

Mestrado Próprio

Oncologia de Precisão:
Genômica e Big Data



Mestrado Próprio

Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data

- » Modalidade: online
- » Duração: 12 meses
- » Certificado: TECH Universidade Tecnológica
- » Dedicação: 16h/semana
- » Horário: no seu próprio ritmo
- » Provas: online

Acesso ao site: www.techtute.com/br/medicina/mestrado-proprio/mestrado-proprio-oncologia-precisao-genomica-big-data

Índice

01

Apresentação

pág. 4

02

Objetivos

pág. 8

03

Competências

pág. 14

04

Direção do curso

pág. 18

05

Estrutura e conteúdo

pág. 26

06

Metodologia

pág. 36

07

Certificado

pág. 44

01

Apresentação

O conceito de Oncologia Genômica ou de Precisão não é uma novidade. Há mais de um século, os médicos usam o tipo de sangue para adequar as transfusões de sangue. Hoje, o que é diferente é o crescimento acelerado dos dados genômicos do paciente e da comunidade em geral, que podem ser coletados de forma rápida e econômica, e o potencial para obter informações a partir do intercâmbio desses dados. A escala e a complexidade dos dados genômicos diminuem as medidas tradicionalmente usadas em testes de laboratório.





Amplie seus conhecimentos em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data através deste programa, onde você encontrará o melhor material didático com casos práticos reais. Conheça os últimos avanços desta especialidade e realize uma prática médica de qualidade"

Um dos principais objetivos do programa é aproximar e promover o conhecimento da informática, que já se aplica em outras áreas do conhecimento, embora tenha uma implementação mínima no mundo da medicina. Embora ainda haja um caminho a percorrer antes de que a medicina genômica se torne uma realidade, a quantidade de informações clínicas atualmente disponíveis atualmente precisam ser interpretadas com precisão e associadas aos dados biológicos gerados a partir da análise bioinformática.

Embora este seja um desafio difícil, isto permitirá que os efeitos da variação genética e potenciais terapias sejam explorados rapidamente, de forma barata e com maior precisão do que é possível atualmente. Os seres humanos não possuem a capacidade natural de perceber e interpretar sequências genômicas, nem de compreender todos os mecanismos, caminhos e interações que ocorrem dentro de uma célula viva, ou de tomar decisões médicas com dezenas ou centenas de variáveis. Para avançar, é necessário um sistema com capacidade analítica sobre-humana que simplifique o ambiente de trabalho e que mostre as relações e proximidades entre as variáveis.

Em genômica e biologia, sabe-se que é melhor investir os recursos em novas técnicas computacionais do que em pura coleta de dados, algo que, provavelmente, também se aplica à medicina e, é claro, à oncologia.

Temos à disposição milhões de dados e publicações, mas quando estes são analisados por médicos ou biólogos, as conclusões são totalmente subjetivas em relação às publicações ou dados disponíveis que são arbitrariamente priorizados, resultando em um conhecimento parcial e, naturalmente, cada vez mais distante do conhecimento genético e biológico disponível apoiado pela computação. Portanto, um importante passo na implementação da medicina de precisão consiste em preencher esta lacuna, analisando de forma massiva as informações médicas e farmacológicas disponíveis.

Este **Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data** conta com o conteúdo científico mais completo e atualizado do mercado. Suas principais características são:

- O desenvolvimento de mais de 75 casos Prática apresentados por especialistas em de Precisão Oncológica: Genômica e Big Data O conteúdo gráfico, esquemático e extremamente prático fornecido pelo curso proporciona informações científicas e de atendimento à saúde sobre as disciplinas essenciais para a prática profissional.
- As novidades em Oncologia de Precisão, Genômica e *Big Data*
- Contém exercícios práticos onde o processo de auto-avaliação é realizado para melhorar o aprendizado
- Sistema de aprendizagem interativo baseado em algoritmos para a tomada de decisões sobre as situações clínicas levantadas
- Com especial destaque para a medicina baseada em evidências e para as metodologias de pesquisa em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data
- Tudo isto complementado por palestras teóricas, perguntas à especialistas, fóruns de discussão sobre temas controversos e trabalhos de reflexão individual
- Acesso à todo o conteúdo desde qualquer dispositivo, fixo ou portátil, com conexão à Internet



Atualize seus conhecimentos através deste programa de estudos em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data



Este Mestrado Próprio é o melhor investimento que você pode fazer na escolha de um programa de capacitação por duas razões: além de atualizar seus conhecimentos em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data, você obterá um certificado da TECH Universidade Tecnológica"

O corpo docente deste curso é formado por profissionais da área da Oncologia de Precisão, que transferem a toda a experiência do seu trabalho para esta capacitação, além de especialistas reconhecidos de sociedades científicas de referência e universidades de prestígio.

O seu conteúdo multimídia, desenvolvido com a mais recente tecnologia educacional, oferece ao profissional uma aprendizagem situada e contextual, ou seja, um ambiente simulado que proporcionará uma aprendizagem imersiva e programada para capacitar em situações reais.

O desenho deste programa se Centro no Aprendizagem Baseada em Problemas, pelo qual o médico deverá resolver as diferentes situações da prática profissional que surgirem ao longo do curso. Para isso, o médico contará com a ajuda de um inovador sistema de vídeo interativo, realizado por especialistas reconhecidos na área de Oncologia de Precisão e com ampla experiência de ensino.

O Mestrado Próprio lhe permitirá praticar em ambientes simulados, proporcionando uma aprendizagem imersiva, programada para capacitar diante de situações reais.

Inclui casos clínicos visando aproximar ao máximo o desenvolvimento do programa à realidade do atendimento médico.



02 Objetivos

O Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data tem como objetivo auxiliar o desempenho do médico que se dedica ao tratamento da patologia oncológica, onde é necessário interpretar com precisão um grande volume de informações clínicas disponíveis atualmente e associá-las com os dados biológicos gerados após uma análise bioinformática.



“

Este curso foi desenvolvido para que você possa atualizar seus conhecimentos em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data, utilizando a mais recente tecnologia educacional, para contribuir com qualidade e segurança na tomada de decisões, diagnóstico, tratamento e atendimento ao paciente”



Objetivo geral

- ♦ Ser capaz de interpretar com precisão o volume de informações clínicas atualmente disponíveis e associadas aos dados biológicos gerados após a análise bioinformática

“

Aproveite a oportunidade para se atualizar sobre as últimas novidades Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data”





Objetivos específicos

Módulo 1. Biologia molecular

- Atualizar o conhecimento da biologia molecular do câncer, em relação a diferentes conceitos, como a heterogeneidade genética ou a reprogramação do microambiente
- Proporcionar e expandir o conhecimento sobre imunoterapia como um exemplo claro de avanço científico na pesquisa translacional
- Aprender uma nova abordagem para classificar os tumores mais frequentes com base em dados genômicos disponíveis no The Cancer Genome Atlas (TCGA) Research Network

Módulo 2. Oncologia genômica ou de precisão

- Discutir a mudança no cenário atual com a introdução de dados genômicos na compreensão biológica dos tumores
- Explicar como a classificação genômica fornece informações independentes para prever resultados clínicos, proporcionando a base biológica para uma nova era de tratamentos personalizados do câncer
- Conhecer as novas tecnologias genômicas atualmente utilizadas no sequenciamento de DNA e RNA, baseadas na sequência do genoma humano e tornadas possíveis desde a conclusão do Projeto Genoma Humano, o que significou uma expansão sem precedentes da capacidade da genética molecular na pesquisa genética e no diagnóstico clínico.
- Analisar o processo de bioinformática seguido para interpretar e aplicar os dados biológicos
- Analisar e interpretar informações biológicas em nível molecular, celular e genômico

Módulo 3. Mudanças na prática clínica atual e novas aplicações com a oncologia genômica

- Analisar e interpretar a carga mutacional tumoral (TMB) como um biomarcador genômico que tenha um impacto significativo no cenário da imunoterapia do câncer
- Aprender como a biópsia líquida do DNA circulante nos permite compreender especificamente que tipo de mudanças moleculares estão acontecendo no tumor em tempo real
- Descrever o paradigma atual da incorporação de dados genômicos na prática clínica de hoje

Módulo 4. Uso de Unix e Linux na bioinformática

- Aprender sobre o sistema operacional Linux, que atualmente é fundamental no mundo científico tanto para a interpretação de dados biológicos de sequenciamento quanto para a mineração de textos médicos quando tratamos dados em larga escala
- Fornecer as bases de acesso a um servidor Linux e como encontrar os pacotes e instalá-los no local.
- Descrever os comandos básicos do Linux para: criar, renomear, mover e excluir diretórios; lista, leitura, criação, edição, cópia e exclusão de arquivos
- Entenda como funcionam as permissões e como decifrar as permissões criptografadas do Linux com facilidade

Módulo 5. Análise de dados em projetos de *Big Data*: linguagem de programação R

- ♦ Analisar como a adoção do sequenciamento da próxima geração (NGS) em um contexto de diagnóstico levanta numerosas questões relativas à identificação e aos relatórios de variantes em genes secundários para a patologia do paciente.
- ♦ Introdução à linguagem de programação R, cuja vantagem é ser uma linguagem de programação de código aberto e possui múltiplos pacotes de análise estatística.
- ♦ Aprender conceitos básicos de programação R como tipos de dados, aritmética de vetores e indexação.
- ♦ Realização de operações em R, incluindo classificação, criação ou importação de dados
- ♦ Aprenda como a solução de problemas começa com uma decomposição modular e depois outras decomposições de cada módulo em um processo chamado de refinamento sucessivo.
- ♦ Aprenda o básico da inferência estatística para entender e calcular os valores p e intervalos de confiança enquanto analisa os dados com R
- ♦ Fornecer exemplos de programação R de uma forma que ajude a fazer a conexão entre os conceitos e a implementação.

