

专科文凭
血栓形成基因组学





专科文凭 血栓形成基因组学

- » 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-thrombosis-genomics

目录

01

介绍

4

02

目标

8

03

课程管理

12

04

结构和内容

16

05

方法

22

06

学位

30

01 介绍

除了饮食和吸烟等其他环境因素外,遗传也是导致血栓形成的主要因素之一。基因组学的进步使得改善这些病症患者的治疗方法成为可能,这就是为什么专业人员必须提高自己在这一领域的知识水平。





“

静脉血栓是一种可预防、可治愈的疾病,但它仍然造成大量死亡”

血栓形成是一种不分年龄人人都可能患上的疾病，它常常得不到诊断，并可能发展成严重的疾病。因此，及早发现静脉血栓对于治疗这种疾病和减少其对患者造成的后遗症至关重要。也有一些预防措施，如物理或药物措施。

在学习本专科文凭期间，学生将重点学习应用于静脉血栓治疗的基因组医学。该课程由该领域的专家设计，因此学生将接受该领域专家提供的全面而具体的培训。

因此，本次培训旨在从全球基因组研究 (GWAS)、大规模测序研究和基因表达调控研究入手，奠定这一领域的知识基础。

因此，在完成并通过专科文凭后，学生将掌握必要的理论知识，以便在专业人员的主要行动领域开展有效的静脉血栓治疗。

这个**血栓形成基因组学专科文凭**包含了市场上最完整和最新的科学课程。主要特点是：

- ◆ 由血栓形成基因组学专家介绍案例研究的发展情况
- ◆ 该书的内容图文并茂、示意性强、实用性强，为那些视专业实践至关重要的学科提供了科学和实用的信息
- ◆ 血栓形成基因组学新闻
- ◆ 可以进行自我评估过程的实践练习，以提高学习效果
- ◆ 其特别关注血栓形成基因组学的创新方法
- ◆ 理论讲座、专家提问、论坛讨论和个人思考
- ◆ 可以通过任何固定或便携式的互联网连接设备访问这些内容

“

千万不要错过与我们一起学习血栓形成基因组学专科文凭的机会。这是推进你的职业生涯的完美机会”

“

该专科文凭可能是你选择进修课程的最佳投资,原因有二:除了更新血栓形成基因组学方面的知识外,你还将获得由 TECH科技大学认可的资格证书”

教学人员包括血栓基因组学领域的专业人士他们为培训贡献了自己的经验,以及来自知名学会和著名大学的公认专家。

其多媒体内容采用最新教育科技开发,将使专业人员在情景式学习环境中学习,即模拟环境,提供身临其境的培训程序,在真实情况下进行培训。

该课程的设计重点是基于问题的学习,通过这种方式,医生必须尝试解决整个学年出现的不同专业实践情况。为此,血栓基因组学领域经验丰富的知名专家将通过创新的互动视频系统为专业人员提供帮助。

这个培训拥有最好的教学材料,可以让您结合实际情况进行学习,从而促进您的学习。

这个100%在线的专科文凭将允许你将你的学习与你的专业工作相结合,同时增加你在这个领域的知识。



02 目标

血栓形成基因组学专科文凭旨在促进医学专业人员利用该领域的最新进展和最具创新性的治疗方法开展工作。





“

这是了解血栓基因组学
最新进展的最佳选择”

