

# Университетский курс

## Язык программирования R

### в геномной онкологии

```
1 variables  
of 4 variables  
2 of 4 variables  
3 of 4 variables  
4 of 4 variables  
5 of 4 variables  
6 of 4 variables  
7 of 4 variables  
8 of 4 variables  
9 of 4 variables  
10 of 4 variables  
11 of 4 variables  
12 of 4 variables  
13 of 4 variables  
14 of 4 variables  
15 of 4 variables  
16 of 4 variables  
17 of 4 variables  
18 of 4 variables  
19 of 4 variables  
20 of 4 variables  
21 of 4 variables  
22 of 4 variables  
23 of 4 variables  
24 of 4 variables  
25 of 4 variables  
26 of 4 variables  
27 of 4 variables  
28 of 4 variables  
29 of 4 variables  
30 of 4 variables  
31 of 4 variables  
32 of 4 variables  
33 of 4 variables  
34 of 4 variables  
35 of 4 variables  
36 of 4 variables  
37 of 4 variables  
38 of 4 variables  
39 of 4 variables  
40 of 4 variables  
41 of 4 variables  
42 of 4 variables  
43 of 4 variables  
44 of 4 variables  
45 of 4 variables  
46 of 4 variables  
47 of 4 variables  
48 of 4 variables  
49 of 4 variables  
50 of 4 variables  
51 of 4 variables  
52 of 4 variables  
53 of 4 variables  
54 of 4 variables  
55 of 4 variables  
56 of 4 variables  
57 of 4 variables  
58 of 4 variables  
59 of 4 variables  
60 of 4 variables  
61 of 4 variables  
62 of 4 variables  
63 of 4 variables  
64 of 4 variables  
65 of 4 variables  
66 of 4 variables  
67 of 4 variables  
68 of 4 variables  
69 of 4 variables  
70 of 4 variables  
71 of 4 variables  
72 of 4 variables  
73 of 4 variables  
74 of 4 variables  
75 of 4 variables  
76 of 4 variables  
77 of 4 variables  
78 of 4 variables  
79 of 4 variables  
80 of 4 variables  
81 of 4 variables  
82 of 4 variables  
83 of 4 variables  
84 of 4 variables  
85 of 4 variables  
86 of 4 variables  
87 of 4 variables  
88 of 4 variables  
89 of 4 variables  
90 of 4 variables  
91 of 4 variables  
92 of 4 variables  
93 of 4 variables  
94 of 4 variables  
95 of 4 variables  
96 of 4 variables  
97 of 4 variables  
98 of 4 variables  
99 of 4 variables  
100 of 4 variables
```





р Концепция

**tech** технологический  
университет

## Университетский курс Язык программирования R в геномной онкологии

- » Формат: онлайн
- » Продолжительность: 12 недель
- » Учебное заведение: ТЕСН Технологический университет
- » Расписание: по своему усмотрению
- » Экзамены: онлайн

Веб-доступ: [www.techitute.com/ru/medicine/postgraduate-certificate/r-programming-language-genomic-oncology](http://www.techitute.com/ru/medicine/postgraduate-certificate/r-programming-language-genomic-oncology)

# Оглавление

01

Презентация

---

стр. 4

02

Цели

---

стр. 8

03

Руководство курса

---

стр. 12

04

Структура и содержание

---

стр. 18

05

Методология

---

стр. 22

06

Квалификация

---

стр. 30

# 01

# Презентация

Концепция геномной или прецизионной онкологии не совсем новая: врачи используют группу крови для подбора переливания крови уже более ста лет. Основным отличием на сегодняшний день является стремительный рост объема геномных данных, которые можно быстро и недорого собрать у пациента и более широкого круга людей, а также потенциал для получения глубоких знаний в результате обмена этими данными. Масштаб и сложность геномных данных превосходят меры, традиционно используемые в лабораторных исследованиях.



“

Усовершенствуйте свои знания в области языка программирования R в геномной онкологии с помощью этой программы, в которой вы найдете лучший дидактический материал с настоящими клиническими случаями. Узнайте о новейших достижениях по данной специальности, чтобы иметь возможность эффективно осуществлять медицинскую практику”

Основная цель программы — ознакомить студентов и распространить компьютерные знания, которые уже применяются в других областях, но имеют лишь минимальное применение в мире медицины, и несмотря на то, что для того, чтобы геномная медицина стала возможной, необходимо точно интерпретировать огромный объем клинической информации, доступной в настоящее время, и связать ее с биологическими данными, полученными после биоинформационного анализа. Несмотря на то, что это сложная задача, она позволит быстро, экономично и с большей точностью изучить влияние генетических вариаций и потенциальные методы лечения.

