

# 大学课程

## 肿瘤学基因组学中的R编程语言

```
..._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)  
...e 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)
```

```
... variables  
... of 4 variables  
... obs. of 4 variables  
4 obs. of 4 variables  
4 obs. of 4 variables  
636 obs. of 6 variables  
function (x, y, width, height, cations, anions  
function ()  
function (X)  
function (X)  
function (xCat, yCat, zCat, xAn, yAn, zAn, Pl  
function (cations, anions, Stiff = list(fill =  
function (Mg, Ca, Cl, SO4, name = NULL)  
function (X, name = NULL)  
Files Plots Packages Help Viewer  
Zoom Export  
SO4 + Cl-  
Ca2 + Mg  
Alkalinity as HCO3  
tech 科学技术大学
```



## 大学课程

### 肿瘤学基因组学中的R 编程语言

- » 模式:在线
- » 时间:2个月
- » 学历:TECH科技大学
- » 时间:16小时/周
- » 时间表:按你方便的
- » 考试:在线

网络访问: [www.techtitute.com/cn/medicine/postgraduate-certificate/r-programming-language-genomic-oncology](http://www.techtitute.com/cn/medicine/postgraduate-certificate/r-programming-language-genomic-oncology)

# 目录

01

介绍

---

4

02

目标

---

8

03

课程管理

---

12

04

结构和内容

---

18

05

方法

---

22

06

学位

---

30

# 01 介绍

基因组学或精准肿瘤学的概念并不完全是新的；一个多世纪以来，医生一直在使用血型来定制输血。今天不同的是，可以从病人和更广泛的社区快速而廉价地收集基因组数据，并有可能从分享这些数据中获得洞察力。基因组数据的规模和复杂性使传统上用于实验室测试的措施相形见绌。





“

通过该课程提高你在基因组肿瘤学方面的R编程语言的知识, 在这里你会发现最好的教学材料和真实的临床案例。在这里了解该专业的最新进展, 以便能够进行高质量的医疗实践”

该计划的一个基本目标是让学生接近并传播计算机知识,这些知识已经应用于其他知识领域,但在医学界的实施却微乎其微,尽管基因组医学要成为现实,就必须准确解释目前大量的临床信息,并将其与生物信息学分析后产生的生物数据联系起来。虽然这是一个困难的挑战,但它将使遗传变异和潜在疗法的影响得到快速,廉价和比目前更精确的探索。

人类天生不具备感知和解释基因组序列的能力,也不了解活体细胞内发生的所有机制,途径和相互作用,也不具备做出有几十或几百个变量的医疗决定的能力。为了向前推进,需要一个具有超人分析能力的系统来简化工作环境,并显示变量之间的关系和接近性。在基因组学和生物学领域,人们现在认识到,把资源花在新的计算技术上比花在纯粹的数据收集上更好,这一点在医学上可能也是如此,当然也包括肿瘤学。

我们有数以百万计的数据或出版物,,但当医生或生物学家对其进行分析时,结论完全是主观的,与现有的出版物或数据有关,这些出版物或数据被任意排序,产生了部分知识,当然,与现有的遗传和生物知识越来越远,并得到计算的支持,因此,实施精准医疗的一个巨大步骤是通过对现有医疗和药理学信息的大量分析来减少这种距离。

这个**肿瘤学基因组学中的R编程语言大学课程**包含了市场上最完整和最新的科学课程。该课程的主要特点是:

- 由基因组肿瘤学的R编程语言专家介绍实际案例的发展
- 其图文并茂,图文并茂,突出实用的内容为专业实践中必不可少的那些学科提供了科学和实用信息
- 关于《基因组肿瘤学中的R编程语言》的新闻
- 包含以推进进行自我评估过程为目的实践
- 特别强调R编程语言在基因组肿瘤学中的创新方法
- 这将由理论讲座,向专家提问,关于争议性问题的讨论论坛和个人反思工作来补充
- 可以从任何有互联网连接的固定或便携式设备上获取内容



通过"基因组肿瘤学的R编程语言"课程更新你的知识"

“

这个大学课程可能是你在选择进修课程时最好的投资,原因有二:除了更新你在基因组肿瘤学R编程语言方面的知识外,你还将获得TECH科技大学的学位”

