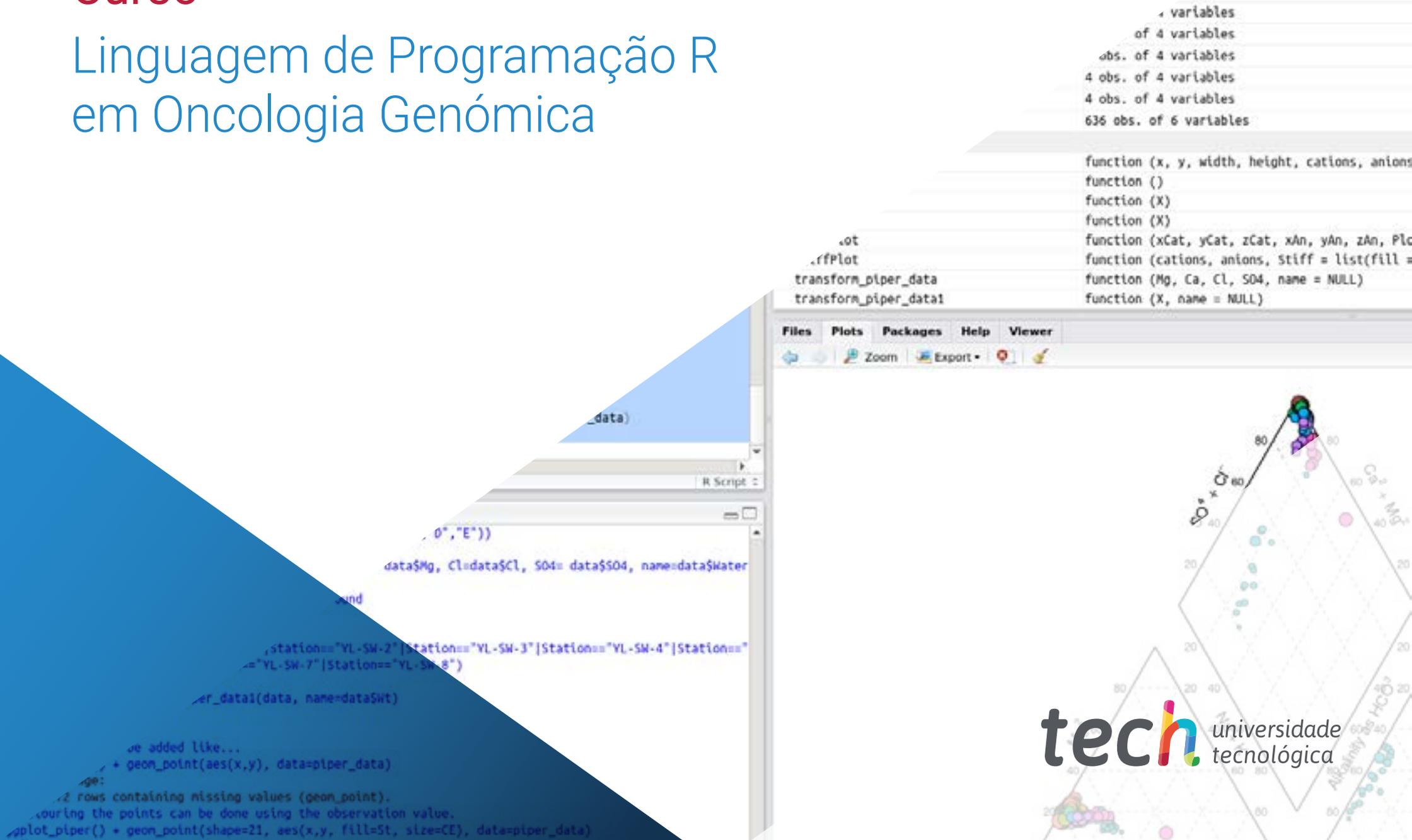


Curso

Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica





Curso

Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica

- » Modalidade: **online**
- » Duração: **2 meses**
- » Certificação: **TECH Universidade Tecnológica**
- » Créditos: **12 ECTS**
- » Tempo Dedicado: **16 horas/semana**
- » Horário: **ao seu próprio ritmo**
- » Exames: **online**

