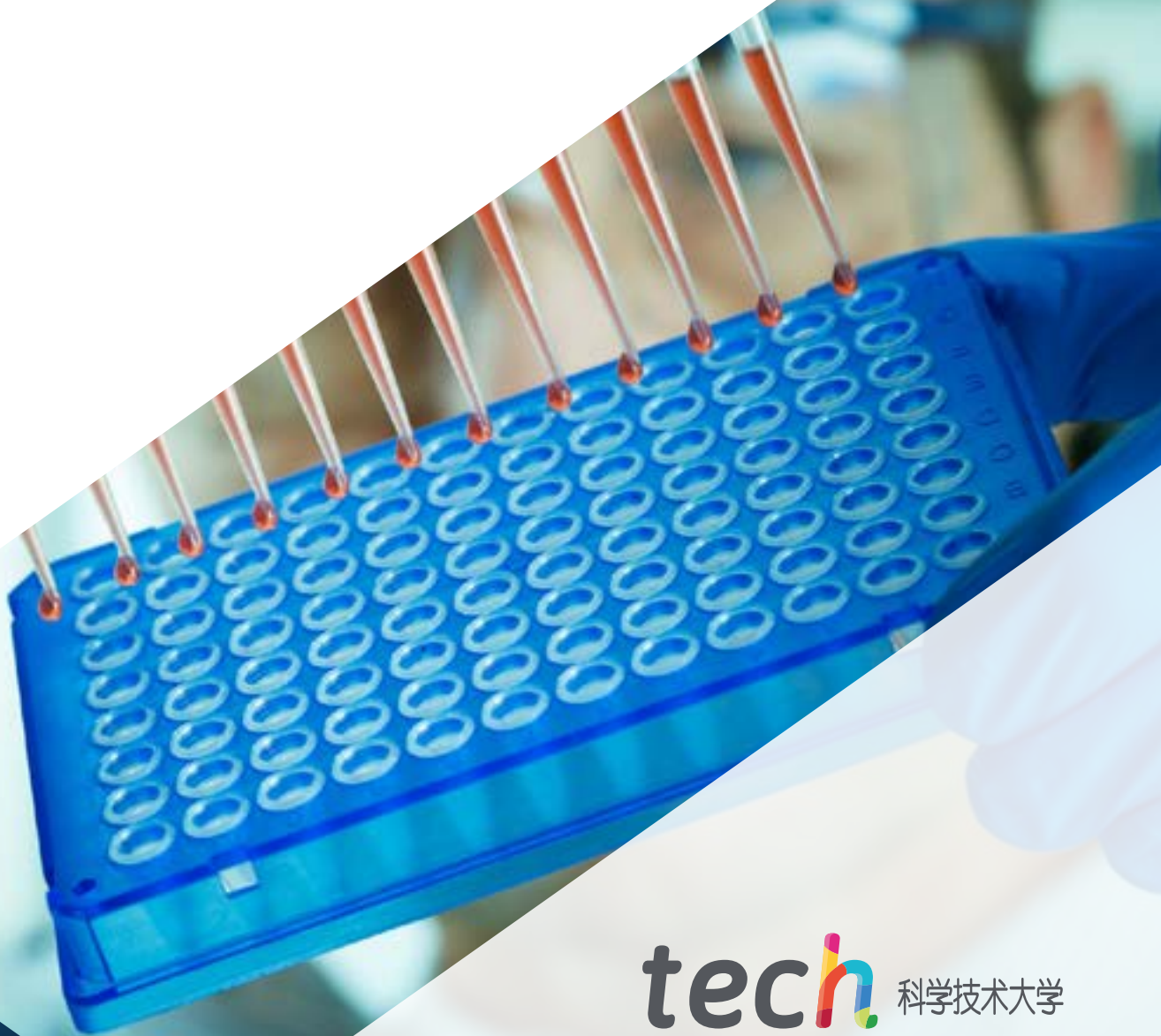


专科文凭

基因组肿瘤学中的机器学习
学习和数据挖掘技术





专科文凭

基因组肿瘤学中的机器学习 和数据挖掘技术

- » 模式:在线
- » 时间:6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-diploma/postgraduate-diploma-machine-learning-dara-mining-techniques-genomic-oncology

