

专科文凭

基因组和精准肿瘤学





专科文凭 基因组和精准肿瘤学

- » 模式:在线
- » 时间:6个月
- » 学历:TECH科技大学
- » 时间:16小时/周
- » 时间表:按你方便的
- » 考试:在线

网络访问: www.techtitude.com/cn/medicine/postgraduate-diploma/postgraduate-diploma-genomic-precision-oncology

目录

01

介绍

4

02

目标

8

03

课程管理

12

04

结构和内容

20

05

方法

26

06

学位

34

01 介绍

基因组学或精准肿瘤学的概念并不完全是新的；一个多世纪以来，医生一直在使用血型来定制输血。今天不同，的是，可以从病人和更广泛的社区快速而廉价地收集基因组数据，并有可能从分享这些数据中获得洞察力





“

这种培训将在医疗实践中产生一种安全感,这将有助于你的个人和职业成长”

基因组数据的规模和复杂性使传统上用于实验室测试的措施相形见绌。近年来,为了能够分析和解释DNA测序,信息学有了巨大的发展,它在生物学知识和应用于日常临床实践之间产生了差距。因此,有必要在医学界中教育,传播并同时纳入这些信息学技术,以便能够解释来自出版物,生物或医学数据库和临床记录等方面的大量分析数据,从而能够丰富临床层面的生物信息。

这种机器学习将使精准肿瘤学的发展成为可能,以便解释基因组特征并找到有针对性的疗法,或确定某些疾病的风险并建立更加个性化的预防措施。该计划的一个基本目标是让学生接近并传播计算机知识,这些知识已经应用于其他知识领域,但在医学界的实施却微乎其微,尽管基因组医学要成为现实,就必须准确解释目前大量的临床信息,并将其与生物信息学分析后产生的生物数据联系起来。虽然这是一个困难的挑战,但它将使遗传变异和潜在疗法的影响得到快速,廉价和比目前更精确的探索。

人类天生不具备感知和解释基因组序列的能力,也不了解活体细胞内发生的所有机制,途径和相互作用,也不具备做出有几十或几百个变量的医疗决定的能力。为了向前推进,需要一个具有超人分析能力的系统来简化工作环境,并显示变量之间的关系和接近性。在基因组学和生物学领域,人们现在认识到,把资源花在新的计算技术上比花在纯粹的数据收集上更好,这一点在医学上可能也是如此,当然也包括肿瘤学

这个**基因组和精准肿瘤学专科文凭**包含了市场上最完整和最新的科学方案。该课程的主要特点是:

- 由基因组和精准肿瘤学专科文凭介绍的实际案例的发展。它的图形化,示意图和突出的实用性内容,以其为构思,收集了对专业实践至关重要的那些学科的科学和实用信息
- 基因组学和精准肿瘤学的新发展
- 包含以推进进行自我评估过程为目的实践
- 特别强调基因组学和精准肿瘤学的创新方法
- 这将由理论讲座,向专科文凭提问,关于争议性问题的讨论论坛和个人反思工作来补充
- 可以从任何有互联网连接的固定或便携式设备上获取内容



通过基因组和精准肿瘤学的专科文凭更新你的知识"

“

该方案的设计侧重于基于问题的学习，通过这种方式，学生将不得不尝试解决整个课程中出现的不同专业实践情况”

其教学人员包括属于基因组学和精确肿瘤学领域的专业人士，他们把自己的工作经验带到了这个培训中，还有属于著名参考协会和大学的公认专科文凭。

于采用了最新的教育技术开发的多媒体内容，专科文凭将允许专业人员进行情景式学习，也就是说，一个模拟的环境将提供一个沉浸式的学习方案，在真实情况下进行培训。

该方案的设计侧重于基于问题的学习，通过这种方式，学生将不得不尝试解决整个课程中出现的不同专业实践情况。为此，学生将得到由基因组学和精准肿瘤学领域公认的具有丰富教学经验的专科文凭创建的创新互动视频系统的帮助。