Acesso ao site: www.techtute.com/pt/medicina/curso/linguagem-programacao-r-oncologia-genomica

Índice

01

Apresentação

pág. 4

02

Objetivos

pág. 8

03

Direção do curso

pág. 12

04

Estrutura e conteúdo

pág. 16

05

Metodologia

pág. 20

06

Certificação

pág. 28

01

Apresentação

O conceito de Oncologia Genómica ou de Precisão não é totalmente novo; há mais de um século os médicos usam o tipo de sangue para personalizar as transfusões. O que é diferente hoje em dia é o rápido crescimento de dados genómicos que podem ser coletados do paciente e da comunidade em geral de forma rápida e barata, e o potencial para obter informações a partir do compartilhamento desses dados. A escala e a complexidade dos dados genómicos diminuem as medidas tradicionalmente usadas em testes de laboratório.



“

Melhore os seus conhecimentos em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica através desta capacitação, onde encontrará o melhor material didático com casos clínicos reais. Descubra aqui os últimos avanços na especialidade, para poder realizar uma prática médica de qualidade"

Um objetivo fundamental da capacitação é aproximar e divulgar conhecimentos informáticos já aplicados noutras áreas do conhecimento, mas que têm uma implementação mínima no mundo da Medicina, apesar de, para que a Medicina Genómica se torne uma realidade, ser necessário interpretar com precisão o enorme volume de informação clínica atualmente disponível e associá-lo aos dados biológicos gerados após uma análise bioinformática. Embora este seja um desafio difícil, isto permitirá que os efeitos da variação genética e as potenciais terapias sejam explorados rapidamente, de forma económica e com maior precisão do que é possível atualmente.

Os humanos não estão naturalmente equipados para perceber e interpretar sequências genómicas, nem para compreender todos os mecanismos, vias e interações que ocorrem no interior de uma célula viva, nem para tomar decisões médicas com dezenas ou centenas de variáveis. Para avançar, é necessário um sistema com capacidade analítica sobre-humana que simplifique o ambiente de trabalho e que mostre as relações e proximidades entre as variáveis. Em Genómica e Biologia, sabe-se que é melhor gastar os recursos em novas técnicas computacionais do que na mera recolha de dados, algo que possivelmente também se aplica à Medicina e, claro, à Oncologia.

Estão disponíveis milhões de dados ou publicações, mas quando são analisados por médicos ou biólogos, as conclusões são totalmente subjetivas e em relação às publicações ou dados disponíveis, que são priorizados arbitrariamente, gerando um conhecimento parcial e, claro, cada vez mais distanciado do conhecimento genético e biológico disponível e apoiado por computadores, razão pela qual um importante passo na implementação da Medicina de Precisão é reduzir essa distância através da análise massiva das informações médicas e farmacológicas disponíveis.

Este **Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica** conta com o conteúdo científico mais completo e atualizado do mercado. As suas principais características são:

- O desenvolvimento de casos práticos apresentados por especialistas em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica
- Os conteúdos gráficos, esquemáticos e predominantemente práticos com que está concebido fornecem informações científicas e práticas sobre as disciplinas que são essenciais para a prática profissional
- Novidades sobre Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica
- Conta com exercícios práticos onde o processo de autoavaliação pode ser levado a cabo a fim de melhorar a aprendizagem
- Com um foco especial em metodologias inovadoras em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica
- Tal será complementado por aulas teóricas, perguntas ao especialista, fóruns de discussão sobre temas controversos e atividades de reflexão individual
- Disponibilidade de acesso aos conteúdos a partir de qualquer dispositivo fixo ou portátil com ligação à Internet



Atualize os seus conhecimentos através da especialização em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica”

“

Esta capacitação é o melhor investimento que pode fazer ao selecionar um curso de atualização por duas razões: além de atualizar o seu conhecimento em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica, também obterá um certificado emitido pela TECH Universidade Tecnológica”

O seu corpo docente inclui profissionais do campo da Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica, que trazem a sua experiência profissional para esta capacitação, bem como especialistas reconhecidos de empresas líderes e universidades de prestígio.

Graças ao seu conteúdo multimédia desenvolvido com a mais recente tecnologia educacional, o Curso permitirá ao profissional ter acesso a uma aprendizagem situada e contextual, ou seja, um ambiente de simulação que proporcionará uma aprendizagem imersiva programada para praticar em situações reais.