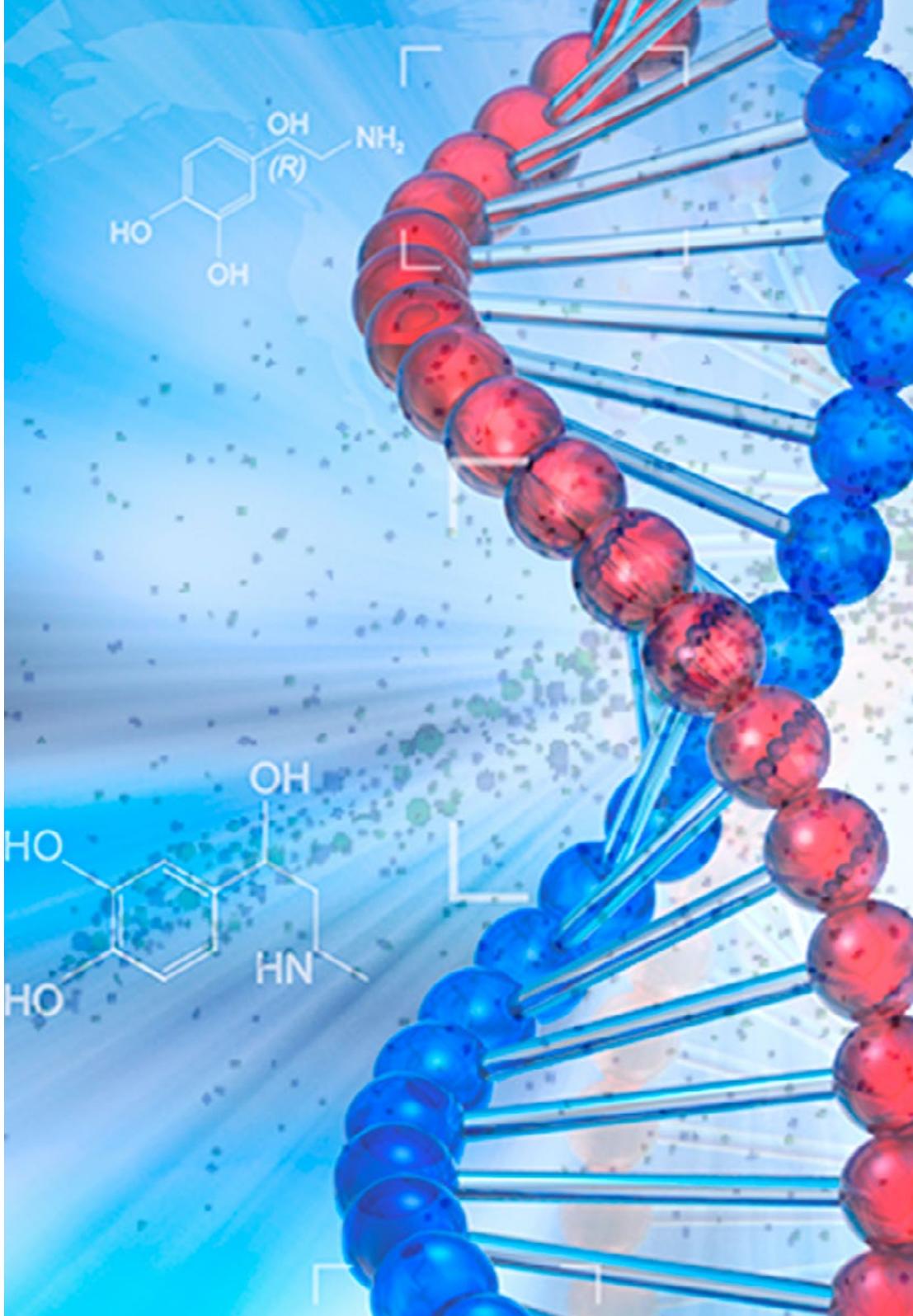


总体目标

- 加深对静脉血栓栓塞性疾病这一复杂疾病的认识
- 在应用于精准医学的数据科学和生物信息学方法领域接受培训
- 了解该疾病的最新进展

“

对解决自身免疫性疾病所需的多学科方法的广泛概述, 以及这一科学学科中必不可少的准则和知识”





具体目标

模块1.基因组时代的血栓形成 I:全基因组研究 (GWAS)

- ◆ 概述遗传学, 特别是全基因组关联研究
- ◆ 展示遗传学在静脉血栓栓塞性疾病中的应用现状

模块2.基因组时代的血栓形成 II:大规模测序研究

- ◆ 了解血栓形成和止血的遗传基础和分子研究
- ◆ 识别 DNA 测序技术
- ◆ 深入了解 NGS 数据的生物信息学分析
- ◆ 了解如何解读血栓与止血方面的 NGS 结果
- ◆ 了解 NGS 技术的未来前景

模块3.基因组时代的血栓形成 III:基因表达调控研究 (RNA 和 miRNA)

- ◆ 了解 RNA-seq
- ◆ 了解 RNA-seq 研究的实验设计以及此类研究的质量控制

03

课程管理

该课程的教学人员包括血栓基因组学领域的顶尖专家，他们将自己的工作经验带到了培训中。此外，其他具有公认声望的专家也参与其设计和制定，以跨学科的方式完成方案。



“

该领域的顶尖专业人士齐聚一堂, 向你展示血栓形成基因组学的最新进展”

