

ماجستير خاص

علم الأورام الدقيق: علم الجينوم

والبيانات الضخمة



الجامعة
التيكولوجية
tech

ماجستير خاص

علم الأورام الدقيق: علم الجينوم
والبيانات الضخمة

« طريقة التدريس: أونلاين

« مدة الدراسة: 12 شهر

« المؤهل الجامعي من: TECH الجامعة التكنولوجية

« عدد الساعات المخصصة للدراسة: 16 ساعات أسبوعياً

« مواعيد الدراسة: وفقاً لوتيرك الخاصة

« الامتحانات: أونلاين

رابط الدخول إلى الموقع الإلكتروني: www.techtitute.com/ae/medicine/professional-master-degree/master-precision-oncology-genomics-big-data

الفهرس

01	المقدمة	4 صفحة
02	الأهداف	8 صفحة
03	الكفاءات	14 صفحة
04	هيكل الإدارة وأعضاء هيئة تدريس الدورة التدريبية	16 صفحة
05	الهيكل والمحتوى	22 صفحة
06	المنهجية	32 صفحة
07	المؤهل العلمي	40 صفحة

المقدمة

إن مفهوم علم الجينوم أو علم الأورام الدقيق ليس جديداً تماماً؛ يستخدم الأطباء فصيلة الدم لتكييف عمليات نقل الدم لأكثر من قرن. ما يختلف اليوم هو النمو السريع للبيانات الجينومية، والتي يمكن جمعها بسرعة وبتكلفة زهيدة، من المريض والمجتمع ككل، وإمكانية الحصول على رؤى من مشاركة تلك البيانات. حجم وتعقيد البيانات الجينومية يقزمان المقاييس المستخدمة تقليدياً في الاختبارات المعملية.



حسّن معرفتك في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة من خلال هذا البرنامج، حيث ستجد أفضل المواد التعليمية مع حالات عملية حقيقية. تعرف هنا على أحدث التطورات في التخصص لتتمكن من تنفيذ ممارسات طبية عالية الجودة"



إنه هدف أساسي للبرنامج، تقريب الطالب من معرفة المعلوماتية ونشرها بالفعل في مجالات المعرفة الأخرى، ولكن هذا له حد أدنى من التنفيذ في عالم الطب. على الرغم من أنه لا يزال هناك طريق طويل لنقطعه قبل أن يصبح الطب الجينومي حقيقة واقعة، فمن الضروري تفسير الحجم الهائل للمعلومات السريرية المتاحة حالياً وربطها بالبيانات البيولوجية التي تم إنشاؤها بعد تحليل المعلومات الحيوية.

في حين أن هذا يمثل تحدياً صعباً، إلا أنه سيسمح باستكشاف آثار التباين الجيني والعلاجات المحتملة بسرعة وبتكلفة منخفضة وبدقة أكبر مما هو ممكن حالياً. البشر ليسوا مؤهلين بشكل طبيعي لإدراك وتفسير التسلسلات الجينية، أو لفهم جميع الآليات والمسارات والتفاعلات التي تحدث داخل الخلية الحية أو لاتخاذ قرارات طبية مع عشرات أو مئات المتغيرات. للمضي قدماً، يلزم وجود نظام ذي قدرة تحليلية خارقة يعمل على تبسيط بيئة العمل ويظهر العلاقات والقرب بين بعض المتغيرات أو غيرها.

في علم الجينوم وعلم الأحياء، من المسلم به الآن أن الموارد تُنفق بشكل أفضل على تقنيات حسابية جديدة بدلاً من جمع البيانات الخام، وهو أمر ربما يكون هو نفسه في الطب وبالطبع علم الأورام.

هناك الملايين من البيانات أو المنشورات، ولكن عندما يتم تحليلها من قبل الأطباء أو علماء الأحياء فإن الاستنتاجات تكون ذاتية تماماً فيما يتعلق بالمنشورات أو البيانات المتاحة التي تم تحديدها أولوياتها بشكل تحسفي، مما يولد معرفة جزئية، وبالطبع، يكون كل منها بعيداً بشكل متزايد عن المعرفة الجينية والبيولوجية المتاحة والمدعومة بالحساب. لذلك، فإن الخطوة العملاقة في تطبيق الطب الدقيق هي تقليص هذه المسافة من خلال التحليل الشامل للمعلومات الطبية والصيدلانية المتاحة.

يحتوي هذا ماجستير خاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة على البرنامج العلمي الأكثر اكتمالاً و حداثةً في السوق. ومن أبرز ميزات:

- ♦ تطوير أكثر من 75 حالة عملية مقدمة من قبل خبراء في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة. تجمع محتوياتها الرسومية والتخطيطية والعملية البارزة التي يتم تصورها بها المعلومات العلمية والرعاية الصحية حول تلك التخصصات التي لا غنى عنها للممارسة المهنية
- ♦ آخر الأخبار في علم الأورام الدقيق، وعلم الجينوم و البيانات الضخمة
- ♦ تحتوي على تدريبات عملية حيث يتم إجراء عملية التقييم الذاتي لتحسين التعليم
- ♦ نظام تعلم تفاعلي قائم على الخوارزميات لاتخاذ القرار بشأن الحالات السريرية المثارة
- ♦ مع التركيز بشكل خاص على الطب القائم على الأدلة ومنهجيات البحث في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة
- ♦ كل هذا سيتم استكماله من قبل الدروس النظري، أسئلة للخبراء، منتديات مناقشة حول موضوعات مثيرة للجدل وأعمال التفكير الفردي
- ♦ توفر المحتوى من أي جهاز ثابت أو محمول متصل بالإنترنت

قم بتحديث معلوماتك من خلال برنامج علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة ”



يسمح لك برنامج الماجستير شهادة خاصة بالتدرب في بيئات محاكاة، والتي توفر تعليماً غامراً مبرمجاً للتدريب في مواقف حقيقية.

ويشمل الحالات السريرية لتقريب تطوير البرنامج إلى واقع الرعاية الطبية قدر الإمكان.

قد يكون هذا الماجستير الخاص هو أفضل استثمار يمكنك القيام به في اختيار برنامج تنشيطي لسببين: بالإضافة إلى تحديث معرفتك في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة، ستحصل على شهادة من *TECH* الجامعة التكنولوجية ”

وهي تضم في هيئة التدريس متخصصين ينتمون إلى مجال علم الأورام الدقيق، الذين يصبون في هذا التخصص خبرة عملهم، بالإضافة إلى متخصصين معترف بهم ينتمون إلى جمعيات علمية رائدة.

محتوى الوسائط المتعددة، المُعد بأحدث التقنيات التعليمية سيتيح التعلم المهني والسياقي، بما معناه، بيئة محاكاة ستوفر التعلم الغامر والمبرمج للتدريب في مواقف حقيقية.

يركز تصميم هذا البرنامج على التعلم القائم على حل المشكلات والذي يجب على الطبيب من خلاله محاولة حل مواقف الممارسة المهنية المختلفة التي تنشأ خلال الدورة. للقيام بذلك، سيحصل الطبيب على مساعدة من نظام فيديو تفاعلي مبتكر تم إنشاؤه بواسطة خبراء مشهورين في مجال علم الأورام الدقيق ممن لديهم خبرة تعليمية واسعة.

02 الأهداف

يهدف برنامج علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة إلى تسهيل عمل الطبيب المتخصص لعلاج أمراض الأورام، حيث من الضروري تفسير الحجم الهائل للمعلومات السريرية المتوفرة حالياً وربطها بالبيانات البيولوجية الناتجة بعد تحليل المعلومات الحيوية بدقة.

هذا البرنامج موجه بحيث يمكنك تحديث معرفتك في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة، باستخدام أحدث التقنيات التعليمية، للمساهمة بجودة وأمان في اتخاذ القرار والتشخيص والعلاج ومتابعة المرضى





- ♦ القدرة على تفسير حجم المعلومات السريرية المتوفرة حالياً والمرتبطة بالبيانات البيولوجية التي تم إنشاؤها بعد تحليل المعلومات الحيوية بدقة



الوحدة 1. البيولوجيا الجزيئية

- ♦ تحديث المعرفة في البيولوجيا الجزيئية للسرطان فيما يتعلق بمفاهيم مختلفة مثل عدم التجانس الجيني أو إعادة برمجة البيئة الدقيقة
- ♦ المساهمة وتوسيع نطاق المعرفة حول العلاج المناعي كمثال للتقدم العلمي الواضح في البحث المترجم
- ♦ التعرف على نهج تصنيف جديد للأورام الأكثر شيوعاً استناداً إلى البيانات الجينية المتوفرة من شبكة أبحاث أطلس جينوم السرطان (TCGA)

الوحدة 2. علم الأورام الجينومي أو الدقيق

- ♦ مناقشة التغيير في البانوراما الحالية مع إدخال البيانات الجينومية في المعرفة البيولوجية للأورام
- ♦ شرح كيف يوفر التصنيف الجيني معلومات مستقلة للتنبؤ بالنتائج السريرية وس يوفر الأساس البيولوجي لعصر العلاج الشخصي للسرطان
- ♦ التعرف على التقنيات الجينومية الجديدة المستخدمة حالياً في تسلسل الحمض النووي الريبي بناءً على تسلسل الجينوم البشري ويمكن منذ الانتهاء من مشروع الجينوم البشري، مما يعني توسعاً غير مسبوق في قدرات علم الوراثة الجزيئي في أبحاث التشخيص الجيني والسريري
- ♦ مناقشة عملية المعلوماتية الحيوية المتبعة لتفسير وتطبيق البيانات البيولوجية،
- ♦ تحليل وتفسير المعلومات البيولوجية على المستوى الجزيئي والخلوي والجينومي