A conceção desta capacitação inspira-se na Aprendizagem Baseada em Problemas, através da qual o aluno deverá resolver as diferentes situações da prática profissional que surgirem ao longo do Curso. Para tal, o aluno será apoiado por um sistema inovador de vídeo interativo, criado por especialistas reconhecidos na área da Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica e com vasta experiência de ensino.

Aumente a sua confiança na tomada de decisões, atualizando os seus conhecimentos através deste Curso.

Aproveite a oportunidade para conhecer os últimos avanços em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica e melhorar o atendimento aos seus pacientes.



02

Objetivos

O Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica visa auxiliar o desempenho do médico que se dedica ao tratamento da patologia oncológica, na qual é necessário interpretar com exatidão um grande volume de informações clínicas atualmente disponíveis e associá-las com os dados biológicos gerados após uma análise bioinformática.



“

Este Curso dar-lhe-á as competências necessárias para agir com segurança no desempenho da prática médica, o que irá contribuir para o seu crescimento pessoal e profissional”



Objetivo geral

- Ser capaz de interpretar com precisão o volume de informações clínicas atualmente disponíveis e associadas aos dados biológicos gerados após a análise bioinformática



Atualize os seus conhecimentos através da especialização em Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica”





Objetivos específicos

- Discutir como a adoção da sequenciação de nova geração (NGS) num contexto de diagnóstico levanta numerosas questões relativas à identificação e elaboração de relatórios de variantes em genes secundários para a patologia do paciente
- Iniciar-se na linguagem de programação R, que tem a vantagem de ser uma linguagem de programação de código aberto e de possuir vários pacotes de análise estatística
- Aprender conceitos básicos de programação R como tipos de dados, aritmética de vetores e indexação
- Realização de operações em R, incluindo classificação, criação ou importação de dados
- Aprender como a solução de problemas começa com uma decomposição modular e depois outras decomposições de cada módulo num processo chamado de refinamento sucessivo
- Aprenda o básico da inferência estatística para entender e calcular os valores p e intervalos de confiança enquanto analisa os dados com R
- Fornecer exemplos de programação R de uma forma que ajude a fazer a conexão entre os conceitos e a implementação
- Descrever as técnicas estatísticas mais apropriadas como uma alternativa, quando os dados não estiverem de acordo com as suposições exigidas pela abordagem padrão
- Aprenda os princípios básicos da realização de investigações reprodutíveis utilizando scripts R para analisar dados
- Usar técnicas de visualização para explorar novos conjuntos de dados e determinar a abordagem mais apropriada
- Aprenda como visualizar os dados para extrair informações, entendê-los melhor e tomar decisões mais efetivas
- Ensinar como obter dados que à primeira vista têm pouco significado e apresentar visualmente esses dados de uma maneira que faça sentido para análise
- Saiba como utilizar as três principais fontes gráficas em R: base, lattice e ggplot2
- Saber em que se baseia cada pacote gráfico para definir qual utilizar e as vantagens oferecidas por um ou por outro

03

Direção do curso

O seu corpo docente inclui especialistas de referência em Linguagem de Programação R em Oncologia Genômica, que trazem a sua experiência profissional para esta capacitação. Além disso, outros especialistas de reconhecido prestígio participam na sua conceção e elaboração, complementando a capacitação de forma interdisciplinar.



“

Aprenda com os principais profissionais sobre os últimos avanços em procedimentos na área da Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica”

Direção



Doutor Mauro Javier Oruezábal Moreno

- Chefe do Departamento de Oncologia Médica do Hospital Universitário Rey Juan Carlos
- Research Visitors at University of Southampton
- Mestrado em Bioinformática e Bioestatística, UOC-UB
- Mestrado em Análise Bioinformática, Universidade Pablo de Olavide
- Doutoramento em Medicina, Universidade Complutense de Madrid Qualificação com Distinção Cum Laude
- Membro da Sociedade Espanhola de Oncologia Médica e do Grupo GECP (Grupo Espanhol do Cancro do Pulmão)
- Especialista (MIR) em Medicina Oncológica, Hospital Universitário San Carlos de Madrid
- Licenciatura em Medicina e Cirurgia, Universidade de Navarra