目录

01

介绍

4

02

目标

8

03

课程管理

12

04

结构和内容

20

05

方法

24

06

学历

32

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。



“

这种培训将在医疗实践中产生一种安全感,这将有助于你的个人和职业成长”

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。近年来,为了能够分析和解释DNA测序,信息学有了巨大的发展,它在生物学知识和应用于日常临床实践之间产生了差距。因此,有必要在医学界中教育、传播并同时纳入这些信息学技术,以便能够解释来自出版物、生物或医学数据库和临床记录等方面的大量分析数据,从而能够丰富临床层面的生物信息。

这种机器学习将使精准肿瘤学的发展成为可能,以便解释基因组特征并找到有针对性的疗法,或确定某些疾病的风险并建立更加个性化的预防措施。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。

这个**基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术专科文凭**包含了市场上最完整和最新的科学课程。主要特点是:

- 由基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术专家介绍案例研究的发展
- 其图形化、示意图和突出的实用性内容,以其为构思为看重专业实践的学科提供科学并贴近实践的信息
- 基因组肿瘤学中的新机器学习和数据挖掘技术
- 包含以推进进行自我评估过程为目的的实践
- 特别强调基因组肿瘤学中机器学习和数据挖掘技术的创新方法
- 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



通过专科文凭课程“基因组肿瘤学的机器学习和数据挖掘技术”更新你的知识”

“

该专科文凭课程可能是你选择进修课程的最佳投资,原因有二:除了更新你在基因组肿瘤学机器学习和数据挖掘技术方面的知识外,你还将获得科技大学的学位”

该专科文凭课程可能是你选择进修课程的最佳投资,原因有二:除了更新你在基因组肿瘤学机器学习和数据挖掘技术方面的知识外,你还将获得科技大学的学位”。

由于它的多媒体内容是用最新的教育技术开发的,它将允许专业人员进行情境式的学习,也就是说,一个模拟的环境将提供沉浸式的学习程序,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,研究将不得不尝试解决整个课程中提出的不同专业实践情况。为此,学生将得到一个新颖的互动视频系统的帮助,该系统由基因组肿瘤学的机器学习和数据挖掘技术领域公认的专家创建,具有丰富的教学经验。