Módulo 6. Ambiente gráfico em R

- ♦ Usar técnicas de visualização para explorar novos conjuntos de dados e determinar a abordagem mais apropriada
- ♦ Aprenda como visualizar os dados para extrair informações, entendê-los melhor e tomar decisões mais efetivas
- ♦ Ensinar como obter dados que à primeira vista têm pouco significado e apresentar visualmente esses dados de uma maneira que faça sentido para análise
- ♦ Saiba como utilizar as três principais fontes gráficas em R: base, lattice e ggplot2
- ♦ Saber em que se baseia cada pacote gráfico para definir qual utilizar e as vantagens oferecidas por um ou por outro

Módulo 7. Análise estatística em R

- ♦ Descrever as técnicas estatísticas mais apropriadas como uma alternativa, quando os dados não estiverem de acordo com as suposições exigidas pela abordagem padrão
- ♦ Aprenda os conceitos básicos para realizar pesquisas reproduzíveis usando scripts de R para analisar dados

Módulo 8. Machine learning para a análise de *Big Data*

- ♦ Processar e analisar rápida e automaticamente grandes volumes de dados complexos estruturados, semiestruturados e não estruturados em big data
- ♦ Entender o que é machine learning e usar algumas das técnicas de classificação de dados (árvore de decisão, k-NN, Máquinas de Vetores de Suporte, redes neurais, entre outras).
- ♦ Saiba como dividir os dados em um conjunto de teste e um conjunto de treinamento, e descubra os conceitos de viés e variação.

Módulo 9. Mineração de dados aplicada à genômica

- ♦ Saiba como a mineração de dados permite encontrar padrões e regularidades em bancos de dados.
- ♦ Aprenda a aplicar os princípios de mineração de dados à dissecação de grandes conjuntos de dados complexos (Big Data), incluindo aqueles em bases de dados muito grandes ou em páginas da web.
- ♦ Explorar, analisar e aproveitar os dados, transformando-os em informações úteis e valiosas para a prática clínica.



Módulo 10. Técnicas de mineração de dados genômicos

- ♦ Entender como a maioria dos dados científicos aparece em documentos como sites e arquivos PDF, que são difíceis de processar, para análise posterior, mas que podem ser utilizados através de técnicas de raspagem.
- ♦ Ter acesso a muitas fontes de dados através do site para a implementação da medicina de precisão, permitindo a extração massiva de informações.

Módulo 11. Novas técnicas na era genômica

- ♦ Colocar em prática os conhecimentos adquiridos na interpretação de um estudo genômico em vários casos de câncer, extraindo informações úteis para ajudar na tomada de decisões
- ♦ Usar diversos algoritmos feitos com a linguagem R para a extração de conhecimentos dos bancos de dados Pubmed, DGIdb e Clinical Trials, com base na busca de informações genéticas em determinados tumores

Módulo 12. Aplicações da bioinformática na Oncologia Genômica

- ♦ Compreender a função dos genes com pouca informação clínica baseada na proximidade ontológica.
- ♦ Descobrir genes envolvidos em uma doença a partir de uma pesquisa massiva no Pubmed e da representação gráfica do nível de evidência científica.

“Aproveite a oportunidade para se atualizar sobre os últimos avanços na área e aplicá-los à sua prática diária”

03

Competências

Após a aprovação das avaliações do Mestrado em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data, o aluno terá adquirido as competências necessárias para uma prática de qualidade e atualizada, com base nas evidências científicas mais recentes.



“

Com este programa você irá dominar os novos procedimentos diagnósticos e terapêuticos em Oncologia de Precisão" Genômica e Big Data"

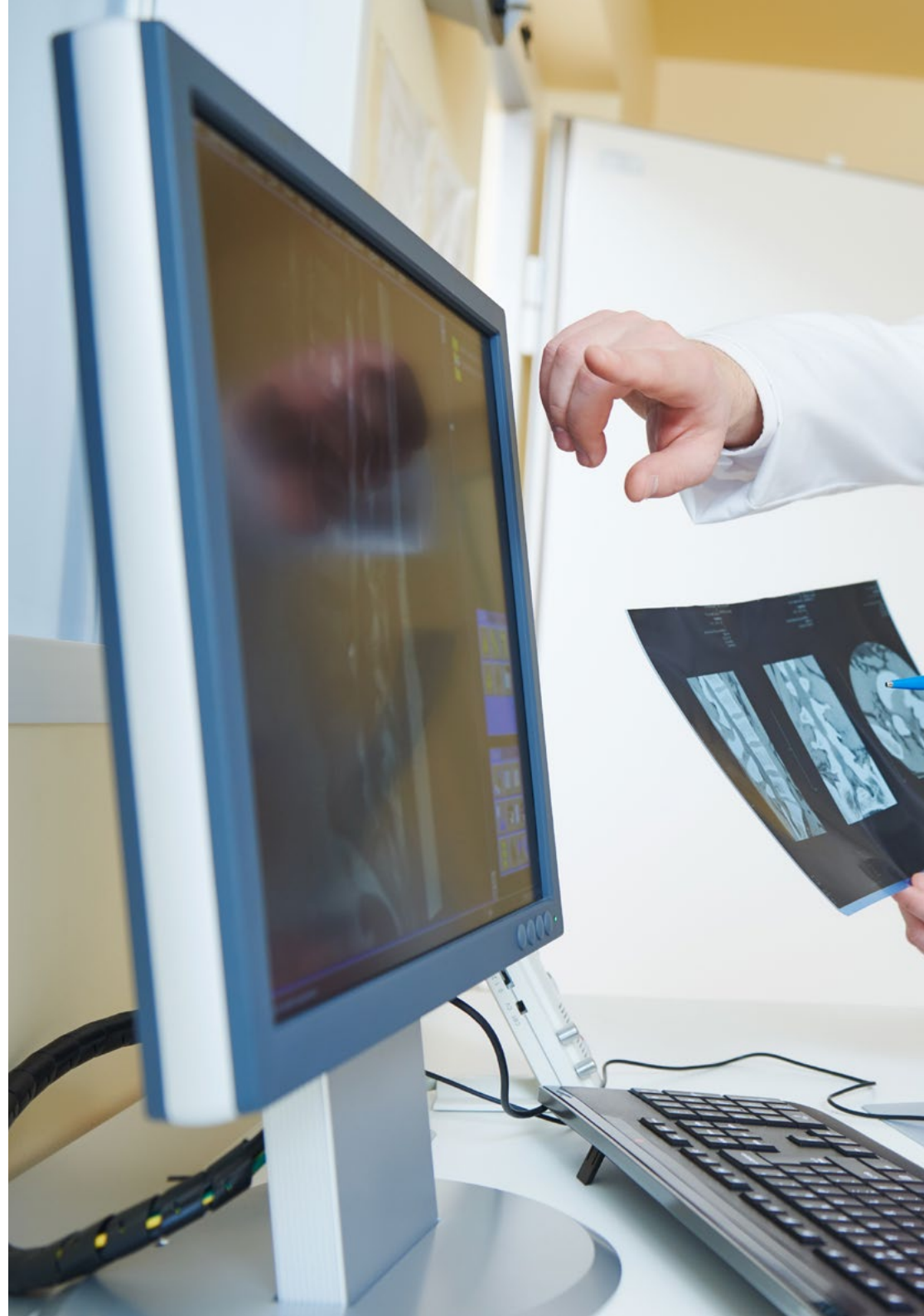


Competências gerais

- ♦ Possuir e compreender conhecimentos que forneçam uma base ou oportunidade para a originalidade no desenvolvimento e/ou aplicação de ideias, muitas vezes em um contexto de pesquisa
- ♦ Aplicar o conhecimento adquirido e as habilidades de solução de problemas em ambientes novos ou desconhecidos dentro de contextos mais amplos (ou multidisciplinares) relacionados à sua área de estudo
- ♦ Integrar conhecimentos e lidar com a complexidade de julgar a partir de informações incompletas ou limitadas, incluindo reflexões sobre as responsabilidades sociais e éticas associadas com a aplicação de seus conhecimentos e julgamentos
- ♦ Comunicar seu conhecimento, suas conclusões e a lógica final por trás delas a públicos especializados e não especializados de forma clara e sem ambiguidades
- ♦ Adquirir as habilidades de aprendizagem que lhe permitirão continuar a estudar de uma forma amplamente autônoma ou autodirigida



Este programa de atualização lhe trará segurança no desempenho da prática clínica, além de contribuir para o seu crescimento pessoal e profissional”





Competências específicas

- ♦ Criar uma visão global e atualizada dos tópicos apresentados que permitirá ao estudante adquirir conhecimentos úteis e, ao mesmo tempo, despertar o interesse em expandir as informações e descobrir sua aplicação em sua prática diária.
- ♦ Compreender o processo de descoberta do conhecimento, incluindo seleção de dados, limpeza, codificação, uso de diferentes técnicas estatísticas e de machine learning e, visualização das estruturas geradas.
- ♦ Compreender como avaliar o desempenho de algoritmos de aprendizagem supervisionados e não supervisionados.
- ♦ Aprender como as funções tendem a devolver um único valor à unidade do programa, ao contrário dos procedimentos que podem devolver zero, um ou vários valores.
- ♦ Aprender sobre os bancos de dados biológicos que surgiram em resposta à enorme quantidade de dados gerados pelas tecnologias de sequenciamento de DNA. Os dados armazenados em bancos de dados biológicos são organizados para uma análise ótima e se caracterizam por serem complexos, heterogêneos, dinâmicos e, no entanto, inconsistentes devido à falta de padrões ontológicos.

