

Master Privato

Medicina Genómica e di
Precisión en Ematología:
Trombosis



Master Privato

Medicina Genómica e di Precisione in Ematologia: Trombosi

- » Modalità: **online**
- » Durata: **12 mesi**
- » Titolo: **TECH Università Tecnologica**
- » Orario: **a tua scelta**
- » Esami: **online**

Accesso al sito web: www.techitute.com/it/medicina/master/master-medicina-genomica-precisione-ematologia-trombosi

Indice

01

Presentazione

pag. 4

02

Obiettivi

pag. 8

03

Competenze

pag. 14

04

Direzione del corso

pag. 18

05

Struttura e contenuti

pag. 24

06

Metodologia

pag. 36

07

Titolo

pag. 44

01

Presentazione

La Malattia Tromboembolica Venosa (TEV) si verifica con la coagulazione del sangue all'interno delle vene. Sebbene sia una malattia che può essere prevenuta e trattata, continua a causare un numero elevato di morti. In effetti, è la terza causa di morte cardiovascolare, dopo infarto miocardico acuto e ictus. In questo Master Privato, gli specialisti si prepareranno in Medicina Genomica e di Precisione in Trombosi per conoscere gli ultimi progressi in materia e offrire trattamenti più efficaci.



“

Questo programma è la migliore opzione che si possa trovare per specializzarsi in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi ed eseguire diagnosi più accurate”

Realizzare una diagnosi precoce della trombosi venosa è essenziale per trattare questa malattia e ridurre le conseguenze che può avere sui pazienti. Esistono anche misure preventive, come quelle fisiche o farmacologiche.

Durante lo studio di questo Master Privato, gli studenti si concentreranno sulla Medicina Genomica e di Precisione applicata al trattamento della trombosi venosa. La formazione è stata progettata da specialisti in questo ambiente, quindi gli studenti riceveranno una preparazione completa e specifica da esperti del settore.

Così, con questa formazione, si intendono porre le basi della medicina genomica e di precisione in questo campo, partendo dalla conoscenza dell'emostasi e della malattia tromboembolica venosa, dando le chiavi per la sua diagnosi, trattamento e prevenzione. Inoltre, i professionisti impareranno a conoscere situazioni particolari che possono incontrare nella loro pratica quotidiana, come la trombosi in campo oncologico o ginecologico.

Dopo questi aspetti più generali, questo Master Privato si addenterà nel campo della genomica applicata alla trombosi venosa, dove potranno conoscere i principali studi in questa materia che permetteranno di offrire trattamenti più efficaci e precisi ai pazienti affetti da questa patologia.

Pertanto, dopo aver completato e superato il Master Privato, gli studenti avranno acquisito conoscenze teoriche necessarie per eseguire un trattamento efficace della trombosi venosa nei principali settori di attività del professionista.

Questo **Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia:**

Trombosi possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato. Le caratteristiche principali del programma sono:

- ♦ Sviluppo di casi di studio presentati da esperti in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia
- ♦ Contenuti grafici, schematici ed eminentemente pratici che forniscono informazioni scientifiche e pratiche sulle discipline essenziali per l'esercizio della professione
- ♦ Nuovi sviluppi sulla Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia
- ♦ Esercizi pratici che offrono un processo di autovalutazione per migliorare l'apprendimento
- ♦ Speciale enfasi sulle metodologie innovative in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia
- ♦ Lezioni teoriche, domande all'esperto, forum di discussione su argomenti controversi e lavoro di riflessione individuale
- ♦ Disponibilità di accesso ai contenuti da qualsiasi dispositivo fisso o portatile dotato di connessione a Internet



Non perdere l'opportunità di realizzare questo Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, con TECH. È l'occasione perfetta per avanzare nella tua carriera"

“

Questo Master Privato può essere il miglior investimento che tu possa fare nella selezione di un programma di aggiornamento per due motivi: oltre a rinnovare le tue conoscenze in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, otterrai una qualifica approvato da TECH Global University”

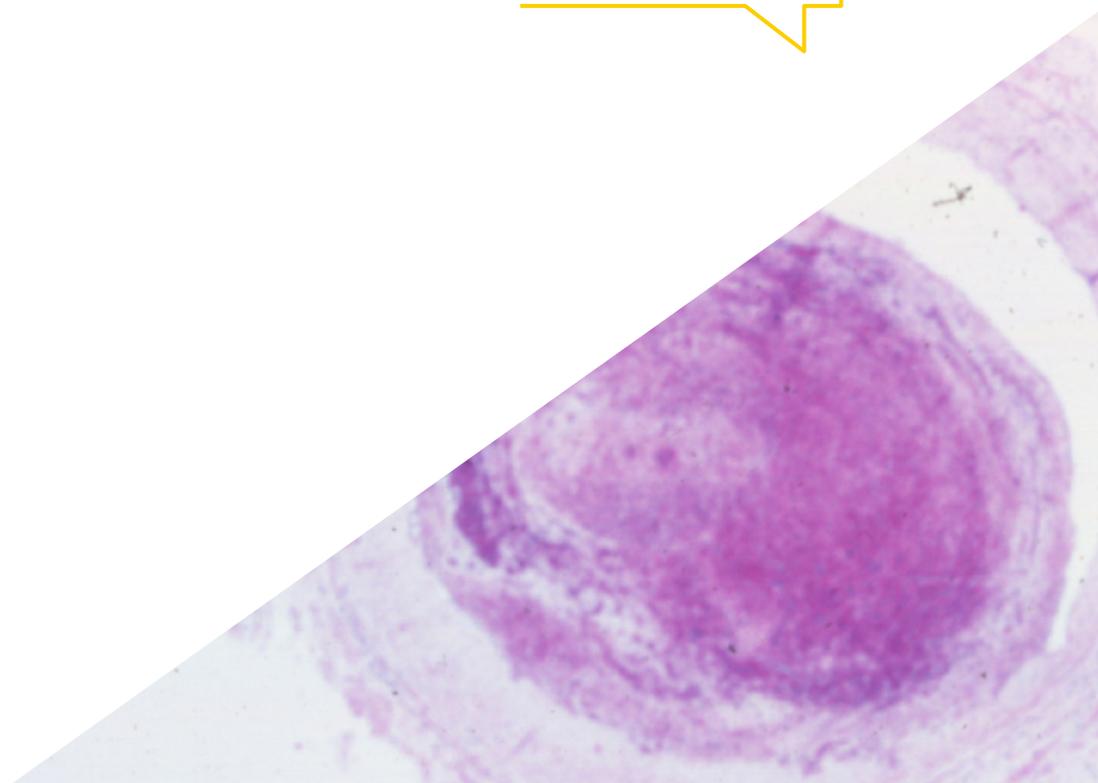
Tra i suoi insegnanti figurano professionisti della Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, che riversano in questa formazione l'esperienza del loro lavoro, oltre a rinomati specialisti di prestigiose società e università.

Contenuti multimediali, sviluppati in base alle ultime tecnologie educative, forniranno al professionista un apprendimento coinvolgente e localizzato, ovvero inserito in un contesto reale.

La creazione di questo programma è incentrata sull'Apprendimento Basato su Problemi, mediante il quale lo specialista deve cercare di risolvere le diverse situazioni che gli si presentano durante il corso. Lo studente potrà usufruire di un innovativo sistema di video interattivi creati da esperti di rinomata fama in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, con grande esperienza medica.

Questa qualifica raccoglie i migliori materiali didattici, il che permetterà uno studio contestuale che faciliterà l'apprendimento.

Questo Master Privato 100% online ti permetterà di combinare i tuoi studi con il tuo lavoro professionale, aumentando le tue conoscenze in questo campo.



02 Obiettivi

Questo Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, mira ad agevolare l'operato del professionista di biomedicina con gli ultimi progressi e le innovazioni del settore.



“

Questa è la migliore opzione per conoscere gli ultimi progressi in materia di medicina genomica"



Obiettivi generali

- ♦ Approfondire la conoscenza della malattia tromboembolica venosa come malattia complessa
- ♦ Specializzarsi nel campo dei dati omici e dei metodi bioinformatici applicati alla medicina di precisione
- ♦ Tenersi aggiornati con gli ultimi aggiornamenti su questa malattia





Obiettivi specifici

Modulo 1. Introduzione alla Emostasi

- ♦ Comprendere e conoscere i processi fisiologici coinvolti nell'emostasi e l'importanza di essa
- ♦ Spiegare il concetto di feedback nell'equilibrio omeostatico e l'applicazione
- ♦ Entrare in contatto con il vocabolario tecnico scientifico in questo settore
- ♦ Correlare i test di coagulazione con le fasi della coagulazione per aiutare a capire quale processo fisiologico fondamentale non sta funzionando nell'emostasi primaria o secondaria
- ♦ Collegare e integrare quanto imparato
- ♦ Costruire valori e criteri appresi per collegarli alle prestazioni professionali

Modulo 2. Fisiopatologia ed epidemiologia del Tromboembolismo Venoso

- ♦ Dimostrare l'enorme complessità biologica e clinica alla base del tromboembolismo venoso
- ♦ Spiegare i meccanismi patologici attraverso i quali si sviluppa un trombo nelle vene e le conseguenze a breve e lungo termine che può avere
- ♦ Analizzare la relazione tra trombi e recidive e variabili determinanti come età, sesso ed etnia
- ♦ Evidenziare l'importanza delle circostanze associate all'evento tromboembolico e come queste circostanze determinino in larga misura il rischio di recidiva
- ♦ Descrivere i fattori di rischio ambientali associati alla malattia e le basi genetiche oggi conosciute
- ♦ Esaminare l'impatto globale sull'onere della malattia e l'impatto economico della trombosi, delle sue sequele e delle complicanze del suo trattamento
- ♦ Introdurre il concetto di biomarcatori o fenotipi intermedi con il rischio di malattia, che possono essere studiati nella diagnosi delle cause, nella stima del rischio di recidiva e possono essere utilizzati come punto di partenza per scoprire i geni coinvolti nella variabilità del fenotipo e quindi nella malattia tromboembolica venosa
- ♦ Comprendere il concetto di profilo di rischio individuale

Modulo 3. Diagnosi, trattamenti e profilassi del Tromboembolismo Venoso

- ♦ Imparare a diagnosticare la Malattia Tromboembolica Venosa
- ♦ Conoscere i principali trattamenti di questa malattia
- ♦ Conoscere le misure di prevenzione della trombosi venosa

Modulo 4. Situazioni speciali I: trombosi in ambito oncologico

- ♦ Comprendere le caratteristiche specifiche dei pazienti con trombosi in ambito oncologico
- ♦ Riconoscere le misure preventive per i pazienti oncologici in base alle loro caratteristiche, siano essi pazienti ricoverati, pazienti chirurgici o pazienti sottoposti a terapia sistemica in regime ambulatoriale
- ♦ Identificare i modelli preventivi del rischio di trombosi
- ♦ Conoscere i trattamenti più efficaci per la trombosi associata al cancro

Modulo 5. Situazioni speciali II: trombosi nelle donne

- ♦ Comprendere la fisiopatologia dell'emostasi nelle diverse fasi della maturazione nella donna
- ♦ Imparare a mettere in relazione i metodi contraccettivi e ormonali con la trombosi venosa
- ♦ Conoscere le strategie di prevenzione nelle donne non gravide in età fertile
- ♦ Comprendere la relazione tra la trombosi venosa e la gestione del periodo post-partum, il parto cesareo o le tecniche di riproduzione assistita
- ♦ Riconoscere i farmaci utilizzati durante la gravidanza, il puerperio e l'allattamento.