通过向这位专科文凭更新你的知识，增加你决策的信心。

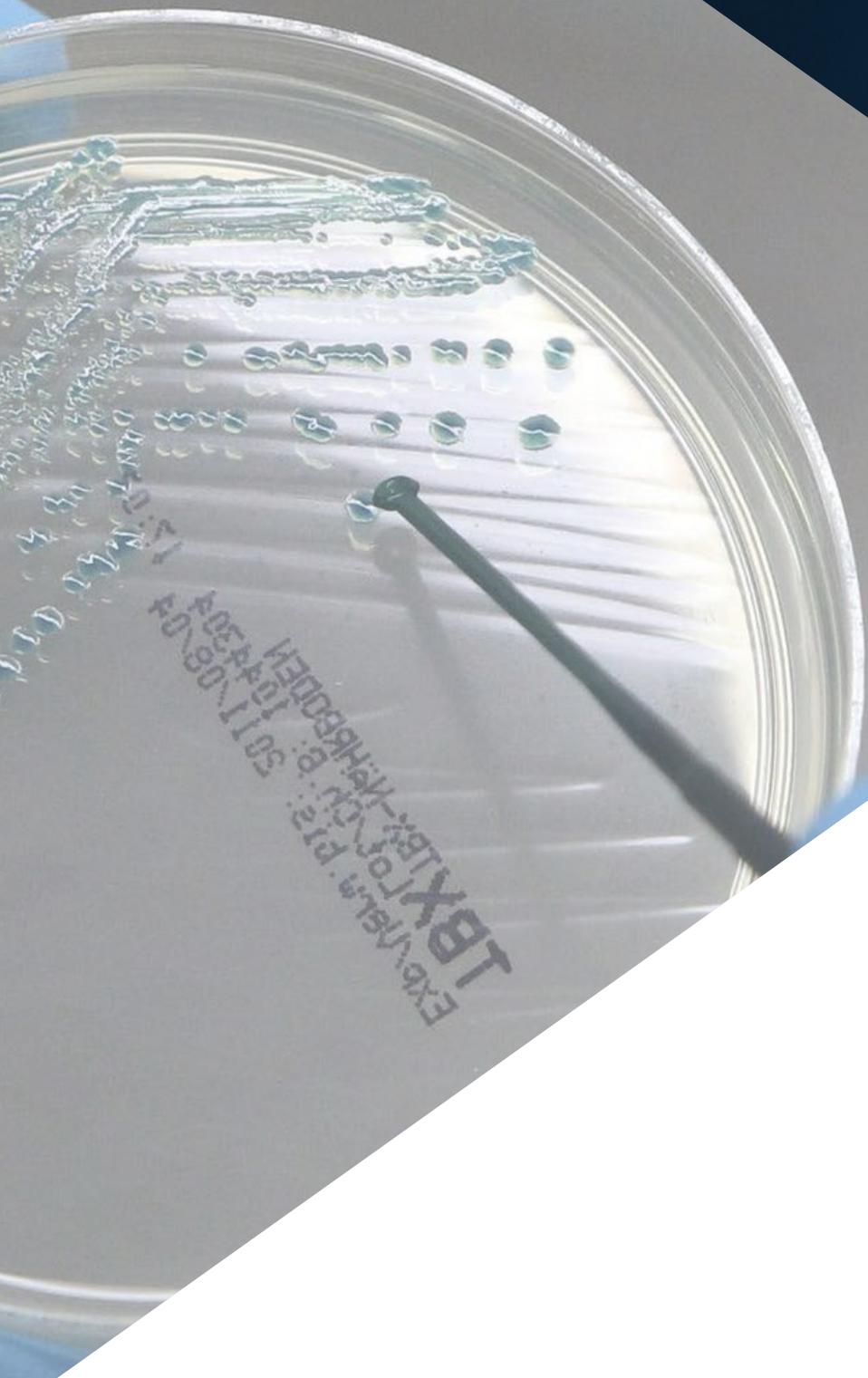
借此机会了解基因组学和精准肿瘤学的最新进展，改善对患者的护理。



02 目标

基因组和精准肿瘤学专科文凭旨在促进致力于肿瘤病理学治疗的医生的表现,在这种情况下,有必要准确解释目前可用的大量临床信息,并将其与生物信息学分析后产生的生物数据联系起来。





“

本专科文凭旨在帮助你更新你在基因组学和精准肿瘤学方面的知识, 使用最新的教育技术, 以质量和安全为决策做出贡献”



总体目标

- 能够准确解释目前可用的临床信息量, 并与生物信息学分析后产生的生物数据相关联

“

把握机会, 迈出步伐, 了解基因组和精准肿瘤学的最新发展”





具体目标

模块1.分子生物学

- ◆ 更新癌症分子生物学方面的知识, 涉及不同的概念, 如遗传异质性或微环境的重新编程
- ◆ 提供并扩大免疫疗法的知识, 作为转化研究中明确的科学进展的一个例子
- ◆ 了解基于癌症基因组图谱 (TCGA) 研究网络中的基因组数据, 对最常见的肿瘤进行分类的新方法

模块2.基因组学或精准肿瘤学

- ◆ 讨论随着基因组数据被引入对肿瘤的生物学理解, 目前的情况如何变化
- ◆ 解释基因组分类如何为预测临床结果提供独立信息, 并将为个性化癌症治疗时代提供生物学基础
- ◆ 了解目前用于DNA和RNA测序的新的基因组技术, 这些技术以人类基因组序列为基础, 自人类基因组计划完成后成为可能, 这使得分子遗传学在遗传和临床诊断研究中的能力得到空前的扩展
- ◆ 讨论解释和应用生物数据所遵循的生物信息学过程
- ◆ 分析和解释分子, 细胞和基因组水平上的生物信息

模块3.当前临床实践的变化和基因组肿瘤学的新应用

- ◆ 讨论和解释肿瘤突变负担 (TMB) 作为一种基因组生物标志物, 对癌症免疫治疗的前景有重大影响
- ◆ 了解循环DNA的液体活检如何让我们具体了解肿瘤中实时发生的何种分子变化
- ◆ 描述目前将基因组数据纳入当前临床实践的范式