04

Direção do curso

O corpo docente do programa inclui especialistas de referência em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data e outras áreas relacionadas, que trazem a experiência profissional para esta capacitação. Além disso, outros especialistas de reconhecido prestígio participam de sua concepção e elaboração, completando o programa de forma interdisciplinar.



“

Aprenda com profissionais de referência os últimos avanços em procedimentos na área de Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data”

Direção



Dr. Mauro Javier Oruezábal Moreno

- Chefe do Departamento de Oncologia clínica do Hospital Universitario Rey Juan Carlos
- Research Fellow at University of Southampton
- Mestrado em Bioinformática e Bioestatística UOC-UB
- Mestrado em Análise Bioinformática pela Universidade Pablo de Olavide
- Doutor em Medicina pela Universidade Complutense de Madri Qualificação Destacada Cum Laude
- Membro da Sociedade Espanhola de Oncologia Clínica e Grupos GECP (Grupo Espanhol de Câncer de pulmão)
- Especialista em Medicina Oncológica, Hospital Universitario San Carlos de Madri
- Formado em Medicina e Cirurgia pela Universidade de Navarra



Martin Krallinger

- Chefe da unidade de mineração de texto do Centro Nacional de Investigación del Cáncer (CNIO)
- Concluiu o processo de seleção para o cargo de chefe da unidade de mineração de texto no Centro de Supercomputación de Barcelona (BSC)
- Experto en el campo de la minería de textos biomédicos y clínicos y las tecnologías lingüísticas
- Especialista em aplicações específicas de mineração de textos para a segurança de medicamentos, biologia de sistemas moleculares e oncologia
- Participou da implementação e avaliação de componentes biomédicos de reconhecimento de entidades nomeadas, sistemas de extração de informações, indexação semântica de grandes conjuntos de dados de tipos de documentos heterogêneos
- Participou do desenvolvimento do primeiro meta-servidor de anotação de texto biomédico (meta-servidor biocreativo BCMS) e do meta-servidor BeCalm
- Organizador dos desafios de avaliação da comunidade BioCreative para a avaliação de ferramentas de processo de linguagem natural, estando envolvido na organização de tarefas de mineração de textos biomédicos em vários desafios da comunidade internacional, incluindo IberEval e CLEF.

Professores

Ricardo Alberich Martí

- ♦ Professor titular universitário de Matemática e Ciências da Computação (diretor)
- ♦ Ciência da Computação e Inteligência Artificial, Universitat de les Illes Balears

Sra. Jesús Álvarez Cubero, María

- ♦ Professora no Departamento de Bioquímica III e Imunologia na Universidade de Granada

Sr. Eduardo Andrés León

- ♦ Chefe da Unidade de Bioinformática do Instituto de Parasitologia e Biomedicina "Lopez-Neyra" - CSIC
- ♦ Formado em Biologia e Biologia Molecular, Universidade Autónoma de Madri

Sra. Aurora Astudillo González

- ♦ Departamento de Anatomia Patológica
- ♦ Professora da Universidade de Oviedo Vinculada ao Hospital Universitário Central de Asturias Diretora Científica do Biobanco do Principado de Astúrias

Sra. María del Rosario Burón Fernández

- ♦ Departamento de Clínica Médica do Hospital Universitário Infanta Cristina

Sr. Alberto Carmona Bayonas

- ♦ Departamento de Oncologia Médica do Hospital Geral Universitário Morales Meseguer

Sra. Eva M. Ciruelos

- ♦ Mestre e Doutora Departamento de Oncologia Médica do Hospital Universitário 12 de Octubre, em Madri
- ♦ HM CIOCC, Madri

Sr. Enrique de Andrés Galiana

- ♦ Departamentos de Matemático, Universidade de Oviedo.

Sr. Juan de la Haba Rodríguez

- ♦ Departamento de Oncologia Médica, Universidade de Córdoba, Hospital Universitário Reina Sofia

Sr. Juan Luis Fernández Martínez

- ♦ Diretor do Grupo de Problemas Inversos, Otimização e Aprendizagem de Máquinas, Departamento de Matemática Universidade de Oviedo

Sra. Angelica Figueroa

- ♦ Instituto de Investigación Biomédica A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Sra. Zaida García Casado

- ♦ Laboratorio Biología Molecular/Laboratory of Molecular Biology, Fundación Instituto Valenciano de Oncología

Sr. Jesús García Foncillas

- ♦ Departamento de Oncologia Médica , Fundación Jiménez Díaz

Sr. Juan Gabriel Gomila Salas

- ♦ Professor universitário de Matemática, Ciências da Computação e Inteligência Artificial, Universitat de les Illes Balears

Sr. José González Gomáriz

- ♦ IdiSNA (Instituto de Investigación Sanitaria de Navarra) Pesquisador em capacitação



Hoyos Simón, Sergio

- ♦ Departamento de Oncologia Médica, Hospital Rey Juan Carlos

Sr. Ander Intxaurreondo

- ♦ Life Sciences-Text Mining
- ♦ Barcelona Supercomputing Center

Sra. Paula Jiménez-Fonseca

- ♦ Coordenadora da Seção de Tumores Digestivos e Endócrinos de Medicina Oncológica
Hospital Universitario Central de Asturias

Sra. Yolanda Lage Alfranca

- ♦ Departamento de Oncologia Médica Fundación Jiménez Díaz

Sr. José Antonio López Guerrero

- ♦ Departamento de Oncologia Médica, Instituto Valenciano de Oncologia

Sr. Rafael López López

- ♦ Chefe de Departamento de Oncologia Médica
- ♦ Complexo Hospitalar Universitario de Santiago de Compostela
- ♦ Grupo de Oncologia Médica Translacional, Instituto de Investigación Sanitaria

Dr. Luis Javier Martínez González

- ♦ Doutor D. Unidade de Genômica | Genomic Unit
- ♦ Centro Pfizer - Universidade de Granada - Centro de Pesquisa em Genômica e Oncologia da Junta de Andaluzia
- ♦ Pfizer - Universidade de Granada - Centro de Pesquisa Genômica e Oncológica da Junta de Andaluzia (GENYO)

Sra. Olaia Martínez Iglesias

- ♦ Instituto de Investigación Biomédica A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Sr. Jesús María Paramio Gonzalez

- ♦ Unidade de Oncologia Molecular do CIEMAT
- ♦ Instituto de Pesquisa do Hospital 12 de Octubre de Madri

Pascual Martínez, Tomás

- ♦ Hospital Clinic Barcelona
- ♦ Translational Genomics and Targeted Therapeutics in Solid Tumours Lab (IDIBAPS)

Sra. Ana María Pérez Gutiérrez

- ♦ Mestrando na área de Bioinformática Clínica pela Fundación Progreso y Salud -FPS- (Hospital Virgen del Rocío, Sevilha)
- ♦ Estudante de doutorado (Phd) em Biomedicina, UGR

Sra. Teresa Ribalta

- ♦ Mestre e Doutora D. Chief, Anatomic Pathology Service , Hospital Sant Joan de Déu, Biobank
- ♦ Consultora, Anatomic Pathology Service, Hospital Clínic
- ♦ Professora de Patologia, Universitat de Barcelona





Sr. Javier Sánchez Rubio

- ♦ Departamento de Farmácia do Hospital Universitário de Getafe

Sr. José Ángel Olivas Varela

- ♦ Vice-diretor do Departamento de Tecnologias e Sistemas de Informação, Escola Superior de Informática

Sr. Arnau Mir Torres

- ♦ Professor titular universitário, Matemática e Informática, Ciência da Computação e Inteligência Artificial, Universitat de les Illes Balears

Sr. Felipe Soares

- ♦ Ingeniero de Inteligencia Artificial y Machine Learning en Apple
- ♦ Engenheiro de Pesquisa de Mineração de Texto no Centro Nacional de Supercomputação em Barcelona

Rueda Fernández, Daniel

- ♦ Unidade de Pesquisa do Hospital Universitário 12 de Octubre de Madri

Sr. Victor Segura Ruiz

- ♦ CIMA Universidade de Navarra (Plataforma de Bioinformática), diretor da Unidade

