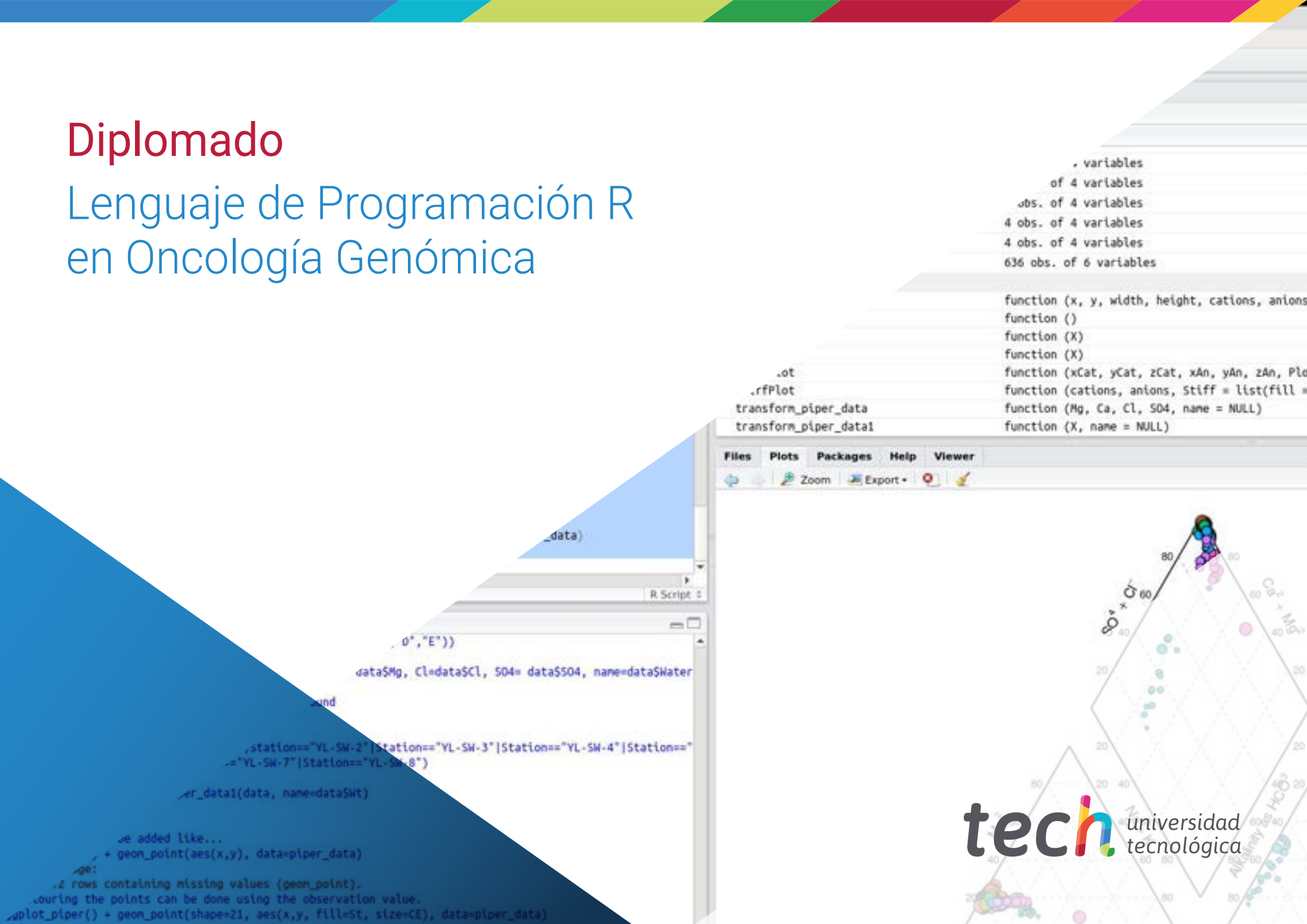
Diplomado

Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica



tech universidad tecnológica



• El concepto de

tech universidad tecnológica

Diplomado

Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica

Modalidad: **Online**

Duración: **2 meses**

Titulacion: **TECH Universidad Tecnológica**

Horas Lectivas: **300 h.**

Acceso web: **www.techtitute.com/medicina/curso-universitario/lenguaje-programacion-r-oncologia-genomica**

Índice

01 Presentación — pág. 4

02 Objetivos — pág. 8

03 Dirección del curso — pág. 12

04 Estructura y contenido — pág. 18

05 Metodología — pág. 22

06 Titulación — pág. 30

01

Presentación

El concepto de Oncología Genómica o de Precisión no es completamente nuevo; los médicos han estado utilizando el tipo de sangre para adaptar las transfusiones de sangre durante más de un siglo. Lo que hoy es diferente es el rápido crecimiento de los datos genómicos que se pueden recopilar de forma rápida y barata del paciente y de la comunidad en general, y el potencial para obtener información a partir del intercambio de esos datos. La escala y la complejidad de los datos genómicos empequeñecen las medidas que se usan tradicionalmente en las pruebas de laboratorio.





Mejora tus conocimientos en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica a través de este programa, donde encontrarás el mejor material didáctico con casos clínicos reales. Conoce aquí los últimos avances en la especialidad para poder realizar una praxis médica de calidad"

Es un objetivo fundamental del programa acercar al alumno y difundir el conocimiento informático que ya se aplica en otras áreas del conocimiento, pero que tiene una mínima implantación en el mundo médico, y a pesar de que para que la medicina genómica sea una realidad, es preciso interpretar con precisión el volumen ingente de información clínica disponible actualmente y asociarlo a los datos biológicos que se generan tras un análisis bioinformático. Si bien este es un desafío difícil, permitirá que los efectos de la variación genética y las terapias potenciales se exploren de forma rápida, económica y con mayor precisión de la que se logra en el momento actual.