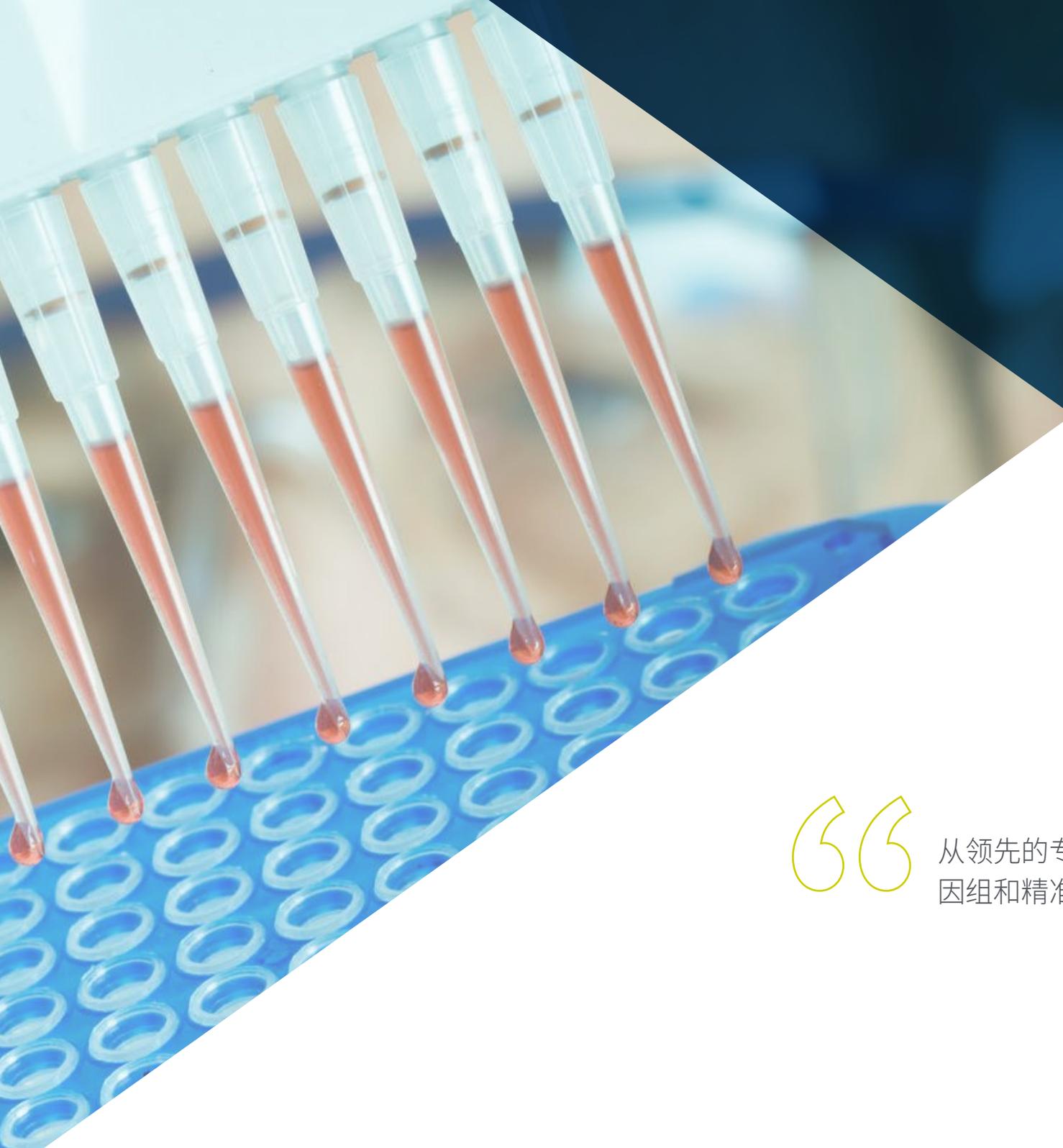
模块4.基因组时代的新技术

- ◆ 通过提取有助于决策的有用信息, 将获得的知识用于解释几个癌症病例的基因组研究
- ◆ 使用R语言进行不同的算法, 从Pubmed, DGIdb和临床试验数据库中提取搜索某些肿瘤的遗传信息

03 课程管理

该计划的教学人员包括基因组学和精准肿瘤学的领先专科文凭, 他们将自己的经验带到了这个培训中。此外, 其他具有公认声望的专科文凭也参与其设计和开发, 以跨学科的方式完成该课程。





“

从领先的专业人士那里学习基因组和精准肿瘤学的最新进展”

管理人员



Oruezabal Moreno, Mauro Javier医生

- 自2017年起担任拉巴斯大学医院医生肿瘤科主任
- 南安普顿大学的研究访问者
- 大学生物信息学和生物统计学的硕士学位 UOC-UB
- 巴勃罗-德-奥拉维德大学的生物信息学分析硕士学位
- 马德里康普鲁坦斯大学医学博士。优秀资质, 成绩优异
- 西班牙肿瘤内科学会和GECp小组 (西班牙肺癌小组) 成员
- 马德里圣卡洛斯大学医院肿瘤内科专科文凭 (MIR)
- 西班牙纳瓦拉大学医学和外科学位



Krallinger, Martin医生

- 西班牙国家癌症研究中心 (CNIO) 的文本挖掘部门负责人
- 他已经完成了巴塞罗那超级计算中心 (BSC) 文本挖掘部门负责人的选拔过程
- 生物医学和临床文本挖掘和语言学技术领域的专科文凭
- 药物安全, 分子系统生物学和肿瘤学的具体文本挖掘应用方面的专科文凭
- 参与实施和评估生物医学命名实体识别组件, 信息提取系统, 异质文档类型的大型数据集的语义索引
- 参与开发了第一个生物医学文本注释元服务器 (biocreative meta-server - BCMS) 和BeCalm元服务器
- BioCreative社区评估挑战的组织者, 用于评估自然语言处理工具, 并参与组织各种国际社区挑战中的生物医学文本挖掘任务, 包括IberEval和CLEF

