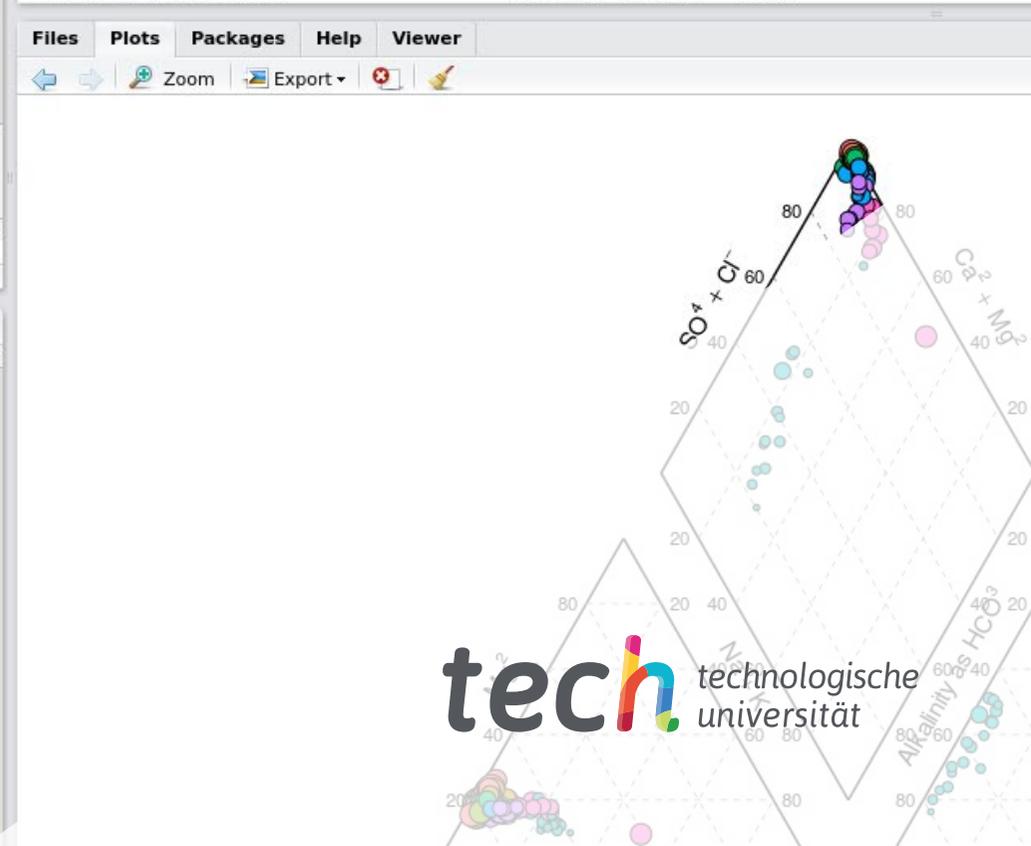


Universitätskurs

Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie

```
..._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)  
...Je 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)
```





Universitätskurs

Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 2 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Internetzugang: www.techtitude.com/de/medizin/universitatskurs/programmiersprache-r-genomischen-onkologie

Index

01

Präsentation

Seite 4

02

Ziele

Seite 8

03

Kursleitung

Seite 12

04

Struktur und Inhalt

Seite 18

05

Methodik

Seite 22

06

Qualifizierung

Seite 30

01

Präsentation

Das Konzept der Genom- oder Präzisionsonkologie ist nicht ganz neu: Seit mehr als einem Jahrhundert verwenden Ärzte die Blutgruppe, um Bluttransfusionen individuell anzupassen. Was heute anders ist, ist die rasche Zunahme genomischer Daten, die schnell und kostengünstig von Patienten und der Allgemeinheit gesammelt werden können, und das Potenzial, aus der gemeinsamen Nutzung dieser Daten Erkenntnisse zu gewinnen. Der Umfang und die Komplexität genomischer Daten stellen die traditionell bei Labortests verwendeten Maße in den Schatten.