Dr. Martin Krallinger

- ♦ Chefe da unidade de mineração de texto do Centro Nacional de Investigación del Cáncer (CNIO)
- ♦ Concluiu o processo de seleção para o cargo de chefe da unidade de mineração de texto no Centro de Supercomputación de Barcelona (BSC).
- ♦ Especialista no domínio da mineração de textos biomédicos e clínicos e das tecnologias linguísticas
- ♦ Especialista em aplicações específicas de mineração de texto para segurança dos medicamentos, biologia de sistemas moleculares e Oncologia
- ♦ Participou na implementação e avaliação de componentes biomédicos de reconhecimento de entidades nomeadas, sistemas de extração de informação, indexação semântica de grandes conjuntos de dados de tipos de documentos heterogêneos
- ♦ Participou do desenvolvimento do primeiro meta-servidor de anotação de texto biomédico (meta-servidor biocreativo BCMS) e do meta-servidor BeCalm.
- ♦ Organizador dos desafios de avaliação da comunidade BioCreative para a avaliação de ferramentas de processo de linguagem natural, estando envolvido na organização de tarefas de mineração de textos biomédicos em vários desafios da comunidade internacional, incluindo IberEval e CLEF

Professores

Dr. Ricardo Alberich Martí

- ♦ Professor Catedrático de Ciências Matemáticas e de Informática (Diretor)
- ♦ Ciência da Computação e Inteligência Artificial, Universidade de les Illes Balears

Dra. María Rosario Burón Fernández

- ♦ Departamento de Medicina Interna,
- ♦ Hospital Universitário Infanta Cristina

Dr. Juan Gabriel Gomila Salas

- ♦ Professor Universitário de Ciências Matemáticas e Informática, Ciências da Computação e Inteligência Artificial, Universidade de les Illes Balears

Dr. Arnau Mir Torres

- ♦ Professor Catedrático, Ciências Matemáticas e Informáticas, Ciências da Computação e Inteligência Artificial, Universidade de les Illes Balears

04

Estrutura e conteúdo

A estrutura dos conteúdos foi concebida por uma equipa de profissionais dos melhores centros educativos, universidades e empresas em Espanha, conscientes da relevância da capacitação atual para poder intervir na formação e acompanhamento dos estudantes, e empenhados no ensino de qualidade através das novas tecnologias educativas.



“

Este Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica conta com o conteúdo científico mais completo e atualizado do mercado”