教师

Alberich Martí, Ricardo博士

- ◆ 大学正教授, 数学科学和计算机科学(主任)
- ◆ 巴利阿里群岛大学计算机科学与人工智能专业

Álvarez Cubero, María Jesús医生

- ◆ 格拉纳达大学生物化学III和免疫学系讲师

Andrés León, Eduardo先生

- ◆ 中船重工寄生虫学和生物医学研究所 "López-Neyra" 生物信息学组组长
- ◆ 在马德里自治大学获得生物学和分子生物学学位

Astudillo González, Aurora医生

- ◆ 病理解剖学服务
- ◆ 奥维多大学副教授, 隶属于阿斯图里亚斯中央大学医院。阿斯图里亚斯公国生物库的科学主任

Burón Fernández, María del Rosario医生

- ◆ Infanta Cristina大学医院内科部

Carmona Bayonas, Alberto医生

- ◆ 莫拉莱斯-梅塞古尔大学医院肿瘤内科

Ciruelos, Eva María医生

- ◆ MD, Ph.D. 马德里10月12日大学医院肿瘤内科服务
- ◆ HM CIOCC, 马德里

Galiana, Enrique de Andrés博士

- ◆ 西班牙奥维多大学数学系

De la Haba Rodríguez, Juan医生

- ◆ 科尔多瓦大学肿瘤医学系, 索菲亚王后大学医院

Fernández Martínez, Juan Luis先生

- ◆ 数学系逆向问题, 优化和机器学习小组主任奥维耶多大学

Figuerola, Angélica医生

- ◆ 阿科鲁尼亚生物医学研究所(INIBIC)
- ◆ 上皮细胞可塑性和代谢的研究组长

García Casado, Zaida医生

- ◆ 巴伦西亚肿瘤研究所基金会分子生物学实验室/Laboratorio Biología Molecular/Laboratory of Molecular Biology

García Foncillas, Jesús医生

- ◆ Jiménez Díaz基金会肿瘤内科服务

Gomila Salas, Juan Gabriel先生

- ◆ 巴利阿里群岛大学数学科学和计算机科学, 计算机科学和人工智能的大学讲师

González Gomáriz, José医生

- ◆ IdiSNA (纳瓦拉健康研究所) 见习研究员



Hoyos Simón, Sergio医生

- ◆ 胡安-卡洛斯国王大学医院肿瘤内科服务部

Intxaurreondo, Ander博士

- ◆ 生命科学-文本挖掘
- ◆ 巴塞罗那超级计算中心

Jiménez -Fonseca, Paula医生

- ◆ 消化和内分泌肿瘤科肿瘤内科协调员阿斯图里亚斯中央大学医院

Lage Alfranca, Yolanda医生

- ◆ Jiménez Díaz基金会肿瘤内科服务

López Guerrero, José Antonio医生

- ◆ 瓦尔西亚阿斯图里亚斯瓦的肿瘤内科服务

López López, Rafael医生

- ◆ 肿瘤内科主任
- ◆ 西班牙圣地亚哥-德孔波斯特拉大学综合医院, 圣地亚哥-德孔波斯特拉
- ◆ Sanitaria研究机构肿瘤内科转化组

Martínez González, Luis Javier医生

- ◆ Ph.D. 基因组单位
- ◆ 辉瑞公司-格拉纳达大学-安达卢西亚议会的基因组学和肿瘤学研究中心
- ◆ 辉瑞公司-格拉纳达大学-安达卢西亚议会的基因组学和肿瘤学研究中心(GENYO)

Martínez Iglesias, Olaia医生

- ◆ 阿科鲁尼亚生物医学研究所 (INIBIC)
- ◆ 上皮细胞可塑性和代谢的研究组长

Paramio González, Jesús María先生

- ◆ CIEMAT分子肿瘤学组
- ◆ 10月12日研究所, 马德里

Pascual Martínez, Tomás医生

- ◆ 巴塞罗那医院 (Hospital Clínic de Barcelona)
- ◆ 实体瘤转化基因组学和靶向治疗实验室 (IDIBAPS)

Pérez Gutiérrez, Ana María博士

- ◆ 在Fundación Progreso y Salud (FPS) 的临床生物信息学领域的硕士生和健康基金会 (塞维利亚罗西奥圣母医院) 临床生物信息学领域的硕士生
- ◆ 墨西哥共和国大学生物医学博士生 (博士)

Ribalta, Teresa医生

- ◆ MD, Ph.D. 圣-琼-德-迪乌医院解剖病理科主任, 生物库
- ◆ Clínic医院解剖学病理服务部顾问
- ◆ 巴塞罗那大学病理学教授

Sánchez Rubio, Javier先生

- ◆ 赫塔菲大学医院药学服务部





Olivas Varela, José Ángel先生

- ◆ 信息技术和系统部副主任, 高等信息技术学院

Torres, Arnau Mir博士

- ◆ 巴利阿里群岛大学数学科学和计算机科学, 计算机科学和人工智能副教授

Soares, Felipe博士

- ◆ 苹果公司的人工智能和机器学习工程师
- ◆ 巴塞罗那国家超级计算中心的文本挖掘研究工程师

Rueda Fernández, Daniel医生

- ◆ 10月12日马德里大学医院研究部

Segura Ruiz, Víctor先生

- ◆ 纳瓦拉大学CIMA (生物信息学平台), 单位主任

Vázquez García, Miguel先生

- ◆ 基因组信息学组长
- ◆ 巴塞罗那超级计算中心

Velastegui Ordóñez, Alejandro医生

- ◆ 肿瘤内科部门, Hospit

04

结构和内容

内容的结构是由来自西班牙最好的教育中心, 大学和公司的专业人员组成的团队设计的, 他们意识到当前培训的相关性, 以便能够介入对学生的培训和支持, 并致力于通过新的教育技术进行高质量的教学。



