

Master Privato

Oncologia di Precisione:
Genomica e Big Data





tech università
tecnologica

Master Privato

Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data

- » 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-oncologia-precisione-genomica-big-data

Indice

01

Presentazione

pag. 4

02

Obiettivi

pag. 8

03

Competenze

pag. 14

04

Direzione del corso

pag. 18

05

Struttura e contenuti

pag. 26

06

Metodologia

pag. 38

07

Titolo

pag. 46

01

Presentazione

Il concetto di Oncologia Genomica o di Precisione non è del tutto nuovo; i medici hanno usato il gruppo sanguigno per personalizzare le trasfusioni di sangue per più di un secolo. Ciò che fa la differenza al giorno d'oggi è non solo la rapida crescita dei dati genomici che possono essere raccolti dal paziente e da una comunità più ampia rapidamente e senza costi eccessivi, ma anche il potenziale di ottenere intuizioni dalla condivisione di questi dati.. La scala e la complessità dei dati genomici fanno scomparire le misure tradizionalmente utilizzate nei test di laboratorio.





Migliora le tue conoscenze in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data grazie a questo programma, nel quale troverai il miglior materiale didattico con casi di studio reali. Scopri gli ultimi progressi di questa specializzazione al fine di realizzare una prassi medica di qualità”

Un obiettivo fondamentale del programma è quello di avvicinare e diffondere agli studenti le conoscenze informatiche già applicate in altre aree del sapere, ma che hanno un'applicazione minima nel mondo medico. Sebbene ci sia ancora un po' di strada da fare prima che la medicina genomica diventi una realtà, l'enorme volume di informazioni cliniche attualmente disponibili deve essere accuratamente interpretato e collegato ai dati biologici generati dall'analisi bioinformatica.

Sebbene si tratti di una sfida difficile, permetterà di esplorare gli effetti della variazione genetica e le potenziali terapie in modo rapido, economico e con maggiore precisione di quanto sia possibile attualmente. Gli esseri umani non sono naturalmente equipaggiati per percepire e interpretare le sequenze genomiche, né per capire tutti i meccanismi, i percorsi e le interazioni che avvengono all'interno di una cellula vivente, né per prendere decisioni mediche con decine o centinaia di variabili. Per andare avanti, è necessario un sistema con capacità analitiche sovrumane per semplificare l'ambiente di lavoro e mostrare le relazioni e le vicinanze tra le variabili.

Nella genomica e nella biologia è ormai noto che investire le risorse sulle nuove tecniche computazionali è più utile che nella pura raccolta di dati, fatto probabilmente simile nel contesto della medicina e, naturalmente, Oncologia.

Sono disponibili milioni di dati o pubblicazioni, ma quando vengono analizzati da medici o biologi, le conclusioni sono totalmente soggettive in relazione alle pubblicazioni o ai dati disponibili che vengono arbitrariamente messi in ordine di priorità, dando luogo a una conoscenza parziale e, ovviamente, sempre più distante dalle conoscenze genetiche e biologiche disponibili supportate dal calcolo. Pertanto un passo da gigante nell'attuazione della medicina di precisione è quello di ridurre questa distanza attraverso l'analisi massiccia delle informazioni mediche e farmacologiche disponibili.

Questo **Master Privato in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data** possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato. Le caratteristiche principali del programma sono:

- ♦ Sviluppo di più di 75 casi pratici presentati da esperti nelle Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data. Contenuti grafici, schematici ed eminentemente pratici che forniscono informazioni scientifiche e pratiche sulle discipline essenziali per l'esercizio della professione
- ♦ Novità sull'Oncologia di Precisione, Genomica e *Big Data*
- ♦ Contiene esercizi pratici in cui il processo di autovalutazione può essere utilizzato per migliorare l'apprendimento
- ♦ Sistema di apprendimento interattivo basato su algoritmi per il processo decisionale su scenari clinici
- ♦ Con speciale enfasi sulla medicina basata su evidenze e metodologie di ricerca in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data
- ♦ Il tutto completato da lezioni teoriche, domande all'esperto, forum di discussione su questioni controverse e compiti di riflessione individuale
- ♦ Contenuti disponibili da qualsiasi dispositivo fisso o mobile dotato di connessione a internet



Aggiorna le tue conoscenze grazie a questo programma in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data”

“

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 Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data, otterrai una qualifica di Master Privato rilasciata da TECH Global University”

Il personale docente del programma comprende rinomati professionisti e riconosciuti specialisti appartenenti a prestigiose società e università, che forniscono agli studenti le competenze necessarie a intraprendere un percorso di studio eccellente.

I 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. A tal fine, lo specialista disporrà di un innovativo sistema di video interattivo creato da esperti di riconosciuta fama nel campo dell'Oncologia di Precisione e con un'ampia esperienza di insegnamento.

Il Master Privato permette di esercitarsi con simulazioni che forniscono un apprendimento programmato per prepararsi di fronte a situazioni reali.

Include casi clinici che rendono lo sviluppo del master il più simile possibile alla realtà della prassi medica.

02 Obiettivi

Il programma in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data ha lo scopo di facilitare le prestazioni del medico dedicato al trattamento della patologia oncologica, in cui è necessario interpretare con precisione l'enorme volume di informazioni cliniche attualmente disponibili e associarle ai dati biologici generati dopo un'analisi bioinformatica



“

Questo programma è stato ideato per aiutarti ad aggiornare le tue conoscenze in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data, utilizzando le ultime tecnologie educative, al fine di contribuire con qualità e sicurezza al processo decisionale, alla diagnosi, al trattamento e al supporto del paziente”



Obiettivo generale

- ◆ Essere in grado di interpretare accuratamente il volume di informazioni cliniche attualmente disponibili e associate ai dati biologici generati dopo l'analisi bioinformatica

“

Cogli questa opportunità e aggiornati sugli ultimi sviluppi in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data”





Obiettivi specifici

Modulo 1. Biologia molecolare

- ♦ Aggiornare le conoscenze nella biologia molecolare del cancro, in particolare in relazione al concetto di eterogeneità genetica, riprogrammazione del microambiente
- ♦ Fornire e ampliare le conoscenze sull'immunoterapia, come esempio di un chiaro progresso scientifico nella ricerca traslazionale
- ♦ Conoscere un nuovo approccio alla classificazione dei tumori più comuni basato sui dati genomici disponibili in The Cancer Genome Atlas (TCGA) Research Network

Modulo 2. Oncologia Genomica o di precisione

- ♦ Discutere il cambiamento del panorama attuale con l'introduzione dei dati genomici nella comprensione biologica dei tumori
- ♦ Spiegare come la classificazione genomica fornisce informazioni indipendenti per prevedere gli esiti clinici, e fornirà la base biologica per un'era di trattamento personalizzato del cancro
- ♦ Conoscere le nuove tecnologie genomiche attualmente utilizzate nel sequenziamento del DNA e dell'RNA, basate sulla sequenza del genoma umano e rese possibili dal completamento del Progetto Genoma Umano, che ha significato un'espansione senza precedenti delle capacità della genetica molecolare nella ricerca genetica e diagnostica clinica
- ♦ Commentare il processo bioinformatico seguito per l'interpretazione e l'applicazione dei dati biologici,
- ♦ Analizzare ed interpretare l'informazione biologica a livello molecolare, cellulare e genomico

Modulo 3. Cambiamenti nella pratica clinica attuale e nuove applicazioni con l'Oncologia genomica