Человек от природы не приспособлен ни к восприятию и интерпретации геномных последовательностей, ни к пониманию всех механизмов, путей и взаимодействий, происходящих внутри живой клетки, ни к принятию медицинских решений с десятками или сотнями переменных. Чтобы двигаться вперед, необходима система со сверхчеловеческими аналитическими возможностями, которая упростит рабочую среду и покажет взаимосвязи и близость между переменными. В геномике и биологии считается, что лучше тратить ресурсы на новые вычислительные методы, чем на чистый сбор данных, что, возможно, в равной степени относится и к медицине, и, конечно, к онкологии.

У нас есть миллионы данных и публикаций, но когда они анализируются врачами или биологами, выводы абсолютно субъективны соотносятся и с имеющимися публикациями или данными, которые произвольно расставляются по приоритетам, создавая частичное знание, и, конечно, все больше отдаляются от генетических и биологических знаний, доступных и поддерживаемых вычислениями, поэтому огромным шагом в реализации точной медицины является сокращение этого расстояния за счет массового анализа имеющейся медицинской и фармакологической информации.

Данный **Университетский курс в области языка программирования R в геномной онкологии** содержит самую полную и современную научную программу на рынке. Основными особенностями обучения являются:

- ♦ Разбор клинических кейсов, представленные экспертами в области языка программирования R в геномной онкологии
- ♦ Наглядное, схематичное и исключительно практическое содержание курса предоставляет научную и практическую информацию по тем дисциплинам, которые необходимы для профессиональной практики
- ♦ Новые разработки в области языка программирования R в геномной онкологии
- ♦ Практические упражнения, в которых может быть использован процесс самоконтроля для улучшения эффективности обучения
- ♦ Особое внимание уделяется инновационным методологиям в области языка программирования R в геномной онкологии
- ♦ Все вышеперечисленное дополняют теоретические занятия, вопросы к эксперту, дискуссионные форумы по спорным вопросам и индивидуальная работа по закреплению материала
- ♦ Доступ к учебным материалам с любого стационарного или мобильного устройства с выходом в Интернет



*Обновите свои знания в рамках программы в области языка программирования R в геномной онкологии"*

“

*Данный Университетский курс может стать лучшим вложением средств в выборе программы повышения квалификации по двум причинам: помимо обновления знаний в области языка программирования R в геномной онкологии, вы получите диплом TESH Технологического университета”*

В преподавательский состав входят профессионалы в области языка программирования R в геномной онкологии, которые привносят в обучение опыт своей работы, а также признанные специалисты из ведущих сообществ и престижных университетов.

Мультимедийное содержание, разработанное с использованием новейших образовательных технологий, позволит профессионалам проходить обучение в симулированной среде, обеспечивающей иммерсивный учебный процесс, основанный на обучении в реальных ситуациях.

Данная программа основана на проблемно-ориентированном обучении, с помощью которого студент пытается решить различные ситуации из профессиональной практики, возникающие на протяжении курса. В этом студенту поможет инновационная интерактивная видеосистема, созданная признанными экспертами в области языка программирования R в геномной онкологии с большим преподавательским опытом.

*Повысьте свою уверенность в принятии решений, обогатив свои знания благодаря этой программе.*

*Воспользуйтесь возможностью изучить последние достижения в области языка программирования R в геномной онкологии и повысьте уровень обслуживания своих пациентов.*



# 02

## Цели

Программа в области языка программирования R в геномной онкологии призвана облегчить работу врача, занимающегося лечением онкологической патологии, при которой необходимо точно интерпретировать огромный объем клинической информации, доступной в настоящее время, и связать ее с биологическими данными, полученными после биоинформационного анализа.



“

*После прохождения этой программы вы с уверенностью сможете заниматься медицинской практикой, повышая вашу профессиональную квалификацию и обеспечивая личностный рост”*



## Общая цель

- Уметь точно интерпретировать объем клинической информации, доступной в настоящее время и связанной с биологическими данными, полученными после биоинформатического анализа.



*Обновите свои знания в рамках программы в области языка программирования R в геномной онкологии"*





