timing
- 1.6. Écrire vos propres fonctions
 - 1.6.1. Exemples simples
 - 1.6.2. Définition de nouveaux opérateurs binaires
 - 1.6.3. Arguments nommés et valeurs par défaut
 - 1.6.4. L'argument "..."
 - 1.6.5. Affectations au sein des fonctions

Module 2. Analyse statistique en R

- 2.1. Distributions de probabilités discrètes
- 2.2. Distributions de probabilités continues
- 2.3. Introduction à l'inférence et à l'échantillonnage (estimation ponctuelle)
- 2.4. Intervalles de confiance
- 2.5. Test d'hypothèse
- 2.6. ANOVA à un facteur
- 2.7. Bondat d'ajustement (test du chi carré)
- 2.8. Paquet `Fitdist`
- 2.9. Introduction aux statistiques multivariées

Module 3. Environnement graphique en R

- 3.1. Procédures graphiques
 - 3.1.1. Commandes de traçage de haut niveau
 - 3.1.1.1. La fonction `plot()`
 - 3.1.1.2. Affichage de données multivariées
 - 3.1.1.3. Tracés d'écran
 - 3.1.1.4. Arguments aux fonctions de traçage de haut niveau
 - 3.1.2. Commandes de traçage de bas niveau
 - 3.1.2.1. Annotation mathématique
 - 3.1.2.2. Polices vectorielles *Hershey*
 - 3.1.3. Interaction avec les graphiques
 - 3.1.4. Utilisation des paramètres graphiques
 - 3.1.4.1. Changements permanents: la fonction `par()`
 - 3.1.4.2. Changements temporels: arguments aux fonctions graphiques
 - 3.1.5. Liste des paramètres graphiques
 - 3.1.5.1. Éléments graphiques
 - 3.1.5.2. Axes et marques
 - 3.1.5.3. Marges des figures
 - 3.1.5.4. Environnement à figures multiples
 - 3.1.6. Statistiques descriptives: représentations graphiques



*Une expérience éducative unique,
clé et décisive pour booster votre
carrière professionnelle*

05

Méthodologie

Ce programme de formation offre une manière différente d'apprendre. Notre méthodologie est développée à travers un mode d'apprentissage cyclique: ***le Relearning***.

Ce système d'enseignement s'utilise, notamment, dans les Écoles de Médecine les plus prestigieuses du monde. De plus, il a été considéré comme l'une des méthodologies les plus efficaces par des magazines scientifiques de renom comme par exemple le ***New England Journal of Medicine***.



“

Découvrez le Relearning, un système qui laisse de côté l'apprentissage linéaire conventionnel au profit des systèmes d'enseignement cycliques: une façon d'apprendre qui a prouvé son énorme efficacité, notamment dans les matières dont la mémorisation est essentielle"

À TECH, nous utilisons la méthode des cas

Face à une situation donnée, que doit faire un professionnel? Tout au long du programme, vous serez confronté à de multiples cas cliniques simulés, basés sur des patients réels, dans lesquels vous devrez enquêter, établir des hypothèses et finalement résoudre la situation. Il existe de nombreux faits scientifiques prouvant l'efficacité de cette méthode. Les spécialistes apprennent mieux, plus rapidement et plus durablement dans le temps.

Avec TECH, vous ferez l'expérience d'une méthode d'apprentissage qui révolutionne les fondements des universités traditionnelles du monde entier.



Selon le Dr Gérvas, le cas clinique est la présentation commentée d'un patient, ou d'un groupe de patients, qui devient un "cas", un exemple ou un modèle illustrant une composante clinique particulière, soit en raison de son pouvoir pédagogique, soit en raison de sa singularité ou de sa rareté. Il est essentiel que le cas soit ancré dans la vie professionnelle actuelle, en essayant de recréer les conditions réelles de la pratique professionnelle du médecin.

“

Saviez-vous que cette méthode a été développée en 1912 à Harvard pour les étudiants en Droit? La méthode des cas consiste à présenter aux apprenants des situations réelles complexes pour qu'ils s'entraînent à prendre des décisions et pour qu'ils soient capables de justifier la manière de les résoudre. En 1924, elle a été établie comme une méthode d'enseignement standard à Harvard"

L'efficacité de la méthode est justifiée par quatre réalisations clés:

1. Les étudiants qui suivent cette méthode parviennent non seulement à assimiler les concepts, mais aussi à développer leur capacité mentale au moyen d'exercices pour évaluer des situations réelles et appliquer leurs connaissances.
2. L'apprentissage est solidement traduit en compétences pratiques ce qui permet à l'étudiant de mieux s'intégrer dans le monde réel.
3. Grâce à l'utilisation de situations issues de la réalité, on obtient une assimilation plus simple et plus efficace des idées et des concepts.
4. Le sentiment d'efficacité de l'effort fourni devient un stimulus très important pour l'étudiant, qui se traduit par un plus grand intérêt pour l'apprentissage et une augmentation du temps consacré à travailler les cours.



Relearning Methodology

TECH renforce l'utilisation de la méthode des cas avec la meilleure méthodologie d'enseignement 100% en ligne du moment: Relearning.

Cette université est la première au monde à combiner des études de cas cliniques avec un système d'apprentissage 100% en ligne basé sur la répétition, combinant un minimum de 8 éléments différents dans chaque leçon, ce qui constitue une véritable révolution par rapport à la simple étude et analyse de cas.