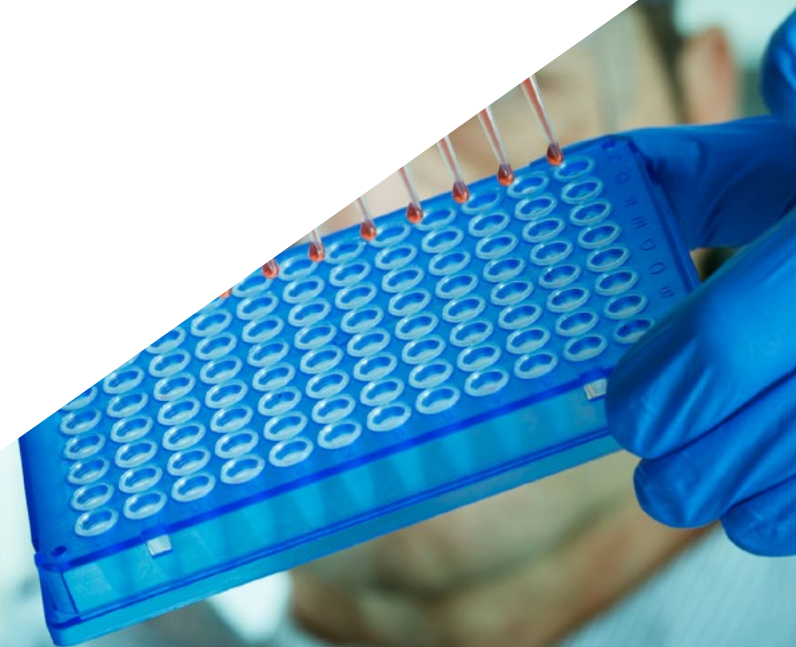
其教学人员包括属于肿瘤学基因组学中的R编程语言领域的专业人员,他们将自己的工作经验带到这个培训中,以及属于著名参考协会和大学的公认专家。

由于采用了最新教育技术开发的多媒体内容,该课程将允许专业人员进行情景式学习,也就是说,一个模拟的环境将提供一个身临其境的学习方案,在真实的情况下进行培训。

该课程的设计侧重于基于问题的学习,通过这种方式,学生将不得不尝试解决整个课程中出现的不同专业实践情况。为此,学生将得到一个创新的互动视频系统的帮助,该系统由基因组肿瘤学R编程语言领域公认的专家创建,具有丰富的教学经验。

通过这个方案学位,让你与时俱进,增加你对决策的信心。

借此机会,了解R编程语言在基因组肿瘤学中的最新进展,并改善对病人的护理。



# 02 目标

肿瘤学基因组学中的R编程语言方案旨在促进致力于肿瘤病理治疗的医生的工作,在这种情况下,有必要准确解释目前可用的大量临床信息,并将其与生物信息学分析后产生的生物数据联系起来。





“

这个进修课程将为你提供在执行  
医疗实践中安全行事的技能, 这  
将有助于你的个人和专业成长”



## 总体目标

- 能够准确解释目前可用的临床信息量, 并与生物信息学分析后产生的生物数据相关联



通过基因组肿瘤学的R编程语言课程更新你的知识”





## 具体目标

---

- 讨论下一代测序 (NGS) 在诊断方面的采用如何引起了许多关于识别和报告病人病理二级基因变异的问题
- 介绍R编程语言, 它的优点是具有多种统计分析包的开源编程语言
- 学习基本的R编程概念, 如数据类型, 向量运算和索引
- 在R中进行操作, 包括排序, 创建或导入数据
- 学习解决一个问题如何从模块分解开始, 然后在一个称为连续细化的过程中对每个模块进行进一步分解
- 学习统计推理的基础知识, 以便在用R分析数据时了解和计算P值和置信区间
- 提供R编程的例子, 以帮助建立概念和实施之间的联系
- 描述当数据不符合标准方法所要求的假设时, 最合适的统计技术作为一种替代方法
- 学习使用R脚本分析数据, 进行可重复研究的基本概念
- 使用可视化技术来探索新的数据集并确定最合适的方法
- 学习如何将数据可视化, 这将允许提取信息, 更好地理解数据和更有效地做出决策
- 学习如何将乍一看没有什么意义的的数据, 以一种对你的分析有意义的方式直观地呈现出来
- 学习如何使用R的三个主要图形来源: Base, Lattice和ggplot2
- 了解每个图形包的基础是什么, 以便确定使用哪一个, 以及其中一个的优势是什么

# 03 课程管理

该课程的教学人员包括基因组肿瘤学中R编程语言的主要专家,他们把自己的经验带到了这个培训中。此外,其他具有公认声望的专家也参与其设计和制定,以跨学科的方式完成方案。





“

向领先的专业人员学习基因组肿瘤学中R编程语言领域的最新程序进展”