Sr. Miguel Vázquez García

- ♦ Genome Informatics Group Leader
- ♦ Barcelona Supercomputing Center

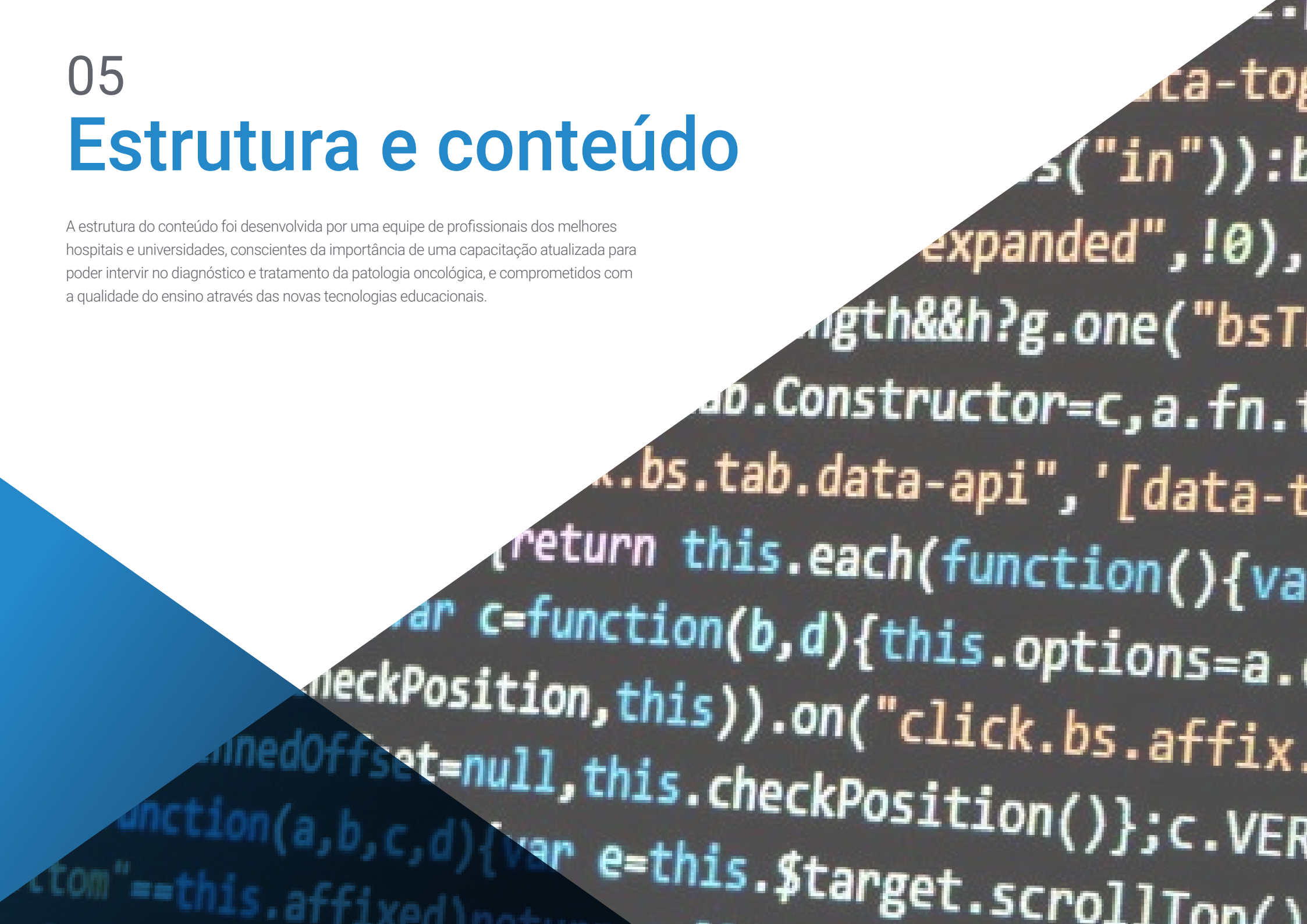
Sr. Alejandro Velastegui Ordoñez

- ♦ Departamento de Oncologia Médica

05

Estrutura e conteúdo

A estrutura do conteúdo foi desenvolvida por uma equipe de profissionais dos melhores hospitais e universidades, conscientes da importância de uma capacitação atualizada para poder intervir no diagnóstico e tratamento da patologia oncológica, e comprometidos com a qualidade do ensino através das novas tecnologias educacionais.



“

Este Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data, conta com o programa científico mais completo e atualizado do mercado”

Módulo 1. Biologia molecular

- 1.1. Mecanismos moleculares do câncer
 - 1.1.1. Ciclo celular
 - 1.1.2. Destacamento de células tumorais
- 1.2. Reprogramação do microambiente tumoral
 - 1.2.1. O microambiente do tumor: uma visão geral
 - 1.2.2. O TME como um fator prognóstico no câncer de pulmão
 - 1.2.3. O TME na progressão e metástase do câncer de pulmão
 - 1.2.3.1. Fibroblastos Associados ao Câncer (CAF)
 - 1.2.3.2. Células endoteliais
 - 1.2.3.3. Hipoxia no câncer de pulmão
 - 1.2.3.4. Inflamação
 - 1.2.3.5. Células imunológicas
 - 1.2.4. Contribuição do TME na resistência terapêutica
 - 1.2.4.1. Contribuição do TME na resistência à radioterapia
 - 1.2.5. O TME como um alvo terapêutico no câncer de pulmão
 - 1.2.5.1. Direções futuras
- 1.3. Imunologia tumoral: Fundamentos da imunoterapia contra o câncer
 - 1.3.1. Introdução ao sistema imunológico
 - 1.3.2. Imunologia tumoral
 - 1.3.2.1. Antígenos associados aos tumores
 - 1.3.2.2. Identificação de antígenos associados aos tumores
 - 1.3.2.3. Tipos de antígenos associados aos tumores
 - 1.3.3. Fundamentos da imunoterapia contra o câncer
 - 1.3.3.1. Introdução às abordagens imunoterapêuticas
 - 1.3.3.2. Anticorpos monoclonais na terapia do câncer
 - 1.3.3.2.1. Produção de anticorpos monoclonais
 - 1.3.3.2.2. Tipos de anticorpos terapêuticos
 - 1.3.3.2.3. Mecanismos de ação dos anticorpos
 - 1.3.3.2.4. Anticorpos modificados

- 1.3.4. Moduladores imunes não específicos
 - 1.3.4.1. Bacilo de Calmette Guérin
 - 1.3.4.2. Interferon- α
 - 1.3.4.3. Interleucina-2
 - 1.3.4.4. Imiquimode
- 1.3.5. Outras abordagens da imunoterapia
 - 1.3.5.1. Vacinas contra células dendríticas
 - 1.3.5.2. Sipuleucel-T
 - 1.3.5.3. Bloqueio CTLA-4
 - 1.3.5.4. Terapia de células T adotivas
 - 1.3.5.4.1. Terapia celular adotiva com clones de células T
 - 1.3.5.4.2. Terapia celular adotiva com linfócitos infiltrantes tumorais
- 1.4. Mecanismos moleculares envolvidos no processo de invasão e metástase

Módulo 2. Oncologia Genômica ou de Precisão

- 2.1. Utilidade do perfil de expressão gênica no câncer
- 2.2. Subtipos moleculares do câncer de mama
- 2.3. Plataformas genômicas prognósticas-preditivas no câncer de mama
- 2.4. Alvos terapêuticos no câncer de pulmão células não pequenas
 - 2.4.1. Introdução
 - 2.4.2. Técnicas de detecção molecular
 - 2.4.3. Mutação EGFR
 - 2.4.4. Translocação ALK
 - 2.4.5. Translocação ROS
 - 2.4.6. Mutação BRAF
 - 2.4.7. Rearranjos dos NRTK
 - 2.4.8. Mutação HER2
 - 2.4.9. Mutação/Amplificação de MET
 - 2.4.10. Rearranjos do RET
 - 2.4.11. Outros alvos moleculares

- 2.5. Classificação molecular do câncer de cólon
- 2.6. Estudos moleculares em câncer gástrico
 - 2.6.1. Tratamento do câncer gástrico avançado
 - 2.6.2. Superexpressão do HER2 em câncer gástrico avançado
 - 2.6.3. Determinação e interpretação da superexpressão do HER2 em câncer gástrico avançado
 - 2.6.4. Medicamentos com atividade direcionada ao HER2
 - 2.6.5. Trastuzumab de primeira linha no câncer gástrico avançado
 - 2.6.5.1. Tratamento do câncer gástrico avançado HER2+ após a progressão para regimes baseados em trastuzumab
 - 2.6.6. Atividade de outros medicamentos anti-HER2 no câncer gástrico avançado
- 2.7. GIST como modelo para a pesquisa translacional: 15 anos de experiência
 - 2.7.1. Introdução
 - 2.7.2. Mutações do KIT e PDGFRA como principais promotores no GIST
 - 2.7.3. Genótipo em GIST: valor prognóstico e preditivo
 - 2.7.4. Genótipo em GIST e resistência imatinibe
 - 2.7.5. Conclusões
- 2.8. Biomarcadores moleculares e genômicos no melanoma
- 2.9. Classificação molecular dos tumores cerebrais
- 2.10. Biomarcadores moleculares e genômicos no melanoma
- 2.11. Imunoterapia e biomarcadores
 - 2.11.1. O cenário das terapias imunológicas no tratamento do câncer e a necessidade de definir o perfil mutacional de um tumor
 - 2.11.2. Biomarcadores de inibidor de ponto de controle: PD-L1 e mais
 - 2.11.2.1. O papel da PD-L1 na regulamentação imunológica
 - 2.11.2.2. Dados de ensaios clínicos e biomarcador PD-L1
 - 2.11.2.3. Os limites e ensaios para a expressão PD-L1: um quadro complexo
 - 2.11.2.4. Biomarcadores emergentes
 - 2.11.2.4.1. Carga Mutacional Tumoral (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. Quantificação da carga mutacional tumoral
 - 2.11.2.4.1.2. Evidência da carga mutacional tumoral
 - 2.11.2.4.1.3. A carga tumoral como biomarcador preditivo
 - 2.11.2.4.1.4. A carga como um biomarcador prognóstico
 - 2.11.2.4.1.5. O futuro da carga mutacional