“

大学的基因组和精准肿瘤学专科文凭包含了市场上最完整和最新的科学方案”

模块1.分子生物学

- 1.1. 癌症分子机制
 - 1.1.1. 细胞周期
 - 1.1.2. 肿瘤细胞的脱离
- 1.2. 肿瘤微环境的重新编程
 - 1.2.1 肿瘤微环境:概述
 - 1.2.2 MSCT作为肺癌的一个预后因素
 - 1.2.3. MSD在肺癌的进展和转移中的作用
 - 1.2.3.1.癌症相关的成纤维细胞 (CAF)
 - 1.2.3.2.内皮细胞
 - 1.2.3.3.肺癌中的缺氧现象
 - 1.2.3.4.炎症
 - 1.2.3.5.免疫细胞
 - 1.2.4. MSD对治疗抗性的贡献
 - 1.2.4.1.TME对放疗抗性的贡献
 - 1.2.5. MSD作为肺癌的治疗目标
 - 1.2.5.1.未来的方向
- 1.3. 肿瘤免疫学 癌症免疫治疗的基础
 - 1.3.1. 免疫系统的介绍
 - 1.3.2. 肿瘤免疫学
 - 1.3.2.1.肿瘤相关的抗原
 - 1.3.2.2.识别肿瘤相关的抗原
 - 1.3.2.3.肿瘤相关抗原的类型
 - 1.3.3. 癌症免疫治疗的基础
 - 1.3.3.1. 免疫治疗方法介绍
 - 1.3.3.2. 癌症治疗中的单克隆抗体
 - 1.3.3.2.1. 单克隆抗体的生产
 - 1.3.3.2.2. 治疗性抗体的类型
 - 1.3.3.2.3. 抗体的作用机制
 - 1.3.3.2.4. 改良抗体



- 1.3.4. 非特异性免疫调节剂
 - 1.3.4.1. 卡介苗-奎林杆菌
 - 1.3.4.2. 干扰素- α
 - 1.3.4.3. 白细胞介素-2
 - 1.3.4.4. Imiquimod
- 1.3.5. 其他免疫治疗的方法
 - 1.3.5.1. 树突状细胞疫苗
 - 1.3.5.2. Sipuleucel-T
 - 1.3.5.3. CTLA-4阻断疗法
 - 1.3.5.4. 采纳性T细胞疗法
 - 1.3.5.4.1. 采用T细胞克隆的采纳性细胞疗法
 - 1.3.5.4.2. 采用肿瘤浸润淋巴细胞的采纳细胞疗法
- 1.4. 侵袭和转移过程中的分子机制

模块2.基因组学或精准肿瘤学

- 2.1. 基因表达分析在癌症中的效用
- 2.2. 乳腺癌的分子亚型
- 2.3. 乳腺癌的预知-预测基因组平台
- 2.4. 非小细胞肺癌的治疗目标
 - 2.4.1. 简介
 - 2.4.2. 分子检测技术
 - 2.4.3. EGFR突变
 - 2.4.4. ALK易位
 - 2.4.5. ROS易位
 - 2.4.6. BRAF突变
 - 2.4.7. NRTK重排
 - 2.4.8. HER2基因突变
 - 2.4.9. MET突变/扩增
 - 2.4.10. RET重排
 - 2.4.11. 其他分子靶点
- 2.5. 肠癌分子分类
- 2.6. 胃癌的分子研究
 - 2.6.1. 晚期胃癌的治疗
 - 2.6.2. 晚期胃癌的HER2过度表达
 - 2.6.3. 晚期胃癌中HER2过表达的确定和解释
 - 2.6.4. 对HER2有活性的药物
 - 2.6.5. Trastuzumab在一线晚期胃癌中的应用
 - 2.6.5.1. 以曲妥珠单抗为基础的方案进展后HER2+晚期胃癌的治疗
 - 2.6.6. 其他抗HER2药物在晚期胃癌中的活性
- 2.7. GIST是一个转化研究的模型。15多年的经验
 - 2.7.1. 简介
 - 2.7.2. KIT和PDGFRA突变是GIST的主要促进因素
 - 2.7.3. GIST的基因型:预后和预测价值
 - 2.7.4. GIST中的基因型和对伊马替尼的耐药性
 - 2.7.5. 结论
- 2.8. 黑色素瘤的分子和基因组生物标志物
- 2.9. 脑瘤的分子分类
- 2.10. 黑色素瘤的分子和基因组生物标志物
- 2.11. 免疫疗法和生物标志物
 - 2.11.1. 癌症治疗中免疫疗法的情况以及确定肿瘤突变情况的必要性
 - 2.11.2. 检查点抑制剂的生物标志物PD-L1及其他
 - 2.11.2.1. PD-L1在免疫调节中的作用
 - 2.11.2.2. 临床试验数据和PD-L1生物标志物
 - 2.11.2.3. PD-L1表达的阈值和检测方法:一个复杂的情况

