

Máster Título Propio

Oncología de Precisión

Genómica y Big Data



Máster Título Propio Oncología de Precisión Genómica y Big Data

- » Modalidad: online
- » Duración: 12 meses
- » Titulación: TECH Universidad FUNDEPOS
- » Acreditación: 60 ECTS
- » Horario: a tu ritmo
- » Exámenes: online

Acceso web: www.techtute.com/medicina/master/master-oncologia-precision-genomica-big-data



Índice

01

Presentación del programa

pág. 4

02

¿Por qué estudiar en TECH?

pág. 8

03

Plan de Estudios

pág. 12

04

Objetivos docentes

pág. 24

05

Metodología de estudio

pág. 30

06

Cuadro docente

pág. 40

07

Titulación

pág. 50

01

Presentación del programa

El Cáncer representa un desafío creciente para los sistemas de salud, con un impacto significativo en la calidad de vida de millones de personas. Según el Centro Internacional de Investigaciones sobre el Cáncer, 1 de cada 5 personas desarrollará esta enfermedad en algún momento de su vida, y uno de cada nueve hombres y una de cada 12 mujeres fallecerán a causa de ella. Ante este panorama, la Oncología de precisión, respaldada por la genómica y el *Big Data*, permite desarrollar tratamientos personalizados que mejoran la eficacia terapéutica. En este contexto, TECH ofrece una titulación innovadora y online que capacita a los profesionales en estas áreas emergentes, respondiendo a las demandas actuales del sector.



“

Gracias a este Máster de Formación Permanente 100% online, manejarás herramientas de análisis bioinformático y Big Data para la interpretación de datos genómicos complejos”

La Oncología ha experimentado una transformación radical gracias a los avances en genómica y el análisis de grandes volúmenes de datos. Estos desarrollos han permitido comprender mejor las bases moleculares del Cáncer y desarrollar tratamientos personalizados más efectivos. En un campo donde la precisión es clave, dominar estas herramientas se ha convertido en una necesidad para los profesionales de la salud que buscan mejorar el pronóstico y la calidad de vida de sus pacientes.

Este programa universitario ofrece una oportunidad única para profundizar en la Oncología de precisión, abordando la interpretación de datos genómicos, la identificación de biomarcadores y la aplicación de terapias dirigidas. Dominar estas herramientas no solo permite mejorar la toma de decisiones clínicas, sino que también abre nuevas posibilidades en la investigación, el desarrollo farmacéutico y la práctica médica especializada. La demanda de profesionales con estas competencias sigue en aumento, lo que representa una ventaja competitiva en el ámbito laboral.

Gracias a su modalidad online, esta titulación se adapta a las exigencias del entorno profesional actual, permitiendo acceder a contenidos de alta calidad sin restricciones de tiempo ni ubicación. La combinación de material interactivo, clases magistrales y recursos actualizados facilita una experiencia académica flexible y profunda, optimizando la adquisición de conocimientos en Oncología de Precisión.

Este **Máster Título Propio en Actualización en Oncología de Precisión Genómica y Big Data** contiene el programa universitario más completo y actualizado del mercado. Sus características más destacadas son:

- ♦ El desarrollo de casos prácticos presentados por expertos en Medicina
- ♦ Los contenidos gráficos, esquemáticos y eminentemente prácticos con los que están concebidos recogen una información científica y práctica sobre aquellas disciplinas indispensables para el ejercicio profesional
- ♦ Los ejercicios prácticos donde realizar el proceso de autoevaluación para mejorar el aprendizaje
- ♦ Su especial hincapié en metodologías innovadoras en Medicina
- ♦ Las lecciones teóricas, preguntas al experto, foros de discusión de temas controvertidos y trabajos de reflexión individual
- ♦ La disponibilidad de acceso a los contenidos desde cualquier dispositivo fijo o portátil con conexión a internet



Profundizarás en la identificación de biomarcadores, la interpretación de datos genómicos y las últimas innovaciones en tratamientos dirigidos”

“

Analizarás el perfil genético de los Tumores y desarrolla terapias dirigidas más efectivas”

Incluye en su cuadro docente a profesionales pertenecientes al ámbito de la Medicina, que vierten en este programa la experiencia de su trabajo, además de reconocidos especialistas de sociedades de referencia y universidades de prestigio.

Su contenido multimedia, elaborado con la última tecnología educativa, permitirá al profesional un aprendizaje situado y contextual, es decir, un entorno simulado que proporcionará un estudio inmersivo programado para entrenarse ante situaciones reales.

El diseño de este programa se centra en el Aprendizaje Basado en Problemas, mediante el cual el alumno deberá tratar de resolver las distintas situaciones de práctica profesional que se le planteen a lo largo del curso académico. Para ello, el profesional contará con la ayuda de un novedoso sistema de vídeo interactivo realizado por reconocidos expertos.

Descubre cómo el análisis de datos masivos está transformando el diagnóstico y tratamiento del Cáncer.

Con el método Relearning de TECH conseguirás afianzar los conceptos claves que te ofrece esta enseñanza universitaria.



02

¿Por qué estudiar en TECH?

TECH es la mayor Universidad digital del mundo. Con un impresionante catálogo de más de 14.000 programas universitarios, disponibles en 11 idiomas, se posiciona como líder en empleabilidad, con una tasa de inserción laboral del 99%. Además, cuenta con un enorme claustro de más de 6.000 profesores de máximo prestigio internacional.



“

Estudia en la mayor universidad digital del mundo y asegura tu éxito profesional. El futuro empieza en TECH”

La mejor universidad online del mundo según FORBES

La prestigiosa revista Forbes, especializada en negocios y finanzas, ha destacado a TECH como «la mejor universidad online del mundo». Así lo han hecho constar recientemente en un artículo de su edición digital en el que se hacen eco del caso de éxito de esta institución, «gracias a la oferta académica que ofrece, la selección de su personal docente, y un método de aprendizaje innovador orientado a formar a los profesionales del futuro».

El mejor claustro docente top internacional

El claustro docente de TECH está integrado por más de 6.000 profesores de máximo prestigio internacional. Catedráticos, investigadores y altos ejecutivos de multinacionales, entre los cuales se destacan Isaiah Covington, entrenador de rendimiento de los Boston Celtics; Magda Romanska, investigadora principal de MetaLAB de Harvard; Ignacio Wistumba, presidente del departamento de patología molecular traslacional del MD Anderson Cancer Center; o D.W Pine, director creativo de la revista TIME, entre otros.

La mayor universidad digital del mundo

TECH es la mayor universidad digital del mundo. Somos la mayor institución educativa, con el mejor y más amplio catálogo educativo digital, cien por cien online y abarcando la gran mayoría de áreas de conocimiento. Ofrecemos el mayor número de titulaciones propias, titulaciones oficiales de posgrado y de grado universitario del mundo. En total, más de 14.000 títulos universitarios, en once idiomas distintos, que nos convierten en la mayor institución educativa del mundo.



Los planes de estudio más completos del panorama universitario

TECH ofrece los planes de estudio más completos del panorama universitario, con temarios que abarcan conceptos fundamentales y, al mismo tiempo, los principales avances científicos en sus áreas científicas específicas. Asimismo, estos programas son actualizados continuamente para garantizar al alumnado la vanguardia académica y las competencias profesionales más demandadas. De esta forma, los títulos de la universidad proporcionan a sus egresados una significativa ventaja para impulsar sus carreras hacia el éxito.

Un método de aprendizaje único

TECH es la primera universidad que emplea el *Relearning* en todas sus titulaciones. Se trata de la mejor metodología de aprendizaje online, acreditada con certificaciones internacionales de calidad docente, dispuestas por agencias educativas de prestigio. Además, este disruptivo modelo académico se complementa con el "Método del Caso", configurando así una estrategia de docencia online única. También en ella se implementan recursos didácticos innovadores entre los que destacan vídeos en detalle, infografías y resúmenes interactivos.

La universidad online oficial de la NBA

TECH es la universidad online oficial de la NBA. Gracias a un acuerdo con la mayor liga de baloncesto, ofrece a sus alumnos programas universitarios exclusivos, así como una gran variedad de recursos educativos centrados en el negocio de la liga y otras áreas de la industria del deporte. Cada programa tiene un currículo de diseño único y cuenta con oradores invitados de excepción: profesionales con una distinguida trayectoria deportiva que ofrecerán su experiencia en los temas más relevantes.

Líderes en empleabilidad

TECH ha conseguido convertirse en la universidad líder en empleabilidad. El 99% de sus alumnos obtienen trabajo en el campo académico que ha estudiado, antes de completar un año luego de finalizar cualquiera de los programas de la universidad. Una cifra similar consigue mejorar su carrera profesional de forma inmediata. Todo ello gracias a una metodología de estudio que basa su eficacia en la adquisición de competencias prácticas, totalmente necesarias para el desarrollo profesional.



Google Partner Premier

El gigante tecnológico norteamericano ha otorgado a TECH la insignia Google Partner Premier. Este galardón, solo al alcance del 3% de las empresas del mundo, pone en valor la experiencia eficaz, flexible y adaptada que esta universidad proporciona al alumno. El reconocimiento no solo acredita el máximo rigor, rendimiento e inversión en las infraestructuras digitales de TECH, sino que también sitúa a esta universidad como una de las compañías tecnológicas más punteras del mundo.



La universidad mejor valorada por sus alumnos

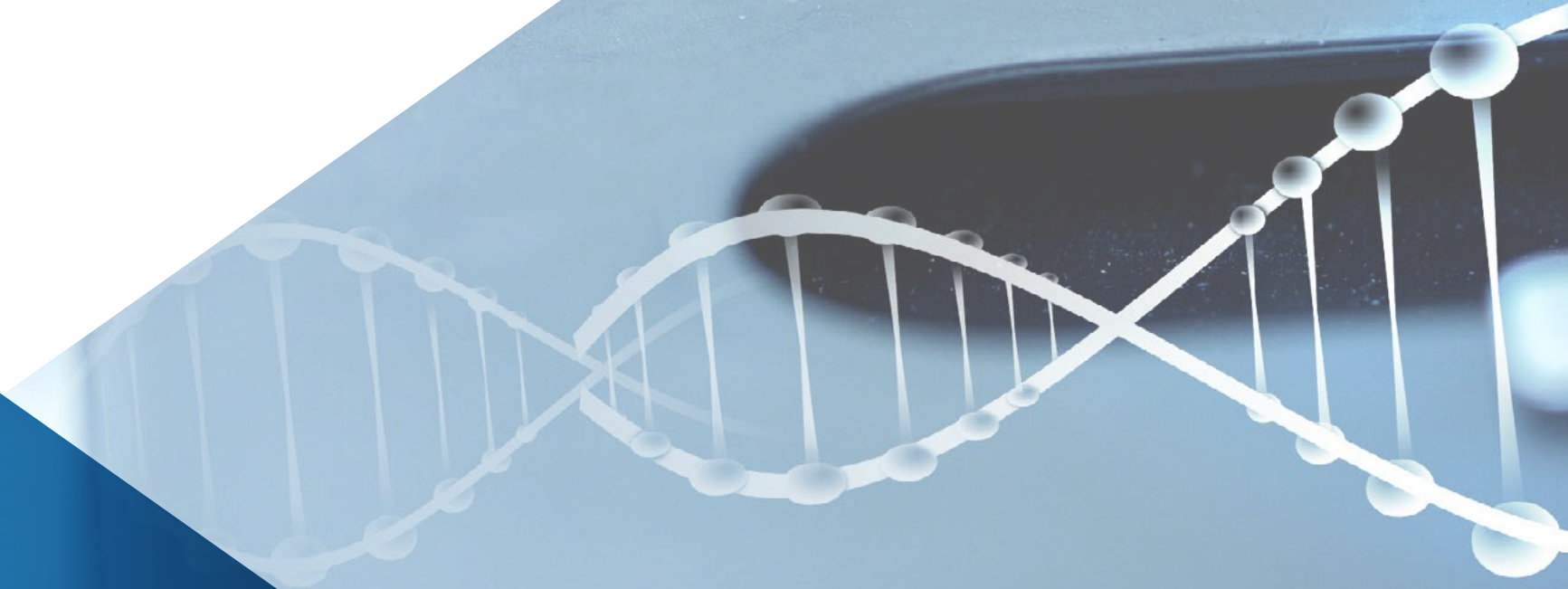
Los alumnos han posicionado a TECH como la universidad mejor valorada del mundo en los principales portales de opinión, destacando su calificación más alta de 4,9 sobre 5, obtenida a partir de más de 1.000 reseñas. Estos resultados consolidan a TECH como la institución universitaria de referencia a nivel internacional, reflejando la excelencia y el impacto positivo de su modelo educativo.