2.11.2.4.2. Instabilidade dos microssatélites

2.11.2.4.3. Análise de infiltração imune

2.11.2.4.4. Marcadores de toxicidade

2.11.3. Desenvolvimento de medicamentos de ponto de controle imunológico no câncer

2.11.4. Medicamentos disponíveis

Módulo 3. Mudanças na prática clínica atual e novas aplicações com a Oncologia Genômica

- 3.1. Biópsias líquidas: moda ou futuro?
 - 3.1.1. Introdução
 - 3.1.2. Células tumorais circulantes
 - 3.1.3. ctDNA
 - 3.1.4. Utilidades clínicas
 - 3.1.5. Limitações do ctDNA
 - 3.1.6. Conclusões e futuro
- 3.2. Papel do Biobanco na pesquisa clínica
 - 3.2.1. Introdução
 - 3.2.2. Vale a pena o esforço para montar um Biobanco?
 - 3.2.3. Como começar a montar um Biobanco?
 - 3.2.4. Consentimento informado para o Biobanco
 - 3.2.5. Coleta de amostras para Biobanco
 - 3.2.6. Controle de qualidade
 - 3.2.7. Acesso às amostras
- 3.3. Ensaios clínicos: novos conceitos baseados na medicina de precisão
 - 3.3.1. O que são ensaios clínicos? Como se diferenciam de outros tipos de pesquisa?
 - 3.3.1.1. Tipos de ensaios clínicos
 - 3.3.1.1.1. De acordo com os objetivos
 - 3.3.1.1.2. De acordo com o número de centros participantes
 - 3.3.1.1.3. De acordo com a metodologia
 - 3.3.1.1.4. De acordo com o grau de mascaramento

- 3.3.2. Resultados de ensaios clínicos em Oncologia Torácica
 - 3.3.2.1. Relacionado ao tempo de sobrevivência
 - 3.3.2.2. Resultados relacionados a tumores
 - 3.3.2.3. Resultados relatados pelos pacientes
- 3.3.3. Ensaios clínicos na era da medicina de precisão
 - 3.3.3.1. Medicina de precisão
 - 3.3.3.2. Terminologia relacionada ao desenho de ensaios na era da medicina de precisão
- 3.4. Incorporação de marcadores acionáveis na prática clínica
- 3.5. Aplicação da genômica na prática clínica por tipo de tumor
- 3.6. Sistemas de apoio à tomada de decisões em Oncologia baseados em Inteligência artificial

Módulo 4. Uso de Unix e Linux na bioinformática

- 4.1. Introdução ao sistema operacional Linux
 - 4.1.1. O que é um sistema operacional?
 - 4.1.2. Os benefícios do uso do Linux
- 4.2. Ambiente Linux e instalação
 - 4.2.1. Distribuições Linux
 - 4.2.2. Instalação do Linux usando um dispositivo USB
 - 4.2.3. Instalação do Linux usando CD-ROM
 - 4.2.4. Instalação do Linux usando uma máquina virtual
- 4.3. A linha de comando
 - 4.3.1. Introdução
 - 4.3.2. O que é uma linha de comando?
 - 4.3.3. Trabalhando no terminal
 - 4.3.4. O Shell, Bash
- 4.4. Navegação básica
 - 4.4.1. Introdução
 - 4.4.2. Como saber a localização atual?
 - 4.4.3. Rotas absolutas e relativas
 - 4.4.4. Como nos movemos no sistema?
- 4.5. Manipulação de arquivos
 - 4.5.1. Introdução
 - 4.5.2. Como construímos um diretório?

- 4.5.3. Como mudar para um diretório?
- 4.5.4. Como criar um arquivo vazio?
- 4.5.5. Copiar um arquivo e diretório
- 4.5.6. Eliminar um arquivo e diretório
- 4.6. Editor de texto Vi
 - 4.6.1. Introdução
 - 4.6.2. Como salvar e sair?
 - 4.6.3. Como navegar por um arquivo no editor de texto Vi?
 - 4.6.4. Apagando o conteúdo
 - 4.6.5. O comando desfazer
- 4.7. Curingas (Wildcards)
 - 4.7.1. Introdução
 - 4.7.2. O que são curingas?
 - 4.7.3. Exemplos de curingas
- 4.8. Permissões
 - 4.8.1. Introdução
 - 4.8.2. Como visualizar as permissões de um arquivo?
 - 4.8.3. Como alterar as permissões?
 - 4.8.4. Configuração das permissões
 - 4.8.5. Permissões para diretórios
 - 4.8.6. O usuário "Root"
- 4.9. Filtros
 - 4.9.1. Introdução
 - 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. Outros filtros

- 4.10. Grep e expressões regulares
 - 4.10.1. Introdução
 - 4.10.2. eGrep
 - 4.10.3. Expressões regulares
 - 4.10.4. Alguns exemplos
- 4.11. Canalização e Redirecionamentos
 - 4.11.1. Introdução
 - 4.11.2. Redirecionamento para um arquivo
 - 4.11.3. Salvar em um arquivo
 - 4.11.4. Redirecionamento a partir de um arquivo
 - 4.11.5. Redirecionamento STDERR
 - 4.11.6. Canalização (Pipelines)
- 4.12. Manejo de processos
 - 4.12.1. Introdução
 - 4.12.2. Processos ativos
 - 4.12.3. Encerrar um processo corrompido
 - 4.12.4. Trabalho de primeiro e segundo plano
- 4.13. Bash
 - 4.13.1. Introdução
 - 4.13.2. Pontos importantes
 - 4.13.3. Por que o "." / "?"
 - 4.13.4. Variáveis
 - 4.13.5. As declarações

Módulo 5. Análise de dados em projetos de *Big Data*: linguagem de programação R

- 5.1. Introdução à linguagem de programação R
 - 5.1.1. O que é R?
 - 5.1.2. Instalação de R e a interface gráfica R
 - 5.1.3. Pacotes
 - 5.1.3.1. Pacotes standard
 - 5.1.3.2. Pacotes contribuídos e CRAN

- 5.2. Características básicas do R
 - 5.2.1. O ambiente R
 - 5.2.2. Software e documentação relacionados
 - 5.2.3. R e estatísticas
 - 5.2.4. R e o sistema de janelas
 - 5.2.5. Usando R interativamente
 - 5.2.6. Uma sessão introdutória
 - 5.2.7. Obtendo ajuda com funções e características
 - 5.2.8. Comandos R, sensibilidade a maiúsculas, etc.
 - 5.2.9. Recuperação e correção de comandos anteriores
 - 5.2.10. Executar comandos ou desviar a saída para um arquivo
 - 5.2.11. Permanência de dados e eliminação de objetos
- 5.3. Tipos de objetos R
 - 5.3.1. Manipulações simples; números e vetores
 - 5.3.1.1. Vetores e atribuições
 - 5.3.1.2. Aritmética vetorial
 - 5.3.1.3. Gerando sequências regulares
 - 5.3.1.4. Vetores lógicos
 - 5.3.1.5. Valores perdidos
 - 5.3.1.6. Vetores de caracteres
 - 5.3.1.7. Vetores de índice
 - 5.3.1.7.1. Seleção e modificação de subconjuntos de um conjunto de dados
 - 5.3.1.8. Outros tipos de objetos
 - 5.3.2. Objetos, modos e atributos
 - 5.3.2.1. Atributos intrínsecos: modo e comprimento
 - 5.3.2.2. Mudando o comprimento de um objeto
 - 5.3.2.3. Coleta e configuração de atributos
 - 5.3.2.4. A classe de um objeto
 - 5.3.3. Fatores ordenados e não ordenados
 - 5.3.3.1. Um exemplo específico
 - 5.3.3.2. A função `tapply()` e as matrizes desiguais
 - 5.3.3.3. Fatores ordenados

- 5.3.4. Matrizes
 - 5.3.4.1. Matrizes
 - 5.3.4.2. Indexação de matrizes Subseções de uma matriz
 - 5.3.4.3. Matrizes do índice
 - 5.3.4.4. A função `array()`
 - 5.3.4.5. Aritmética mista de vetor e matriz A regra da reciclagem
 - 5.3.4.6. O produto externo de duas matrizes
 - 5.3.4.7. Transposição de matriz generalizada
 - 5.3.4.8. Multiplicação de matrizes
 - 5.3.4.9. Valores próprios e vetores próprios
 - 5.3.4.10. Decomposição de valores singulares e determinantes
 - 5.3.4.11. Formação de matrizes particionadas, `cbind()` e `rbind()`
 - 5.3.4.12. A função de concatenação, `c()`, com matrizes
- 5.3.5. Tabelas de frequência de fatores
- 5.3.6. Listas
 - 5.3.6.1. Construção e modificação de listas
 - 5.3.6.2. Listas de concatenação
- 5.3.7. *DataFrames*
 - 5.3.7.1. Como criar *DataFrames*?
 - 5.3.7.2. Anexar `()` e separar `()`
 - 5.3.7.3. Trabalhando com *DataFrames*
- 5.4. Leitura e escrita de dados
 - 5.4.1. A função `read.table()`
 - 5.4.2. A função `scan()`
 - 5.4.3. Acesso aos conjuntos de dados incorporados
 - 5.4.4. Carregando dados de outros pacotes R
 - 5.4.5. Edição de dados
- 5.5. Agrupamento, loops e execução condicional
 - 5.5.1. Expressões agrupadas
 - 5.5.2. Declarações de controle
 - 5.5.2.1. Execução condicional: sentenças IF
 - 5.5.2.2. Execução repetitiva: para loops, repetição e tempo





