

# Universitätsexperte

Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie

## Universitätsexperte

### Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

# Index

01

Präsentation

---

Seite 4

02

Ziele

---

Seite 8

03

Kursleitung

---

Seite 12

04

Struktur und Inhalt

---

Seite 18

05

Methodik

---

Seite 24

06

Qualifizierung

---

Seite 32

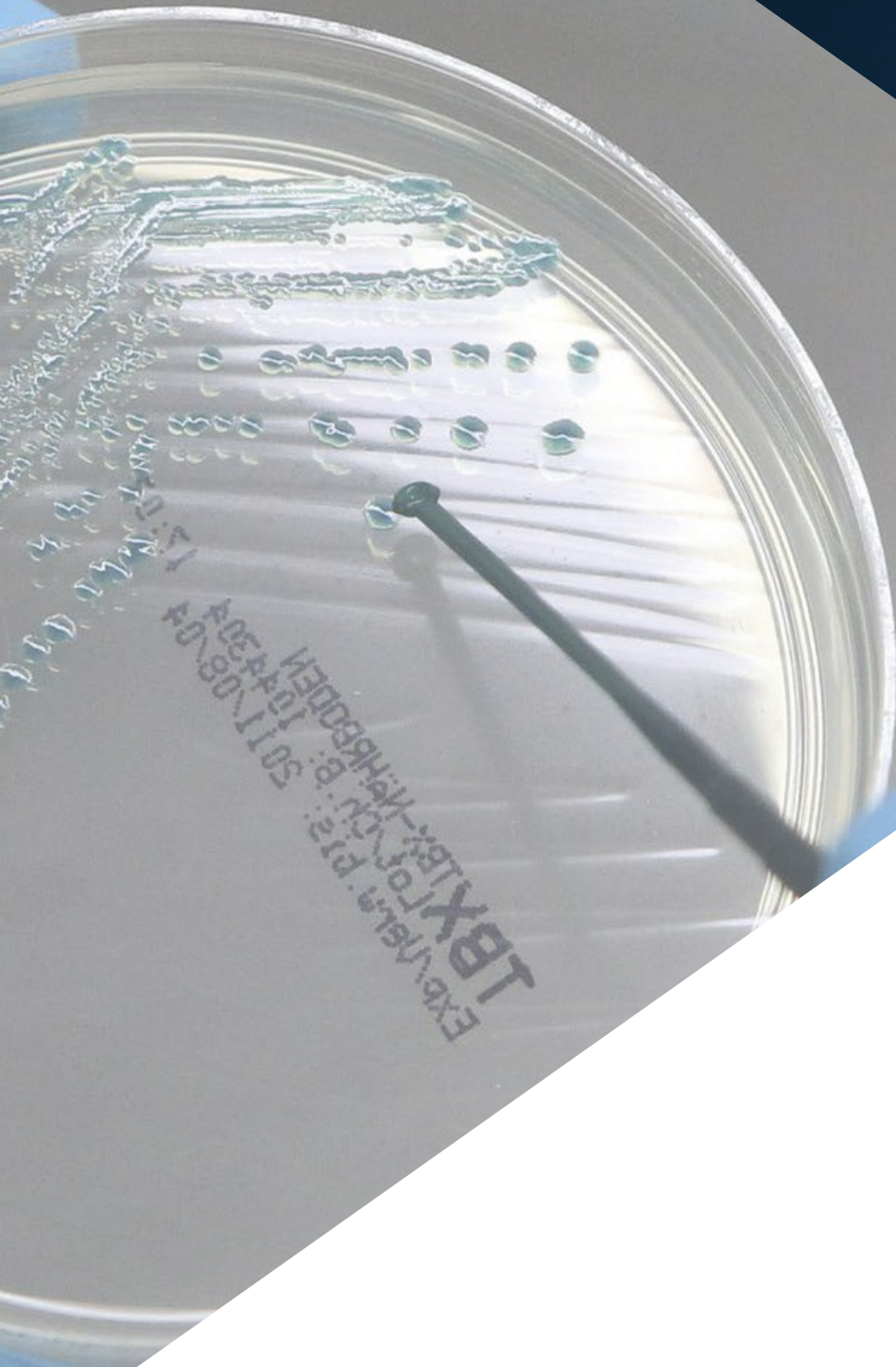


# 01

# Präsentation

Das Konzept der Genomik oder Präzisionsgenomik ist nicht ganz neu; Ärzte verwenden die Blutgruppe schon seit mehr als einem Jahrhundert, um Bluttransfusionen individuell anzupassen. Was heute anders ist, ist die rasche Zunahme genomischer Daten, die schnell und kostengünstig vom Patienten und der Allgemeinheit gesammelt werden können, und das Potenzial, aus der gemeinsamen Nutzung dieser Daten Erkenntnisse zu gewinnen.





“

*Dieser Universitätsexperte schafft ein Gefühl der Sicherheit bei der Ausübung der ärztlichen Tätigkeit, das Ihnen helfen wird, persönlich und beruflich zu wachsen"*

Der Umfang und die Komplexität genomischer Daten stellen die traditionell bei Labortests verwendeten Maße in den Schatten. In den letzten Jahren hat sich die Computertechnologie zur Analyse und Interpretation von DNA-Sequenzierungen enorm weiterentwickelt und eine Lücke zwischen biologischem Wissen und dessen Anwendung in der klinischen Praxis geschaffen. Es ist daher notwendig, diese Computertechniken zu vermitteln, zu verbreiten und in der medizinischen Gemeinschaft zu verankern, um die massive Analyse von Daten aus Veröffentlichungen, biologischen oder medizinischen Datenbanken und Krankenakten usw. zu interpretieren und so die auf klinischer Ebene verfügbaren biologischen Informationen zu bereichern.