03

Plan de estudios

El avance de la Oncología de Precisión exige profesionales con conocimientos en genómica y análisis de datos. Este plan de estudios aborda desde la identificación de biomarcadores hasta el uso de *Big Data* en la toma de decisiones clínicas, combinando teoría y práctica para una aplicación real en el ámbito oncológico. Además, su enfoque progresivo y el acceso a contenido actualizado garantizan un aprendizaje dinámico y efectivo. Al finalizar, el profesional contará con las herramientas necesarias para aplicar estrategias innovadoras en el diagnóstico y tratamiento del Cáncer, mejorando la calidad de vida de los pacientes y fortaleciendo tu desarrollo profesional.

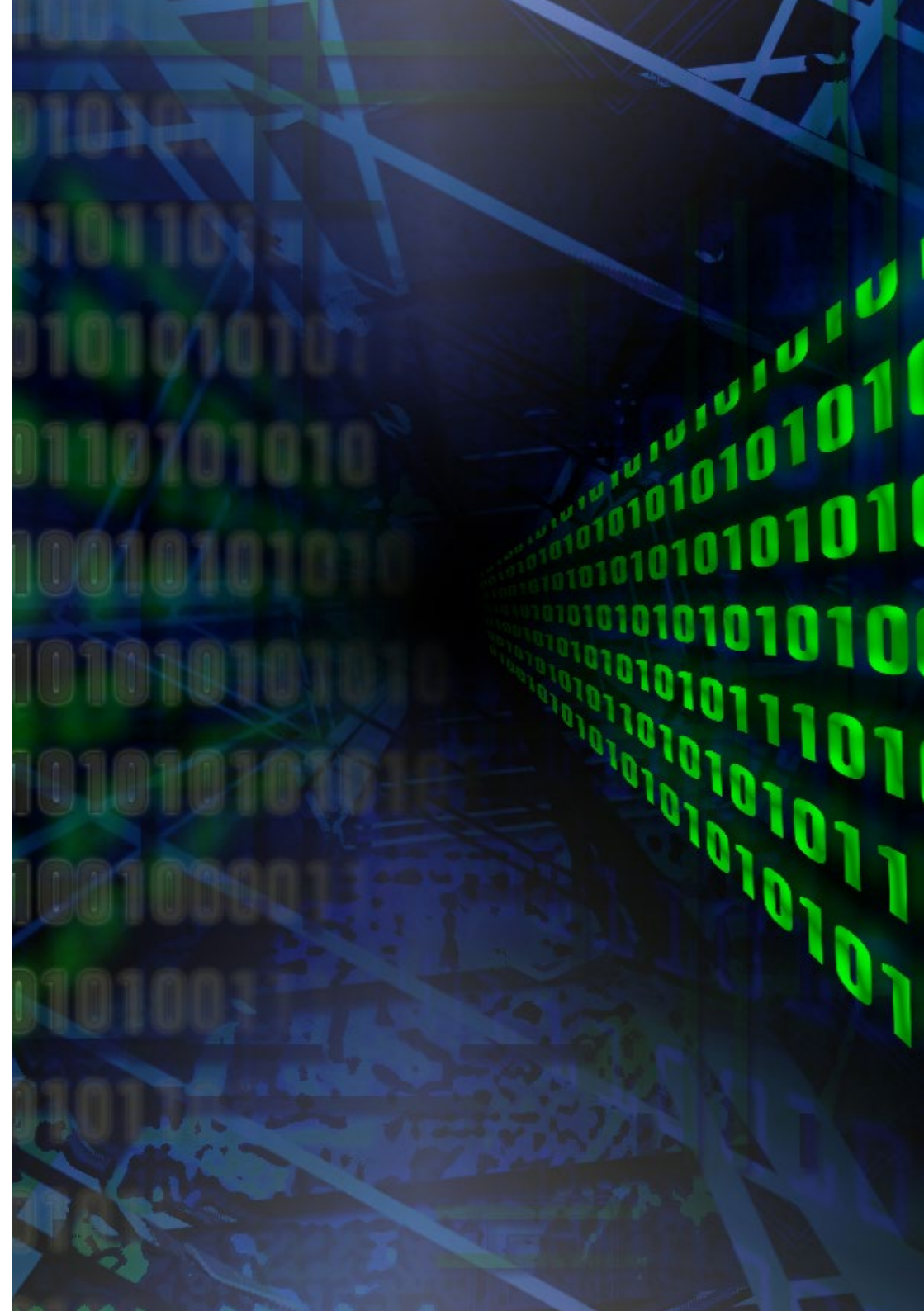


“

Descubre cómo las nuevas estrategias terapéuticas están revolucionando el tratamiento del Cáncer, mejorando la respuesta inmunitaria y personalizando las intervenciones”

Módulo 1. Biología molecular

- 1.1. Mecanismos moleculares del Cáncer
 - 1.1.1. Ciclo celular
 - 1.1.2. Desprendimiento de las células tumorales
- 1.2. Reprogramación del microambiente tumoral
 - 1.2.1. El microambiente del tumor: una visión general
 - 1.2.2. El TME como factor pronóstico del Cáncer de Pulmón
 - 1.2.3. TME en progresión y metástasis del Cáncer de Pulmón
 - 1.2.3.1. Fibroblastos asociados al Cáncer (CAF)
 - 1.2.3.2. Células endoteliales
 - 1.2.3.3. Hipoxia en Cáncer de Pulmón
 - 1.2.3.4. Inflamación
 - 1.2.3.5. Células inmunológicas
 - 1.2.4. Contribución del TME a la resistencia terapéutica
 - 1.2.4.1. Contribución de TME a la resistencia a la radioterapia
 - 1.2.5. El TME como blanco terapéutico en el Cáncer de Pulmón
 - 1.2.5.1. Direcciones futuras



- 1.3. Inmunología tumoral: bases de la inmunoterapia en Cáncer
 - 1.3.1. Introducción al sistema inmune
 - 1.3.2. Inmunología tumoral
 - 1.3.2.1. Antígenos asociados a Tumores
 - 1.3.2.2. Identificación de antígenos asociados a Tumor
 - 1.3.2.3. Tipos de antígenos asociados a Tumores
 - 1.3.3. Bases de la inmunoterapia en Cáncer
 - 1.3.3.1. Introducción a los enfoques inmunoterapéuticos
 - 1.3.3.2. Anticuerpos monoclonales en la terapia contra el Cáncer
 - 1.3.3.2.1. Producción de anticuerpos monoclonales
 - 1.3.3.2.2. Tipos de anticuerpos terapéuticos
 - 1.3.3.2.3. Mecanismos de acción de los anticuerpos
 - 1.3.3.2.4. Anticuerpos modificados
 - 1.3.4. Moduladores inmunes no específicos
 - 1.3.4.1. Bacilo de Calmette-Guérin
 - 1.3.4.2. Interferón- α
 - 1.3.4.3. Interleucina-2
 - 1.3.4.4. Imiquimod
 - 1.3.5. Otros enfoques para la inmunoterapia
 - 1.3.5.1. Vacunas de células dendríticas
 - 1.3.5.2. Sipuleucel-T
 - 1.3.5.3. Bloqueo de CTLA-4
 - 1.3.5.4. Terapia de células T adoptivas
 - 1.3.5.4.1. Terapia celular adoptiva con clones de células T
 - 1.3.5.4.2. Terapia celular adoptiva con linfocitos infiltrantes de Tumor
- 1.4. Mecanismos moleculares implicados en el proceso de invasión y Metástasis

Módulo 2. Oncología Genómica o de Precisión

- 2.1. Utilidad del perfil de expresión génica en Cáncer
- 2.2. Subtipos moleculares del Cáncer de Mama
- 2.3. Plataformas genómicas de carácter pronóstico-predictivo en el Cáncer de Mama
- 2.4. Dianas terapéuticas en Cáncer de Pulmón no célula pequeña
 - 2.4.1. Introducción
 - 2.4.2. Técnicas de detección molecular
 - 2.4.3. Mutación EGFR
 - 2.4.4. Translocación ALK
 - 2.4.5. Translocación ROS
 - 2.4.6. Mutación BRAF
 - 2.4.7. Reordenamientos NRTK
 - 2.4.8. Mutación HER2
 - 2.4.9. Mutación/Amplificación de MET
 - 2.4.10. Reordenamientos de RET
 - 2.4.11. Otras dianas moleculares
- 2.5. Clasificación molecular del Cáncer de Colon
- 2.6. Estudios moleculares en el Cáncer Gástrico
 - 2.6.1. Tratamiento del Cáncer Gástrico avanzado
 - 2.6.2. Sobreexpresión de HER2 en Cáncer Gástrico avanzado
 - 2.6.3. Determinación e interpretación de sobreexpresión de HER2 en Cáncer Gástrico avanzado
 - 2.6.4. Fármacos con actividad frente a HER2
 - 2.6.5. Trastuzumab en primera línea de Cáncer Gástrico avanzado
 - 2.6.5.1. Tratamiento del Cáncer Gástrico avanzado HER2+ después de la progresión a esquemas con trastuzumab
 - 2.6.6. Actividad de otros fármacos anti-HER2 en Cáncer Gástrico avanzado
- 2.7. El GIST como modelo de investigación traslacional: 15 años de experiencia