- 5.6. Escrevendo suas próprias funções
 - 5.6.1. Exemplos simples
 - 5.6.2. Definição de novos operadores binários
 - 5.6.3. Argumentos com nome e valores padrão
 - 5.6.4. O argumento "..."
 - 5.6.5. Atribuições dentro das funções

Módulo 6. Ambiente gráfico em R

- 6.1. Procedimentos gráficos
 - 6.1.1. Comandos de traçado de alto nível
 - 6.1.1.1. A função de plot ()
 - 6.1.1.2. Visualização de dados multivariados
 - 6.1.1.3. Gráficos de tela
 - 6.1.1.4. Argumentos para funções de traçado de alto nível
 - 6.1.2. Comandos de traçado de alto nível
 - 6.1.2.1. Anotação matemática
 - 6.1.2.2. Fontes vetoriais Hershey
 - 6.1.3. Interagindo com os gráficos
 - 6.1.4. Uso de parâmetros gráficos
 - 6.1.4.1. Mudanças permanentes: a função par ()
 - 6.1.4.2. Mudanças temporais: argumentos para as funções gráficas
 - 6.1.5. Lista de parâmetros gráficos
 - 6.1.5.1. Elementos gráficos
 - 6.1.5.2. Eixos e marcações
 - 6.1.5.3. Margens da figura
 - 6.1.5.4. Ambiente com múltiplas imagens
 - 6.1.6. Estatística descritiva: representações gráficas

Módulo 7. Análise estatística em R

- 7.1. Distribuições discretas de probabilidade
- 7.2. Distribuições contínuas de probabilidade
- 7.3. Introdução à inferência e amostragem (estimativa pontual)
- 7.4. Intervalos de confiança
- 7.5. Teste de hipótese

- 7.6. ANOVA de um fator
- 7.7. Bondade de ajuste (teste de qui-quadrado)
- 7.8. Pacote *fitdist*
- 7.9. Introdução às estatísticas multivariadas

Módulo 8. Machine Learning para a análise de Big Data

- 8.1. Introdução a *Machine Learning*
- 8.2. Apresentação de problemas, carregamento de dados e bibliotecas
- 8.3. Limpeza de dados (NAs, categorias, variáveis *Dummy*)
- 8.4. Análise de dados exploratórios (ggplot) + validação cruzada
- 8.5. Algoritmos de previsão: regressão linear múltipla, Máquina de Suporte Vetorial, árvores de regressão, Random Forest, etc
- 8.6. Algoritmos de classificação: regressão linear múltipla, Máquina de Suporte Vetorial, árvores de regressão, Random Forest, etc
- 8.7. Ajuste dos hiperparâmetros do algoritmo
- 8.8. Predição de dados com os diferentes modelos
- 8.9. Curvas ROC e matrizes de confusão para avaliar a qualidade do modelo

Módulo 9. Mineração de dados aplicada à Genômica

- 9.1. Introdução
- 9.2. Inicialização de variáveis
- 9.3. Limpeza e condicionamento do texto
- 9.4. Geração da matriz de termos
 - 9.4.1. Criação da matriz de termos TDM
 - 9.4.2. Visualizações sobre a matriz de palavras TDM
- 9.5. Descrição da matriz de termos
 - 9.5.1. Representação gráfica das frequências
 - 9.5.2. Construção de uma nuvem de palavras
- 9.6. Criação de um *Data Frames* apto para K-NN
- 9.7. Construção do modelo de classificação
- 9.8. Validação do Mmodelo de classificação
- 9.9. Exercício prático guiado sobre mineração de dados em Genômica do Câncer

Módulo 10. Técnicas de mineração de dados genômicos

- 10.1. Introdução à *Raspagem de Dados*
- 10.2. Importação de arquivos de dados de planilhas armazenadas online
- 10.3. *SRaspagem* de texto HTML
- 10.4. *Raspagem* de dados de uma tabela HTML
- 10.5. Aproveitando as APIs para a *raspagem* de dados
- 10.6. Extraindo informações relevantes
- 10.7. Usando o pacote *rvest* em R
- 10.8. Obtenção de dados distribuídos em várias páginas
- 10.9. Extração de dados genômicos da plataforma "My Cancer Genome"
- 10.10. Extração de informações genéticas do banco de dados "HGNC HUGO Gene Nomenclature Committee"
- 10.11. Extração de dados farmacológicos do banco de dados "ONCOKG" (Precision Oncology Knowledge Base)

Módulo 11. Novas técnicas na era Genômica

- 11.1. Entendendo a nova tecnologia: *Next Generation Sequence* (NGS) na prática clínica
 - 11.1.1. Introdução
 - 11.1.2. Antecedentes
 - 11.1.3. Problemas na aplicação do sequenciamento Sanger em Oncologia
 - 11.1.4. Novas técnicas de sequenciamento
 - 11.1.5. Vantagens do uso do NGS na prática clínica
 - 11.1.6. Limitações do uso de NGS na prática clínica
 - 11.1.7. Termos e definições relevantes
 - 11.1.8. Tipos de estudos de acordo com o tamanho e profundidade
 - 11.1.8.1. Genomas
 - 11.1.8.2. Exomas
 - 11.1.8.3. Painéis multigênicos
 - 11.1.9. Etapas no sequenciamento NGS
 - 11.1.9.1. Preparação de amostras e bibliotecas
 - 11.1.9.2. Preparação de *Templates* e sequenciamento
 - 11.1.9.3. Processamento bioinformático

- 11.1.10. Anotação e classificação de variantes
 - 11.1.10.1. Bases de dados demográficos
 - 11.1.10.2. Bases de dados específicas do local
 - 11.1.10.3. Preditores bioinformáticos de funcionalidade
- 11.2. Sequenciamento de DNA e análise bioinformática
 - 11.2.1. Introdução
 - 11.2.2. Software
 - 11.2.3. Procedimento
 - 11.2.3.1. Extração de sequências brutas
 - 11.2.3.2. Alinhamento de sequências
 - 11.2.3.3. Refinamento do alinhamento
 - 11.2.3.4. Chamada de variantes
 - 11.2.3.5. Filtragem de variantes
- 11.3. Sequenciamento de RNA e análise bioinformática
 - 11.3.1. Introdução
 - 11.3.2. Software
 - 11.3.3. Procedimento
 - 11.3.3.1. Avaliação de CQ de dados brutos
 - 11.3.3.2. Filtragem rRNA
 - 11.3.3.3. Dados filtrados de controle de qualidade
 - 11.3.3.4. Corte de qualidade e remoção do adaptador
 - 11.3.3.5. Alinhamento de *Reads* a uma referência
 - 11.3.3.6. Chamada de variantes
 - 11.3.3.7. Análise da expressão gênica diferencial
- 11.4. Tecnologia ChIP-Seq
 - 11.4.1. Introdução
 - 11.4.2. Software
 - 11.4.3. Procedimento
 - 11.4.3.1. Descrição do conjunto de dados ChIP-Seq
 - 11.4.3.2. Obter informações sobre o experimento utilizando os sites GEO e SRA
 - 11.4.3.3. Controle de qualidade dos dados de sequenciamento
 - 11.4.3.4. Corte e filtragem de reads
 - 11.4.3.5. Visualização de resultados com Integrated Genome Browser (IGV)

- 11.5. *Big Data* aplicado à Oncológica Genômica
 - 11.5.1. O processo de análise de dados
- 11.6. Servidores genômicos e bancos de dados de variantes genéticas
 - 11.6.1. Introdução
 - 11.6.2. Servidores genômicos da web
 - 11.6.3. Arquitetura de servidores genômicos
 - 11.6.4. Recuperação e análise de dados
 - 11.6.5. Personalização
- 11.7. Anotação de variantes genéticas
 - 11.7.1. Introdução
 - 11.7.2. O que é a chamada de variante?
 - 11.7.3. Entendendo o formato do VCF
 - 11.7.4. Identificadores de variantes
 - 11.7.5. Análise de variantes
 - 11.7.6. Prevendo o efeito da variação na estrutura e função da proteína

Módulo 12. Aplicações da bioinformática na Oncologia Genômica

- 12.1. Enriquecimento clínico e farmacológico de variantes gênicas
- 12.2. Busca massiva de informações genômicas em PubMed
- 12.3. Busca massiva de informações genômicas em DGIdb
- 12.4. Busca em massa de ensaios clínicos sobre dados genômicos em Clinical Trials
- 12.5. Busca de similaridade genética para interpretação de um painel genético ou de um exoma
- 12.6. Busca massiva de genes relacionados a doenças
- 12.7. Enrich-Gen: plataforma de enriquecimento clínico e farmacológico de genes
- 12.8. O procedimento do relatório genômico na era da Oncologia de Precisão

06

Metodologia

Este curso oferece uma maneira diferente de aprender. Nossa metodologia é desenvolvida através de um modo de aprendizagem cíclico: **o Relearning**. Este sistema de ensino é utilizado, por exemplo, nas faculdades de medicina mais prestigiadas do mundo e foi considerado um dos mais eficazes pelas principais publicações científicas, como o ***New England Journal of Medicine***.