Dieses maschinelle Lernen wird die Entwicklung der Präzisionsonkologie ermöglichen, um genomische Merkmale zu interpretieren und zielgerichtete Therapien zu finden oder um Risiken für bestimmte Krankheiten zu ermitteln und individuellere Präventionsmaßnahmen festzulegen. Ein grundlegendes Ziel des Programms ist es, den Studenten das Informatikwissen näher zu bringen und zu verbreiten, das bereits in anderen Wissensbereichen angewandt wird, aber in der medizinischen Welt nur wenig Anwendung findet. Und das, obwohl es für die Verwirklichung der genomischen Medizin notwendig ist, die riesige Menge an klinischen Informationen, die derzeit zur Verfügung stehen, genau zu interpretieren und sie mit den biologischen Daten zu verknüpfen, die nach einer bioinformatischen Analyse erzeugt werden. Dies ist zwar eine schwierige Aufgabe, aber sie wird es ermöglichen, die Auswirkungen genetischer Variationen und potenzieller Therapien schnell, kostengünstig und mit größerer Präzision zu erforschen, als dies derzeit möglich ist.

Der Mensch ist von Natur aus nicht in der Lage, genomische Sequenzen zu erkennen und zu interpretieren, alle Mechanismen, Wege und Wechselwirkungen innerhalb einer lebenden Zelle zu verstehen oder medizinische Entscheidungen zu treffen, die Dutzende oder Hunderte von Variablen betreffen. Um voranzukommen, ist ein System mit übermenschlichen Analysefähigkeiten erforderlich, das das Arbeitsumfeld vereinfacht und die Beziehungen und Zusammenhänge zwischen den Variablen aufzeigt. In der Genomik und Biologie ist man sich inzwischen darüber im Klaren, dass es besser ist, Ressourcen für neue Rechentechniken als für die reine Datenerfassung aufzuwenden, was möglicherweise auch für die Medizin und natürlich für die Onkologie gilt.

Dieser **Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt. Die wichtigsten Merkmale sind:

- ♦ Entwicklung von Fallstudien, die von Experten für den Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie vorgestellt werden
- ♦ Sein anschaulicher, schematischer und äußerst praktischer Inhalt liefert wissenschaftliche und praktische Informationen zu den Disziplinen, die für die berufliche Praxis unerlässlich sind
- ♦ Neuigkeiten über den Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie
- ♦ Er enthält praktische Übungen, bei denen der Selbstbewertungsprozess zur Verbesserung des Lernens genutzt werden kann
- ♦ Mit besonderem Schwerpunkt auf innovativen Methoden bei der Verwendung von Linux und der Programmiersprache R für die Onkologie
- ♦ Ergänzt wird dies durch theoretische Vorträge, Fragen an den Experten, Diskussionsforen zu kontroversen Themen und individuelle Reflexionsarbeit
- ♦ Verfügbarkeit der Inhalte von jedem festen oder tragbaren Gerät mit Internetanschluss



*Aktualisieren Sie Ihr Wissen mit dem  
Universitätsexperten in Einsatz von  
Linux und der Programmiersprache  
R in der Onkologie"*



“

*Dieser Experte kann aus zwei Gründen die beste Investition sein, die Sie bei der Auswahl eines Fortbildungsprogramms tätigen können: Sie aktualisieren nicht nur Ihre Kenntnisse in der Verwendung von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie, sondern erhalten auch einen Abschluss der TECH Technologischen Universität"*

Zu den Lehrkräften gehören Fachleute aus dem Bereich der Verwendung von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie, die ihre Erfahrungen in diese Spezialisierung einbringen, sowie anerkannte Spezialisten, die zu Referenzgesellschaften und renommierten Universitäten gehören.

Dank der multimedialen Inhalte, die mit der neuesten Bildungstechnologie entwickelt wurden, wird der Fachkraft ein situiertes und kontextbezogenes Lernen ermöglicht werden, d.h. eine simulierte Umgebung, die ein immersives Lernen in realen Situationen ermöglicht.

Das Programm ist auf problemorientiertes Lernen ausgerichtet, bei dem die Studenten versuchen werden, die verschiedenen Situationen aus der beruflichen Praxis zu lösen, die während des Kurses auftreten. Dabei wird der Student durch ein neuartiges interaktives Videosystem unterstützt werden, das von renommierten Experten auf dem Gebiet des Einsatzes von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie mit umfangreicher Lehrerfahrung entwickelt wurde.

*Steigern Sie Ihr Selbstvertrauen bei der Entscheidungsfindung, indem Sie Ihr Wissen mit diesem Universitätsexperten auf den neuesten Stand bringen.*

*Nutzen Sie die Gelegenheit, sich über die neuesten Fortschritte bei dem Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie zu informieren und die Versorgung Ihrer Patienten zu verbessern.*

```

00000000 00000005 c03a7000
00000040 00000000 00000b1c
00000138 000001d0 00000002 000001d0
pages_kswpd [kernel] 0x204 (0xc82e1fa
0xc82e1fd0)
(0xc82e1fe4)
nelper [kernel] 0x5 (0xc82e1ff0)
d2 2b c0 e9 2a f7 ff ff b8 04 00 00 00 e8 e9
Fatal exception

```

# 02 Ziele

Der Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie zielt darauf ab, die Arbeit des Arztes zu erleichtern, der sich der Behandlung der onkologischen Pathologie widmet, bei der es notwendig ist, die riesige Menge an klinischen Informationen, die derzeit verfügbar sind, genau zu interpretieren und sie mit den biologischen Daten zu verbinden, die nach einer bioinformatischen Analyse erzeugt werden.







“

*Dieser Universitats­experte soll Ihnen helfen, Ihre Kenntnisse im Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie auf den neuesten Stand zu bringen, um mit Qualitat und Sicherheit zur Entscheidungsfindung beizutragen"*