- 2.7.1. Introducción.
- 2.7.2. Mutaciones de KIT y PDGFRA como promotores principales en GIST
- 2.7.3. Genotipo en GIST: valor pronóstico y predictivo
- 2.7.4. Genotipo en GIST y resistencias al imatinib
- 2.7.5. Conclusiones
- 2.8. Biomarcadores moleculares y genómicos en Melanoma
- 2.9. Clasificación molecular de los Tumores Cerebrales
- 2.10. Biomarcadores moleculares y genómicos en Melanoma
- 2.11. Inmunoterapia y biomarcadores
 - 2.11.1. Escenario de las terapias inmunológicas en el tratamiento del Cáncer y necesidad de definir el perfil mutacional de un tumor
 - 2.11.2. Biomarcadores del inhibidor del punto de control: PD-L1 y más allá
 - 2.11.2.1. El papel de PD-L1 en la regulación inmune
 - 2.11.2.2. Datos de ensayos clínicos y biomarcador PD-L1
 - 2.11.2.3. Umbrales y ensayos para la expresión de PD-L1: una imagen compleja
 - 2.11.2.4. Biomarcadores emergentes
 - 2.11.2.4.1. Carga Mutacional Tumoral (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. Cuantificación de la Carga Mutacional Tumoral
 - 2.11.2.4.1.2. Evidencia de la Carga Mutacional Tumoral
 - 2.11.2.4.1.3. Carga tumoral como biomarcador predictivo
 - 2.11.2.4.1.4. Carga tumoral como un biomarcador pronóstico
 - 2.11.2.4.1.5. El futuro de la carga mutacional
 - 2.11.2.4.2. Inestabilidad de microsatélites
 - 2.11.2.4.3. Análisis del infiltrado inmune
 - 2.11.2.4.4. Marcadores de toxicidad
 - 2.11.3. Desarrollo de fármacos de punto de control inmune en Cáncer
 - 2.11.4. Fármacos disponibles

Módulo 3. Cambios en la práctica clínica actual y nuevas aplicaciones con la Oncología Genómica

- 3.1. Biopsias líquidas: ¿moda o futuro?
 - 3.1.1. Introducción
 - 3.1.2. Células circulantes tumorales
 - 3.1.3. ctDNA
 - 3.1.4. Utilidades clínicas
 - 3.1.5. Limitaciones del ctDNA
 - 3.1.6. Conclusiones y futuro
- 3.2. Papel del Biobanco en la investigación clínica
 - 3.2.1. Introducción
 - 3.2.2. ¿Merece la pena hacer el esfuerzo de crear un biobanco?
 - 3.2.3. ¿Cómo se puede empezar a establecer un biobanco?
 - 3.2.4. Consentimiento informado para biobanco
 - 3.2.5. Toma de muestras para biobanco
 - 3.2.6. Control de calidad
 - 3.2.7. Acceso a las muestras
- 3.3. Ensayos clínicos: nuevos conceptos basados en la medicina de precisión
 - 3.3.1. ¿Qué son los ensayos clínicos? ¿En qué se diferencian de otros tipos de investigaciones?
 - 3.3.1.1. Tipos de ensayos clínicos
 - 3.3.1.1.1. Según sus objetivos
 - 3.3.1.1.2. Según el número de centros participantes
 - 3.3.1.1.3. Según su metodología
 - 3.3.1.1.4. Según su grado de enmascaramiento
 - 3.3.2. Resultados de los ensayos clínicos en oncología torácica
 - 3.3.2.1. Relacionados con el tiempo de supervivencia
 - 3.3.2.2. Resultados relacionados con el Tumor
 - 3.3.2.3. Resultados comunicados por el paciente

- 3.3.3. Ensayos clínicos en la era de la medicina de precisión
 - 3.3.3.1. Medicina de precisión
 - 3.3.3.2. Terminología relacionada con el diseño de ensayos en la era de la *Medicina* de precisión
- 3.4. Incorporación de los marcadores accionables en la práctica clínica
- 3.5. Aplicación de la genómica en la práctica clínica por tipo tumoral
- 3.6. Sistemas de soporte a las decisiones en oncología basados en Inteligencia Artificial

Módulo 4. Empleo de Unix y Linux en bioinformática

- 4.1. Introducción al sistema operativo Linux
 - 4.1.1. ¿Qué es un sistema operativo?
 - 4.1.2. Los beneficios de usar Linux
- 4.2. Entorno Linux e instalación
 - 4.2.1. Distribuciones de Linux
 - 4.2.2. Instalación de Linux usando una memoria USB
 - 4.2.3. Instalación de Linux utilizando CD-ROM
 - 4.2.4. Instalación de Linux usando una máquina virtual
- 4.3. La línea de comandos
 - 4.3.1. Introducción
 - 4.3.2. ¿Qué es una línea de comandos?
 - 4.3.3. Trabajar en el terminal
 - 4.3.4. El Shell, Bash
- 4.4. Navegación básica
 - 4.4.1. Introducción
 - 4.4.2. ¿Cómo conocer la localización actual?
 - 4.4.3. Rutas absolutas y relativas
 - 4.4.4. ¿Cómo movernos en el sistema?
- 4.5. Manipulación de archivos
 - 4.5.1. Introducción
 - 4.5.2. ¿Cómo construimos un directorio?
 - 4.5.3. ¿Cómo movernos a un directorio?
 - 4.5.4. ¿Cómo crear un archivo vacío?
 - 4.5.5. Copiar un archivo y directorio
 - 4.5.6. Eliminar un archivo y directorio
- 4.6. Editor de textos vi
 - 4.6.1. Introducción
 - 4.6.2. ¿Cómo grabar y salir?
 - 4.6.3. ¿Cómo navegar por un archivo en el editor de texto vi?
 - 4.6.4. Borrando el contenido
 - 4.6.5. El comando deshacer
- 4.7. Comodines
 - 4.7.1. Introducción
 - 4.7.2. ¿Qué son los comodines?
 - 4.7.3. Ejemplos con comodines
- 4.8. Permisos
 - 4.8.1. Introducción
 - 4.8.2. ¿Cómo ver los permisos de un archivo?
 - 4.8.3. ¿Cómo cambiar los permisos?
 - 4.8.4. Configuración de los permisos
 - 4.8.5. Permisos para directorios
 - 4.8.6. El usuario "root"

- 4.9. Filtros
 - 4.9.1. Introducción
 - 4.9.2. Head
 - 4.9.3. Tail
 - 4.9.4. Sort
 - 4.9.5. nl
 - 4.9.6. wc
 - 4.9.7. cut
 - 4.9.8. sed
 - 4.9.9. uniq
 - 4.9.10. tac
 - 4.9.11. Otros filtros
- 4.10. Grep y expresiones regulares
 - 4.10.1. Introducción
 - 4.10.2. eGrep
 - 4.10.3. Expresiones regulares
 - 4.10.4. Algunos ejemplos
- 4.11. Pipelines y redirección
 - 4.11.1. Introducción
 - 4.11.2. Redirección a un archivo
 - 4.11.3. Grabar a un archivo
 - 4.11.4. Redirección desde un archivo
 - 4.11.5. Redirección STDERR
 - 4.11.6. Pipelines

- 4.12. Manejo de procesos
 - 4.12.1. Introducción
 - 4.12.2. Procesos activos
 - 4.12.3. Cerrar un proceso corrupto
 - 4.12.4. Trabajos de primer plano y de fondo
- 4.13. Bash
 - 4.13.1. Introducción
 - 4.13.2. Puntos importantes
 - 4.13.3. ¿Por qué el "." / "?"
 - 4.13.4. Variables
 - 4.13.5. Las declaraciones

Módulo 5. Análisis de datos en proyectos de *big data*: lenguaje de programación R

- 5.1. Introducción al lenguaje de programación R
 - 5.1.1. ¿Qué es R?
 - 5.1.2. Instalación de R y el interfaz gráfico de R
 - 5.1.3. Paquetes
 - 5.1.3.1. Paquetes estándar
 - 5.1.3.2. Paquetes aportados y CRAN
- 5.2. Características básicas de R
 - 5.2.1. El entorno R
 - 5.2.2. Software y documentación relacionados
 - 5.2.3. R y estadísticas
 - 5.2.4. R y el sistema de ventanas
 - 5.2.5. Usando R interactivamente
 - 5.2.6. Una sesión introductoria
 - 5.2.7. Obtención de ayuda con funciones y características
 - 5.2.8. Comandos R, sensibilidad a mayúsculas, etc.
 - 5.2.9. Recuperación y corrección de comandos anteriores
 - 5.2.10. Ejecutar comandos o desviar la salida a un archivo
 - 5.2.11. Permanencia de datos y eliminación de objetos

- 5.3. Tipos de objetos de R
 - 5.3.1. Manipulaciones simples; números y vectores
 - 5.3.1.1. Vectores y asignación
 - 5.3.1.2. Aritmética de vectores
 - 5.3.1.3. Generando secuencias regulares
 - 5.3.1.4. Vectores lógicos
 - 5.3.1.5. Valores perdidos
 - 5.3.1.6. Vectores de caracteres
 - 5.3.1.7. Vectores de índice
 - 5.3.1.7.1. Selección y modificación de subconjuntos de un conjunto de datos
 - 5.3.1.8. Otros tipos de objetos
 - 5.3.2. Objetos, sus modos y atributos
 - 5.3.2.1. Atributos intrínsecos: modo y longitud
 - 5.3.2.2. Cambiar la longitud de un objeto
 - 5.3.2.3. Obtención y configuración de atributos
 - 5.3.2.4. La clase de un objeto
 - 5.3.3. Factores ordenados y desordenados
 - 5.3.3.1. Un ejemplo específico
 - 5.3.3.2. La función `tapply()` y matrices desiguales
 - 5.3.3.3. Factores ordenados
 - 5.3.4. Matrices
 - 5.3.4.1. Matrices
 - 5.3.4.2. Indización de matrices. Subsecciones de una matriz
 - 5.3.4.3. Matrices de índice
 - 5.3.4.4. La función `array()`
 - 5.3.4.5. Aritmética mixta de vectores y matrices. La regla de reciclaje
 - 5.3.4.6. El producto exterior de dos matrices
 - 5.3.4.7. Transposición generalizada de una matriz
 - 5.3.4.8. Multiplicación de matrices
 - 5.3.4.9. Valores propios y vectores propios
 - 5.3.4.10. Descomposición de valores singulares y determinantes
 - 5.3.4.11. Formando matrices particionadas, `cbind()` y `rbind()`
 - 5.3.4.12. La función de concatenación, `c()`, con matrices
 - 5.3.5. Tablas de frecuencia de factores
 - 5.3.6. Listas
 - 5.3.6.1. Construyendo y modificando listas
 - 5.3.6.2. Listas de concatenación
 - 5.3.7. DataFrames
 - 5.3.7.1. ¿Cómo crear DataFrames?
 - 5.3.7.2. Adjuntar `()` y separar `()`
 - 5.3.7.3. Trabajando con DataFrames
- 5.4. Lectura y escritura de datos
 - 5.4.1. La función `read.table()`
 - 5.4.2. La función `scan()`
 - 5.4.3. Acceso a los conjuntos de datos incorporados
 - 5.4.4. Cargando datos de otros paquetes R
 - 5.4.5. Edición de datos
- 5.5. Agrupación, bucles y ejecución condicional
 - 5.5.1. Expresiones agrupadas
 - 5.5.2. Declaraciones de control
 - 5.5.2.1. Ejecución condicional: sentencias IF
 - 5.5.2.2. Ejecución repetitiva: para bucles, repetición y tiempo
- 5.6. Escribiendo tus propias funciones
 - 5.6.1. Ejemplos simples
 - 5.6.2. Definiendo nuevos operadores binarios
 - 5.6.3. Argumentos con nombre y valores por defecto
 - 5.6.4. El argumento `"..."`
 - 5.6.5. Asignaciones dentro de funciones