“

Verbessern Sie Ihre Kenntnisse in der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie durch dieses Programm, in dem Sie das beste didaktische Material mit realen klinischen Fällen finden werden. Erfahren Sie hier mehr über die neuesten Fortschritte im Fachgebiet um eine qualitativ hochwertige medizinische Praxis ausüben zu können”

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.

Es gibt Millionen von Daten oder Veröffentlichungen, aber wenn sie von Ärzten oder Biologen analysiert werden, sind die Schlussfolgerungen völlig subjektiv und in Bezug auf die verfügbaren Veröffentlichungen oder Daten, die willkürlich priorisiert werden. Dadurch entsteht Teilwissen und natürlich eine zunehmende Distanz zum verfügbaren genetischen und biologischen Wissen, das durch Computer unterstützt wird. Ein großer Schritt bei der Umsetzung der Präzisionsmedizin besteht daher darin, diese Lücke zu schließen, indem die verfügbaren medizinischen und pharmakologischen Informationen massiv analysiert werden.

Dieser **Universitätskurs in Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt.

Die wichtigsten Merkmale sind:

- Entwicklung von Fallstudien, die von Experten für die Programmiersprache R in der Genomischen 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 die Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie
- Er enthält praktische Übungen, bei denen der Selbstbewertungsprozess zur Verbesserung des Lernens genutzt werden kann
- Mit besonderem Schwerpunkt auf innovativen Methoden in der Programmiersprache R in der Genomischen 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 durch die Fortbildung in Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie“



Dieser Universitätskurs 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 Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie, sondern erhalten auch einen Abschluss der TECH Technologischen Universität"

Das Dozententeam besteht aus Fachleuten aus dem Bereich der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie, die ihre Erfahrung in diese Fortbildung einbringen, sowie aus anerkannten Spezialisten, die führenden Gesellschaften und renommierten Universitäten angehören.

Dank seiner multimedialen Inhalte, die mit den neuesten Bildungstechnologien entwickelt wurden, wird dieses Programm den Fachleuten ein situiertes und kontextbezogenes Lernen ermöglichen, d. h. eine simulierte Umgebung, die ein immersives Lernprogramm für die Fortbildung in realen Situationen bietet.

Das Konzept dieses Studiengangs ist auf problemorientiertes Lernen ausgerichtet, bei dem die Studenten versuchen werden, die verschiedenen Situationen aus der beruflichen Praxis zu lösen, die im Laufe des Studiums auftreten. Zu diesem Zweck wird den Studenten ein innovatives interaktives Videosystem zur Verfügung gestellt werden, das von anerkannten Experten auf dem Gebiet der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie mit umfassender Lehrerfahrung entwickelt wurde.

Steigern Sie Ihr Vertrauen in die Entscheidungsfindung indem Sie Ihr Wissen durch dieses Programm erweitern.

Nutzen Sie die Gelegenheit, sich über die neuesten Fortschritte der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie zu informieren und die Versorgung Ihrer Patienten zu verbessern.



02 Ziele

Das Programm in Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie zielt darauf ab, die Arbeit des Arztes zu erleichtern, der sich mit der Behandlung onkologischer Pathologien befasst, 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.



“

Dieses Fortbildungsprogramm wird Ihnen ein Gefühl der Sicherheit in der Ausübung der ärztlichen Tätigkeit vermitteln, das Ihnen helfen wird, sich persönlich und beruflich weiterzuentwickeln"



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



*Aktualisieren Sie Ihr Wissen durch den
Universitätskurs in Programmiersprache
R in der Genomischen Onkologie"*





Spezifische Ziele

- 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
- 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
- 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 der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie, die ihre Erfahrungen in diese Fortbildung 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 bei den Verfahren im Bereich der Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie"

Leitung



Dr. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- Leitung des medizinisch-onkologischen Dienstes 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 de Madrid
- Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Universität von Navarra