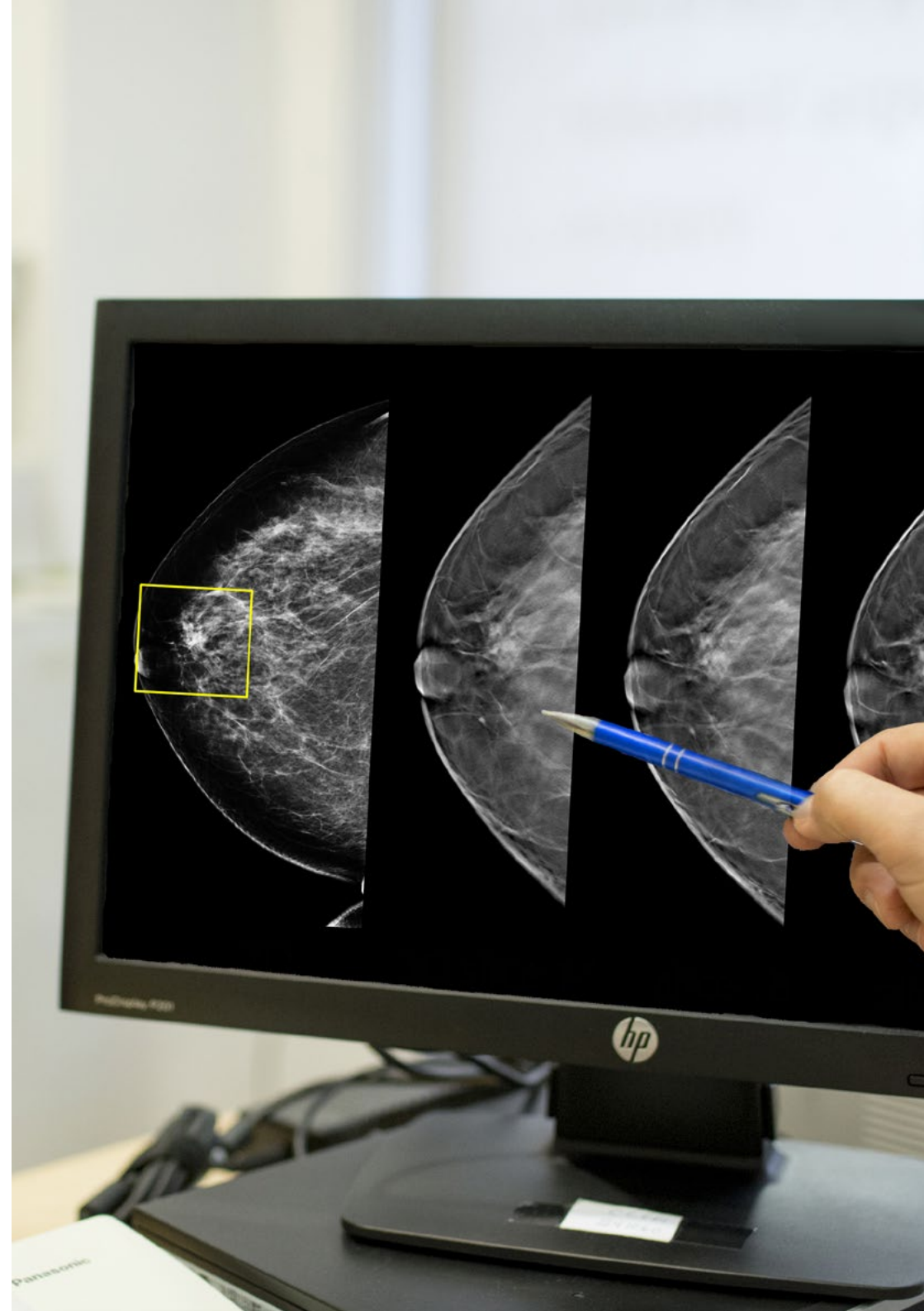
## Allgemeines Ziel

---

- In der Lage sein, die Menge an klinischen Informationen, die derzeit verfügbar sind und mit biologischen Daten, die nach einer bioinformatischen Analyse generiert wurden, in Verbindung stehen, genau zu interpretieren



*Nutzen Sie die Gelegenheit und machen Sie den Schritt, sich über die neuesten Entwicklungen im Bereich Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie zu informieren*





## Spezifische Ziele

---

### Modul 1. Einsatz von Unix und Linux in der Bioinformatik

- ♦ Kennen des Betriebssystem Linux, das derzeit in der wissenschaftlichen Welt sowohl für die Interpretation von biologischen Daten aus der Sequenzierung als auch für das medizinische Textmining bei großen Datenmengen von grundlegender Bedeutung ist
- ♦ Vermitteln der Grundlagen für den Zugriff auf einen Linux-Server und das Auffinden und Installieren von Paketen zur lokalen Installation von Software
- ♦ Erlernen der grundlegenden Linux-Befehle zum Erstellen, Umbenennen, Verschieben und Löschen von Verzeichnissen, Auflisten, Lesen, Erstellen, Bearbeiten, Kopieren und Löschen von Dateien
- ♦ Verstehen, wie Berechtigungen funktionieren und wie man die kryptischsten Linux-Berechtigungen mit Leichtigkeit entschlüsselt

### Modul 2. Datenanalyse in Big Data-Projekten: Programmiersprache R

- ♦ Erörtern des Umstands, dass die Einführung von Next Generation Sequencing (NGS) in der Diagnostik zahlreiche Fragen hinsichtlich der Identifizierung und Meldung von Varianten in sekundären Genen für die Pathologie von Patienten aufwirft
- ♦ Kennenlernen der Programmiersprache R, die den Vorteil hat, eine Open-Source-Programmiersprache zu sein, und über mehrere statistische Analysepakete verfügt
- ♦ Erlernen grundlegender R-Programmierkonzepte wie Datentypen, Vektorarithmetik und Indizierung
- ♦ Durchführen von Operationen in R, einschließlich Klassifizieren, Erstellen oder Importieren von Daten

- ♦ Lernen, wie die Lösung eines Problems mit einer modularen Zerlegung beginnt und dann weitere Zerlegungen jedes Moduls in einem Prozess, der als sukzessive Verfeinerung bezeichnet wird
- ♦ Erlernen der Grundlagen der statistischen Inferenz, um p-Werte und Konfidenzintervalle bei der Datenanalyse mit R zu verstehen und zu berechnen
- ♦ Bereitstellen von Beispielen für die R-Programmierung in einer Art und Weise, die den Zusammenhang zwischen Konzepten und Implementierung verdeutlicht

### Modul 3. Statistische Analyse in R

- ♦ Beschreiben der am besten geeigneten statistischen Verfahren als Alternative, wenn die Daten nicht mit den Annahmen des Standardansatzes übereinstimmen
- ♦ Erlernen der Grundlagen der Durchführung reproduzierbarer Forschung mit Hilfe von R-Skripten zur Datenanalyse

### Modul 4. Grafische Umgebung in R

- ♦ Verwenden von Visualisierungstechniken zur Erkundung neuer Datensätze und zur Ermittlung des am besten geeigneten Ansatzes
- ♦ Erlernen der Visualisierung von Daten, um Informationen zu extrahieren, Daten besser zu verstehen und effektivere Entscheidungen zu treffen
- ♦ Vermitteln der Fähigkeit, Daten, die auf den ersten Blick wenig aussagekräftig sind, in einer für die Analyse sinnvollen Form visuell darzustellen
- ♦ Erlernen des Umgangs mit den drei wichtigsten Diagrammquellen in R: base, lattice und ggplot2
- ♦ Wissen, worauf die einzelnen Grafikpakete basieren, um zu bestimmen, welches zu verwenden ist und welche Vorteile das eine oder das andere bietet



# 03

## Kursleitung

Zu den Lehrkräften des Programms gehören führende Spezialisten für den Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie, die ihre Erfahrungen in diese Spezialisierung einbringen. Darüber hinaus sind weitere anerkannte Fachleute an der Konzeption und Ausarbeitung beteiligt, die das Programm auf interdisziplinäre Weise vervollständigen.