管理人员



Soria, José Manuel医生

- ◆ 复杂疾病基因组学小组
- ◆ 圣保医院研究所 (IIB Sant Pau)
- ◆ Santa Creu i Sant Pau 医院。巴塞罗那

教师

Sabater Lleal, María医生

- ◆ 2000年毕业于巴塞罗那大学生物学专业
- ◆ 生物医学专业
- ◆ 2006年,他在巴塞罗那大学获得遗传学博士学位
- ◆ 复杂疾病基因组学小组。圣保医院研究所 (IIB Sant Pau)。Santa Creu i Sant Pau 医院。巴塞罗那
- ◆ 心血管医学科 (KI) 心血管遗传学副研究员

Vidal, Francisco医生

- ◆ 毕业于巴塞罗那大学生物学专业
- ◆ 生物化学与分子生物学和遗传学官方博士课程。巴塞罗那大学
- ◆ 医疗保健组织行政硕士。ESADE 商学院/拉蒙-卢尔大学
- ◆ 血液和组织库 (BST) 的专科医生。巴塞罗那



04 结构和内容

内容结构是由业内最优秀的专业人士设计的,他们拥有丰富的经验和公认的专业声望,以大量的病例审查、研究和诊断为后盾,并对应用于基因组医学的新技术有着广泛的了解。





“

这个血栓形成基因组学专科文凭包含了市场上最完整、最新的科学课程”

模块1.基因组时代的血栓形成 I:全基因组研究 (GWAS)

- 1.1. 遗传学简介
 - 1.1.1. 导言和基本概念
 - 1.1.1.1. 基因
 - 1.1.1.2. 多态性、等位基因和 位点
 - 1.1.1.3. 单倍型
 - 1.1.1.4. 连锁不平衡的概念
 - 1.1.1.5. 基因型
 - 1.1.1.6. 表型
 - 1.1.2. 研究复杂疾病的遗传学
 - 1.1.2.1. 复杂和罕见疾病
 - 1.1.2.2. 候选基因与全基因组研究
 - 1.1.3. 基因组的多态类型、命名和版本
 - 1.1.4. 基因分型芯片
- 1.2. 全基因组遗传研究方法 (GWAS) 简介
 - 1.2.1. 什么是GWAS?
 - 1.2.2. GWAS 研究的设计
 - 1.2.2.1. 遗传性
 - 1.2.2.2. 病例对照 与 定量性状分析
 - 1.2.2.3. 样本量和统计能力
 - 1.2.2.4. 人口亚结构的偏差
 - 1.2.2.5. 表型:标准化和 异常值
 - 1.2.3. 基因关联测试
 - 1.2.4. 有用的 GWAS软件
- 1.3. 基因归因
 - 1.3.1. 估算的概念
 - 1.3.2. 参考面板
 - 1.3.1.1. 哈普地图项目
 - 1.3.1.2. 千人基因组计划
 - 1.3.1.3. 单倍型参考联盟项目
 - 1.3.1.4. 其他针对特定人群的项目