الوحدة 3. التغييرات في الممارسة السريرية الحالية والتطبيقات الجديدة مع علم الأورام الجينومي

- ♦ مناقشة والتعرف على كيفية تفسير الحمل الطفري للورم (TMB) باعتباره مؤشراً حيوياً جينومياً له تأثير كبير على بانوراما العلاج المناعي للسرطان
- ♦ التعرف على كيفية تسميح لنا الخزعة السائلة للحمض النووي المتداول بفهم نوع التغييرات الجزيئية التي تحدث في الورم في الوقت الفعلي
- ♦ وصف النموذج الحالي لدمج البيانات الجينومية في الممارسة السريرية الحالية

الوحدة 4. استخدام Unix و Linux في المعلوماتية الحيوية

- ♦ التعرف على نظام التشغيل Linux، وهو أمر ضروري حالياً في العالم العلمي لتفسير البيانات البيولوجية من التسلسل وللتعدين على النصوص الطبية عندما نتعامل مع البيانات واسعة النطاق
- ♦ توفير الأساسيات للوصول إلى خادم Linux وكيفية العثور على الحزم وتثبيتها لتثبيت البرنامج محلياً
- ♦ وصف أوامر Linux الأساسية من أجل: إنشاء وإعادة تسمية ونقل وحذف الدلائل وسرد الملفات وقراءتها وإنشاءها وتحديثها ونسخها وحذفها
- ♦ التعرف على كيفية عمل الأذونات وكيفية اختراق أذونات Linux الأكثر تشفيراً بسهولة

اغتنم الفرصة واتخذ الخطوة لمتابعة آخر التطورات في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة “



الوحدة 5. تحليل البيانات في مشاريع البيانات الضخمة: لغة البرمجة R

- مناقشة كيف أن اعتماد تسلسل الجيل التالي (NGS) في سياق تشخيصي يثير العديد من الأسئلة فيما يتعلق بتحديد المتغيرات في الجينات الثانوية لعلم أمراض المريض والإبلاغ عنها
- الشروع في استخدام لغة البرمجة R والتي تتميز بكونها لغة برمجة مفتوحة المصدر ولديها حزم تحليل إحصائي متعددة
- تعلم مفاهيم برمجة R الأساسية مثل أنواع البيانات وحساب المتجهات والفهرسة
- إجراء العمليات في R بما في ذلك فرز البيانات أو إنشائها أو استيرادها
- التعرف على كيفية بدء حل مشكلة بالتحليل المعياري ثم التحلل الجديد لكل وحدة في عملية تسمى الصقل المتتالي
- تعلم أساسيات الاستدلال الإحصائي لفهم وحساب قيم p وفترات الثقة أثناء تحليل البيانات باستخدام R
- تقديم أمثلة على البرمجة R بطريقة تساعد على الربط بين المفاهيم والتنفيذ

الوحدة 6. البيئة الرسومية في R

- استخدام تقنيات التصور لاستكشاف مجموعات البيانات الجديدة وتحديد النهج الأنسب
- تعلم كيفية تصور البيانات مما يسمح باستخراج المعلومات وفهم البيانات بشكل أفضل واتخاذ قرارات أكثر فعالية
- تدريس كيفية أخذ البيانات التي للوهلة الأولى ليس لها معنى يذكر وتقديم تلك البيانات بصرياً بطريقة منطقية لتحليلك
- تعلم كيفية استخدام المصادر الثلاثة الرئيسية لمخططات R: القاعدة والشبكة و ggplot2
- تعرف على ما تستند إليه كل حزمة رسومات لتحديد الحزمة التي يجب أن نستخدمها والمزايا التي تقدمها واحدة أو أخرى

الوحدة 7. التحليل الإحصائي في R

- وصف الأساليب الإحصائية الأكثر ملاءمة كبديل عندما لا تتناسب البيانات مع الافتراضات التي يتطلبها النهج القياسي
- تعلم أساسيات إجراء التحقيقات القابلة للتكرار باستخدام البرامج النصية R لتحليل البيانات

الوحدة 8. التعلم الآلي لتحليل ال بيانات الضخمة

- معالجة وتحليل كميات هائلة من البيانات المعقدة والمنظمة وشبه المهيكلة وغير المهيكلة في البيانات الضخمة بسرعة وتلقائية
- فهم ما هو التعلم الآلي واستخدام بعض التقنيات لتصنيف البيانات (شجرة القرار، k-NN، آلات المتجهات الداعمة، الشبكات العصبية، إلخ).
- تعلم كيفية تقسيم البيانات إلى مجموعة اختبار ومجموعة تدريب واكتشاف مفاهيم التحيز والتباين

الوحدة 9. تنقيب البيانات المطبقة على علم الجينوم

- التعرف على كيفية قيام التنقيب عن البيانات بإيجاد الأنماط والانتظام في قواعد البيانات
- تعلم كيفية تطبيق مبادئ التنقيب في البيانات على تشریح مجموعات كبيرة من البيانات المعقدة (البيانات الكبيرة) بما في ذلك تلك الموجودة في قواعد البيانات الكبيرة جداً أو على صفحات الويب
- استكشاف وتحليل والاستفادة من البيانات وتحويلها إلى معلومات مفيدة وقيمة للممارسة السريرية

الوحدة 10. تقنيات استخراج البيانات الجينومية

- فهم كيفية ظهور معظم البيانات العلمية في المستندات مثل صفحات الويب وملفات PDF التي يصعب معالجتها لمزيد من التحليل، ومع ذلك، من خلال تقنيات الكشط التي يمكن استخدامها
- الوصول إلى العديد من مصادر البيانات عبر الويب لتنفيذ الطب الدقيق من خلال السماح باستخراج كميات هائلة من المعلومات

الوحدة 11. تقنيات جديدة في العصر الجينومي

- تطبيق المعرفة المكتسبة لتفسير دراسة الجينوم في العديد من حالات السرطان عن طريق استخراج المعلومات المفيدة التي تساعد في اتخاذ القرار
- استخدام خوارزميات مختلفة تم إنشاؤها باستخدام لغة R لاستخراج المعرفة من قواعد بيانات Pubmed و DGIdb و Clinical Trials من البحث عن المعلومات الجينية في بعض الأورام

الوحدة 12. تطبيق المعلوماتية الحيوية في علم الأورام الجينومي

- التعرف على وظيفة الجينات مع القليل من المعلومات السريرية بناءً على القرب الوجودي
- اكتشاف الجينات المرتبطة بمرض ما بناءً على بحث مكثف في Pubmed وتمثيل رسومي لمستوى الأدلة العلمية

الكفاءات

بعد اجتياز تقييمات درجة الماجستير الخاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة، سيكون الطالب قد اكتسب المهارات المهنية اللازمة لجودة التطبيق العملي ومحدّته بناءً على أحدث الأدلة العلمية.

مع هذا البرنامج ستتمكن من إتقان الإجراءات التشخيصية والعلاجية الجديدة في علم الأورام
الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة”



لكفاءات العامة



- ♦ امتلاك وفهم المعرفة التي توفر أساساً أو فرصة لتكون مبتكراً في تطوير و / أو تطبيق الأفكار، غالباً في سياق بحثي
- ♦ تطبيق المعرفة المكتسبة وقدرتها على حل المشكلات في بيئات جديدة أو غير معروفة ضمن سياقات أوسع (أو متعددة التخصصات) تتعلق بمجال الدراسة
- ♦ دمج المعرفة ومواجهة التعقيد في صياغة الأحكام بناءً على المعلومات التي، كونها غير مكتملة أو محدودة، تتضمن انعكاسات حول المسؤوليات الاجتماعية والأخلاقية المرتبطة بتطبيق المعارف والأحكام
- ♦ إيصال استنتاجاتهم والمعرفة والأسباب النهائية التي تدعمهم إلى الجماهير المتخصصة وغير المتخصصة بطريقة واضحة لا لبس فيها
- ♦ اكتساب مهارات التعلم التي تمكنهم من مواصلة الدراسة بطريقة تكون إلى حد كبير ذاتية التوجيه أو مستقلة

سيولد هذا البرنامج إحساساً بالأمان في أداء الممارسة الطبية، مما سيساعدك على النمو شخصياً ومهنيًا”



الكفاءات المحددة



- ♦ إنشاء رؤية شاملة ومحدثة للموضوعات المكشوفة التي تسمح للطلاب باكتساب المعرفة المفيدة، وفي نفس الوقت، تثير الاهتمام بتوسيع المعلومات واكتشاف تطبيقاتها في ممارساتهم اليومية
- ♦ فهم عملية اكتشاف المعرفة التي تشمل اختيار البيانات والتنظيف والتميز واستخدام تقنيات التعلم الإحصائي والآلي المختلفة وتصوير الهياكل المنشأة
- ♦ فهم كيفية تقييم أداء خوارزميات التعلم الخاضعة للإشراف وغير الخاضعة للإشراف
- ♦ التعرف على كيفية إرجاع الدوال عادةً قيمة واحدة إلى وحدة البرنامج بدلاً من الإجراءات التي يمكنها إرجاع قيم صفرية أو واحدة أو قيم متعددة
- ♦ التعرف على قواعد البيانات البيولوجية التي ظهرت استجابة للكمية الهائلة من البيانات الناتجة عن تقنيات تسلسل الحمض النووي. تنظيم البيانات المخزنة في قواعد البيانات البيولوجية للتحليل الأمثل وتتميز بكونها معقدة وغير متجانسة وديناميكية وغير متسقة بسبب نقص المعايير على المستوى الأنطولوجي



هيكل الإدارة وأعضاء هيئة تدريس الدورة التدريبية

يتضمن البرنامج في هيئة التدريس متخصصين مرجعيين في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة والمجالات الأخرى ذات الصلة، الذين يصونون في هذا التدريب تجربة عملهم. بالإضافة إلى ذلك، يشارك متخصصون مشهورون آخرون في تصميمه وإعداده، واستكمال البرنامج بطريقة متعددة التخصصات.