“

*Lernen Sie von führenden Fachleuten die neuesten Fortschritte beim Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie kennen"*

## Leitung



### Dr. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- Leiter der medizinisch-onkologischen Abteilung am Universitätskrankenhaus Rey Juan Carlos
- Research Visitors at University of Southampton
- Universitärer Masterstudiengang in Bioinformatik und Biostatistik UOC-UB
- Masterstudiengang in Bioinformatik-Analyse an der Universität Pablo Olavide
- Doktor der Medizin an der Universität Complutense von Madrid. Prädikat Hervorragend cum laude
- Mitglied der spanischen Gesellschaft für medizinische Onkologie und der GECP-Gruppe (Spanische Lungenkrebsgruppe)
- Facharzt (MIR) für medizinische Onkologie, Universitätskrankenhaus San Carlos, Madrid
- Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Universität von Navarra





### **Hr. Krallinger, Martin**

- ♦ Leiter der Einheit für Text Mining am Spanischen Nationalen Krebsforschungszentrum (CNIO)
- ♦ Abschluss des Auswahlverfahrens für die Stelle des Leiters der Einheit für Text Mining am Barcelona Supercomputing Centre (BSC)
- ♦ Experte auf dem Gebiet des biomedizinischen und klinischen Text Mining und der linguistischen Technologien
- ♦ Experte für gezielte Text Mining-Anwendungen für Arzneimittelsicherheit, molekulare Systembiologie und Onkologie
- ♦ Beteiligung an der Implementierung und Evaluierung von biomedizinischen Named-Entity-Recognition-Komponenten, Informationsextraktionssystemen und der semantischen Indexierung großer Datensätze heterogener Dokumenttypen
- ♦ Beteiligung an der Entwicklung des ersten Metaservers für biomedizinische Textannotation (biocreative meta-server - BCMS) und des BeCalm-Metaserver
- ♦ Organisator der BioCreative Community Evaluation Challenges für die Evaluierung von Werkzeugen zur Verarbeitung natürlicher Sprache
- ♦ Beteiligung an der Organisation von biomedizinischen Textmining-Aufgaben in verschiedenen internationalen Community Challenges, darunter IberEval und CLEF

## Professoren

### Dr. Alberich Martí, Ricardo

- ♦ Universitätsprofessor, Mathematik und Informatik (Direktor)
- ♦ Informatik und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln

### Dr. Burón Fernández, María Rosario

- ♦ Abteilung für Innere Medizin
- ♦ Universitätskrankenhaus Infanta Cristina

### Dr. Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ Universitätsdozent für mathematische Wissenschaften und Informatik, Informatik und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln

### Hr. Torres, Arnau Mir

- ♦ Universitätsprofessor für mathematische Wissenschaften und Informatik, Computerwissenschaften und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln





“

*Eine einzigartige, wichtige und entscheidende  
Spezialisierungserfahrung zur Förderung Ihrer  
beruflichen Entwicklung”*



# 04

## Struktur und Inhalt

Die Struktur der Inhalte wurde von einem Team von Fachleuten aus den besten Bildungszentren, Universitäten und Unternehmen in Spanien entworfen, die sich der Relevanz der aktuellen Spezialisierung bewusst sind, um in der Lage zu sein, in die Fortbildung und Unterstützung der Studenten einzugreifen, und die sich der Qualität des Unterrichts durch neue Bildungstechnologien verschrieben haben.





“

*Dieser Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt”*

## Modul 1. Einsatz von Unix und Linux in der Bioinformatik

- 1.1. Einführung in das Linux-Betriebssystem
  - 1.1.1. Was ist ein Betriebssystem?
  - 1.1.2. Die Vorteile der Verwendung von Linux
- 1.2. Linux-Umgebung und Installation
  - 1.2.1. Linux-Distributionen?
  - 1.2.2. Linux-Installation über einen USB-Stick
  - 1.2.3. Linux-Installation mit CD-ROM
  - 1.2.4. Linux-Installation über eine virtuelle Maschine
- 1.3. Die Befehlszeile
  - 1.3.1. Einführung
  - 1.3.2. Was ist eine Befehlszeile?
  - 1.3.3. Arbeiten am Terminal
  - 1.3.4. Shell, Bash
- 1.4. Grundlegende Navigation
  - 1.4.1. Einführung
  - 1.4.2. Wie erfährt man den aktuellen Standort?
  - 1.4.3. Absolute und relative Routen
  - 1.4.4. Wie bewegt man sich im System?
- 1.5. Datei-Manipulation
  - 1.5.1. Einführung
  - 1.5.2. Wie erstellt man ein Verzeichnis?
  - 1.5.3. Wie wechselt man in ein Verzeichnis?
  - 1.5.4. Wie erstellt man eine leere Datei?
  - 1.5.5. Kopieren einer Datei und eines Verzeichnisses
  - 1.5.6. Löschen einer Datei und eines Verzeichnisses
- 1.6. Texteditor VI
  - 1.6.1. Einführung
  - 1.6.2. Wie kann man aufzeichnen und beenden?
  - 1.6.3. Wie navigiert man im Texteditor vi durch eine Datei?
  - 1.6.4. Löschen des Inhalts
  - 1.6.5. Der Befehl Rückgängig (undo)
- 1.7. Wildcards
  - 1.7.1. Einführung
  - 1.7.2. Was sind Wildcards?
  - 1.7.3. Beispiele mit Wildcards
- 1.8. Zugriffsrechte
  - 1.8.1. Einführung
  - 1.8.2. Wie kann man die Zugriffsrechte für eine Datei anzeigen?
  - 1.8.3. Wie kann man die Zugriffsrechte ändern?
  - 1.8.4. Zugriffsrechte-Einstellungen
  - 1.8.5. Zugriffsrechte für Verzeichnisse
  - 1.8.6. Der Benutzer "Root"
- 1.9. Filter
  - 1.9.1. Einführung
  - 1.9.2. *Head*
  - 1.9.3. *Tail*
  - 1.9.4. *Sort*
  - 1.9.5. *nl*
  - 1.9.6. *wc*
  - 1.9.7. *Cut*
  - 1.9.8. *Sed*
  - 1.9.9. *Uniq*
  - 1.9.10. *Tac*
  - 1.9.11. Andere Filter
- 1.10. Grep und reguläre Begriffe
  - 1.10.1. Einführung
  - 1.10.2. eGrep
  - 1.10.3. Reguläre Begriffe
  - 1.10.4. Einige Beispiele
- 1.11. Pipelines und Umleitung
  - 1.11.1. Einführung
  - 1.11.2. Umleitung in eine Datei
  - 1.11.3. Speichern in einer Datei
  - 1.11.4. Umleitung aus einer Datei
  - 1.11.5. Umleitung STDERR
  - 1.11.6. Pipelines