“

Descubra o Relearning, um sistema que abandona a aprendizagem linear convencional para realizá-la através de sistemas de ensino cíclicos: uma forma de aprendizagem que se mostrou extremamente eficaz, especialmente em disciplinas que requerem memorização"

Na TECH usamos o Método do Caso

Em uma determinada situação, o que um profissional deveria fazer? Ao longo do programa, os alunos irão se deparar com diversos casos simulados baseados em situações reais, onde deverão investigar, estabelecer hipóteses e finalmente resolver as situações. Há inúmeras evidências científicas sobre a eficácia deste método. Os especialistas aprendem melhor, mais rápido e de forma mais sustentável ao longo do tempo.

Com a TECH você irá experimentar uma forma de aprender que está revolucionando as bases das universidades tradicionais em todo o mundo.



Segundo o Dr. Gérvas, o caso clínico é a apresentação comentada de um paciente, ou grupo de pacientes, que se torna um "caso", um exemplo ou modelo que ilustra algum componente clínico peculiar, seja pelo seu poder de ensino ou pela sua singularidade ou raridade. É essencial que o caso seja fundamentado na vida profissional atual, tentando recriar as condições reais na prática profissional do médico.

“

Você sabia que este método foi desenvolvido em 1912, em Harvard, para alunos de Direito? O método do caso consistia em apresentar situações complexas reais para que os alunos tomassem decisões e justificassem como resolvê-las. Em 1924 foi estabelecido como o método de ensino padrão em Harvard”

A eficácia do método é justificada por quatro conquistas fundamentais:

1. Os alunos que seguem este método não só assimilam os conceitos, mas também desenvolvem a capacidade mental através de exercícios de avaliação de situações reais e de aplicação de conhecimentos.
2. A aprendizagem se consolida nas habilidades práticas permitindo ao aluno integrar melhor o conhecimento à prática clínica.
3. A assimilação de ideias e conceitos se torna mais fácil e mais eficiente, graças ao uso de situações decorrentes da realidade.
4. A sensação de eficiência do esforço investido se torna um estímulo muito importante para os alunos, o que se traduz em um maior interesse pela aprendizagem e um aumento no tempo dedicado ao curso.

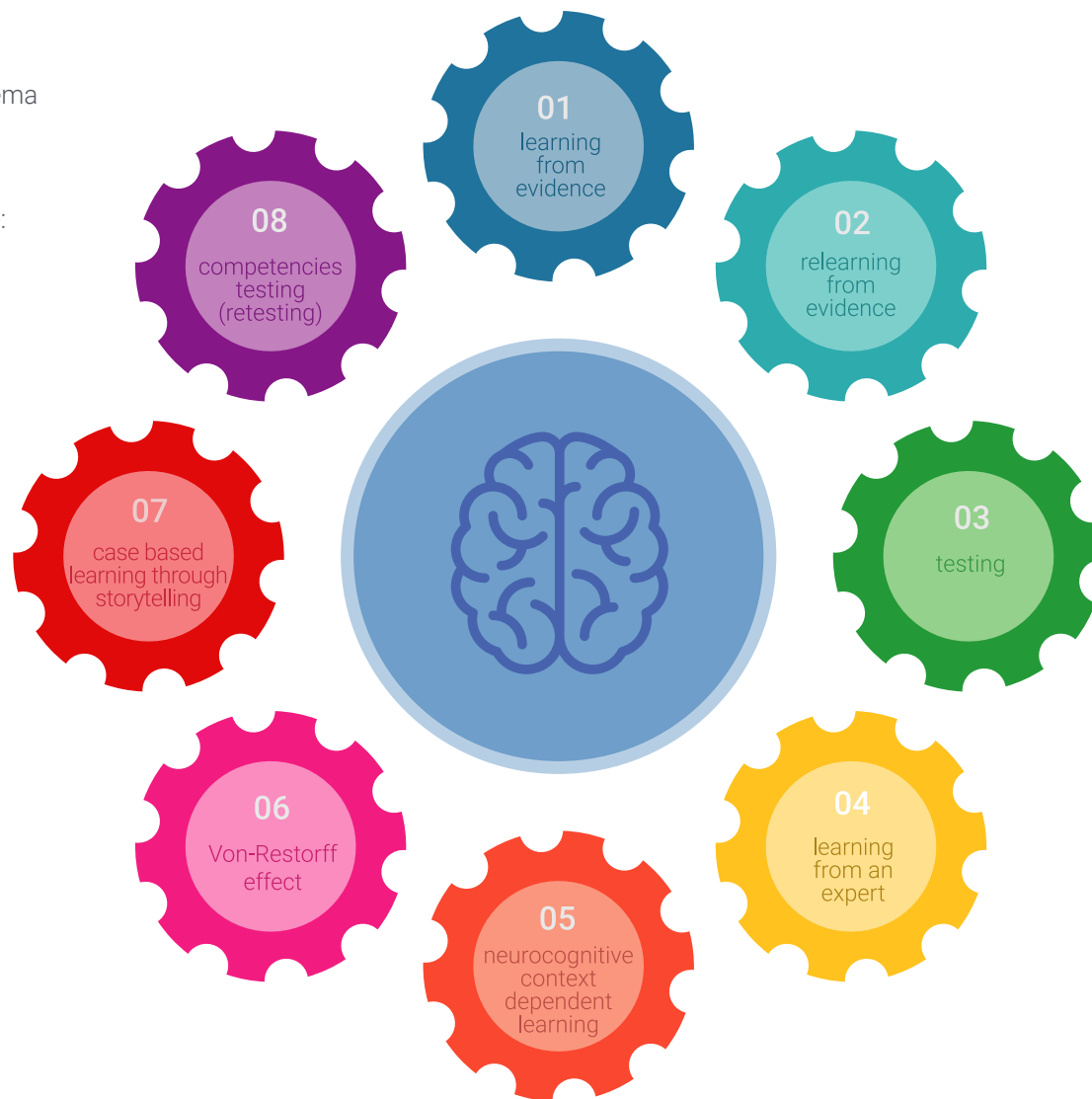


Metodologia Relearning

A TECH utiliza de maneira eficaz a metodologia do estudo de caso com um sistema de aprendizagem 100% online, baseado na repetição, combinando 8 elementos didáticos diferentes em cada aula.

Potencializamos o Estudo de Caso com o melhor método de ensino 100% online: o Relearning.

O profissional aprenderá através de casos reais e da resolução de situações complexas em ambientes simulados de aprendizagem. Estes simulados são realizados através de um software de última geração para facilitar a aprendizagem imersiva.



Na vanguarda da pedagogia mundial, o método Relearning conseguiu melhorar os níveis de satisfação geral dos profissionais que concluíram seus estudos, com relação aos indicadores de qualidade da melhor universidade online do mundo (Universidade de Columbia).

Usando esta metodologia, mais de 250 mil médicos se capacitaram, com sucesso sem precedentes, em todas as especialidades clínicas independentemente da carga cirúrgica. Nossa metodologia de ensino é desenvolvida em um ambiente altamente exigente, com um corpo discente com um perfil socioeconômico médio-alto e uma média de idade de 43,5 anos.

O Relearning permitirá uma aprendizagem com menos esforço e mais desempenho, fazendo com que você se envolva mais em sua especialização, desenvolvendo o espírito crítico e sua capacidade de defender argumentos e contrastar opiniões: uma equação de sucesso.

No nosso programa, a aprendizagem não é um processo linear, ela acontece em espiral (aprender, desaprender, esquecer e reaprender). Portanto, combinamos cada um desses elementos de forma concêntrica.

A nota geral do sistema de aprendizagem da TECH é de 8,01, de acordo com os mais altos padrões internacionais.



Neste programa, oferecemos o melhor material educacional, preparado especialmente para os profissionais:



Material de estudo

Todo o conteúdo foi criado especialmente para o curso pelos especialistas que irão ministrá-lo, o que faz com que o desenvolvimento didático seja realmente específico e concreto.

Posteriormente, esse conteúdo é adaptado ao formato audiovisual, para criar o método de trabalho online da TECH. Tudo isso com as técnicas mais inovadoras e oferecendo alta qualidade em cada um dos materiais que colocamos à disposição do aluno.



Técnicas cirúrgicas e procedimentos em vídeo

A TECH aproxima os alunos às técnicas mais recentes, aos últimos avanços educacionais e à vanguarda das técnicas médicas atuais. Tudo isso, explicado detalhadamente para sua total assimilação e compreensão. E o melhor de tudo, você poderá assistí-los quantas vezes quiser.