Los humanos no estan naturalmente equipados para percibir e interpretar secuencias genómicas ni para comprender todos los mecanismos, vías e interacciones que tienen lugar dentro de una célula viva, ni para tomar decisiones médicas con decenas o centenares de variables. Para avanzar, se requiere un sistema con capacidad analítica sobrehumana que simplifique el entorno de trabajo y muestre las relaciones y proximidades entre unas variables u otras. En genómica y biología, ahora se reconoce que es mejor gastar los recursos en nuevas técnicas computacionales que en la recolección de datos puros, algo que posiblemente pasa igual en medicina y, por supuesto, Oncología.

Se tienen millones de datos o publicaciones, pero cuando son analizadas por los médicos o biólogos, las conclusiones son totalmente subjetivas y con relación a las publicaciones o datos disponibles, que son priorizados de forma arbitraria, lo que genera un conocimiento parcial, y por supuesto, cada vez más distanciado del conocimiento genético y biológico disponible y apoyado en computación, por lo que un paso de gigante en la implantación de la medicina de precisión es disminuir esta distancia mediante el análisis masivo de la información médica y farmacológica disponible.

Este **Diplomado en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica** contiene el programa científico más completo y actualizado del mercado. Las características más destacadas del curso son:

- Desarrollo de casos prácticos presentados por expertos en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica
- Sus contenidos gráficos, esquemáticos y eminentemente prácticos con los que está concebido recogen una información científica y práctica sobre aquellas disciplinas indispensables para el ejercicio profesional
- Novedades sobre Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica
- Contiene ejercicios prácticos donde realizar el proceso de autoevaluación para mejorar el aprendizaje
- Con especial hincapié en metodologías innovadoras en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica
- Todo esto se complementará con lecciones teóricas, preguntas al experto, foros de discusión de temas controvertidos y trabajos de reflexión individual
- Disponibilidad de los contenidos desde cualquier dispositivo fijo o portátil con conexión a internet

Actualiza tus conocimientos a través del programa en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica"

Este Diplomado puede ser la mejor inversión que puedes hacer en la selección de un programa de actualización por dos motivos: además de poner al día tus conocimientos en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica, obtendrás un título por TECH Universidad Tecnológica"

Incluye en su cuadro docente profesionales pertenecientes al ámbito de Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica, que vierten en esta formación la experiencia de su trabajo, además de reconocidos especialistas pertenecientes a sociedades de referencia y universidades de prestigio.

Gracias a su contenido multimedia elaborado con la última tecnología educativa, este programa permitirá al profesional un aprendizaje situado y contextual, es decir, un entorno simulado que proporcionará un aprendizaje inmersivo programado para entrenarse ante situaciones reales.

El diseño de este programa está centrado en el aprendizaje basado en problemas, mediante el cual el alumno deberá tratar de resolver las distintas situaciones de práctica profesional que se le planteen a lo largo del Curso. Para ello, el alumno contará con la ayuda de un novedoso sistema de vídeo interactivo realizado por reconocidos expertos en el campo de Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica y con gran experiencia docente.

Aumenta tu seguridad en la toma de decisiones actualizando tus conocimientos a través de este programa.

Aprovecha la oportunidad para conocer los últimos avances en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica y mejorar la atención a tus pacientes.



02

Objetivos

El programa en Lenguaje de programación R en Oncología Genómica está orientado a facilitar la actuación del médico dedicado al tratamiento de la patología oncológica, en la que es preciso interpretar con exactitud el volumen ingente de información clínica disponible actualmente y asociarlo a los datos biológicos que se generan tras un análisis bioinformático.





Este programa de actualización te brindará las competencias para actuar con seguridad en el desempeño de la praxis del médico, que te ayudará a crecer personal y profesionalmente"

Objetivo general

- Ser capaz de interpretar con precisión el volumen de información clínica disponible actualmente y asociado a los datos biológicos que se generan tras un análisis bioinformático

Actualiza tus conocimientos a través del programa en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica.



Objetivos específicos

- Discutir cómo la adopción de la secuenciación de próxima generación (NGS) en un contexto de diagnóstico plantea numerosas preguntas con respecto a la identificación y los informes de variantes en genes secundarios para la patología del paciente
- Iniciarse en el lenguaje de programación R, que tiene las ventajas de ser un lenguaje de programación de código abierto y dispone múltiples paquetes de análisis estadístico
- Aprender conceptos básicos de programación de R como tipos de datos, aritmética de vectores e indexación
- Realizar operaciones en R, incluida la clasificación, creación o importación de datos
- Aprender como la resolución de un problema comienza con una descomposición modular y luego nuevas descomposiciones de cada módulo en un proceso denominado refinamiento sucesivo
- Aprender los conceptos básicos de la inferencia estadística para comprender y calcular los valores p e intervalos de confianza mientras analizamos los datos con R
- Proporcionar ejemplos de programación R de una manera que ayudará a establecer la conexión entre los conceptos y la implementación
- Describir las técnicas estadísticas más apropiadas como alternativa cuando los datos no se ajustan a los supuestos requeridos por el enfoque estándar
- Aprender los conceptos básicos para realizar investigaciones reproducibles mediante el uso de scripts R para analizar datos
- Usar técnicas de visualización para explorar nuevos conjuntos de datos y determinar el enfoque más apropiado
- Aprender a visualizar datos lo cual permitirá extraer información, comprender mejor los datos y tomar decisiones más efectivas
- Enseñar a tomar datos que a primera vista tienen poco significado y presentar visualmente esos datos en una forma que tenga sentido para su análisis
- Aprender a utilizar las tres fuentes principales de gráficos de R: base, lattice y ggplot2
- Conocer en que se basa cada paquete de gráficos para definir cuál debemos utilizar y las ventajas que ofrecen uno u otro

