

Privater Masterstudiengang Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose



tech technologische
universität

Privater Masterstudiengang Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose

- » Modalität: online
- » Dauer: 12 monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Internetzugang: www.techtitude.com/de/medizin/masterstudiengang/masterstudiengang-genom-prazisionsmedizin-hamatologie-thrombose

Index

01

Präsentation

Seite 4

02

Ziele

Seite 8

03

Kompetenzen

Seite 14

04

Kursleitung

Seite 18

05

Struktur und Inhalt

Seite 26

06

Methodik

Seite 38

07

Qualifizierung

Seite 46

01

Präsentation

Venöse thromboembolische Erkrankungen (VTE) entstehen durch Blutgerinnsel in den Venen. Obwohl es sich um eine vermeidbare und behandelbare Krankheit handelt, verursacht sie immer noch eine hohe Anzahl von Todesfällen. Tatsächlich ist sie die dritthäufigste kardiovaskuläre Todesursache nach dem akuten Myokardinfarkt und dem Schlaganfall. In diesem privaten Masterstudiengang werden Fachleute auf die Genom- und Präzisionsmedizin im Bereich Thrombose vorbereitet, damit sie die neuesten Fortschritte auf diesem Gebiet kennenlernen und wirksamere Behandlungen anbieten können.





“

Diese Spezialisierung ist die beste Möglichkeit, sich auf Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombosis zu spezialisieren und genauere Diagnosen zu stellen"

Die frühzeitige Erkennung einer Venenthrombose ist entscheidend für die Behandlung dieser Krankheit und die Verringerung der Folgen, die sie für die Patienten haben kann. Es gibt auch vorbeugende Maßnahmen, wie z.B. physikalische oder pharmakologische Maßnahmen.

Während des Studiums dieses privaten Masterstudiengangs werden sich die Studenten auf die Genom- und Präzisionsmedizin bei der Behandlung von Venenthrombosen konzentrieren. Die Fortbildung wurde von Fachleuten auf diesem Gebiet konzipiert, so dass die Teilnehmer eine vollständige und spezifische Vorbereitung von Experten auf diesem Gebiet erhalten.

Ziel dieser Fortbildung ist es, die Grundlagen der Genom- und Präzisionsmedizin in diesem Bereich zu schaffen, die auf dem Wissen über die Hämostase und die venösen thromboembolischen Erkrankungen basieren und den Schlüssel zu deren Diagnose, Behandlung und Prävention liefern. Darüber hinaus lernen die Fachleute spezielle Situationen kennen, denen sie in ihrer täglichen Praxis begegnen können, wie z.B. Thrombose in der Onkologie oder in der Frauenheilkunde.

Nach diesen eher allgemeinen Aspekten wird dieser private Masterstudiengang in den Bereich der Genomik bei Venenthrombose einsteigen, wo Sie die wichtigsten Studien auf diesem Gebiet kennenlernen werden, die es Ihnen ermöglichen werden, Ihren Patienten mit dieser Pathologie wirksamere und präzisere Behandlungen anzubieten.

Daher werden die Studenten nach Abschluss und Bestehen des privaten Masterstudiengangs die theoretischen Kenntnisse erworben haben, die erforderlich sind, um eine wirksame Behandlung von Venenthrombosen in den wichtigsten Tätigkeitsbereichen des Facharztes durchzuführen.

Dieser **Privater Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombosis** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt. Die wichtigsten Merkmale sind:

- Die Entwicklung von Fallstudien, die von Experten für Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie vorgestellt werden
- Der anschauliche, schematische und äußerst praxisnahe Inhalt soll wissenschaftliche und praktische Informationen zu den für die berufliche Praxis wesentlichen Disziplinen vermitteln
- Neuigkeiten über Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie
- Praktische Übungen zur Selbstevaluierung, um den Studienprozess zu verbessern
- Ein besonderer Schwerpunkt liegt auf innovativen Methoden in der Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie
- Theoretische Vorträge, Fragen an den Experten, Diskussionsforen zu kontroversen Themen und individuelle Reflexionsarbeit
- Die Verfügbarkeit des Zugangs zu Inhalten von jedem festen oder tragbaren Gerät mit Internetanschluss



Verpassen Sie nicht die Gelegenheit, diesen privaten Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombosis bei TECH zu absolvieren. Es ist die perfekte Gelegenheit, um Ihre Karriere voranzutreiben"



Dieser private Masterstudiengang kann aus zwei Gründen die beste Investition sein, die Sie bei der Auswahl eines Auffrischungsprogramms tätigen können: Sie aktualisieren nicht nur Ihr Wissen über Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose, sondern erhalten auch einen Abschluss der TECH Technologischen Universität"

Zum Dozentenstab gehören Fachleute aus dem Bereich der Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose, die die Erfahrung ihrer Arbeit in diese Fortbildung einbringen, sowie anerkannte Spezialisten von führenden Gesellschaften und renommierten Universitäten.

Die multimedialen Inhalte, die mit den neuesten Bildungstechnologien entwickelt wurden, ermöglichen den Fachleuten ein situiertes und kontextbezogenes Lernen, d. h. eine simulierte Umgebung, die ein immersives Training ermöglicht, das auf reale Situationen ausgerichtet ist.

Die Konzeption dieses Studiengangs konzentriert sich auf problemorientiertes Lernen, bei dem der Spezialist versuchen muss, die verschiedenen Situationen der beruflichen Praxis zu lösen, die sich im Laufe des Studienjahres ergeben. Dazu steht der Fachkraft ein innovatives System interaktiver Videos zur Verfügung, die von anerkannten Experten für Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose, erstellt wurden und die umfangreiche medizinische Erfahrung besitzen.

Diese Fortbildung verfügt über das beste didaktische Material, das Ihnen ein kontextbezogenes Studium ermöglicht, das Ihr Lernen erleichtert.

Dieser 100%ige Online-Masterstudiengang ermöglicht es Ihnen, Ihr Studium mit Ihrer beruflichen Tätigkeit zu verbinden und gleichzeitig Ihr Wissen in diesem Bereich zu erweitern.



02 Ziele

Der private Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose, zielt darauf ab, den Fachleuten, die sich der Biomedizin verschrieben haben, die neuesten Fortschritte und die neuesten Behandlungen in diesem Sektor näher zu bringen.





“

*Dies ist die beste Möglichkeit, sich
über die neuesten Fortschritte in der
genomischen Medizin zu informieren”*



Allgemeine Ziele

- Vertiefung der Kenntnisse über venöse thromboembolische Erkrankungen als komplexe Krankheit
- Weiterbildung auf dem Gebiet der Omics-Daten und bioinformatischen Methoden für die Präzisionsmedizin
- Über die neuesten Entwicklungen bei dieser Krankheit auf dem Laufenden bleiben





Spezifische Ziele

Modul 1. Einführung in die Hämostase

- ♦ Die physiologischen Prozesse, die an der Hämostase beteiligt sind, und die Bedeutung der Hämostase verstehen und nachvollziehen
- ♦ Das Konzept der Rückkopplung im homöostatischen Gleichgewicht und seine Anwendung zu erläutern
- ♦ Das wissenschaftliche Fachvokabular in diesem Bereich kennenlernen
- ♦ Die Korrelation von Gerinnungstests mit den Phasen der Blutgerinnung, um zu verstehen, welcher grundlegende physiologische Prozess bei der primären oder sekundären Hämostase versagt
- ♦ Alle Studieninhalte in Beziehung setzen und integrieren
- ♦ Werte und Kriterien, die gelernt wurden, auf die berufliche Leistung übertragen

Modul 2. Pathophysiologie und Epidemiologie der venösen thromboembolischen Erkrankung

- ♦ Die enorme biologische und klinische Komplexität der venösen Thromboembolie aufzeigen
- ♦ Erklärung der pathologischen Mechanismen, durch die ein Thrombus in den Venen entsteht, und der kurz- und langfristigen Folgen, die er haben kann
- ♦ Analyse des Verhältnisses von Thrombus und Rezidiv zu determinierenden Variablen wie Alter, Geschlecht und Rasse
- ♦ Die Bedeutung der mit dem thromboembolischen Ereignis verbundenen Umstände hervorheben und aufzeigen, wie diese Umstände das Risiko eines erneuten Auftretens weitgehend bestimmen
- ♦ Beschreibung der umweltbedingten Risikofaktoren, die mit der Krankheit in Verbindung gebracht werden, und der heute bekannten genetischen Grundlage
- ♦ Überprüfung der globalen Auswirkungen auf die weltweite Krankheitslast und die wirtschaftlichen Folgen der Thrombose, ihrer Folgeerscheinungen und der Komplikationen bei ihrer Behandlung

- ♦ Einführung des Konzepts der Biomarker oder Phänotypen, die mit dem Krankheitsrisiko intermediär sind. Diese können bei der Diagnose der Ursachen und bei der Abschätzung des Rückfallrisikos untersucht werden und können als Ausgangspunkt für die Entdeckung der Gene dienen, die an der Variabilität des Phänotyps und damit an der venösen thromboembolischen Erkrankung beteiligt sind
- ♦ Verstehen des Konzepts des individuellen Risikoprofils

Modul 3. Diagnose, Behandlung und Prophylaxe von venösen thromboembolischen Erkrankungen