Módulo 6. Entorno gráfico en R

- 6.1. Procedimientos gráficos
 - 6.1.1. Comandos de trazado de alto nivel
 - 6.1.1.1. La función plot ()
 - 6.1.1.2. Visualización de datos multivariados
 - 6.1.1.3. Gráficos de pantalla
 - 6.1.1.4. Argumentos a funciones de trazado de alto nivel
 - 6.1.2. Comandos de trazado de bajo nivel
 - 6.1.2.1. Anotación matemática
 - 6.1.2.2. Fuentes vectoriales Hershey
 - 6.1.3. Interactuando con gráficos
 - 6.1.4. Uso de parámetros gráficos
 - 6.1.4.1. Cambios permanentes: la función par ()
 - 6.1.4.2. Cambios temporales: Argumentos a funciones gráficas
 - 6.1.5. Lista de parámetros gráficos
 - 6.1.5.1. Elementos gráficos
 - 6.1.5.2. Ejes y marcas
 - 6.1.5.3. Márgenes de la figura
 - 6.1.5.4. Entorno de figuras múltiples
 - 6.1.6. Estadística descriptiva: Representaciones gráficas

Módulo 7. Análisis estadístico en R

- 7.1. Distribuciones de probabilidades discretas
- 7.2. Distribuciones de probabilidades continuas
- 7.3. Introducción a la inferencia y muestreo (estimación puntual)
- 7.4. Intervalos de confianza
- 7.5. Contrastes de hipótesis
- 7.6. ANOVA de un factor
- 7.7. Bondad de Ajuste (test de chi-cuadrado)
- 7.8. Paquete fitdist
- 7.9. Introducción a estadística multivariante

Módulo 8. Machine learning para el análisis de Big Data

- 8.1. Introducción a *Machine Learning*
- 8.2. Presentación del problema, carga de datos y librerías
- 8.3. Limpieza de datos (NAs, categorías, variables dummy)
- 8.4. Análisis de datos exploratorio (ggplot) + Validación cruzada
- 8.5. Algoritmos de predicción: Regresión Lineal Múltiple, Support Vector Machine, Árboles de Regresión, Random Forest...
- 8.6. Algoritmos de clasificación: Regresión Logística, Support Vector Regression, Árboles de Clasificación, Random Forest...
- 8.7. Ajuste de los hiper parámetros del algoritmo
- 8.8. Predicción de los datos con los diferentes modelos
- 8.9. Curvas ROC y Matrices de Confusión para evaluar la calidad del modelo

Módulo 9. Minería de datos aplicado a la Genómica

- 9.1. Introducción
- 9.2. Inicialización de variables
- 9.3. Limpieza y acondicionado del texto
- 9.4. Generación de la matriz de términos
 - 9.4.1. Creación de la matriz de términos TDM
 - 9.4.2. Visualizaciones sobre la matriz de palabras TDM
- 9.5. Descripción de la matriz de términos
 - 9.5.1. Representación gráfica de las frecuencias
 - 9.5.2. Construcción de una nube de palabras
- 9.6. Creación de un *data frame* apto para K-NN
- 9.7. Construcción del modelo de clasificación
- 9.8. Validación del modelo de clasificación
- 9.9. Ejercicio práctico guiado de minería de datos en Genómica en Cáncer

Módulo 10. Técnicas de extracción de datos genómicos

- 10.1. Introducción al “*scraping data*”
- 10.2. Importación de archivos de datos de hoja de cálculo almacenados online
- 10.3. *Scraping* de texto HTML
- 10.4. *Scraping* los datos de una tabla HTML
- 10.5. Aprovechar las API para *scraping* de los datos
- 10.6. Extraer la información relevante
- 10.7. Uso del paquete *rvest* de R
- 10.8. Obtención de datos distribuidos en múltiples páginas
- 10.9. Extracción de datos genómicos de la plataforma “My Cancer Genome”
- 10.10. Extracción de información sobre genes de la base de datos HGNC HUGO Gene Nomenclature Committee
- 10.11. Extracción de datos farmacológicos de la base de datos “OncoKB” (Precision Oncology Knowledge Base)

Módulo 11. Nuevas técnicas en la era Genómica

- 11.1. Entendiendo la nueva tecnología: Next Generation Sequence (NGS) en la práctica clínica
 - 11.1.1. Introducción
 - 11.1.2. Antecedentes
 - 11.1.3. Problemas en la aplicación de la secuenciación Sanger en Oncología
 - 11.1.4. Nuevas técnicas de secuenciación
 - 11.1.5. Ventajas del uso de la NGS en la práctica clínica
 - 11.1.6. Limitaciones del uso de la NGS en la práctica clínica
 - 11.1.7. Términos y definiciones de interés
 - 11.1.8. Tipos de estudios en función de su tamaño y profundidad
 - 11.1.8.1. Genomas
 - 11.1.8.2. Exomas
 - 11.1.8.3. Paneles multigénicos
 - 11.1.9. Etapas en la secuenciación NGS
 - 11.1.9.1. Preparación de muestras y librerías
 - 11.1.9.2. Preparación de templates y secuenciación
 - 11.1.9.3. Procesado bioinformático
 - 11.1.10. Anotación y clasificación de variantes
 - 11.1.10.1. Bases de datos poblacionales
 - 11.1.10.2. Bases de datos locus específicas
 - 11.1.10.3. Predictores bioinformáticos de funcionalidad
- 11.2. Secuenciación DNA y análisis bioinformático
 - 11.2.1. Introducción
 - 11.2.2. Software
 - 11.2.3. Procedimiento
 - 11.2.3.1. Extracción de secuencias crudas
 - 11.2.3.2. Alineación de secuencias
 - 11.2.3.3. Refinamiento de la alineación
 - 11.2.3.4. Llamada de variantes
 - 11.2.3.5. Filtrado de variantes
- 11.3. Secuenciación RNA y análisis bioinformático
 - 11.3.1. Introducción
 - 11.3.2. Software

- 11.3.3. Procedimiento
 - 11.3.3.1. Evaluación de QC de datos sin procesar
 - 11.3.3.2. Filtrado de RNAr
 - 11.3.3.3. Datos filtrados de control de calidad
 - 11.3.3.4. Recorte de calidad y eliminación del adaptador
 - 11.3.3.5. Alineación de reads a una referencia
 - 11.3.3.6. Llamada de variantes
 - 11.3.3.7. Análisis de expresión diferencial del gen
- 11.4. Tecnología ChIP-seq
 - 11.4.1. Introducción
 - 11.4.2. Software
 - 11.4.3. Procedimiento
 - 11.4.3.1. Descripción del conjunto de datos ChIP-seq
 - 11.4.3.2. Obtener información sobre el experimento utilizando los sitios web de GEO y SRA
 - 11.4.3.3. Control de calidad de los datos de secuenciación
 - 11.4.3.4. Recorte y filtrado de reads
 - 11.4.3.5. Visualización los resultados con Integrated Genome Browser (IGV)
- 11.5. *Big data* aplicado a la Oncología Genómica
 - 11.5.1. El proceso de análisis de datos
- 11.6. Servidores genómicos y bases de datos de variantes genéticas
 - 11.6.1. Introducción
 - 11.6.2. Servidores genómicos en web
 - 11.6.3. Arquitectura de los servidores genómicos
 - 11.6.4. Recuperación y análisis de datos
 - 11.6.5. Personalización
- 11.7. Anotación de variantes genéticas
 - 11.7.1. Introducción
 - 11.7.2. ¿Qué es la llamada de variantes?
 - 11.7.3. Entendiendo el formato VCF
 - 11.7.4. Identificadores de variantes
 - 11.7.5. Análisis de variantes
 - 11.7.6. Predicción del efecto de la variación en la estructura y función de la proteína





Módulo 12. Aplicación de la bioinformática en la Oncología Genómica

- 12.1. Enriquecimiento clínico y farmacológico de variantes de genes
- 12.2. Búsqueda masiva en PubMed de información Genómica
- 12.3. Búsqueda masiva en DGIdb de información Genómica
- 12.4. Búsqueda masiva en Clinical Trials de ensayos clínicos sobre datos genómicos
- 12.5. Búsqueda de similitud de genes para la interpretación de un panel genético o un exoma
- 12.6. Búsqueda masiva de genes relacionados con una enfermedad
- 12.7. Enrich-Gen: Plataforma de enriquecimiento clínico y farmacológico de genes
- 12.8. Procedimiento para realizar un informe genómico en la era de la oncología de precisión

“

Dispondrás de un conocimiento actualizado sobre indicaciones, contraindicaciones y preparación del paciente para cada procedimiento radiológico”

04

Objetivos docentes

Este programa tiene como objetivo capacitar en el uso de tecnologías avanzadas para el diagnóstico y tratamiento del Cáncer, abordando desde la secuenciación genómica hasta el análisis de datos clínicos. Además, busca fortalecer la capacidad de interpretar información molecular y aplicarla en la toma de decisiones terapéuticas. Con ello, los profesionales podrán mejorar la precisión diagnóstica, desarrollar estrategias innovadoras y responder a los desafíos actuales de la oncología con soluciones basadas en evidencia científica.