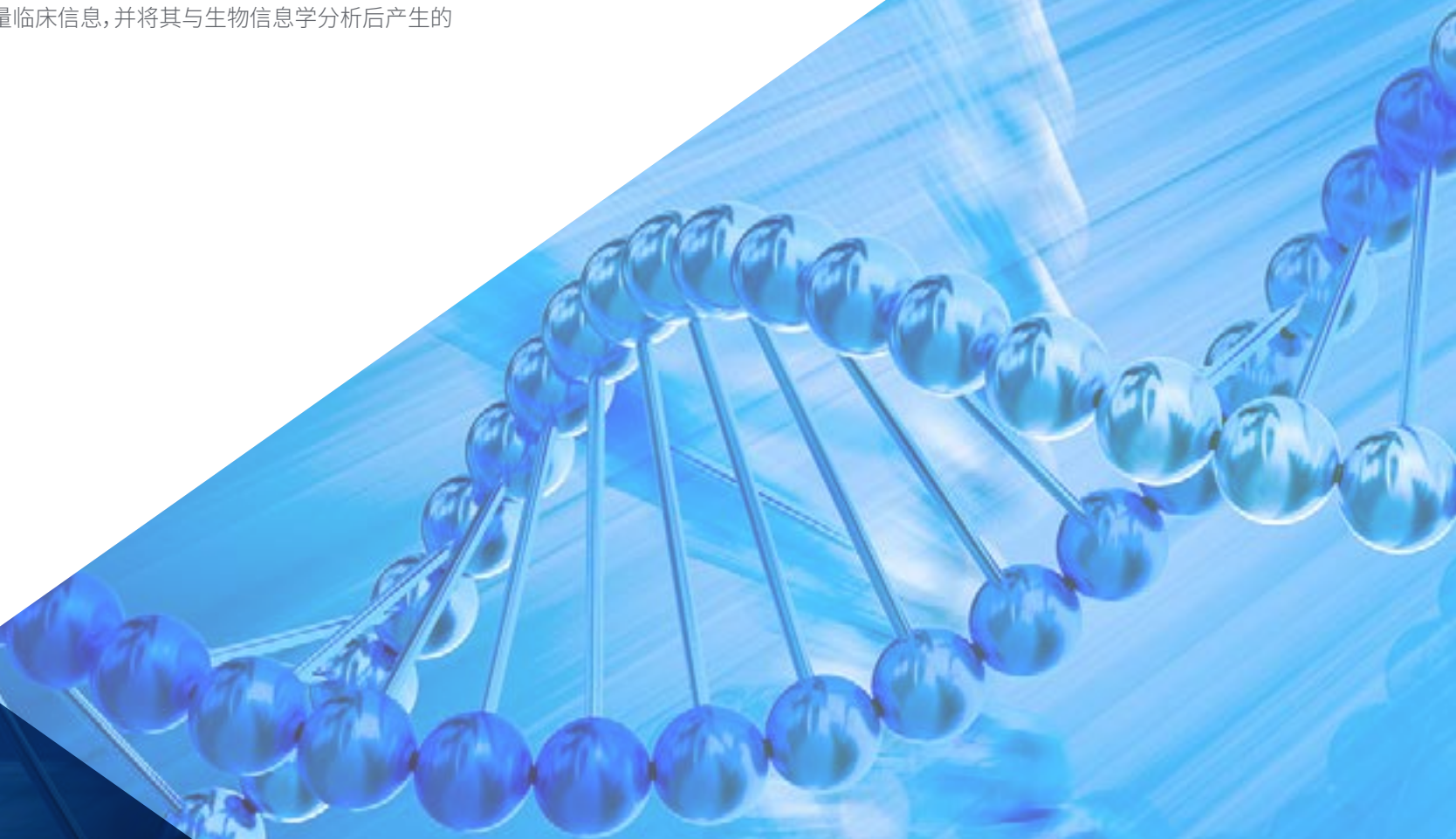
通过这个专科文凭更新你的知识,增加你决策的信心。

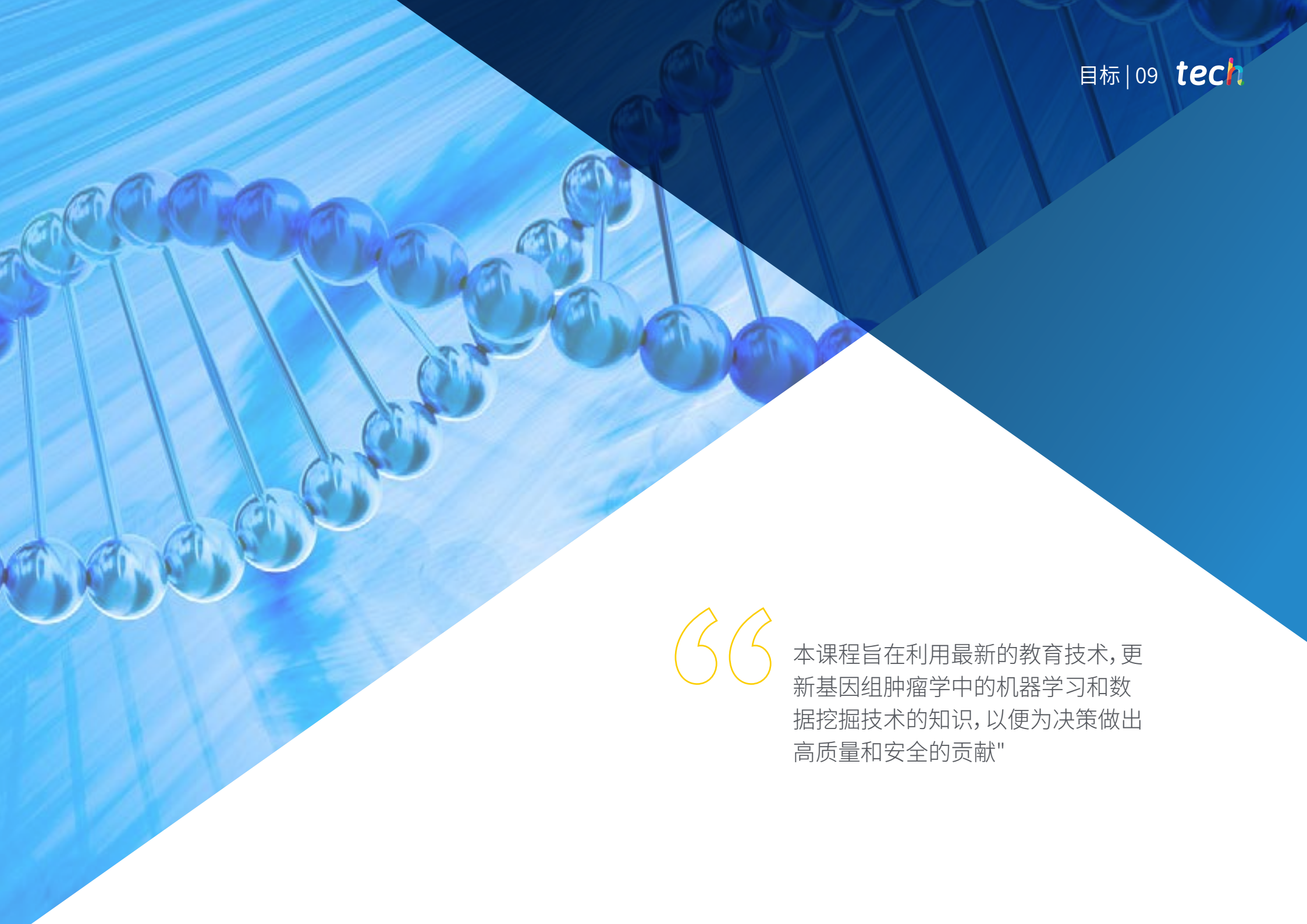
借此机会,了解基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术的最新进展,改善你的病人护理。



02 目标

基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术课程旨在促进致力于肿瘤病理治疗的医生的表现, 其中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。





“

本课程旨在利用最新的教育技术,更新基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术的知识,以便为决策做出高质量和安全的贡献”