Modulo 6. Dati omici: Introduzione al linguaggio di programmazione R

- ♦ Conoscere il sistema operativo Unix/Linux e la sua importanza
- ♦ Acquisire competenze di base di amministrazione Unix/Linux
- ♦ Imparare a gestire file e directory utilizzando l'interprete di comandi Unix/Linux
- ♦ Imparare il linguaggio di programmazione R e come gestire i suoi pacchetti
- ♦ Riconoscere i diversi tipi di dati in R e sapere quale utilizzare in ogni contesto
- ♦ Imparare a manipolare correttamente ogni tipo di dato in R
- ♦ Conoscere le funzioni di controllo e i loop in R e come vengono implementate



- ♦ Eseguire rappresentazioni grafiche di dati e risultati in R
- ♦ Applicare le statistiche di base in R a seconda delle caratteristiche dei dati
- ♦ Imparare a implementare funzioni proprie in R per eseguire compiti specifici

Modulo 7. Trombosi nell'era Genomica I: Studi Globali del Genoma (GWAS)

- ♦ Fornire una panoramica sulla genetica e in particolare sugli studi di associazione genome-wide (GWAS)
- ♦ Illustrare lo stato attuale dell'uso della genetica nella malattia tromboembolica venosa

Modulo 8. Trombosi nell'era Genomica II: Studi di sequenziamento massivo

- ♦ Comprendere le basi genetiche e lo studio molecolare della trombosi e dell'emostasi
- ♦ Identificare le tecniche di sequenziamento del DNA
- ♦ Acquisire conoscenze sull'analisi bioinformatica dei dati NGS
- ♦ Imparare a interpretare i risultati della NGS nella trombosi e nell'emostasi
- ♦ Conoscere le prospettive future delle tecnologie NGS

Modulo 9. Trombosi nell'era Genomica III: studi sulla regolazione dell'espressione genica (RNA e miRNA)

- ♦ Comprendere l'RNA-seq
- ♦ Imparare a conoscere i disegni sperimentali per gli studi RNA-seq e il controllo di qualità di questi studi

Modulo 10. Modelli predittivi

- ♦ Identificare i diversi tipi di problemi di apprendimento statistico
- ♦ Comprendere e implementare le fasi di pre-elaborazione di un nuovo set di dati
- ♦ Conoscere le basi dei modelli di regressione lineare e il loro ambito di applicazione
- ♦ Ottimizzare i modelli di regressione lineare con il minor numero possibile di variabili

- ♦ Elencare i diversi tipi di modelli di classificazione e sapere in quali casi è meglio utilizzare ciascuno di essi
- ♦ Imparare diversi modi per convalidare le prestazioni di un modello predittivo
- ♦ Acquisire familiarità con gli alberi decisionali e le loro estensioni
- ♦ Adattare le macchine di supporto vettoriale ai dati clinici e valutare i loro risultati
- ♦ Imparare diversi metodi di apprendimento non supervisionato per l'analisi esplorativa dei dati



Cogli l'opportunità e aggiorna le tue conoscenze sugli ultimi progressi in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi”

03

Competenze

Dopo aver superato le valutazioni del Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, lo studente avrà acquisito le competenze professionali necessarie per una prassi di qualità e aggiornata sulla base della metodologia didattica più innovativa.





“

Questo programma ti permetterà di acquisire le competenze necessarie per essere più efficace nell'assistenza ai tuoi pazienti"



Competenze generali

- ♦ Riconoscere la malattia tromboembolica venosa come malattia complessa ed eseguire i trattamenti più accurati
- ♦ Utilizzare i dati omici e i metodi bioinformatici applicati alla medicina di precisione per la diagnosi e il trattamento della trombosi venosa
- ♦ Applicare gli ultimi aggiornamenti di questa malattia nella pratica quotidiana con i pazienti affetti



Competenze specifiche

- ♦ Identificare le fasi di coagulazione del sangue e utilizzare i meccanismi di regolazione del sangue
- ♦ Eseguire prelievi e campioni di sangue
- ♦ Essere in grado di eseguire studi delle piastrine
- ♦ Conoscere i molteplici fattori causali associati alla trombosi venosa, acquisiti o ambientali, genetici o ereditati
- ♦ Comprendere l'elevata complessità e difficoltà di quantificare il rischio individuale di trombosi con la necessità di esplorare la genomica e l'epigenomica dei pazienti o delle persone a rischio e di avanzare nella profilassi e nel trattamento della malattia
- ♦ Essere in grado di diagnosticare efficacemente la malattia tromboembolica venosa
- ♦ Applicare i trattamenti più efficaci per la trombosi venosa secondo le caratteristiche di ogni paziente
- ♦ Applicare le misure di prevenzione della trombosi venosa più appropriate per ogni paziente
- ♦ Conoscere le misure di prevenzione per il paziente oncologico in base alle sue caratteristiche, sia esso un paziente ricoverato, chirurgico o in terapia sistemica in ambiente ambulatoriale
- ♦ Identificare modelli preventivi di rischio di trombosi
- ♦ Conoscere i trattamenti più efficaci per la trombosi associata al cancro
- ♦ Identificare la fisiopatologia dell'emostasi nelle diverse fasi della maturazione nella donna
- ♦ Collegare i metodi contraccettivi e ormonali alla trombosi venosa
- ♦ Attuare strategie di prevenzione nelle donne in età fertile non in gravidanza
- ♦ Identificare la relazione che può esistere tra trombosi venosa e gestione e puerperio, taglio cesareo o tecniche di riproduzione assistita
- ♦ Utilizzare i farmaci più adatti durante la gravidanza, il puerperio e l'allattamento
- ♦ Comprendere l'importanza della programmazione per l'analisi dei dati omici

- ♦ Saper usare in modo fluido la shell di Unix/Linux come componente aggiuntivo di R per la gestione di file e sistemi
 - ♦ Acquisire il livello nel linguaggio di programmazione R sufficiente per analizzare da soli set di dati omici e visualizzare i risultati
 - ♦ Effettuare un'analisi statistica adeguata in base alla natura dei dati e visualizzare i risultati in R
 - ♦ Comprendere i concetti teorici di analisi dell'associazione globale di genoma, genotipizzazione, imputazione, pannelli di riferimento, squilibrio di legame
 - ♦ Comprendere le diverse eziologie delle malattie e la pertinenza dei metodi di studio genetico più adatti a ciascuna (comprendere i pro e i contro dei diversi metodi)
 - ♦ Conoscere i principali metodi di analisi genetica imputazione, e programmi più utilizzati
 - ♦ Conoscere gli strumenti genetici pubblici e i pannelli di riferimento più recenti
 - ♦ Comprendere e discutere i risultati genetici con una visione critica, nonché comprendere il contributo degli studi GWAS nella genetica clinica
 - ♦ Conoscere lo stato attuale della genetica della malattia tromboembolica, e conoscere i principali studi e Consortia
 - ♦ Essere in grado di collegare la base genetica e lo studio molecolare in trombosi ed emostasi
 - ♦ Conoscere le tecniche di sequenziamento del DNA e utilizzarlo nella pratica quotidiana
 - ♦ Utilizzare l'analisi bioinformatica dei dati NGS nel trattamento di casi pratici
 - ♦ Interpretare i risultati di NGS nella trombosi e nell'emostasi
 - ♦ Conoscere l'RNA-seq e applicarlo nei trattamenti con i pazienti
 - ♦ Essere in grado di identificare i progetti sperimentali per gli studi RNA-seq e il controllo di qualità di tali studi da utilizzare nella pratica quotidiana
 - ♦ Conoscere e distinguere le caratteristiche, i vantaggi e gli svantaggi dei diversi modelli predittivi
- ♦ Comprendere l'importanza del pre-trattamento dei dati clinici e condurre analisi esplorative su di essi
 - ♦ Essere in grado di adattare e convalidare il modello predittivo appropriato in base alle caratteristiche dei dati e a ciò che si vuole prevedere
 - ♦ Usare il pensiero critico per interpretare e valutare i modelli
 - ♦ Sviluppare autonomamente procedure complete in R di pre-elaborazione, analisi, formazione e convalida dei modelli predittivi da un set di dati clinici



Migliora l'assistenza verso i tuoi pazienti grazie alla specializzazione offerta dal Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in ematologica Trombosi"

04

Direzione del corso

Il personale docente del programma comprende i principali esperti in Tromboembolismo Venoso, che forniscono agli studenti le competenze necessarie ad affrontare un percorso di studio eccellente. Altri esperti di riconosciuto prestigio partecipano inoltre al programma, completandolo in modo interdisciplinare.



“

I principali professionisti del settore ti insegneranno gli ultimi progressi sul Tromboembolismo Venoso”

Direzione



Dott. Soria, José Manuel

- ♦ Gruppo di Genomica delle Malattie Complesse
- ♦ dell'Istituto di Ricerca dell'Ospedale di Sant Pau (IIB Sant Pau)
- ♦ Ospedale La Santa Creu I Sant Pau, Barcellona

Personale docente

Dott.ssa López del Río, Ángela

- ♦ Bioinformatics and Biomedical Signals Laboratory (B2SLab). Università Politecnica della Catalogna, Barcellona
- ♦ Ingegnere biomedico dall'Università Politecnica di Madrid
- ♦ Master presso l'Università di Barcellona-Università Politecnica della Catalogna
- ♦ Ha partecipato allo European Bioinformatics Institute (EBI-EMBL) a Cambridge, Regno Unito
- ♦ Centro di Ricerca Biomedica dell'Università Politecnica della Catalogna

Dott.ssa Marzo, Cristina

- ♦ Laurea in Medicina e Chirurgia, Facoltà di Medicina, Università di Saragozza
- ♦ Master Privato in Trattamento anticoagulante, conseguito con il massimo dei voti Università Cattolica San Antonio, Murcia
- ♦ Master in Coagulopatie Congenite e Acquisite, Università di Alcalá
- ♦ Medico strutturato presso il dipartimento di Ematologia e Emoterapia, Unità di Emostasia, Ospedale Universitario Arnau de Vilanova di Lleida



Dott. Muñoz Martín, Andrés J.