- 1.12. Prozess-Management
  - 1.12.1. Einführung
  - 1.12.2. Aktive Prozesse
  - 1.12.3. Beenden eines fehlerhaften Prozesses
  - 1.12.4. Arbeiten im Vorder- und Hintergrund
- 1.13. Bash
  - 1.13.1. Einführung
  - 1.13.2. Wichtige Punkte
  - 1.13.3. Warum das ./ ?
  - 1.13.4. Variablen
  - 1.13.5. Die Stellungnahmen

## Modul 2. Datenanalyse in Big Data-Projekten: Programmiersprache R

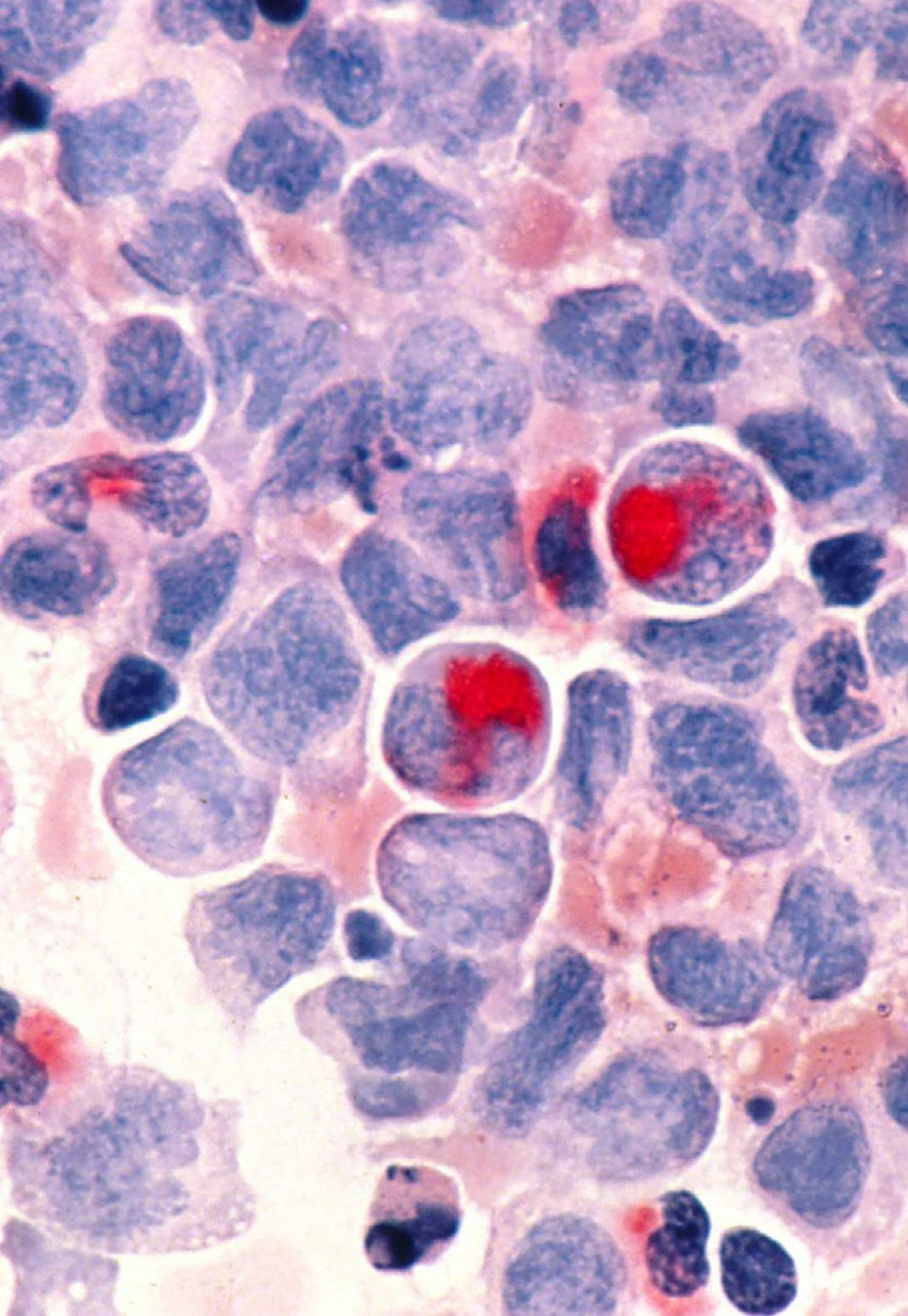
- 2.1. Einführung in die Programmiersprache R
  - 2.1.1. Was ist R?
  - 2.1.2. Installation von R und der grafischen Benutzeroberfläche von R
  - 2.1.3. Pakete
    - 2.1.3.1. Standard-Pakete
    - 2.1.3.2. Beigetragene Pakete und CRAN
- 2.2. Grundlegende Merkmale von R
  - 2.2.1. Die R-Umgebung
  - 2.2.2. Zugehörige Software und Dokumentation
  - 2.2.3. R und Statistik
  - 2.2.4. R und das Fenstersystem
  - 2.2.5. R interaktiv nutzen
  - 2.2.6. Eine einführende Sitzung
  - 2.2.7. Hilfe zu Funktionen und Merkmalen erhalten
  - 2.2.8. R-Befehle, Groß- und Kleinschreibung, usw.
  - 2.2.9. Abrufen und Korrigieren von früheren Befehlen
  - 2.2.10. Ausführen von Befehlen oder Umleiten der Ausgabe in eine Datei
  - 2.2.11. Dauerhaftigkeit der Daten und Löschung der Objekte