## Конкретные цели

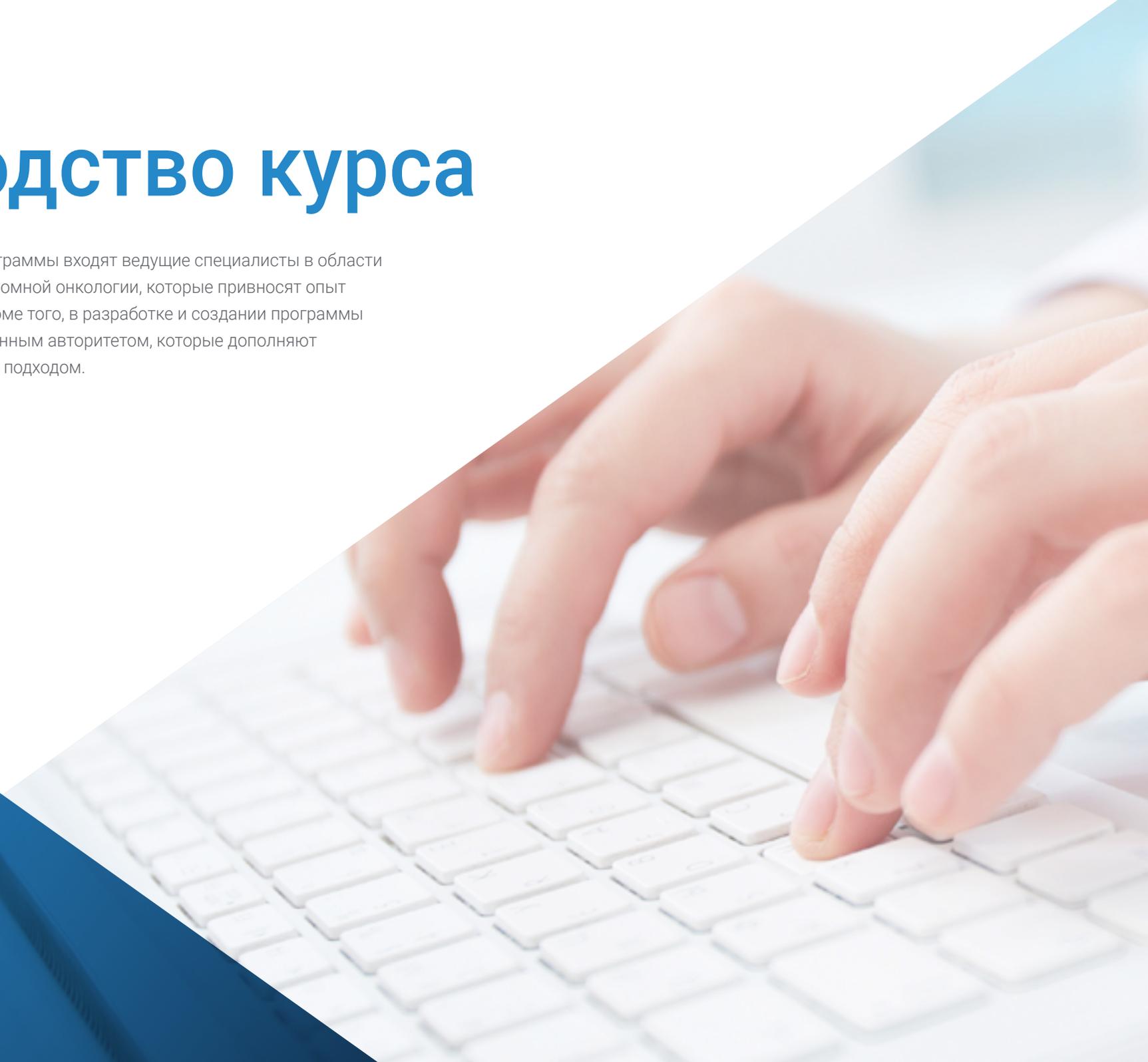
---

- Обсудить, как внедрение секвенирования следующего поколения (NGS) в диагностическом контексте поднимает многочисленные вопросы относительно идентификации и отчетности о вариантах в генах, вторичных по отношению к патологии пациента
- Ознакомиться с языком программирования R, преимущества которого заключаются в том, что он является языком программирования с открытым исходным кодом и имеет множество пакетов статистического анализа
- Изучить основные концепции программирования на языке R, такие как типы данных, векторная арифметика и индексирование
- Выполнять операции на языке R, включая сортировку, создание или импорт данных
- Узнать, как решение проблемы начинается с модульной декомпозиции, а затем дальнейшей декомпозиции каждого модуля в процессе, называемом последовательным уточнением
- Изучить основы статистических выводов, чтобы понять и рассчитать р-значения и доверительные интервалы при анализе данных с помощью R
- Привести примеры программирования на языке R таким образом, чтобы помочь установить связь между концепциями и реализацией
- Описать наиболее подходящие статистические методы в качестве альтернативы, когда данные не соответствуют предположениям, требуемым стандартным подходом
- Изучить основы проведения воспроизводимых исследований с использованием скриптов R для анализа данных
- Использовать методы визуализации для изучения новых наборов данных и определения наиболее подходящего подхода
- Узнать, как визуализировать данные для извлечения информации, лучшего понимания данных и принятия более эффективных решений
- Научиться брать данные, которые на первый взгляд не имеют особого смысла, и визуально представлять их в форме, имеющей смысл для анализа
- Узнать, как использовать три основных источника графиков в R: base, lattice и ggplot2
- Знать, на чем основан каждый графический пакет, чтобы определить, какой из них использовать и какие преимущества дает тот или иной

# 03

## Руководство курса

В преподавательский состав программы входят ведущие специалисты в области языка программирования R в геномной онкологии, которые привносят опыт своей работы в это обучение. Кроме того, в разработке и создании программы участвуют специалисты с признанным авторитетом, которые дополняют программу междисциплинарным подходом.