- ◆ Laurea in Medicina e Chirurgia conseguita presso l'Università Autonoma di Madrid
- ◆ Dottorato in Medicina con Premio straordinario presso l'Università Complutense di Madrid
- ◆ Diploma in Biostatistica nelle Scienze della Salute, Università Autonoma di Barcellona
- ◆ Medico Strutturato presso il Servizio di Oncologia, Unità dei Tumori dell'apparato digerente Responsabile del programma di ricerca sui tumori epato-bilio-pancreatici e sul cancro e la trombosi, Ospedale Generale Universitario Gregorio Marañón di Madrid
- ◆ Professore collaboratore, Dipartimento di Medicina della Facoltà di Medicina, Università Complutense di Madrid
- ◆ Vicepresidente del Comitato Etico e di Ricerca Clinica (CEIC) dell'Ospedale Generale Universitario Gregorio Marañón, Madrid
- ◆ Coordinatore della Sezione Cancro e Trombosi della Società Spagnola di Oncologia Medica (SEOM)

Dott.ssa Llamas, Pilar

- ◆ Dottorato in Medicina e Chirurgia
- ◆ Laurea in Medicina e Chirurgia presso l'Università di Cordoba Conseguita con il massimo dei voti nel 1989
- ◆ Responsabile del Dipartimento di Ematologia ed Emoterapia degli Ospedali Pubblici Quironsalud di Madrid, della Fundación Jiménez Díaz, degli Ospedali Universitari Rey Juan Carlos, Infanta Elena e Hospital General de Villalba

Dott.ssa Pina Pascual, Elena

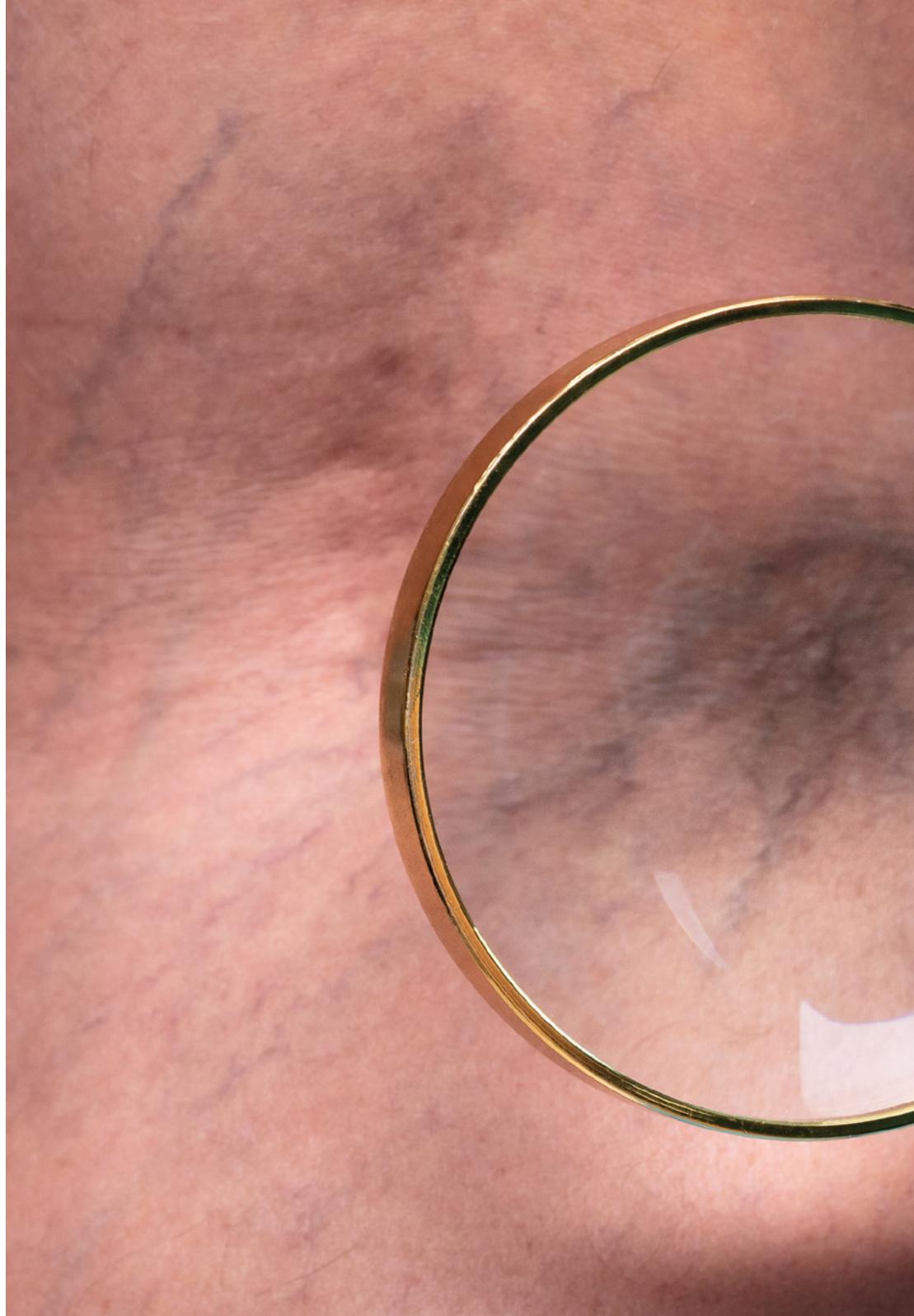
- ♦ Laurea in Medicina e Chirurgia presso l'Università Autonoma di Barcellona
- ♦ Specialista in Ematologia ed Emoterapia con specializzazione svolta presso l'Ospedale Universitario di Bellvitge
- ♦ Dal 2005 è medico strutturato del Servizio di Trombosi ed Emostasi dell'Ospedale Universitario di Bellvitge
- ♦ Coordinatrice dell'Unità Funzionale di malattia tromboembolica venosa dell'Ospedale di Bellvitge dal dicembre 2007 Membro della commissione sulla Trombosi associata al Cancro dell'Institut Català d'Oncologia (ICO)

Dott.ssa Ruperez Blanco, Ana Belen

- ♦ Laurea in Medicina presso l'Università Complutense di Madrid
- ♦ Specialista in Oncologia Medica presso l'Ospedale Generale Universitario Gregorio Marañón
- ♦ Medico Strutturato presso il Servizio di Oncologia, Unità dei Tumori dell'apparato digerente, Sarcomi e Tumori della Pelle, Ospedale Virgen de la Salud, Toledo
- ♦ Master Specialistico in Traumatologia dello Sport presso l'Università Cattolica Sant'Antonio (Murcia)
- ♦ Membro della Sezione Cancro e Trombosi della Società Spagnola di Oncologia Medica (SEOM)

Dott.ssa Sabater Lleal, María

- ♦ Laurea in Biologia presso l'Università di Barcellona conseguita nel 2000
- ♦ Specializzata in Biomedicina
- ♦ Dottorato in Genetica presso l'Università di Barcellona conseguita nel 2006
- ♦ Gruppo di Genomica delle Malattie Complesse dell'Istituto di Ricerca dell'Ospedale di Sant Pau (IIB Sant Pau), Ospedale La Santa Creu I Sant Pau, Barcellona
- ♦ Ricercatrice Associata in Genetica Cardiovascolare presso l'Unità di Medicina Cardiovascolare (KI)



**Dott. Souto, Juan Carlos**

- ♦ Laurea in Medicina e Chirurgia presso l'Università di Alcalá de Henares (Madrid) conseguita nel 1987
- ♦ Specialista in Ematologia ed Emoterapia
- ♦ Dottorato in Medicina e Chirurgia conseguito presso l'UAB
- ♦ Membro dello staff di Ematologia Attualmente dirige la sezione di Diagnostica e Ricerca Traslazionale sulle Malattie dell'Emostasi
- ♦ Svolge la sua attività sanitaria nel reparto di trattamento antitrombotico e di malattie tromboemboliche ed emorragiche Membro eletto nel 2017 del Consell Directiu del Cos Facultatiu dell'Ospedale
- ♦ Autore di 160 articoli scientifici su riviste indicizzate, di cui 35 come autore principale
- ♦ Autore di 290 comunicazioni scientifiche a congressi nazionali e internazionali
- ♦ Membro del team di ricerca in 21 progetti di ricerca competitivi, in 7 dei quali come ricercatore principale
- ♦ Responsabile dei progetti scientifici GAIT 1 e 2 (Genetic Analysis of Idiopathic Thrombophilia) sviluppati dal 1995 e tuttora in corso; ACOA (Alternative Control of Oral Anticoagulation) dal 2000 al 2005; RETROVE (Rischio di sviluppo della Malattia Tromboembolica Venosa) intrapreso nel 2012; MIRTO (Modelling the Individual Risk of Thrombosis in Oncology), dal 2015
- ♦ Senior Data Analyst (CNAG-CRG)

Dott. Vidal, Francisco

- ♦ Laurea in Biologia presso l'Università di Barcellona
- ♦ Programma Ufficiale di Dottorato in Biochimica e Biologia Molecolare e Genetica, Università di Barcellona
- ♦ Executive Master in Healthcare Organization, ESADE Business School/ Ramon Llull University
- ♦ Specialista del Banco del Sangue e dei Tessuti, Barcellona

05

Struttura e contenuti

La struttura dei contenuti è stata progettata dai migliori professionisti del settore della Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi, con un ampio percorso e riconosciuto prestigio nella professione, supportata dal volume di casi rivisti, studiati e diagnosticati, e con ampia padronanza delle nuove tecnologie applicate alla medicina genomica e di precisione.