## 管理人员



### Oruezábal Moreno, Mauro Javier 医生

- ◆ 自2017年起担任拉巴斯大学医院医生肿瘤科主任
- ◆ 南安普顿大学的研究访问者
- ◆ 大学生物信息学和生物统计学的硕士学位 UOC-UB
- ◆ 巴勃罗-德-奥拉维德大学的生物信息学分析硕士学位
- ◆ 马德里康普鲁坦斯大学医学博士。优秀资质, 成绩优异
- ◆ 西班牙肿瘤内科学会和GECP小组 (西班牙肺癌小组) 成员
- ◆ 马德里圣卡洛斯大学医院肿瘤内科专家 (MIR)
- ◆ 西班牙纳瓦拉大学医学和外科学位



### Krallinger, Martin 医生

- 西班牙国家癌症研究中心 (CNIO) 的文本挖掘部门负责人
- 他已经完成了巴塞罗那超级计算中心 (BSC) 文本挖掘部门负责人的选拔过程
- 生物医学和临床文本挖掘和语言学技术领域的专家
- 药物安全, 分子系统生物学和肿瘤学的具体文本挖掘应用方面的专家
- 参与实施和评估生物医学命名实体识别组件, 信息提取系统, 异质文档类型的大型数据集的语义索引
- 参与开发了第一个生物医学文本注释元服务器 (biocreative meta-server - BCMS) 和 BeCalm 元服务器
- BioCreative 社区评估挑战的组织者, 用于评估自然语言处理工具, 并参与组织各种国际社区挑战中的生物医学文本挖掘任务, 包括 IberEval 和 CLEF

## 教师

### Alberich Martí, Ricardo医生

- 大学正教授, 数学科学和计算机科学 (主任)
- 巴利阿里群岛大学计算机科学与人工智能专业

### Burón Fernández, María Rosario医生

- 内科医学部
- 圣克里斯蒂娜大学医院

### Gomila Salas, Juan Gabriel医生

- 巴利阿里群岛大学数学科学和计算机科学, 计算机科学和人工智能的大学讲师

### Torres, Arnau Mir医生

- 巴利阿里群岛大学数学科学和计算机科学, 计算机科学和人工智能副教授







“

一个独特的, 关键的和决定性的  
培训经验, 以促进你的职业发展”

# 04 结构和内容

内容的结构是由来自西班牙最好的教育中心, 大学和公司的专业人员组成的团队设计的, 他们意识到当前培训的相关性, 以便能够介入对学生的培训和支持, 并致力于通过新的教育技术进行高质量的教学。



“

这个肿瘤学基因组学中的R编程语言大学课程包含了市场上最完整和最新的科学课程”

## 模块1.大数据项目中的数据分析 编程语言R

- 1.1. R编程语言简介
  - 1.1.1. 什么是R?
  - 1.1.2. R的安装和R的图形界面
  - 1.1.3. 软件包
    - 1.1.3.1. 标准软件包
    - 1.1.3.2. 贡献的软件包和CRAN
- 1.2. R的基本特征
  - 1.2.1. R环境
  - 1.2.2. 相关软件 and 文件
  - 1.2.3. R和统计学
  - 1.2.4. R和窗口系统
  - 1.2.5. 以交互方式使用R
  - 1.2.6. 一个介绍性的会议
  - 1.2.7. 获得功能和特性的帮助
  - 1.2.8. R命令,大小写敏感性等
  - 1.2.9. 检索和纠正以前的命令
  - 1.2.10. 执行命令或将输出转移到一个文件中
  - 1.2.11. 数据的持久性和对象的删除
- 1.3. R对象的类型
  - 1.3.1. 简单操作;数字和向量
    - 1.3.1.1. 向量和赋值
    - 1.3.1.2. 向量算术
    - 1.3.1.3. 生成有规律的序列
    - 1.3.1.4. 逻辑向量
    - 1.3.1.5. 缺少的值
    - 1.3.1.6. 字符向量
    - 1.3.1.7. 索引矢量
      - 1.3.1.7.1. 选择和修改数据集的子集
    - 1.3.1.8. 其他对象类型
  - 1.3.2. 对象,其模式和属性
    - 1.3.2.1. 本质属性:模式和长度
    - 1.3.2.2. 改变一个对象的长度
    - 1.3.2.3. 获取和设置属性
    - 1.3.2.4. 一个对象的类别
  - 1.3.3. 有序和无序的因素
    - 1.3.3.1. 一个具体的例子
    - 1.3.3.2. apply函数()和不等式矩阵
    - 1.3.3.3. 有序因子
  - 1.3.4. 矩阵
    - 1.3.4.1. 矩阵
    - 1.3.4.2. 矩阵的索引矩阵的分节
    - 1.3.4.3. 索引数组
    - 1.3.4.4. 数组函数()
    - 1.3.4.5. 向量和数组的混合运算回收规则
    - 1.3.4.6. 两个矩阵的外积
    - 1.3.4.7. 矩阵的一般转置
    - 1.3.4.8. 矩阵乘法
    - 1.3.4.9. 特征值和特征向量
    - 1.3.4.10. 奇异值分解和行列式
    - 1.3.4.11. 形成分区矩阵,cbind()和rbind()
    - 1.3.4.12. 矩阵的连接函数c()
  - 1.3.5. 因子频率表
  - 1.3.6. 列表
    - 1.3.6.1. 构建和修改列表
    - 1.3.6.2. 串联列表
  - 1.3.7. 数据框架
    - 1.3.7.1. 如何创建DataFrames?
    - 1.3.7.2. 附加()和拆分()
    - 1.3.7.3. 与DataFrames一起工作