“

Узнайте от ведущих специалистов о последних достижениях в области языка программирования R в геномной онкологии”

## Руководство



### Д-р Оруэсабаль Морено, Мауро Хавьер

- Заведующий отделением медицинской онкологии в Университетской больнице имени короля Хуана Карлоса
- Научный исследователь в Саутгемптонском университете
- Степень магистра в области биоинформатики и биостатистики UOC-UB
- Степень магистра в области анализа биоинформатики в Университете Пабло де Олавиде
- Докторская степень медицины Мадридского университета Комплутенсе. Получение Академической награды с почетом
- Член Испанского общества медицинской онкологии и группы GECR (Испанская группа рака легких)
- Клинический ординатор в области медицинской онкологии, Университетская больница Сан-Карлос в Мадриде
- Степень бакалавра в области медицины и хирургии Университета Наварры



### Д-р Краллингер, Мартин

- Руководитель отдела интеллектуального анализа текстов в Испанском национальном центре исследования рака (CNIO)
- Завершил процесс отбора на должность руководителя подразделения текстового майнинга в Барселонском суперкомпьютерном центре (BSC)
- Специалист в области биомедицинского и клинического анализа текстов и языковых технологий
- Специалист в области применения целевого анализа текстов для обеспечения безопасности лекарств, молекулярной системной биологии и онкологии
- Участвовал в реализации и оценке биомедицинских компонентов распознавания именованных сущностей, систем извлечения информации, семантического индексирования больших наборов данных разнородных типов документов.
- Участвовал в разработке первого мета-сервера аннотации биомедицинских текстов (biocreative meta-server - BCMS) и метасервера BeCalm
- Организатор оценочных задач сообщества BioCreative для оценки инструментов обработки естественного языка, участвовал в организации задач по биомедицинскому текстовому маркетингу в различных международных вызовах сообщества, включая IberEval и CLEF

## Преподаватели

### Д-р Альберих Марти, Рикардо

- Старший преподаватель математики и компьютерных наук (директор)
- Компьютерные науки и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов

### Д-р Бурон Фернандес, Мария Росарио

- Отделение внутренней медицины
- Университетская больница имени Инфанта Кристины

### Д-р Гомила Салас, Хуан Габриэль

- Преподаватель университета, математические науки и информатика, информатика и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов

### Г-н Торрес, Арнау Мир

- Старший преподаватель, математика и компьютерные науки, компьютерные науки и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов





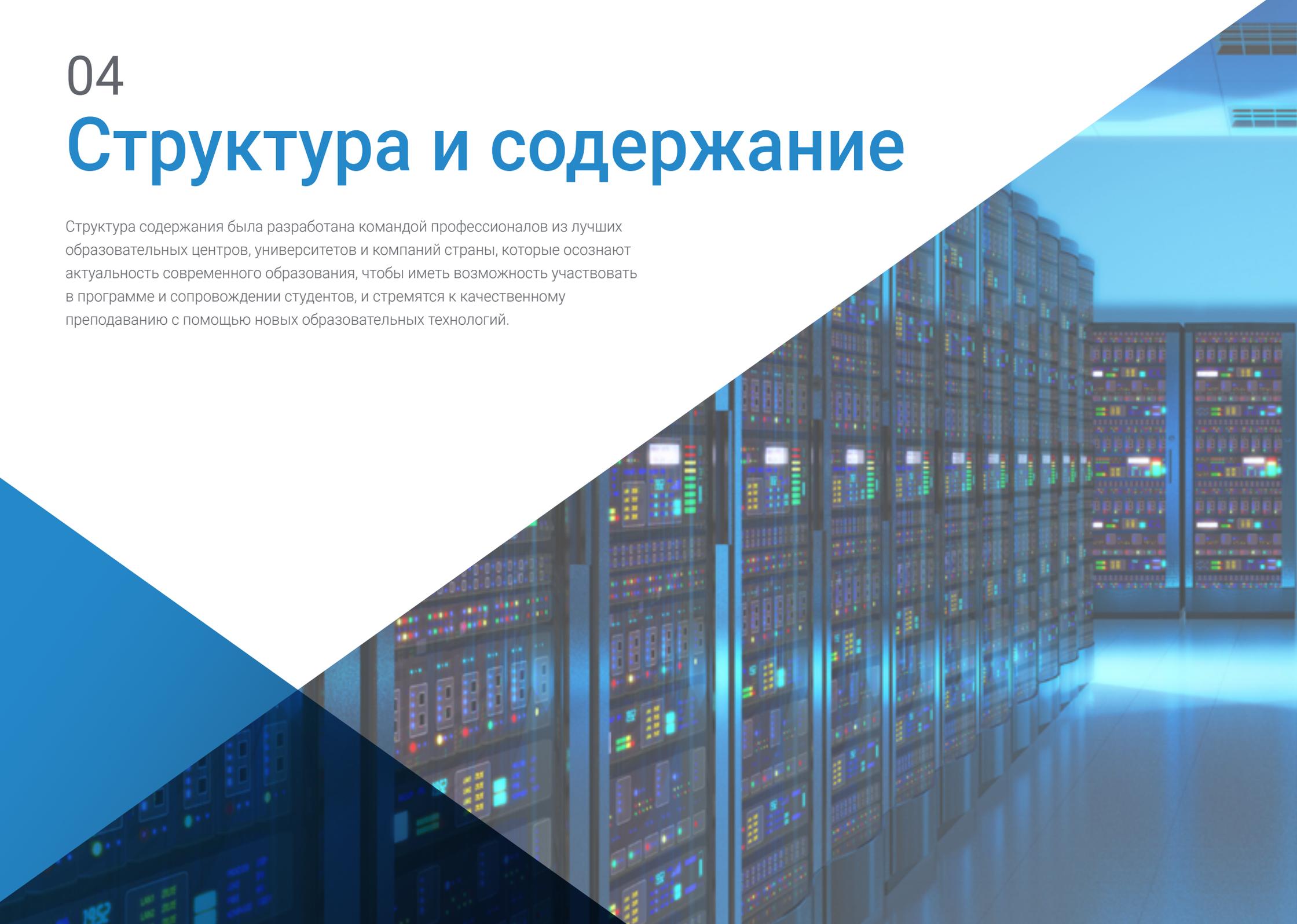
“

*Уникальный, важный и значимый курс обучения для повышения вашей квалификации”*

04

# Структура и содержание

Структура содержания была разработана командой профессионалов из лучших образовательных центров, университетов и компаний страны, которые осознают актуальность современного образования, чтобы иметь возможность участвовать в программе и сопровождении студентов, и стремятся к качественному преподаванию с помощью новых образовательных технологий.



“

*Данный Университетский курс в области языка программирования R в геномной онкологии содержит самую полную и современную научную программу на рынке”*

## Модуль 1. Анализ обработка *больших данных*: Язык программирования R

- 1.1. Введение в язык программирования R
  - 1.1.1. Что такое язык R?
  - 1.1.2. Установка R и графического интерфейса R
  - 1.1.3. Пакеты
    - 1.1.3.1. Стандартные пакеты
    - 1.1.3.2. Внесенные пакеты и CRAN
- 1.2. Основные характеристики R
  - 1.2.1. Среда R
  - 1.2.2. Сопутствующее программное обеспечение и документация
  - 1.2.3. R и статистика
  - 1.2.4. R и оконная система
  - 1.2.5. Использование R в интерактивном режим
  - 1.2.6. Вводное занятие
  - 1.2.7. Получение помощи по функциям и возможностям
  - 1.2.8. Команды R, чувствительность к регистру и т.д.
  - 1.2.9. Восстановление и коррекция предыдущих команд
  - 1.2.10. Выполнение команд или перенаправление вывода в файл
  - 1.2.11. Постоянство данных и удаление объектов
- 1.3. Типы объектов R
  - 1.3.1. Простые манипуляции; числа и векторы
    - 1.3.1.1. Векторы и назначение
    - 1.3.1.2. Векторная арифметика
    - 1.3.1.3. Генерация регулярных последовательностей
    - 1.3.1.4. Логические векторы
    - 1.3.1.5. Отсутствующие значения
    - 1.3.1.6. Векторы символов
    - 1.3.1.7. Индексные векторы
      - 1.3.1.7.1. Выбор и изменение подмножеств набора данных
    - 1.3.1.8. Другие типы объектов
  - 1.3.2. Объекты, их режимы и атрибуты
    - 1.3.2.1. Внутренние атрибуты: режим и длина
    - 1.3.2.2. Изменить длину объекта
    - 1.3.2.3. Сбор и настройка атрибутов
    - 1.3.2.4. Класс объекта
  - 1.3.3. Упорядоченные и неупорядоченные факторы
    - 1.3.3.1. Конкретный пример
    - 1.3.3.2. Функция `tapply()` и неравные матрицы
    - 1.3.3.3. Упорядоченные факторы
  - 1.3.4. Матрицы
    - 1.3.4.1. Матрицы
    - 1.3.4.2. Матричное индексирование. Подразделы матрицы
    - 1.3.4.3. Индексные матрицы
    - 1.3.4.4. Функция массива `()`
    - 1.3.4.5. Смешанная арифметика векторов и матриц. Правило утилизации
    - 1.3.4.6. Внешнее произведение двух матриц
    - 1.3.4.7. Обобщенное транспонирование матрицы
    - 1.3.4.8. Матричное умножение
    - 1.3.4.9. Собственные значения и собственные векторы
    - 1.3.4.10. Разложение сингулярных значений и детерминанты
    - 1.3.4.11. Формирование разделенных массивов, `cbind()` и `rbind()`
    - 1.3.4.12. Функция конкатенации, `c()`, с матрицами
  - 1.3.5. Таблицы частот факторов
  - 1.3.6. Списки
    - 1.3.6.1. Создание и изменение списков
    - 1.3.6.2. Конкатенационные списки
  - 1.3.7. *Кадры данных*
    - 1.3.7.1. Как создать *DataFrames*?
    - 1.3.7.2. Присоединить `()` и отсоединить `()`
    - 1.3.7.3. Работа с *DataFrames*