- ♦ Discutere e interpretare il carico mutazionale del tumore (TMB) come biomarcatore genomico che ha un impatto significativo sul panorama dell'immunoterapia del cancro
- ♦ Apprendere come la biopsia liquida del DNA circolante ci permette di capire specificamente che tipo di cambiamenti molecolari stanno accadendo nel tumore in tempo reale
- ♦ Descrivere l'attuale paradigma di incorporazione dei dati genomici nella pratica clinica corrente

Modulo 4. Impiego di Unix e Linux in bioinformatica

- ♦ Studiare il sistema operativo Linux, che è attualmente fondamentale nel mondo scientifico sia per l'interpretazione dei dati biologici provenienti dal sequenziamento e come dovrebbe esserlo per il text mining medico quando tratta di dati su larga scala
- ♦ Fornire le basi per accedere a un server Linux e come trovare e installare pacchetti per installare software localmente
- ♦ Descrivere i comandi di base di Linux per: creare, rinominare, spostare e cancellare directory; elencare, leggere, creare, modificare, copiare e cancellare file
- ♦ Comprendere il funzionamento dei permessi e come decifrare i più criptici permessi di Linux con facilità;

Modulo 5. Analisi dei dati nei progetti di *Big Data*: linguaggio di programmazione R

- ♦ Discutere come l'adozione del sequenziamento di prossima generazione (NGS) in un contesto diagnostico solleva numerose questioni per quanto riguarda l'identificazione e la segnalazione di varianti in geni secondari alla patologia del paziente
- ♦ Avvicinarsi al linguaggio di programmazione R, che ha presenta numerosi vantaggi tra cui l'essere un linguaggio di programmazione open source, molteplici pacchetti di analisi statistica, una comunità che si sforza di sviluppare i vari aspetti di questo strumento, e fornisce un linguaggio efficace per gestire e manipolare i dati
- ♦ Imparare i concetti base della programmazione in R come i tipi di dati, l'aritmetica vettoriale e l'indicizzazione
- ♦ Esecuzione di operazioni in R, incluso l'ordinamento, la creazione o l'importazione di dati
- ♦ Imparare come la risoluzione dei problemi inizia con una decomposizione modulare e poi ulteriori decomposizioni di ogni modulo in un processo chiamato raffinamento successivo
- ♦ Imparare le basi dell'inferenza statistica per capire e calcolare i valori p e gli intervalli di confidenza mentre analizzi i dati con R
- ♦ Fornire esempi di programmazione R in un modo che aiuterà a fare la connessione tra i concetti e l'implementazione

Modulo 6. Contesto grafico in R

- ♦ Usare tecniche di visualizzazione per esplorare nuove serie di dati e determinare l'approccio più appropriato
- ♦ Imparare come visualizzare i dati per estrarre informazioni, capire meglio i dati e prendere decisioni più efficaci
- ♦ Insegnare come prendere dati che a prima vista hanno poco significato e presentarli visivamente in una forma che abbia senso per l'analisi
- ♦ Imparare come usare le tre principali fonti di grafici in R: base, lattice e ggplot2
- ♦ Sapere su cosa si basa ogni pacchetto grafico per definire quale usare e i vantaggi offerti dall'uno o dall'altro

Modulo 7. Analisi statistica in R

- ♦ Descrivere le tecniche statistiche più appropriate come alternativa quando i dati non sono conformi alle ipotesi richieste dall'approccio standard
- ♦ Imparare le basi per condurre una ricerca riproducibile usando gli script R per analizzare i dati

Modulo 8. Machine learning per l'analisi di *Big Data*

- ♦ Elaborare e analizzare in modo rapido e automatico enormi volumi di dati complessi strutturati, semi-strutturati e non strutturati in big data
- ♦ Capire cos'è l'apprendimento automatico e utilizzare alcune tecniche di classificazione dei dati (albero decisionale, k-NN, macchine a vettori di supporto, reti neurali, ecc.)
- ♦ Imparate a dividere i dati in un insieme di test e pratica e scoprire i concetti di bias e varianza

Modulo 9. Data mining applicato alla genomica

- ♦ Imparare come il data mining permette di trovare modelli e regolarità nei database
- ♦ Imparare ad applicare i principi del data mining alla dissezione di grandi insiemi di dati complessi (Big Data), compresi quelli in database molto grandi o in siti web.
- ♦ Esplorare, analizzare e sfruttare i dati e trasformarli in informazioni utili e preziose per la pratica clinica



Modulo 10. Tecniche di data mining genomico

- ♦ Capire come la maggior parte dei dati scientifici appare in documenti come pagine web e file PDF che sono difficili da elaborare per ulteriori analisi, ma possono essere resi utilizzabili attraverso tecniche di scraping
- ♦ Accedere a molte fonti di dati attraverso il web per l'implementazione della medicina di precisione permettendo l'estrazione massiccia di informazioni

Modulo 11. Nuove tecniche nell'era genomica

- ♦ Mettere in pratica le conoscenze acquisite per l'interpretazione di uno studio genomico in diversi casi di cancro, estraendo informazioni utili per aiutare il processo decisionale
- ♦ Uso vari algoritmi utilizzando il linguaggio R per l'estrazione di conoscenza dai database Pubmed, DGIdb e Clinical Trials basati sulla ricerca di informazioni genetiche in alcuni tumori

Modulo 12. Applicazioni di bioinformatica in l'Oncologia genomica

- ♦ Capire la funzione dei geni con poche informazioni cliniche basate sulla vicinanza ontologica
- ♦ Scoprire i geni coinvolti in una malattia sulla base di una massiccia ricerca su Pubmed e una rappresentazione grafica del livello di evidenza scientifica

03

Competenze

Dopo aver superato le valutazioni del Master in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data, lo studente avrà acquisito le competenze necessarie per un esercizio di qualità e aggiornato basato sulla metodologia scientifica più innovativa.



“

Grazie a questo programma sarai in grado di padroneggiare le nuove procedure diagnostiche e terapeutiche in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data”