“

Questo Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato”

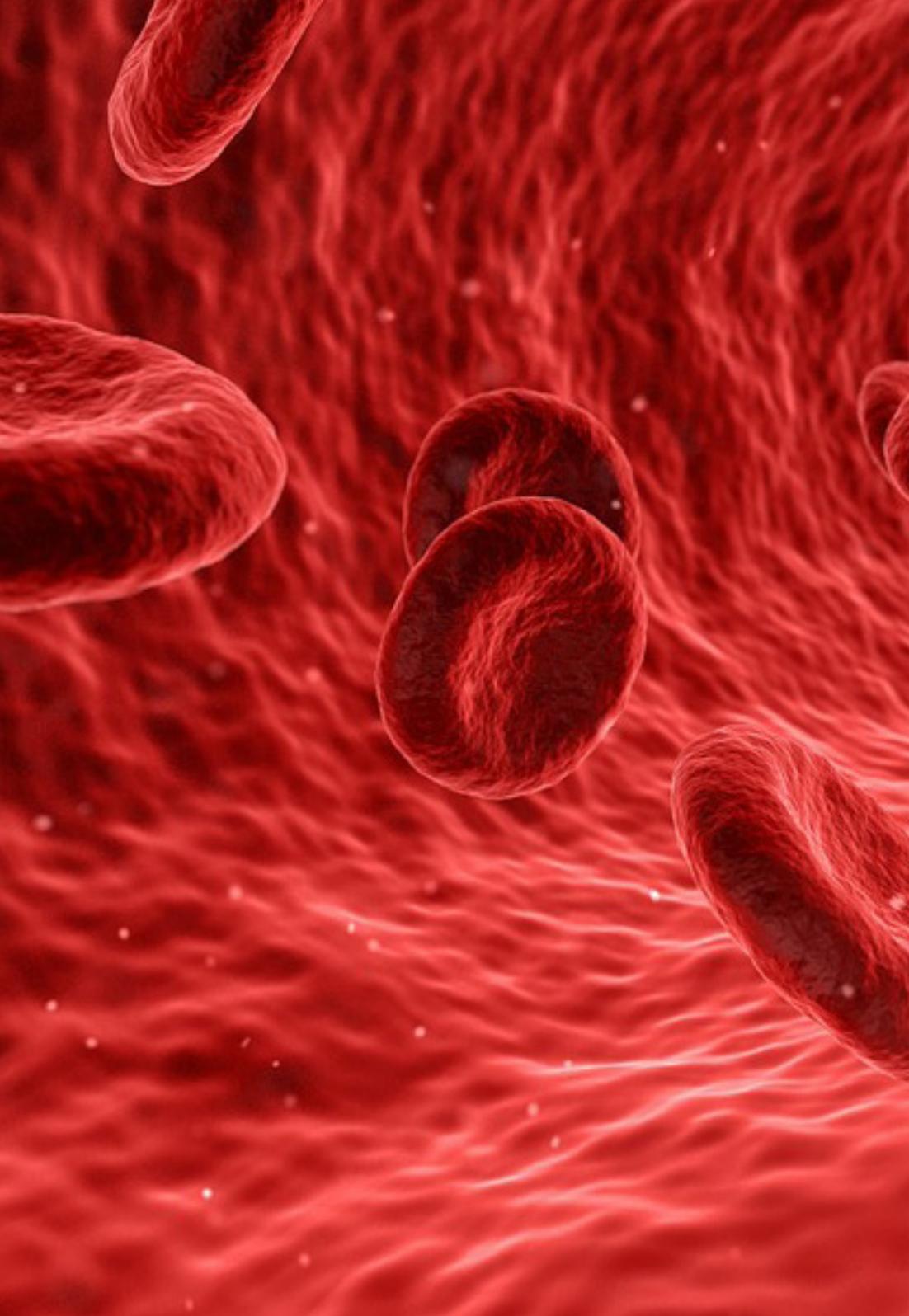
Modulo 1. Introduzione alla Emostasi

- 1.1. Introduzione: Storia e aspetti evolutivi
 - 1.1.1. Storia
 - 1.1.2. Aspetti evolutivi
- 1.2. Endotelio e piastrine nella fisiologia dell'emostasi
 - 1.2.1. Ruolo dell'endotelio nell'emostasi
 - 1.2.2. Piastrine. Recettori della membrana piastrinica
 - 1.2.3. Formazione di tappi piastrinici: Adesione e aggregazione piastrinica
 - 1.2.4. Microparticelle
 - 1.2.5. Coinvolgimento di altri elementi cellulari nella fisiologia dell'emostasi
- 1.3. Componente plasmatica della coagulazione: Il coagulo di fibrina
 - 1.3.1. La cascata della coagulazione
 - 1.3.2. I fattori di coagulazione
 - 1.3.3. Il sistema di coagulazione
 - 1.3.4. Complessi multicomponente
- 1.4. Meccanismi di regolazione della coagulazione
 - 1.4.1. Inibitori dei fattori attivati
 - 1.4.2. Regolatori di cofattori
- 1.5. Fibrinolisi
 - 1.5.1. Il sistema fibrinolitico
 - 1.5.2. Attivazione della fibrinolisi
 - 1.5.3. Regolazione della fibrinolisi
 - 1.5.4. Recettori cellulari per la fibrinolisi
- 1.6. Il laboratorio di coagulazione: Fase preanalitica
 - 1.6.1. Pazienti e raccolta dei campioni
 - 1.6.2. Trasporto e trattamento dei campioni
- 1.7. Studio delle piastrine
 - 1.7.1. Metodi di misurazione della funzione piastrinica
 - 1.7.2. Tempo di otturazione (PFA-100)
 - 1.7.3. Citometria a flusso

- 1.8. Esplorazione della fase plasmatica della coagulazione
 - 1.8.1. Tecniche di coagulazione classiche
 - 1.8.2. Quantificazione dei fattori di coagulazione
 - 1.8.3. Studio di inibitori specifici e non specifici
 - 1.8.4. Test di laboratorio della fibrinolisi
 - 1.8.5. Lo studio sulla trombofilia
 - 1.8.6. Test di laboratorio per il monitoraggio dei farmaci anticoagulanti
- 1.9. Tecniche di analisi dell'emostasi globale
 - 1.9.1. Definizione e classificazione
 - 1.9.2. Test di generazione della trombina
 - 1.9.3. Tecniche viscoelasto-metriche
- 1.10. Casi clinici ed esercitazioni
 - 1.10.1. Casi clinici
 - 1.10.2. Esercizi

Modulo 2. Fisiopatologia ed epidemiologia del Tromboembolismo Venoso

- 2.1. Introduzione generale alla complessità e all'impatto clinico del TEV
 - 2.1.1. Introduzione generale alla complessità
 - 2.1.2. Impatto clinico del TEV
- 2.2. Generazione di trombi patologici
 - 2.2.1. L'equilibrio dell'emostasi
 - 2.2.2. L'alterazione dell'equilibrio (classica triade di Virchow) e le sue conseguenze
 - 2.2.3. Funzione venosa normale e patologica
 - 2.2.4. Ruolo dei foglietti venosi nel trombo patologico
 - 2.2.5. Ruolo dell'endotelio vascolare
 - 2.2.6. Ruolo delle piastrine e dei polifosfati
 - 2.2.7. Ruolo delle trappole extracellulari dei neutrofili (NETs)
 - 2.2.8. Ruolo delle microparticelle circolanti
 - 2.2.9. Processi infiammatori locali
 - 2.2.10. Trombosi paraneoplastica (in relazione al Modulo 4)
 - 2.2.11. Meccanismo e sito di formazione del trombo

- 
- 2.3. Classificazione e caratteristiche del TEV in base ai siti anatomici
 - 2.3.1. Localizzazione negli arti inferiori
 - 2.3.2. Localizzazione negli arti superiori
 - 2.3.3. Tromboembolia polmonare
 - 2.3.4. Localizzazioni atipiche
 - 2.3.4.1. Viscerali
 - 2.3.4.2. Intracraniche
 - 2.4. Classificazione delle trombosi in base alle circostanze associate
 - 2.4.1. TEV spontaneo o Secondaria
 - 2.4.2. Fattori di rischio ambientali (Tabella a)
 - 2.4.3. Ruolo di etnia, età e sesso
 - 2.4.4. Ruolo dei dispositivi intravascolari (cateteri endovenosi)
 - 2.5. Sequele di TEV
 - 2.5.1. Sindrome post-trombotica e trombosi residua. Relazione con la recidiva
 - 2.5.2. Ipertensione polmonare cronica
 - 2.5.3. Mortalità a breve e lungo termine
 - 2.5.4. Qualità della vita
 - 2.6. Impatto del TEV sull'insieme delle malattie mondiali
 - 2.6.1. Contributo all'onere complessivo della malattia
 - 2.6.2. Impatto sull'economia
 - 2.7. Epidemiologia del TEV
 - 2.7.1. Variabili d'influenza (età, etnia, comorbilità, farmaci, fattori stagionali, ecc.)
 - 2.8. Rischio ed epidemiologia della recidiva trombotica
 - 2.8.1. Differenze tra sessi
 - 2.8.2. Differenze in base alle circostanze associate al primo episodio
 - 2.9. Trombofilia
 - 2.9.1. Concetto classico
 - 2.9.2. Biomarcatori biologici della trombofilia
 - 2.9.2.1. Genetici
 - 2.9.2.2. Plasmatici
 - 2.9.2.3. Cellulari
 - 2.9.3. Studio di laboratorio della trombofilia

- 2.9.3.1. Discussione sulla sua utilità
- 2.9.3.2. Anomalie classiche
- 2.9.3.3. Altri biomarcatori o fenotipi intermedi (Tabella b)
- 2.10. La trombofilia come concetto di patologia complessa e cronica
 - 2.10.1. Alta complessità (vedi sezione 2.1)
 - 2.10.2. Importanza della base genetica. Concetto di ereditabilità
 - 2.10.3. Fattori di rischio genetici noti (Tabella c). Relazione con i Moduli 7 e 8
 - 2.10.4. Ereditarietà da scoprire
- 2.11. Profilo di rischio individuale
 - 2.11.1. Concetto
 - 2.11.2. Componenti permanenti (genetiche)
 - 2.11.3. Cambiamento delle circostanze
 - 2.11.4. Nuovi e potenti modelli matematici per valutare congiuntamente tutte le variabili di rischio (si veda il Modulo 9)

Modulo 3. Diagnosi, trattamenti e profilassi del Tromboembolismo Venoso

- 3.1. Diagnosi di TEV
 - 3.1.1. Presentazione clinica e scale di probabilità diagnostica
 - 3.1.2. Test complementari (D-dimero, test di imaging)
 - 3.1.3. Stratificazione del rischio prognostico nei pazienti con PD
- 3.2. Trattamento del TEV
 - 3.2.1. Farmaci antitrombotici
 - 3.2.2. Trattamento della fase iniziale (fase acuta e fino a 3-6 mesi)
 - 3.2.3. Durata del trattamento e trattamento a lungo termine (> 6 mesi)
 - 3.2.4. Complicanze della terapia antitrombotica
- 3.3. Profilassi del TEV
 - 3.3.1. Profilassi del paziente medico
 - 3.3.2. Profilassi del paziente chirurgico
 - 3.3.3. Casi clinici