03

Dirección del curso

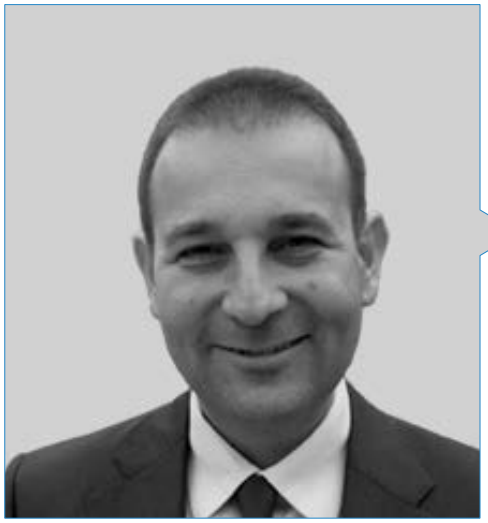
El programa incluye en su cuadro docente especialistas de referencia en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica, que vierten en esta formación la experiencia de su trabajo. Además, participan, en su diseño y elaboración, otros especialistas de reconocido prestigio que completan el programa de un modo interdisciplinar.





Aprende de profesionales de referencia, los últimos avances en los procedimientos en el ámbito de Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica"

Dirección



Dr. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- Jefe de Servicio de Oncología Médica del Hospital Universitario Rey Juan Carlos
- Research Visitors at University of Southampton
- Máster universitario en Bioinformática y bioestadística UOC-UB
- Master en análisis bioinformático por la Universidad Pablo de Olavide
- Doctor en Medicina por la Universidad Complutense de Madrid. Calificación Sobresaliente cum laude
- Miembro de la Sociedad Española de Oncología médica y Grupo GECP (Grupo Español de Cáncer de Pulmón)
- Especialista (MIR) en Oncología médica, Hospital Universitario San Carlos de Madrid
- Licenciado en Medicina y Cirugía, Universidad de Navarra



Dr. Krallinger, Martin

- Jefe de la unidad de minería de textos del Centro Nacional de Investigación del Cáncer (CNIO)
- Ha completado el proceso de selección para optar al jefe de la unidad de minería de textos del Centro de Supercomputación de Barcelona (BSC)
- Experto en el campo de la minería de textos biomédicos y clínicos y las tecnologías lingüísticas
- Experto en aplicaciones específicas de minería de textos para seguridad de medicamentos, biología de sistemas moleculares y oncología
- Participó en la implementación y evaluación de componentes biomédicos de reconocimiento de entidades nombradas, sistemas de extracción de información, indexación semántica de grandes conjuntos de datos de tipos de documentos heterogéneos
- Participó en el desarrollo del primer meta-servidor de anotación de texto biomédico (metaservador biocreativo - BCMS) y el metaservidor BeCalm
- Organizador de los desafíos de evaluación de la comunidad de BioCreative para la evaluación de herramientas de procesamiento de lenguaje natural y ha participado en la organización de tareas de minería de texto biomédico en diversos desafíos de la comunidad internacional, incluidos IberEval y CLEF

Profesores

Dr. Alberich Martí, Ricardo
- Profesor titular de universidad, Ciencias Matemáticas e Informática (director)
- Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial, Universitat de les Illes Balears

Dra. Burón Fernández, María Rosario
- Servicio de Medicina Interna
- Hospital Universitario Infanta Cristina

Dr. Gomila Salas, Juan Gabriel
- Profesor de universidad, Ciencias Matemáticas e Informática, Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial, Universitat de les Illes Balears

D. Torres, Arnau Mir
- Profesor titular de universidad, Ciencias Matemáticas e Informática, Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial, Universitat de les Illes Balears





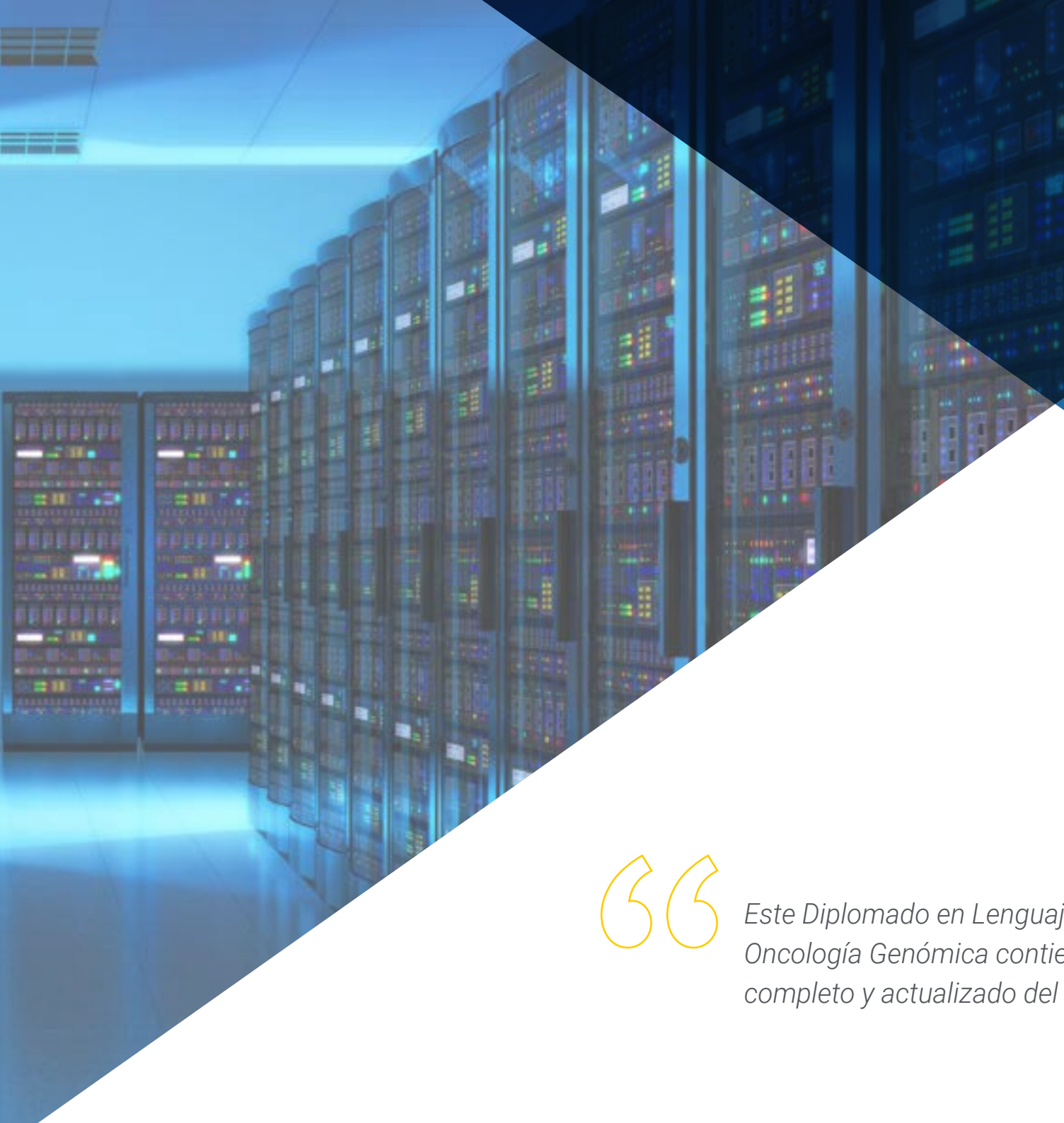
Una experiencia de formación única, clave y decisiva para impulsar tu desarrollo profesional"