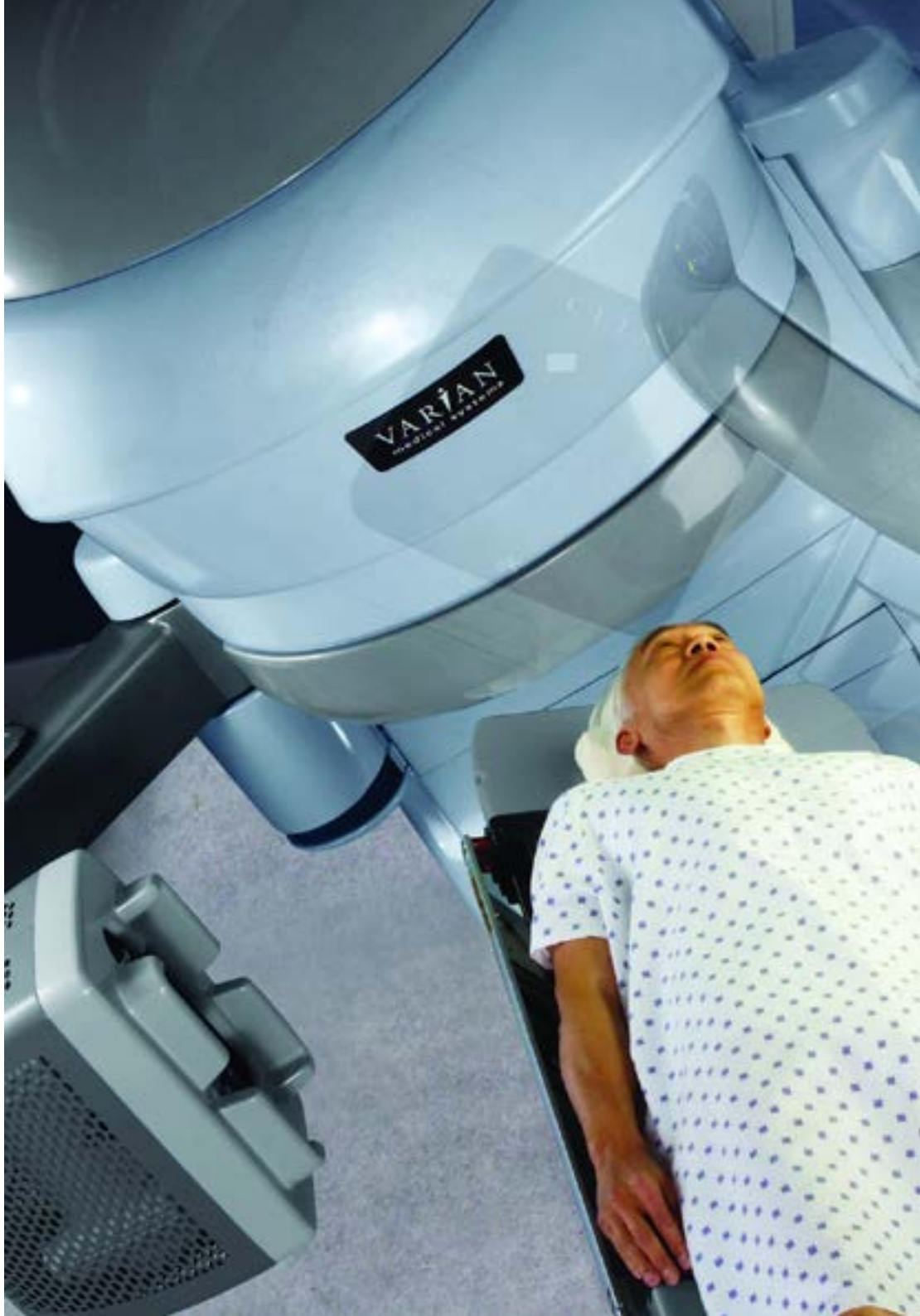


总体目标

- 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

“

抓住机会, 迈出步伐, 了解基因组
肿瘤学中的机器学习和数据挖掘
技术的最新发展”





具体目标

模块1.分子生物学

- ◆ 更新癌症分子生物学方面的知识, 涉及不同的概念, 如遗传异质性或微环境的重新编程
- ◆ 了解什么是机器学习, 并使用一些技术进行数据分类(决策树、k-NN、支持向量机、神经网络等)
- ◆ 学习如何将数据分为测试集和训练集, 并发现偏见和差异的概念

模块2应用于基因组学的数据挖掘

- ◆ 了解数据挖掘如何在数据库中寻找模式和规律
- ◆ 学习如何将数据挖掘的原理应用于大型复杂数据集(大数据)的剖析, 包括非常大的数据库或网页中的数据
- ◆ 探索、分析和利用数据, 并将其转化为对临床实践有用和有价值的信息

模块3基因组数据挖掘技术

- ◆ 了解大多数科学数据是如何出现在网页和PDF文件等文件中的, 这些文件很难进行进一步的分析处理, 然而, 通过搜刮技术可以用来
- ◆ 通过网络访问许多数据源, 以实现精准医疗, 允许大量提取信息

模块4生物信息学在基因组肿瘤学中的应用

- ◆ 根据本体论的接近程度, 了解没有什么临床信息的基因的功能
- ◆ 根据Pubmed中的大量搜索和科学证据水平的图形表示, 发现涉及疾病的基因



04 课程管理

该课程的教学人员包括机器学习技术和基因组肿瘤学数据挖掘方面的领先专家,他们将
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。





“

向领先的专业人士学习基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术的最新进展”