Modulo 4. Situazioni speciali I: trombosi in ambito oncologico

- 4.1. Epidemiologia e fattori di rischio
 - 4.1.1. Epidemiologia
 - 4.1.2. Fattori di rischio associati al paziente
 - 4.1.3. Fattori di rischio associati ai tumori
 - 4.1.4. Fattori di rischio associati al trattamento
- 4.2. Tromboprofilassi del paziente ricoverato in oncologia medica
 - 4.2.1. Introduzione
 - 4.2.2. Tromboprofilassi del paziente ricoverato in oncologia medica
- 4.3. Tromboprofilassi del paziente chirurgico
 - 4.3.1. Introduzione
 - 4.3.2. Tromboprofilassi del paziente chirurgico
- 4.4. Tromboprofilassi del paziente oncologico sottoposto a terapia sistemica in regime ambulatoriale
 - 4.4.1. Introduzione
 - 4.4.2. Tromboprofilassi del paziente oncologico sottoposto a terapia sistemica in regime ambulatoriale
- 4.5. Modelli predittivi del rischio di trombosi
 - 4.5.1. Punteggio Khorana
 - 4.5.2. Altri modelli di rischio predittivo
 - 4.5.3. Altre potenziali applicazioni dei modelli di rischio predittivi
- 4.6. Gestione iniziale della trombosi associata al cancro
 - 4.6.1. Introduzione
 - 4.6.2. Gestione iniziale della trombosi associata al cancro
- 4.7. Gestione a lungo termine della trombosi associata al cancro
 - 4.7.1. Introduzione
 - 4.7.2. Gestione a lungo termine della trombosi associata al cancro
- 4.8. Modelli predittivi di emorragia e recidive. Interazioni degli anticoagulanti orali ad azione diretta
 - 4.8.1. Modelli predittivi di emorragia e recidive
 - 4.8.2. Interazioni degli anticoagulanti orali ad azione diretta

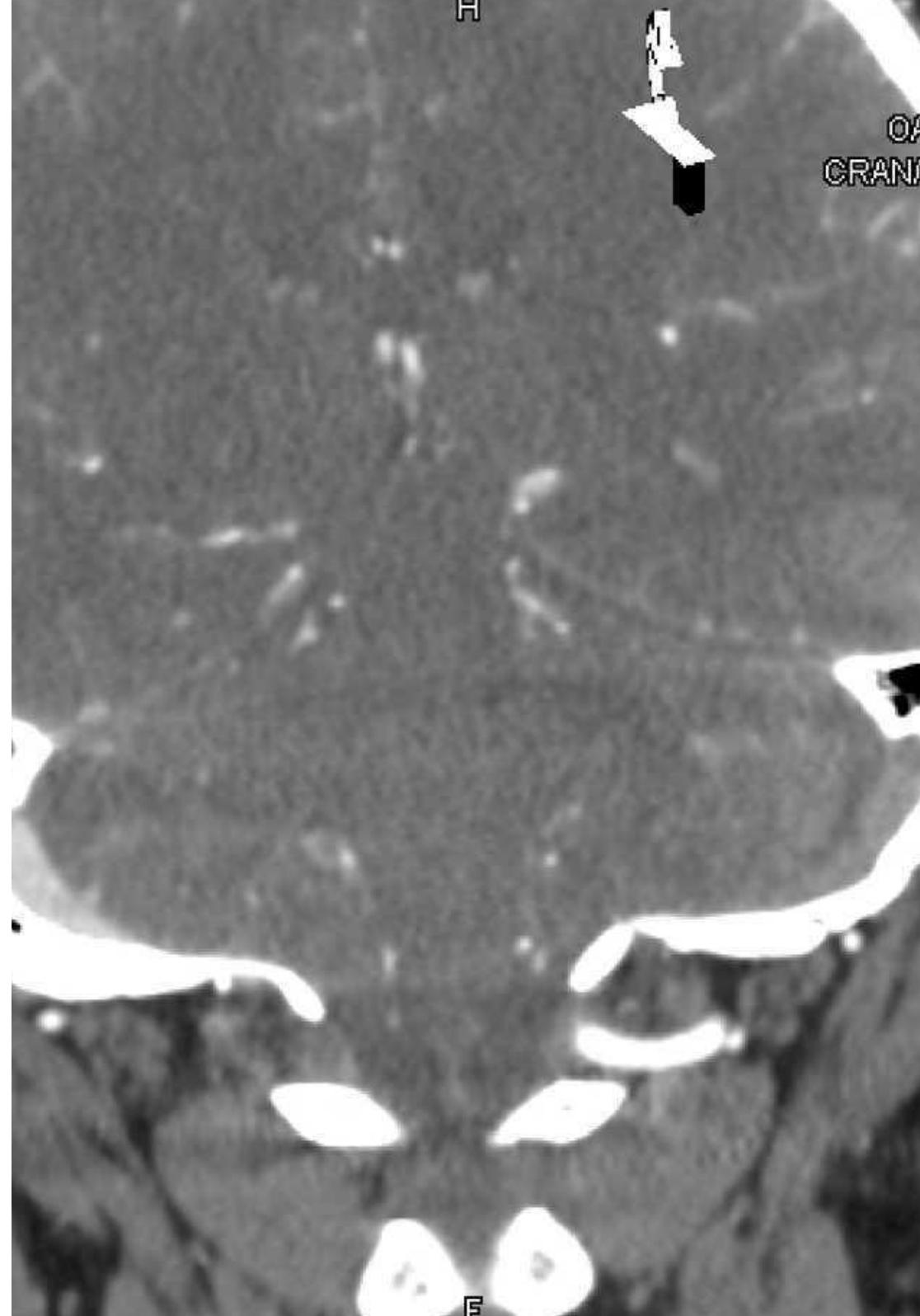
- 4.9. Terapia antitumorale e rischio di trombosi
 - 4.9.1. Chemioterapia
 - 4.9.2. Terapia ormonale
 - 4.9.3. Farmaci biologici
 - 4.9.4. Immunoterapia
 - 4.9.5. Trattamento di supporto

Modulo 5. Situazioni speciali II: trombosi nelle donne

- 5.1. Fisiopatologia dell'emostasi nelle diverse fasi della maturazione nella donna
 - 5.1.1. Introduzione
 - 5.1.2. Fattori di rischio fisiologici
 - 5.1.3. Fattori di rischio acquisiti
- 5.2. Trombofilia nella donna
 - 5.2.1. Trombofilia ereditaria
 - 5.2.2. Trombofilia acquisita
 - 5.2.3. Indicazioni per gli studi
- 5.3. Contraccezione e terapia ormonale e malattia tromboembolica venosa
 - 5.3.1. Introduzione
 - 5.3.2. Contraccezione nelle donne con fattori di rischio trombotico
 - 5.3.3. Contraccezione nelle donne dopo un evento trombotico
- 5.4. Strategie per la prevenzione della malattia tromboembolica venosa nelle donne non gravide in età fertile
 - 5.4.1. Donne non gravide senza anamnesi di trombosi
 - 5.4.2. Donne non gravide con anamnesi di trombosi
- 5.5. Malattia tromboembolica venosa durante la gestazione e il puerperio
 - 5.5.1. Incidenza e epidemiologia
 - 5.5.2. Fattori di rischio: Scale di valutazione di rischio
 - 5.5.3. Presentazione clinica
 - 5.5.4. Strategia diagnostica
 - 5.5.5. Trattamento
 - 5.5.6. Profilassi
 - 5.5.7. Gestione del paziente con valvola cardiaca
- 5.6. Malattia tromboembolica venosa e cesarea
 - 5.6.1. Incidenza e epidemiologia
 - 5.6.2. Fattori di rischio: Scale di valutazione di rischio
 - 5.6.3. Trattamento e profilassi
- 5.7. Tecniche di riproduzione assistita e malattia tromboembolica venosa
 - 5.7.1. Incidenza e fattori di rischio
 - 5.7.2. Presentazione clinica
 - 5.7.3. Trattamento
 - 5.7.4. Profilassi
- 5.8. Farmaci anticoagulanti utilizzati durante la gravidanza, il puerperio e l'allattamento
 - 5.8.1. Eparina non frazionata
 - 5.8.2. Eparina a basso peso molecolare
 - 5.8.3. Antagonisti della vitamina K
 - 5.8.4. Gestione del trattamento anticoagulante peripartum
 - 5.8.5. Complicazioni della terapia anticoagulante
- 5.9. Sindrome ostetrica da antifosfolipidi
 - 5.9.1. Incidenza e epidemiologia
 - 5.9.2. Diagnosi di laboratorio di APS ostetrica
 - 5.9.3. Trattamento di APS ostetrica
 - 5.9.4. Gestione della donna in età fertile con anticorpi antifosfolipidi isolati
- 5.10. Climaterio, menopausa e trombosi
 - 5.10.1. Incidenza e epidemiologia
 - 5.10.2. Rischio cardiovascolare
 - 5.10.3. Terapia ormonale sostitutiva

Modulo 6. Dati Omici: Introduzione al linguaggio di programmazione R

- 6.1. Introduzione base al sistema operativo UNIX/Linux
 - 6.1.1. Storia e filosofia
 - 6.1.2. Interprete di comandi (Shell)
 - 6.1.3. Comandi Linux di base
 - 6.1.4. Elaboratori di testo
- 6.2. Gestione dei file UNIX/Linux
 - 6.2.1. Sistema di archiviazione
 - 6.2.2. Utenti e gruppi
 - 6.2.3. Permessi
- 6.3. Gestione dei sistemi UNIX/Linux
 - 6.3.1. Compiti (*jobs*)
 - 6.3.2. Registri (*logs*)
 - 6.3.3. Strumenti di monitoraggio
 - 6.3.4. Reti
- 6.4. Introduzione e caratteristiche di base di R
 - 6.4.1. Che cos'è R?
 - 6.4.2. Primi passi
 - 6.4.2.1. Installazione e interfaccia grafica
 - 6.4.2.2. Spazi di lavoro (*Workspace*)
 - 6.4.3. Estensioni in R
 - 6.4.3.1. Pacchetti standard
 - 6.4.3.2. Pacchetti forniti, CRAN e Bioconductor
- 6.5. Tipi di dati in R
 - 6.5.1. Vettori
 - 6.5.2. Liste
 - 6.5.3. Variabili indicizzate (*arrays*) e matrici
 - 6.5.4. Fattori
 - 6.5.5. Set di Dati (*Data Frames*)
 - 6.5.6. *Strings* di testo
 - 6.5.7. Altri tipi di dati