- 2.3. R Objekttypen
  - 2.3.1. Einfache Manipulationen; Zahlen und Vektoren
    - 2.3.1.1. Vektoren und Zuordnung
    - 2.3.1.2. Vektorielle Arithmetik
    - 2.3.1.3. Erzeugen von regelmäßigen Sequenzen
    - 2.3.1.4. Logische Vektoren
    - 2.3.1.5. Verlorene Werte
    - 2.3.1.6. Zeichen-Vektoren
    - 2.3.1.7. Index-Vektoren
      - 2.3.1.7.1. Auswählen und Ändern von Teilmengen eines Datensatzes
    - 2.3.1.8. Andere Objekttypen
  - 2.3.2. Objekte, ihre Modi und Attribute
    - 2.3.2.1. Intrinsische Attribute: Modus und Länge
    - 2.3.2.2. Ändern der Länge eines Objekts
    - 2.3.2.3. Beschaffung und Einstellung von Attributen
    - 2.3.2.4. Die Klasse eines Objekts
  - 2.3.3. Geordnete und nicht geordnete Faktoren
    - 2.3.3.1. Ein spezifisches Beispiel
    - 2.3.3.2. Die Funktion `tapply()` und ungleiche Matrizen
    - 2.3.3.3. Geordnete Faktoren
  - 2.3.4. Matrizen
    - 2.3.4.1. Matrizen
    - 2.3.4.2. Indizierung von Matrizen. Unterabschnitte einer Matrix
    - 2.3.4.3. Index-Matrizen
    - 2.3.4.4. Die `Array`-Funktion `()`
    - 2.3.4.5. Gemischte Arithmetik von Vektoren und Arrays. Die Recycling-Regel
    - 2.3.4.6. Das äußere Produkt von zwei Matrizen
    - 2.3.4.7. Verallgemeinerte Transponierung einer Matrix
    - 2.3.4.8. Matrix-Multiplikation
    - 2.3.4.9. Eigenwerte und Eigenvektoren
    - 2.3.4.10. Singulärwert-Zerlegung und Determinanten
    - 2.3.4.11. Bildung von partitionierten Matrizen, `cbind()` und `rbind()`
    - 2.3.4.12. Die Verkettungsfunktion, `c()`, mit Matrizen
  - 2.3.5. Faktor-Häufigkeitstabellen
  - 2.3.6. Listen
    - 2.3.6.1. Erstellen und Ändern von Listen
    - 2.3.6.2. Verkettung von Listen
  - 2.3.7. *Dataframes*
    - 2.3.7.1. Wie erstellt man *Dataframes*?
    - 2.3.7.2. `Attach()` und `Detach()`
    - 2.3.7.3. Arbeiten mit *Dataframes*
- 2.4. Lesen und Schreiben von Daten
  - 2.4.1. Die Funktion `read.table()`
  - 2.4.2. Die Funktion `scan()`
  - 2.4.3. Zugang zu eingebetteten Datensätzen
  - 2.4.4. Laden von Daten aus anderen R-Paketen
  - 2.4.5. Bearbeitung der Daten
- 2.5. Gruppierung, Schleifen und bedingte Ausführung
  - 2.5.1. Gruppierte Begriffe
  - 2.5.2. Kontrollanweisungen
    - 2.5.2.1. Bedingte Ausführung: *if*-Anweisungen
    - 2.5.2.2. Wiederholte Ausführung: *for*-Schleifen, Wiederholungen und Zeitsteuerung
- 2.6. Eigene Funktionen schreiben
  - 2.6.1. Einfache Beispiele
  - 2.6.2. Definition neuer binärer Operatoren
  - 2.6.3. Argumente mit Namen und Standardwerten
  - 2.6.4. Das `"..."`-Argument
  - 2.6.5. Zuweisungen innerhalb von Funktionen

### Modul 3. Statistische Analyse in R

- 3.1. Diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilungen
- 3.2. Kontinuierliche Wahrscheinlichkeitsverteilungen
- 3.3. Einführung in Inferenz und Stichprobenverfahren (Punktschätzung)
- 3.4. Konfidenzintervalle
- 3.5. Hypothesenprüfung
- 3.6. Einfaktorielle ANOVA
- 3.7. Anpassungsfähigkeit (Chi-Quadrat-Test)
- 3.8. *Fitdist*-Paket
- 3.9. Einführung in die multivariate Statistik



## Modul 4. Grafische Umgebung in R

- 4.1. Grafische Verfahren
  - 4.1.1. Hochrangige Plotbefehle
    - 4.1.1.1. Die Funktion `plot()`
    - 4.1.1.2. Anzeige von multivariaten Daten
    - 4.1.1.3. Bildschirmdarstellungen
    - 4.1.1.4. Argumente für High-Level-Plotting-Funktionen
  - 4.1.2. Low-Level Plotting-Befehle
    - 4.1.2.1. Mathematische Annotation
    - 4.1.2.2. Hershey Vektor-Schriftarten
  - 4.1.3. Interaktion mit Grafiken
  - 4.1.4. Verwendung der grafischen Parameter
    - 4.1.4.1. Permanente Änderungen: die Funktion `par()`
    - 4.1.4.2. Zeitliche Veränderungen: Argumente für grafische Funktionen
  - 4.1.5. Liste der grafischen Parameter
    - 4.1.5.1. Grafische Elemente
    - 4.1.5.2. Achsen und Markierungen
    - 4.1.5.3. Ränder der Abbildung
    - 4.1.5.4. Umgebung mit mehreren Abbildungen
  - 4.1.6. Deskriptive Statistik: Grafische Darstellungen

# 05 Methodik

Dieses Fortbildungsprogramm bietet eine andere Art des Lernens. Unsere Methodik wird durch eine zyklische Lernmethode entwickelt: **das Relearning**.