Le professionnel apprendra à travers des cas réels et la résolution de situations complexes dans des environnements d'apprentissage simulés. Ces simulations sont développées à l'aide de logiciels de pointe qui facilitent l'apprentissage immersif.



À la pointe de la pédagogie mondiale, la méthode Relearning a réussi à améliorer le niveau de satisfaction globale des professionnels qui terminent leurs études, par rapport aux indicateurs de qualité de la meilleure université en (Columbia University).

Grâce à cette méthodologie, nous, formation plus de 250.000 médecins avec un succès sans précédent dans toutes les spécialités cliniques, quelle que soit la charge chirurgicale. Notre méthodologie d'enseignement est développée dans un environnement très exigeant, avec un corps étudiant universitaire au profil socio-économique élevé et dont l'âge moyen est de 43,5 ans.

Le Relearning vous permettra d'apprendre plus facilement et de manière plus productive tout en vous impliquant davantage dans votre spécialisation, en développant un esprit critique, en défendant des arguments et en contrastant les opinions: une équation directe vers le succès.

Dans notre programme, l'apprentissage n'est pas un processus linéaire mais il se déroule en spirale (nous apprenons, désapprenons, oublions et réapprenons). Par conséquent, ils combinent chacun de ces éléments de manière concentrique.

Selon les normes internationales les plus élevées, la note globale de notre système d'apprentissage est de 8,01.



Dans ce programme, vous aurez accès aux meilleurs supports pédagogiques élaborés spécialement pour vous:



Support d'étude

Tous les contenus didactiques sont créés par les spécialistes qui enseignent les cours. Ils ont été conçus en exclusivité pour la formation afin que le développement didactique soit vraiment spécifique et concret.

Ces contenus sont ensuite appliqués au format audiovisuel, pour créer la méthode de travail TECH online. Tout cela, élaboré avec les dernières techniques afin d'offrir des éléments de haute qualité dans chacun des supports qui sont mis à la disposition de l'apprenant.



Techniques et procédures chirurgicales en vidéo

TECH rapproche les étudiants des dernières techniques, des dernières avancées pédagogiques et de l'avant-garde des techniques médicales actuelles. Tout cela, à la première personne, expliqué et détaillé rigoureusement pour atteindre une compréhension complète et une assimilation optimale. Et surtout, vous pouvez les regarder autant de fois que vous le souhaitez.



Résumés interactifs

Nous présentons les contenus de manière attrayante et dynamique dans des dossiers multimédias comprenant des fichiers audios, des vidéos, des images, des diagrammes et des cartes conceptuelles afin de consolider les connaissances.

Ce système éducatif unique pour la présentation de contenu multimédia a été récompensé par Microsoft en tant que "European Success Story".



Bibliographie complémentaire

Articles récents, documents de consensus et directives internationales, entre autres. Dans la bibliothèque virtuelle de TECH, l'étudiant aura accès à tout ce dont il a besoin pour compléter sa formation.





Études de cas dirigées par des experts

Un apprentissage efficace doit nécessairement être contextuel. Pour cette raison, TECH présente le développement de cas réels dans lesquels l'expert guidera l'étudiant à travers le développement de la prise en charge et la résolution de différentes situations: une manière claire et directe d'atteindre le plus haut degré de compréhension.



Testing & Retesting

Les connaissances de l'étudiant sont périodiquement évaluées et réévaluées tout au long du programme, par le biais d'activités et d'exercices d'évaluation et d'auto-évaluation, afin que l'étudiant puisse vérifier comment il atteint ses objectifs.



Cours magistraux

Il existe de nombreux faits scientifiques prouvant l'utilité de l'observation par un tiers expert. La méthode "Learning from an Expert" permet au professionnel de renforcer ses connaissances ainsi que sa mémoire puis lui permet d'avoir davantage confiance en lui concernant la prise de décisions difficiles.



Guides d'action rapide

À TECH nous vous proposons les contenus les plus pertinents du cours sous forme de feuilles de travail ou de guides d'action rapide. Un moyen synthétique, pratique et efficace pour vous permettre de progresser dans votre apprentissage.



06 Diplôme

Le Certificat en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique vous garantit, en plus de la formation la plus rigoureuse et la plus actuelle, l'accès à un diplôme universitaire de Certificat délivré par TECH Université Technologique.



“

*Complétez ce programme et recevez
votre diplôme sans avoir à vous
soucier des déplacements ou des
démarches administratives inutiles”*

Ce **Certificat en Langage de Programmation R en Oncologie Génomique** contient le programme scientifique le plus complet et le plus actuel du marché.

Après avoir réussi l'évaluation, l'étudiant recevra par courrier postal* avec accusé de réception son correspondant diplôme de **Certificat** délivré par **TECH Université Technologique**.

Le diplôme délivré par **TECH Université Technologique** indiquera la note obtenue lors du Certificat, et répond aux exigences communément demandées par les bourses d'emploi, les concours et les commissions d'évaluation des carrières professionnelles.

Diplôme: **Certificat en Langage de Programmation R en Oncologie génomique**
N.º d'heures officielles: **300 h.**



*Si l'étudiant souhaite que son diplôme version papier possède l'Apostille de La Haye, TECH EDUCATION fera les démarches nécessaires pour son obtention moyennant un coût supplémentaire.



Certificat

Langage de Programmation
R en Oncologie génomique

- » Modalité: en ligne
- » Durée: 2 mois
- » Qualification: TECH Université Technologique
- » Intensité: 16h/semaine
- » Horaire: à votre rythme
- » Examens: en ligne

Certificat

Langage de Programmation R en Oncologie génomique