- 6.6. Gestione dei dati in R
 - 6.6.1. Importare ed esportare dati
 - 6.6.2. Manipolazione dei dati
 - 6.6.2.1. Vettori
 - 6.6.2.2. Matrici
 - 6.6.2.3. *Strings* di testo
 - 6.6.2.4. Schede tecniche
- 6.7. Funzioni di controllo e loop in R
 - 6.7.1. Esecuzione condizionata: *if*
 - 6.7.2. Cicli: *For*, *Repeat*, *While*
 - 6.7.3. Funzioni di tipo *apply*
- 6.8. Modelli statistici in R
 - 6.8.1. Dati univariati
 - 6.8.2. Dati multivariati
 - 6.8.3. Test di ipotesi
- 6.9. Rappresentazione grafica in R
 - 6.9.1. Rappresentazioni di base
 - 6.9.2. Parametri ed elementi grafici
 - 6.9.3. Il pacchetto *ggplot2*
- 6.10. Definizione di funzioni in R
 - 6.10.1. Esempi semplici
 - 6.10.2. Argomenti e valori predefiniti
 - 6.10.3. Assegnazioni all'interno delle funzioni

Modulo 7. Trombosi nell'era Genomica I: Studi Globali del Genoma (GWAS)

- 7.1. Introduzione alla Genetica
 - 7.1.1. Introduzione e concetti di base
 - 7.1.1.1. Geni
 - 7.1.1.2. Polimorfismi, alleli e *loci*
 - 7.1.1.3. Aplotipi
 - 7.1.1.4. Concetto di linkage disequilibrium
 - 7.1.1.5. Genotipo
 - 7.1.1.6. Fenotipo
 - 7.1.2. La genetica per studiare malattie complesse
 - 7.1.2.1. Malattie complesse e rare
 - 7.1.2.2. Studi sui geni candidati e studi sull'intero genoma
 - 7.1.3. Tipi di polimorfismo, nomenclatura e versioni del genoma
 - 7.1.4. Chip di genotipizzazione
- 7.2. Introduzione all'analisi genomica del genoma (GWAS)
 - 7.2.1. Cos'è un GWAS?
 - 7.2.2. Design di studi GWAS
 - 7.2.2.1. Ereditabilità
 - 7.2.2.2. Analisi caso-controllo *versus* analisi quantitativa dei tratti
 - 7.2.2.3. Dimensione del campione e potenza statistica
 - 7.2.2.4. Distorsioni dovute alla sottostruttura della popolazione
 - 7.2.2.5. Fenotipi: standardizzazione e *outlier*
 - 7.2.3. Il test di associazione genetica
 - 7.2.4. *Software* utili per il GWAS
- 7.3. Imputazione genetica
 - 7.3.1. Concetto di imputazione
 - 7.3.2. Pannelli di riferimento
 - 7.3.1.1. Progetto *Hap Map*
 - 7.3.1.2. Progetto *1000 Genomi*
 - 7.3.1.3. Progetto *Haplotype Reference Consortium*
 - 7.3.1.4. Altri progetti specifici per la popolazione

- 7.4. Controllo di qualità e filtri
 - 7.4.1. Filtri di pre-immissione
 - 7.4.1.1. Frequenza dell'allele minore
 - 7.4.1.2. Equilibrio Hardy-Weinberg
 - 7.4.1.3. Errori di genotipizzazione (*Call Rate*)
 - 7.4.1.4. Eccesso di eterogeneità
 - 7.4.1.5. Errori mendeliani
 - 7.4.1.6. Errori di genere
 - 7.4.1.7. Direzione della catena
 - 7.4.1.8. Relazioni di parentela
 - 7.4.2. Filtri di post-imputazione
 - 7.4.2.1. Varianti monomorfiche, frequenze
 - 7.4.2.2. Qualità dell'Imputazione
 - 7.4.3. Filtri post GWAS
 - 7.4.4. *Software* di controllo qualità
- 7.5. Analisi e interpretazione di GWAS
 - 7.5.1. Manhattan Plot
 - 7.5.2. Correzione per *Multiple Testing* e risultati *Genome-wide significant*
 - 7.5.3. Concetto di locus genetico
- 7.6. Meta-analisi e repliche
 - 7.6.1. *Workflow* comune per gli studi GWAS
 - 7.6.2. Meta-analisi
 - 7.6.2.1. Metodi di meta-analisi
 - 7.6.2.2. Informazioni necessarie per eseguire la meta-analisi
 - 7.6.2.3. Risultato della meta-analisi
 - 7.6.2.4. Esempi di *software* per la meta-analisi
 - 7.6.3. I consorzi più rilevanti
- 7.7. Analisi post GWAS
 - 7.7.1. *Fine-mapping* e carta regionale
 - 7.7.2. Analisi condizionale
 - 7.7.3. Selezione del miglior gene candidato (da locus a gene)
 - 7.7.3.1. Sfruttare le informazioni sull'espressione
 - 7.7.3.2. Analisi di arricchimento dei set genici (*Gene Set Enrichment Analyses*)
 - 7.7.3.3. Studio del possibile effetto funzionale del polimorfismo

- 7.8. L'era dei GWAS
 - 7.8.1. Repository di dati GWAS
 - 7.8.2. Bilancio dei risultati dell'era GWAS
- 7.9. Uso dei risultati GWAS
 - 7.9.1. Modelli di stima del rischio
 - 7.9.2. Studi di randomizzazione mendeliana
- 7.10. Analisi genetica della malattia tromboembolica venosa (TEV)
 - 7.10.1. Un po' di storia
 - 7.10.2. Gli studi GWAS più rilevanti nel TEV
 - 7.10.3. Risultati degli ultimi studi
 - 7.10.4. Implicazioni cliniche dei risultati genetici: l'importanza della cascata della coagulazione e le nuove vie metaboliche coinvolte
 - 7.10.5. Strategie per il futuro

Modulo 8. Trombosi nell'era Genomica II: Studi di sequenziamento massivo

- 8.1. Comprendere le basi genetiche e lo studio molecolare nella trombosi e nell'emostasi
 - 8.1.1. Epidemiologia molecolare in trombosi ed emostasi
 - 8.1.2. Studio genetico delle malattie congenite
 - 8.1.3. Approccio classico alla diagnostica molecolare
 - 8.1.4. Diagnosi indiretta o tecniche di linkage genetico
 - 8.1.5. Tecniche di diagnosi diretta
 - 8.1.5.1. Screening delle mutazioni
 - 8.1.5.2. Identificazione diretta delle mutazioni
- 8.2. Tecniche di sequenziamento del DNA
 - 8.2.1. Sequenziamento Sanger tradizionale
 - 8.2.1.1. Caratteristiche della tecnica, limiti e applicazione nella trombosi e nell'emostasi
 - 8.2.2. Sequenziamento di nuova generazione o NGS
 - 8.2.2.1. Piattaforme NGS nella diagnostica molecolare
 - 8.2.2.2. Informazioni generali sulla tecnologia, sulle possibilità e sui limiti del sequenziamento NGS rispetto a quello tradizionale
 - 8.2.3. Sequenziamento di terza generazione (TGS)

- 8.3. Diversi approcci allo screening genetico mediante NGS
 - 8.3.1. Sequenziamento di pannelli genici
 - 8.3.2. Sequenziamento dell'intero esoma e sequenziamento dell'intero genoma
 - 8.3.3. Trascrittomica mediante RNA-Seq
 - 8.3.4. Sequenziamento dei microRNA
 - 8.3.5. Mappatura delle interazioni proteina-DNA con ChIP-Seq
 - 8.3.6. Epigenomica e analisi della metilazione del DNA mediante NGS
- 8.4. Analisi bioinformatica dei dati NGS
 - 8.4.1. La sfida dell'analisi bioinformatica dei dati massivi generati da NGS
 - 8.4.2. Esigenze informatiche per la gestione e l'analisi dei dati NGS
 - 8.4.2.1. Archiviazione, trasferimento e condivisione dei dati NGS
 - 8.4.2.2. Potenza di calcolo necessaria per l'analisi di dati NGS
 - 8.4.2.3. Requisiti del *software* per l'analisi dei dati NGS
 - 8.4.2.4. Competenze bioinformatiche richieste per l'analisi dei dati NGS
 - 8.4.3. *Base Calling*, formato di file FASTQ e punteggio di qualità delle basi
 - 8.4.4. Controllo di qualità e pre-elaborazione dei dati NGS
 - 8.4.5. Mappatura delle letture
 - 8.4.6. Chiamata delle varianti
 - 8.4.7. Analisi terziaria
 - 8.4.8. Analisi della variazione strutturale mediante NGS
 - 8.4.9. Metodi per la stima della variazione del numero di copie dai dati NGS
- 8.5. Concetto e tipi di mutazioni rilevabili con NGS
 - 8.5.1. Eziologia molecolare dei disordini trombotici ed emorragici
 - 8.5.2. Nomenclatura delle mutazioni
 - 8.5.3. Implicazione funzionale delle varianti/mutazioni identificate
 - 8.5.4. Differenziazione tra mutazione e polimorfismo
- 8.6. Basi di dati molecolari fondamentali in NGS
 - 8.6.1. Basi di dati specifiche per i locus (LSMD)
 - 8.6.2. Descrizioni di mutazioni precedenti nei database
 - 8.6.3. Banche dati di varianti rilevate nella popolazione sana mediante NGS
 - 8.6.4. Banche dati molecolari con annotazioni cliniche
- 8.7. Analisi e interpretazione dei risultati NGS nella trombosi e nell'emostasi
 - 8.7.1. Convalida delle mutazioni
 - 8.7.2. Concetto di patogenicità delle mutazioni
 - 8.7.3. Correlazione genotipo-fenotipo
 - 8.7.3.1. Studi *in silico*
 - 8.7.3.2. Studi di espressione
 - 8.7.3.3. Studi funzionali *in vitro*
- 8.8. Ruolo della NGS nella consulenza genetica e nella diagnosi prenatale
 - 8.8.1. La consulenza genetica nell'era della NGS
 - 8.8.2. Questioni etiche specifiche della NGS e del sequenziamento del genoma intero per la consulenza genetica e la diagnosi clinica
 - 8.8.3. Diagnosi e metodi prenatali convenzionali
 - 8.8.4. Diagnosi genetica preimpianto
 - 8.8.5. Diagnosi prenatale non invasiva
 - 8.8.5.1. Uso del DNA fetale nella circolazione materna per la diagnosi prenatale
 - 8.8.5.2. Sequenziamento di SNP dal DNA fetale circolante
 - 8.8.5.3. Limiti e sfide dei test prenatali non invasivi basati su NGS
 - 8.8.5.4. Implementazione clinica dei test prenatali non invasivi per le aneuploidie
- 8.9. Prospettive future sulle tecnologie NGS e sull'analisi dei dati
 - 8.9.1. Sviluppo tecnologico del sequenziamento a medio termine
 - 8.9.2. Evoluzione degli strumenti bioinformatici per l'analisi dei dati di sequenziamento high-throughput
 - 8.9.3. Standardizzazione e razionalizzazione dei processi analitici NGS
 - 8.9.4. Informatica parallela
 - 8.9.5. Cloud computing