Dieses Lehrsystem wird z. B. an den renommiertesten medizinischen Fakultäten der Welt angewandt und wird von wichtigen Publikationen wie dem **New England Journal of Medicine** als eines der effektivsten angesehen.





“

*Entdecken Sie Relearning, ein System, das das herkömmliche lineare Lernen aufgibt und Sie durch zyklische Lehrsysteme führt: eine Art des Lernens, die sich als äußerst effektiv erwiesen hat, insbesondere in Fächern, die Auswendiglernen erfordern"*



## Bei TECH verwenden wir die Fallmethode

Was sollte eine Fachkraft in einer bestimmten Situation tun? Während des gesamten Programms werden die Studenten mit mehreren simulierten klinischen Fällen konfrontiert, die auf realen Patienten basieren und in denen sie Untersuchungen durchführen, Hypothesen aufstellen und schließlich die Situation lösen müssen. Es gibt zahlreiche wissenschaftliche Belege für die Wirksamkeit der Methode. Fachkräfte lernen mit der Zeit besser, schneller und nachhaltiger.

*Mit TECH werden Sie eine Art des Lernens erleben, die die Grundlagen der traditionellen Universitäten in der ganzen Welt verschiebt.*



Nach Dr. Gérvas ist der klinische Fall die kommentierte Darstellung eines Patienten oder einer Gruppe von Patienten, die zu einem "Fall" wird, einem Beispiel oder Modell, das eine besondere klinische Komponente veranschaulicht, sei es wegen seiner Lehrkraft oder wegen seiner Einzigartigkeit oder Seltenheit. Es ist wichtig, dass der Fall auf dem aktuellen Berufsleben basiert und versucht, die realen Bedingungen in der beruflichen Praxis des Arztes nachzustellen.

“

*Wussten Sie, dass diese Methode im Jahr 1912 in Harvard, für Jurastudenten entwickelt wurde? Die Fallmethode bestand darin, ihnen reale komplexe Situationen zu präsentieren, in denen sie Entscheidungen treffen und begründen mussten, wie sie diese lösen könnten. Sie wurde 1924 als Standardlehrmethode in Harvard eingeführt“*

Die Wirksamkeit der Methode wird durch vier Schlüsselergebnisse belegt:

1. Schüler, die dieser Methode folgen, erreichen nicht nur die Aufnahme von Konzepten, sondern auch eine Entwicklung ihrer geistigen Kapazität, durch Übungen, die die Bewertung von realen Situationen und die Anwendung von Wissen beinhalten.
2. Das Lernen basiert auf praktischen Fähigkeiten, die es den Studierenden ermöglichen, sich besser in die reale Welt zu integrieren.
3. Eine einfachere und effizientere Aufnahme von Ideen und Konzepten wird durch die Verwendung von Situationen erreicht, die aus der Realität entstanden sind.
4. Das Gefühl der Effizienz der investierten Anstrengung wird zu einem sehr wichtigen Anreiz für die Studenten, was sich in einem größeren Interesse am Lernen und einer Steigerung der Zeit, die für die Arbeit am Kurs aufgewendet wird, niederschlägt.



## Relearning Methodik

TECH kombiniert die Methodik der Fallstudien effektiv mit einem 100%igen Online-Lernsystem, das auf Wiederholung basiert und in jeder Lektion 8 verschiedene didaktische Elemente kombiniert.

Wir ergänzen die Fallstudie mit der besten 100%igen Online-Lehrmethode: Relearning.



*Die Fachkraft lernt anhand realer Fälle und der Lösung komplexer Situationen in simulierten Lernumgebungen. Diese Simulationen werden mit modernster Software entwickelt die ein immersives Lernen ermöglicht.*



Die Relearning-Methode, die an der Spitze der weltweiten Pädagogik steht, hat es geschafft, die Gesamtzufriedenheit der Fachleute, die ihr Studium abgeschlossen haben, im Hinblick auf die Qualitätsindikatoren der besten spanischsprachigen Online-Universität (Columbia University) zu verbessern.

Mit dieser Methode wurden mehr als 250.000 Ärzte mit beispiellosem Erfolg in allen klinischen Fachgebieten ausgebildet, unabhängig von der chirurgischen Belastung. Unsere Lehrmethodik wurde in einem sehr anspruchsvollen Umfeld entwickelt, mit einer Studentenschaft, die ein hohes sozioökonomisches Profil und ein Durchschnittsalter von 43,5 Jahren aufweist.

*Das Relearning ermöglicht es Ihnen, mit weniger Aufwand und mehr Leistung zu lernen, sich mehr auf Ihre Spezialisierung einzulassen, einen kritischen Geist zu entwickeln, Argumente zu verteidigen und Meinungen zu kontrastieren: eine direkte Gleichung zum Erfolg.*

In unserem Programm ist das Lernen kein linearer Prozess, sondern erfolgt in einer Spirale (lernen, verlernen, vergessen und neu lernen). Daher wird jedes dieser Elemente konzentrisch kombiniert.

Die Gesamtnote des TECH-Lernsystems beträgt 8,01 und entspricht den höchsten internationalen Standards.





Dieses Programm bietet die besten Lehrmaterialien, die sorgfältig für Fachleute aufbereitet sind:



#### Studienmaterial

Alle didaktischen Inhalte werden von den Fachleuten, die den Kurs unterrichten werden, speziell für den Kurs erstellt, so dass die didaktische Entwicklung wirklich spezifisch und konkret ist.

Diese Inhalte werden dann auf das audiovisuelle Format angewendet, um die TECH-Online-Arbeitsmethode zu schaffen. Und das alles mit den neuesten Techniken, die dem Studenten qualitativ hochwertige Stücke aus jedem einzelnen Material zur Verfügung stellen.



#### Chirurgische Techniken und Verfahren auf Video

TECH bringt den Studenten die neuesten Techniken, die neuesten pädagogischen Fortschritte und die modernsten medizinischen Verfahren näher. All dies in der ersten Person, mit äußerster Strenge, erklärt und detailliert, um zur Assimilierung und zum Verständnis des Studierenden beizutragen. Und das Beste ist, dass Sie ihn so oft anschauen können, wie Sie wollen.