Módulo 1. Análise de dados em projetos de *Big Data*: Linguagem de programação R

- 1.1. Introdução à linguagem de programação R
 - 1.1.1. O que é R?
 - 1.1.2. Instalação do R e da interface gráfica R
 - 1.1.3. Pacotes
 - 1.1.3.1. Pacotes standard
 - 1.1.3.2. Pacotes contribuídos e CRAN
- 1.2. Características básicas do R
 - 1.2.1. O ambiente R
 - 1.2.2. Software e documentação relacionados
 - 1.2.3. R e estatísticas
 - 1.2.4. R e o sistema de janelas
 - 1.2.5. Utilizar o R de forma interativa
 - 1.2.6. Uma sessão introdutória
 - 1.2.7. Obter ajuda com funções e características
 - 1.2.8. Comandos R, sensibilidade a maiúsculas, etc.
 - 1.2.9. Recuperação e correção de comandos anteriores
 - 1.2.10. Executar comandos ou desviar a saída para um ficheiro
 - 1.2.11. Permanência de dados e eliminação de objetos
- 1.3. Tipos de objetos R
 - 1.3.1. Manipulações simples; números e vetores
 - 1.3.1.1. Vetores e atribuições
 - 1.3.1.2. Aritmética vetorial
 - 1.3.1.3. Gerar sequências regulares
 - 1.3.1.4. Vetores lógicos
 - 1.3.1.5. Valores perdidos
 - 1.3.1.6. Vetores de caracteres
 - 1.3.1.7. Vetores de índice
 - 1.3.1.7.1. Seleção e modificação de subconjuntos de um conjunto de dados
 - 1.3.1.8. Outros tipos de objetos
 - 1.3.2. Objetos, os seus modos e atributos
 - 1.3.2.1. Atributos intrínsecos: modo e comprimento
 - 1.3.2.2. Mudar o comprimento de um objeto
 - 1.3.2.3. Recolha e configuração de atributos
 - 1.3.2.4. A classe de um objeto
 - 1.3.3. Fatores ordenados e não ordenados
 - 1.3.3.1. Um exemplo específico
 - 1.3.3.2. A função `tapply()` e as matrizes desiguais
 - 1.3.3.3. Fatores ordenados
 - 1.3.4. Matrizes
 - 1.3.4.1. Matrizes
 - 1.3.4.2. Indexação de matrizes. Subsecções de uma matriz
 - 1.3.4.3. Matrizes do índice
 - 1.3.4.4. A função `array()`
 - 1.3.4.5. Aritmética mista de vetor e matrizes. A regra da reciclagem
 - 1.3.4.6. O produto externo de duas matrizes
 - 1.3.4.7. Transposição generalizada da matriz
 - 1.3.4.8. Multiplicação de matrizes
 - 1.3.4.9. Valores próprios e vetores próprios
 - 1.3.4.10. Decomposição de valores singulares e determinantes
 - 1.3.4.11. Formação de matrizes particionadas, `cbind()` e `rbind()`
 - 1.3.4.12. A função de concatenação, `c()`, com matrizes
 - 1.3.5. Tabelas de frequência de fatores
 - 1.3.6. Listas
 - 1.3.6.1. Construção e modificação de listas
 - 1.3.6.2. Listas de concatenação
 - 1.3.7. *Dataframes*
 - 1.3.7.1. Como criar *DataFrames*?
 - 1.3.7.2. Anexar `()` e separar `()`
 - 1.3.7.3. Trabalhar com *DataFrames*

- 1.4. Leitura e escrita de dados
 - 1.4.1. A função `read.table()`
 - 1.4.2. A função `scan()`
 - 1.4.3. Acesso aos conjuntos de dados incorporados
 - 1.4.4. Carregar dados de outros pacotes R
 - 1.4.5. Edição de dados
- 1.5. Agrupamento, loops e execução condicional
 - 1.5.1. Expressões agrupadas
 - 1.5.2. Declarações de controlo
 - 1.5.2.1. Execução condicional: instruções *if*
 - 1.5.2.2. Execução repetitiva: para loops, repetição e tempo
- 1.6. Escrever as suas próprias funções
 - 1.6.1. Exemplos simples
 - 1.6.2. Definir novos operadores binários
 - 1.6.3. Argumentos com nome e valores por defeito
 - 1.6.4. O argumento "..."
 - 1.6.5. Atribuições dentro das funções

Módulo 2. Análise estatística em R

- 2.1. Distribuições discretas de probabilidade
- 2.2. Distribuições contínuas de probabilidade
- 2.3. Introdução à inferência e amostragem (estimação pontual)
- 2.4. Intervalos de confiança
- 2.5. Teste de hipóteses
- 2.6. ANOVA de um fator
- 2.7. Testes da bondade do ajustamento (teste de qui-quadrado)
- 2.8. Pacote `Fitdist`
- 2.9. Introdução à estatística multivariada

Módulo 3. Ambiente gráfico em R

- 3.1. Procedimentos gráficos
 - 3.1.1. Comandos de traçado de alto nível
 - 3.1.1.1. A função `plot()`
 - 3.1.1.2. Visualização de dados multivariados
 - 3.1.1.3. Gráficos do ecrã
 - 3.1.1.4. Argumentos para funções de traçado de alto nível
 - 3.1.2. Comandos de traçado de alto nível
 - 3.1.2.1. Anotação matemática
 - 3.1.2.2. Fontes vetoriais `Hershey`
 - 3.1.3. Interagir com gráficos
 - 3.1.4. Uso de parâmetros gráficos
 - 3.1.4.1. Mudanças permanentes: a função `par()`
 - 3.1.4.2. Alterações temporais: argumentos para funções gráficas
 - 3.1.5. Lista de parâmetros gráficos
 - 3.1.5.1. Elementos gráficos
 - 3.1.5.2. Eixos e marcações
 - 3.1.5.3. Margens da figura
 - 3.1.5.4. Ambiente multi-figura
 - 3.1.6. Estatística descritiva: representações gráficas

05

Metodologia

Esta capacitação oferece um método diferente de aprendizagem. A nossa metodologia foi desenvolvida através de um modo de aprendizagem cíclica: **o Relearning**.