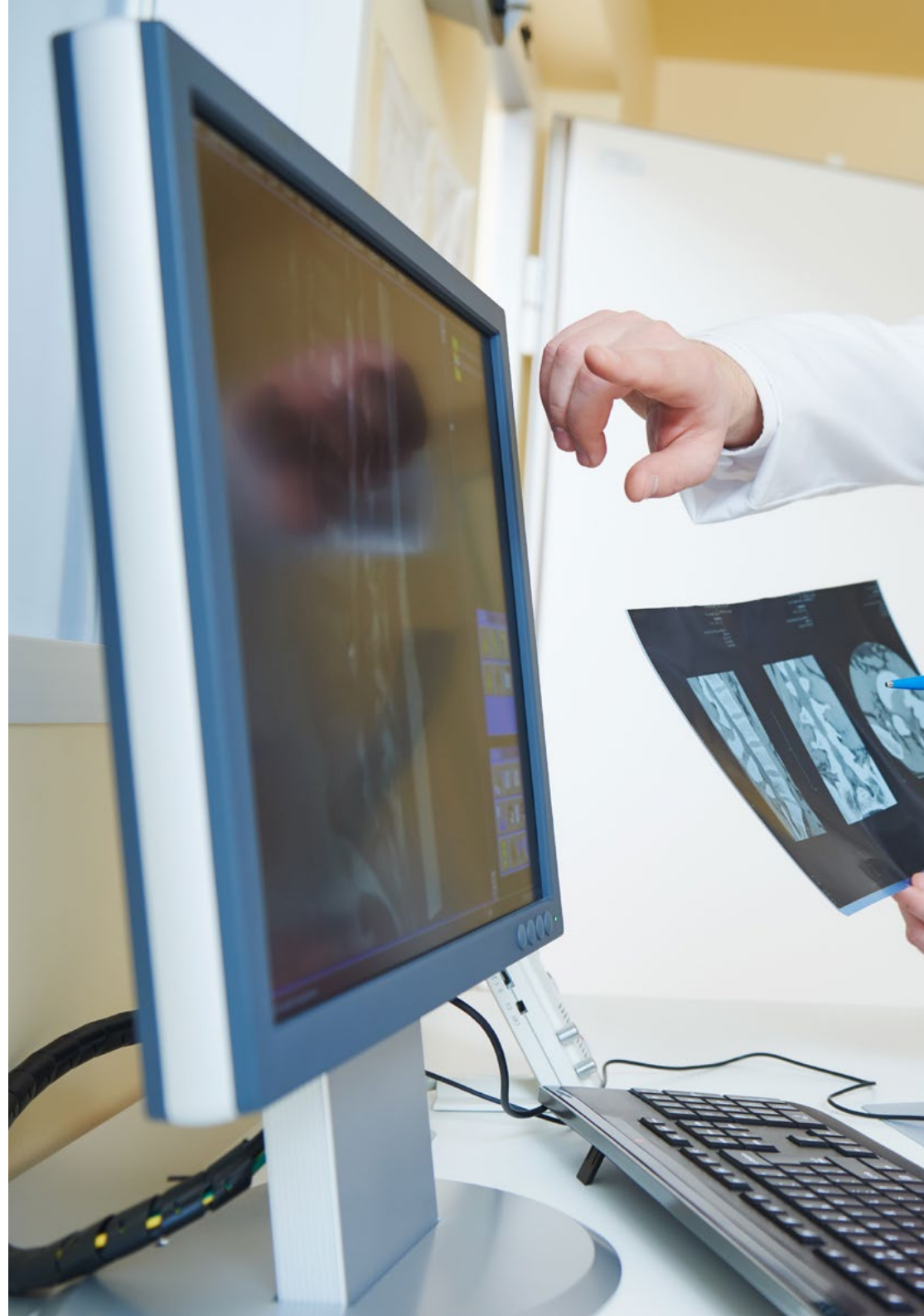


Competenze generali

- ♦ Possedere e comprendere conoscenze che forniscono una base o un'opportunità per essere originali nello sviluppo e/o nell'applicazione di idee, spesso in un contesto di ricerca
- ♦ Applicare le conoscenze acquisite e le abilità di problem-solving in situazioni nuove o poco conosciute all'interno di contesti più ampi (o multidisciplinari) relativi alla propria area di studio
- ♦ Integrare le conoscenze e affrontare la complessità di formulare giudizi sulla base di informazioni incomplete o limitate, includendo riflessioni sulle responsabilità sociali ed etiche legate all'applicazione delle proprie conoscenze e giudizi
- ♦ Comunicare le proprie conclusioni, le conoscenze e le motivazioni, ad un pubblico di specialisti e non, in modo chiaro e privo di ambiguità
- ♦ Acquisire capacità di apprendimento che permetteranno di continuare a studiare in modo ampiamente auto-diretto o autonomo

“

Questo programma trasmetterà un senso di sicurezza nella pratica medica e ti aiuterà a crescere sia a livello personale che professionale”





Competenze specifiche

- ♦ Creare una visione globale e aggiornata degli argomenti presentati che permetta allo studente di acquisire conoscenze utili e, allo stesso tempo, generare interesse nell'ampliare le informazioni e scoprire la loro applicazione nella loro pratica quotidiana
- ♦ Comprendere il processo di scoperta della conoscenza, compresa la selezione dei dati, la pulizia, la codifica, l'uso di diverse tecniche statistiche e di apprendimento automatico e, la visualizzazione delle strutture generate
- ♦ Capire come valutare le prestazioni degli algoritmi di apprendimento supervisionato e non supervisionato
- ♦ Imparare come le funzioni normalmente restituiscono un solo valore all'unità del programma a differenza delle procedure che possono restituire zero, uno o più valori
- ♦ Conoscere i database biologici che sono emersi in risposta all'enorme quantità di dati generati dalle tecnologie di sequenziamento del DNA I dati immagazzinati nei database biologici sono organizzati per un'analisi ottimale e sono caratterizzati dall'essere complessi, eterogenei, dinamici e ancora incoerenti a causa della mancanza di standard a livello deontologico

04

Direzione del corso

Il personale docente del programma comprende rinomati specialisti in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data, che forniscono agli studenti le competenze necessarie a intraprendere un percorso di studio eccellente. Ulteriori specialisti di riconosciuto prestigio partecipano alla sua progettazione ed elaborazione, completando il programma in modo interdisciplinare.





“

*Impara dai migliori professionisti
gli ultimi progressi nelle procedure
nel campo dell'Oncologia di
Precisione: Genomica e Big Data”*

Direzione



Dott. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- ◆ Responsabile del Servizio di Oncologia medica presso l'Ospedale Universitario Rey Juan Carlos
- ◆ Research Visitors at University of Southampton
- ◆ Master Universitario in Bioinformatica e Biostatistica presso UOC-UB
- ◆ Master in Analisi Bioinformatica presso l'Università Pablo de Olavide
- ◆ Dottorato in Medicina presso l'Università Complutense di Madrid Valutazione Eccellente Cum Laude
- ◆ Membro della Società Spagnola di Oncologia Medica e del Gruppo GECP (Gruppo Spagnolo di Tumore polmonare)
- ◆ Specialista tramite MIR in Oncologia Medica in attività presso l'Ospedale Universitario San Carlos de Madrid
- ◆ Laurea in Medicina e Chirurgia conseguita presso l'Università della Navarra



Dott. Krallinger, Martin

- Capo dell'unità di Text Mining presso il Centro Nazionale di Ricerca sul Cancro (CNIO).
- Ha completato il processo di selezione per la posizione di capo dell'unità di text mining nel Centro di Elaborazione dei Dati di Barcelona (BSC).
- Esperto nel campo del text mining biomedici e clinici e in tecnologie linguistiche
- Esperto in Applicazioni specifiche di text mining per la sicurezza dei farmaci, la biologia dei sistemi molecolari e l'oncologia.
- Ha partecipato all'implementazione e alla valutazione di componenti di riconoscimento di entità denominate in ambito biomedico, di sistemi di estrazione di informazioni, di indicizzazione semantica di grandi insiemi di documenti eterogenei
- Partecipazione allo sviluppo del primo meta-server per l'annotazione di testi biomedici (biocreative meta-server - BCMS) e del meta-server BeCalm
- Organizzatore delle sfide di valutazione della comunità BioCreative per la valutazione degli strumenti di elaborazione del linguaggio naturale ed è stato coinvolto nell'organizzazione di compiti di text mining biomedico in varie sfide della comunità internazionale, tra cui IberEval e CLEF

Personale docente

Dott. Alberich Martí, Ricardo

- ♦ Professore ordinario presso l'università di Scienze Matematiche e Informatica (Direttore)
- ♦ Informatica e Intelligenza Artificiale Università delle Isole Baleari