04

Estructura y contenido

La estructura de los contenidos ha sido diseñada por un equipo de profesionales de los mejores centros educativos, universidades y empresas del territorio nacional, conscientes de la relevancia de la actualidad de la formación para poder intervenir en la formación y acompañamiento de los alumnos, y comprometidos con la enseñanza de calidad mediante las nuevas tecnologías educativas.





Este Diplomado en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica contiene el programa científico más completo y actualizado del mercado"

Módulo 1. Análisis de datos en proyectos de *Big Data:* Lenguaje de Programación R

1.1. Introducción al lenguaje de programación R
- 1.1.1. ¿Qué es R?
- 1.1.2. Instalación de R y el interfaz gráfico de R
- 1.1.3. Paquetes
  - 1.1.3.1. Paquetes estándar
  - 1.1.3.2. Paquetes aportados y CRAN

1.2. Características básicas de R
- 1.2.1. El entorno R
- 1.2.2. Software y documentación relacionados
- 1.2.3. R y estadísticas
- 1.2.4. R y el sistema de ventanas
- 1.2.5. Usando R interactivamente
- 1.2.6. Una sesión introductoria
- 1.2.7. Obtención de ayuda con funciones y características
- 1.2.8. Comandos R, sensibilidad a mayúsculas, etc
- 1.2.9. Recuperación y corrección de comandos anteriores
- 1.2.10. Ejecutar comandos o desviar la salida a un archivo
- 1.2.11. Permanencia de datos y eliminación de objetos

1.3. Tipos de objetos de R
- 1.3.1. Manipulaciones simples; números y vectores
  - 1.3.1.1. Vectores y asignación
  - 1.3.1.2. Aritmética de vectores
  - 1.3.1.3. Generando secuencias regulares
  - 1.3.1.4. Vectores lógicos
  - 1.3.1.5. Valores perdidos
  - 1.3.1.6. Vectores de caracteres
  - 1.3.1.7. Vectores de índice
    - 1.3.1.7.1. Selección y modificación de subconjuntos de un conjunto de datos
  - 1.3.1.8. Otros tipos de objetos
- 1.3.2. Objetos, sus modos y atributos
  - 1.3.2.1. Atributos intrínsecos: modo y longitud
  - 1.3.2.2. Cambiar la longitud de un objeto
  - 1.3.2.3. Obtención y configuración de atributos
  - 1.3.2.4. La clase de un objeto
- 1.3.3. Factores ordenados y desordenados
  - 1.3.3.1. Un ejemplo específico
  - 1.3.3.2. La función tapply () y matrices desiguales
  - 1.3.3.3. Factores ordenados
- 1.3.4. Matrices
  - 1.3.4.1. Matrices
  - 1.3.4.2. Indización de matrices. Subsecciones de una matriz
  - 1.3.4.3. Matrices de índice
  - 1.3.4.4. La función array ()
  - 1.3.4.5. Aritmética mixta de vectores y matrices. La regla de reciclaje
  - 1.3.4.6. El producto exterior de dos matrices
  - 1.3.4.7. Transposición generalizada de una matriz
  - 1.3.4.8. Multiplicación de matrices
  - 1.3.4.9. Valores propios y vectores propios
  - 1.3.4.10. Descomposición de valores singulares y determinantes
  - 1.3.4.11. Formando matrices particionadas, cbind () y rbind ()
  - 1.3.4.12. La función de concatenación, c (), con matrices
- 1.3.5. Tablas de frecuencia de factores
- 1.3.6. Listas
  - 1.3.6.1. Construyendo y modificando listas
  - 1.3.6.2. Listas de concatenación
- 1.3.7. *Dataframes*
  - 1.3.7.1. ¿Cómo crear *DataFrames*?
  - 1.3.7.2. Adjuntar () y separar ()
  - 1.3.7.3. Trabajando con *DataFrames*

1.4. Lectura y escritura de datos
- 1.4.1. La función read.table ()
- 1.4.2. La función scan ()
- 1.4.3. Acceso a los conjuntos de datos incorporados
- 1.4.4. Cargando datos de otros paquetes R
- 1.4.5. Edición de datos