管理人员



Oruezabal 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 先生

- 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 先生

- ◆ 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

Álvarez Cubero, María Jesús 女士

- ◆ 格拉纳达大学生物化学III和免疫学系讲师

Andrés León, Eduardo 先生

- ◆ 中船重工寄生虫学和生物医学研究所 "López-Neyra" 生物信息学组组长
- ◆ 在马德里自治大学获得生物学和分子生物学学位

Astudillo González, Aurora 女士

- ◆ 病理解剖学服务
- ◆ 奥维多大学副教授, 隶属于阿斯图里亚斯中央大学医院。阿斯图里亚斯公国生物库的科学主任

Burón Fernández, María del Rosario 女士

- ◆ Infanta Cristina大学医院内科部

Carmona Bayonas, Alberto 先生

- ◆ 莫拉莱斯-梅塞古尔大学医院肿瘤内科

Ciruelos, Eva M 女士

- ◆ MD, Ph.D. 马德里10月12日大学医院肿瘤内科服务
- ◆ HM CIOCC, 马德里

Galiana, Enrique de Andrés 先生

- ◆ 西班牙奥维多大学数学系

De la Haba Rodríguez, Juan 先生

- ◆ 科尔多瓦大学肿瘤医学系, 索菲亚王后大学医院

Fernández Martínez, Juan Luis 先生

- ◆ 数学系逆向问题、优化和机器学习小组主任奥维耶多大学

Figueroa, Angélica 女士

- ◆ 阿科鲁尼亚生物医学研究所(INIBIC)
- ◆ 上皮细胞可塑性和代谢的研究组长

García Casado, Zaida 女士

- ◆ 巴伦西亚肿瘤研究所基金会分子生物学实验室/Laboratorio Biología Molecular/Laboratory of Molecular Biology

García Foncillas, Jesús 先生

- ◆ Jiménez Díaz基金会肿瘤内科服务

Gomila Salas, Juan Gabriel 先生

- ◆ 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

González Gomáriz, José 先生

- ◆ IdiSNA (纳瓦拉健康研究所) 见习研究员

Hoyos Simón, Sergio 先生

- ◆ 胡安-卡洛斯国王大学医院肿瘤内科服务部

Intxaurreondo, Ander 先生

- ◆ 生命科学-文本挖掘
- ◆ 巴塞罗那超级计算中心



Jiménez -Fonseca, Paula 女士

- ◆ 消化和内分泌肿瘤科肿瘤内科协调员阿斯图里亚斯中央大学医院

Lage Alfranca, Yolanda 女士

- ◆ Jiménez Díaz基金会肿瘤内科服务

López Guerrero, José Antonio 先生

- ◆ 瓦尔西亚阿斯图里亚斯瓦的肿瘤内科服务。

López López, Rafael 先生

- ◆ 肿瘤内科主任
- ◆ 西班牙圣地亚哥-德孔波斯特拉大学综合医院, 圣地亚哥-德孔波斯特拉
- ◆ Sanitaria研究机构肿瘤内科转化组

Martínez González, Luis Javier 先生

- ◆ Ph.D. 基因组单位
- ◆ 辉瑞公司-格拉纳达大学-安达卢西亚议会的基因组学和肿瘤学研究中心(GENYO)

Martínez Iglesias, Olaia 女士

- ◆ 阿科鲁尼亚生物医学研究所 (INIBIC)
- ◆ 上皮细胞可塑性和代谢的研究组长

Paramio González, Jesús María 先生

- ◆ CIEMAT分子肿瘤学组
- ◆ 10月12日研究所, 马德里

Pascual Martínez, Tomás 先生

- ◆ 巴塞罗那医院 (Hospital Clínic de Barcelona)
- ◆ 实体瘤转化基因组学和靶向治疗实验室 (IDIBAPS)

Pérez Gutiérrez, Ana María 女士

- ◆ 在Fundación Progreso y Salud (FPS) 的临床生物信息学领域的硕士生和健康基金会 (塞维利亚罗西奥圣母医院) 临床生物信息学领域的硕士生
- ◆ 墨西哥共和国大学生物医学博士生 (博士)