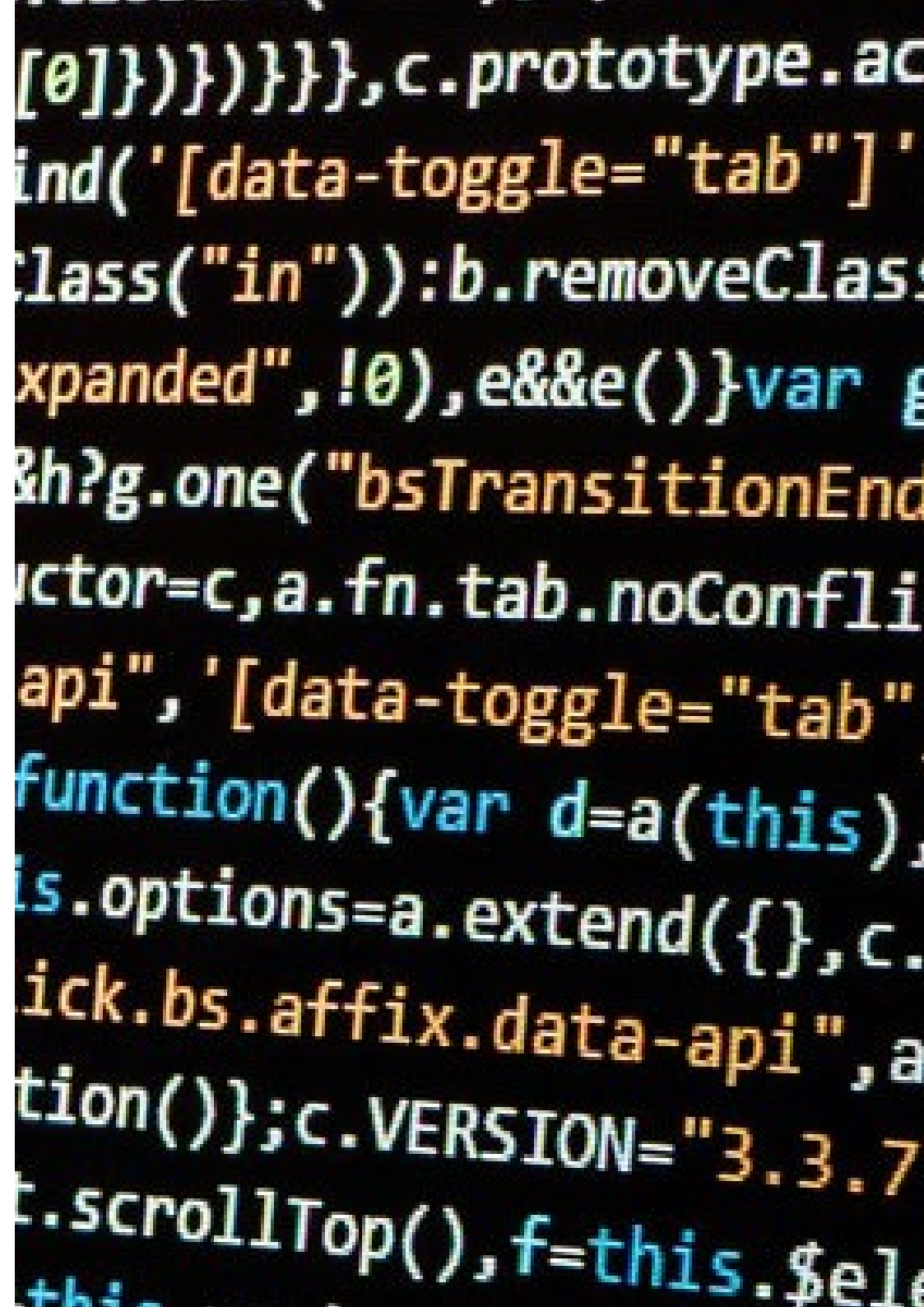
“

Comprende cómo la genética del paciente influye en la eficacia de los fármacos y desarrolla estrategias terapéuticas más seguras y eficaces”



Objetivos generales

- Comprender los fundamentos de la Oncología de precisión y su papel en la evolución del diagnóstico y tratamiento del Cáncer, integrando los avances en genómica, bioinformática y terapias dirigidas
- Analizar la genómica del Cáncer para identificar alteraciones genéticas clave, interpretar biomarcadores y aplicar estos conocimientos en la personalización de tratamientos oncológicos
- Dominar el uso de *Big Data* e inteligencia artificial en el ámbito oncológico, desarrollando la capacidad de analizar grandes volúmenes de datos y extraer información relevante para la toma de decisiones clínicas
- Aplicar herramientas bioinformáticas avanzadas para el procesamiento, análisis e interpretación de datos genómicos, facilitando el desarrollo de estrategias terapéuticas más eficaces y precisas
- Explorar la farmacogenómica y su impacto en la Medicina Oncológica, comprendiendo cómo las variaciones genéticas del paciente influyen en la respuesta a los tratamientos y cómo optimizar la selección de fármacos
- Evaluar nuevas estrategias terapéuticas, como inmunoterapia y terapia génica, con el fin de conocer sus mecanismos de acción, indicaciones y potencial para mejorar la supervivencia y calidad de vida de los pacientes
- Desarrollar habilidades en análisis predictivo y modelos de machine learning, aplicando metodologías innovadoras para predecir la evolución del Cáncer y optimizar los planes terapéuticos
- Comprender la regulación y los desafíos éticos asociados a la Oncología de precisión, incluyendo el manejo de datos genéticos y las implicaciones en la privacidad del paciente
- Optimizar la toma de decisiones clínicas basadas en evidencia científica, integrando conocimientos en genómica, bioinformática y análisis de datos para mejorar la precisión diagnóstica y terapéutica
- Actualizarse en las últimas innovaciones en diagnóstico, pronóstico y tratamiento del Cáncer, asegurando una educación continua que permita estar a la vanguardia de la oncología moderna y la medicina personalizada





Objetivos específicos

Módulo 1. Biología molecular

- ♦ Identificar los principios fundamentales de la biología molecular y su relación con la Oncología
- ♦ Analizar los mecanismos de regulación génica y su impacto en la expresión de Enfermedades Oncológicas
- ♦ Comprender la estructura y función del ADN, ARN y proteínas en el desarrollo y progresión del Cáncer
- ♦ Aplicar conocimientos de biología molecular en el diseño de estrategias terapéuticas innovadoras

Módulo 2. Oncología Genómica o de Precisión

- ♦ Explicar la base genética del Cáncer y su implicación en la personalización de tratamientos
- ♦ Evaluar la importancia de los biomarcadores en el diagnóstico y pronóstico de pacientes oncológicos
- ♦ Integrar la información genómica en la toma de decisiones terapéuticas para mejorar la efectividad de los tratamientos
- ♦ Explorar las tecnologías actuales de secuenciación genómica y su aplicación en la Oncología de precisión

Módulo 3. Cambios en la práctica clínica actual y nuevas aplicaciones con la Oncología Genómica

- ♦ Analizar cómo la oncología genómica ha transformado el enfoque diagnóstico y terapéutico en la clínica
- ♦ Evaluar las ventajas y desafíos de incorporar la Genómica en la atención oncológica personalizada
- ♦ Identificar las innovaciones terapéuticas derivadas del análisis genómico y su impacto en los protocolos clínicos
- ♦ Explorar casos clínicos en los que la genómica ha modificado la estrategia de tratamiento oncológico

Módulo 4. Empleo de Unix y Linux en bioinformática

- ♦ Adquirir conocimientos fundamentales sobre Unix y Linux para el manejo de datos genómicos
- ♦ Ejecutar comandos básicos y avanzados en entornos Unix/Linux aplicados a la bioinformática
- ♦ Gestionar archivos y directorios mediante la terminal para el análisis de datos en genómica
- ♦ Automatizar procesos de análisis bioinformático utilizando scripts en Unix/Linux

Módulo 5. Análisis de datos en proyectos de Big Data: lenguaje de programación R

- ♦ Introducirse en el lenguaje R como herramienta clave en la gestión de datos oncológicos
- ♦ Manipular conjuntos de datos en R para su posterior análisis e interpretación
- ♦ Aplicar técnicas de preprocesamiento de datos en proyectos de Oncología genómica
- ♦ Utilizar paquetes especializados en R para el análisis de información biológica y médica

Módulo 6. Entorno gráfico en R

- ♦ Explorar las funcionalidades gráficas de R para la visualización de datos en Oncología
- ♦ Generar gráficos personalizados que faciliten la interpretación de datos genómicos
- ♦ Comparar diferentes librerías de R para la representación visual de resultados bioinformáticos
- ♦ Aplicar técnicas de visualización avanzada para mejorar la comunicación de hallazgos científicos

Módulo 7. Análisis estadístico en R

- ♦ Aplicar modelos estadísticos en R para la evaluación de datos clínicos y genómicos
- ♦ Interpretar los resultados de pruebas estadísticas en estudios de Oncología de precisión
- ♦ Implementar análisis multivariantes y regresión en la exploración de datos genómicos
- ♦ Utilizar herramientas estadísticas para la validación de biomarcadores y perfiles genéticos

Módulo 8. Machine Learning para el análisis de Big Data

- ♦ Aplicar algoritmos de *machine learning* en la identificación de patrones genómicos
- ♦ Desarrollar modelos predictivos para el diagnóstico y pronóstico de Enfermedades Oncológicas
- ♦ Evaluar la precisión y el rendimiento de modelos de aprendizaje automático en Oncología
- ♦ Utilizar herramientas de inteligencia artificial para mejorar la toma de decisiones clínicas

Módulo 9. Minería de datos aplicada a la Genómica

- ♦ Identificar las técnicas de minería de datos más utilizadas en el análisis genómico
- ♦ Aplicar algoritmos de *clustering* y clasificación para la segmentación de datos genéticos
- ♦ Explorar grandes volúmenes de datos genómicos en busca de información relevante para la Oncología
- ♦ Interpretar los resultados obtenidos mediante minería de datos para su aplicación en la investigación clínica

Módulo 10. Técnicas de extracción de datos genómicos

- ♦ Describir los métodos más utilizados para la obtención y procesamiento de datos genómicos
- ♦ Aplicar herramientas bioinformáticas para la extracción eficiente de información genética
- ♦ Evaluar la calidad de los datos genómicos y su impacto en los análisis posteriores
- ♦ Integrar diferentes fuentes de datos en un entorno de análisis para la Oncología de precisión



Módulo 11. Nuevas técnicas en la era genómica

- ♦ Explorar las tecnologías emergentes en secuenciación y edición genética aplicadas a la Oncología
- ♦ Analizar el impacto de la genómica en el desarrollo de nuevas estrategias terapéuticas
- ♦ Comparar las ventajas y limitaciones de las herramientas más recientes en Medicina personalizada
- ♦ Evaluar el futuro de la oncología genómica y las tendencias en investigación biomédica

Módulo 12. Aplicación de la bioinformática en la Oncología Genómica

- ♦ Aplicar herramientas bioinformáticas en la interpretación de datos clínicos y genómicos
- ♦ Integrar la bioinformática en la identificación de biomarcadores y selección de tratamientos personalizados
- ♦ Desarrollar habilidades en el análisis computacional de datos genéticos en pacientes oncológicos
- ♦ Utilizar plataformas bioinformáticas para la gestión de información genómica en la investigación médica

“ Explora el impacto de la epigenética en el desarrollo y progresión del Cáncer, comprendiendo cómo los factores moleculares regulan la expresión génica”

05

Metodología de estudio

TECH es la primera universidad en el mundo que combina la metodología de los **case studies** con el **Relearning**, un sistema de aprendizaje 100% online basado en la reiteración dirigida.

Esta disruptiva estrategia pedagógica ha sido concebida para ofrecer a los profesionales la oportunidad de actualizar conocimientos y desarrollar competencias de un modo intensivo y riguroso. Un modelo de aprendizaje que coloca al estudiante en el centro del proceso académico y le otorga todo el protagonismo, adaptándose a sus necesidades y dejando de lado las metodologías más convencionales.



“

TECH te prepara para afrontar nuevos retos en entornos inciertos y lograr el éxito en tu carrera”

El alumno: la prioridad de todos los programas de TECH

En la metodología de estudios de TECH el alumno es el protagonista absoluto. Las herramientas pedagógicas de cada programa han sido seleccionadas teniendo en cuenta las demandas de tiempo, disponibilidad y rigor académico que, a día de hoy, no solo exigen los estudiantes sino los puestos más competitivos del mercado.

Con el modelo educativo asincrónico de TECH, es el alumno quien elige el tiempo que destina al estudio, cómo decide establecer sus rutinas y todo ello desde la comodidad del dispositivo electrónico de su preferencia. El alumno no tendrá que asistir a clases en vivo, a las que muchas veces no podrá acudir. Las actividades de aprendizaje las realizará cuando le venga bien. Siempre podrá decidir cuándo y desde dónde estudiar.