تعلم من المتخصصين المرجعيين، أحدث التطورات في الإجراءات في مجال
علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة "



د. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- ♦ رئيس قسم طب الأورام في مستشفى Rey Juan Carlos الجامعي
- ♦ زوار باحثون في جامعة Southampton
- ♦ درجة الماجستير الجامعي في المعلوماتية الحيوية والإحصاء الحيوي UOC-UB
- ♦ ماجستير في تحليل المعلوماتية الحيوية من جامعة Pablo de Olavide
- ♦ دكتوراه في الطب من جامعة Complutense بمدريد. درجة امتياز، مع مرتبة شرف
- ♦ عضو في الجمعية الإسبانية لطب الأورام ومجموعة GECP (مجموعة سرطان الرئة الإسبانية)
- ♦ أخصائي (MIR) في طب الأورام، مستشفى San Carlos de Madrid الجامعي بمدريد
- ♦ بكالوريوس الطب والجراحة من جامعة Navarra



أ. Krallinger, Martin

- ♦ رئيس وحدة تنقيب النصوص بالمركز القومي لأبحاث السرطان (CNIO).
- ♦ أكمل عملية الاختيار للتأهل لمنصب رئيس وحدة التنقيب عن النصوص في مركز الحوسبة الفائقة في برشلونة (BSC).
- ♦ خبير في مجال التنقيب عن النصوص الطبية الحيوية والسريية وتقنيات اللغة
- ♦ خبير في تطبيقات محددة لتنقيب النصوص لسلامة الأدوية وبيولوجيا الأنظمة الجزيئية وعلم الأورام.
- ♦ شارك في تنفيذ وتقييم مكونات التعرف على الكيانات الطبية الحيوية وأنظمة استخراج المعلومات والفهرسة الدلالية لمجموعات البيانات الكبيرة لأنواع المستندات غير المتجانسة
- ♦ وقد شارك في تطوير أول خادم metasever للتعليقات التوضيحية للنص الطبي الحيوي (Biocreative Metaserver - BCMS) و BeCalm metasever.
- ♦ منظم BioCreative Community Evaluation Challenges لتقييم أدوات معالجة اللغة الطبيعية وشارك في تنظيم مهام التنقيب عن النصوص الطبية الحيوية في مختلف تحديات المجتمع الدولي، مما في ذلك IberEval و CLEF



الأستاذة

أ. Alberich Martí, Ricardo

- ♦ أستاذ جامعي، العلوم الرياضية وعلوم الكمبيوتر (مدير)
- ♦ علوم الكمبيوتر والذكاء الاصطناعي، جامعة جزر البليار

أ. Álvarez Cubero, María Jesús

- ♦ أستاذة بقسم الكيمياء الحيوية الثالثة والمناعة بجامعة غرناطة

د. Andrés León, Eduardo

- ♦ رئيس وحدة المعلوماتية الحيوية في معهد «López-Neyra» لعلم الطفيليات والطب الحيوي - CSIC
- ♦ شهادة في علم الأحياء وعلم الأحياء الجزيئي من جامعة مدريد المستقلة

أ. Astudillo González, Aurora

- ♦ قسم التشريح المرضي
- ♦ أستاذة بجامعة أوفييدو مرتبطة بمستشفى أستورياس الجامعي المركزي. المدير العلمي للبنك الحيوي لإمارة أستورياس

أ. Burón Fernández, María del Rosario

- ♦ قسم الطب الباطني، مستشفى Infanta Cristina الجامعي

أ. Carmona Bayonas, Alberto

- ♦ قسم الأورام الطبية، مستشفى Morales Meseguer الجامعي العام

أ. Ciruelos, Eva M.

- ♦ دكتوراه. قسم الأورام الطبية، مستشفى 12 أكتوبر الجامعي، مدريد
- ♦ HM CIOCC, مدريد

أ. Galiana, Enrique de Andrés

- ♦ قسم الرياضيات، جامعة Oviedo

أ. De la Haba Rodríguez, Juan

- ♦ قسم الأورام الطبية، جامعة قرطبة، مستشفى Reina Sofia الجامعي

أ. Fernández Martínez, Juan Luis

- ♦ مدير مجموعة المشكلات المعكوسة والتحسين والتعلم الآلي، قسم الرياضيات. جامعة Oviedo

أ. Figueroa, Angélica

- ♦ معهد البحوث الطبية الحيوية (INIBIC) (A Coruña)
- ♦ قائد مجموعة بحثية، اللدونة الظهارية والورم الخبيث

أ. García Casado, Zaida

- ♦ مختبر البيولوجيا الجزيئية، مؤسسة معهد فالنسيا للأورام

أ. García Foncillas, Jesús

- ♦ قسم الأورام الطبية، مؤسسة Jiménez Díaz

أ. Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ أستاذ جامعي، الرياضيات وعلوم الكمبيوتر، وعلوم الكمبيوتر والذكاء الاصطناعي، جامعة جزر البليار

أ. González Gomáriz, José

- ♦ IdiSNA (معهد البحوث الصحية في نافارا) باحث متدرب

أ. Hoyos Simón, Sergio

- ♦ قسم طب الأورام في مستشفى Rey Juan Carlos الجامعي

أ. Intxaurreondo, Ander M.

- ♦ علوم الحياة - تنقيب النص
- ♦ مركز برشلونة للحوسبة الفائقة

أ. Jiménez-Fonseca, Paula

- ♦ منسق قسم أورام الجهاز الهضمي والغدد الصماء طب الأورام. مستشفى أستورياس الجامعي المركزي

أ. Lage Alfranca, Yolanda

- ♦ قسم الأورام الطبية، مؤسسة Jiménez Díaz

أ. López Guerrero, José Antonio

- ♦ قسم الأورام الطبية، معهد فالنسيا للأورام

أ. López López, Rafael

- ♦ رئيس قسم الأورام الطبية
- ♦ مجمع مستشفيات Santiago de Compostela الجامعية
- ♦ مجموعة الأورام الطبية التحويلية، معهد البحوث الصحية

أ. Martínez González, Luis Javier

- ♦ دكتوراه. مدير وحدة الجينوم |
- ♦ مركز Pfizer - جامعة غرناطة - المجمع الأندلسي لأبحاث علم الجينوم والأورام
- ♦ Pfizer - جامعة غرناطة - المجمع الأندلسي لأبحاث علم الجينوم والأورام (GENYO)

أ. Martínez Iglesias, Olaia

- ♦ معهد البحوث الطبية الحيوية (INIBIC) A Coruña
- ♦ قائد مجموعة بحثية، اللدونة الظهارية والورم الخبيث

أ. Paramio González, Jesús María

- ♦ وحدة الأورام الجزيئية CIEMAT
- ♦ معهد البحوث 12 أكتوبر بمدريد

أ. Pascual Martínez, Tomás

- ♦ المستشفى السريري في برشلونة
- ♦ علم الجينوم الانتقالي والعلاجات المستهدفة في مخبر الأورام الصلبة (IDIBAPS)

أ. Pérez Gutiérrez, Ana María

- ♦ طالبة ماجستير في مجال المعلوماتية الحيوية السريرية في مؤسسة التقدم والصحة -FPS- (مستشفى Virgen del Rocío، إشبيلية)
- ♦ طالبة دكتوراه في الطب الحيوي UGR

أ. Ribalta, Teresa

- ♦ دكتوراه، رئيس قسم علم الأمراض التشريحي، مستشفى Sant Joan de Déu، البنك الحيوي
- ♦ مستشار، خدمة علم الأمراض التشريحي، المستشفى السريري
- ♦ أستاذ علم الأمراض بجامعة برشلونة

د. Sánchez Rubio, Javier

- ♦ قسم الصيدلة، مستشفى خيتافي الجامعي

د. Olivas Varela, José Ángel

- ♦ نائب مدير قسم تقنيات ونظم المعلومات، المدرسة العليا للمعلوماتية

د. Torres, Arnau Mir

- ♦ أستاذ جامعي متدرب، الرياضيات وعلوم الكمبيوتر، علوم الكمبيوتر والذكاء الاصطناعي، جامعة les Illes Balears

د. Soares, Felipe

- ♦ مهندس الذكاء الاصطناعي والتعلم الآلي في Apple
- ♦ مهندس أبحاث تنقيب النصوص في المركز الوطني للحوسبة الفائقة في برشلونة

د. Rueda Fernández, Daniel

- ♦ وحدة البحوث بمستشفى 12 أكتوبر الجامعي بمدريد

د. Segura Ruiz, Víctor

- ♦ CIMA جامعة نافارا (منصة المعلوماتية الحيوية)، مدير الوحدة

د. Vázquez García, Miguel

- ♦ قائد مجموعة الجينوم للمعلوماتية
- ♦ مركز برشلونة للحوسبة الفائقة

د. Velastegui Ordóñez, Alejan

- ♦ قسم الأورام الطبية، مستشفى



الهيكل والمحتوى

تم تصميم هيكل المحتويات من قبل فريق من المهنيين من أفضل مراكز المستشفيات والجامعات، مدركين لأهمية التدريب الحالي للتمكن من التدخل في تشخيص وعلاج أمراض الأورام، وملتزمون بجودة التدريس من خلال تقنيات تعليمية جديدة.