Dott.ssa Álvarez Cubero, María Jesús

- ♦ Docente del Dipartimento di Biochimica III e Immunologia presso Università di Granada

Dott. Andrés León, Eduardo

- ♦ Responsabile dell'Unità di Bioinformatica presso l'Istituto di Parassitologia e Biomedicina "López-Neyra" - CSIC
- ♦ Laureato in Biologia e Biologia molecolare presso l'Università Autonoma di Madrid

Dott.ssa Astudillo González, Aurora

- ♦ Dipartimento di Anatomia Patologica
- ♦ Docente presso l'Università di Oviedo, Vincolata con l'Ospedale Universitario Centrale di Asturia. Direttrice Scientifica della Biobanca del Principato delle Asturie

Dott.ssa Burón Fernández, María del Rosario

- ♦ Dipartimento di Medicina Interna, Ospedale Universitario Infanta Cristina

Dott. Carmona Bayonas, Alberto

- ♦ Servizio di Oncologia Medica, Ospedale Generale Universitario Morales Meseguer

Dott.ssa Ciruelos, Eva M

- ♦ MD, Ph. Dott. Dipartimento di Oncologia medica dell'Ospedale Universitario 12 de Octubre di Madrid
- ♦ HM CIOCC, Madrid

Dott. Galiana, Enrique de Andrés

- ♦ Dipartimento di Matematica Università di Oviedo

Dott. De la Haba Rodríguez, Juan

- ♦ Servizio di Oncologia Medica, Università di Cordoba , Ospedale Universitario Reina Sofía

Dott. Fernández Martínez, Juan Luis

- ♦ Direttore del Gruppo di Problemi Inversi, Ottimizzazione e Apprendimento Automatico, Dipartimento di Matematica. Università di Oviedo

Dott.ssa Figueroa, Angélica

- ♦ Istituto di Ricerca Biomedica A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Dott.ssa García Casado, Zaida

- ♦ Laboratorio Biologia Molecolare/Laboratory of Molecular Biology, Fondazione Istituto Valenciano di Oncologia

Dott. García Foncillas, Jesús

- ♦ Servizio di Oncologia Medica, Fondazione Jiménez Diaz

Dott. Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ Docente presso l'università di Scienze Matematiche, Informatica e Intelligenza Artificiale Università delle Isole Baleari

Dott. González Gomáriz, José

- ♦ IdiSNA (Istituto per la Ricerca Sanitaria della Navarra) Ricercatore tirocinante



Dott. Hoyos Simón, Sergio

- ◆ Servizio di Oncologia Medica presso l'Ospedale Universitario Rey Juan Carlos di Madrid

Dott. Intxaurreondo, Ander

- ◆ Life Sciences-Text Mining
- ◆ Barcelona Supercomputing Center

Dott.ssa Jiménez-Fonseca, Paula

- ◆ Coordinatrice della Sezione di Tumori dell'Apparato Digerente ed Endocrino Oncologia Medica. Ospedale Universitario Centrale di Asturias

Dott.ssa Lage Alfranca, Yolanda

- ◆ Servizio di Oncologia Medica, Fondazione Jiménez Diaz

Dott. López, José Antonio

- ◆ Servizio di Oncologia Medica presso l'Istituto Valenciano di Oncologia

Dott. López López, Rafael

- ◆ Capo del Servizio di Oncologia Medica
- ◆ Complesso Ospedaliero Universitario di Santiago de Compostela
- ◆ Gruppo di Oncologia Medica Traslazionale presso l', Istituto di Ricerca Sanitaria

Dott. Martínez González, Luis Javier

- ◆ Ph. Dott. Unità di genomica | Genomic Unit
- ◆ Centro Pfizer - Università di Granada - Centro per la ricerca genomica e oncologica
- ◆ Centro Pfizer - Università di Granada - Centre for Genomics and Oncological Research (GENYO)

Dott.ssa Martínez Iglesias, Olaia

- ♦ Istituto di Ricerca Biomedica A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Dott. González, Jesús María

- ♦ Unità di Oncologia Molecolare del CIEMAT
- ♦ Istituto di ricerca 12 de Octubre di Madrid

Dott. Pascual Martínez, Tomás

- ♦ Ospedale Clinico di Barcelona
- ♦ Translational Genomics and Targeted Therapeutics in Solid Tumours Lab (IDIBAPS)

Dott.ssa Pérez Gutiérrez, Ana María

- ♦ Studentessa di master nell'Area di Bioinformatica clinica della Fondazione Progresso e Salute -FPS- (Ospedale Virgen del Rocío, Siviglia)
- ♦ Studente di dottorato (Phd) in Biomedicina, UGR

Dott.ssa Ribalta, Teresa

- ♦ MD, Ph. Dott. Chief, Anatomic Pathology Service , Ospedale Sant Joan de Déu, Biobank
- ♦ Consulente, Anatomic Pathology Service, Ospedale Clinico
- ♦ Docente di Patologia Università di Barcelona

Dott. Sánchez Rubio, Javier

- ♦ Servizio di Farmacia presso l'Ospedale Universitario di Getafe





Dott. Olivas Varela, José Ángel

- ◆ Vicedirettore del Dipartimento di Tecnologie e Sistemi Informativi, Scuola Superiore di Informatica

Dott. Torres, Arnau Mir

- ◆ Professore Ordinario presso l'università di Scienze Matematiche, Informatica e Intelligenza Artificiale Università delle Isole Baleari

Dott. Soares, Felipe

- ◆ Ingegnere di intelligenza artificiale e apprendimento automatico in Apple
- ◆ Ingegnere di ricerca in Text Mining presso il Centro Nazionale di Supercalcolo di Barcellona

Dott. Rueda Fernández, Daniel

- ◆ Unità di ricerca dell'Ospedale Universitario 12 de Octubre di Madrid

Dott. Segura Ruiz, Víctor

- ◆ CIMA Università della Navarra (Piattaforma Bioinformatica) Responsabile dell'Unità

Dott. Vázquez García, Miguel

- ◆ Genome Informatics Group Leader
- ◆ Barcelona Supercomputing Center

Dott. Velastegui Ordoñez, Alejandro

- ◆ Dipartimento di Oncologia Medica Ospedale

05

Struttura e contenuti

La struttura dei contenuti è stata ideata da una squadra di professionisti provenienti dai migliori centri ospedalieri e università, consapevoli della rilevanza della preparazione attuale per intervenire nella patologia oncologica e impegnati in un insegnamento di qualità basato sulle nuove tecnologie educative.





Questo Master in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato.