“

*En TECH NO tendrás clases en directo
(a las que luego nunca puedes asistir)”*



Los planes de estudios más exhaustivos a nivel internacional

TECH se caracteriza por ofrecer los itinerarios académicos más completos del entorno universitario. Esta exhaustividad se logra a través de la creación de temarios que no solo abarcan los conocimientos esenciales, sino también las innovaciones más recientes en cada área.

Al estar en constante actualización, estos programas permiten que los estudiantes se mantengan al día con los cambios del mercado y adquieran las habilidades más valoradas por los empleadores. De esta manera, quienes finalizan sus estudios en TECH reciben una preparación integral que les proporciona una ventaja competitiva notable para avanzar en sus carreras.

Y además, podrán hacerlo desde cualquier dispositivo, pc, tableta o smartphone.

“

El modelo de TECH es asincrónico, de modo que te permite estudiar con tu pc, tableta o tu smartphone donde quieras, cuando quieras y durante el tiempo que quieras”

Case studies o Método del caso

El método del caso ha sido el sistema de aprendizaje más utilizado por las mejores escuelas de negocios del mundo. Desarrollado en 1912 para que los estudiantes de Derecho no solo aprendiesen las leyes a base de contenidos teóricos, su función era también presentarles situaciones complejas reales. Así, podían tomar decisiones y emitir juicios de valor fundamentados sobre cómo resolverlas. En 1924 se estableció como método estándar de enseñanza en Harvard.

Con este modelo de enseñanza es el propio alumno quien va construyendo su competencia profesional a través de estrategias como el *Learning by doing* o el *Design Thinking*, utilizadas por otras instituciones de renombre como Yale o Stanford.

Este método, orientado a la acción, será aplicado a lo largo de todo el itinerario académico que el alumno emprenda junto a TECH. De ese modo se enfrentará a múltiples situaciones reales y deberá integrar conocimientos, investigar, argumentar y defender sus ideas y decisiones. Todo ello con la premisa de responder al cuestionamiento de cómo actuaría al posicionarse frente a eventos específicos de complejidad en su labor cotidiana.



Método Relearning

En TECH los *case studies* son potenciados con el mejor método de enseñanza 100% online: el *Relearning*.

Este método rompe con las técnicas tradicionales de enseñanza para poner al alumno en el centro de la ecuación, proveyéndole del mejor contenido en diferentes formatos. De esta forma, consigue repasar y reiterar los conceptos clave de cada materia y aprender a aplicarlos en un entorno real.

En esta misma línea, y de acuerdo a múltiples investigaciones científicas, la reiteración es la mejor manera de aprender. Por eso, TECH ofrece entre 8 y 16 repeticiones de cada concepto clave dentro de una misma lección, presentada de una manera diferente, con el objetivo de asegurar que el conocimiento sea completamente afianzado durante el proceso de estudio.

El Relearning te permitirá aprender con menos esfuerzo y más rendimiento, implicándote más en tu especialización, desarrollando el espíritu crítico, la defensa de argumentos y el contraste de opiniones: una ecuación directa al éxito.



Un Campus Virtual 100% online con los mejores recursos didácticos

Para aplicar su metodología de forma eficaz, TECH se centra en proveer a los egresados de materiales didácticos en diferentes formatos: textos, vídeos interactivos, ilustraciones y mapas de conocimiento, entre otros. Todos ellos, diseñados por profesores cualificados que centran el trabajo en combinar casos reales con la resolución de situaciones complejas mediante simulación, el estudio de contextos aplicados a cada carrera profesional y el aprendizaje basado en la reiteración, a través de audios, presentaciones, animaciones, imágenes, etc.

Y es que las últimas evidencias científicas en el ámbito de las Neurociencias apuntan a la importancia de tener en cuenta el lugar y el contexto donde se accede a los contenidos antes de iniciar un nuevo aprendizaje. Poder ajustar esas variables de una manera personalizada favorece que las personas puedan recordar y almacenar en el hipocampo los conocimientos para retenerlos a largo plazo. Se trata de un modelo denominado *Neurocognitive context-dependent e-learning* que es aplicado de manera consciente en esta titulación universitaria.

Por otro lado, también en aras de favorecer al máximo el contacto mentor-alumno, se proporciona un amplio abanico de posibilidades de comunicación, tanto en tiempo real como en diferido (mensajería interna, foros de discusión, servicio de atención telefónica, email de contacto con secretaría técnica, chat y videoconferencia).

Asimismo, este completísimo Campus Virtual permitirá que el alumnado de TECH organice sus horarios de estudio de acuerdo con su disponibilidad personal o sus obligaciones laborales. De esa manera tendrá un control global de los contenidos académicos y sus herramientas didácticas, puestas en función de su acelerada actualización profesional.



La modalidad de estudios online de este programa te permitirá organizar tu tiempo y tu ritmo de aprendizaje, adaptándolo a tus horarios"

La eficacia del método se justifica con cuatro logros fundamentales:

1. Los alumnos que siguen este método no solo consiguen la asimilación de conceptos, sino un desarrollo de su capacidad mental, mediante ejercicios de evaluación de situaciones reales y aplicación de conocimientos.
2. El aprendizaje se concreta de una manera sólida en capacidades prácticas que permiten al alumno una mejor integración en el mundo real.
3. Se consigue una asimilación más sencilla y eficiente de las ideas y conceptos, gracias al planteamiento de situaciones que han surgido de la realidad.
4. La sensación de eficiencia del esfuerzo invertido se convierte en un estímulo muy importante para el alumnado, que se traduce en un interés mayor en los aprendizajes y un incremento del tiempo dedicado a trabajar en el curso.

La metodología universitaria mejor valorada por sus alumnos

Los resultados de este innovador modelo académico son constatables en los niveles de satisfacción global de los egresados de TECH.

La valoración de los estudiantes sobre la calidad docente, calidad de los materiales, estructura del curso y sus objetivos es excelente. No en valde, la institución se convirtió en la universidad mejor valorada por sus alumnos según el índice global score, obteniendo un 4,9 de 5.

Accede a los contenidos de estudio desde cualquier dispositivo con conexión a Internet (ordenador, tablet, smartphone) gracias a que TECH está al día de la vanguardia tecnológica y pedagógica.

Podrás aprender con las ventajas del acceso a entornos simulados de aprendizaje y el planteamiento de aprendizaje por observación, esto es, Learning from an expert.



Así, en este programa estarán disponibles los mejores materiales educativos, preparados a conciencia:



Material de estudio

Todos los contenidos didácticos son creados por los especialistas que van a impartir el curso, específicamente para él, de manera que el desarrollo didáctico sea realmente específico y concreto.

Estos contenidos son aplicados después al formato audiovisual que creará nuestra manera de trabajo online, con las técnicas más novedosas que nos permiten ofrecerte una gran calidad, en cada una de las piezas que pondremos a tu servicio.



Prácticas de habilidades y competencias

Realizarás actividades de desarrollo de competencias y habilidades específicas en cada área temática. Prácticas y dinámicas para adquirir y desarrollar las destrezas y habilidades que un especialista precisa desarrollar en el marco de la globalización que vivimos.



Resúmenes interactivos

Presentamos los contenidos de manera atractiva y dinámica en píldoras multimedia que incluyen audio, vídeos, imágenes, esquemas y mapas conceptuales con el fin de afianzar el conocimiento.

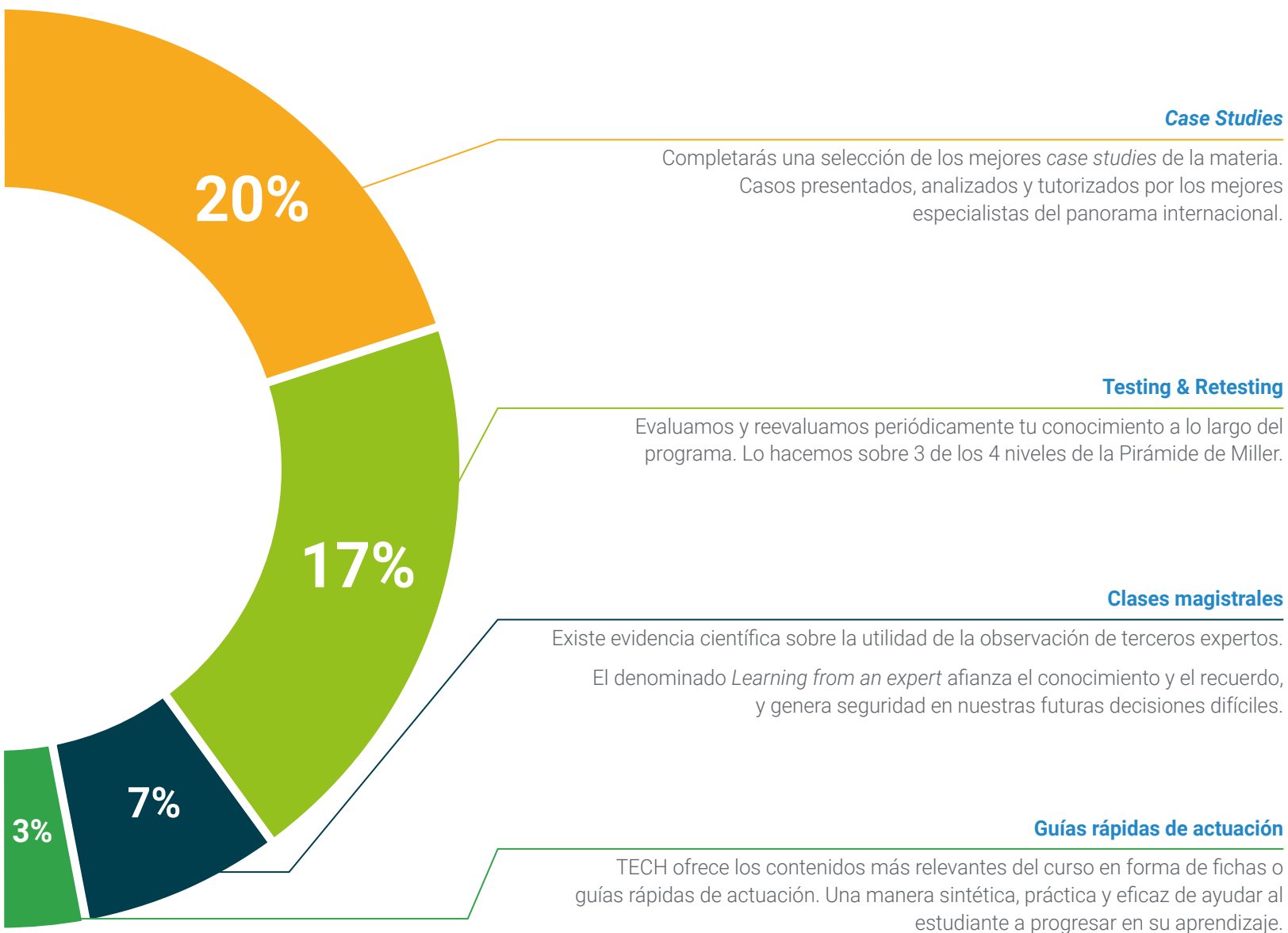
Este sistema exclusivo educativo para la presentación de contenidos multimedia fue premiado por Microsoft como "Caso de éxito en Europa".