1.5. Agrupación, bucles y ejecución condicional
- 1.5.1. Expresiones agrupadas
- 1.5.2. Declaraciones de control
  - 1.5.2.1. Ejecución condicional: sentencias *if*
  - 1.5.2.2. Ejecución repetitiva: para bucles, repetición y tiempo

1.6. Escribiendo tus propias funciones
- 1.6.1. Ejemplos simples
- 1.6.2. Definiendo nuevos operadores binarios
- 1.6.3. Argumentos con nombre y valores por defecto
- 1.6.4. El argumento "..."
- 1.6.5. Asignaciones dentro de funciones

Módulo 2. Análisis estadístico en R

2.1. Distribuciones de probabilidad discretas
2.2. Distribuciones de probabilidad continuas
2.3. Introducción a la inferencia y muestreo (estimación puntual)
2.4. Intervalos de confianza
2.5. Contrastes de hipótesis
2.6. ANOVA de un factor
2.7. Bondat de ajuste (test de chi cuadrado)
2.8. Paquete fitdist
2.9. Introducción a estadística multivariante

Modulo 3. Entorno gráfico en R

3.1. Procedimientos gráficos
- 3.1.1. Comandos de trazado de alto nivel
  - 3.1.1.1. La función plot ()
  - 3.1.1.2. Visualización de datos multivariados
  - 3.1.1.3. Gráficos de pantalla
  - 3.1.1.4. Argumentos a funciones de trazado de alto nivel
- 3.1.2. Comandos de trazado de bajo nivel
  - 3.1.2.1. Anotación matemática
  - 3.1.2.2. Fuentes vectoriales hershey
- 3.1.3. Interactuando con gráficos
- 3.1.4. Uso de parámetros gráficos
  - 3.1.4.1. Cambios permanentes: la función par ()
  - 3.1.4.2. Cambios temporales: argumentos a funciones gráficas
- 3.1.5. Lista de parámetros gráficos
  - 3.1.5.1. Elementos gráficos
  - 3.1.5.2. Ejes y marcas
  - 3.1.5.3. Márgenes de la figura
  - 3.1.5.4. Entorno de figuras múltiples
- 3.1.6. Estadística descriptiva: representaciones gráficas

05

Metodología

Este programa de capacitación ofrece una forma diferente de aprender. Nuestra metodología se desarrolla a través de un modo de aprendizaje de forma cíclica: ***el Relearning***.

Este sistema de enseñanza es utilizado, por ejemplo, en las facultades de medicina más prestigiosas del mundo y se ha considerado uno de los más eficaces por publicaciones de gran relevancia como el ***New England Journal of Medicine.***





Descubre el Relearning, un sistema que abandona el aprendizaje lineal convencional para llevarte a través de sistemas cíclicos de enseñanza: una forma de aprender que ha demostrado su enorme eficacia, especialmente en las materias que requieren memorización"

En TECH empleamos el Método del Caso

Ante una determinada situación, ¿qué debería hacer un profesional? A lo largo del programa, los estudiantes se enfrentarán a múltiples casos clínicos simulados, basados en pacientes reales en los que deberán investigar, establecer hipótesis y, finalmente, resolver la situación. Existe abundante evidencia científica sobre la eficacia del método. Los especialistas aprenden mejor, más rápido y de manera más sostenible en el tiempo.

Con TECH podrás experimentar una forma de aprender que está moviendo los cimientos de las universidades tradicionales de todo el mundo.



Según el Dr. Gérvas, el caso clínico es la presentación comentada de un paciente, o grupo de pacientes, que se convierte en «caso», en un ejemplo o modelo que ilustra algún componente clínico peculiar, bien por su poder docente, bien por su singularidad o rareza. Es esencial que el caso se apoye en la vida profesional actual, intentando recrear los condicionantes reales en la práctica profesional del médico.

¿Sabías que este método fue desarrollado en 1912, en Harvard, para los estudiantes de Derecho? El método del caso consistía en presentarles situaciones complejas reales para que tomasen decisiones y justificasen cómo resolverlas. En 1924 se estableció como método estándar de enseñanza en Harvard"

La eficacia del método se justifica con cuatro logros fundamentales:

1. Los alumnos que siguen este método no solo consiguen la asimilación de conceptos, sino un desarrollo de su capacidad mental, mediante ejercicios de evaluación de situaciones reales y aplicación de conocimientos.
2. El aprendizaje se concreta de una manera sólida en capacidades prácticas que permiten al alumno una mejor integración en el mundo real.
3. Se consigue una asimilación más sencilla y eficiente de las ideas y conceptos, gracias al planteamiento de situaciones que han surgido de la realidad.
4. La sensación de eficiencia del esfuerzo invertido se convierte en un estímulo muy importante para el alumnado, que se traduce en un interés mayor en los aprendizajes y un incremento del tiempo dedicado a trabajar en el curso.