#### Interaktive Zusammenfassungen

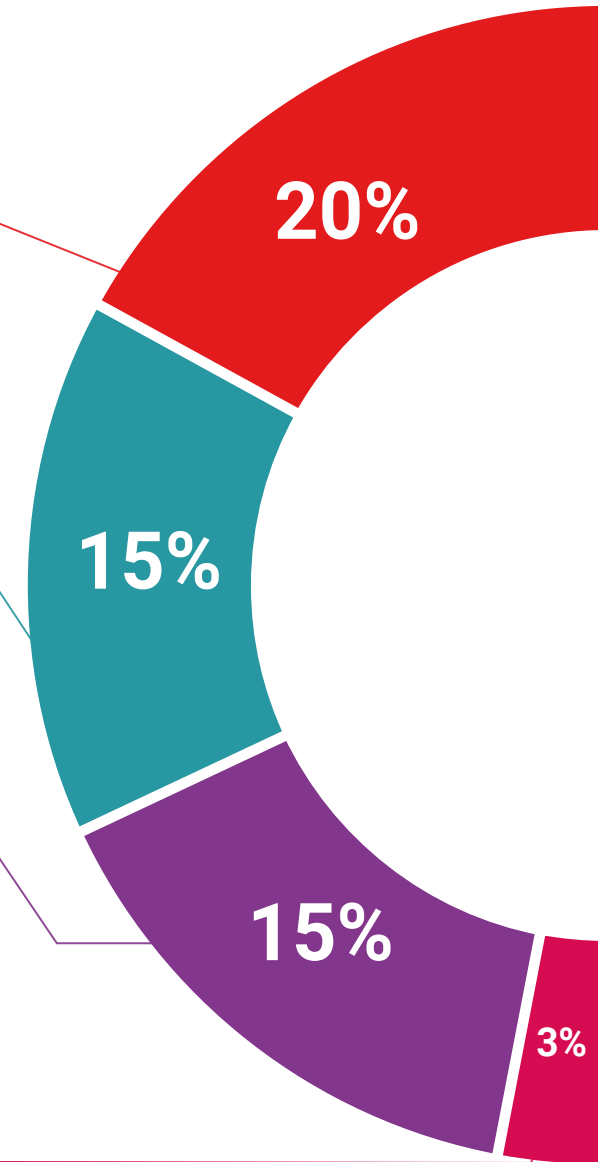
Das TECH-Team präsentiert die Inhalte auf attraktive und dynamische Weise in multimedialen Pillen, die Audios, Videos, Bilder, Diagramme und konzeptionelle Karten enthalten, um das Wissen zu vertiefen.

Dieses einzigartige Bildungssystem für die Präsentation multimedialer Inhalte wurde von Microsoft als "europäische Erfolgsgeschichte" ausgezeichnet.



#### Weitere Lektüren

Aktuelle Artikel, Konsensdokumente und internationale Leitfäden, u.a. In der virtuellen Bibliothek von TECH haben die Studenten Zugang zu allem, was sie für ihre Ausbildung benötigen.





### Von Experten geleitete und von Fachleuten durchgeführte Fallstudien

Effektives Lernen muss notwendigerweise kontextabhängig sein. Aus diesem Grund stellt TECH die Entwicklung von realen Fällen vor, in denen der Experte den Studierenden durch die Entwicklung der Aufmerksamkeit und die Lösung verschiedener Situationen führt: ein klarer und direkter Weg, um den höchsten Grad an Verständnis zu erreichen.



### Prüfung und Nachprüfung

Die Kenntnisse der Studenten werden während des gesamten Programms regelmäßig durch Bewertungs- und Selbsteinschätzungsaktivitäten und -übungen beurteilt und neu bewertet, so dass die Studenten überprüfen können, wie sie ihre Ziele erreichen.



### Meisterklassen

Es gibt wissenschaftliche Belege für den Nutzen der Beobachtung durch Dritte: Lernen von einem Experten stärkt das Wissen und die Erinnerung und schafft Vertrauen für künftige schwierige Entscheidungen.



### Leitfäden für Schnellmaßnahmen

TECH bietet die wichtigsten Inhalte des Kurses in Form von Arbeitsblättern oder Kurzanleitungen an. Ein synthetischer, praktischer und effektiver Weg, um den Studierenden zu helfen, in ihrem Lernen voranzukommen.



06

# Qualifizierung

Der Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie garantiert neben der strengsten und aktuellsten Ausbildung auch den Zugang zu einem von der TECH Technologischen Universität ausgestellten Diplom.



“

*Schließen Sie dieses Programm erfolgreich ab  
und erhalten Sie Ihren Universitätsabschluss  
ohne lästige Reisen oder Formalitäten"*



Dieser **Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt.

Sobald der Student die Prüfungen bestanden hat, erhält er/sie per Post\* mit Empfangsbestätigung das entsprechende Diplom, ausgestellt von der **TECH Technologischen Universität**.

Das von **TECH Technologische Universität** ausgestellte Diplom drückt die erworbene Qualifikation aus und entspricht den Anforderungen, die in der Regel von Stellenbörsen, Auswahlprüfungen und Berufsbildungsausschüssen verlangt werden.

Titel: **Universitätsexperte in Einsatz von Linux und der Programmiersprache R in der Onkologie**

Anzahl der offiziellen Arbeitsstunden: **475 Std.**



\*Haager Apostille. Für den Fall, dass der Student die Haager Apostille für sein Papierdiplom beantragt, wird TECH EDUCATION die notwendigen Vorkehrungen treffen, um diese gegen eine zusätzliche Gebühr zu beschaffen.

zukunft

gesundheit vertrauen menschen  
erziehung information tutoren  
garantie akkreditierung unterricht  
institutionen technologie lernen  
gemeinschaft verpflichtung  
persönliche betreuung innovation  
wissen gegenwart qualität  
online-Ausbildung  
entwicklung institut  
virtuelles Klassenzimmer

**tech** technologische  
universität

### Universitätsexperte

Einsatz von Linux und der  
Programmiersprache R in  
der Onkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

# Universitätsexperte

Einsatz von Linux und der  
Programmiersprache R in  
der Onkologie