Lecturas complementarias

Artículos recientes, documentos de consenso, guías internacionales... En nuestra biblioteca virtual tendrás acceso a todo lo que necesitas para completar tu capacitación.





06

Cuadro docente

El cuadro docente de este programa está compuesto por especialistas de prestigio en Oncología de Precisión y Análisis de Datos Genómicos, quienes aportan una visión actualizada y práctica del sector. Gracias a su experiencia en investigación, clínica y desarrollo tecnológico, los docentes ofrecen un enfoque integral que combina la teoría con aplicaciones reales. Además, su participación en proyectos de vanguardia garantiza que los contenidos se mantengan alineados con los últimos avances científicos.



H.

“

Tendrás el apoyo de un cuadro docente compuesto por especialistas con amplia experiencia en la Oncología de Precisión Genómica y el Big Data”

H.

Dirección



Dr. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- ♦ Jefe de Servicio de Oncología Médica en el Hospital Universitario Rey Juan Carlos
- ♦ Doctor en Medicina por la Universidad Complutense de Madrid (UCM)
- ♦ Máster Universitario en Bioinformática y Bioestadística por la Universitat Oberta de Catalunya
- ♦ Máster en Análisis Bioinformático por la Universidad Pablo de Olavide
- ♦ Research Fellow at University of Southampton
- ♦ Licenciado en Medicina y Cirugía por la Universidad de Navarra
- ♦ Miembro de: Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM)
Grupo Español de Tumores Digestivos (TTD)



Dr. Krallinger, Martín

- ♦ Jefe de Minería de Textos en el *Barcelona Supercomputing Center* (BSC)
- ♦ Ex Jefe de la Unidad de Minería de Textos del Centro Nacional de Investigación del Cáncer (CNIO)
- ♦ Investigador con más de 70 publicaciones
- ♦ Participación en el desarrollo del primer metaservidor de anotación de textos biomédicos (metaservidor biocreativo-BCMS) y el metaservidor BeCalm
- ♦ Organizador de los desafíos de evaluación de la comunidad de BioCreative para la evaluación de herramientas de procesamiento de lenguaje natural y ha participado en la organización de tareas de minería de textos biomédicos en diversos desafíos de la comunidad internacional, incluidos IberEval y CLEF

Profesores

D. Alberich Martí, Ricardo

- ♦ Especialista en Ciencias Matemáticas e Informática
- ♦ Miembro del Grupo de Investigación de Biología Computacional y Bioinformática (BIOCOM)
- ♦ Profesor titular de Ciencias Matemáticas e Informática y Computación e Inteligencia Artificial en la Universidad de las Islas Baleares (UIB)

Dña. Álvarez Cubero, María Jesús

- ♦ Investigadora y Catedrática
- ♦ Profesora del Departamento de Bioquímica y Biología Molecular III e Inmunología de la Universidad de Granada
- ♦ Investigadora de Genyo
- ♦ Doctora en Biología por la Universidad de Granada
- ♦ Graduada en Biología por la Universidad de Granada
- ♦ Estancia investigadora en la Universidad del Norte de Texas
- ♦ Estancia investigadora en la Universidad de Coimbra
- ♦ Estancia investigadora en la Università Tor Vergata

D. Andrés León, Eduardo

- ♦ Jefe de la Unidad de Bioinformática en el Instituto de Parasitología y Biomedicina López Neyra-CSIC
- ♦ Redactor Asociado en BMC Genomics
- ♦ Academic Editor en Public Library of Science (PLOS One)
- ♦ Bioestadístico en la Fundación Hipercolesterolemia Familiar
- ♦ Técnico Responsable de la Unidad Central de Bioinformática y Biología
- ♦ Computacional en el Instituto de Biomedicina en Sevilla
- ♦ Licenciado en Biología y Biología Molecular por la Universidad Autónoma de Madrid

Dña. Astudillo González, Aurora

- ♦ Médico Cirujana Especializada en Anatomía Patológica
- ♦ Doctora en Medicina
- ♦ Directora Científica del Biobanco del Principado de Asturias
- ♦ Miembro: European Board of Neuropathology, European Board of Pathology

Dña. Burón Fernández, María del Rosario

- ♦ Médico del Servicio de Medicina Interna en el Hospital Universitario Infanta Cristina
- ♦ Especialista en Medicina Interna
- ♦ Licenciada en Medicina y Cirugía

D. Carmona Bayonas, Alberto

- ♦ Servicio de Oncología Médica en el Hospital Universitario Morales Meseguer. Murcia, España
- ♦ Servicio de Hematología y Oncología Médica en el Hospital Universitario Morales Meseguer. Murcia, España

Dña. Ciruelos, Eva M.

- ♦ Coordinadora de la Unidad de Cáncer de Mama de HM Hospitales
- ♦ Oncóloga Médica en el Hospital Universitario 12 de Octubre
- ♦ Profesora del Departamento de Medicina en la Universidad Complutense de Madrid
- ♦ Licenciada en Medicina y Cirugía por la Universidad Autónoma de Madrid
- ♦ Especialista en Oncología Médica por el Hospital Universitario 12 de Octubre
- ♦ Miembro de: Grupo SOLTI de Investigación en Cáncer de Mama (Presidenta), Grupo de Trabajo de Patología Mamaria de la Unidad de Cáncer de Mama del Hospital Universitario 12 de Octubre, Comisión de Farmacia Hospitalaria del Hospital Universitario 12 de Octubre, ANEP

D. Galiana, Enrique de Andrés

- ♦ Doctor en Matemáticas e Ingeniero Informático
- ♦ Profesor asociado de Informática en el Departamento de Matemáticas de la Universidad de Oviedo
- ♦ Automatización ITM en CSC
- ♦ Analista Programador en OMVESA
- ♦ Doctor en Matemáticas y Estadística por la Universidad de Oviedo
- ♦ Ingeniero Informático por la Universidad Pontificia de Salamanca
- ♦ MSC SoftComputing, Análisis Inteligente de Datos e Inteligencia Artificial por la Universidad de Oviedo

D. De la Haba Rodríguez, Juan

- ♦ Especialista en Oncología Médica en el Hospital Universitario Reina Sofía
- ♦ Especialista en Oncología Médica en el Hospital San Juan de Dios Investigador del IMIBIC
- ♦ Profesor de Oncología en la Universidad de Córdoba
- ♦ Doctor en Medicina por la Universidad de Córdoba
- ♦ Miembro del Grupo de Nuevas Terapias en Cáncer en el Instituto Maimónides de Investigación Biomédica de Córdoba (IMIBIC)
- ♦ Reconocimientos: Premio Averroes de Oro Ciudad de Córdoba en Ciencias Médicas Mención especial en los Premios Al-Andalus, Bandera de Andalucía a los Valores Humanos

D. Fernández Martínez, Juan Luis

- ♦ CEO y Co-Founder de StockFink
- ♦ Co-Founder de DeepBioInsights
- ♦ Profesor de Matemáticas Aplicada
- ♦ Director del Grupo de Problemas Inversos, Optimización y Aprendizaje Automático en el Departamento de Matemáticas, Universidad de Oviedo

Dña. Figueroa, Angélica

- ♦ Coordinadora del Grupo de Plasticidad Epitelial y Metástasis en el Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña
- ♦ Estancias en el National Institute of Health en EE. UU y en Australia
- ♦ Doctora en Biología Molecular por la Universidad Autónoma de Madrid (UAM)
- ♦ Licenciada en Biología por la Universidad Complutense de Madrid (UCM)

Dña. García Casado, Zaida

- ♦ Bióloga Molecular en el Laboratorio de Biología Molecular de la Fundación Instituto Valenciano de Oncología
- ♦ Investigadora en el Hospital Universitario La Fe
- ♦ Doctora en Genética Molecular por la Universidad de Valencia
- ♦ Licenciada en Ciencias Biológicas por la Universidad de Valencia

D. García Foncillas, Jesús

- ♦ Director del Oncohealth Institute
- ♦ Director de la Cátedra de Medicina Individualizada Molecular en la Universidad Autónoma de Madrid
- ♦ Director del Departamento de Oncología del Hospital Universitario Fundación Jiménez Díaz
- ♦ Director de la División de Oncología Traslacional del Instituto de Investigación Sanitaria (FJD-UAM)
- ♦ Especialista en Oncología
- ♦ D. Gomila Salas, Juan Gabriel
- ♦ CEO Principal y Cofundador en Frogames
- ♦ CEO Principal en Flyleaf Studios
- ♦ Profesor de Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial en la Universidad de las Islas Baleares
- ♦ Instructor de Nuevas Tecnologías en Udemmy
- ♦ Game Producer & Project Manager en Playspace
- ♦ Licenciado en Matemáticas por la Universidad de las Islas Baleares

D. Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ CEO Principal y Cofundador en Frogames
- ♦ CEO Principal en Flyleaf Studios
- ♦ Profesor de Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial en la Universidad de las Islas Baleares
- ♦ Instructor de Nuevas Tecnologías en Udemmy
- ♦ *Game Producer & Project Manager* en Playspace
- ♦ Licenciado en Matemáticas por la Universidad de las Islas Baleares

D. González Gomáriz, José

- ♦ Investigador Sanitario en el Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra (IdiSNA)
- ♦ Formador Sanitario
- ♦ Máster en Bioinformática por la Universidad de Murcia

D. Hoyos Simón, Sergio

- ♦ Médico Adjunto del Servicio de Oncología Médica en el Hospital Rey Juan Carlos
- ♦ Médico Adjunto del Servicio de Oncología Médica en el Hospital Universitario Fundación Alcorcón
- ♦ Médico Adjunto del Servicio de Oncología Médica en el Hospital Universitario Infanta Sofía
- ♦ Médico Adjunto del Servicio de Oncología Médica en el Hospital Universitario 12 de Octubre
- ♦ Voluntariado en Campaña de Salud en Camerún con ONGD Zerka y Lejos
- ♦ Licenciado en Medicina por la Universidad Complutense de Madrid (UCM)

Dr. Intxaurrenondo, Ander

- ♦ Data Architect en Accenture
- ♦ Data Scientist en Pragsis Bidoop
- ♦ Investigador técnico del Centro de Supercomputación de Barcelona
- ♦ Investigador técnico en Dinycon Sistemas
- ♦ Investigador del Grupo de Investigación IXA PNL
- ♦ Diseñador gráfico en Akimu Proyectos Turísticos
- ♦ Doctor en Procesamiento del Lenguaje Natural en la Universidad del País Vasco/
Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU)
- ♦ Graduado en Informática de Gestión por la Universidad Albert-Ludwig
- ♦ Máster en Análisis y Procesamiento del Lenguaje por Universidad del País Vasco/
Euskal Herriko Unibertsitatea (UPV/EHU)

Dña. Jiménez-Fonseca, Paula

- ♦ Oncóloga Médica en la Sección de Tumores Digestivos y Endocrinos en el Hospital Universitario Central de Asturias
- ♦ Doctora en Medicina por la Universidad de Oviedo
- ♦ Investigadora y Coordinadora de estudios científicos para el Grupo Español de Tumores Neuroendocrinos y Endocrinos (GETNE)
- ♦ Investigadora y Coordinadora de estudios científicos para la Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM)
- ♦ Coordinadora del Registro ICARO de Cáncer Adrenocortical en Sociedad Española de Endocrinología y Nutrición (SEEN)