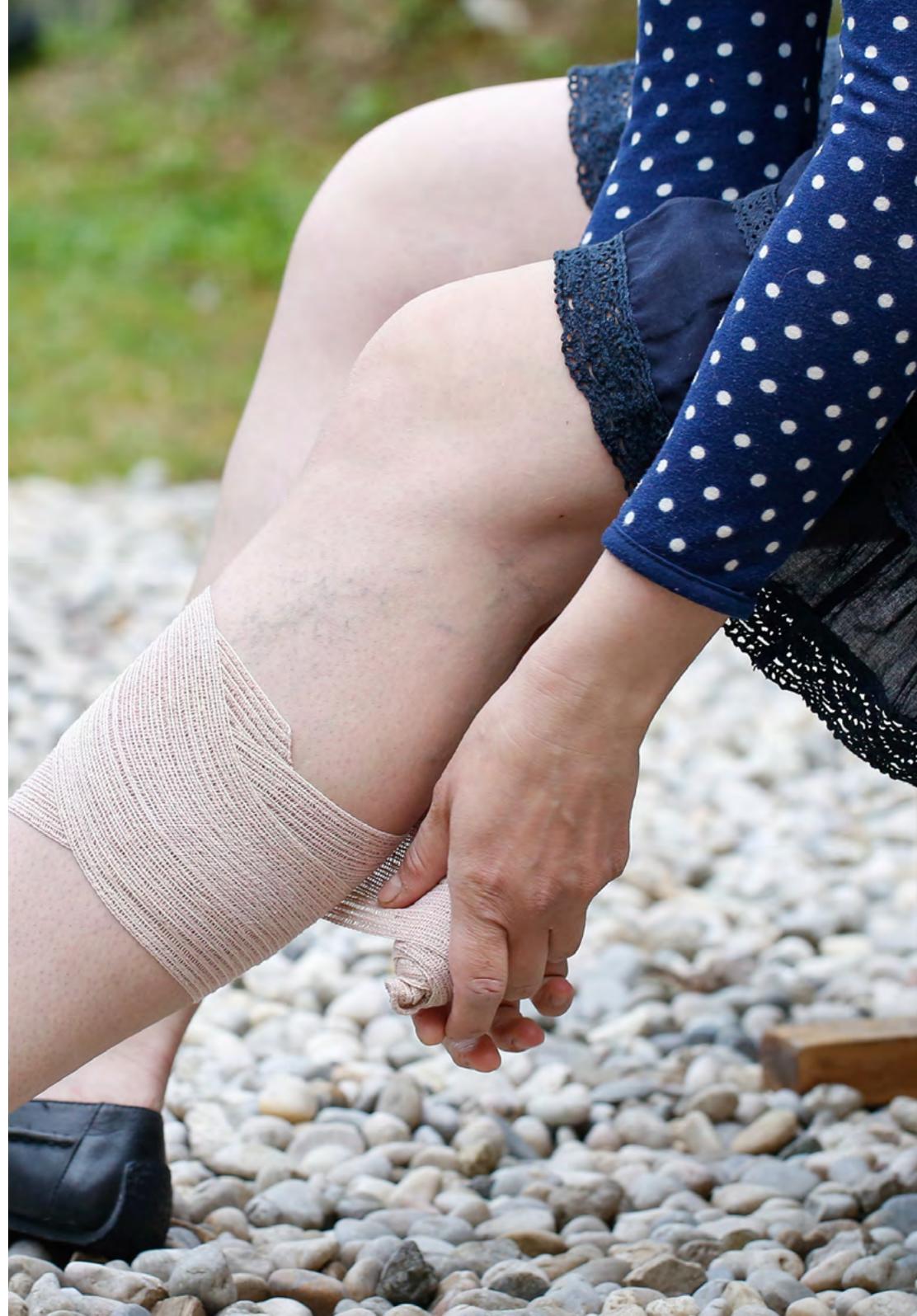
- ♦ Diagnose der venösen thromboembolischen Erkrankung erlernen
- ♦ Informationen zu den wichtigsten Behandlungsmethoden für diese Krankheit
- ♦ Informationen über Maßnahmen zur Vorbeugung von Venenthrombosen

Modul 4. Besondere Situationen I: Thrombose im onkologischen Umfeld

- ♦ Die spezifischen Merkmale von Patienten mit Thrombose im onkologischen Bereich kennen
- ♦ Erkennen der Präventionsmaßnahmen für Onkologiepatienten je nach ihren Merkmalen, unabhängig davon, ob es sich um stationäre Patienten, chirurgische Patienten oder Patienten handelt, die sich ambulant einer systemischen Therapie unterziehen
- ♦ Identifizierung der präventiven Modelle des Thromboserisikos
- ♦ Die wirksamsten Behandlungen für krebserkrankte Thrombosen kennen

Modul 5. Besondere Situationen II: Thrombose bei der Frau

- ♦ Die Physiopathologie der Hämostase in den verschiedenen Stadien der Reifung bei Frauen verstehen
- ♦ Lernen, Verhütungsmittel und hormonelle Methoden mit venösen Thrombosen in Verbindung zu bringen
- ♦ Informationen über Präventionsstrategien bei nicht schwangeren Frauen im gebärfähigen Alter
- ♦ Die Beziehung zwischen Venenthrombose und Management und der Zeit nach der Geburt, dem Kaiserschnitt oder den Techniken der assistierten Reproduktion verstehen



- Medikamente in der Schwangerschaft, im Wochenbett und in der Stillzeit kennen

Modul 6. Omics-Daten: Einführung in die Programmiersprache R

- Das Betriebssystem Unix/Linux und seine Bedeutung kennenlernen
- Kenntnisse der grundlegenden Unix/Linux-Administration erwerben
- Die Verwaltung von Dateien und Verzeichnissen mit dem Unix/Linux-Befehlsinterpreter
- Die Programmiersprache R und die Verwaltung ihrer Pakete lernen
- Die verschiedenen Datentypen in R zu erkennen und zu wissen, welcher Typ in welchem Kontext zu verwenden ist
- Die einzelnen Datentypen in R richtig bearbeiten lernen
- Wissen, was Kontrollfunktionen und Schleifen in R sind und wie sie implementiert werden
- Durchführung von grafischen Darstellungen von Daten und Ergebnissen in R
- Anwendung grundlegender Statistiken in R in Abhängigkeit von den Merkmalen der Daten
- Eigene Funktionen in R implementieren, um bestimmte Aufgaben auszuführen

Modul 7. Thrombose im Zeitalter der Genomik I: Genomweite Assoziationsstudien (GWAS)

- Einen Überblick über die Genetik und insbesondere über genomweite Assoziationsstudien (GWAS) geben
- Aufzeigen des aktuellen Stands der Anwendung der Genetik bei venösen thromboembolischen Erkrankungen

Modul 8. Thrombose im Zeitalter der Genomik II: Massive Sequenzierungsstudien

- Verständnis der genetischen Grundlagen und der molekularen Untersuchung von Thrombose und Hämostase
- Identifizierung von DNA-Sequenzierungstechniken
- Erwerb von Kenntnissen über die bioinformatische Analyse von NGS-Daten
- Die Interpretation der Ergebnisse von NGS bei Thrombose und Hämostase lernen
- Zukunftsperspektiven der NGS-Technologien kennenlernen

Modul 9. Thrombose im Zeitalter der Genomik III: Studien zur Regulierung der Genexpression (RNA und miRNA)

- Verständnis für RNA-seq erlangen
- Versuchspläne für RNA-seq-Studien sowie die Qualitätskontrolle dieser Studien

Modul 10. Prädiktive Modelle

- Die verschiedenen Arten von statistischen Lernproblemen identifizieren
- Die Schritte der Vorverarbeitung eines neuen Datensatzes verstehen und umsetzen
- Verstehen der Grundlagen von linearen Regressionsmodellen und deren Anwendungsbereich
- Optimierung von linearen Regressionsmodellen mit der geringstmöglichen Anzahl von Variablen
- Die verschiedenen Arten von Klassifizierungsmodellen aufzählen und wissen, in welchen Fällen es besser ist, jedes von ihnen zu verwenden
- Verschiedene Methoden zur Validierung der Leistung eines Vorhersagemodells lernen
- Mit Entscheidungsbäumen und ihren Erweiterungen vertraut werden
- Anpassung von Support-Vektor-Maschinen an klinische Daten und Bewertung ihrer Ergebnisse
- Verschiedene unüberwachte Lernmethoden für die explorative Datenanalyse lernen



Nutzen Sie die Gelegenheit und machen Sie den ersten Schritt, um sich über die neuesten Entwicklungen in der Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose zu informieren"

03

Kompetenzen

Nach Bestehen der Prüfungen des privaten Masterstudiengangs in Genom- und Präzisionsmedizin in Hämatologie: Thrombose, wird der Fachmann die für eine qualitativ hochwertige und zeitgemäße Praxis erforderlichen beruflichen Fähigkeiten auf der Grundlage der innovativsten Lehrmethodik erworben haben.





“

Dieses Programm wird es Ihnen ermöglichen, sich die Fähigkeiten anzueignen, die Sie benötigen, um Ihre Patienten effektiver zu betreuen"



Allgemeine Kompetenzen

- Venöse thromboembolische Erkrankungen als komplexe Krankheiten zu erkennen und die genauesten Behandlungen durchzuführen
- Verwendung von Omics-Daten und bioinformatischen Methoden für die Präzisionsmedizin bei der Diagnose und Behandlung von Venenthrombosen
- Anwenden der neuesten Erkenntnisse über diese Krankheit in der täglichen Praxis mit betroffenen Patienten



Spezifische Kompetenzen

- Die Phasen der Blutgerinnung identifizieren und die Regulationsmechanismen der Blutgerinnung nutzen
- Blutentnahme und Probenahme durchführen
- Thrombozytenstudien durchführen können
- Verständnis der vielfältigen ursächlichen Faktoren, die mit Venenthrombosen in Verbindung gebracht werden, ob erworben oder umweltbedingt, genetisch oder vererbt
- Verständnis für die hohe Komplexität und die Schwierigkeiten bei der Quantifizierung des individuellen Thromboserisikos und die Notwendigkeit, die Genomik und Epigenomik von Patienten oder Risikopersonen zu erforschen und die Prophylaxe und Behandlung der Krankheit voranzutreiben
- Eine venöse thromboembolische Erkrankung wirksam diagnostizieren können
- Anwendung der wirksamsten Behandlungen für Venenthrombosen je nach den Merkmalen jedes Patienten
- Anwendung der am besten geeigneten Maßnahmen zur Vorbeugung von Venenthrombosen für jeden Patienten
- Präventionsmaßnahmen für onkologische Patienten je nach deren Merkmalen anwenden können, unabhängig davon, ob es sich um stationäre Patienten, chirurgische Patienten oder Patienten handelt, die sich ambulant einer systemischen Therapie unterziehen
- Modelle zur Vorbeugung des Thromboserisikos erkennen und den Patienten anbieten
- Anwendung der wirksamsten Behandlungen für krebsbedingte Thrombose
- Identifizierung der Pathophysiologie der Hämostase in verschiedenen Stadien der Reifung bei Frauen
- Verbindung von Verhütungsmitteln und hormonellen Methoden mit Venenthrombose
- Anwendung von Präventionsstrategien bei nicht schwangeren Frauen im gebärfähigen Alter

- Den Zusammenhang zwischen einer Venenthrombose und dem Management und dem Wochenbett, dem Kaiserschnitt oder den Techniken der assistierten Reproduktion erkennen
- Verwendung der am besten geeigneten Medikamente während der Schwangerschaft, des Wochenbetts und der Stillzeit
- Die Bedeutung der Programmierung für die Analyse von Omics-Daten verstehen
- Beherrschung des Unix/Linux-Befehlsinterpreters als Ergänzung zu R für die Datei- und Systemverwaltung
- Erwerb ausreichender Kenntnisse der Programmiersprache R, um selbständig Omics-Datensätze zu analysieren und Ergebnisse zu visualisieren
- Durchführung der entsprechenden statistischen Analyse je nach Art der Daten und Visualisierung der Ergebnisse in R
- Die theoretischen Konzepte der genomweiten Assoziationsanalyse, der Genotypisierung, der Imputation, der Referenzpanels und des Kopplungsungleichgewichts verstehen
- Die verschiedenen Ätiologien von Krankheiten und die Relevanz der jeweils am besten geeigneten genetischen Untersuchungsmethoden verstehen (die Vor- und Nachteile der verschiedenen Methoden kennen)
- Die wichtigsten Methoden der genetischen Imputationsanalyse und die am häufigsten verwendeten Programme kennenlernen
- Die öffentlichen genetischen Hilfsmittel sowie die aktuellsten Referenzpanels kennen
- Genetische Ergebnisse mit einem kritischen Blick verstehen und diskutieren, sowie den Beitrag von GWAS-Studien in der klinischen Genetik verstehen
- Den aktuellen Stand der Technik in der Genetik thromboembolischer Erkrankungen kennen und die wichtigsten Studien und Konsortien kennen
- Die genetische Basis und die molekulare Untersuchung von Thrombose und Hämostase in Beziehung setzen können
- Die Techniken der DNA-Sequenzierung kennen und sie in der täglichen Praxis anwenden
- Verwendung der bioinformatischen Analyse von NGS-Daten bei der Behandlung von praktischen Fällen
- Interpretation von NGS-Ergebnissen bei Thrombose und Hämostase
- Mit RNA-seq vertraut sein und es im Patientenmanagement anwenden können
- Die experimentellen Designs für RNA-seq-Studien sowie die Qualitätskontrolle dieser Studien kennen, um sie in der täglichen Praxis anwenden zu können
- Die Merkmale, Vor- und Nachteile der verschiedenen Prognosemodelle kennen und unterscheiden
- Die Bedeutung der Vorverarbeitung von klinischen Daten verstehen und explorative Analysen dieser Daten durchführen
- In der Lage sein, ein geeignetes Vorhersagemodell entsprechend den Merkmalen der Daten und der zu prognostizierenden Ereignisse anzupassen und zu validieren
- Anwendung von kritischem Denken bei der Interpretation und Bewertung von Modellen
- Selbstständig vollständige Verfahren in R für die Vorverarbeitung, Analyse, das Training und die Validierung von Vorhersagemodellen aus einem Satz klinischer Daten entwickeln