- 1.4. Чтение и запись данных
  - 1.4.1. Функция `read.table()`
  - 1.4.2. Функция `scan()`
  - 1.4.3. Доступ к встроенным наборам данных
  - 1.4.4. Загрузка данных из других пакетов R
  - 1.4.5. Редактирование данных
- 1.5. Группировка, циклы и условное выполнение
  - 1.5.1. Сгруппированные выражения
  - 1.5.2. Контрольные заявления
    - 1.5.2.1. Условное выполнение: операторы *if*
    - 1.5.2.2. Повторяющееся выполнение: циклы `for`, повторение и тайминг
- 1.6. Написание собственных функций
  - 1.6.1. Простые примеры
  - 1.6.2. Определение новых бинарных операторов
  - 1.6.3. Аргументы с именем и значениями по умолчанию
  - 1.6.4. Аргумент "..."
  - 1.6.5. Назначения в рамках функций

## Модуль 2. Статистический анализ на языке R

- 2.1. Дискретные распределения вероятностей
- 2.2. Непрерывные распределения вероятностей
- 2.3. Введение в выводы и выборку (точечное оценивание)
- 2.4. Доверительные интервалы
- 2.5. Проверка гипотез
- 2.6. ANOVA однофакторный
- 2.7. Корректировка (тест хи-квадрат)
- 2.8. Объект `fitdist`
- 2.9. Введение в многомерную статистику

## Модуль 3. Графическая среда на языке R

- 3.1. Графические процедуры
  - 3.1.1. Высокоуровневые команды черчения
    - 3.1.1.1. Функция `plot()`
    - 3.1.1.2. Визуализация многомерных данных
    - 3.1.1.3. Экранная графика
    - 3.1.1.4. Аргументы для высокоуровневых функций трассировки
  - 3.1.2. Команды низкоуровневого черчения
    - 3.1.2.1. Математическая аннотация
    - 3.1.2.2. Векторные шрифты Hershey
  - 3.1.3. Взаимодействие с графикой
  - 3.1.4. Использование графических параметров
    - 3.1.4.1. Постоянные изменения: функция `par()`
    - 3.1.4.2. Временные изменения: аргументы для графических функций
  - 3.1.5. Список графических параметров
    - 3.1.5.1. Графические элементы
    - 3.1.5.2. Оси и маркировка
    - 3.1.5.3. Поля фигуры
    - 3.1.5.4. Многофигурная среда
  - 3.1.6. Описательная статистика: графические представления

05

# Методология

Данная учебная программа предлагает особый способ обучения. Наша методология разработана в режиме циклического обучения: **Relearning**.

Данная система обучения используется, например, в самых престижных медицинских школах мира и признана одной из самых эффективных ведущими изданиями, такими как **Журнал медицины Новой Англии**.



““

*Откройте для себя методику Relearning, которая отвергает традиционное линейное обучение, чтобы показать вам циклические системы обучения: способ, который доказал свою огромную эффективность, особенно в предметах, требующих запоминания”*

## В TECH мы используем метод запоминания кейсов

Что должен делать профессионал в определенной ситуации? На протяжении всей программы вы будете сталкиваться с множеством смоделированных клинических случаев, основанных на историях болезни реальных пациентов, когда вам придется проводить исследование, выдвигать гипотезы и в конечном итоге решать ситуацию. Существует множество научных доказательств эффективности этого метода. Будущие специалисты учатся лучше, быстрее и показывают стабильные результаты с течением времени.

*С TECH вы сможете познакомиться со способом обучения, который опровергает основы традиционных методов образования в университетах по всему миру.*



По словам доктора Жерваса, клинический случай - это описание диагноза пациента или группы пациентов, которые становятся "случаем", примером или моделью, иллюстрирующей какой-то особый клинический компонент, либо в силу обучающего эффекта, либо в силу своей редкости или необычности. Важно, чтобы кейс был основан на текущей трудовой деятельности, пытаюсь воссоздать реальные условия в профессиональной практике врача.

“

*Знаете ли вы, что этот метод был разработан в 1912 году, в Гарвардском университете, для студентов-юристов? Метод кейсов заключался в представлении реальных сложных ситуаций, чтобы они принимали решения и обосновывали способы их решения. В 1924 году он был установлен в качестве стандартного метода обучения в Гарвардском университете”*

**Эффективность метода обосновывается четырьмя ключевыми достижениями:**

1. Студенты, которые следуют этому методу, не только добиваются усвоения знаний, но и развивают свои умственные способности с помощью упражнений по оценке реальных ситуаций и применению своих знаний.
2. Обучение прочно опирается на практические навыки, что позволяет студенту лучше интегрироваться в реальный мир.
3. Усвоение идей и концепций становится проще и эффективнее благодаря использованию ситуаций, возникших в реальности.
4. Ощущение эффективности затраченных усилий становится очень важным стимулом для студентов, что приводит к повышению интереса к учебе и увеличению времени посвященному на работу над курсом.