- ♦ Presidenta del Grupo AGAMENON de investigación en Cáncer Gástrico de la Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM)
- ♦ Miembro de: Sociedad Española de Endocrinología y Nutrición (SEEN), Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM), TTD (Junta Directiva)

Dña. Lage Alfranca, Yolanda

- ♦ Facultativa del Servicio de Oncología en el Hospital Universitario Fundación Jiménez Díaz
- ♦ Médica Especialista en Oncología
- ♦ Licenciada en Medicina y Cirugía
- ♦ Miembro de: Sociedad Española de Oncología Médica

D. López Guerrero, José Antonio

- ♦ Jefe Clínico del Laboratorio de Biología Molecular del Servicio de Oncología Médica en el Instituto Valenciano de Oncología (IVO)
- ♦ Doctor en Biología

D. López López, Rafael

- ♦ Jefe del Servicio de Oncología Médica en el Complejo Hospitalario Universitario de Santiago de Compostela
- ♦ Director del Grupo de Oncología Médica Traslacional en el Instituto de Investigación Sanitaria de Santiago de Compostela
- ♦ Creador del Servicio de Oncología Médica en el Hospital de Txagorritxu. Vitoria, España
- ♦ Médico Investigador en el Departamento de Oncología del Free University Hospital. Ámsterdam

- ♦ Investigador Principal de más de 100 ensayos clínicos, destacando el Campo de la Investigación Traslacional en Tumores Sólidos
- ♦ Autor de más de 200 artículos en revistas nacionales e internacionales de gran prestigio
- ♦ Socio Fundador de la empresa Nasasbiotech
- ♦ Licenciado en Medicina por la Universidad Autónoma de Madrid (UAM)
- ♦ Académico numerario de la Real Academia de la Medicina y Cirugía de Galicia
- ♦ Miembro de: European Society for Medical Oncology (ESMO), Sociedad Española de Oncología Médica (SEOM), Sociedad Americana de Oncología Clínica (ASCO) Asociación Americana para la Investigación del Cáncer (AACR)

Dr. Martínez González, Luis Javier

- ♦ Responsable de la Unidad de Genómica del Centro de Genómica e Investigación Oncológica (GENYO)
- ♦ Investigador del proyecto de identificación genética de Cristóbal Colón y sus familiares
- ♦ Doctor con premio extraordinario en el Área de Biomedicina por la Universidad de Granada
- ♦ Licenciado en Ciencias Biológicas por la Universidad de Granada
- ♦ Experto en Biotecnología por la Universidad Nacional a Distancia

Dña. Martínez Iglesias, Olaia

- ♦ Directora del Laboratorio de Epigenética Médica en EuroEspes
- ♦ Investigadora del Instituto de Investigaciones Biomédicas Alberto Sols
- ♦ Líder del Grupo de Investigación Plasticidad Epitelial y Metástasis en el Instituto de Investigación Biomédica de A Coruña (INIBIC)
- ♦ Doctora en Biomedicina por la Universidad Autónoma de Madrid
Licenciada en Biología por la Universidade da Coruña

D. Paramio González, Jesús María

- ♦ Jefe de División de la Unidad de Oncología Molecular en el Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas
- ♦ Investigador en el Instituto de Investigaciones Biomédicas del Hospital Universitario 12 de Octubre
- ♦ Especialista en Biología Celular en el Centro de Investigaciones Energéticas, Medioambientales y Tecnológicas

Dr. Pascual Martínez, Tomás

- ♦ Médico Especialista en Oncología en el Hospital Clínic de Barcelona CSO en SOLTI
- ♦ Médico Adjunto de Oncología en el Institut d'Investigacions Biomèdiques August Pi i Sunyer
- ♦ Oncólogo en el Hospital Universitario de La Princesa
- ♦ Oncólogo en el Hospital Universitario 12 de Octubre

Dña. Pérez Gutiérrez, Ana María

- ♦ Especialista en Cirugía General y del Aparato Digestivo
- ♦ Médico en el Servicio de Cirugía General y del Aparato Digestivo en el Complejo Hospitalario Universitario de Toledo
- ♦ Médico Especialista en Cirugía General y del Aparato Digestivo en el Hospital Quirónsalud Toledo
- ♦ Premio al mejor caso clínico en la Reunión Nacional de Cirugía

Dña. Ribalta Farrés, Teresa

- ♦ Patóloga y Neuropatóloga en el Hospital Clínic de Barcelona y en el IDIBAPS Especialista en Neuropatología
- ♦ Jefa del Departamento de Patología y Directora del Biobanco en el Hospital Sant Joan de Déu
- ♦ Responsable de la Sección de Patología Pediátrica del Hospital Clínic de Barcelona
- ♦ Catedrática y Profesora de Anatomía Patológica en la Universidad de Barcelona
- ♦ Licenciada en Medicina por la Universidad de Barcelona

D. Sánchez Rubio, Javier

- ♦ Facultativo Especialista de Área en el Hospital Universitario de Getafe
- ♦ Diplomado Universitario en Evaluación de Tecnologías Sanitarias por la Universidad Pompeu Fabra
- ♦ Máster en Ciencias Farmacéuticas por la Universidad Complutense de Madrid
- ♦ Licenciado en Medicina y cirugía

D. Olivas Varela, José Ángel

- ♦ Facultativo Especialista de Área en el Hospital Universitario de Getafe
- ♦ Diplomado Universitario en Evaluación de Tecnologías Sanitarias por la Universidad Pompeu Fabra
- ♦ Máster en Ciencias Farmacéuticas por la Universidad Complutense de Madrid
- ♦ Licenciado en Medicina y cirugía

Dr. Mir Torres, Arnau

- ♦ Colaborador del Grupo de Investigación de Soft Computing y Procesamiento de Imágenes y Agregación (SCOPIA)
- ♦ Doctor por la Universidad de Barcelona
- ♦ Licenciado en Ciencias Matemáticas e Informática
- ♦ Profesor titular en Áreas de las Ciencias Matemáticas e Informática, Ciencias de la Computación e Inteligencia Artificial

D. Soares, Felipe

- ♦ Ingeniero de Inteligencia Artificial y *Machine Learning* en Apple
- ♦ Ingeniero de Investigación *Text Mining* en el Centro Nacional de Supercomputación. Barcelona
- ♦ Ingeniero con Enfoque *Machine Learning*
- ♦ Doctorado en Ingeniería por la Universidade Federal do Río Grande do Sul
- ♦ Maestría en Ingeniería Industrial por la Universidade Federal do Río Grande do Sul
- ♦ Maestría en Ciencias de la Computación por la Universidade Federal do Río Grande do Sul

D. Rueda Fernández, Daniel

- ♦ Jefe de la Unidad de Descubrimiento de Biomarcadores y Farmacogenómica en PharmaMar
- ♦ Investigador Científico en Sylentis
- ♦ Responsable de Estudios Genéticos en Cáncer Hereditario en el Hospital Universitario 12 de Octubre
- ♦ Doctor en Bioquímica y Biología Molecular por la Universidad Complutense de Madrid
- ♦ Biólogo Molecular en Gemolab S.L.
- ♦ Licenciado en Bioquímica por la Universidad Complutense de Madrid

D. Segura Ruiz, Víctor

- ♦ CIMA Universidad de Navarra (Plataforma de Bioinformática)
- ♦ Director de la Unidad

D. Vázquez García, Miguel

- ♦ Líder del Grupo de Informática del Genoma en Barcelona Supercomputing Center
- ♦ Investigador académico
- ♦ Licenciado en Ciencias de la Vida e Informática del Genoma
- ♦ Docente

D. Velastegui Ordóñez, Alejandro

- ♦ Médico Oncólogo en el Hospital Universitario Rey Juan Carlos
- ♦ Especialista en Inmunología Clínica en el Hospital General Universitario Gregorio Marañón
- ♦ Especialista en Oncología Médica en el Hospital Universitario Fundación Alcorcón
- ♦ Licenciado en Medicina por la Universidad Católica de Santiago de Guayaquil

07

Titulación

El Máster Título Propio en Oncología de Precisión Genómica y Big Data garantiza, además de la capacitación más rigurosa y actualizada, el acceso a dos diplomas de Máster Propio, uno expedido por TECH Global University y otro expedido por Universidad FUNDEPOS.



“

Supera con éxito este programa y recibe tu titulación universitaria sin desplazamientos ni farragosos trámites”

El programa del **Máster Título Propio en Oncología de Precisión Genómica y Big Data** es el más completo del panorama académico actual. A su egreso, el estudiante recibirá un diploma universitario emitido por TECH Global University, y otro por Universidad FUNDEPOS.

Estos títulos de formación permanente y actualización profesional de TECH Global University y Universidad FUNDEPOS garantizan la adquisición de competencias en el área de conocimiento, otorgando un alto valor curricular al estudiante que supere las evaluaciones y acredite el programa tras cursarlo en su totalidad.

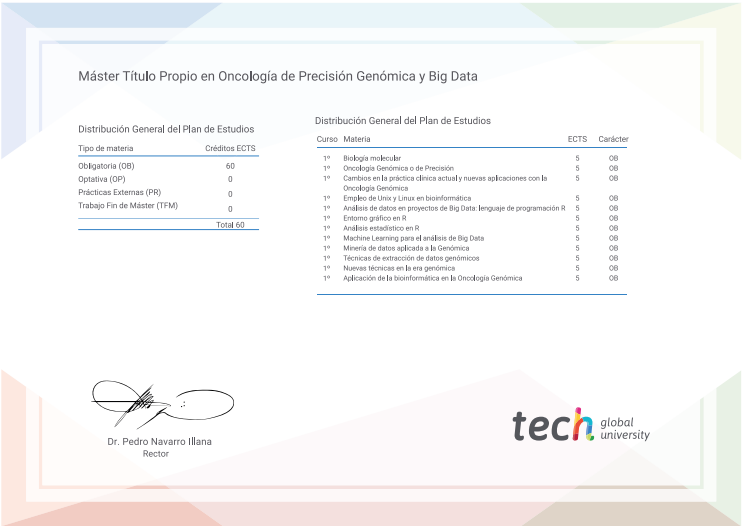
Este doble reconocimiento, de dos destacadas instituciones universitarias, suponen una doble recompensa a una formación integral y de calidad, asegurando que el estudiante obtenga una certificación reconocida tanto a nivel nacional como internacional. Este mérito académico le posicionará como un profesional altamente capacitado y preparado para enfrentar los retos y demandas en su área profesional.

Título: **Máster Título Propio en Oncología de Precisión Genómica y Big Data**

Modalidad: **online**

Duración: **12 meses**

Acreditación: **60 ECTS**



*Apostilla de la Haya. En caso de que el alumno solicite que su diploma de TECH Global University recabe la Apostilla de La Haya, TECH Universidad FUNDEPOS realizará las gestiones oportunas para su obtención, con un coste adicional.



Máster Título Propio Oncología de Precisión Genómica y Big Data

- » Modalidad: online
- » Duración: 12 meses
- » Titulación: TECH Universidad FUNDEPOS
- » Acreditación: 60 ECTS
- » Horario: a tu ritmo
- » Exámenes: online

Máster Título Propio

Oncología de Precisión
Genómica y *Big Data*