- 1.4. 质量控制和过滤器
 - 1.4.1. 预输入过滤器
 - 1.4.1.1. 小等位基因频率
 - 1.4.1.2. 哈代-温伯格均衡
 - 1.4.1.3. 基因分型误差 (调用率)
 - 1.4.1.4. 杂合度过高
 - 1.4.1.5. 孟德尔错误
 - 1.4.1.6. 性别错误
 - 1.4.1.7. 链条方向
 - 1.4.1.8. 亲属关系
 - 1.4.2. 输入后过滤器
 - 1.4.2.1. 单态变体, 频率
 - 1.4.2.2. 估算质量
 - 1.4.3. GWAS 后过滤器
 - 1.4.4. 质量控制软件
- 1.5. 分析和解释 GWAS 结果
 - 1.5.1. 曼哈顿计划
 - 1.5.2. 多重检测 校正和 全基因组 显著性结果
 - 1.5.3. 基因座的概念
- 1.6. 元分析和复制
 - 1.6.1. GWAS 研究的标准工作流程
 - 1.6.2. 元分析
 - 1.6.2.1. 荟萃分析方法
 - 1.6.2.2. 进行荟萃分析所需的信息
 - 1.6.2.3. 荟萃分析结果
 - 1.6.2.4. 荟萃分析 软件 实例
 - 1.6.3. 最相关的企业集团
- 1.7. GWAS 后分析
 - 1.7.1. 精细绘图 和区域图形
 - 1.7.2. 条件分析
 - 1.7.3. 选择最佳候选基因 (从基因座到基因)
 - 1.7.3.1. 利用表达信息
 - 1.7.3.2. 基因组富集分析 (基因组富集分析)
 - 1.7.3.3. 多态性可能产生的功能影响研究
- 1.8. GWAS 时代
 - 1.8.1. GWAS 数据库
 - 1.8.2. 总结全球基因组分析系统时代的成果
- 1.9. 全球基因组研究结果的使用
 - 1.9.1. 风险评估模型
 - 1.9.2. 孟德尔随机研究
- 1.10. 静脉血栓栓塞性疾病 (VTE) 基因检测
 - 1.10.1. 一段历史
 - 1.10.2. 与 VTE 最相关的 GWAS 研究
 - 1.10.3. 最新研究结果
 - 1.10.4. 基因发现的临床意义: 凝血级联的重要性和新的代谢途径
 - 1.10.5. 未来战略

模块2.基因组时代的血栓形成 II:大规模测序研究

- 2.1. 血栓与止血的遗传基础和分子研究
 - 2.1.1. 血栓与止血的分子流行病学
 - 2.1.2. 先天性疾病的遗传研究
 - 2.1.3. 分子诊断的经典方法
 - 2.1.4. 间接诊断或基因关联技术
 - 2.1.5. 直接诊断技术
 - 2.1.5.1. 突变筛选
 - 2.1.5.2. 直接识别突变
- 2.2. DNA 测序技术
 - 2.2.1. 传统的桑格测序
 - 2.2.1.1. 该技术的特点、局限性以及在血栓形成和止血中的应用
 - 2.2.2. 下一代测序 (NGS)
 - 2.2.2.1. 分子诊断中的 NGS 平台
 - 2.2.2.2. 技术概述、可能性和局限性 NGS 与传统测序的比较
 - 2.2.3. 第三代测序 (TGS)

- 2.3. NGS 基因筛选的不同方法
 - 2.3.1. 基因组测序
 - 2.3.2. 全外显子组测序和全基因组测序
 - 2.3.3. 通过 RNA-Seq 进行转录组学研究
 - 2.3.4. MicroRNA 测序
 - 2.3.5. 利用 ChIP-Seq 测绘蛋白质与 DNA 的相互作用
 - 2.3.6. 利用 NGS 进行表观基因组学和 DNA 甲基化分析
- 2.4. NGS 数据的生物信息学分析
 - 2.4.1. 对 NGS 生成的海量数据进行生物信息学分析的挑战
 - 2.4.2. NGS 数据管理和分析的信息技术需求
 - 2.4.2.1. 存储、传输和共享 NGS 数据
 - 2.4.2.2. NGS 数据分析所需的计算能力
 - 2.4.2.3. 分析 NGS 数据的软件要求
 - 2.4.2.4. NGS 数据分析所需的生物信息学技能
 - 2.4.3. 碱基调用、FASTQ 文件格式和碱基质量得分
 - 2.4.4. NGS 数据质量控制和预处理
 - 2.4.5. 阅读地图
 - 2.4.6. 变体呼叫
 - 2.4.7. 三级分析
 - 2.4.8. 通过 NGS 分析结构变异
 - 2.4.9. 从 NGS 数据中估算拷贝数变异的方法
- 2.5. NGS 检测突变的概念和类型
 - 2.5.1. 血栓和出血性疾病的分子病因学
 - 2.5.2. 变异命名法
 - 2.5.3. 确定的变异/突变的功能影响
 - 2.5.4. 区分变异和多态性
- 2.6. NGS 中的基础分子数据库
 - 2.6.1. 特定基因座数据库 (LSMD)
 - 2.6.2. 数据库中以往的变异描述
 - 2.6.3. 通过 NGS 在健康人群中检测到的变异数据库
 - 2.6.4. 带有临床注释的分子数据库
- 2.7. 血栓与止血方面的 NGS 结果分析与解读
 - 2.7.1. 突变验证
 - 2.7.2. 突变致病性的概念
 - 2.7.3. 基因型与表型的关联性
 - 2.7.3.1. 硅学研究
 - 2.7.3.2. 表达研究
 - 2.7.3.3. 体外功能研究
- 2.8. NGS 在遗传咨询和产前诊断中的作用
 - 2.8.1. NGS 时代的遗传咨询
 - 2.8.2. 用于遗传咨询和临床诊断的 NGS 和全基因组测序特有的伦理问题
 - 2.8.3. 常规产前诊断和方法
 - 2.8.4. 植入前遗传学诊断
 - 2.8.5. 无创产前诊断
 - 2.8.5.1. 利用母体循环中的胎儿 DNA 进行产前诊断
 - 2.8.5.2. 对循环胎儿 DNA 进行 SNP 测序
 - 2.8.5.3. 基于 NGS 的无创产前检测的局限性和挑战
 - 2.8.5.4. 非整倍体无创产前检测的临床应用
- 2.9. NGS 技术和数据分析的未来展望
 - 2.9.1. 测序技术的中期发展
 - 2.9.2. 用于高通量测序数据分析的生物信息学工具的演变
 - 2.9.3. 标准化和简化分析流程 NGS
 - 2.9.4. 平行计算
 - 2.9.5. 云的环境