Ribalta, Teresa 女士

- ◆ MD, Ph.D. 圣-琼-德-迪乌医院解剖病理科主任, 生物库
- ◆ Clínic医院解剖学病理服务部顾问
- ◆ 巴塞罗那大学病理学教授

Sánchez Rubio, Javier 先生

- ◆ 赫塔菲大学医院药学服务部

Olivas Varela, José Ángel 先生

- ◆ 信息技术和系统部副主任, 高等信息技术学院

Torres, Arnau Mir 先生

- ◆ 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

Soares, Felipe 先生

- ◆ 苹果公司的人工智能和机器学习工程师
- ◆ 巴塞罗那国家超级计算中心的文本挖掘研究工程师





Rueda Fernández, Daniel 先生

- ◆ 10月12日马德里大学医院研究部

Segura Ruiz, Víctor 先生

- ◆ 纳瓦拉大学CIMA (生物信息学平台), 单位主任

Vázquez García, Miguel 先生

- ◆ 基因组信息学组长
- ◆ 巴塞罗那超级计算中心

Velastegui Ordóñez, Alejandro 先生

- ◆ 肿瘤内科部门, Hospit

“

通过利用基因组肿瘤学项目提供的专业优势,改善对病人的护理”

05

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。





“

基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术专科文凭包含了市场上最完整和最新的科学方案”

模块1.用于大数据分析的机器学习

- 1.1. 机器学习简介
- 1.2. 问题呈现、数据加载和库
- 1.3. 数据清理 (NAS、类别、虚拟变量)
- 1.4. 探索性数据分析 (ggplot)+交叉验证
- 1.5. 预测算法:多元线性回归、支持向量机、回归树、随机森林等
- 1.6. 分类算法逻辑回归, 支持向量回归, 分类树, 随机森林
- 1.7. 调整算法的超参数
- 1.8. 用不同的模型进行数据预测
- 1.9. ROC曲线和混淆矩阵来评估模型的质量

模块2.应用于基因组学的数据挖掘

- 2.1. 简介
- 2.2. 变量的初始化
- 2.3. 文本清理和调节
- 2.4. 术语矩阵的生成
 - 2.4.1. 创建TDM术语矩阵
 - 2.4.2. TDM词汇矩阵的可视化
- 2.5. 术语矩阵的描述
 - 2.5.1. 频率的图形表示
 - 2.5.2. 构建词云
- 2.6. 创建一个具有K-NN功能的数据框架
- 2.7. 建立分类模型
- 2.8. 分类模型的验证
- 2.9. 癌症基因组学中数据挖掘的指导性实践练习





模块3.基因组数据挖掘技术

- 3.1. 搜集数据 "的介绍
- 3.2. 导入在线存储的电子表格数据文件
- 3.3. 刮取HTML文本
- 3.4. 刮取HTML表格数据
- 3.5. 利用API进行数据刮取
- 3.6. 提取相关信息
- 3.7. 在R中使用Rvest包
- 3.8. 获得分布在多个页面上的数据
- 3.9. 从 "我的癌症基因组 "平台上提取基因组数据
- 3.10. 从HGNC雨果基因命名委员会的数据库中提取基因信息
- 3.11. 从'ONCOCKG' (精确肿瘤学知识库) 数据库中提取药理数据

模块4.生物信息学在基因组肿瘤学中的应用

- 4.1. 基因变异的临床和药理丰富性
- 4.2. 大规模的PubMed基因组信息搜索
- 4.3. DGIdb基因组信息的大量搜索
- 4.4. 在Clinical Trials中大规模搜索基因组数据的临床试验
- 4.5. 基因相似性搜索,用于解释基因小组或外显子组
- 4.6. 大量搜索与某种疾病有关的基因
- 4.7. Enrich-Gen:临床和药理学基因富集平台
- 4.8. 精准肿瘤学时代的基因组报告程序

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了,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 学历

基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术专科文凭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”。

这个基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术**专科文凭**包含了市场上最完整和最新的科学课程。

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**专科文凭**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:**基因组肿瘤学中的机器学习和数据挖掘技术专科文凭**

官方学时:**600小时**



健康 信心 未来 人 导师
教育 信息 教学
保证 资格认证 学习
机构 社区 科技 承诺

tech 科学技术大学

专科文凭

基因组肿瘤学中的机器学习
学习和数据挖掘技术

- » 模式:在线
- » 时间:6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

专科文凭

基因组肿瘤学中的机器学习
和数据挖掘技术