Este método de ensino é utilizado, por exemplo, nas faculdades de medicina mais prestigiadas do mundo e tem sido considerado um dos mais eficazes por publicações líderes, tais como o ***New England Journal of Medicine***.



“

Descubra o Relearning, um sistema que renuncia à aprendizagem linear convencional para o guiar por meio de métodos de ensino cíclicos: uma forma de aprendizagem que provou ser extremamente eficaz, especialmente em disciplinas que requerem memorização”

Na TECH usamos o Método de Estudo de Caso

Numa dada situação, o que deve fazer um profissional? Ao longo do Curso, os estudantes serão confrontados com múltiplos casos de simulação, baseados em pacientes clínicos reais, em que devem investigar, estabelecer hipóteses e, finalmente, resolver a situação. Há evidências científicas abundantes sobre a eficácia do método. Os especialistas aprendem melhor, mais depressa e de forma mais sustentável ao longo do tempo.

Com a TECH, poderá experimentar uma forma de aprendizagem que compromete as bases das universidades tradicionais de todo o mundo.



Segundo o Dr. Gérvas, o caso clínico é a apresentação comentada de um paciente, ou grupo de pacientes, que se converte num "caso", num exemplo ou modelo que ilustra alguma componente clínica peculiar, quer pelo seu poder de ensino, quer pela sua singularidade ou raridade. É essencial que o caso se baseie na vida profissional atual, tentando recriar as condições reais da prática profissional do médico.

“

Sabia que este método foi desenvolvido em Harvard, em 1912, para os alunos de Direito? O método de estudo de caso consistia em apresentar-lhes situações reais verdadeiramente complexas para que tomassem decisões e justificassem a forma de as resolver. Em 1924 foi estabelecido como um método de ensino padrão em Harvard”

A eficácia do método justifica-se com quatro resultados fundamentais:

- 1 Os estudantes que seguem este método não só conseguem a assimilação de conceitos, mas também desenvolvem a sua capacidade mental através de exercícios para avaliar situações reais e aplicar os seus conhecimentos.
- 2 A aprendizagem é solidamente traduzida em competências práticas que permitem ao educador integrar melhor o conhecimento na prática diária.
3. A assimilação de ideias e conceitos é facilitada e mais eficiente, graças à utilização de situações que surgiram a partir da realidade.
4. O sentimento de eficiência do esforço investido torna-se um estímulo muito importante para os alunos, o que se traduz num maior interesse pela aprendizagem e num aumento da dedicação ao Curso.



Relearning Methodology

A TECH combina eficazmente a metodologia de Estudo de Caso com um sistema de aprendizagem 100% online baseado na repetição, que combina 8 elementos didáticos diferentes em cada lição.

Potenciamos o Estudo de Caso com o melhor método de ensino 100% online: o Relearning.

O profissional irá aprender através de casos reais e da resolução de situações complexas em ambientes de aprendizagem simulados. Estas simulações são desenvolvidas com software de última geração para facilitar a aprendizagem imersiva.



Na vanguarda da pedagogia mundial, o método Relearning conseguiu melhorar os níveis de satisfação geral dos profissionais que concluem os seus estudos, tendo em conta os indicadores de qualidade da melhor universidade online do mundo (Universidade da Columbia).

Recorrendo a esta metodologia, mais de 250.000 médicos formaram-se com sucesso sem precedentes em todas as especialidades clínicas, independentemente da carga cirúrgica. A nossa metodologia de ensino é desenvolvida num ambiente altamente exigente, com um corpo estudantil universitário com um perfil socioeconómico alto e uma idade média de 43,5 anos.

O Relearning permitir-lhe-á aprender com menos esforço e mais desempenho, envolvendo-o mais na sua capacitação, desenvolvendo um espírito crítico, defendendo argumentos e opiniões contrastantes: uma equação direta ao sucesso.

No nosso Curso, a aprendizagem não é um processo linear, mas acontece numa espiral (aprender, desaprender, esquecer e reaprender). Por isso, combinamos cada um destes elementos de forma concêntrica.