Verbessern Sie die Versorgung Ihrer Patienten, indem Sie die Vorteile des privaten Masterstudiengangs in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose nutzen"

04

Kursleitung

Zu den Dozenten des Programms gehören führende Experten auf dem Gebiet der venösen Thromboembolie, die ihre Erfahrung in diese Fortbildung einbringen. Darüber hinaus sind weitere anerkannte Experten an der Konzeption und Ausarbeitung beteiligt, die das Programm auf interdisziplinäre Weise vervollständigen.



“

Die führenden Fachleute auf diesem Gebiet haben sich zusammengetan, um Ihnen die neuesten Fortschritte auf dem Gebiet der venösen Thromboembolie zu vermitteln"

Internationaler Gastdirektor

Dr. Anahita Dua ist eine führende **Gefäßchirurgin** mit einem hervorragenden internationalen Ruf auf dem Gebiet der **Gefäßmedizin**. Sie hat am **Massachusetts General Hospital** praktiziert, wo sie mehrere Führungspositionen innehatte, darunter die **Leitung des Gefäßlabors** und die **Ko-Direktion des Zentrums für periphere Arterienerkrankungen** und des **Programms zur Bewertung und Erhaltung von Gliedmaßen (LEAPP)**. Darüber hinaus war sie **stellvertretende Direktorin des Wundversorgungszentrums** und **Direktorin des Lymphödemzentrums** sowie **Direktorin der klinischen Forschung der Abteilung für Gefäßchirurgie**.

Sie hat sich auf fortschrittliche **gefäßchirurgische** Techniken, sowohl **endovaskuläre** als auch **traditionelle**, zur Behandlung verschiedener Erkrankungen spezialisiert, darunter die **periphere Arterienerkrankung**, die **kritische Ischämie der Gliedmaßen** sowie die **Aorten- und Karotiserkrankung**. Darüber hinaus hat sie sich mit der Behandlung komplexer Probleme wie dem **Thoracic-Outlet-Syndrom** und der **Veneninsuffizienz** befasst.

Besonders hervorzuheben ist ihr **Forschungsschwerpunkt Antikoagulation** und **prädiktive Biomarker** bei Patienten, die sich einer **Revaskularisierung** unterziehen, sowie die Entwicklung **technischer Hilfsmittel** zur Verbesserung der **Mobilität** und **Wundheilung** bei Patienten mit **peripheren Gefäßerkrankungen**. Außerdem hat sie sich mit der chirurgischen **Ergebnisforschung** befasst, bei der große **medizinische Datenbanken** zur Bewertung der **Qualität** und **Kosteneffizienz** von Behandlungen genutzt werden. Mit mehr als **140 von Experten begutachteten Veröffentlichungen** und der Herausgabe von **fünf Lehrbüchern** zur **Gefäßchirurgie** hat sie einen wichtigen Beitrag zu diesem Fachgebiet geleistet.

Neben ihrer **klinischen Arbeit** und ihrer **Forschungstätigkeit** ist Dr. Anahita Dua Gründerin von **Healthcare for Action PAC**, einer Organisation, deren Aufgabe es ist, gegen Bedrohungen der **Demokratie** vorzugehen und **politische Maßnahmen** zu fördern, die der **öffentlichen Gesundheit** zugute kommen, was ihr Engagement für **soziales Wohlergehen** und **Gerechtigkeit** widerspiegelt.



Dr. Dua, Anahita

- Ko-Direktorin des Zentrums für periphere Arterienerkrankungen am Massachusetts General Hospital, USA
- Ko-Direktorin des Programms zur Bewertung und Erhaltung von Gliedmaßen (LEAPP) am Massachusetts General Hospital, USA
- Stellvertretende Direktorin des Wundversorgungszentrums am Massachusetts General Hospital, USA
- Direktorin des Gefäßlabors am Massachusetts General Hospital
- Direktorin des Lymphödemzentrums am Massachusetts General Hospital
- Direktorin der klinischen Forschung für die Abteilung für Gefäßchirurgie am Massachusetts General Hospital
- Gefäßchirurgin am Massachusetts General Hospital
- Gründerin von *Healthcare for Action* PAC
- Facharztausbildung in Gefäßchirurgie am Universitätskrankenhaus von Stanford
- Facharztausbildung in Allgemeinchirurgie am Medical College of Wisconsin
- Masterstudiengang in Betriebswirtschaftslehre und Gesundheitsmanagement an der Western Governors University
- Masterstudiengang in Traumawissenschaften an der Queen Mary University, London
- Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie an der Universität von Aberdeen
- Mitglied von:
 - Gesellschaft für Gefäßchirurgie (*Society for Vascular Surgery*)
 - Südasiatisch-amerikanische Gesellschaft für Gefäßchirurgie (*South Asian-American Vascular Society*)
 - Amerikanisches Kollegium der Chirurgen (*American College of Surgeons*)

“

Dank TECH werden Sie mit den besten Fachleuten der Welt lernen können”

Leitung



Dr. Soria, José Manuel

- ♦ Genomikgruppe für komplexe Krankheiten
- ♦ Forschungsinstitut des Hospital de Sant Pau (IIB Sant Pau)
- ♦ Krankenhaus de la Santa Creu i Sant Pau Barcelona

Professoren

Dr. López del Río, Ángela

- ♦ Bioinformatics and Biomedical Signals Laboratory (B2SLab) Polytechnische Universität von Katalonien Barcelona
- ♦ Biomedizinische Ingenieurin von der Polytechnischen Universität von Madrid
- ♦ Masterstudiengang in der Universität von Barcelona-Polytechnischen Universität von Katalonien
- ♦ Teilnahme am European Bioinformatics Institute (EBI-EMBL) in Cambridge, UK
- ♦ Biomedizinisches Forschungszentrum der Polytechnischen Universität von Katalonien

Dr. Marzo, Cristina

- ♦ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Medizinische Fakultät, Zaragoza Universität von Zaragoza
- ♦ Privater Masterstudiengang in Antikoagulantienbehandlung mit Auszeichnung Katholische Universität San Antonio. Murcia
- ♦ Masterstudiengang in angeborenen und erworbenen Koagulopathien Universität von Alcalá
- ♦ Oberärztin in der Abteilung für Hämatologie und Hämotherapie Abteilung für Hämostase Universitätsklinik Arnau de Vilanova, Lleida

**Dr. Muñoz Martín, Andrés J.**

- ◆ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Autonome Universität von Madrid
- ◆ Promotion in Medizin, Außerordentlicher Preis, Universität Complutense de Madrid
- ◆ Diplom in Biostatistik in Gesundheitswissenschaften, Autonome Universität von Barcelona
- ◆ Oberarzt, Medizinischer Onkologiedienst Abteilung für Verdauungstumore Leitung des Forschungsprogramms für Hepato-Bilio-Pankreastumoren und Krebs und Thrombose Allgemeines Universitätskrankenhaus Gregorio Marañón, Madrid
- ◆ Kooperationsprofessor für praktische Lehre, Fachbereich Medizin, Medizinische Fakultät, Universität Complutense Madrid
- ◆ Stellvertretender Vorsitzender des Ausschusses für Ethik und klinische Forschung (CEIC) des Allgemeinen Universitätskrankenhauses Gregorio Marañón, Madrid
- ◆ Koordination der Sektion Krebs und Thrombose der spanischen Gesellschaft für medizinische Onkologie (SEOM)

Dr. Llamas, Pilar

- ◆ Promotion in Medizin und Chirurgie
- ◆ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Universität von Cordoba Juni 1989; Außerordentliche Auszeichnung
- ◆ Leitung der Abteilung für Hämatologie und Hämotherapie der öffentlichen Krankenhäuser von Quironsalud Madrid; Universitätskliniken Stiftung Jiménez Díaz, Rey Juan Carlos, Infanta Elena und Allgemeines Krankenhaus von Villalba