يحتوي هذا الماجستير الخاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة على
البرنامج العلمي الأكثر اكتمالاً و حداثةً في السوق



الوحدة 1. البيولوجيا الجزيئية

- 1.1 الآليات الجزيئية للسرطان
 - 1.1.1 دورة الخلية
 - 2.1.1 انفصال الخلايا السرطانية
 - 2.1 إعادة برمجة البيئة المكروية للورم
 - 1.2.1 البيئة المكروية للورم: نظرة عامة
 - 2.2.1 TME كعامل تنبؤي لسرطان الرئة
 - 3.2.1 TME في تطور ورم خبيث لسرطان الرئة
 - 1.3.2.1 الخلايا الليفية المرتبطة بالسرطان (CAF)
 - 2.3.2.1 الخلايا البطانية
 - 3.3.2.1 نقص الأكسجة في سرطان الرئة
 - 4.3.2.1 الالتهاب
 - 5.3.2.1 الخلايا المناعية
 - 4.2.1 مساهمة TME في المقاومة العلاجية
 - 1.4.2.1 مساهمة TME في مقاومة العلاج الإشعاعي
 - 5.2.1 TME كهدف علاجي في سرطان الرئة
 - 1.5.2.1 الاتجاهات المستقبلية
 - 3.1 مناعة الورم: أسس العلاج المناعي للسرطان
 - 1.3.1 مقدمة في جهاز المناعة
 - 2.3.1 مناعة الورم
 - 1.2.3.1 المستضدات المرتبطة بالورم
 - 2.2.3.1 تحديد المستضدات المرتبطة بالورم
 - 3.2.3.1 أنواع المستضدات المرتبطة بالورم
 - 3.3.1 أسس العلاج المناعي في السرطان
 - 1.3.3.1 مقدمة في مناهج العلاج المناعي
 - 2.3.3.1 الأجسام المضادة وحيدة النسيلة في علاج السرطان
 - 1.2.3.3.1 إنتاج الأجسام المضادة وحيدة النسيلة
 - 2.2.3.3.1 أنواع الأجسام المضادة العلاجية
 - 3.2.3.3.1 آليات عمل الجسم المضاد
 - 4.2.3.3.1 الأجسام المضادة المعدلة

4.3.1.1 مُعدّلات المناعة غير النوعية

1.4.3.1 عصية Calmette-Guérin

2.4.3.1 مضاد للفيروسات ألفا

3.4.3.1 انتروكين-2

4.4.3.1 إيميكومود

5.3.1 مناهج أخرى للعلاج المناعي

1.5.3.1 لقاحات الخلايا المتغصنة

2.5.3.1 سيبوليوسيل - T

3.5.3.1 حصار CTLA-4

4.5.3.1 العلاج بالخلايا التائية بالتبني

1.4.5.3.1 العلاج بالخلايا بالتبني باستنساخ الخلايا التائية

2.4.5.3.1 العلاج بالخلايا بالتبني باستخدام الخلايا الليمفاوية المتسللة إلى الورم

4.1 الآليات الجزيئية المشاركة في عملية الغزو والورم الخبيث

الوحدة 2. علم الأورام الجينومي أو الدقيق

- 1.2 فائدة التنميط التعبير الجيني في السرطان
- 2.2 الأنواع الجزيئية لسرطان الثدي
- 3.2 المنصات الجينومية التنبؤية في سرطان الثدي
- 4.2 الأهداف العلاجية لسرطان الرئة ذو الخلايا غير الصغيرة
 - 1.4.2 مقدمة
 - 2.4.2 تقنيات الكشف الجزيئي
 - 3.4.2 طفرة EGFR
 - 4.4.2 نقل ALK
 - 5.4.2 نقل ROS
 - 6.4.2 طفرة BRAF
 - 7.4.2 إعادة ترتيب NTRK
 - 8.4.2 طفرة 2HER
 - 9.4.2 طفرة / التضخيم MET
 - 10.4.2 إعادة ترتيب RET
 - 11.4.2 أهداف جزيئية أخرى

- 5.2. التصنيف الجزيئي لسرطان القولون
- 6.2. الدراسات الجزيئية في سرطان المعدة
 - 1.6.2. علاج سرطان المعدة المتقدم
 - 2.6.2. فرط التعبير 2HER في سرطان المعدة المتقدم
 - 3.6.2. تحديد وتفسير فرط التعبير 2HER في سرطان المعدة المتقدم
 - 4.6.2. الأدوية ذات النشاط ضد 2HER
 - 5.6.2. تراستوزوماب في الخط الأول من سرطان المعدة المتقدم
 - 1.5.6.2. علاج 2HER + سرطان المعدة المتقدم بعد التقدم إلى أنظمة تراستوزوماب
 - 6.6.2. نشاط الأدوية الأخرى المضادة لـ 2HER في سرطان المعدة المتقدم
- 7.2. GIST كنموذج بحث انتقالي: 51 عاما من الخبرة
 - 1.7.2. مقدمة
 - 2.7.2. طفرات KIT و PDGFRA كمحفزين رئيسيين في GIST
 - 3.7.2. النمط الجيني في GIST: القيمة التنبؤية
 - 4.7.2. التركيب الجيني GIST ومقاومة imatinib
 - 5.7.2. الخلاصة
 - 8.2. المؤشرات الحيوية الجزيئية والجينومية في الورم الميلانيني
 - 9.2. التصنيف الجزيئي لأورام المخ
 - 10.2. المؤشرات الحيوية الجزيئية والجينومية في الورم الميلانيني
 - 11.2. العلاج المناعي والعلامات الحيوية
 - 1.11.2. سيناريو العلاجات المناعية في علاج السرطان والحاجة إلى تحديد المظهر الطفري للورم
 - 2.11.2. العلامات الحيوية لمثبط نقطة السيطرة: 1PD-L وما بعده
 - 1.2.11.2. دور 1PD-L في تنظيم المناعة
 - 2.2.11.2. بيانات التجارب السريرية والعلامة الحيوية 1PD-L
 - 3.2.11.2. عتبات ومقاييس تعبير 1PD-L: صورة معقدة



- 3.3 التجارب السريرية: مفاهيم جديدة تعتمد على الطب الدقيق
 - 1.3.3.1 ما هي التجارب السريرية؟ كيف تختلف عن الأنواع الأخرى من التحقيقات؟
 - 1.1.3.3.1 أنواع التجارب السريرية
 - 1.1.1.3.3.1 حسب أهدافها
 - 2.1.1.3.3.1 حسب عدد المراكز المشاركة
 - 3.1.1.3.3.1 حسب منهجيتها
 - 4.1.1.3.3.1 حسب درجة إخفاءها
 - 2.3.3.1 نتائج التجارب السريرية في أورام الصدر
 - 1.2.3.3.1 تتعلق بوقت البقاء على قيد الحياة
 - 2.2.3.3.1 النتائج المتعلقة بالورم
 - 3.2.3.3.1 نتائج المريض المبلغ عنها
 - 3.3.3.1 التجارب السريرية في عصر الطب الدقيق
 - 1.3.3.3.1 الطب الدقيق
 - 2.3.3.3.1 المصطلحات المتعلقة بتصميم التجارب في عصر الطب الدقيق
 - 4.3 دمج علامات قابلة للتنفيذ في الممارسة السريرية
 - 5.3 تطبيق علم الجينوم في الممارسة السريرية حسب نوع الورم
 - 6.3 أنظمة دعم القرار في علم الأورام تعتمد على الذكاء الاصطناعي

الوحدة 4. استخدام Unix و Linux في المعلوماتية الحيوية

- 1.4 مقدمة لنظام التشغيل Linux
 - 1.1.4.1 ما معنى نظام تشغيل؟
 - 2.1.4.1 فوائد استخدام Linux
- 2.4 بيئة Linux والتثبيت
 - 1.2.4.1 توزيعات Linux
 - 2.2.4.1 تثبيت Linux باستخدام USB
 - 3.2.4.1 تثبيت Linux باستخدام قرص مضغوط
 - 4.2.4.1 تثبيت Linux باستخدام جهاز افتراضي

- 4.2.11.2 المؤشرات الحيوية الناشئة
 - 1.4.2.11.2.1 حمل الورم الطفري (TMB)
 - 1.1.4.2.11.2.1 القياس الكمي للحمل الطفري للورم
 - 2.1.4.2.11.2.1 دليل على الحمل الطفري للورم
 - 3.1.4.2.11.2.1 حمل الورم كعلامة حيوية تنبؤية
 - 4.1.4.2.11.2.1 حمل الورم كمؤشر بيولوجي تنبؤي
 - 5.1.4.2.11.2.1 مستقبل الحمل الطفري
 - 2.4.2.11.2.1 عدم استقرار الأرقام الجزيئية
 - 3.4.2.11.2.1 تحليل تسلسل جهاز المناعة
 - 4.4.2.11.2.1 علامات السمية
 - 3.11.2.1 تطوير أدوية نقاط السيطرة المناعية في السرطان
 - 4.11.2.1.1 الأدوية المتاحة

الوحدة 3. التغييرات في الممارسة السريرية الحالية والتطبيقات الجديدة مع علم الأورام الجينومي

- 1.3 الخزعات السائلة: موضة أم مستقبل؟
 - 1.1.3.1 مقدمة
 - 2.1.3.1 خلايا سرطانية متداولة
 - 3.1.3.1 ctDNA
 - 4.1.3.1 المنفعة السريرية
 - 5.1.3.1 حدود ctDNA
 - 6.1.3.1 الاستنتاجات والمستقبل
- 2.3 دور البنك الحيوي في البحث السريري
 - 1.2.3.1 مقدمة
 - 2.2.3.1 هل يستحق الأمر بذل الجهد لإنشاء بنك حيوي؟
 - 3.2.3.1 كيف يمكن البدء في إنشاء بنك حيوي؟
 - 4.2.3.1 الموافقة المستنيرة للبنك الحيوي
 - 5.2.3.1 أخذ العينات للبنوك الحيوية
 - 6.2.3.1 التحكم بالجودة
 - 7.2.3.1 الوصول إلى العينات