Dr. 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
Fortbildungserfahrung, die Ihre
berufliche Entwicklung fördert"*

04

Struktur und Inhalt

Die Struktur der Inhalte wurde von einem Team von Fachleuten aus den besten Bildungszentren, Universitäten und Unternehmen in Spanien entwickelt, die sich der Relevanz der aktuellen Fortbildung bewusst sind, um in der Lage zu sein, in die Bildung und Unterstützung der Studenten einzugreifen, und die sich für eine qualitativ hochwertige Lehre durch neue Bildungstechnologien einsetzen.



“

Dieser Universitätskurs in Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt”

Modul 1. Datenanalyse in Big Data-Projekten: Programmiersprache R

- 1.1. Einführung in die Programmiersprache R
 - 1.1.1. Was ist R?
 - 1.1.2. Installation von R und der grafischen Benutzeroberfläche von R
 - 1.1.3. Pakete
 - 1.1.3.1. Standard-Pakete
 - 1.1.3.2. Beigetragene Pakete und CRAN
- 1.2. Grundlegende Merkmale von R
 - 1.2.1. Die R-Umgebung
 - 1.2.2. Zugehörige Software und Dokumentation
 - 1.2.3. R und Statistik
 - 1.2.4. R und das Fenstersystem
 - 1.2.5. R interaktiv nutzen
 - 1.2.6. Eine einführende Sitzung
 - 1.2.7. Hilfe zu Funktionen und Merkmalen erhalten
 - 1.2.8. R-Befehle, Groß- und Kleinschreibung, usw.
 - 1.2.9. Abrufen und Korrigieren von früheren Befehlen
 - 1.2.10. Ausführen von Befehlen oder Umleiten der Ausgabe in eine Datei
 - 1.2.11. Dauerhaftigkeit der Daten und Löschung der Objekte
- 1.3. R Objekttypen
 - 1.3.1. Einfache Manipulationen; Zahlen und Vektoren
 - 1.3.1.1. Vektoren und Zuordnung
 - 1.3.1.2. Vektorielle Arithmetik
 - 1.3.1.3. Erzeugen von regelmäßigen Sequenzen
 - 1.3.1.4. Logische Vektoren
 - 1.3.1.5. Verlorene Werte
 - 1.3.1.6. Zeichen-Vektoren
 - 1.3.1.7. Index-Vektoren
 - 1.3.1.7.1. Auswählen und Ändern von Teilmengen eines Datensatzes
 - 1.3.1.8. Andere Objekttypen
 - 1.3.2. Objekte, ihre Modi und Attribute
 - 1.3.2.1. Intrinsische Attribute: Modus und Länge
 - 1.3.2.2. Ändern der Länge eines Objekts
 - 1.3.2.3. Beschaffung und Einstellung von Attributen
 - 1.3.2.4. Die Klasse eines Objekts
 - 1.3.3. Geordnete und nicht geordnete Faktoren
 - 1.3.3.1. Ein spezifisches Beispiel
 - 1.3.3.2. Die Funktion `tapply()` und ungleiche Matrizen
 - 1.3.3.3. Geordnete Faktoren
 - 1.3.4. Matrizen
 - 1.3.4.1. Matrizen
 - 1.3.4.2. Indizierung von Matrizen. Unterabschnitte einer Matrix
 - 1.3.4.3. Index-Matrizen
 - 1.3.4.4. Die Array-Funktion `()`
 - 1.3.4.5. Gemischte Arithmetik von Vektoren und Arrays. Die Recycling-Regel
 - 1.3.4.6. Das äußere Produkt von zwei Matrizen
 - 1.3.4.7. Verallgemeinerte Transponierung einer Matrix
 - 1.3.4.8. Matrix-Multiplikation
 - 1.3.4.9. Eigenwerte und Eigenvektoren
 - 1.3.4.10. Singulärwert-Zerlegung und Determinanten
 - 1.3.4.11. Bildung von partitionierten Matrizen, `cbind()` und `rbind()`
 - 1.3.4.12. Die Verkettungsfunktion, `c()`, mit Matrizen
 - 1.3.5. Faktor-Häufigkeitstabellen
 - 1.3.6. Listen
 - 1.3.6.1. Erstellen und Ändern von Listen
 - 1.3.6.2. Verkettung von Listen
 - 1.3.7. *Dataframes*
 - 1.3.7.1. Wie erstellt man *DataFrames*?
 - 1.3.7.2. `Attach()` und `Detach()`
 - 1.3.7.3. Arbeiten mit *DataFrames*