Dr. Pina Pascual, Elena

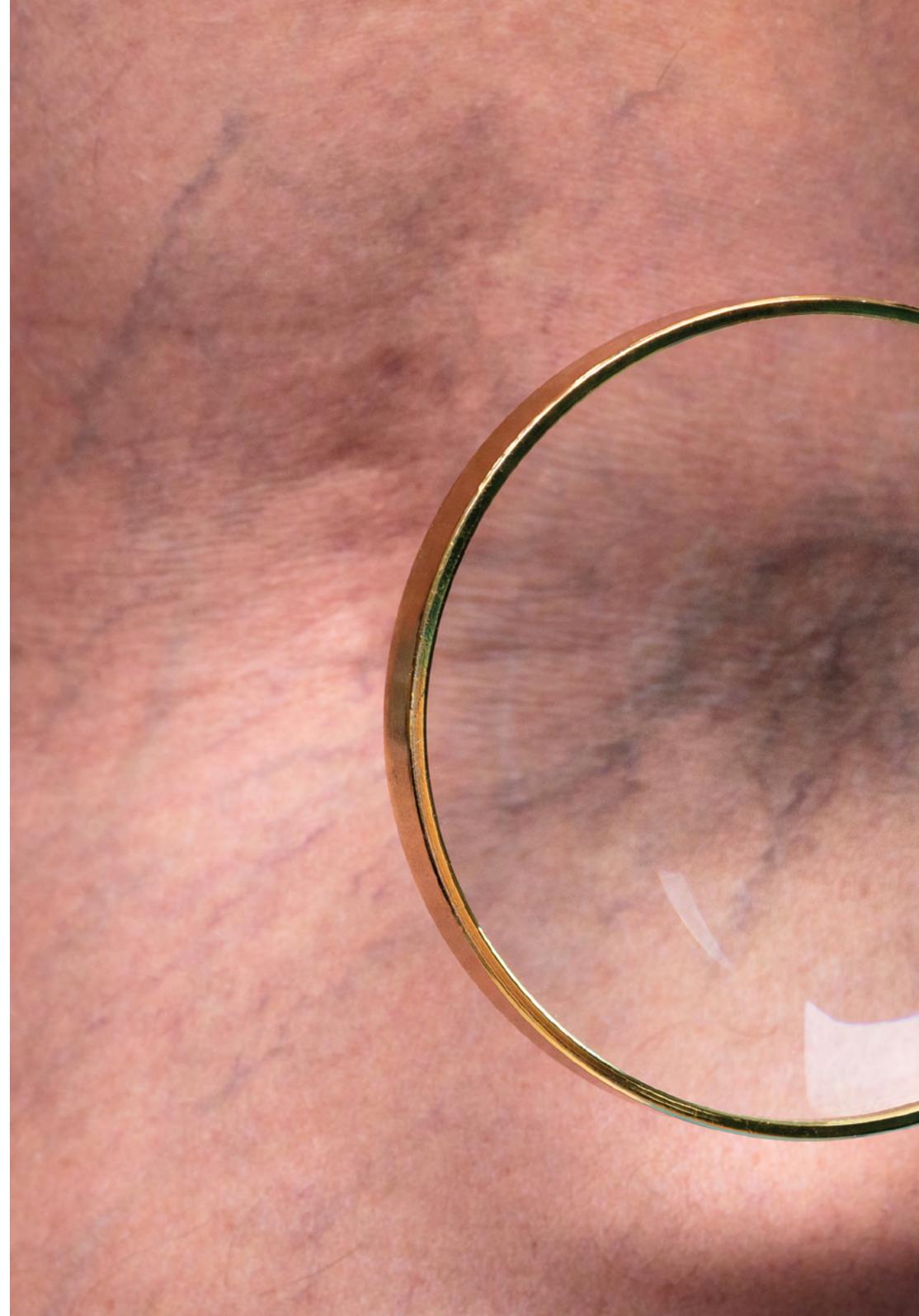
- ♦ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie an der Autonomen Universität Barcelona
- ♦ Fachärztin für Hämatologie und Hämotherapie im Rahmen des MIR-Programms am Universitätsklinikum Bellvitge
- ♦ Seit 2005 Oberärztin der Abteilung für Thrombose und Hämostase am Universitätskrankenhaus Bellvitge
- ♦ Koordination der Funktionseinheit für venöse thromboembolische Erkrankungen im Krankenhaus Bellvitge seit Dezember 2007 Mitglied der Kommission für krebsassoziierte Thrombose des Institut Català d'Oncologia (ICO)

Fr. Ruperez Blanco, Ana Belen

- ♦ Hochschulabschluss in Medizin an der Universität Complutense in Madrid
- ♦ Fachärztin für medizinische Onkologie am Allgemeinen Universitätskrankenhaus Gregorio Marañon
- ♦ Oberärztin in der Abteilung für medizinische Onkologie Abteilung für Verdauungstumore, Sarkome und Hauttumore Krankenhaus Virgen de la Salud Toledo
- ♦ Masterstudiengang für VTE und Krebs, Katholische Universität San Antonio de Murcia
- ♦ Mitglied der Sektion Krebs und Thrombose der spanischen Gesellschaft für medizinische Onkologie (SEOM)

Dr. Sabater Lleal, María

- ♦ Hochschulabschluss in Biologie 2000 der Universität von Barcelona
- ♦ Spezialisierung in Biomedizin
- ♦ Promotion in Genetik im Jahr 2006 an der Universität von Barcelona
- ♦ Gruppe für Genomik von komplexen Erkrankungen Forschungsinstitut des Krankenhauses Sant Pau (IIB Sant Pau) Krankenhaus de la Santa Creu i Sant Pau Barcelona
- ♦ Assoziierte Forscherin für kardiovaskuläre Genetik in der Abteilung für kardiovaskuläre Medizin (KI)



**Dr. Souto, Juan Carlos**

- ◆ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie an der Erweiterten Universität der UCB in Lleida im Jahr 1987
- ◆ Facharzt für Hämatologie und Hämotherapie
- ◆ Promotion in Medizin und Chirurgie an der UAB
- ◆ Mitglied des Personals der Hämatologie, bis heute ohne Unterbrechung. Derzeit ist er Leiter der Abteilung für diagnostische und translationale Forschung bei Hämostase-Erkrankungen
- ◆ Er führt seine medizinische Arbeit in der antithrombotischen Behandlung und der Beratung für thromboembolische und hämorrhagische Erkrankungen aus. Gewähltes Mitglied im Jahr 2017 des Consell Directiu del Cos Facultatiu des Krankenhauses
- ◆ Autor von 160 wissenschaftlichen Artikeln in indizierten Zeitschriften, davon 35 als Erstautor
- ◆ Autor von 290 wissenschaftlichen Mitteilungen auf nationalen und internationalen Kongressen
- ◆ Mitglied des Forschungsteams in 21 wettbewerbsfähigen Forschungsprojekten, in 7 davon als leitender Forscher
- ◆ Verantwortlich für die wissenschaftlichen Projekte GAIT 1 und 2 (Genetic Analysis of Idiopathic Thrombophilia), die von 1995 bis heute entwickelt wurden; ACOA (Alternative Control of Oral Anticoagulation) zwischen 2000 und 2005; RETROVE (Risk of Venous Thromboembolic Disease) seit 2012; MIRTO (Modelling the Individual Risk of Thrombosis in Oncology), seit 2015
- ◆ Leitender Datenanalyst (CNAG-CRG)

Dr. Vidal, Francisco

- ◆ Hochschulabschluss in Biologie an der Universität von Barcelona
- ◆ Offizielles Doktorandenprogramm in Biochemie und Molekularbiologie und Genetik Universität von Barcelona
- ◆ Executive Master in Healthcare Organization ESADE Business School/ Ramon Llull University
- ◆ Facharzt in der Blut- und Gewebekbank (BST) Barcelona

05

Struktur und Inhalt

Die Struktur des Inhalts wurde von den besten Experten auf dem Gebiet der Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose entworfen, mit umfassender Erfahrung und anerkanntem Ansehen in der Branche, gestützt durch die Menge der untersuchten, untersuchten und diagnostizierten Fälle, und mit umfassenden Kenntnissen der neuen Technologien, die in der Genom- und Präzisionsmedizin angewendet werden.





“

Dieser private Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombosis, enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt"

Modul 1. Einführung in die Hämostase

- 1.1. Einleitung. Geschichte und evolutionäre Aspekte
 - 1.1.1. Geschichte
 - 1.1.2. Evolutionäre Aspekte
- 1.2. Das Endothel und die Blutplättchen in der Physiologie der Hämostase
 - 1.2.1. Die Rolle des Endothels bei der Blutstillung
 - 1.2.2. Thrombozyten. Thrombozytenmembran-Rezeptoren
 - 1.2.3. Bildung von Thrombozytenpfropfen. Thrombozytenadhäsion und -aggregation
 - 1.2.4. Mikropartikel
 - 1.2.5. Die Beteiligung anderer zellulärer Elemente an der Physiologie der Hämostase
- 1.3. Plasma-Komponente der Gerinnung. Das Fibringerinnsel
 - 1.3.1. Die Gerinnungskaskade
 - 1.3.2. Die Gerinnungsfaktoren
 - 1.3.3. Das System der Blutgerinnung
 - 1.3.4. Multikomponenten-Komplexe
- 1.4. Regulierungsmechanismen der Blutgerinnung
 - 1.4.1. Inhibitoren von aktivierten Faktoren
 - 1.4.2. Regulatoren von Cofaktoren
- 1.5. Fibrinolyse
 - 1.5.1. Das fibrinolytische System
 - 1.5.2. Aktivierung der Fibrinolyse
 - 1.5.3. Regulierung der Fibrinolyse
 - 1.5.4. Zelluläre Rezeptoren für die Fibrinolyse
- 1.6. Das Gerinnungslabor. Prä-analytische Phase
 - 1.6.1. Patienten und Probenentnahme
 - 1.6.2. Probentransport und -verarbeitung
- 1.7. Studie über Blutplättchen
 - 1.7.1. Methoden zur Messung der Thrombozytenfunktion
 - 1.7.2. Verstopfungszeit (PFA-100®)
 - 1.7.3. Durchflusszytometrie

- 1.8. Erforschung der Plasmaphase der Gerinnung
 - 1.8.1. Klassische Gerinnungstechniken
 - 1.8.2. Quantifizierung von Gerinnungsfaktoren
 - 1.8.3. Studie über spezifische und unspezifische Inhibitoren
 - 1.8.4. Labortests der Fibrinolyse
 - 1.8.5. Die Thrombophilie-Studie
 - 1.8.6. Labortests für die Überwachung von gerinnungshemmenden Medikamenten
- 1.9. Techniken für die globale Hämostase-Analyse
 - 1.9.1. Definition und Klassifizierung
 - 1.9.2. Test zur Thrombinbildung
 - 1.9.3. Viskoelastometrische Techniken
- 1.10. Klinische Fälle und Übungen
 - 1.10.1. Klinische Fälle
 - 1.10.2. Übungen

Modul 2. Pathophysiologie und Epidemiologie der venösen thromboembolischen Erkrankung

- 2.1. Allgemeine Einführung in die Komplexität und die klinischen Auswirkungen von VTE
 - 2.1.1. Allgemeine Einführung in die Komplexität
 - 2.1.2. Klinischer Auswirkungen der VTE
- 2.2. Pathologische Thrombusbildung
 - 2.2.1. Das Gleichgewicht der Hämostase
 - 2.2.2. Die Störung des Gleichgewichts (klassische Virchow-Triade) und die Folgen
 - 2.2.3. Normale und pathologische Venenfunktion
 - 2.2.4. Die Rolle der Venenklappen bei pathologischen Thromben
 - 2.2.5. Die Rolle des vaskulären Endothels
 - 2.2.6. Die Rolle der Blutplättchen und Polyphosphate
 - 2.2.7. Die Rolle der neutrophilen extrazellulären Fallen (NETs)
 - 2.2.8. Die Rolle der zirkulierenden Mikropartikel
 - 2.2.9. Lokale entzündliche Prozesse
 - 2.2.10. Paraneoplastische Thrombose (in Verbindung mit Modul 4)
 - 2.2.11. Mechanismus und Ort der Thrombusbildung