3.4	خط الأوامر	8.4	أذونات
1.3.4	مقدمة	1.8.4	مقدمة
2.3.4	ما هو سطر الأوامر؟	2.8.4	كيف ترى أذونات الملف؟
3.3.4	العمل في المحطة	3.8.4	كيف تغير الأذونات؟
4.3.4	Shell, Bash	4.8.4	إعدادات الأذونات
4.4	تصفح أساسي	5.8.4	أذونات الدليل
1.4.4	مقدمة	6.8.4	المستخدم «Root»
2.4.4	كيف تعرف الموقع الحالي؟	9.4	فلتر
3.4.4	المسارات المطلقة والنسبية	1.9.4	مقدمة
4.4.4	كيف تتحرك في النظام؟	2.9.4	ترويسة
5.4	التلاعب بالملف	3.9.4	ذيل
1.5.4	مقدمة	4.9.4	نوع
2.5.4	كيف نبني دليلاً؟	5.9.4	nl
3.5.4	كيف تنتقل إلى الدليل؟	6.9.4	wc
4.5.4	كيفية إنشاء ملف فارغ؟	7.9.4	قص
5.5.4	نسخ ملف ودليل	8.9.4	Sed
6.5.4	مسح ملف ودليل	9.9.4	فريد
6.4	محـرر نصوص Vi	10.9.4	Tac
1.6.4	مقدمة	11.9.4	فلتر اخرى
2.6.4	كيف تسجل وتخرج؟	10.4	التعبيرات الجبرية والنمطية
3.6.4	كيف تنتقل في ملف في محرر نصوص Vi؟	1.10.4	مقدمة
4.6.4	حذف المحتوى	2.10.4	eGrep
5.6.4	أمر التراجع	3.10.4	التعبيرات النمطية
7.4	البدل	4.10.4	بعض الأمثلة
1.7.4	مقدمة	11.4	خطوط وإعادة التوجيه
2.7.4	ما هو البدل؟	1.11.4	مقدمة
3.7.4	أمثلة عن البدل	2.11.4	إعادة التوجيه إلى ملف
		3.11.4	حفظ الملف
		4.11.4	إعادة التوجيه من الملف
		5.11.4	إعادة توجيه STDERR
		6.11.4	خطوط

12.4. ادارة العمليات

1.12.4. مقدمة

2.12.4. العمليات النشطة

3.12.4. أغلق عملية فاسدة

4.12.4. عمل المقدمة والخلفية

13.4. Bash

1.13.4. مقدمة

2.13.4. نقاط مهمة

3.13.4. لماذا نستخدم «/»؟

4.13.4. المتغيرات

5.13.4. الإعلانات

3.5. أنواع الكائنات R

1.3.5. تلعب بسيط الأرقام والمتجهات

1.1.3.5. ناقلات والتكليف

2.1.3.5. ناقلات الحساب

3.1.3.5. توليد تسلسلات منتظمة

4.1.3.5. ناقلات منطقية

5.1.3.5. قيم مفقودة

6.1.3.5. ناقلات الأحرف

7.1.3.5. نواقل الفهرس

1.7.1.3.5. اختيار وتعديل مجموعات فرعية من مجموعة البيانات

8.1.3.5. أنواع أخرى من الأهداف

2.3.5. الكائنات وطرقها وصفاتها

1.2.3.5. السمات الجوهرية: الوضع والطول

2.2.3.5. تغيير طول الكائن

3.2.3.5. الحصول على السمات وتعيينها

4.2.3.5. فئة الكائن

3.3.5. العوامل المنظمة والمضطربة

1.3.3.5. مثال محدد

2.3.3.5. دالة tapply () والمصفوفات غير المتكافئة

3.3.3.5. عوامل مرتبة

4.3.5. المصفوفات

1.4.3.5. المصفوفات

2.4.3.5. فهرسة المصفوفة. الأقسام الفرعية من المصفوفة

3.4.3.5. صفائف الفهرس

4.4.3.5. دالة المصفوفة ()

5.4.3.5. متجه مختلط وحساب المصفوفة. قاعدة إعادة التدوير

6.4.3.5. الناتج الخارجي لمصفوفتين

7.4.3.5. تبديل معمم لمصفوفة

8.4.3.5. ضرب المصفوفة

9.4.3.5. القيم الذاتية والمتجهات الذاتية

10.4.3.5. تحليل القيم والمحددات الفردية

11.4.3.5. تشكيل مصفوفات مقسمة و cbind () و rbind ()

12.4.3.5. دالة التسلسل، c ()، مع المصفوفات

الوحدة 5. تحليل البيانات في مشاريع البيانات الضخمة: لغة البرمجة R

1.5. مقدمة في لغة البرمجة R

1.1.5. ما هو R؟

2.1.5. تثبيت R وواجهة R الرسومية

3.1.5. الحزم

1.3.1.5. الحزم القياسية

2.3.1.5. الحزم المساهمة و CRAN

2.5. الميزات الأساسية لـ R

1.2.5. البيئة R

2.2.5. البرامج والوثائق ذات الصلة

3.2.5. R والإحصاءات

4.2.5. R ونظام النافذة

5.2.5. استخدام R بشكل تفاعلي

6.2.5. جلسة تهيديية

7.2.5. الحصول على المساعدة في الوظائف والميزات

8.2.5. أوامر R وحساسية حالة الأحرف وما إلى ذلك.

9.2.5. استعادة وتصحيح الأوامر السابقة

10.2.5. تشغيل الأوامر أو تحويل الإخراج إلى ملف

11.2.5. استمرار البيانات وحذف الكائن

- 2.1.6. أوامر مؤامرة منخفضة المستوى
- 1.2.1.6. تدوين رياضي
- 2.2.1.6. خطوط ناقلات هيرشي
- 3.1.6. التفاعل مع الرسومات
- 4.1.6. استخدام الملاحظات الرسومية
- 1.4.1.6. تغييرات دائمة: دالة التكافؤ ()
- 2.4.1.6. التغييرات المؤقتة: وسيطات وظائف الرسم البياني
- 5.1.6. قائمة ملاحظات الرسم
- 1.5.1.6. العناصر الرسومية
- 2.5.1.6. المحاور والعلامات
- 3.5.1.6. هوامش الشكل
- 4.5.1.6. بيئة متعددة الشخصيات
- 6.1.6. الإحصاء الوصفي: تمثيلات رسومية

الوحدة 7. التحليل الإحصائي في R

- 1.7. التوزيعات الاحتمالية المنفصلة
- 2.7. التوزيعات الاحتمالية المستمرة
- 3.7. مقدمة في الاستدلال وأخذ العينات (تقدير النقاط)
- 4.7. فترات الثقة
- 5.7. اختبارات الفرضيات
- 6.7. ANOVA اتجاه واحد
- 7.7. جودة الملاءمة (اختبار chi مربع)
- 8.7. حزمة fitdist
- 9.7. مقدمة في الإحصاء متعدد المتغيرات

- 5.3.5. جداول تردد العامل
- 6.3.5. القوائم
- 1.6.3.5. بناء وتعديل القوائم
- 2.6.3.5. قوائم التسلسل
- 7.3.5. إطارات البيانات
- 1.7.3.5. كيف يتم إنشاء إطارات البيانات؟
- 2.7.3.5. إرفاق () وفصل ()
- 3.7.3.5. العمل مع إطارات البيانات
- 4.5. قراءة وكتابة البيانات
- 1.4.5. وظيفة table.lrea ()
- 2.4.5. وظيفة المسح ()
- 3.4.5. الوصول إلى مجموعات البيانات المضمنة
- 4.4.5. تحميل البيانات من حزم R أخرى
- 5.4.5. تحرير البيانات
- 5.5. التجميع والحلقات والتنفيذ المشروط
- 1.5.5. عبارات مجمعة
- 2.5.5. بيانات التحكم
- 1.2.5.5. التنفيذ المشروط: عبارات IF
- 2.2.5.5. التنفيذ المتكرر: للحلقات والتكرار والوقت
- 6.5. كتابة المهام الخاصة بك
- 1.6.5. أمثلة بسيطة
- 2.6.5. تحديد عوامل ثنائية جديدة
- 3.6.5. الوسيطات المسماة والقيم الافتراضية
- 4.6.5. الصيغة «...»
- 5.6.5. الواجبات داخل الوظائف

الوحدة 6. البيئة الرسومية في R

- 1.6. إجراءات الرسم
- 1.1.1.6. أوامر مؤامرة عالية المستوى
- 1.1.1.6. وظيفة المؤامرة ()
- 2.1.1.6. تصور البيانات متعدد المتغيرات
- 3.1.1.6. رسومات الشاشة
- 4.1.1.6. الحجج لوظائف التتبع عالية المستوى

الوحدة 8. التعلم الآلي لتحليل البيانات الضخمة

- 1.8 مقدمة إلى التعلم الآلي
- 2.8 عرض المشكلة وتحميل البيانات والمكتبات
- 3.8 تنظيف البيانات (NAs، الفئات، المتغيرات الوهمية)
- 4.8 تحليل البيانات الاستكشافية (ggPlot) + التحقق من الصحة
- 5.8 خوارزميات التنبؤ: الانحدار الخطي المتعدد، آلة المتجهات الداعمة، أشجار الانحدار، الغابة العشوائية، إلخ.
- 6.8 خوارزميات التصنيف: الانحدار الخطي المتعدد، آلة المتجهات الداعمة، أشجار الانحدار، الغابة العشوائية، إلخ.
- 7.8 ضبط خوارزمية فرط المعلمة
- 8.8 توقع البيانات مع النماذج المختلفة
- 9.8 منحنيات ROC ومصفوفات الارتباك لتقييم جودة النموذج