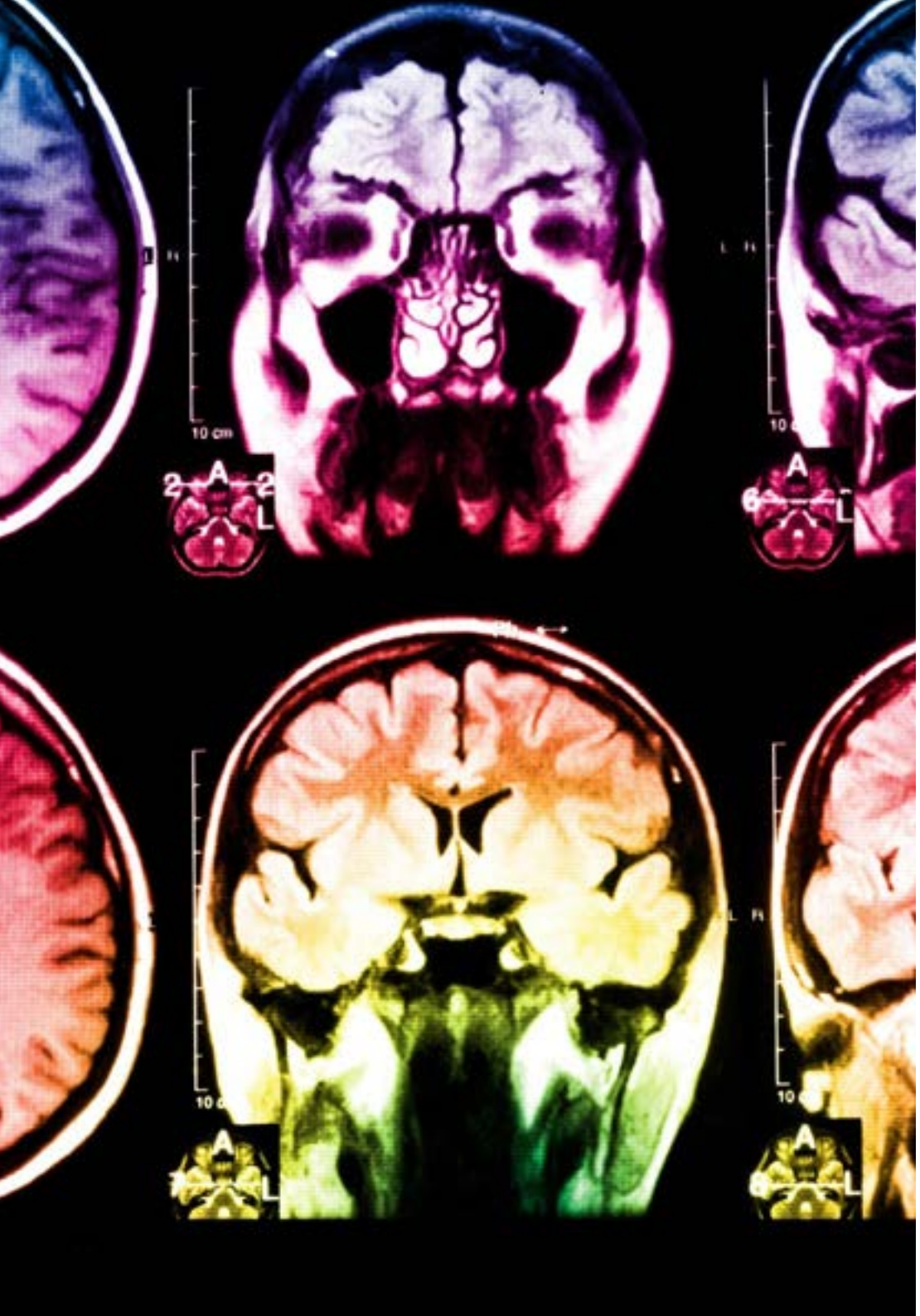
Relearning Methodology

TECH aúna de forma eficaz la metodología del Estudio de Caso con un sistema de aprendizaje 100% online basado en la reiteración, que combina 8 elementos didácticos diferentes en cada lección.

Potenciamos el Estudio de Caso con el mejor método de enseñanza 100% online: el Relearning.

El profesional aprenderá mediante casos reales y resolución de situaciones complejas en entornos simulados de aprendizaje. Estos simulacros están desarrollados a partir de software de última generación que permiten facilitar el aprendizaje inmersivo.





Situado a la vanguardia pedagógica mundial, el método Relearning ha conseguido mejorar los niveles de satisfacción global de los profesionales que finalizan sus estudios, con respecto a los indicadores de calidad de la mejor universidad online en habla hispana (Universidad de Columbia).

Con esta metodología, se han capacitado más de 250.000 médicos con un éxito sin precedentes en todas las especialidades clínicas con independencia de la carga en cirugía. Nuestra metodología pedagógica está desarrollada en un entorno de máxima exigencia, con un alumnado universitario de un perfil socioeconómico alto y una media de edad de 43,5 años.

El Relearning te permitirá aprender con menos esfuerzo y más rendimiento, implicándote más en tu especialización, desarrollando el espíritu crítico, la defensa de argumentos y el contraste de opiniones: una ecuación directa al éxito.

En nuestro programa, el aprendizaje no es un proceso lineal, sino que sucede en espiral (aprender, desaprender, olvidar y reaprender). Por eso, se combinan cada uno de estos elementos de forma concéntrica.

La puntuación global que obtiene el sistema de aprendizaje de TECH es de 8.01, con arreglo a los más altos estándares internacionales.

Este programa ofrece los mejores materiales educativos, preparados a conciencia para los profesionales:

Material de estudio

Todos los contenidos didácticos son creados por los especialistas que van a impartir el curso, específicamente para él, de manera que el desarrollo didáctico sea realmente específico y concreto.

Estos contenidos son aplicados después al formato audiovisual, para crear el método de trabajo online de TECH. Todo ello, con las técnicas más novedosas que ofrecen piezas de gran calidad en todos y cada uno los materiales que se ponen a disposición del alumno.

Técnicas quirúrgicas y procedimientos en vídeo

TECH acerca al alumno las técnicas más novedosas, los últimos avances educativos y al primer plano de la actualidad en técnicas médicas. Todo esto, en primera persona, con el máximo rigor, explicado y detallado para contribuir a la asimilación y comprensión del estudiante. Y lo mejor de todo, pudiéndolo ver las veces que quiera.