Modulo 9. Trombosi nell'era Genomica III: studi sulla regolazione dell'espressione genica (RNA e miRNA)

- 9.1. Introduzione all'RNA-seq
 - 9.1.1. Descrizione della tecnica
 - 9.1.2. Vantaggi rispetto agli *Arrays* di espressione
 - 9.1.3. Limiti
- 9.2. Disegno sperimentale per gli studi RNA-seq
 - 9.2.1. Concetto di *Randomization* e *Blocking*
 - 9.2.2. Repliche biologiche vs. Repliche tecniche
 - 9.2.3. Numero di repliche
 - 9.2.4. Profondità di sequenziamento
 - 9.2.5. Tipo di library
- 9.3. Controllo di qualità per RNA-seq
 - 9.3.1. Metriche di qualità per RNA-seq
 - 9.3.2. Programmi progettati per il controllo di qualità in RNA-seq
- 9.4. Allineamento e quantificazione dell'RNA
 - 9.4.1. Con genoma di riferimento (*Genome-based*)
 - 9.4.2. Senza genoma di riferimento (*Trascrittoma-based*)
- 9.5. Assemblaggio de novo e annotazione dell'RNA
 - 9.5.1. *Pipeline* senza trascrittoma di riferimento
 - 9.5.2. Annotazione dei trascritti codificanti e non codificanti
- 9.6. Espressione differenziale con RNA-seq
 - 9.6.1. Standardizzazione
 - 9.6.2. Eliminazione delle variabili latenti
 - 9.6.3. Programmi e metodi statistici
 - 9.6.4. Arricchimento funzionale
- 9.7. Altre applicazioni della tecnologia RNA-seq
 - 9.7.1. Rilevamento dello *Splicing* alternativo
 - 9.7.2. Rilevamento dei trascritti chimerici
 - 9.7.3. Rilevamento delle mutazioni
 - 9.7.4. Rilevamento di *Allele-specific Expression*

- 9.8. *Small* RNA-seq
 - 9.8.1. Costruzione di librerie per *Small* RNA-seq
 - 9.9.8.1. Controllo di qualità per *Small* RNA-seq
 - 9.8.2. Allineamento e quantificazione per *Small* RNA-seq
 - 9.8.3. Annotazione dei miRNA
 - 9.8.4. miRNA targets
- 9.9. Gene *Coexpression Networks*
 - 9.9.1. Concetto di Gene *Coexpression Networks*
 - 9.9.2. Coespressione differenziale vs. Espressione differenziale
 - 9.9.3. *Weighted gene Coexpression Networks Analysis* (WGCNA)
 - 9.9.4. Visualizzazione di Gene *Coexpression Networks*
- 9.10. Analisi regolazione della espressione genica nel malattia tromboembolica venosa (TEV)
 - 9.10.1. Un po' di storia
 - 9.10.2. Studi rilevanti sul TEV
 - 9.10.3. Risultati degli ultimi studi
 - 9.10.4. Implicazioni cliniche dei risultati
 - 9.10.5. Esempi pratici ed esercizi

Modulo 10. Modelli predittivi

- 10.1. Apprendimento statistico
 - 10.1.1. Stima di f
 - 10.1.2. Apprendimento supervisionato e non
 - 10.1.3. Problemi di regressione e classificazione
 - 10.1.4. Modelli lineari e non lineari
- 10.2. Elaborazione dei dati
 - 10.2.1. Standardizzazione
 - 10.2.2. Imputazione
 - 10.2.3. I valori anomali (*Outliers*)
- 10.3. Regressione lineare
 - 10.3.1. Modelli lineari
 - 10.3.2. Analisi della varianza (ANOVA)
 - 10.3.3. Modelli di effetti misti

- 10.4. Classificazione
 - 10.4.1. Regressione logistica
 - 10.4.2. Analisi discriminante lineare
 - 10.4.3. K vicini (KNN)
- 10.5. Metodi di ricampionamento
 - 10.5.1. Convalida incrociata
 - 10.5.1.1. Set di convalida o test
 - 10.5.1.2. Convalida incrociata escludendo un valore (*Leave One Out*)
 - 10.5.1.3. Convalida incrociata di k interazioni (*k-Fold*)
 - 10.5.2. *Bootstrap*
- 10.6. Scelta di modelli lineari
 - 10.6.1. Confronto tra modelli annidati
 - 10.6.2. Algoritmi *Stepwise*
 - 10.6.3. Diagnosi di modelli lineari
- 10.7. Regolarizzazione
 - 10.7.1. La maledizione della dimensione
 - 10.7.2. Regressione a componenti principali
 - 10.7.3. Regressione ai minimi quadrati parziali
 - 10.7.4. Metodi di *Shrinkage*
 - 10.7.4.1. Regressione *Ridge*
 - 10.7.4.2. Lasso
- 10.8. Metodi basati su alberi decisionali
 - 10.8.1. Introduzione agli alberi decisionali
 - 10.8.2. Tipi di alberi decisionali
 - 10.8.2.1. *Bagging*
 - 10.8.2.2. *Random Forests*
 - 10.8.2.3. *Boosting*

- 10.9. Macchine di supporto vettoriale
 - 10.9.1. Classificatori a margine massimo
 - 10.9.2. Macchine di supporto vettoriale
 - 10.9.3. Regolazione dell'iperparametro
- 10.10. Apprendimento non supervisionato
 - 10.10.1. Analisi delle componenti principali
 - 10.10.2. Metodi di *Clustering*
 - 10.10.2.1. Clustering k-medie (*K-means*)
 - 10.10.2.2. Raggruppamento gerarchico



*Un'esperienza di specializzazione
unica e decisiva per crescere a
livello professionale"*

06

Metodologia

Questo programma ti offre un modo differente di imparare. La nostra metodologia si sviluppa in una modalità di apprendimento ciclico: *il Relearning*.

Questo sistema di insegnamento viene applicato nelle più prestigiose facoltà di medicina del mondo ed è considerato uno dei più efficaci da importanti pubblicazioni come il *New England Journal of Medicine*.



“

Scopri il Relearning, un sistema che abbandona l'apprendimento lineare convenzionale, per guidarti attraverso dei sistemi di insegnamento ciclici: una modalità di apprendimento che ha dimostrato la sua enorme efficacia, soprattutto nelle materie che richiedono la memorizzazione”

In TECH applichiamo il Metodo Casistico

Cosa dovrebbe fare un professionista per affrontare una determinata situazione? Durante il programma affronterai molteplici casi clinici simulati ma basati su pazienti reali, per risolvere i quali dovrai indagare, stabilire ipotesi e infine fornire una soluzione. Esistono molteplici prove scientifiche sull'efficacia del metodo. Gli specialisti imparano meglio e in modo più veloce e sostenibile nel tempo.

Grazie a TECH potrai sperimentare un modo di imparare che sta scuotendo le fondamenta delle università tradizionali di tutto il mondo.



Secondo il dottor Gervas, il caso clinico è una presentazione con osservazioni del paziente, o di un gruppo di pazienti, che diventa un "caso", un esempio o un modello che illustra qualche componente clinica particolare, sia per il suo potenziale didattico che per la sua singolarità o rarità. È essenziale che il caso faccia riferimento alla vita professionale attuale, cercando di ricreare le condizioni reali della pratica professionale del medico.

“

Sapevi che questo metodo è stato sviluppato ad Harvard nel 1912 per gli studenti di Diritto? Il metodo casistico consisteva nel presentare agli studenti situazioni reali complesse per far prendere loro decisioni e giustificare come risolverle. Nel 1924 fu stabilito come metodo di insegnamento standard ad Harvard”

L'efficacia del metodo è giustificata da quattro risultati chiave:

1. Gli studenti che seguono questo metodo, non solo assimilano i concetti, ma sviluppano anche la capacità mentale, grazie a esercizi che valutano situazioni reali e richiedono l'applicazione delle conoscenze.
2. L'apprendimento è solidamente fondato su competenze pratiche, che permettono allo studente di integrarsi meglio nel mondo reale.
3. L'approccio a situazioni nate dalla realtà rende più facile ed efficace l'assimilazione delle idee e dei concetti.
4. La sensazione di efficienza degli sforzi compiuti diventa uno stimolo molto importante per gli studenti e si traduce in un maggiore interesse per l'apprendimento e in un aumento del tempo dedicato al corso.



Metodologia Relearning

TECH coniuga efficacemente la metodologia del Caso di Studio con un sistema di apprendimento 100% online basato sulla ripetizione, che combina 8 diversi elementi didattici in ogni lezione.

Potenziamo il Caso di Studio con il miglior metodo di insegnamento 100% online: il Relearning.

Il medico imparerà mediante casi reali e la risoluzione di situazioni complesse in contesti di apprendimento simulati. Queste simulazioni sono sviluppate grazie all'uso di software di ultima generazione per facilitare un apprendimento coinvolgente.



All'avanguardia della pedagogia mondiale, il metodo Relearning è riuscito a migliorare i livelli di soddisfazione generale dei professionisti che completano i propri studi, rispetto agli indicatori di qualità della migliore università online del mondo (Columbia University).

Grazie a questa metodologia abbiamo formato con un successo senza precedenti più di 250.000 medici di tutte le specialità cliniche, indipendentemente dal carico chirurgico. La nostra metodologia pedagogica è stata sviluppata in un contesto molto esigente, con un corpo di studenti universitari di alto profilo socio-economico e un'età media di 43,5 anni.

Il Relearning ti permetterà di apprendere con meno sforzo e più performance, impegnandoti maggiormente nella tua specializzazione, sviluppando uno spirito critico, difendendo gli argomenti e contrastando le opinioni: un'equazione che punta direttamente al successo.

Nel nostro programma, l'apprendimento non è un processo lineare, ma avviene in una spirale (impariamo, disimpariamo, dimentichiamo e re-impariamo). Pertanto, combiniamo ciascuno di questi elementi in modo concentrico.

Il punteggio complessivo del sistema di apprendimento di TECH è 8.01, secondo i più alti standard internazionali.