- 2.3. Klassifizierung und Merkmale von VTEE nach anatomischen Lokalisationen
 - 2.3.1. Lage in den unteren Extremitäten
 - 2.3.2. Lokalisierung in den oberen Extremitäten
 - 2.3.3. Pulmonale Thromboembolie
 - 2.3.4. Atypische Orte
 - 2.3.4.1. Viszeral
 - 2.3.4.2. Intrakraniell
- 2.4. Klassifizierung der Thrombose nach den Begleitumständen
 - 2.4.1. Spontan vs. Sekundär
 - 2.4.2. Umweltbedingte Risikofaktoren (Tabelle a)
 - 2.4.3. Die Rolle von Rasse, Alter und Geschlecht
 - 2.4.4. Rolle der intravaskulären Geräte (intravenöse Katheter)
- 2.5. Folgen von VTEE
 - 2.5.1. Postthrombotisches Syndrom und Restthrombose. Beziehung zum Wiederauftreten
 - 2.5.2. Chronische pulmonale Hypertonie
 - 2.5.3. Kurz- und Langzeitsterblichkeit
 - 2.5.4. Über Lebensqualität
- 2.6. Auswirkungen von VTEE auf die globale Krankheitslast
 - 2.6.1. Beitrag zur globalen Belastung durch Krankheiten
 - 2.6.2. Auswirkungen auf die Wirtschaft
- 2.7. Epidemiologie von VTEE
 - 2.7.1. Beeinflussende Variablen (Alter, Rasse, Komorbiditäten, Medikamente, saisonale Faktoren, usw.)
- 2.8. Risiko und Epidemiologie des Wiederauftretens von Thrombosen
 - 2.8.1. Unterschiede zwischen den Geschlechtern
 - 2.8.2. Unterschiede je nach den mit der ersten Episode verbundenen Umständen
- 2.9. Thrombophilie
 - 2.9.1. Klassisches Konzept
 - 2.9.2. Biologische Biomarker für Thrombophilie
 - 2.9.2.1. Genetisch
 - 2.9.2.2. Plasma
 - 2.9.2.3. Zellulär

- 2.9.3. Laboruntersuchung der Thrombophilie
 - 2.9.3.1. Diskussion über seine Nützlichkeit
 - 2.9.3.2. Klassische Anomalien
 - 2.9.3.3. Andere Biomarker oder intermediäre Phänotypen (Tabelle b)
- 2.10. Thrombophilie als Konzept einer komplexen und chronischen Pathologie
 - 2.10.1. Hohe Komplexität (siehe Abschnitt 2.1)
 - 2.10.2. Die Bedeutung der genetischen Grundlage. Konzept der Vererbbarkeit
 - 2.10.3. Bekannte genetische Risikofaktoren (Tabelle c). Beziehung zu den Modulen 7 und 8
 - 2.10.4. Zu entdeckende Vererbbarkeit
- 2.11. Individuelles Risikoprofil
 - 2.11.1. Konzept
 - 2.11.2. Permanente (genetische) Komponenten
 - 2.11.3. Veränderte Umstände
 - 2.11.4. Neue und leistungsstarke mathematische Modelle zur gemeinsamen Bewertung aller Risikovariablen (Link zu Modul 9)

Modul 3. Diagnose, Behandlung und Prophylaxe von venösen thromboembolischen Erkrankungen (VTEE)

- 3.1. Diagnose von VTEE:
 - 3.1.1. Klinische Präsentation und diagnostische Wahrscheinlichkeitsskalen
 - 3.1.2. Ergänzende Tests (D-Dimer, bildgebende Tests)
 - 3.1.3. Prognostische Risikostratifizierung von Parkinson-Patienten
- 3.2. Behandlung von VTEE
 - 3.2.1. Antithrombotische Medikamente
 - 3.2.2. Behandlung der Frühphase (akute Phase und bis zu 3-6 Monate)
 - 3.2.3. Dauer der Behandlung und Langzeitbehandlung (> 6 Monate)
 - 3.2.4. Komplikationen der antithrombotischen Therapie
- 3.3. VTEE-Prophylaxe:
 - 3.3.1. Prophylaxe für den medizinischen Patienten
 - 3.3.2. Prophylaxe für chirurgische Patienten
 - 3.3.3. Klinische Fälle

Modul 4. Besondere Situationen I: Thrombose im onkologischen Umfeld

- 4.1. Epidemiologie und Risikofaktoren
 - 4.1.1. Epidemiologie
 - 4.1.2. Patienten-assoziierte Risikofaktoren
 - 4.1.3. Tumor-assoziierte Risikofaktoren
 - 4.1.4. Mit der Behandlung verbundene Risikofaktoren
- 4.2. Thromboseprophylaxe bei Patienten in der medizinischen Onkologie
 - 4.2.1. Einführung
 - 4.2.2. Thromboseprophylaxe bei Patienten in der medizinischen Onkologie
- 4.3. Thromboseprophylaxe bei chirurgischen Patienten
 - 4.3.1. Einführung
 - 4.3.2. Thromboseprophylaxe bei chirurgischen Patienten
- 4.4. Thromboseprophylaxe bei Patienten in der Onkologie, die eine systemische Therapie erhalten, in einer ambulanten Umgebung
 - 4.4.1. Einführung
 - 4.4.2. Thromboseprophylaxe bei Patienten in der Onkologie, die eine systemische Therapie erhalten, in einer ambulanten Umgebung
- 4.5. Vorhersagemodelle für das Thromboserisiko
 - 4.5.1. Khorana Score
 - 4.5.2. Andere prädiktive Risikomodelle
 - 4.5.3. Andere mögliche Anwendungen von prädiktiven Risikomodellen
- 4.6. Erstbehandlung von Thrombosen im Zusammenhang mit Krebs
 - 4.6.1. Einführung
 - 4.6.2. Erstes Management von Thrombosen im Zusammenhang mit Krebs
- 4.7. Langfristige Behandlung der krebsbedingten Thrombose
 - 4.7.1. Einführung
 - 4.7.2. Langfristige Behandlung der krebsbedingten Thrombose
- 4.8. Vorhersagemodelle für Blutungen und Rezidive. Wechselwirkungen von direkt wirkenden oralen Antikoagulantien
 - 4.8.1. Vorhersagemodelle für Blutungen und Rezidive
 - 4.8.2. Wechselwirkungen von direkt wirkenden oralen Antikoagulantien

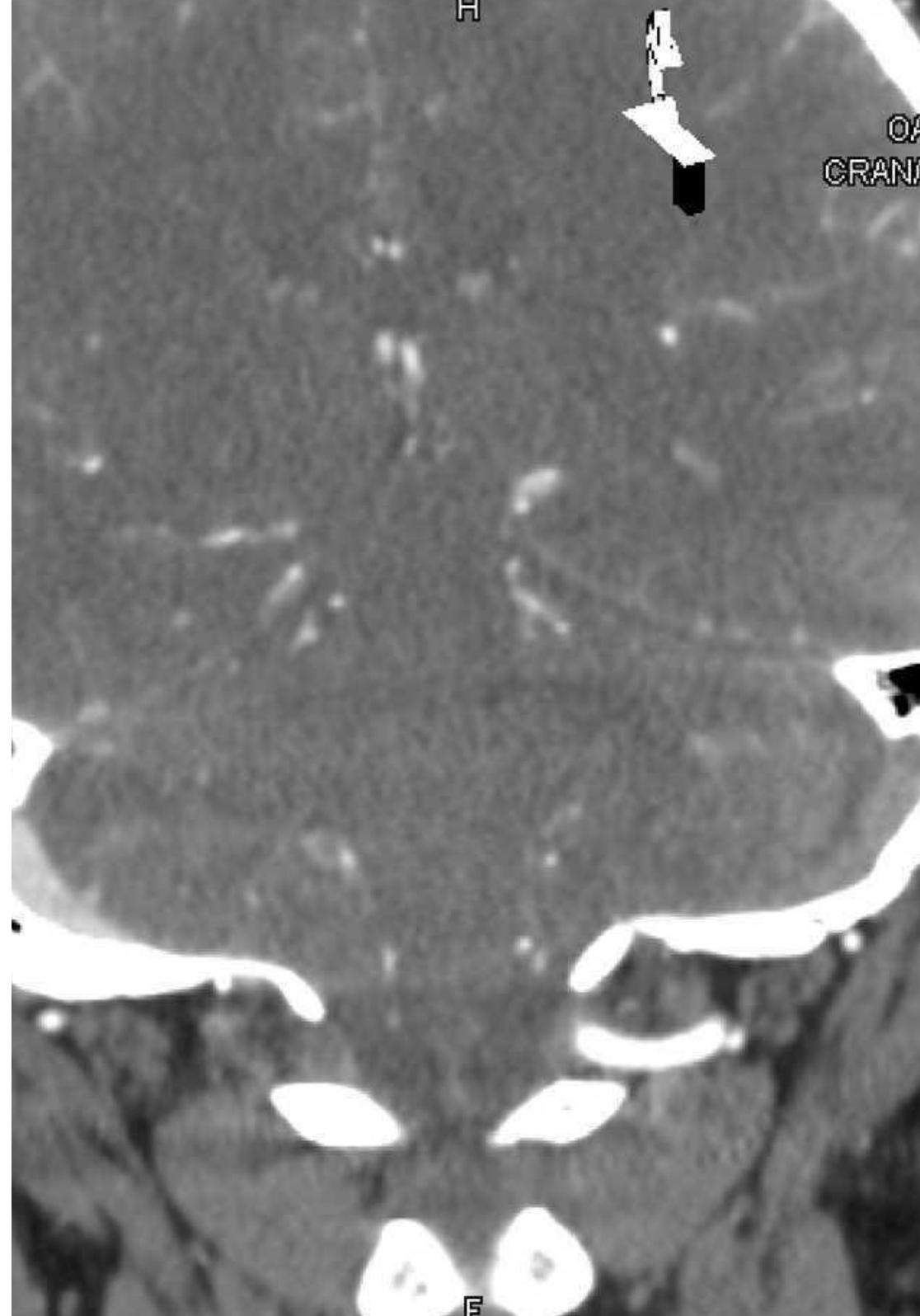
- 4.9. Anti-Tumor-Therapie und Thromboserisiko
 - 4.9.1. Chemotherapie
 - 4.9.2. Hormontherapie
 - 4.9.3. Biologische Pharmazeutika
 - 4.9.4. Immuntherapie
 - 4.9.5. Unterstützende Behandlung

Modul 5. Besondere Situationen II: Thrombose bei der Frau

- 5.1. Pathophysiologie der Hämostase in den verschiedenen Stadien der Reifung bei Frauen
 - 5.1.1. Einführung
 - 5.1.2. Physiologische Risikofaktoren
 - 5.1.3. Erworbene Risikofaktoren
- 5.2. Thrombophilie und Frauen
 - 5.2.1. Hereditäre Thrombophilie
 - 5.2.2. Erworbene Thrombophilie
 - 5.2.3. Indikationen für Tests
- 5.3. Empfängnisverhütung und Hormontherapie und venöse thromboembolische Erkrankungen
 - 5.3.1. Einführung
 - 5.3.2. Empfängnisverhütung bei Frauen mit thrombotischen Risikofaktoren
 - 5.3.3. Empfängnisverhütung bei Frauen nach einem thrombotischen Ereignis
- 5.4. Strategien zur Prävention venöser thromboembolischer Erkrankungen bei nicht schwangeren Frauen im gebärfähigen Alter
 - 5.4.1. Nicht schwangere Frauen ohne Vorgeschichte einer Thrombose
 - 5.4.2. Nicht schwangere Frauen mit einer Thrombose in der Vorgeschichte
- 5.5. Venöse thromboembolische Erkrankungen während der Schwangerschaft und des Wochenbetts
 - 5.5.1. Inzidenz und Epidemiologie
 - 5.5.2. Risikofaktoren. Skalen zur Risikobewertung
 - 5.5.3. Klinisches Bild
 - 5.5.4. Diagnostische Strategie
 - 5.5.5. Behandlung
 - 5.5.6. Prophylaxe
 - 5.5.7. Behandlung von Patienten mit Herzklappen
- 5.6. Venöse thromboembolische Erkrankung und Kaiserschnitt
 - 5.6.1. Inzidenz und Epidemiologie
 - 5.6.2. Risikofaktoren. Skalen zur Risikobewertung
 - 5.6.3. Behandlung und Prophylaxe
- 5.7. Assistierte Reproduktionstechniken und venöse thromboembolische Erkrankungen
 - 5.7.1. Inzidenz und Risikofaktoren
 - 5.7.2. Klinisches Bild
 - 5.7.3. Behandlung
 - 5.7.4. Prophylaxe
- 5.8. Gerinnungshemmende Medikamente während der Schwangerschaft, des Wochenbetts und der Stillzeit
 - 5.8.1. Unfraktioniertes Heparin
 - 5.8.2. Heparin mit niedrigem Molekulargewicht
 - 5.8.3. Vitamin K-Antagonisten
 - 5.8.4. Management der peripartalen Antikoagulationstherapie
 - 5.8.5. Komplikationen der Antikoagulationstherapie
- 5.9. Gynäkologisches Antiphospholipid-Syndrom
 - 5.9.1. Inzidenz und Epidemiologie
 - 5.9.2. Labordiagnose von geburtshilflichem APS
 - 5.9.3. Behandlung von geburtshilflichem APS
 - 5.9.4. Behandlung von Frauen im gebärfähigen Alter mit isolierten Antiphospholipid-Antikörpern
- 5.10. Klimakterium, Menopause und Thrombose
 - 5.10.1. Inzidenz und Epidemiologie
 - 5.10.2. Kardiovaskuläres Risiko
 - 5.10.3. Hormonersatztherapie