- 2.11.2.4. 新兴的生物标志物
 - 2.11.2.4.1. 肿瘤突变负担 (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. 肿瘤突变负荷的量化
 - 2.11.2.4.1.2. 肿瘤突变负担的证据
 - 2.11.2.4.1.3. 肿瘤负担作为一种预测性生物标志物
 - 2.11.2.4.1.4. 肿瘤负担作为预后性生物标志物
 - 2.11.2.4.1.5. 突变负荷的未来
 - 2.11.2.4.2. 微卫星不稳定性
 - 2.11.2.4.3. 免疫浸润分析
 - 2.11.2.4.4. 毒性标志物
- 2.11.2.5. 癌症中免疫检查点药物的开发
- 2.11.2.6. 现有药物

模块3.当前临床实践的变化和基因组肿瘤学的新应用

- 3.1. 液体活检。时尚还是未来?
 - 3.1.1. 简介
 - 3.1.2. 循环肿瘤细胞
 - 3.1.3. ctDNA
 - 3.1.4. 临床效用
 - 3.1.5. ctDNA的局限性
 - 3.1.6. 结论和未来
- 3.2. 生物库在临床研究中的作用
 - 3.2.1. 简介
 - 3.2.2. 建立生物库是否值得努力?
 - 3.2.3. 如何开始建立生物库
 - 3.2.4. 生物库的知情同意书
 - 3.2.5. 生物库的样品采集
 - 3.2.6. 质量控制
 - 3.2.7. 获取样本

- 3.3. 临床试验:基于精准医疗的新概念
 - 3.3.1. 什么是临床试验?它们与其他类型的研究有什么不同?
 - 3.3.1.1. 临床试验的类型
 - 3.3.1.1.1. 根据他们的目标
 - 3.3.1.1.2. 根据参与中心的数量
 - 3.3.1.1.3. 根据其方法
 - 3.3.1.1.4. 根据掩蔽的程度
 - 3.3.2. 胸部肿瘤学的临床试验结果
 - 3.3.2.1. 与生存时间有关
 - 3.3.2.2. 与肿瘤有关的结果
 - 3.3.2.3. 患者报告的结果
 - 3.3.3. 精准医疗时代的临床试验
 - 3.3.3.1. 精准医疗
 - 3.3.3.2. 精准医学时代与试验设计相关的术语
- 3.4. 将可操作的标记物纳入临床实践
- 3.5. 按肿瘤类型划分的基因组学在临床实践中的应用
- 3.6. 基于人工智能的肿瘤学决策支持系统

模块4基因组时代的新技术

- 4.1. 了解新技术。下一代测序 (NGS) 在临床实践中的应用。
 - 4.1.1. 简介
 - 4.1.2. 背景介绍
 - 4.1.3. 肿瘤学中应用桑格测序的问题
 - 4.1.4. 新的测序技术
 - 4.1.5. NGS在临床实践中的应用优势
 - 4.1.6. 在临床实践中使用NGS的局限性
 - 4.1.7. 相关术语和定义
 - 4.1.8. 按规模和深度划分的研究类型
 - 4.1.8.1. 基因组
 - 4.1.8.2. 外显子组
 - 4.1.8.3. 多基因小组

- 4.1.9. NGS测序的步骤
 - 4.1.9.1. 样品和文库准备
 - 4.1.9.2. 模板制备和测序
 - 4.1.9.3. 生物信息学处理
- 4.1.10. 变体注释和分类
 - 4.1.10.1. 群体数据库
 - 4.1.10.2. 特定基因座数据库
 - 4.1.10.3. 生物信息学的功能预测器
- 4.2. DNA测序和生物信息学分析
 - 4.2.1. 简介
 - 4.2.2. 软件
 - 4.2.3. 程序
 - 4.2.3.1. 提取原始序列
 - 4.2.3.2. 序列比对
 - 4.2.3.3. 对齐的细化
 - 4.2.3.4. 变体调用
 - 4.2.3.5. 变体过滤
- 4.3. RNA测序和生物信息学分析
 - 4.3.1. 简介
 - 4.3.2. 软件
 - 4.3.3. 程序
 - 4.3.3.1. 对原始数据进行质量控制评估
 - 4.3.3.2. rRNA过滤
 - 4.3.3.3. 质量控制过滤后的数据
 - 4.3.3.4. 质量修剪和适配器去除
 - 4.3.3.5. 读数与参考文献的比对
 - 4.3.3.6. 变体调用
 - 4.3.3.7. 差异性基因表达分析
- 4.4. ChIP-Seq技术
 - 4.4.1. 简介
 - 4.4.2. 软件
 - 4.4.3. 程序
 - 4.4.3.1. ChIP-Seq数据集的描述
 - 4.4.3.2. 利用GEO和SRA网站获取实验信息
 - 4.4.3.3. 测序数据的质量控制
 - 4.4.3.4. 修剪和过滤读数
 - 4.4.3.5. 用集成基因组浏览器 (IGV) 对结果进行可视化分析
- 4.5. 大数据应用于肿瘤基因组学
 - 4.5.1. 数据分析过程
- 4.6. 基因组服务器和遗传变异体数据库
 - 4.6.1. 简介
 - 4.6.2. 基于网络的基因组服务器
 - 4.6.3. 基因组服务器结构
 - 4.6.4. 数据检索和分析
 - 4.6.5. 个性化定制
- 4.7. 遗传变体注释
 - 4.7.1. 简介
 - 4.7.2. 什么是变体调用?
 - 4.7.3. 了解VCF格式
 - 4.7.4. 变体标识符
 - 4.7.5. 变体分析
 - 4.7.6. 预测变异对蛋白质结构和功能的影响