## Методология *Relearning*

TECH эффективно объединяет метод кейсов с системой 100% онлайн-обучения, основанной на повторении, которая сочетает 8 различных дидактических элементов в каждом уроке.

Мы улучшаем метод кейсов с помощью лучшего метода 100% онлайн-обучения: *Relearning*.



Студент будет учиться на основе реальных случаев и разрешения сложных ситуаций в смоделированных учебных условиях. Эти симуляции разработаны с использованием самого современного программного обеспечения для полного погружения в процесс обучения.

Находясь в авангарде мировой педагогики, метод *Relearning* сумел повысить общий уровень удовлетворенности специалистов, завершивших обучение, по отношению к показателям качества лучшего онлайн-университета в мире.

С помощью этой методики мы с беспрецедентным успехом обучили более 250000 врачей по всем клиническим специальностям, независимо от хирургической нагрузки. Наша методология преподавания разработана в среде с высокими требованиями к уровню подготовки, с университетским контингентом студентов с высоким социально-экономическим уровнем и средним возрастом 43,5 года.

*Методика Relearning позволит вам учиться с меньшими усилиями и большей эффективностью, все больше вовлекая вас в процесс обучения, развивая критическое мышление, отстаивая аргументы и противопоставляя мнения, что непосредственно приведет к успеху.*

В нашей программе обучение не является линейным процессом, а происходит по спирали (мы учимся, разучиваемся, забываем и заново учимся). Поэтому мы дополняем каждый из этих элементов по концентрическому принципу.

Общий балл квалификации по нашей системе обучения составляет 8.01, что соответствует самым высоким международным стандартам.



В рамках этой программы вы получаете доступ к лучшим учебным материалам, подготовленным специально для вас:



#### Учебный материал

Все дидактические материалы создаются преподавателями специально для студентов этого курса, чтобы они были действительно четко сформулированными и полезными.

Затем вся информация переводится в аудиовизуальный формат, создавая дистанционный рабочий метод TECH. Все это осуществляется с применением новейших технологий, обеспечивающих высокое качество каждого из представленных материалов.



#### Хирургические техники и процедуры на видео

TECH предоставляет в распоряжение студентов доступ к новейшим методикам и достижениям в области образования и к передовым медицинским технологиям. Все с максимальной тщательностью, объяснено и подробно описано самими преподавателями для усовершенствования усвоения и понимания материалов. И самое главное, вы можете смотреть их столько раз, сколько захотите.



#### Интерактивные конспекты

Мы представляем содержание в привлекательной и динамичной мультимедийной форме, которая включает аудио, видео, изображения, диаграммы и концептуальные карты для закрепления знаний.

Эта уникальная обучающая система для представления мультимедийного содержания была отмечена компанией Microsoft как "Европейская история успеха".



#### Дополнительная литература

Новейшие статьи, консенсусные документы и международные руководства включены в список литературы курса. В виртуальной библиотеке TECH студент будет иметь доступ ко всем материалам, необходимым для завершения обучения.





#### Анализ кейсов, разработанных и объясненных экспертами

Эффективное обучение обязательно должно быть контекстным. Поэтому мы представим вам реальные кейсы, в которых эксперт проведет вас от оказания первичного осмотра до разработки схемы лечения: понятный и прямой способ достичь наивысшей степени понимания материала.



#### Тестирование и повторное тестирование

На протяжении всей программы мы периодически оцениваем и переоцениваем ваши знания с помощью оценочных и самооценочных упражнений: так вы сможете убедиться, что достигаете поставленных целей.



#### Мастер-классы

Существуют научные данные о пользе стороннего экспертного наблюдения: так называемый метод обучения у эксперта укрепляет знания и память, а также формирует уверенность в наших будущих сложных решениях.