Resumos interativos

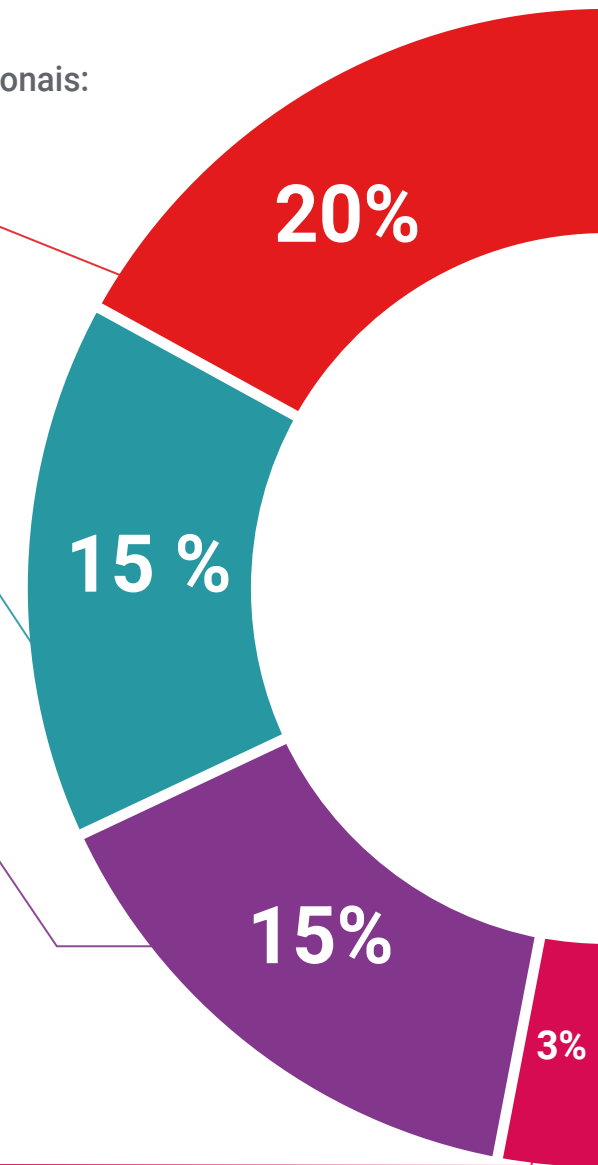
A equipe da TECH apresenta o conteúdo de forma atraente e dinâmica através de pílulas multimídia que incluem áudios, vídeos, imagens, gráficos e mapas conceituais para consolidar o conhecimento.

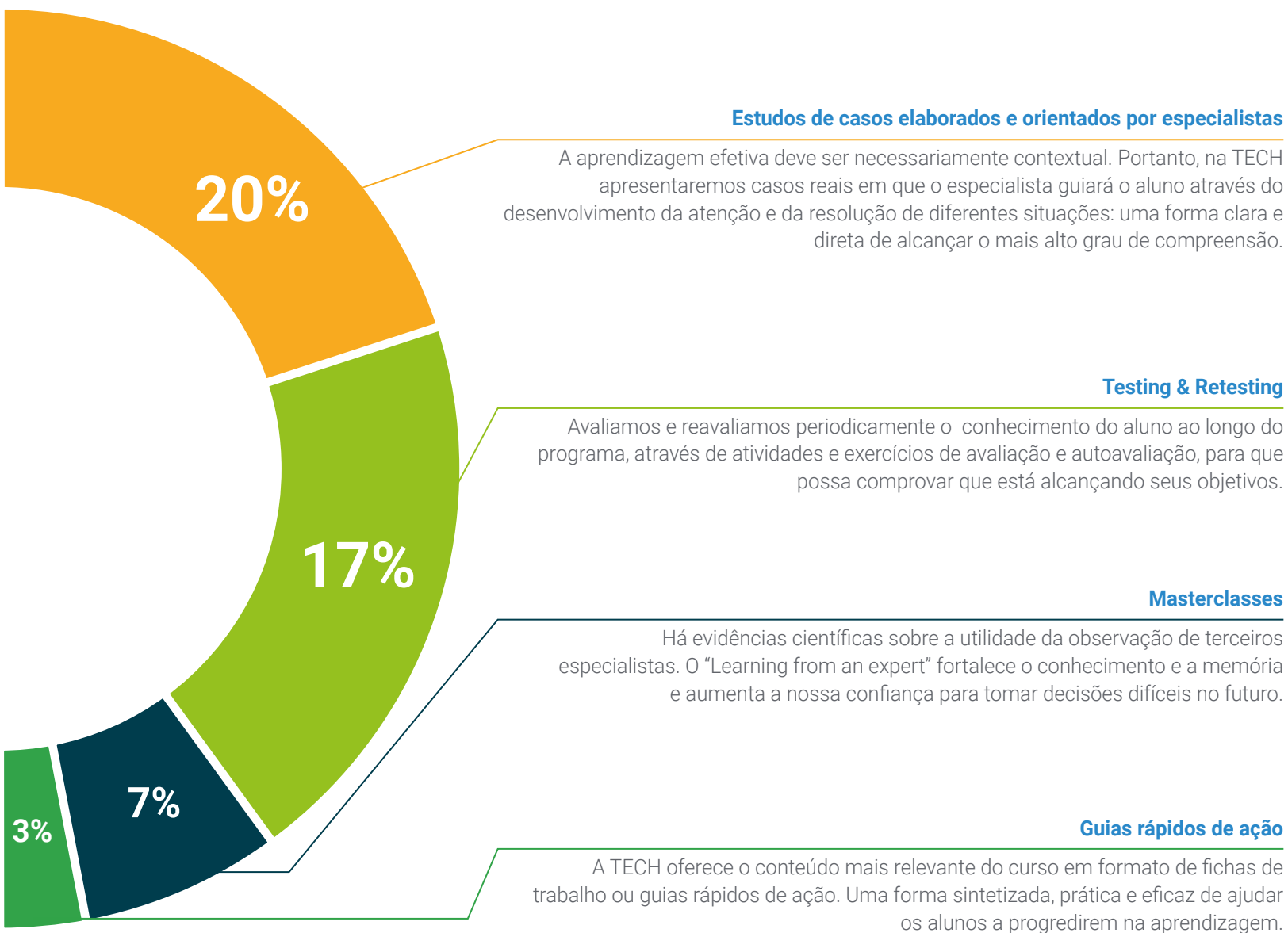
Este sistema exclusivo de capacitação por meio da apresentação de conteúdo multimídia foi premiado pela Microsoft como "Caso de sucesso na Europa"



Leituras complementares

Artigos recentes, documentos de consenso e diretrizes internacionais, entre outros. Na biblioteca virtual da TECH o aluno terá acesso a tudo o que for necessário para complementar a sua capacitação.





07

Certificado

Este Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data garante, além da capacitação mais rigorosa e atualizada, o acesso ao título de Mestrado Próprio emitido pela TECH Universidade Tecnológica.



“

*Conclua este programa de estudos
com sucesso e receba seu certificado
sem sair de casa e sem burocracias”*

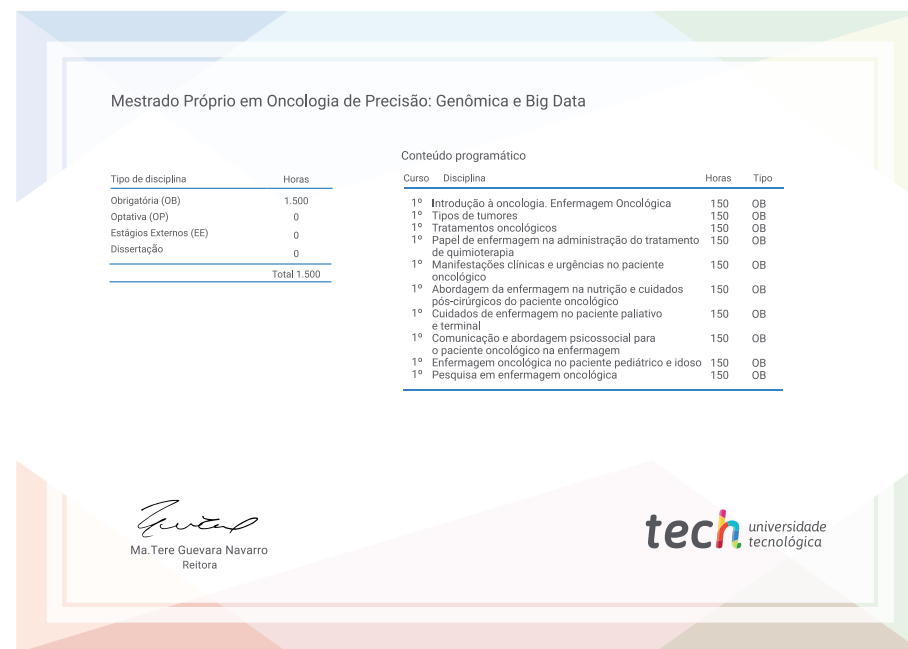
Este **Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data** conta com o conteúdo científico mais completo e atualizado do mercado.

Uma vez aprovadas as avaliações, o aluno receberá por correio o certificado* correspondente ao título de **Mestrado Próprio** emitido pela **TECH Universidade Tecnológica**.

O certificado emitido pela **TECH Universidade Tecnológica** expressará a qualificação obtida no Mestrado Próprio, atendendo os requisitos normalmente exigidos pelas bolsas de emprego, concursos públicos e avaliação de carreira profissional.

Título: **Mestrado Próprio em Oncologia de Precisão: Genômica e Big Data**

N.º de Horas Oficiais: **1.500h**



futuro
saúde confiança pessoas
informação orientadores
educação certificação ensino
garantia aprendizagem
instituições tecnologia
comunidade comunidade
atenção personalizada
conhecimento
presente
desenvolvimento



Mestrado Próprio
Oncologia de Precisão:
Genômica e Big Data

- » Modalidade: online
- » Duração: 12 meses
- » Certificado: TECH Universidade Tecnológica
- » Dedicção: 16h/semana
- » Horário: no seu próprio ritmo
- » Provas: online

Mestrado Próprio

Oncologia de Precisão:
Genômica e Big Data