الوحدة 9. تنقيب البيانات المطبقة على علم الجينوم

- 1.9 مقدمة
- 2.9 التهيئة المتغيرة
- 3.9 تنظيف النص وتكبيره
- 4.9 إنشاء مصفوفة المصطلحات
- 1.4.9 إنشاء مصفوفة مصطلح TDM
- 2.4.9 تصورات على مصفوفة الكلمات TDM
- 5.9 وصف مصفوفة المصطلح
- 1.5.9 تمثيل رسومي للترددات
- 2.5.9 بناء سحابة كلمات
- 6.9 إنشاء إطار بيانات مناسب ل K-NN
- 7.9 بناء نموذج التصنيف
- 8.9 التحقق من صحة نموذج التصنيف
- 9.9 تمرين عملي موجه على استخراج بيانات الجينومات السرطانية

الوحدة 10. تقنيات استخراج البيانات الجينومية

- 1.10 مقدمة إلى «تجميع البيانات»
- 2.10 استيراد ملفات بيانات جداول البيانات المخزنة على الإنترنت
- 3.10 تجميع نص HTML
- 4.10 تجميع البيانات من جدول HTML
- 5.10 الاستفادة من واجهات برمجة التطبيقات لتجميع البيانات

- 6.10 استخراج المعلومات ذات الصلة
- 7.10 استخدام حزمة R rvest
- 8.10 الحصول على البيانات المنتشرة عبر صفحات متعددة
- 9.10 استخراج البيانات الجينومية من منصة «My Cancer Genome»
- 10.10 استخراج المعلومات عن الجينات من قاعدة البيانات «HGNC HUGO Gene Nomenclature Committee»
- 11.10 استخراج البيانات الدوائية من قاعدة بيانات «OncoKB» (قاعدة المعارف الدقيقة لعلم الأورام)

الوحدة 11. تقنيات جديدة في العصر الجينومي

- 1.11 فهم التكنولوجيا الجديدة: تسلسل الجيل التالي (NGS) في الممارسة السريرية
 - 1.1.11 مقدمة
 - 2.1.11 خلفية
 - 3.1.11 مشاكل في تطبيق تسلسل سانجر في علم الأورام
 - 4.1.11 تقنيات التسلسل الجديدة
 - 5.1.11 مزايا استخدام NGS في الممارسة السريرية
 - 6.1.11 حدود استخدام NGS في الممارسة السريرية
 - 7.1.11 مصطلحات وتعريفات الفائدة
 - 8.1.11 أنواع الدراسات على أساس حجمها وعمقها
 - 1.8.1.11 الجينوم
 - 2.8.1.11 إكسوم
 - 3.8.1.11 لوحات متعددة الجينات
 - 9.1.11 مراحل تسلسل NGS
 - 1.9.1.11 إعداد العينات والمكتبات
 - 2.9.1.11 إعداد النموذج وتسلسله
 - 3.9.1.11 معالجة المعلومات الحيوية
 - 10.1.11 شرح وتصنيف المتغيرات
 - 1.10.1.11 قواعد البيانات السكانية
 - 2.10.1.11 قواعد بيانات خاصة بالمواقع
 - 3.10.1.11 تنبؤ المعلوماتية الحيوية للوظائف

- 5.11. البيانات الضخمة المطبقة على علم الأورام الجينومي
 - 1.5.11. عملية تحليل البيانات
- 6.11. الخوادم الجينومية وقواعد بيانات المتغيرات الجينية
 - 1.6.11. مقدمة
 - 2.6.11. خوادم الويب الجينومية
 - 3.6.11. بنية خادم الجينومات
 - 4.6.11. استعادة البيانات وتحليلها
 - 5.6.11. إضفاء الطابع الشخصي
 - 7.11. شرح المتغيرات الجينية
 - 1.7.11. مقدمة
 - 2.7.11. ما هو الاتصال البديل؟
 - 3.7.11. فهم تنسيق VCF
 - 4.7.11. المعارف المتغيرة
 - 5.7.11. تحليل المتغيرات
 - 6.7.11. توقع تأثير الاختلاف في بنية البروتين ووظيفته

الوحدة 12. تطبيق المعلوماتية الحيوية في علم الأورام الجينومي

- 1.12. الإثراء السريري والدوائي للمتغيرات الجينية
- 2.12. بحث مكثف في PubMed عن معلومات الجينوم
- 3.12. بحث شامل في DGIdb عن المعلومات الجينومية
- 4.12. بحث التجارب السريرية الضخمة عن التجارب السريرية على البيانات الجينومية
- 5.12. البحث عن التشابه الجيني لتفسير لوحة وراثية أو إكسوم
- 6.12. بحث مكثف عن الجينات المرتبطة بالأمراض
- 7.12. Enrich-Gen: منصة إثراء الجينات السريرية والدوائية
- 8.12. إجراءات الإبلاغ الجينومي في عصر الأورام الدقيقة

- 2.11. تسلسل الحمض النووي وتحليل المعلومات الحيوية
 - 1.2.11. مقدمة
 - 2.2.11. برمجة
 - 3.2.11. المعالجة

- 1.3.2.11. استخراج المتواليات الخام
- 2.3.2.11. محاذاة التسلسل
- 3.3.2.11. صقل المحاذاة
- 4.3.2.11. استدعاء المتغيرات
- 5.3.2.11. التصفية المتغيرة

- 3.11. تسلسل الحمض النووي الريبي وتحليل المعلومات الحيوية
 - 1.3.11. مقدمة
 - 2.3.11. برمجة
 - 3.3.11. المعالجة

- 1.3.3.11. تقييم مراقبة الجودة للبيانات الخام
- 2.3.3.11. تصفية RNA-seq
- 3.3.3.11. بيانات متسربة لضمان الجودة
- 4.3.3.11. جودة القص وإزالة المحول
- 5.3.3.11. محاذاة القراءة لمراجع
- 6.3.3.11. استدعاء المتغيرات
- 7.3.3.11. تحليل التعبير الجيني التفاضلي

- 4.11. تقنية ChIP-seq
 - 1.4.11. مقدمة
 - 2.4.11. برمجة
 - 3.4.11. المعالجة

- 1.3.4.11. وصف مجموعة بيانات ChIP-seq
- 2.3.4.11. الحصول على معلومات حول التجربة باستخدام مواقع GEO و SRA
- 3.3.4.11. مراقبة جودة تسلسل البيانات
- 4.3.4.11. قص وتصفية القراءات
- 5.3.4.11. تصور النتائج باستخدام متصفح الجينوم المتكامل (IGV)

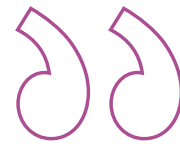
المنهجية

يقدم هذا البرنامج التدريبي طريقة مختلفة للتعليم. تم تطوير منهجيتنا من خلال وضع التعلم الدوري: إعادة التعلم. يُستخدم نظام التدريس هذا، على سبيل المثال، في أرقى كليات الطب في العالم، وقد تم اعتباره من أكثر الكليات فعالية من خلال المنشورات ذات الأهمية الكبيرة مثل مجلة نيو إنجلاند الطبية.



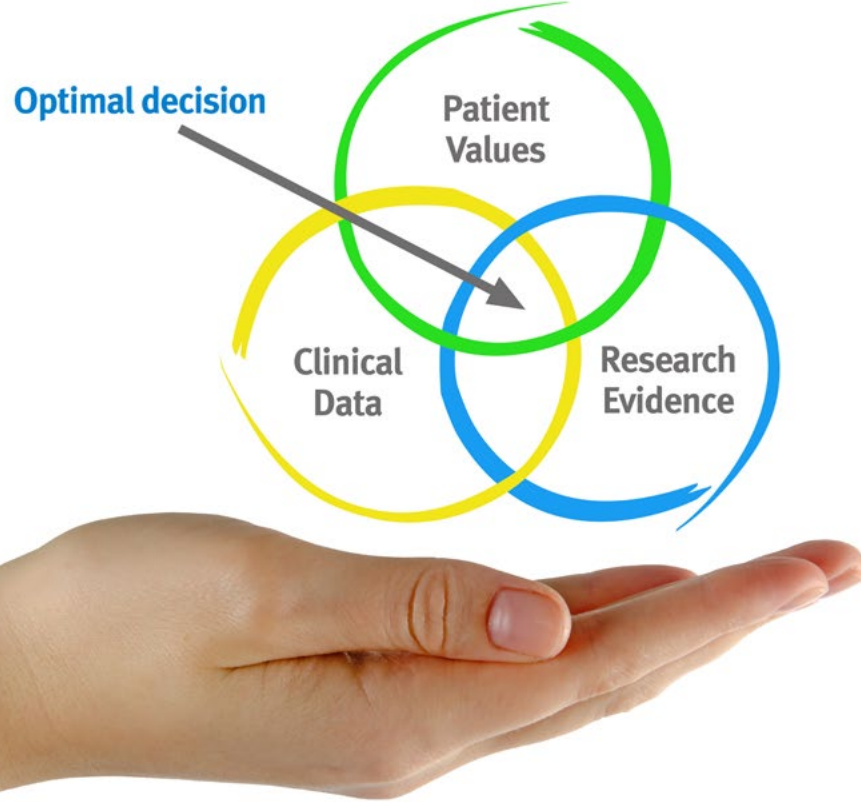


اكتشف منهجية إعادة التعلم، وهو نظام يتخلى عن التعلم الخطي التقليدي ليأخذك عبر أنظمة
التدريس الدورية: طريقة تعلم أثبتت فعاليتها للغاية، لا سيما في الموضوعات التي تتطلب الحفظ"



في تيك نستخدم طريقة الحالة

في موقف محدد ، ما الذي يجب أن يفعل المحترف؟ خلال البرنامج ، ستواجه العديد من الحالات السريرية المحاكية ، بناءً على مرضى حقيقيين سيتعين عليك فيها التحقيق ، ووضع الفرضيات ، وأخيراً حل الموقف. هناك أدلة علمية وفيرة على فعالية الطريقة. يتعلم المتخصصون بشكل أفضل وأسرع وأكثر استدامة بمرور الوقت.