#### Краткие руководства к действию

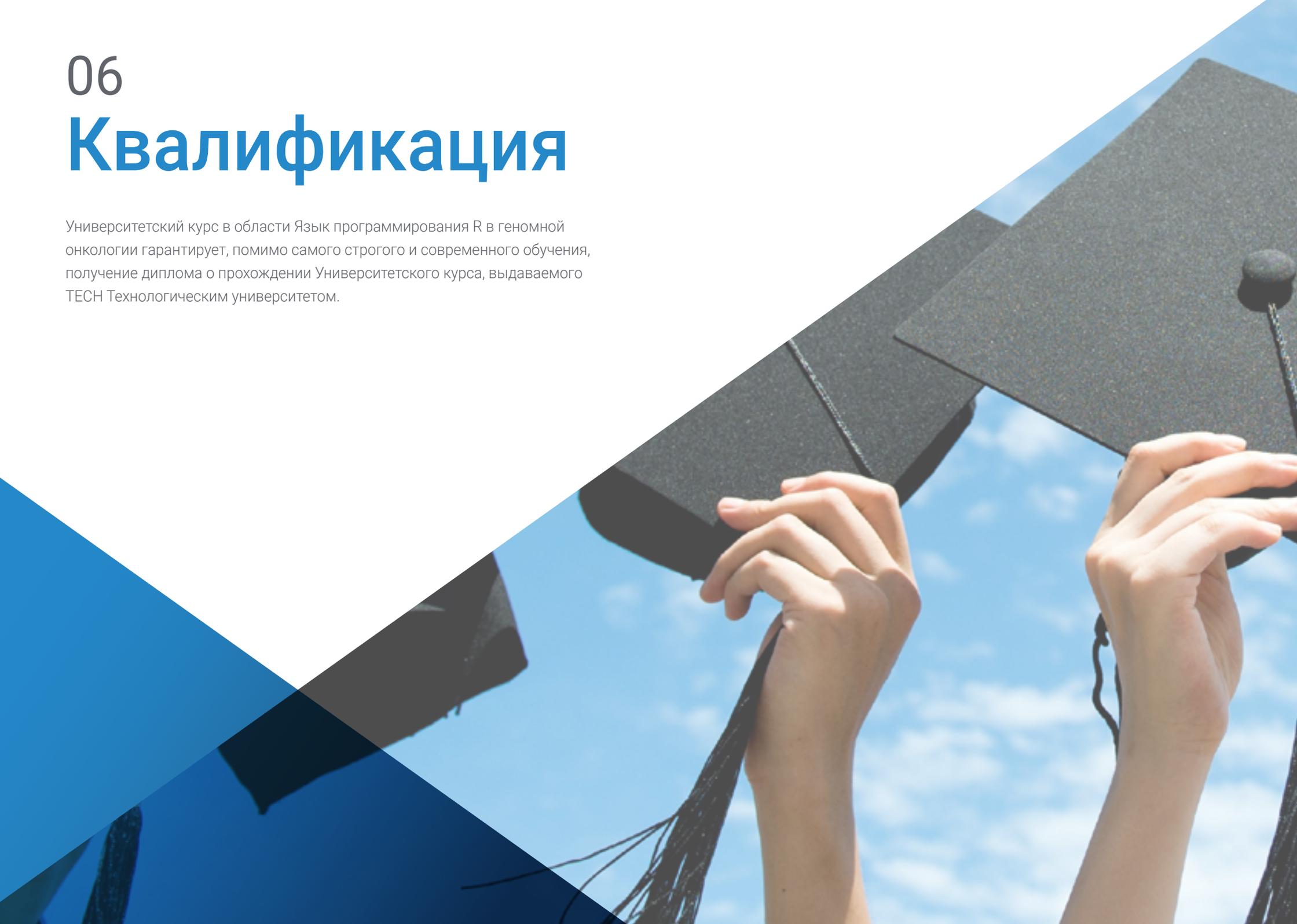
TECH предлагает наиболее актуальное содержание курса в виде рабочих листов или кратких руководств к действию. Обобщенный, практичный и эффективный способ помочь вам продвинуться в обучении.



06

# Квалификация

Университетский курс в области Язык программирования R в геномной онкологии гарантирует, помимо самого строгого и современного обучения, получение диплома о прохождении Университетского курса, выдаваемого ТЕСН Технологическим университетом.



“

Успешно пройдите эту программу и получите университетский диплом без хлопот с поездками и оформлением документов”

Данный **Университетский курс в области Язык программирования R в геномной онкологии** содержит самую полную и современную научную программу на рынке.

После прохождения аттестации студент получит по почте\* с подтверждением получения соответствующий диплом о прохождении **Университетского курса**, выданный **TECH Технологическим университетом**.

Диплом, выданный **TECH Технологическим университетом**, подтверждает квалификацию, полученную на Университетском курсе, и соответствует требованиям, обычно предъявляемым биржами труда, конкурсными экзаменами и комитетами по оценке карьеры.

Диплом: **Университетского курса в области Язык программирования R в геномной онкологии**

Формат: **онлайн**

Продолжительность: **12 недель**



\*Гаагский апостиль. В случае, если студент потребует, чтобы на его диплом в бумажном формате был проставлен Гаагский апостиль, TECH EDUCATION предпримет необходимые шаги для его получения за дополнительную плату.

Будущее

Здоровье Доверие Люди

Образование Информация Тьюторы

Гарантия Аккредитация Преподавание

Институты Технология Обучение

Сообщество Обязательство

Персональное внимание Технологии

Знания Настоящее Качество

Веб обучение

Развитие Институты

Виртуальный класс Языки

**tech** технологический университет

**Университетский курс**

Язык программирования R  
в геномной онкологии

- » Формат: онлайн
- » Продолжительность: 12 недель
- » Учебное заведение: TESH Технологический университет
- » Расписание: по своему усмотрению
- » Экзамены: онлайн

# Университетский курс

## Язык программирования R в геномной онкологии