一个独特的, 关键的和决定性的
培训经验, 以促进你的职业发展"

05 方法

这个培训计划提供了一种不同的学习方式。我们的方法是通过循环的学习模式发展起来的:再学习。

这个教学系统被世界上一些最著名的医学院所采用,并被**新英格兰医学杂志**等权威出版物认为是最有效的教学系统之一。



“

发现再学习, 这个系统放弃了传统的线性学习, 带你体验循环教学系统: 这种学习方式已经证明了其巨大的有效性, 尤其是在需要记忆的科目中”

在TECH, 我们使用案例法

在特定情况下, 专业人士应该怎么做? 在整个课程中, 你将面对多个基于真实病人的模拟临床案例, 他们必须调查, 建立假设并最终解决问题。关于该方法的有效性, 有大量的科学证据。专业人员随着时间的推移, 学习得更好, 更快, 更持久。

和TECH, 你可以体验到一种正在动摇世界各地传统大学基础的学习方式。



根据Gérvás博士的说法, 临床病例是对一个病人或一组病人的注释性介绍, 它成为一个“案例”, 一个说明某些特殊临床内容的例子或模型, 因为它的教学效果或它的独特性或稀有性。至关重要的是, 案例要以当前的职业生活为基础, 试图重现专业医学实践中的实际问题。

“

你知道吗, 这种方法是1912年在哈佛大学为法律学生开发的? 案例法包括提出真实的复杂情况, 让他们做出决定并证明如何解决这些问题。1924年, 它被确立为哈佛大学的一种标准教学方法”

该方法的有效性由四个关键成果来证明:

1. 遵循这种方法的学生不仅实现了对概念的吸收, 而且还通过练习评估真实情况和应用知识来发展自己的心理能力。
2. 学习扎根于实践技能, 使学生能够更好地融入现实世界。
3. 由于使用了从现实中产生的情况, 思想和概念的吸收变得更容易和更有效。
4. 投入努力的效率感成为对学生的一个非常重要的刺激, 这转化为对学习的更大兴趣并增加学习时间。



再学习方法

TECH有效地将案例研究方法基于循环的100%在线学习系统相结合,在每节课中结合了8个不同的教学元素。

我们用最好的100%在线教学方法加强案例研究:再学习。

专业人员将通过真实案例和在模拟学习环境中解决复杂情况进行学习。这些模拟情境是使用最先进的软件开发的,以促进沉浸式学习。



处在世界教育学的前沿,按照西班牙语世界中最好的在线大学(哥伦比亚大学)的质量指标,再学习方法成功地提高了完成学业的专业人员的整体满意度。

通过这种方法,我们已经培训了超过25000名医生,取得了空前的成功,在所有的临床专科手术中都是如此。所有这些都是在一个高要求的环境中进行的,大学学生的社会经济状况很好,平均年龄为43.5岁。

再学习将使你的学习事半功倍,表现更出色,使你更多地参与到训练中,培养批判精神,捍卫论点和对比意见:直接等同于成功。

在我们的方案中,学习不是一个线性的过程,而是以螺旋式的方式发生(学习,解除学习,忘记和重新学习)。因此,我们将这些元素中的每一个都结合起来。

根据国际最高标准,我们的学习系统的总分是8.01分。



该方案提供了最好的教育材料,为专业人士做了充分准备:



学习材料

所有的教学内容都是由教授该课程的专家专门为该课程创作的,因此,教学的发展是具体的。

然后,这些内容被应用于视听格式,创造了TECH在线工作方法。所有这些,都是用最新的技术,提供最高质量的材料,供学生使用。



录像中的手术技术和程序

TECH使学生更接近最新的技术,最新的教育进展和当前医疗技术的最前沿。所有这些,都是以第一人称,以最严谨的态度进行解释和详细说明了,以促进学生的同化和理解。最重要的是,您可以想看几次就看几次。



互动式总结

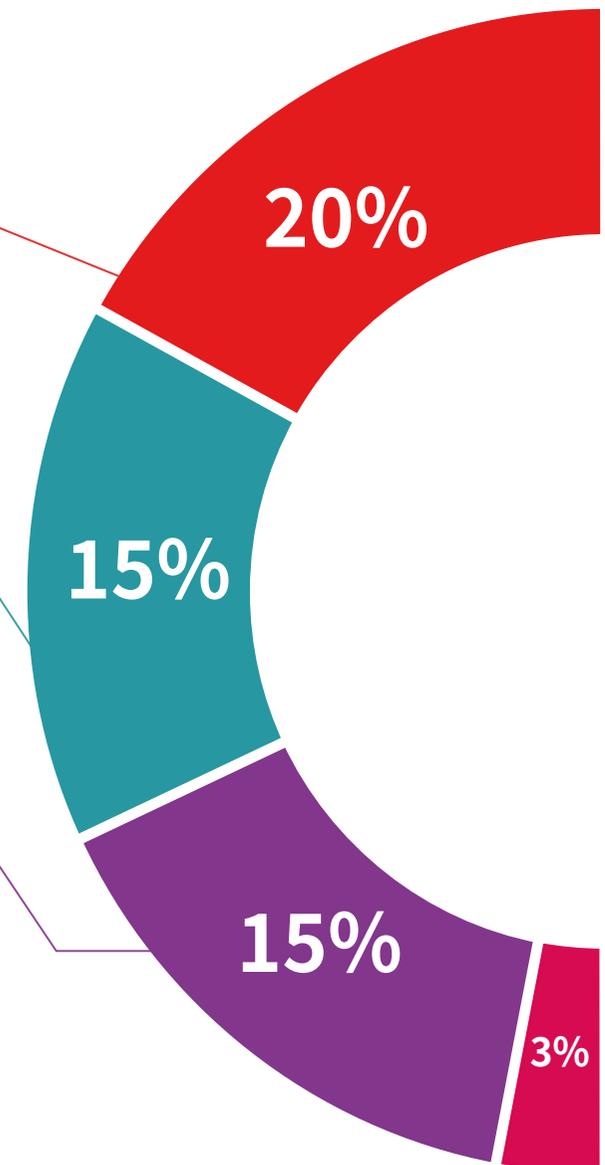
TECH团队以有吸引力和动态的方式将内容呈现在多媒体丸中,其中包括音频,视频,图像,图表和概念图,以强化知识。