- 1.4. Lesen und Schreiben von Daten
 - 1.4.1. Die Funktion `read.table()`
 - 1.4.2. Die Funktion `scan()`
 - 1.4.3. Zugang zu eingebetteten Datensätzen
 - 1.4.4. Laden von Daten aus anderen R-Paketen
 - 1.4.5. Bearbeitung der Daten
- 1.5. Gruppierung, Schleifen und bedingte Ausführung
 - 1.5.1. Gruppierte Begriffe
 - 1.5.2. Kontrollanweisungen
 - 1.5.2.1. Bedingte Ausführung: *if*-Anweisungen
 - 1.5.2.2. Wiederholte Ausführung: *for*-Schleifen, Wiederholungen und Zeitsteuerung
- 1.6. Eigene Funktionen schreiben
 - 1.6.1. Einfache Beispiele
 - 1.6.2. Definition neuer binärer Operatoren
 - 1.6.3. Argumente mit Namen und Standardwerten
 - 1.6.4. Das `"..."`-Argument
 - 1.6.5. Zuweisungen innerhalb von Funktionen

Modul 2. Statistische Analyse in R

- 2.1. Diskrete Wahrscheinlichkeitsverteilungen
- 2.2. Kontinuierliche Wahrscheinlichkeitsverteilungen
- 2.3. Einführung in Inferenz und Stichprobenverfahren (Punktschätzung)
- 2.4. Konfidenzintervalle
- 2.5. Hypothesenprüfung
- 2.6. Einfaktorielle ANOVA
- 2.7. Anpassungsfähigkeit (Chi-Quadrat-Test)
- 2.8. `fitdist`-Paket
- 2.9. Einführung in die multivariate Statistik

Modul 3. Grafische Umgebung in R

- 3.1. Grafische Verfahren
 - 3.1.1. Hochrangige Plotbefehle
 - 3.1.1.1. Die Funktion `plot()`
 - 3.1.1.2. Anzeige von multivariaten Daten
 - 3.1.1.3. Bildschirmdarstellungen
 - 3.1.1.4. Argumente für High-Level-Plotting-Funktionen
 - 3.1.2. Low-Level Plotting-Befehle
 - 3.1.2.1. Mathematische Annotation
 - 3.1.2.2. Hershey Vektor-Schriftarten
 - 3.1.3. Interaktion mit Grafiken
 - 3.1.4. Verwendung der grafischen Parameter
 - 3.1.4.1. Permanente Änderungen: die Funktion `par()`
 - 3.1.4.2. Zeitliche Veränderungen: Argumente für grafische Funktionen
 - 3.1.5. Liste der grafischen Parameter
 - 3.1.5.1. Grafische Elemente
 - 3.1.5.2. Achsen und Markierungen
 - 3.1.5.3. Ränder der Abbildung
 - 3.1.5.4. Umgebung mit mehreren Abbildungen
 - 3.1.6. 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 Universitätskurs in Programmiersprache R in der Genomischen 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 **Universitätskurs in Programmiersprache R in der Genomischen 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: **Universitätskurs in Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie**

Anzahl der offiziellen Arbeitsstunden: **300 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

Universitätskurs

Programmiersprache R in
der Genomischen Onkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 2 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Universitätskurs

Programmiersprache R in der Genomischen Onkologie