A pontuação global do sistema de aprendizagem da TECH é de 8.01, segundo os mais elevados padrões internacionais.



Este Curso oferece o melhor material educacional, cuidadosamente preparado para os profissionais:



Material de estudo

Todos os conteúdos didáticos são criados especificamente para o Curso, pelos especialistas que o irão lecionar, de modo a que o desenvolvimento didático seja realmente específico e concreto.

Estes conteúdos são depois colocados em formato audiovisual, para criar o método de trabalho online da TECH. Tudo isto, com as mais recentes técnicas, que oferecem componentes de alta-qualidade em cada um dos materiais colocados à disposição do aluno.



Técnicas cirúrgicas e procedimentos em vídeo

A TECH proporciona as técnicas mais inovadoras ao aluno, com os últimos avanços educacionais, que estão na vanguarda da atual situação das técnicas médicas. Tudo isto, na primeira pessoa, com o máximo rigor, explicado e detalhado, para a assimilação e compreensão do aluno. E o melhor de tudo é que pode assistir quantas vezes quiser.



Resumos interativos

A equipa da TECH apresenta os conteúdos, de forma atrativa e dinâmica, em formato multimédia, que incluem áudios, vídeos, imagens, diagramas e mapas conceituais, a fim de reforçar o conhecimento.

Este sistema educativo único para a apresentação de conteúdos multimédia foi premiado pela Microsoft como um "Caso de Sucesso Europeu".



Leituras complementares

Artigos recentes, documentos de consenso e guias internacionais, entre outros. Na biblioteca virtual da TECH, o aluno terá acesso a tudo o que precisa para completar a sua especialização.





Análises de casos desenvolvidos e liderados por especialistas

A aprendizagem eficaz deve ser necessariamente contextual. Por isso, a TECH apresenta o desenvolvimento de casos reais nos quais o especialista guiará o aluno através do desenvolvimento da atenção e da resolução de diferentes situações: uma forma clara e direta de alcançar o mais alto grau de compreensão.



Testing & Retesting

Os conhecimentos do aluno são periodicamente avaliados e reavaliados ao longo do Curso, por meio de atividades e exercícios de avaliação e autoavaliação, para que o aluno possa verificar o cumprimento dos seus objetivos.



Masterclasses

Existe evidência científica acerca da utilidade da observação por especialistas terceiros. O que se designa de Learning from an Expert fortalece o conhecimento e a memorização, e constrói a confiança em futuras decisões difíceis.



Guias práticos

A TECH oferece os conteúdos mais relevantes do Curso sob a forma de fichas de trabalho ou guias práticos. Uma forma sintética, prática e eficaz de ajudar o aluno a progredir na sua aprendizagem.



06

Certificação

O Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica garante, para além do conteúdo mais rigoroso e atualizado, o acesso a um certificado de Curso emitido pela TECH Universidade Tecnológica.



“

Conclua este plano de estudos com sucesso e receba o seu certificado sem sair de casa e sem burocracias”

Este **Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica** conta com o conteúdo científico mais completo e atualizado do mercado.

Uma vez aprovadas as avaliações, o aluno receberá por correio, com aviso de receção, o certificado* correspondente ao título de **Curso** emitido pela **TECH Universidade Tecnológica**.

Este certificado contribui significativamente para o desenvolvimento da capacitação continuada dos profissionais e proporciona um importante valor para a sua capacitação universitária, sendo 100% válido e atendendo aos requisitos normalmente exigidos pelas bolsas de emprego, concursos públicos e avaliação de carreiras profissionais.

Certificação: **Curso de Linguagem de Programação R em Oncologia Genómica**

ECTS: **12**

Carga horária: **300 horas**



*Apostila de Haia: Caso o aluno solicite que o seu certificado seja apostilado, a TECH EDUCATION providenciará a obtenção do mesmo a um custo adicional.



Curso

Linguagem de Programação R
em Oncologia Genómica

- » Modalidade: online
- » Duração: 2 meses
- » Certificação: TECH Universidade Tecnológica
- » Créditos: 12 ECTS
- » Tempo Dedicado: 16 horas/semana
- » Horário: ao seu próprio ritmo
- » Exames: online

Curso

Linguagem de Programação R em Oncologia Genômica