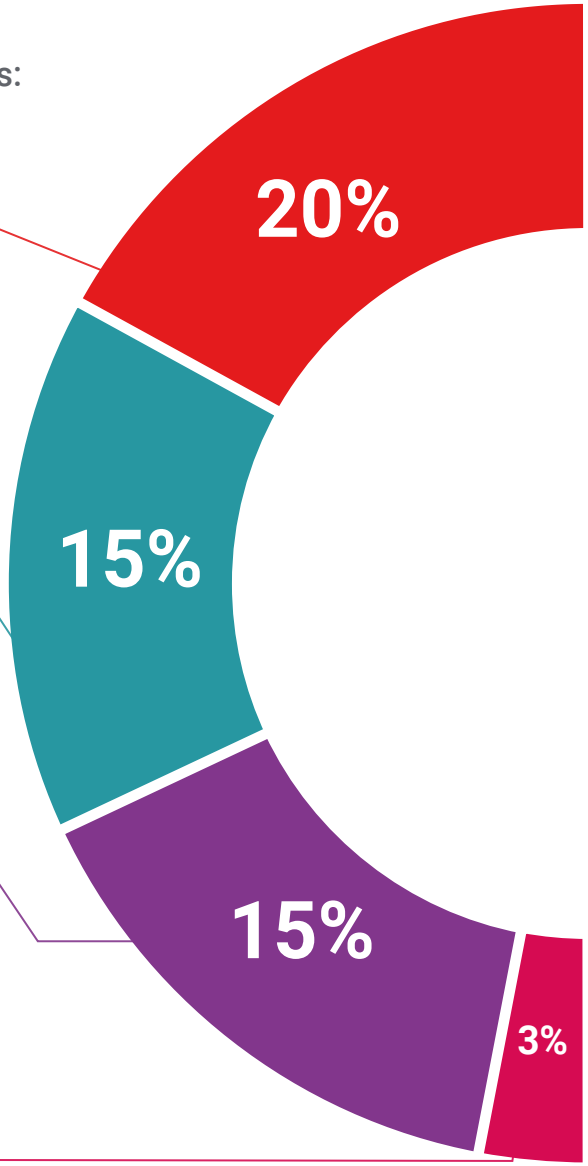
Resúmenes interactivos

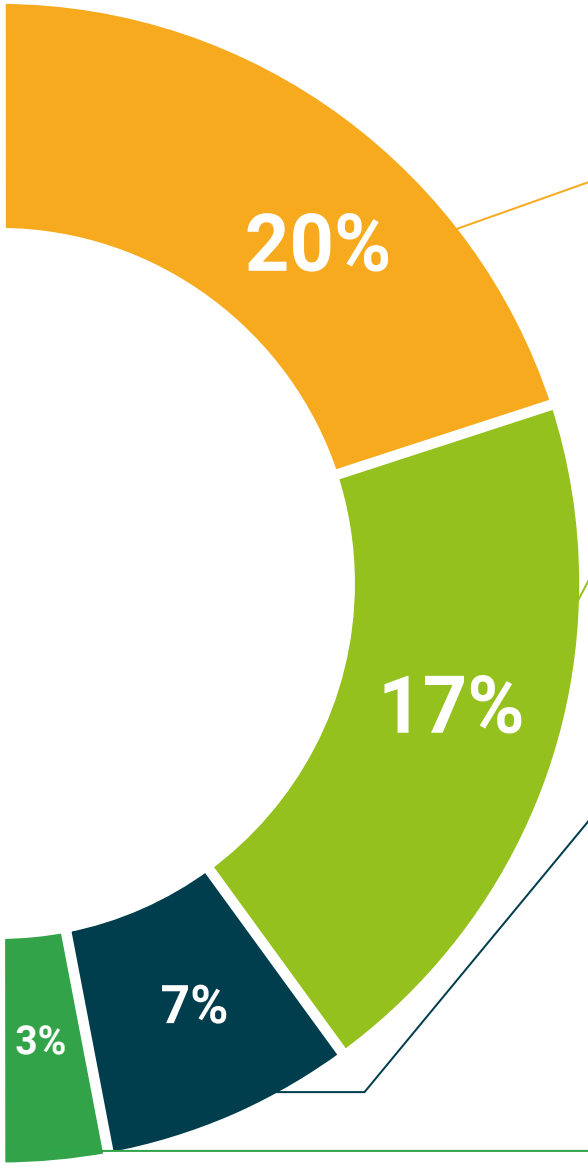
El equipo de TECH presenta los contenidos de manera atractiva y dinámica en píldoras multimedia que incluyen audios, vídeos, imágenes, esquemas y mapas conceptuales con el fin de afianzar el conocimiento.

Este exclusivo sistema educativo para la presentación de contenidos multimedia fue premiado por Microsoft como "Caso de éxito en Europa".

Lecturas complementarias

Artículos recientes, documentos de consenso y guías internacionales, entre otros. En la biblioteca virtual de TECH el estudiante tendrá acceso a todo lo que necesita para completar su capacitación.





Análisis de casos elaborados y guiados por expertos

El aprendizaje eficaz tiene, necesariamente, que ser contextual. Por eso, TECH presenta los desarrollos de casos reales en los que el experto guiará al alumno a través del desarrollo de la atención y la resolución de las diferentes situaciones: una manera clara y directa de conseguir el grado de comprensión más elevado.

Testing & Retesting

Se evalúan y reevalúan periódicamente los conocimientos del alumno a lo largo del programa, mediante actividades y ejercicios evaluativos y autoevaluativos para que, de esta manera, el estudiante compruebe cómo va consiguiendo sus metas.

Clases magistrales

Existe evidencia científica sobre la utilidad de la observación de terceros expertos. El denominado Learning from an Expert afianza el conocimiento y el recuerdo, y genera seguridad en las futuras decisiones difíciles.

Guías rápidas de actuación

TECH ofrece los contenidos más relevantes del curso en forma de fichas o guías rápidas de actuación. Una manera sintética, práctica y eficaz de ayudar al estudiante a progresar en su aprendizaje.

06

Titulación

El Diplomado en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica garantiza, además de la capacitación más rigurosa y actualizada, el acceso a un título de Diplomado expedido por TECH Universidad Tecnológica.