- 1.4. 读取和写入数据
  - 1.4.1. read.table()函数
  - 1.4.2. 扫描()函数
  - 1.4.3. 访问嵌入式数据集
  - 1.4.4. 从其他R包加载数据
  - 1.4.5. 编辑数据
- 1.5. 分组, 循环和条件执行
  - 1.5.1. 分组的表达式
  - 1.5.2. 控制语句
    - 1.5.2.1. 条件性执行:if语句
    - 1.5.2.2. 重复执行:for循环, 重复和计时
- 1.6. 编写你自己的函数
  - 1.6.1. 简单的例子
  - 1.6.2. 简单的例子
  - 1.6.3. 命名的参数和默认值
  - 1.6.4. "... "参数
  - 1.6.5. 函数中的赋值

## 模块2.R中的统计分析

- 2.1. 离散概率分布
- 2.2. 连续概率分布
- 2.3. 推理和抽样(点估计)介绍
- 2.4. 置信区间
- 2.5. 假设检验
- 2.6. 单因素方差分析
- 2.7. 拟合度(卡方检验)
- 2.8. Fitdist软件包
- 2.9. 多变量统计简介

## 模块3.R中的图形环境

- 3.1. 图形化程序
  - 3.1.1. 高水平的绘图命令
    - 3.1.1.1. 绘图()函数
    - 3.1.1.2. 多变量数据的显示
    - 3.1.1.3. 屏幕绘图
    - 3.1.1.4. 高级绘图函数的参数
  - 3.1.2. 低级绘图命令
    - 3.1.2.1. 数学注释
    - 3.1.2.2. 赫氏矢量字体
  - 3.1.3. 与图形互动
  - 3.1.4. 图形参数的使用
    - 3.1.4.1. 永久变化:偶数函数()
    - 3.1.4.2. 暂时性变化:图形函数的参数
  - 3.1.5. 图形化参数列表
    - 3.1.5.1. 图形元素
    - 3.1.5.2. 车轴和标记
    - 3.1.5.3. 图形边缘
    - 3.1.5.4. 多图环境
  - 3.1.6. 描述性统计:图形表示法

# 05 方法

这个培训计划提供了一种不同的学习方式。我们的方法是通过循环的学习模式发展起来的:再学习。

这个教学系统被世界上一些最著名的医学院所采用,并被**新英格兰医学杂志**等权威出版物认为是最有效的教学系统之一。



“

发现再学习, 这个系统放弃了传统的线性学习, 带你体验循环教学系统: 这种学习方式已经证明了其巨大的有效性, 尤其是在需要记忆的科目中”

## 在TECH, 我们使用案例法

在特定情况下, 专业人士应该怎么做? 在整个课程中, 你将面对多个基于真实病人的模拟临床案例, 他们必须调查, 建立假设并最终解决问题。关于该方法的有效性, 有大量的科学证据。专业人员随着时间的推移, 学习得更好, 更快, 更持久。

和TECH, 你可以体验到一种正在动摇世界各地传统大学基础的学习方式。



根据Gérvás博士的说法, 临床病例是对一个病人或一组病人的注释性介绍, 它成为一个“案例”, 一个说明某些特殊临床内容的例子或模型, 因为它的教学效果或它的独特性或稀有性。至关重要的是, 案例要以当前的职业生活为基础, 试图重现专业医学实践中的实际问题。



“

你知道吗, 这种方法是1912年在哈佛大学为法律学生开发的? 案例法包括提出真实的复杂情况, 让他们做出决定并证明如何解决这些问题。1924年, 它被确立为哈佛大学的一种标准教学方法”

该方法的有效性由四个关键成果来证明:

1. 遵循这种方法的学生不仅实现了对概念的吸收, 而且还通过练习评估真实情况和应用知识来发展自己的心理能力。
2. 学习扎根于实践技能, 使学生能够更好地融入现实世界。
3. 由于使用了从现实中产生的情况, 思想和概念的吸收变得更容易和更有效。
4. 投入努力的效率感成为对学生的一个非常重要的刺激, 这转化为对学习的更大兴趣并增加学习时间。



## 再学习方法

TECH有效地将案例研究方法基于循环的100%在线学习系统相结合,在每节课中结合了8个不同的教学元素。

我们用最好的100%在线教学方法加强案例研究:再学习。

专业人员将通过真实案例和在模拟学习环境中解决复杂情况进行学习。这些模拟情境是使用最先进的软件开发的,以促进沉浸式学习。



处在世界教育学的前沿,按照西班牙语世界中最好的在线大学(哥伦比亚大学)的质量指标,再学习方法成功地提高了完成学业的专业人员的整体满意度。

通过这种方法,我们已经培训了超过25000名医生,取得了空前的成功,在所有的临床专科手术中都是如此。所有这些都是在一个高要求的环境中进行的,大学学生的社会经济状况很好,平均年龄为43.5岁。

再学习将使你的学习事半功倍,表现更出色,使你更多地参与到训练中,培养批判精神,捍卫论点和对比意见:直接等同于成功。

在我们的方案中,学习不是一个线性的过程,而是以螺旋式的方式发生(学习,解除学习,忘记和重新学习)。因此,我们将这些元素中的每一个都结合起来。

根据国际最高标准,我们的学习系统的总分是8.01分。



该方案提供了最好的教育材料,为专业人士做了充分准备:



### 学习材料

所有的教学内容都是由教授该课程的专家专门为该课程创作的,因此,教学的发展是具体的。

然后,这些内容被应用于视听格式,创造了TECH在线工作方法。所有这些,都是用最新的技术,提供最高质量的材料,供学生使用。



### 录像中的手术技术和程序

TECH使学生更接近最新的技术,最新的教育进展和当前医疗技术的最前沿。所有这些,都是以第一人称,以最严谨的态度进行解释和详细说明的,以促进学生的同化和理解。最重要的是,您可以想看几次就看几次。



### 互动式总结

TECH团队以有吸引力和动态的方式将内容呈现在多媒体丸中,其中包括音频,视频,图像,图表和概念图,以强化知识。

这个用于展示多媒体内容的独特教育系统被微软授予“欧洲成功案例”称号。



### 延伸阅读

最近的文章,共识文件和国际准则等。在TECH的虚拟图书馆里,学生可以获得他们完成培训所需的一切。





#### 由专家主导和开发的案例分析

有效的学习必然是和背景联系的。因此, TECH将向您展示真实的案例发展, 在这些案例中, 专家将引导您注重发展和处理不同的情况: 这是一种清晰而直接的方式, 以达到最高程度的理解。



#### 测试和循环测试

在整个课程中, 通过评估和自我评估活动和练习, 定期评估和重新评估学习者的知识: 通过这种方式, 学习者可以看到他/她是如何实现其目标的。



#### 大师课程

有科学证据表明第三方专家观察的作用: 向专家学习可以加强知识和记忆, 并为未来的困难决策建立信心。



#### 快速行动指南

TECH以工作表或快速行动指南的形式提供课程中最相关的内容。一种合成的, 实用的, 有效的帮助学生在学业上取得进步的方法。



# 06 学位

肿瘤学基因组学中的R编程语言专科文凭课程除了保证最严格和最新的培训外,还可以获得由TECH科技大学颁发的专科文凭学位证书。





“

成功地完成这一项目,并获得你的大学学位,没有旅行或行政文书的麻烦”

这个**肿瘤学基因组学中的R编程语言**大学课程包含了市场上最完整和最新的课程。

评估通过后, 学生将通过邮寄收到**TECH 科技大学**颁发的相应的大学课程学位。

**TECH科技大学**颁发的证书将表达在**专科文凭**获得的资格, 并将满足工作交流, 竞争性考试和专业职业评估委员会的普遍要求。

学位:**肿瘤学基因组学中的R编程语言**大学课程

官方学时:**300小时**





**tech** 科学技术大学

## 大学课程

肿瘤学基因组学中的R  
编程语言

- » 模式:在线
- » 时间:2个月
- » 学历:TECH科技大学
- » 时间:16小时/周
- » 时间表:按你方便的
- » 考试:在线

大学课程

肿瘤学基因组学中的R编程语言