Modulo 1. Biologia molecolare

- 1.1. Meccanismi molecolari del cancro
 - 1.1.1. Ciclo cellulare
 - 1.1.2. Distacco delle cellule tumorali
- 1.2. Riprogrammazione del microambiente tumorale
 - 1.2.1. Il microambiente tumorale: una panoramica
 - 1.2.2. MSD come fattore prognostico nel cancro del polmone
 - 1.2.3. MSD nella progressione del cancro al polmone e nelle metastasi
 - 1.2.3.1. Fibroblasti Associati al Cancro (CAF)
 - 1.2.3.2. Cellule endoteliali
 - 1.2.3.3. Ipossia nel cancro ai polmoni
 - 1.2.3.4. Infiammazione
 - 1.2.3.5. Cellule immuni
 - 1.2.4. Contributo di MSD alla resistenza terapeutica
 - 1.2.4.1. Contributo di MSD alla resistenza della radioterapia
 - 1.2.5. TME come bersaglio terapeutico nel cancro del polmone
 - 1.2.5.1. Direzioni future
- 1.3. Immunologia tumorale: basi dell'immunoterapia nel tumore
 - 1.3.1. Introduzione al sistema immunitario
 - 1.3.2. Immunologia tumorale
 - 1.3.2.1. Antigeni associati al tumore
 - 1.3.2.2. Identificazione degli antigeni associati al tumore
 - 1.3.2.3. Tipi di antigeni associati al tumore
 - 1.3.3. Fondamenti di immunoterapia del cancro
 - 1.3.3.1. Introduzione agli approcci immunoterapeutici
 - 1.3.3.2. Anticorpi monoclonali nella terapia del cancro
 - 1.3.3.2.1. Produzione di anticorpi monoclonali
 - 1.3.3.2.2. Tipi di anticorpi terapeutici
 - 1.3.3.2.3. Meccanismi di azione degli anticorpi
 - 1.3.3.2.4. Anticorpi modificati

- 1.3.4. Immunomodulatori non specifici
 - 1.3.4.1. Bacillo Calmette-Guérin
 - 1.3.4.2. Interferone- α
 - 1.3.4.3. Interleuchina-2
 - 1.3.4.4. Imiquimod
- 1.3.5. Altri approcci all'immunoterapia
 - 1.3.5.1. Vaccini a cellule dendritiche
 - 1.3.5.2. Sipuleucel-T
 - 1.3.5.3. Blocco CTLA-4
 - 1.3.5.4. Terapia adottiva con cellule T
 - 1.3.5.4.1. Terapia cellulare adottiva con cloni di cellule T
 - 1.3.5.4.2. Terapia cellulare adottiva con linfociti infiltranti il tumore
- 1.4. Meccanismi molecolari coinvolti nel processo di invasione e metastasi

Modulo 2. Oncologia Genomica o di Precisione

- 2.1. Utilità del profilo di espressione genica nel tumore
- 2.2. Sottotipi del cancro al seno
- 2.3. Piattaforme genomiche prognostico-predittive nel cancro al seno
- 2.4. Obiettivi terapeutici nel cancro del polmone non a piccole cellule
 - 2.4.1. Introduzione
 - 2.4.2. Tecniche di rilevamento molecolare
 - 2.4.3. Mutazione EGFR
 - 2.4.4. Traslocazione ALK
 - 2.4.5. Traslocazione ROS
 - 2.4.6. Mutazione BRAF
 - 2.4.7. Riarrangiamenti NRTK
 - 2.4.8. Mutazione HER2
 - 2.4.9. Mutazione/amplificazione dei MET
 - 2.4.10. Riarrangiamenti RET
 - 2.4.11. Altri obiettivi molecolari

- 2.5. Classificazione molecolare del tumore del colon
- 2.6. Studi molecolari nel tumore allo stomaco
 - 2.6.1. Trattamento del tumore allo stomaco avanzato
 - 2.6.2. Sovraespressione di HER2 nel tumore allo stomaco avanzato
 - 2.6.3. Determinazione e interpretazione di sovraespressione di HER2 nel tumore allo stomaco avanzato
 - 2.6.4. Farmaci con attività HER2-targeting
 - 2.6.5. Trastuzumab in prima linea nel tumore allo stomaco avanzato
 - 2.6.5.1. Trattamento del tumore allo stomaco avanzato HER2+ dopo la progressione a regimi a base di trastuzumab
 - 2.6.6. Attività di altri farmaci anti-HER2 nel tumore allo stomaco avanzato
- 2.7. GIST come modello per la ricerca traslazionale: 15 anni di esperienza
 - 2.7.1. Introduzione
 - 2.7.2. Mutazioni KIT e PDGFRA come promotori principali nel GIST
 - 2.7.3. Genotipo in GIST: valore prognostico e predittivo
 - 2.7.4. Genotipo nel GIST e resistenza all'imatinib
 - 2.7.5. Conclusioni
- 2.8. Biomarcatori molecolari e genomici nel melanoma
- 2.9. Classificazione molecolare dei tumori cerebrali
- 2.10. Biomarcatori molecolari e genomici nel melanoma
- 2.11. Immunoterapia e biomarcatori
 - 2.11.1. Scenario delle terapie immunologiche nel trattamento del cancro e la necessità di definire il profilo mutazionale di un tumore
 - 2.11.2. Biomarcatori dell'inibitore del punto di controllo: PD-L1 e oltre
 - 2.11.2.1. Il ruolo di PD-L1 nella regolazione immunitaria
 - 2.11.2.2. Dati degli studi clinici e biomarcatore PD-L1
 - 2.11.2.3. Soglie e saggi per l'espressione di PD-L1: un quadro complesso
 - 2.11.2.4. Biomarcatori emergenti
 - 2.11.2.4.1. Carico di mutazioni tumorali (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. Quantificazione del carico mutazionale del tumore
 - 2.11.2.4.1.2. Evidenza del carico mutazionale del tumore
 - 2.11.2.4.1.3. Carico tumorale come biomarcatore predittivo
 - 2.11.2.4.1.4. Carico tumorale come biomarcatore prognostico
 - 2.11.2.4.1.5. Il futuro del carico mutazionale
 - 2.11.2.4.2. Instabilità dei microsatelliti

- 2.11.2.4.3. Analisi dell'infiltrato immunitario
- 2.11.2.4.4. Marcatori di tossicità
- 2.11.3. Sviluppo di farmaci per il punto di controllo immunitario nel tumore
- 2.11.4. Farmaci disponibili

Modulo 3. Cambiamenti nella pratica clinica attuale e nuove applicazioni con l'Oncologia genomica

- 3.1. Biopsie liquide: moda o futuro?
 - 3.1.1. Introduzione
 - 3.1.2. Cellule tumorali circolanti
 - 3.1.3. ctDNA
 - 3.1.4. Utilità cliniche
 - 3.1.5. Limiti del ctDNA
 - 3.1.6. Conclusioni e futuro
- 3.2. Ruolo della Biobanca nella ricerca clinica
 - 3.2.1. Introduzione
 - 3.2.2. Vale la pena creare una Biobanca?
 - 3.2.3. Come iniziare a creare una Biobanca?
 - 3.2.4. Consenso informato per la Biobanca
 - 3.2.5. Raccolta di campioni per la Biobanca
 - 3.2.6. Controllo della qualità
 - 3.2.7. Accesso ai campioni
- 3.3. Studi clinici: nuovi concetti basati sulla medicina di precisione
 - 3.3.1. Cosa sono gli studi clinici? Come si differenziano da altri tipi di ricerca?
 - 3.3.1.1. Tipi di studi clinici
 - 3.3.1.1.1. In base ai loro obiettivi
 - 3.3.1.1.2. Secondo il numero di centri partecipanti
 - 3.3.1.1.3. Secondo la sua metodologia
 - 3.3.1.1.4. A seconda del grado di mascheramento