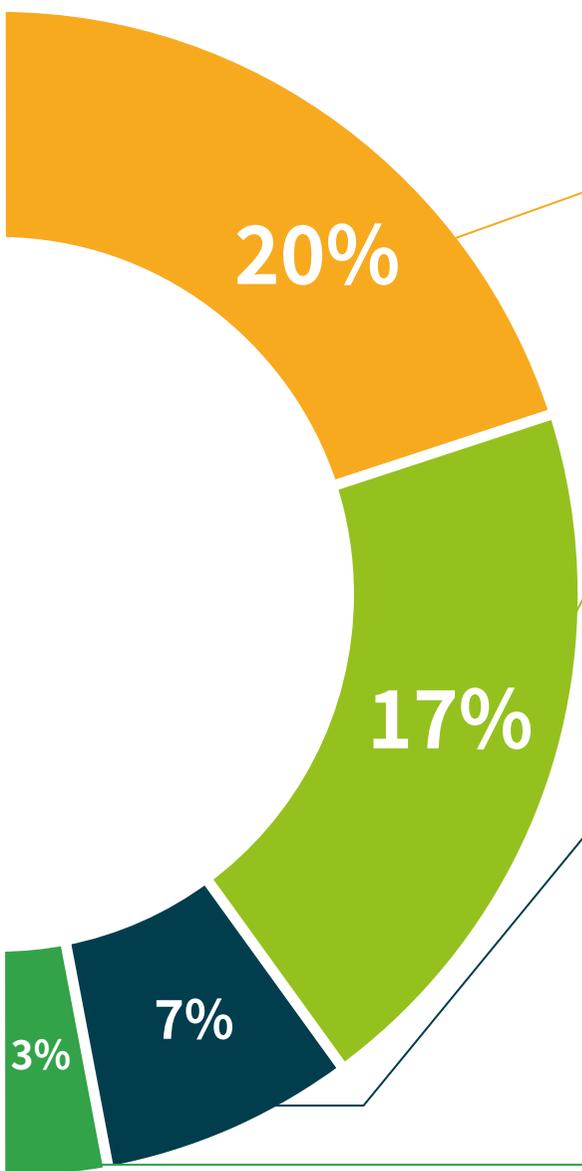
这个用于展示多媒体内容的独特教育系统被微软授予“欧洲成功案例”称号。



延伸阅读

最近的文章,共识文件和国际准则等。在TECH的虚拟图书馆里,学生可以获得他们完成培训所需的一切。





由专家主导和开发的案例分析

有效的学习必然是和背景联系的。因此, TECH将向您展示真实的案例发展, 在这些案例中, 专家将引导您注重发展和处理不同的情况: 这是一种清晰而直接的方式, 以达到最高程度的理解。



测试和循环测试

在整个课程中, 通过评估和自我评估活动和练习, 定期评估和重新评估学习者的知识: 通过这种方式, 学习者可以看到他/她是如何实现其目标的。



大师课程

有科学证据表明第三方专家观察的作用: 向专家学习可以加强知识和记忆, 并为未来的困难决策建立信心。



快速行动指南

TECH以工作表或快速行动指南的形式提供课程中最相关的内容。一种合成的, 实用的, 有效的帮助学生在学业上取得进步的方法。



06 学位

基因组和精准肿瘤学专科文凭课程除了保证最严格和最新的培训外,还可以获得由TECH科技大学颁发的**专科文凭学位证书**。





“

成功地完成这一项目,并获得你的大学学位,没有旅行或行政文书的麻烦”

这个**基因组和精准肿瘤学专科文凭**包含了市场上最完整和最新的科学课程。

评估通过后, 学生将通过邮寄收到**TECH科技大学**颁发的相应的**专科文凭**学位。

TECH科技大学颁发的证书将表达在**专科文凭**获得的资格, 并将满足工作交流, 竞争性考试和专业职业评估委员会的普遍要求。

学位:**基因组和精准肿瘤学专科文凭**

官方学时:**425小时**



*海牙认证。如果学生要求他或她的纸质学位进行海牙认证, TECH EDUCATION将作出必要的安排, 并收取额外的费用。

健康 信心 未来 人 导师
教育 信息 教学
保证 资格认证 学习
机构 社区 科技 承诺
个性化的关注 现在 创新
知识 网页 质量
网上教室 发展 语言 机构

tech 科学技术大学

专科文凭
基因组和精准肿瘤学

- » 模式:在线
- » 时间:6个月
- » 学历:TECH科技大学
- » 时间:16小时/周
- » 时间表:按你方便的
- » 考试:在线

专科文凭

基因组和精准肿瘤学