Modul 6. Omics-Daten: Einführung in die Programmiersprache R

- 6.1. Grundlegende Einführung in das UNIX/Linux-Betriebssystem
 - 6.1.1. Geschichte und Philosophie
 - 6.1.2. Befehlsinterpret (Shell)
 - 6.1.3. Grundlegende Linux-Befehle
 - 6.1.4. Textverarbeitungsprogramme
- 6.2. UNIX/Linux Dateiverwaltung
 - 6.2.1. Dateisystem
 - 6.2.2. Benutzer und Gruppen
 - 6.2.3. Zugriffsrechte
- 6.3. UNIX/Linux-Systemverwaltung
 - 6.3.1. Aufgaben (*jobs*)
 - 6.3.2. Protokolle (*logs*)
 - 6.3.3. Tools zur Überwachung
 - 6.3.4. Netzwerke
- 6.4. Einführung und grundlegende Funktionen von R
 - 6.4.1. Was ist R?
 - 6.4.2. Erste Schritte
 - 6.4.2.1. Installation und grafische Benutzeroberfläche
 - 6.4.2.2. Arbeitsbereich (*Workspace*)
 - 6.4.3. Erweiterungen in R
 - 6.4.3.1. Standard-Pakete
 - 6.4.3.2. Beigetragene Pakete, CRAN und Bioconductor
- 6.5. Datentypen in R
 - 6.5.1. Vektoren
 - 6.5.2. Verzeichnisse
 - 6.5.3. Indizierte Variablen (*Arrays*) und Matrizen
 - 6.5.4. Faktoren
 - 6.5.5. Datenblätter (*Data Frames*)
 - 6.5.6. Text-Strings
 - 6.5.7. Andere Datentypen



- 6.6. Datenverwaltung in R
 - 6.6.1. Importieren und Exportieren von Daten
 - 6.6.2. Datenmanipulation
 - 6.6.2.1. Vektoren
 - 6.6.2.2. Matrizen
 - 6.6.2.3. Text-Strings
 - 6.6.2.4. Datenblätter
- 6.7. Kontrollfunktionen und Schleifen in R
 - 6.7.1. Bedingte Ausführung: *if*
 - 6.7.2. Schleifen: *For*, *Repeat*, *While*
 - 6.7.3. Funktionen vom Typ *apply*
- 6.8. Statistische Modelle in R
 - 6.8.1. Univariate Daten
 - 6.8.2. Multivariate Daten
 - 6.8.3. Hypothesentest
- 6.9. Grafische Darstellung in R
 - 6.9.1. Grundlegende Darstellungen
 - 6.9.2. Parameter und grafische Elemente
 - 6.9.3. Das *ggplot2* Paket
- 6.10. Definition von Funktionen in R
 - 6.10.1. Einfache Beispiele
 - 6.10.2. Argumente und Standardwerte
 - 6.10.3. Zuweisungen innerhalb einer Funktion

Modul 7. Thrombose im Zeitalter der Genomik I: Genomweite Studien (GWAS)

- 7.1. Einführung in die Genetik
 - 7.1.1. Einführung und Grundkonzepte
 - 7.1.1.1. Gene
 - 7.1.1.2. Polymorphismen, Allele und *loci*
 - 7.1.1.3. Haplotypen
 - 7.1.1.4. Konzept des Kopplungsungleichgewichts (linkage disequilibrium)
 - 7.1.1.5. Genotyp
 - 7.1.1.6. Phänotyp
 - 7.1.2. Genetik zur Untersuchung komplexer Krankheiten
 - 7.1.2.1. Komplexe und seltene Krankheiten
 - 7.1.2.2. Kandidatengene versus genomweite Studien
 - 7.1.3. Polymorphismus-Typen, Nomenklatur und Genom-Versionen
 - 7.1.4. Genotypisierungs-Chips
- 7.2. Einführung in genomweite Analysestudien (GWAS)
 - 7.2.1. Was ist eine GWAS?
 - 7.2.2. Design von GWAS-Studien
 - 7.2.2.1. Vererbbarkeit
 - 7.2.2.2. Fall-Kontrolle versus quantitative Merkmalsanalyse
 - 7.2.2.3. Stichprobengröße und statistische Aussagekraft
 - 7.2.2.4. Verzerrungen durch die Substruktur der Bevölkerung
 - 7.2.2.5. Phänotypen: Standardisierung und *Outliers*
 - 7.2.3. Der genetische Assoziationstest
 - 7.2.4. Nützliche Software für GWAS
- 7.3. Genetische Imputation
 - 7.3.1. Konzept der Imputation
 - 7.3.2. Referenz-Panels
 - 7.3.1.1. Projekt *Hap Map*
 - 7.3.1.2. Projekt *1000 Genomes*
 - 7.3.1.3. Projekt *Haplotype Reference Consortium*
 - 7.3.1.4. Andere bevölkerungsspezifische Projekte

- 7.4. Qualitätskontrolle und Filter
 - 7.4.1. Vor-Imputationsfilter
 - 7.4.1.1. Minor-Allel-Häufigkeit
 - 7.4.1.2. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
 - 7.4.1.3. Genotypisierungsfehler (*Call Rate*)
 - 7.4.1.4. Überschüssige Heterozygotie
 - 7.4.1.5. Mendelsche Fehler
 - 7.4.1.6. Geschlechtliche Fehler
 - 7.4.1.7. Richtung der Kette
 - 7.4.1.8. Verwandtschaftliche Beziehungen
 - 7.4.2. Post-Imputationsfilter
 - 7.4.2.1. Monomorphe Varianten, Häufigkeiten
 - 7.4.2.2. Qualität der Imputation
 - 7.4.3. Post-GWAS-Filter
 - 7.4.4. *Software* zur Qualitätskontrolle
- 7.5. Analyse und Interpretation der GWAS-Ergebnisse
 - 7.5.1. Manhattan Plot
 - 7.5.2. Korrektur von *Multiple Testing* und *Genome-wide* signifikante Ergebnisse
 - 7.5.3. Konzept des genetischen Locus
- 7.6. Meta-Analyse und Replikation
 - 7.6.1. Üblicher *Workflow* für GWAS-Studien
 - 7.6.2. Meta-Analyse
 - 7.6.2.1. Methoden der Meta-Analyse
 - 7.6.2.2. Für die Durchführung einer Meta-Analyse benötigte Informationen
 - 7.6.2.3. Ergebnis der Meta-Analyse
 - 7.6.2.4. Beispiele für Meta-Analyse-*Software*
 - 7.6.3. Die wichtigsten Konsortien

- 7.7. Post-GWAS-Analyse
 - 7.7.1. *Fine-mapping* und Regionalgrafik
 - 7.7.2. Bedingte Analyse
 - 7.7.3. Auswahl des besten Kandidatengens (vom Locus zum Gen)
 - 7.7.3.1. Ausnutzung von Ausdrucksinformationen
 - 7.7.3.2. Anreicherungsanalysen für Gensätze (*Gene Set Enrichment Analyses*)
 - 7.7.3.3. Studie über die mögliche funktionelle Wirkung des Polymorphismus
- 7.8. Die Ära der GWAS
 - 7.8.1. GWAS-Daten-Repositorien
 - 7.8.2. Eine Bestandsaufnahme der Ergebnisse der GWAS-Ära
- 7.9. Verwendung der GWAS-Ergebnisse
 - 7.9.1. Modelle zur Risikoeinschätzung
 - 7.9.2. Mendelsche Randomisierungsstudien
- 7.10. Genetische Analyse von venösen thromboembolischen Erkrankungen (VTE)
 - 7.10.1. Ein bisschen Geschichte
 - 7.10.2. Die wichtigsten GWAS-Studien zu VTE
 - 7.10.3. Ergebnisse der neuesten Studien
 - 7.10.4. Klinische Implikationen der genetischen Befunde: die Bedeutung der Gerinnungskaskade und neue beteiligte Stoffwechselwege
 - 7.10.5. Zukünftige Strategien

Modul 8. Thrombose im Zeitalter der Genomik II: Massive Sequenzierungsstudien

- 8.1. Genetische Grundlagen und molekulare Untersuchungen bei Thrombose und Hämostase
 - 8.1.1. Molekulare Epidemiologie bei Thrombose und Hämostase
 - 8.1.2. Genetische Untersuchung von angeborenen Krankheiten
 - 8.1.3. Klassischer Ansatz für die Molekulardiagnostik
 - 8.1.4. Indirekte Diagnose oder genetische Verknüpfungstechniken
 - 8.1.5. Direkte Diagnoseverfahren
 - 8.1.5.1. Mutations-Screening
 - 8.1.5.2. Direkte Identifizierung von Mutationen