- 3.3.2. Esiti degli studi clinici in Oncologia toracica
 - 3.3.2.1. Esiti con il tempo di sopravvivenza
 - 3.3.2.2. Esiti legati al tumore
 - 3.3.2.3. Risultati riferiti dai pazienti
- 3.3.3. Studi clinici nell'era della medicina di precisione
 - 3.3.3.1. Medicina di precisione
 - 3.3.3.2. Terminologia relativa alla progettazione dei trial nell'era della medicina di precisione
- 3.4. Incorporazione dei marcatori attivabili nella pratica clinica
- 3.5. Applicazione della genomica nella pratica clinica per tipo di tumore
- 3.6. Sistemi di supporto nelle decisioni Oncologiche basate sull'intelligenza artificiale

Modulo 4. Impiego di Unix e Linux in bioinformatica

- 4.1. Introduzione al sistema operativo Linux
 - 4.1.1. Cos'è un sistema operativo?
 - 4.1.2. I vantaggi di usare Linux
- 4.2. Ambiente Linux e installazione
 - 4.2.1. Distribuzioni di Linux
 - 4.2.2. Installazione di Linux utilizzando una chiavetta USB
 - 4.2.3. Installazione di Linux tramite CD-ROM
 - 4.2.4. Installazione di Linux usando una macchina virtuale
- 4.3. La linea di comando
 - 4.3.1. Introduzione
 - 4.3.2. Cos'è una linea di comando?
 - 4.3.3. Lavorare al terminale
 - 4.3.4. La Shell, Bash
- 4.4. Navigazione di base
 - 4.4.1. Introduzione
 - 4.4.2. Come conoscere la posizione attuale?
 - 4.4.3. Percorsi assoluti e relativi
 - 4.4.4. Come muoverci nel sistema?
- 4.5. Manipolazione dei file
 - 4.5.1. Introduzione
 - 4.5.2. Come costruiamo una directory?
 - 4.5.3. Come spostarsi in una directory?
 - 4.5.4. Come creare un file vuoto?
 - 4.5.5. Copiare un file e una directory
 - 4.5.6. Eliminare un file e una directory
- 4.6. Editor di testo Vi
 - 4.6.1. Introduzione
 - 4.6.2. Come registrare e uscire?
 - 4.6.3. Come navigare in un file nell'editor di testo Vi?
 - 4.6.4. Cancellare il contenuto
 - 4.6.5. Il comando undo
- 4.7. Wildcards
 - 4.7.1. Introduzione
 - 4.7.2. Che cosa sono i metacaratteri?
 - 4.7.3. Esempi con caratteri
- 4.8. Permessi
 - 4.8.1. Introduzione
 - 4.8.2. Come visualizzare i permessi di un file?
 - 4.8.3. Come cambiare i permessi?
 - 4.8.4. Impostazioni dei permessi
 - 4.8.5. Permessi per le directory
 - 4.8.6. L'utente "Root"
- 4.9. Filtri
 - 4.9.1. Introduzione
 - 4.9.2. *Head*
 - 4.9.3. *Tail*
 - 4.9.4. *Sort*
 - 4.9.5. *nl*
 - 4.9.6. *wc*
 - 4.9.7. *Cut*
 - 4.9.8. *Sed*
 - 4.9.9. *Uniq*
 - 4.9.10. *Tac*
 - 4.9.11. Altri filtri

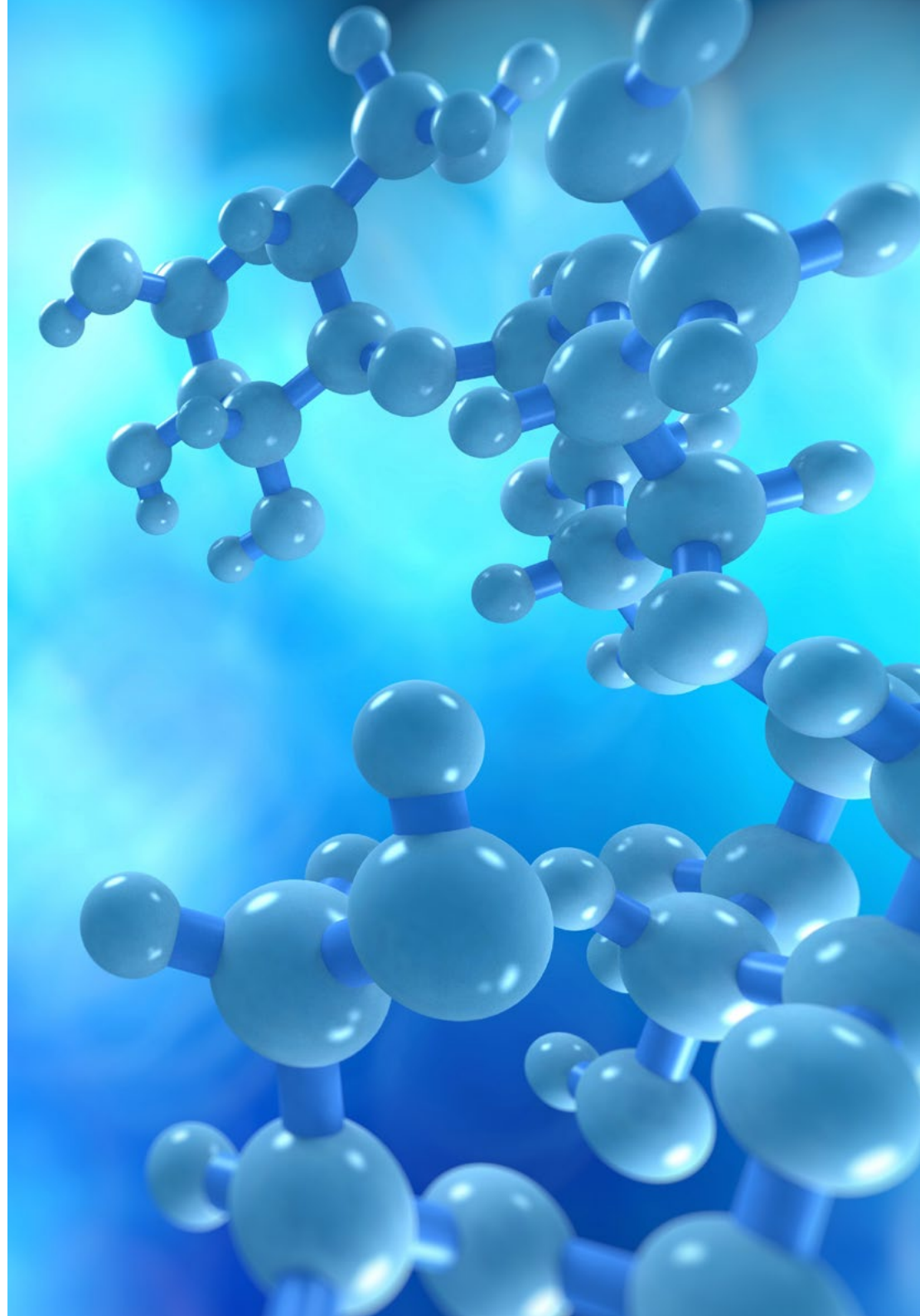


- 4.10. Grep ed espressioni regolari
 - 4.10.1. Introduzione
 - 4.10.2. eGrep
 - 4.10.3. Espressioni regolari
 - 4.10.4. Alcuni esempi
- 4.11. Conduiture e reindirizzamento
 - 4.11.1. Introduzione
 - 4.11.2. Reindirizzamento a un file
 - 4.11.3. Salva su file
 - 4.11.4. Reindirizzamento da un file
 - 4.11.5. Reindirizzamento STDERR
 - 4.11.6. Conduiture
- 4.12. Gestione dei processi
 - 4.12.1. Introduzione
 - 4.12.2. Processi attivi
 - 4.12.3. Chiudere un processo corrotto
 - 4.12.4. Lavoro in primo piano e sullo sfondo
- 4.13. Bash
 - 4.13.1. Introduzione
 - 4.13.2. Punti importanti
 - 4.13.3. Perché il "." / " " ?
 - 4.13.4. Variabili
 - 4.13.5. Le dichiarazioni