Questo programma offre i migliori materiali didattici, preparati appositamente per i professionisti:



Materiale di studio

Tutti i contenuti didattici sono creati appositamente per il corso dagli specialisti che lo impartiranno, per fare in modo che lo sviluppo didattico sia davvero specifico e concreto.

Questi contenuti sono poi applicati al formato audiovisivo che supporterà la modalità di lavoro online di TECH. Tutto questo, con le ultime tecniche che offrono componenti di alta qualità in ognuno dei materiali che vengono messi a disposizione dello studente.



Tecniche chirurgiche e procedure in video

TECH rende partecipe lo studente delle ultime tecniche, degli ultimi progressi educativi e dell'avanguardia delle tecniche mediche attuali. Il tutto in prima persona, con il massimo rigore, spiegato e dettagliato affinché tu lo possa assimilare e comprendere. E la cosa migliore è che puoi guardarli tutte le volte che vuoi.



Riepiloghi interattivi

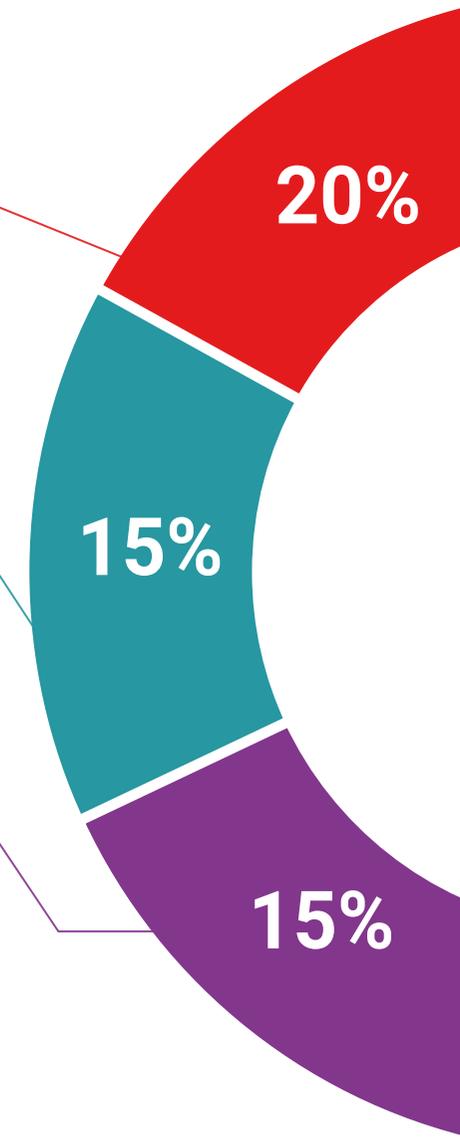
Il team di TECH presenta i contenuti in modo accattivante e dinamico in pillole multimediali che includono audio, video, immagini, diagrammi e mappe concettuali per consolidare la conoscenza.

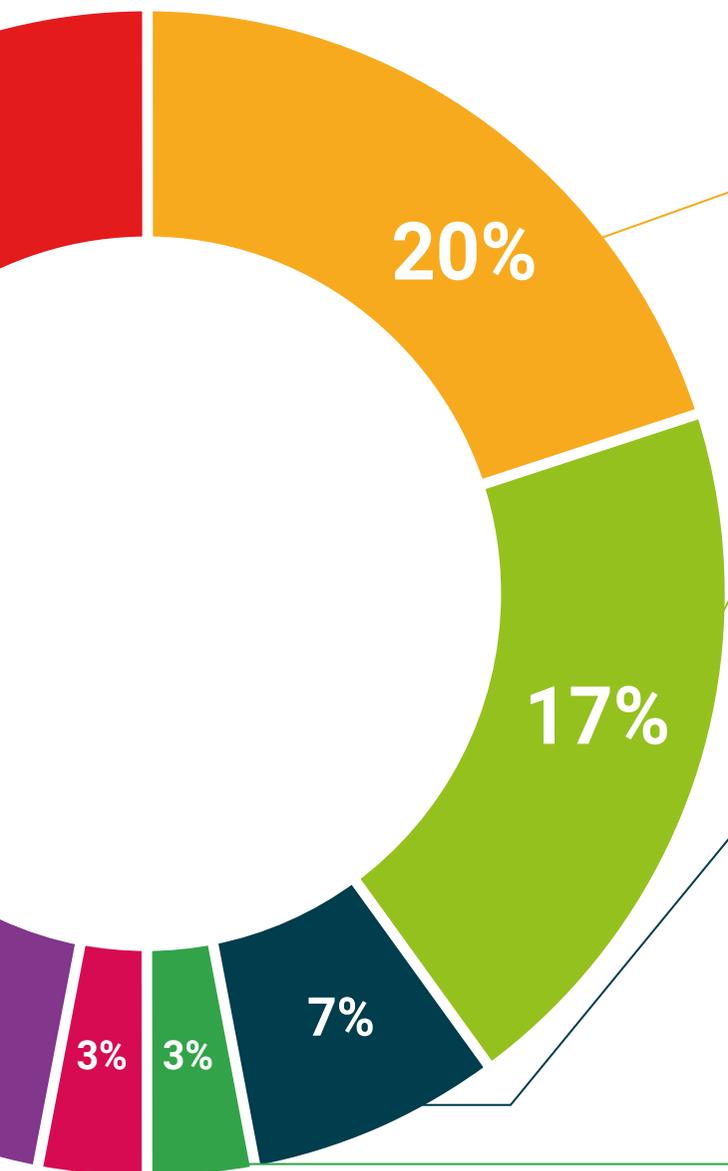
Questo esclusivo sistema di specializzazione per la presentazione di contenuti multimediali è stato premiato da Microsoft come "Caso di successo in Europa".



Letture complementari

Articoli recenti, documenti di consenso e linee guida internazionali, tra gli altri. Nella biblioteca virtuale di TECH potrai accedere a tutto il materiale necessario per completare la tua specializzazione.





Analisi di casi elaborati e condotti da esperti

Un apprendimento efficace deve necessariamente essere contestuale. Per questa ragione, TECH ti presenta il trattamento di alcuni casi reali in cui l'esperto ti guiderà attraverso lo sviluppo dell'attenzione e della risoluzione di diverse situazioni: un modo chiaro e diretto per raggiungere il massimo grado di comprensione.



Testing & Retesting

Valutiamo e rivalutiamo periodicamente le tue conoscenze durante tutto il programma con attività ed esercizi di valutazione e autovalutazione, affinché tu possa verificare come raggiungi progressivamente i tuoi obiettivi.



Master class

Esistono evidenze scientifiche sull'utilità dell'osservazione di esperti terzi: la denominazione "Learning from an Expert" rafforza le conoscenze e i ricordi e genera sicurezza nel futuro processo decisionale.



Guide di consultazione veloce

TECH ti offre i contenuti più rilevanti del corso in formato schede o guide di consultazione veloce. Un modo sintetico, pratico ed efficace per aiutare lo studente a progredire nel suo apprendimento.



07 Titolo

Il Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi garantisce, oltre alla preparazione più rigorosa e aggiornata, il conseguimento di una qualifica di Master Privato rilasciata da TECH Università Tecnologica.



“

Porta a termine questo programma e ricevi la tua qualifica universitaria senza spostamenti o fastidiose formalità”

Questo **Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi** possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato.

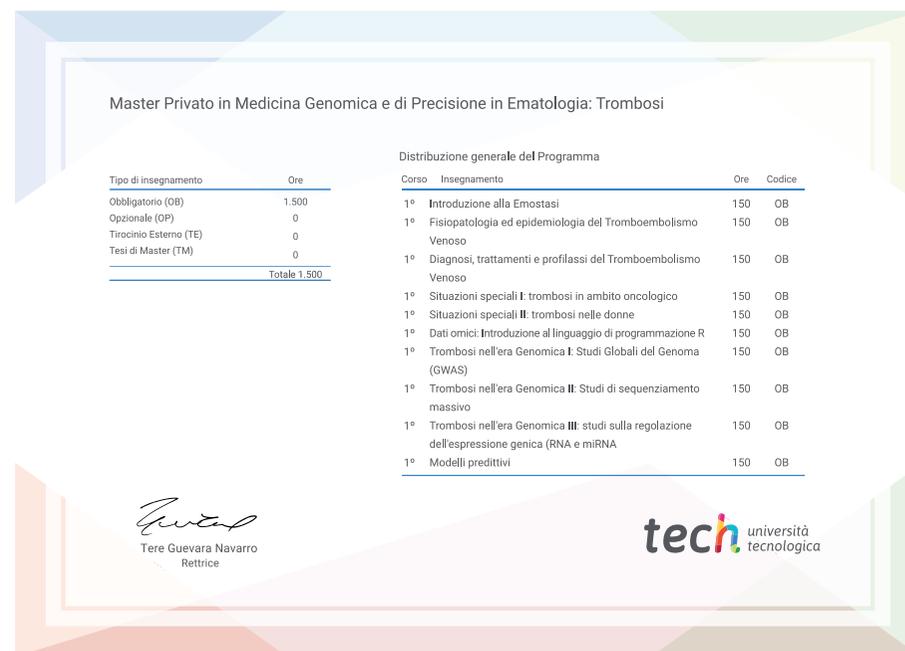
Dopo aver superato le valutazioni, lo studente riceverà, mediante lettera certificata con ricevuta di ritorno, la corrispondente qualifica di **Master Privato** rilasciata da **TECH Università Tecnologica**.

Questa qualifica contribuisce in modo significativo allo sviluppo dell'aggiornamento continuo dei professionisti, fornisce loro un alto valore curricolare universitario ed è valido al 100% per partecipare a tutti i concorsi e intraprendere una carriera professionale.

Titolo: **Master Privato in Medicina Genomica e di Precisione in Ematologia: Trombosi**

Modalità: **online**

Durata: **12 mesi**



*Apostilla dell'Aia. Se lo studente dovesse richiedere che il suo diploma cartaceo sia provvisto di Apostille dell'Aia, TECH EDUCATION effettuerà le gestioni opportune per ottenerla pagando un costo aggiuntivo.

futuro
salute fiducia persone
educazione informazione tutor
garanzia accreditamento insegnamento
istituzioni tecnologia apprendimento
comunità impegno
attenzione personalizzata inn
conoscenza presente qualità
formazione online
sviluppo istituzioni
classe virtuale lingu

tech universidad
tecnológica

Master Privato

Medicina Genomica e di
Precisione in Ematologia:
Trombosi

- » Modalità: online
- » Durata: 12 mesi
- » Titolo: TECH Università Tecnologica
- » Orario: a tua scelta
- » Esami: online

Master Privato

Medicina Genómica e di
Precisión en Ematología:
Trombosis