- 8.2. DNA-Sequenzierungstechniken
 - 8.2.1. Traditionelle Sanger-Sequenzierung
 - 8.2.1.1. Merkmale der Technik, Grenzen und Anwendung bei Thrombose und Hämostase
 - 8.2.2. Sequenzierung der nächsten Generation oder NGS
 - 8.2.2.1. NGS-Plattformen in der Molekulardiagnostik
 - 8.2.2.2. Überblick über die Technologie, Möglichkeiten und Grenzen von NGS im Vergleich zur traditionellen Sequenzierung
 - 8.2.3. Sequenzierung der dritten Generation (TGS)
- 8.3. Verschiedene Ansätze zum genetischen Screening durch NGS
 - 8.3.1. Sequenzierung von Genpanels
 - 8.3.2. Vollständige Exom-Sequenzierung und vollständige Genom-Sequenzierung
 - 8.3.3. Transkriptomik durch RNA-Seq
 - 8.3.4. MicroRNA-Sequenzierung
 - 8.3.5. Kartierung von Protein-DNA-Interaktionen mit ChIP-Seq
 - 8.3.6. Analyse von Epigenomik und DNA-Methylierung durch NGS
- 8.4. Bioinformatische Analyse von NGS-Daten
 - 8.4.1. Die Herausforderung der bioinformatischen Analyse von massiven NGS-generierten Daten
 - 8.4.2. Computing-Anforderungen für die Verwaltung und Analyse von NGS-Daten
 - 8.4.2.1. Speicherung, Übertragung und gemeinsame Nutzung von NGS-Daten
 - 8.4.2.2. Für die Analyse von NGS-Daten erforderliche Rechenleistung
 - 8.4.2.3. Softwareanforderungen für die NGS-Datenanalyse
 - 8.4.2.4. Bioinformatikkenntnisse für die Analyse von NGS-Daten erforderlich
 - 8.4.3. *Base Calling*, FASTQ-Dateiformat und Base Quality Scores
 - 8.4.4. Qualitätskontrolle und Vorverarbeitung von NGS-Daten
 - 8.4.5. Mapping von Lesungen
 - 8.4.6. Variantenaufrufe
 - 8.4.7. Tertiäre Analyse
 - 8.4.8. Analyse der strukturellen Variation durch NGS
 - 8.4.9. Methoden zur Schätzung der Kopienzahlvariation aus NGS-Daten
- 8.5. Konzept und Arten der durch NGS nachweisbaren Mutationen
 - 8.5.1. Molekulare Ätiologie von thrombotischen und hämorrhagischen Erkrankungen
 - 8.5.2. Nomenklatur der Mutationen
 - 8.5.3. Funktionelle Bedeutung der identifizierten Varianten/Mutationen
 - 8.5.4. Unterscheidung zwischen Mutation und Polymorphismus
- 8.6. Grundlegende molekulare Datenbanken in NGS
 - 8.6.1. Locus-spezifische Datenbanken (LSMD)
 - 8.6.2. Frühere Mutationsbeschreibungen in Datenbanken
 - 8.6.3. Datenbanken mit Varianten, die in der gesunden Bevölkerung durch NGS entdeckt wurden
 - 8.6.4. Molekulare Datenbanken mit klinischen Annotationen
- 8.7. Analyse und Interpretation von NGS-Ergebnissen bei Thrombose und Hämostase
 - 8.7.1. Validierung von Mutationen
 - 8.7.2. Konzept der Pathogenität von Mutationen
 - 8.7.3. Genotyp-Phänotyp-Korrelation
 - 8.7.3.1. *in silico* Studien
 - 8.7.3.2. Studien zur Expression
 - 8.7.3.3. *in vitro*-Funktionsstudien
- 8.8. Die Rolle von NGS in der genetischen Beratung und pränatalen Diagnose
 - 8.8.1. Genetische Beratung in der NGS-Ära
 - 8.8.2. Ethische Fragen im Zusammenhang mit NGS und Ganzgenomsequenzierung für die genetische Beratung und klinische Diagnose
 - 8.8.3. Konventionelle pränatale Diagnose und Methoden
 - 8.8.4. Genetische Präimplantationsdiagnostik
 - 8.8.5. Nicht-invasive pränatale Diagnose
 - 8.8.5.1. Verwendung von fötaler DNA im mütterlichen Kreislauf für die pränatale Diagnose
 - 8.8.5.2. Sequenzierung von SNPs aus zirkulierender fötaler DNA
 - 8.8.5.3. Grenzen und Herausforderungen bei nicht-invasiven pränatalen Tests auf der Grundlage von NGS
 - 8.8.5.4. Klinische Anwendung nicht-invasiver pränataler Aneuploidie-Tests

- 8.9. Zukunftsperspektiven für NGS-Technologien und Datenanalyse
 - 8.9.1. Mittelfristige technologische Entwicklung der Sequenzierung
 - 8.9.2. Entwicklung von Bioinformatik-Tools für die Analyse von Hochdurchsatz-Sequenzierungsdaten
 - 8.9.3. Standardisierung und Rationalisierung von NGS-Analyseprozessen
 - 8.9.4. Paralleles Rechnen
 - 8.9.5. Cloud Computing

Modul 9. Thrombose im Zeitalter der Genomik III: Studien zur Regulierung der Genexpression (RNA und miRNA)

- 9.1. Einführung in RNA-seq
 - 9.1.1. Beschreibung der Technik
 - 9.1.2. Vorteile gegenüber Expression Arrays
 - 9.1.3. Beschränkungen
- 9.2. Versuchsplanung für RNA-seq-Studien
 - 9.2.1. Konzept der *Randomization* und *Blocking*
 - 9.2.2. Biologische Replikate vs. Technische Replikate
 - 9.2.3. Anzahl der Wiederholungen
 - 9.2.4. Tiefe der Sequenzierung
 - 9.2.5. Typ der Bibliothek
- 9.3. Qualitätskontrolle für RNA-seq
 - 9.3.1. Qualitätsmetriken für RNA-seq
 - 9.3.2. Programme für die Qualitätskontrolle bei RNA-seq
- 9.4. RNA-Ausrichtung und -Quantifizierung
 - 9.4.1. Mit Referenzgenom (*Genome-based*)
 - 9.4.2. Ohne Referenzgenom (*Transcriptome-based*)
- 9.5. De novo Assemblierung und RNA-Annotation
 - 9.5.1. *Pipeline* ohne Referenztranskriptom
 - 9.5.2. Annotation von kodierenden und nicht kodierenden Transkripten
- 9.6. Differenzielle Expression mit RNA-seq
 - 9.6.1. Normalisierung
 - 9.6.2. Eliminierung von latenten Variablen
 - 9.6.3. Statistische Programme und Methoden
 - 9.6.4. Funktionale Anreicherung
- 9.7. Andere Anwendungen der RNA-seq-Technologie
 - 9.7.1. Nachweis von alternativem *Splicing*
 - 9.7.2. Nachweis von Chimären-Transkripten
 - 9.7.3. Erkennung von Mutationen
 - 9.7.4. Nachweis der *Allele-specific Expression*
- 9.8. *Small RNA-seq*
 - 9.8.1. Aufbau der *Small RNA-seq*-Bibliothek
 - 9.8.1.1. Qualitätskontrolle für *Small RNA-seq*
 - 9.8.2. Ausrichtung und Quantifizierung für *Small RNA-seq*
 - 9.8.3. miRNA-Annotation
 - 9.8.4. miRNA-Ziele
- 9.9. Gene *Coexpression Networks*
 - 9.9.1. Konzept der gene *Coexpression Networks*
 - 9.9.2. Differentielle Koexpression vs. Differentielle Expression
 - 9.9.3. *Weighted gene Coexpression Networks Analysis* (WGCNA)
 - 9.9.4. Visualisierung von gene *Coexpression Networks*
- 9.10. Analyse der Regulation der Genexpression bei venösen thromboembolischen Erkrankungen (VTE)
 - 9.10.1. Ein bisschen Geschichte
 - 9.10.2. Einschlägige Studien zur VTE
 - 9.10.3. Ergebnisse der neuesten Studien
 - 9.10.4. Klinische Implikationen der Ergebnisse
 - 9.10.5. Praktische Beispiele und Übungen

Modul 10. Prädiktive Modelle

- 10.1. Statistisches Lernen
 - 10.1.1. Schätzung von f
 - 10.1.2. Überwachtes und unüberwachtes Lernen
 - 10.1.3. Regressions- und Klassifikationsprobleme
 - 10.1.4. Lineare und nicht-lineare Modelle
- 10.2. Vorverarbeitung der Daten
 - 10.2.1. Normalisierung
 - 10.2.2. Anrechnung
 - 10.2.3. Untypische Werte (*Outliers*)
- 10.3. Lineare Regression
 - 10.3.1. Lineare Modelle
 - 10.3.2. Analyse der Varianz (ANOVA)
 - 10.3.3. Modelle mit gemischten Effekten
- 10.4. Klassifizierung
 - 10.4.1. Logistische Regression
 - 10.4.2. Lineare Diskriminanzanalyse
 - 10.4.3. K nächstgelegene Nachbarn (KNN)
- 10.5. Resampling-Methoden
 - 10.5.1. Kreuzvalidierung
 - 10.5.1.1. Validierungsset oder Test
 - 10.5.1.2. Eine auslassen Cross-Validierung (*Leave One Out*)
 - 10.5.1.3. Kreuzvalidierung von k Iterationen (*k-Fold*)
 - 10.5.2. *Bootstrap*
- 10.6. Lineare Modellauswahl
 - 10.6.1. Vergleich von verschachtelten Modellen
 - 10.6.2. *Stepwise* Algorithmen
 - 10.6.3. Lineare Modell-Diagnose

- 10.7. Regulierung
 - 10.7.1. Der Fluch der Dimension
 - 10.7.2. Regression der Hauptkomponenten
 - 10.7.3. Partielle kleinste Quadrate Regression
 - 10.7.4. *Shrinkage* Methoden
 - 10.7.4.1. *Ridge*-Regression
 - 10.7.4.2. Lasso
- 10.8. Entscheidungsbaum-Methoden
 - 10.8.1. Einführung in Entscheidungsbäume
 - 10.8.2. Arten von Entscheidungsbäumen
 - 10.8.2.1. *Bagging*
 - 10.8.2.2. Zufällige Wälder (*Random Forests*)
 - 10.8.2.3. *Boosting*
- 10.9. Support-Vektor-Maschinen
 - 10.9.1. Maximum Margin Klassifikatoren
 - 10.9.2. Support-Vektor-Maschinen
 - 10.9.3. Hyperparameter-Abstimmung
- 10.10. Unüberwachtes Lernen
 - 10.10.1. Hauptkomponentenanalyse
 - 10.10.2. Clustering-Methoden (*Clustering*)
 - 10.10.2.1. K-means Clustering (*K-means*)
 - 10.10.2.2. Hierarchisches Clustering



Eine einzigartige, wichtige und entscheidende Fortbildungserfahrung, die Ihre berufliche Entwicklung fördert"

06

Methodik

Dieses Fortbildungsprogramm bietet eine andere Art des Lernens. Unsere Methodik wird durch eine zyklische Lernmethode entwickelt: **das Relearning**.

Dieses Lehrsystem wird z. B. an den renommiertesten medizinischen Fakultäten der Welt angewandt und wird von wichtigen Publikationen wie dem **New England Journal of Medicine** als eines der effektivsten angesehen.



“

Entdecken Sie Relearning, ein System, das das herkömmliche lineare Lernen aufgibt und Sie durch zyklische Lehrsysteme führt: eine Art des Lernens, die sich als äußerst effektiv erwiesen hat, insbesondere in Fächern, die Auswendiglernen erfordern"

Bei TECH verwenden wir die Fallmethode

Was sollte eine Fachkraft in einer bestimmten Situation tun? Während des gesamten Programms werden die Studenten mit mehreren simulierten klinischen Fällen konfrontiert, die auf realen Patienten basieren und in denen sie Untersuchungen durchführen, Hypothesen aufstellen und schließlich die Situation lösen müssen. Es gibt zahlreiche wissenschaftliche Belege für die Wirksamkeit der Methode. Fachkräfte lernen mit der Zeit besser, schneller und nachhaltiger.