模块3.基因组时代的血栓形成 III:基因 表达调控研究 (RNA 和 miRNA)

- 3.1. RNA-seq 简介
 - 3.1.1. 技术说明
 - 3.1.2. 与表达式 数组 相比的优势
 - 3.1.3. 局限性
- 3.2. RNA-seq 研究的实验设计
 - 3.2.1. 随机化 和 分块的概念
 - 3.2.2. 生物复制品与技术复制品
 - 3.2.3. 副本数量
 - 3.2.4. 测序深度
 - 3.2.5. 图书馆类型
- 3.3. RNA-seq 质量控制
 - 3.3.1. RNA-seq 质量指标
 - 3.3.2. 为 RNA-seq 质量控制而设计的程序
- 3.4. RNA 配准和定量
 - 3.4.1. 基于基因组
 - 3.4.2. 无参考基因组 (基于转录组)
- 3.5. 从头组装和 RNA 注释
 - 3.5.1. 无参考转录组的管道
 - 3.5.2. 编码和非编码转录本注释
- 3.6. 利用 RNA-seq 进行差异表达
 - 3.6.1. 正常化
 - 3.6.2. 消除潜在变量
 - 3.6.3. 统计方案和方法
 - 3.6.4. 丰富功能
- 3.7. RNA-seq 技术的其他应用
 - 3.7.1. 检测替代 剪接
 - 3.7.2. 嵌合体转录本检测
 - 3.7.3. 突变检测
 - 3.7.4. 等位基因特异性表达的检测
- 3.8. 小型RNA-seq
 - 3.8.1. 用于小型RNA-seq的库的构建
 - 3.8.1.1. 对小型RNA-seq的质量控制
 - 3.8.2. 小 RNA 序列的排列和量化
 - 3.8.3. miRNA 注释
 - 3.8.4. miRNA 目标
- 3.9. 基因 共表达网络
 - 3.9.1. 基因 共表达网络概念
 - 3.9.2. 差异共表达 vs. 差异共表达差异表达
 - 3.9.3. 加权 基因 共表达 网络分析 (WGCNA)
 - 3.9.4. 共表达网络基因展示
- 3.10. 静脉血栓栓塞性疾病 (VTE) 的基因表达调控分析
 - 3.10.1. 一段历史
 - 3.10.2. 关于 VTE 的相关研究
 - 3.10.3. 最新研究结果
 - 3.10.4. 研究结果的临床意义
 - 3.10.5. 实例和练习



这种培训将使你能以一种舒适的方式推进你的职业生涯"

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Gérvas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, 有效的帮助学生在在学习上取得进步的方法。



06 学位

血栓形成基因组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。



“

顺利完成该课程并获得大学课程, 无需旅行或文书工作的麻烦”

这个**血栓形成基因组学专科文凭**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:**血栓形成基因组学专科文凭**

官方学时:**450小时**



tech 科学技术大学

专科文凭
血栓形成基因组学

- » 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

血栓形成基因组学