Modulo 5. Analisi dei dati nei progetti di *Big Data*: linguaggio di programmazione R

- 5.1. Introduzione al linguaggio di programmazione R
 - 5.1.1. Che cos'è R?
 - 5.1.2. Installazione di R e dell'interfaccia grafica di R
 - 5.1.3. Pacchetti
 - 5.1.3.1. Pacchetti standard
 - 5.1.3.2. Pacchetti contribuiti e CRAN

- 5.2. Caratteristiche di base di R
 - 5.2.1. L'ambiente R
 - 5.2.2. Software e documentazione correlati
 - 5.2.3. R e statistiche
 - 5.2.4. R e il sistema di finestre
 - 5.2.5. Usare R in modo interattivo
 - 5.2.6. Una sessione introduttiva
 - 5.2.7. Ottenere aiuto con funzioni e caratteristiche
 - 5.2.8. Comandi R, sensibilità alle maiuscole, ecc.
 - 5.2.9. Recupero e correzione di comandi precedenti
 - 5.2.10. Eseguire comandi o deviare l'output su un file
 - 5.2.11. Permanenza dei dati e cancellazione degli oggetti
- 5.3. Tipi di oggetti R
 - 5.3.1. Manipolazioni semplici; numeri e vettori
 - 5.3.1.1. Vettori e assegnazione
 - 5.3.1.2. Aritmetica vettoriale
 - 5.3.1.3. Generazione di sequenze regolari
 - 5.3.1.4. Vettori logici
 - 5.3.1.5. Valori mancanti
 - 5.3.1.6. Vettori di caratteri
 - 5.3.1.7. Vettori di indice
 - 5.3.1.7.1. Selezione e modifica di sottoinsiemi di un insieme di dati
 - 5.3.1.8. Altri tipi di oggetti
 - 5.3.2. Oggetti, i loro modi e attributi
 - 5.3.2.1. Attributi intrinseci: modo e lunghezza
 - 5.3.2.2. Cambiare la lunghezza di un oggetto
 - 5.3.2.3. Raccolta e configurazione degli attributi
 - 5.3.2.4. La classe di un oggetto
 - 5.3.3. Fattori ordinati e non ordinati
 - 5.3.3.1. Un esempio specifico
 - 5.3.3.2. La funzione `tapply()` e le matrici disuguali
 - 5.3.3.3. Fattori ordinati



- 5.3.4. Matrici
 - 5.3.4.1. Matrici
 - 5.3.4.2. Indicizzazione della matrice Sottosezioni di una matrice
 - 5.3.4.3. Matrici di indice
 - 5.3.4.4. La funzione `array ()`
 - 5.3.4.5. Aritmetica mista di vettori e matrici. La regola del riciclaggio
 - 5.3.4.6. Il prodotto esterno di due matrici
 - 5.3.4.7. Trasposizione generalizzata della matrice
 - 5.3.4.8. Moltiplicazione di matrici
 - 5.3.4.9. Autovalori e autovettori
 - 5.3.4.10. Decomposizione dei valori singolari e dei determinanti
 - 5.3.4.11. Formare matrici partizionate, `cbind ()` e `rbind ()`
 - 5.3.4.12. La funzione di concatenazione, `c ()`, con matrici
- 5.3.5. Tabelle di frequenza dei fattori
- 5.3.6. Liste
 - 5.3.6.1. Costruire e modificare liste
 - 5.3.6.2. Liste di concatenazione
- 5.3.7. *Dataframes*
 - 5.3.7.1. Come creare i *DataFrames*?
 - 5.3.7.2. Attaccare `()` e staccare `()`
 - 5.3.7.3. Lavorare con i *DataFrames*
- 5.4. Lettura e scrittura di dati
 - 5.4.1. La funzione `read.table ()`
 - 5.4.2. La funzione `scan()`
 - 5.4.3. Accesso agli insiemi di dati incorporati
 - 5.4.4. Caricare dati da altri pacchetti R
 - 5.4.5. Modifica dei dati
- 5.5. Raggruppamento, cicli ed esecuzione condizionale
 - 5.5.1. Espressioni raggruppate
 - 5.5.2. Dichiarazioni di controllo
 - 5.5.2.1. Esecuzione condizionale: dichiarazioni IF
 - 5.5.2.2. Esecuzione ripetitiva: cicli `for`, ripetizione e tempi

- 5.6. Scrivere le proprie funzioni
 - 5.6.1. Esempi semplici
 - 5.6.2. Definire nuovi operatori binari
 - 5.6.3. Argomenti con nome e valori predefiniti
 - 5.6.4. L'argomento "..."
 - 5.6.5. Assegnazioni all'interno delle funzioni

Modulo 6. Contesto grafico in R

- 6.1. Procedure grafiche
 - 6.1.1. Comandi di plottaggio di alto livello
 - 6.1.1.1. La funzione `plot ()`
 - 6.1.1.2. Visualizzazione di dati multivariati
 - 6.1.1.3. Grafici dello schermo
 - 6.1.1.4. Argomenti per le funzioni di tracciamento di alto livello
 - 6.1.2. Comandi di plottaggio di basso livello
 - 6.1.2.1. Annotazione matematica
 - 6.1.2.2. Caratteri vettoriali Hershey
 - 6.1.3. Interagire con i grafici
 - 6.1.4. Uso dei parametri grafici
 - 6.1.4.1. Modifiche permanenti: la funzione `par ()`
 - 6.1.4.2. Cambiamenti temporanei: Argomenti per le funzioni grafiche
 - 6.1.5. Lista dei parametri grafici
 - 6.1.5.1. Elementi grafici
 - 6.1.5.2. Assi e marcature
 - 6.1.5.3. Margini della figura
 - 6.1.5.4. Ambiente multi-figure
 - 6.1.6. Statistiche descrittive: rappresentazioni grafiche

Modulo 7. Analisi statistica in R

- 7.1. Distribuzioni di probabilità discrete
- 7.2. Distribuzioni di probabilità continue
- 7.3. Introduzione all'inferenza e al campionamento (stima del punto)
- 7.4. Intervalli di fiducia
- 7.5. Test delle ipotesi
- 7.6. ANOVA ad un fattore
- 7.7. Bontà di adattamento (test chi-quadrato)
- 7.8. Pacchetto *fitdist*
- 7.9. Introduzione alla statistica multivariata

Modulo 8. Machine learning per l'analisi di Big Data

- 8.1. Introduzione a *Machine Learning*
- 8.2. Presentazione dei problemi, caricamento dei dati e librerie
- 8.3. Pulizia dei dati (NAs, categorie, variabili *Dummy*)
- 8.4. Analisi esplorativa dei dati (ggplot) + convalida incrociata
- 8.5. Algoritmi di previsione: regressione lineare multipla, Support Vector Machine, Alberi di Regressione, Random Forest, ecc.
- 8.6. Algoritmi di Classificazione: regressione lineare multipla, Support Vector Machine, alberi di regressione, Random Forest, ecc.
- 8.7. Regolazione degli iper parametri dell'algoritmo
- 8.8. Previsione dei dati con i diversi modelli
- 8.9. Curve ROC e matrici di confusione per valutare la qualità del modello