Mit TECH werden Sie eine Art des Lernens erleben, die die Grundlagen der traditionellen Universitäten in der ganzen Welt verschiebt.



Nach Dr. Gérvas ist der klinische Fall die kommentierte Darstellung eines Patienten oder einer Gruppe von Patienten, die zu einem "Fall" wird, einem Beispiel oder Modell, das eine besondere klinische Komponente veranschaulicht, sei es wegen seiner Lehrkraft oder wegen seiner Einzigartigkeit oder Seltenheit. Es ist wichtig, dass der Fall auf dem aktuellen Berufsleben basiert und versucht, die realen Bedingungen in der beruflichen Praxis des Arztes nachzustellen.

“

Wussten Sie, dass diese Methode im Jahr 1912 in Harvard, für Jurastudenten entwickelt wurde? Die Fallmethode bestand darin, ihnen reale komplexe Situationen zu präsentieren, in denen sie Entscheidungen treffen und begründen mussten, wie sie diese lösen könnten. Sie wurde 1924 als Standardlehrmethode in Harvard eingeführt“

Die Wirksamkeit der Methode wird durch vier Schlüsselergebnisse belegt:

1. Schüler, die dieser Methode folgen, erreichen nicht nur die Aufnahme von Konzepten, sondern auch eine Entwicklung ihrer geistigen Kapazität, durch Übungen, die die Bewertung von realen Situationen und die Anwendung von Wissen beinhalten.
2. Das Lernen basiert auf praktischen Fähigkeiten, die es den Studierenden ermöglichen, sich besser in die reale Welt zu integrieren.
3. Eine einfachere und effizientere Aufnahme von Ideen und Konzepten wird durch die Verwendung von Situationen erreicht, die aus der Realität entstanden sind.
4. Das Gefühl der Effizienz der investierten Anstrengung wird zu einem sehr wichtigen Anreiz für die Studenten, was sich in einem größeren Interesse am Lernen und einer Steigerung der Zeit, die für die Arbeit am Kurs aufgewendet wird, niederschlägt.



Relearning Methodik

TECH ergänzt den Einsatz der Harvard-Fallmethode mit der derzeit besten 100%igen Online-Lernmethode: Relearning.

Unsere Universität ist die erste in der Welt, die das Studium klinischer Fälle mit einem 100%igen Online-Lernsystem auf der Grundlage von Wiederholungen kombiniert, das mindestens 8 verschiedene Elemente in jeder Lektion kombiniert und eine echte Revolution im Vergleich zum einfachen Studium und der Analyse von Fällen darstellt.



Die Fachkraft lernt anhand realer Fälle und der Lösung komplexer Situationen in simulierten Lernumgebungen. Diese Simulationen werden mit modernster Software entwickelt die ein immersives Lernen ermöglicht.

Die Relearning-Methode, die an der Spitze der weltweiten Pädagogik steht, hat es geschafft, die Gesamtzufriedenheit der Fachleute, die ihr Studium abgeschlossen haben, im Hinblick auf die Qualitätsindikatoren der besten spanischsprachigen Online-Universität (Columbia University) zu verbessern.

Mit dieser Methode wurden mehr als 250.000 Ärzte mit beispiellosem Erfolg in allen klinischen Fachgebieten ausgebildet, unabhängig von der chirurgischen Belastung. Unsere Lehrmethodik wurde in einem sehr anspruchsvollen Umfeld entwickelt, mit einer Studentenschaft, die ein hohes sozioökonomisches Profil und ein Durchschnittsalter von 43,5 Jahren aufweist.

Das Relearning ermöglicht es Ihnen, mit weniger Aufwand und mehr Leistung zu lernen, sich mehr auf Ihre Spezialisierung einzulassen, einen kritischen Geist zu entwickeln, Argumente zu verteidigen und Meinungen zu kontrastieren: eine direkte Gleichung zum Erfolg.

In unserem Programm ist das Lernen kein linearer Prozess, sondern erfolgt in einer Spirale (lernen, verlernen, vergessen und neu lernen). Daher wird jedes dieser Elemente konzentrisch kombiniert.

Die Gesamtnote des TECH-Lernsystems beträgt 8,01 und entspricht den höchsten internationalen Standards.



Dieses Programm bietet die besten Lehrmaterialien, die sorgfältig für Fachleute aufbereitet sind:



Studienmaterial

Alle didaktischen Inhalte werden von den Fachleuten, die den Kurs unterrichten werden, speziell für den Kurs erstellt, so dass die didaktische Entwicklung wirklich spezifisch und konkret ist.

Diese Inhalte werden dann auf das audiovisuelle Format angewendet, um die TECH-Online-Arbeitsmethode zu schaffen. Und das alles mit den neuesten Techniken, die dem Studenten qualitativ hochwertige Stücke aus jedem einzelnen Material zur Verfügung stellen.



Chirurgische Techniken und Verfahren auf Video

TECH bringt den Studenten die neuesten Techniken, die neuesten pädagogischen Fortschritte und die modernsten medizinischen Verfahren näher. All dies in der ersten Person, mit äußerster Strenge, erklärt und detailliert, um zur Assimilierung und zum Verständnis des Studierenden beizutragen. Und das Beste ist, dass Sie ihn so oft anschauen können, wie Sie wollen.



Interaktive Zusammenfassungen

Das TECH-Team präsentiert die Inhalte auf attraktive und dynamische Weise in multimedialen Pillen, die Audios, Videos, Bilder, Diagramme und konzeptionelle Karten enthalten, um das Wissen zu vertiefen.

Dieses einzigartige Bildungssystem für die Präsentation multimedialer Inhalte wurde von Microsoft als "europäische Erfolgsgeschichte" ausgezeichnet.



Weitere Lektüren

Aktuelle Artikel, Konsensdokumente und internationale Leitfäden, u.a. In der virtuellen Bibliothek von TECH haben die Studenten Zugang zu allem, was sie für ihre Ausbildung benötigen.





Von Experten geleitete und von Fachleuten durchgeführte Fallstudien

Effektives Lernen muss notwendigerweise kontextabhängig sein. Aus diesem Grund stellt TECH die Entwicklung von realen Fällen vor, in denen der Experte den Studierenden durch die Entwicklung der Aufmerksamkeit und die Lösung verschiedener Situationen führt: ein klarer und direkter Weg, um den höchsten Grad an Verständnis zu erreichen.



Prüfung und Nachprüfung

Die Kenntnisse der Studenten werden während des gesamten Programms regelmäßig durch Bewertungs- und Selbsteinschätzungsaktivitäten und -übungen beurteilt und neu bewertet, so dass die Studenten überprüfen können, wie sie ihre Ziele erreichen.



Meisterklassen

Es gibt wissenschaftliche Belege für den Nutzen der Beobachtung durch Dritte: Lernen von einem Experten stärkt das Wissen und die Erinnerung und schafft Vertrauen für künftige schwierige Entscheidungen.



Leitfäden für Schnellmaßnahmen

TECH bietet die wichtigsten Inhalte des Kurses in Form von Arbeitsblättern oder Kurzanleitungen an. Ein synthetischer, praktischer und effektiver Weg, um den Studierenden zu helfen, in ihrem Lernen voranzukommen.



07

Qualifizierung

Der Privater Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose garantiert neben der strengsten und aktuellsten Ausbildung auch den Zugang zu einem von der TECH Technologischen Universität ausgestellten Diplom.



“

Schließen Sie dieses Programm erfolgreich ab und erhalten Sie Ihren Universitätsabschluss ohne lästige Reisen oder Formalitäten"

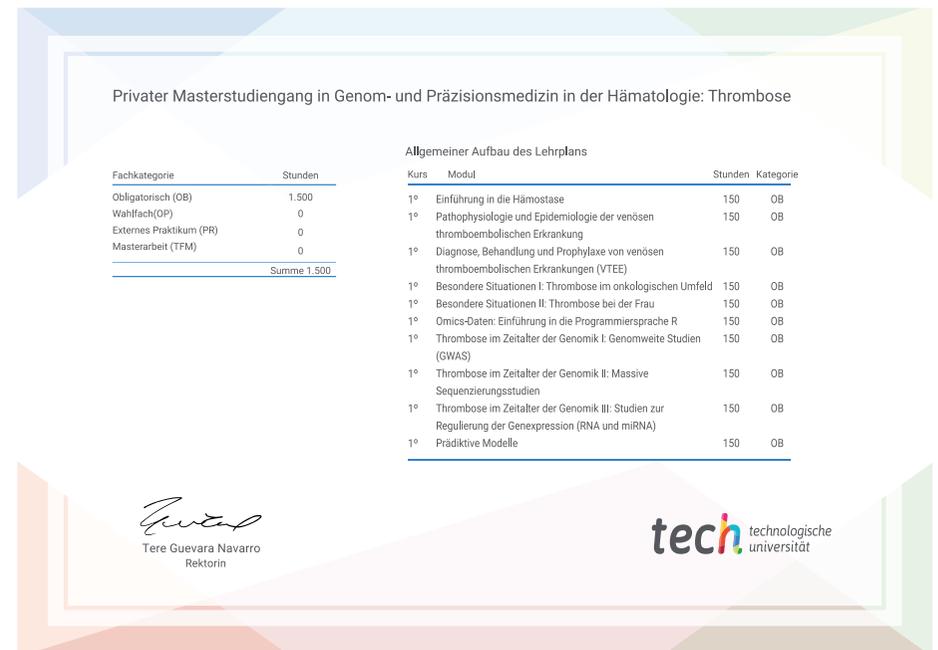
Dieser **Privater Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose** enthält das vollständigste und aktuellste Programm auf dem Markt.

Sobald der Student die Prüfungen bestanden hat, erhält er/sie per Post* mit Empfangsbestätigung das entsprechende Diplom, ausgestellt von der **TECH Technologischen Universität**.

Das von **TECH Technologische Universität** ausgestellte Diplom drückt die erworbene Qualifikation aus und entspricht den Anforderungen, die in der Regel von Stellenbörsen, Auswahlprüfungen und Berufsbildungsausschüssen verlangt werden.

Titel: **Privater Masterstudiengang in Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose**

Anzahl der offiziellen Arbeitsstunden: **1.500 Std.**



*Haager Apostille. Für den Fall, dass der Student die Haager Apostille für sein Papierdiplom beantragt, wird TECH EDUCATION die notwendigen Vorkehrungen treffen, um diese gegen eine zusätzliche Gebühr zu beschaffen.

zukunft

gesundheit vertrauen menschen
erziehung information tutoren
garantie akkreditierung unterricht
institutionen technologie lernen
gemeinschaft verpflichtung
persönliche betreuung innovationen
wissen gegenwart qualität
online-Ausbildung
entwicklung institutionen
virtuelles Klassenzimmer

tech technologische
universität

Privater Masterstudiengang
Genom- und Präzisionsmedizin
in der Hämatologie:Thrombose

- » Modalität: online
- » Dauer: 12 monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Privater Masterstudiengang Genom- und Präzisionsmedizin in der Hämatologie: Thrombose