مع تيك يمكنك تجربة طريقة للتعلم تعمل على تحريك أسس الجامعات التقليدية في جميع أنحاء العالم .

وفقاً للدكتور جيرفاس ، فإن الحالة السريرية هي العرض المعلق لمريض ، أو مجموعة من المرضى ، والتي تصبح "حالة" ، مثلاً أو نموذجاً يوضح بعض المكونات السريرية المميزة ، إما بسبب قوتها التعليمية ، أو بسبب تفرده أو ندرته. من الضروري أن تستند الحالة إلى الحياة المهنية الحالية ، في محاولة لإعادة إنشاء عوامل التكيف الحقيقية في ممارسة العلاج الطبيعي المهني.

هل تعلم أن هذه الطريقة تم تطويرها عام 1912 في جامعة هارفارد لطلاب القانون؟ تتكون طريقة الحالة من تقديم مواقف حقيقية معقدة حتى يتمكنوا من اتخاذ القرارات وتبرير كيفية حلها. في عام 1924 تم تأسيسها كطريقة معيارية للتدريس في جامعة هارفارد”



تبرر فعالية هذه الطريقة بأربعة إنجازات أساسية:

1. الطلبة الذين يتبعون هذه الطريقة لا يحققون فقط استيعاب المفاهيم ، بل يطورون أيضًا قدرتهم العقلية ، من خلال تمارين لتقييم المواقف الحقيقية وتطبيق المعرفة.

2. يتخذ التعلم شكلًا قويًا في المهارات العملية التي تتيح للطلاب اندماجًا أفضل في العالم الحقيقي.

3. يتم تحقيق استيعاب أبسط وأكثر كفاءة للأفكار والمفاهيم ، وذلك بفضل نهج المواقف التي نشأت من الواقع.

4. يصبح الشعور بكفاءة الجهد المستمر حافزًا مهمًا للغاية للطلبة ، مما يترجم إلى اهتمام أكبر بالتعلم وزيادة الوقت المخصص للعمل في الدورة.

منهجية إعادة التعلم

تجمع نيك بفعالية بين منهجية دراسة الحالة ونظام تعلم عبر الإنترنت بنسبة 100% استناداً إلى التكرار ، والذي يجمع بين 8 عناصر تعليمية مختلفة في كل درس.

نحن نشجع دراسة الحالة بأفضل طريقة تدريس بنسبة 100% عبر الإنترنت إعادة التعلم.



سيتعلم المهني من خلال الحالات الحقيقية وحل المواقف المعقدة في بيئات التعلم المحاكاة. تم تطوير هذه التدريبات من أحدث البرامج التي تسهل التعلم الغامر.

تقع في الطليعة التربوية العالمية ، تمكنت طريقة إعادة التعلم من تحسين مستويات الرضا العالمية للمهنيين الذين أنهوا دراستهم ، فيما يتعلق بمؤشرات الجودة لأفضل جامعة عبر الإنترنت في اللغة الإسبانية الناطقة (جامعة كولومبيا).

مع هذه المنهجية ، تم تدريب أكثر من 250000 طبيب بنجاح غير مسبق في جميع التخصصات السريرية بغض النظر عن العبء في الجراحة. تم تطوير منهجيتنا التربوية في بيئة ذات متطلبات عالية ، مع طلاب جامعيين يتمتعون بملف اجتماعي واقتصادي مرتفع ومتوسط عمر يبلغ 43.5 عامًا.

ستسمح لك إعادة التعلم بالتعلم بجهد أقل وأداء أكبر ، والمشاركة بشكل أكبر في تدريبك ، وتنمية الروح النقدية ، والدفاع عن الحجج والآراء المتناقضة: معادلة مباشرة للنجاح.

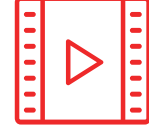
في برنامجنا ، التعلم ليس عملية خطية ، ولكنه يحدث في دوامة (تعلم ، وإلغاء التعلم ، والنسيان ، وإعادة التعلم). لذلك ، يتم دمج كل عنصر من هذه العناصر بشكل مركزي.

الدرجة العالمية التي حصل عليها نظام تيك التعليمي هي 8.01 ، وفقًا لأعلى المعايير الدولية.



يقدم هذا البرنامج أفضل المواد التعليمية المعدة بعناية للمحترفين:

المواد الدراسية



تم إنشاء جميع المحتويات التعليمية من قبل المتخصصين الذين سيقومون بتدريس الدورة ، خاصةً له ، بحيث يكون التطوير التعليمي محدداً وملموماً حقاً.

يتم تطبيق هذه المحتويات بعد ذلك على التنسيق السمعي البصري ، لإنشاء طريقة عمل تيك عبر الإنترنت. كل هذا ، مع أكثر التقنيات ابتكاراً التي تقدم قطعاً عالية الجودة في كل مادة من المواد التي يتم توفيرها للطالب.

الاساليب والاجراءات الجراحية بالفيديو



تعمل تيك على تقريب الطالب من التقنيات الأكثر ابتكاراً وأحدث التطورات التعليمية وإلى طليعة التقنيات الطبية الحالية. كل هذا ، في أول شخص ، بأقصى درجات الصرامة ، موضحاً ومفصلاً للمساهمة في استيعاب الطالب وفهمه. وأفضل ما في الأمر هو أن تكون قادراً على رؤيته عدة مرات كما تريد.

ملخصات تفاعلية



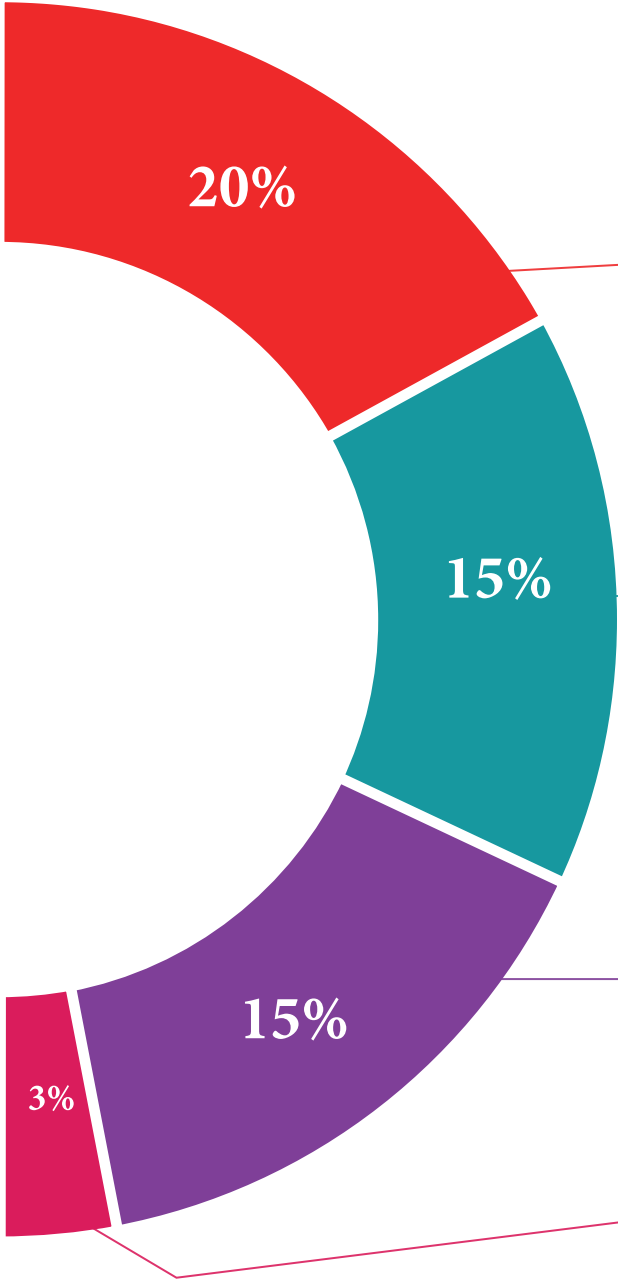
يقدم فريق تيك المحتوى بطريقة جذابة وديناميكية في أقراص المحتوى بطريقة جذابة وديناميكية في أقراص الوسائط المتعددة التي تشمل الصوت والفيديو والصور والرسوم البيانية والخرائط المفاهيمية من أجل تعزيز المعرفة.

تم منح هذا النظام التعليمي الحصري الخاص بتقديم محتوى الوسائط المتعددة من قبل شركة Microsoft كـ "حالة نجاح في أوروبا".

قراءات تكميلية



مقالات حديثة ووثائق إجماع وإرشادات دولية ، من بين أمور أخرى. في مكتبة تيك الافتراضية ، سيتمكن الطالب من الوصول إلى كل ما يحتاجه لإكمال تدريبه.





تحليل الحالات التي تم إعدادها وتوجيهها من قبل خبراء

التعلم الفعال يجب أن يكون بالضرورة سياقياً. لهذا السبب ، تقدم تيك تطوير حالات حقيقية يقوم فيها الخبير بتوجيه الطالب من خلال تنمية الانتباه وحل المواقف المختلفة: طريقة واضحة ومباشرة لتحقيق أعلى درجة من الفهم.