Modulo 9. Data mining applicato alla Genomica

- 9.1. Introduzione
- 9.2. Inizializzazione delle variabili
- 9.3. Pulizia e condizionamento del testo
- 9.4. Generazione della matrice dei termini
 - 9.4.1. Creazione della matrice dei termini TDM
 - 9.4.2. Visualizzazioni sulla matrice di parole TDM
- 9.5. Descrizione della matrice dei termini
 - 9.5.1. Rappresentazione grafica delle frequenze
 - 9.5.2. Costruzione di una nuvola di parole
- 9.6. Creazione di un *Data Frame* compatibile con K-NN
- 9.7. Costruzione del modello di classificazione
- 9.8. Convalida del modello di classificazione
- 9.9. Esercizio pratico guidato sul data mining nella Genomica del tumore

Modulo 10. Tecniche di data mining genomico

- 10.1. Introduzione allo '*Scraping Data*'
- 10.2. Importazione di file di dati di fogli di calcolo memorizzati online
- 10.3. *Scraping* di testo HTML
- 10.4. *Scraping* i dati di una tabella HTML
- 10.5. Sfruttare le API per lo *Scraping* dei Dati
- 10.6. Estrarre informazioni rilevanti
- 10.7. Usare il pacchetto *rvest* in R
- 10.8. Ottenere dati distribuiti su più pagine
- 10.9. Estrazione di dati genomici dalla piattaforma "My Cancer Genome".
- 10.10. Estrazione delle informazioni sui geni dal database "HGNC HUGO Gene Nomenclature Committee"
- 10.11. Estrazione di dati farmacologici dal database ONCOCKG (Precision Oncology Knowledge Base)

Modulo 11. Nuove tecniche nell'era Genomica

- 11.1. Capire la nuova tecnologia: *Next Generation Sequence* (NGS) nella pratica clinica
 - 11.1.1. Introduzione
 - 11.1.2. Contesto
 - 11.1.3. Problemi nell'applicazione del sequenziamento Sanger in Oncologia
 - 11.1.4. Nuove tecniche di sequenziamento
 - 11.1.5. Vantaggi dell'uso di NGS nella pratica clinica
 - 11.1.6. Limitazioni dell'uso di NGS nella pratica clinica
 - 11.1.7. Termini e definizioni rilevanti
 - 11.1.8. Tipi di studi secondo la loro dimensione e profondità
 - 11.1.8.1. Genoma
 - 11.1.8.2. Esomi
 - 11.1.8.3. Pannelli multigenetici
 - 11.1.9. Fasi del sequenziamento NGS
 - 11.1.9.1. Preparazione del campione e librerie
 - 11.1.9.2. Preparazione dei *Template* e sequenziamento
 - 11.1.9.3. Elaborazione bioinformatica
 - 11.1.10. Annotazione e classificazione delle varianti
 - 11.1.10.1. Database della popolazione
 - 11.1.10.2. Database locus specifiche
 - 11.1.10.3. Predittori bioinformatici di funzionalità
- 11.2. Sequenziamento del DNA e analisi bioinformatica
 - 11.2.1. Introduzione
 - 11.2.2. Software
 - 11.2.3. Procedura
 - 11.2.3.1. Estrazione di sequenze crude
 - 11.2.3.2. Allineamento delle sequenze
 - 11.2.3.3. Perfezionamento dell'allineamento
 - 11.2.3.4. Chiamata delle varianti
 - 11.2.3.5. Filtraggio delle varianti

- 11.3. Sequenziamento del RNA e analisi bioinformatica
 - 11.3.1. Introduzione
 - 11.3.2. Software
 - 11.3.3. Procedura
 - 11.3.3.1. Valutazione QC dei dati non processati
 - 11.3.3.2. Filtraggio di rRNA
 - 11.3.3.3. Dati filtrati di controllo di qualità
 - 11.3.3.4. Taglio di qualità e rimozione dell'adattatore
 - 11.3.3.5. Allineamento delle *reads* a un riferimento
 - 11.3.3.6. Chiamata delle varianti
 - 11.3.3.7. Analisi dell'espressione differenziale del gene
- 11.4. Tecnologia ChIP-Seq
 - 11.4.1. Introduzione
 - 11.4.2. Software
 - 11.4.3. Procedura
 - 11.4.3.1. Descrizione dell'insieme di dati ChIP-Seq
 - 11.4.3.2. Ottenere informazioni sull'esperimento usando i siti web GEO e SRA
 - 11.4.3.3. Controllo di qualità dei dati di sequenziamento
 - 11.4.3.4. Ritaglio e filtraggio di reads
 - 11.4.3.5. Visualizzazione dei risultati con Integrated Genome Browser (IGV)
- 11.5. *Big Data* applicati all'Oncologia Genomica
 - 11.5.1. Il processo di analisi dei dati
- 11.6. Server del genoma e database di varianti genetiche
 - 11.6.1. Introduzione
 - 11.6.2. Server genomico web
 - 11.6.3. Architettura del server genomico
 - 11.6.4. Recupero e analisi dei dati
 - 11.6.5. Personalizzazione

- 11.7. Annotazione di varianti genetiche
 - 11.7.1. Introduzione
 - 11.7.2. Qual è la chiamata d' variante?
 - 11.7.3. Comprendere il formato VCF
 - 11.7.4. Identificatori di varianti
 - 11.7.5. Analisi delle varianti
 - 11.7.6. Prevedere l'effetto della variazione nella struttura e nella funzione delle proteine

Modulo 12. Applicazioni di bioinformatica in l'Oncologia genomica

- 12.1. Arricchimento clinico e farmacologico delle varianti geniche
- 12.2. Ricerca massiccia su PubMed di informazioni genomiche
- 12.3. Ricerca massiccia su DGIdb di informazioni genomiche
- 12.4. Ricerca massiccia di trial clinici su dati genomici di Clinical Trials
- 12.5. Ricerca di similarità genica per l'interpretazione di un pannello di geni o di un esoma
- 12.6. Ricerca massiccia di geni legati alla malattia
- 12.7. Enrich-Gen: piattaforma di arricchimento clinico e farmacologico di geni
- 12.8. Procedura di segnalazione genomica nell'era dell'Oncologia di Precisione





“

*Un'esperienza didattica
adequata per potenziare il
tuo sviluppo 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:



Materiali 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 Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data 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
il tuo titolo universitario senza spostamenti
o fastidiose formalità”*

Questo **Master Privato in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data** possiede il programma scientifico più completo e aggiornato del mercato.

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

Il titolo rilasciato da **TECH Università Tecnologica** esprime la qualifica ottenuta nel Master Privato, e riunisce tutti i requisiti comunemente richiesti da borse di lavoro, concorsi e commissioni di valutazione di carriere professionali.

Titolo: **Master Privato in Oncologia di Precisione: Genomica e Big Data**

Modalità: **online**

Durata: **12 mesi**



*Apostille 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 innovazione
conoscenza presente qualità
formazione online
sviluppo istituzioni
classe virtuale lingue

tech università
tecnologica

Master Privato

Oncologia di Precisione:
Genomica e Big Data

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

Master Privato

Oncologia di Precisione:
Genomica e Big Data