Supera con éxito este programa y recibe tu titulación universitaria sin desplazamientos ni farragosos trámites”

Este **Diplomado en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica** contiene el programa científico más completo y actualizado del mercado.

Tras la superación de la evaluación, el alumno recibirá por correo postal* con acuse de recibo su correspondiente título de **Diplomado** emitido por **TECH Universidad Tecnológica.**

El título expedido por **TECH Universidad Tecnológica** expresará la calificación que haya obtenido en el Diplomado, y reunirá los requisitos comúnmente exigidos por las bolsas de trabajo, oposiciones y comités evaluadores de carreras profesionales.

Título: **Diplomado en Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica**

N.º Horas Oficiales: **300 h.**


tech universidad tecnológica

Otorga la presente

CONSTANCIA

a

C. _____, con documento de identificación nº_____

Por haber superado con éxito y acreditado el programa de

DIPLOMADO

en

Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica

Se trata de un título propio de esta Universidad con una duración de 300 horas, con fecha de inicio dd/mm/aaaa y fecha de finalización dd/mm/aaaa.

TECH es una Institución Particular de Educación Superior reconocida por la Secretaría de Educación Pública a partir del 28 de junio de 2018.

A 17 de junio de 2020

Mtra.Tere Guevara Navarro
Rectora

Este título propio se deberá acompañar siempre del título universitario habilitante expedido por la autoridad competente para ejercer profesionalmente en cada país. código único TECH: AFWOR23S techtitute.com/titulos

*Apostilla de la haya. En caso de que el alumno solicite que su título en papel recabe la Apostilla de la Haya, TECH EDUCATION realizará las gestiones oportunas para su obtención, con un coste adicional.



Diplomado

Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica

Modalidad: **Online**

Duración: **2 meses**

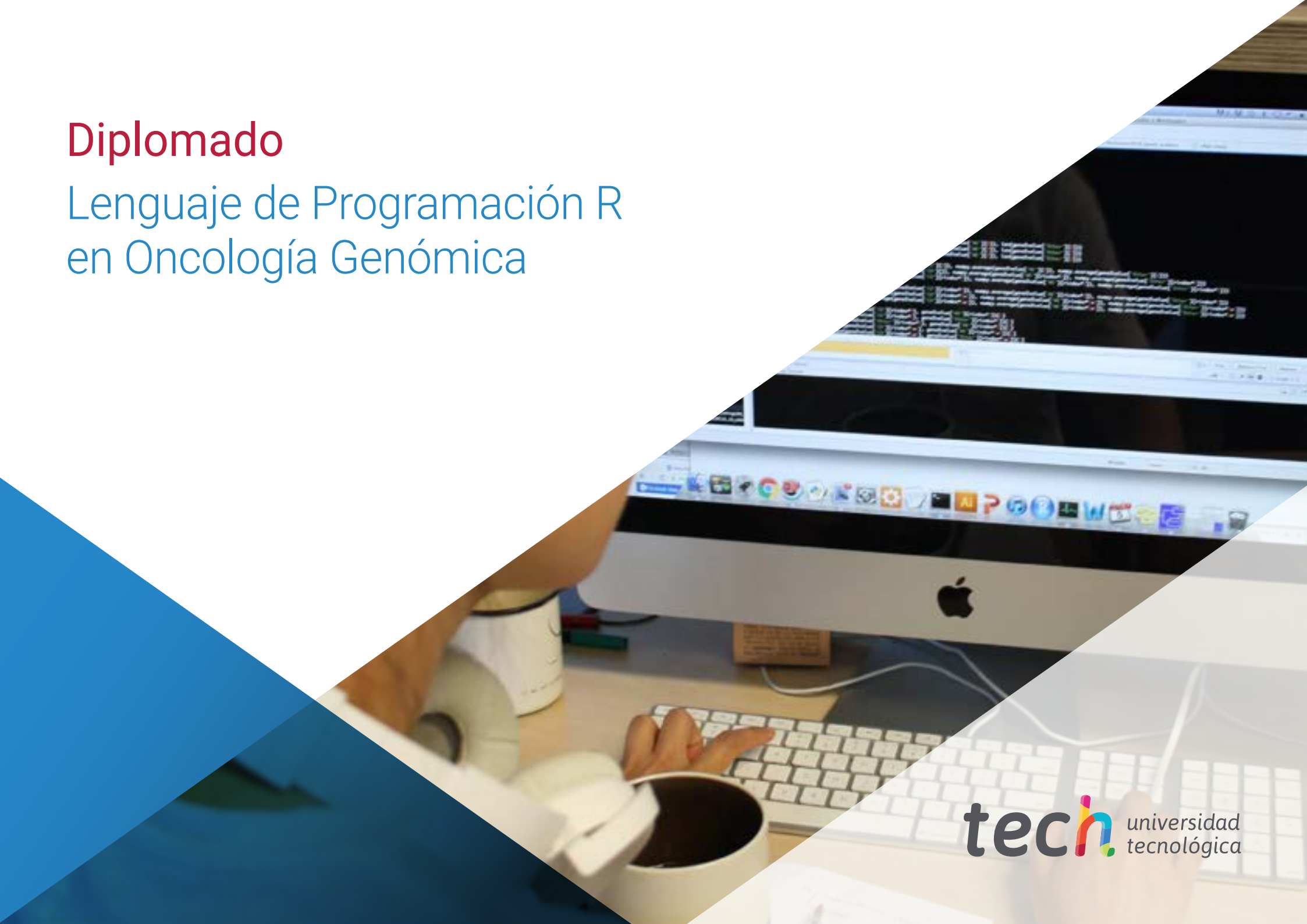
Avalado por: **TECH Universidad Tecnológica**

12 Créditos ECTS

Horas: **300 h.**

Diplomado

Lenguaje de Programación R en Oncología Genómica



tech universidad tecnológica