الاختبار وإعادة الاختبار

يتم تقييم معرفة الطالب بشكل دوري وإعادة تقييمها في جميع أنحاء البرنامج ، من خلال أنشطة وتمارين التقييم الذاتي والتقييم الذاتي بحيث يتحقق الطالب بهذه الطريقة من كيفية تحقيقه لأهدافه.



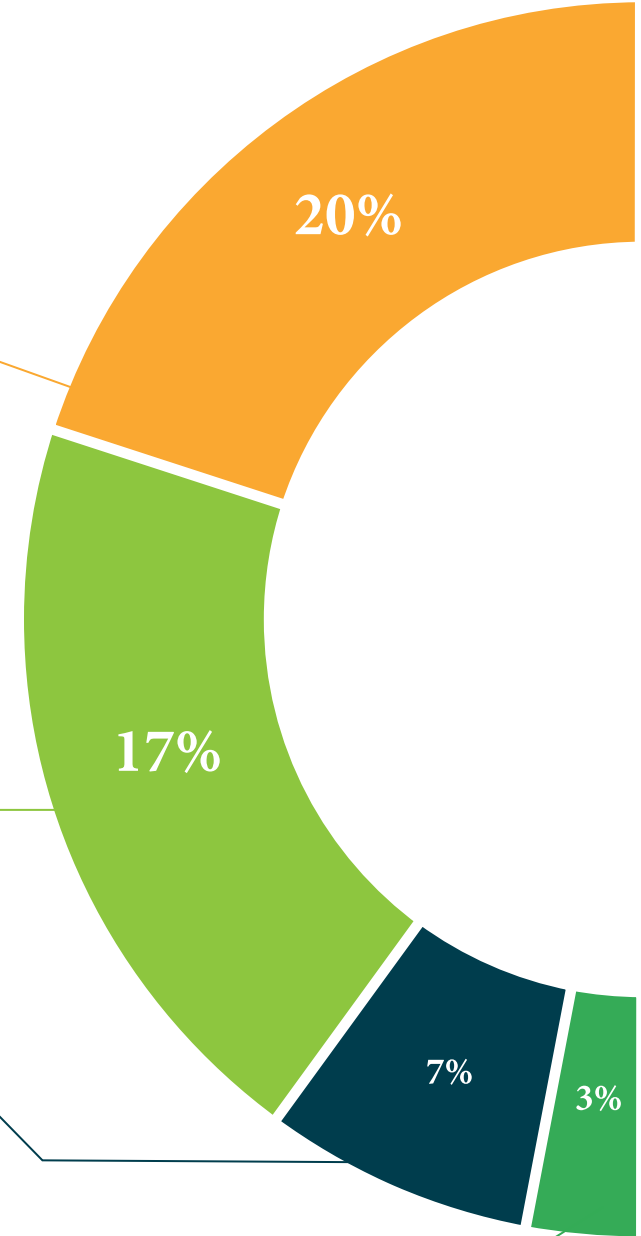
فصول الماجستير

هناك دليل علمي على فائدة ملاحظة خبراء الطرف الثالث ، وما يسمى بالتعلم من خبير يقوي المعرفة والذاكرة ، ويولد الأمان في القرارات الصعبة في المستقبل.



مبادئ توجيهية سريعة للعمل

تقدم تيك محتوى الدورة الأكثر صلة في شكل صحائف وقائع أو أدلة عمل سريعة. طريقة تركيبية وعملية وفعالة لمساعدة الطالب على التقدم في تعلمهم.



المؤهل العلمي

يضمن هذا الماجستير الخاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة، بالإضافة إلى التدريب الأكثر صرامة وحدائق، الحصول على درجة الماجستير الخاص الصادرة عن TECH الجامعة التكنولوجية.



اجتاز هذا البرنامج بنجاح وأحصل على شهادتك الجامعية دون الحاجة إلى
السفر أو القيام بأية إجراءات مرهقة



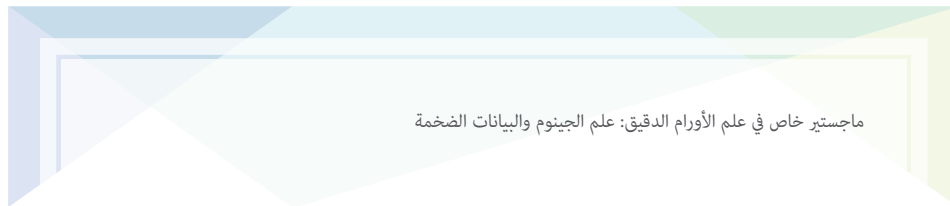
إن الشهادة الصادرة عن TECH الجامعة التكنولوجية سوف تعبر عن المؤهلات التي تم الحصول عليها في درجة الماجستير الخاص، وسوف تفي بالمتطلبات التي يطلبها عادة سوق الوظائف وامتحانات التوظيف ولجان تقييم الوظائف المهنية.

المؤهل العلمي: ماجستير خاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة

عدد الساعات الدراسية المعتمدة: 1500 ساعة.

يحتوي هذا ماجستير خاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة على البرنامج العلمي الأكثر اكتمالاً و حداثةً في السوق.

بعد اجتياز الطالب للتقييمات، سوف يتلقى عن طريق البريد العادي * مصحوب بعلم وصول مؤهل الماجستير الخاص ذا الصلة الصادرة عن TECH الجامعة التكنولوجية.



ماجستير خاص في علم الأورام الدقيق: علم الجينوم والبيانات الضخمة

الطرفية	عدد الساعات	الدورة	المادة
إجمالي	125	1 ^o	البيولوجيا الجزيئية
إجمالي	125	2 ^o	علم الأورام الجينومي أو الدقيق
إجمالي	125	3 ^o	التقنيات في الممارسة السريرية الحالية والتطبيقات الجديدة مع علم الأورام الجينومي
إجمالي	125	4 ^o	استخدام Linux و Unix في المعلوماتية الحيوية
إجمالي	125	5 ^o	تحليل البيانات في مشاريع البيانات الضخمة: لغة البرمجة R
إجمالي	125	6 ^o	البيئات الرسومية في R
إجمالي	125	7 ^o	التحليل الإحصائي في R
إجمالي	125	8 ^o	التعلم الآلي لتحليل البيانات الضخمة
إجمالي	125	9 ^o	تطبيق البيانات الخفية على علم الجينوم
إجمالي	125	10 ^o	تقنيات استخراج البيانات الجينومية
إجمالي	125	11 ^o	تقنيات جديدة في العصر الجينومي
إجمالي	125	12 ^o	تطبيق المعلوماتية الحيوية في علم الأورام الجينومي

التوزيع العام للخطة الدراسية

نوع المادة	عدد الساعات
إجمالي (OB)	1.500
إجمالي (OP)	0
الممارسات الخارجية (PR)	0
مشروع تخرج الماجستير (TFM)	0
الإجمالي	1.500



tech | الجامعة
التكنولوجية

Tere Guevara Navarro

أ.د. / د. Tere Guevara Navarro
رئيس الجامعة



tech | الجامعة
التكنولوجية

يمنح هذا
الديبلوم

المواطن/المواطنة مع وثيقة تحقيق شخصية رقم
لاجتياز/لاجتيازها بنجاح والحصول على برنامج

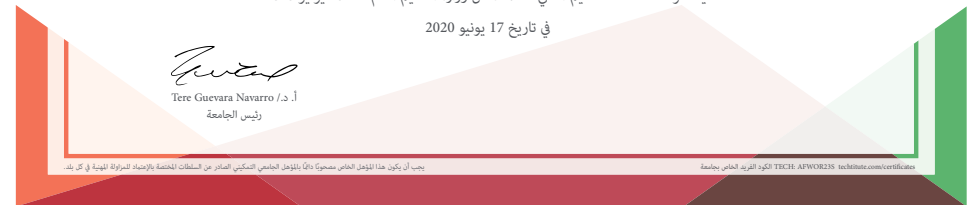
ماجستير خاص

في
علم الأورام الدقيق: علم الجينوم
والبيانات الضخمة

وهي شهادة خاصة من هذه الجامعة موافقة لـ 1.500 ساعة، مع تاريخ بدء يوم/شهر/ سنة وتاريخ انتهاء يوم/شهر/سنة

تيك مؤسسة خاصة للتعليم العالي معتمدة من وزارة التعليم العام منذ 28 يونيو 2018

في تاريخ 17 يونيو 2020



Tere Guevara Navarro

أ.د. / د. Tere Guevara Navarro
رئيس الجامعة

يجب أن يكون هذا المؤهل الخاص مصحوباً دائماً بالمؤهل الجامعي المتكسب الصادر من السلطات المختصة بالإمضاء المعروفة المهنية في كل بلد.

techsite.com/certificates AFWOR235 TECH: الكود الفريد الخاص بالجامعة

المستقبل

الصحة

الثقة

الأشخاص

التعليم

المعلومات

الأوصياء الأكاديميون

الضمان

الاعتماد الأكاديمي

التدريس

المؤسسات

المجتمع

التقنية

الالتزام

التعلم

tech الجامعة
التكنولوجية

ماجستير خاص

علم الأورام الدقيق: علم الجينوم

والبيانات الضخمة

« طريقة التدريس: أونلاين

« مدة الدراسة: 12 شهر

« المؤهل الجامعي من: TECH الجامعة التكنولوجية

« عدد الساعات المخصصة للدراسة: 16 ساعات أسبوعيًا

« مواعيد الدراسة: وفقًا لوتيرتك الخاصة

« الامتحانات: أونلاين

ماجستير خاص

علم الأورام الدقيق: علم الجينوم

والبيانات الضخمة