

Специализированная магистратура

Прецизионная онкология:
геномика и Big Data





Специализированная магистратура

Прецизионная онкология: геномика и Big Data

- » Формат: онлайн
- » Продолжительность: 12 месяцев
- » Учебное заведение: TECH Технологический университет
- » Режим обучения: 16ч./неделя
- » Расписание: по своему усмотрению
- » Экзамены: онлайн

Веб-доступ: www.techtitute.com/ru/medicine/professional-master-degree/master-precision-oncology-genomics-big-data

Оглавление

01

Презентация

стр. 4

02

Цели

стр. 8

03

Компетенции

стр. 14

04

Руководство курса

стр. 18

05

Структура и содержание

стр. 26

06

Методология

стр. 36

07

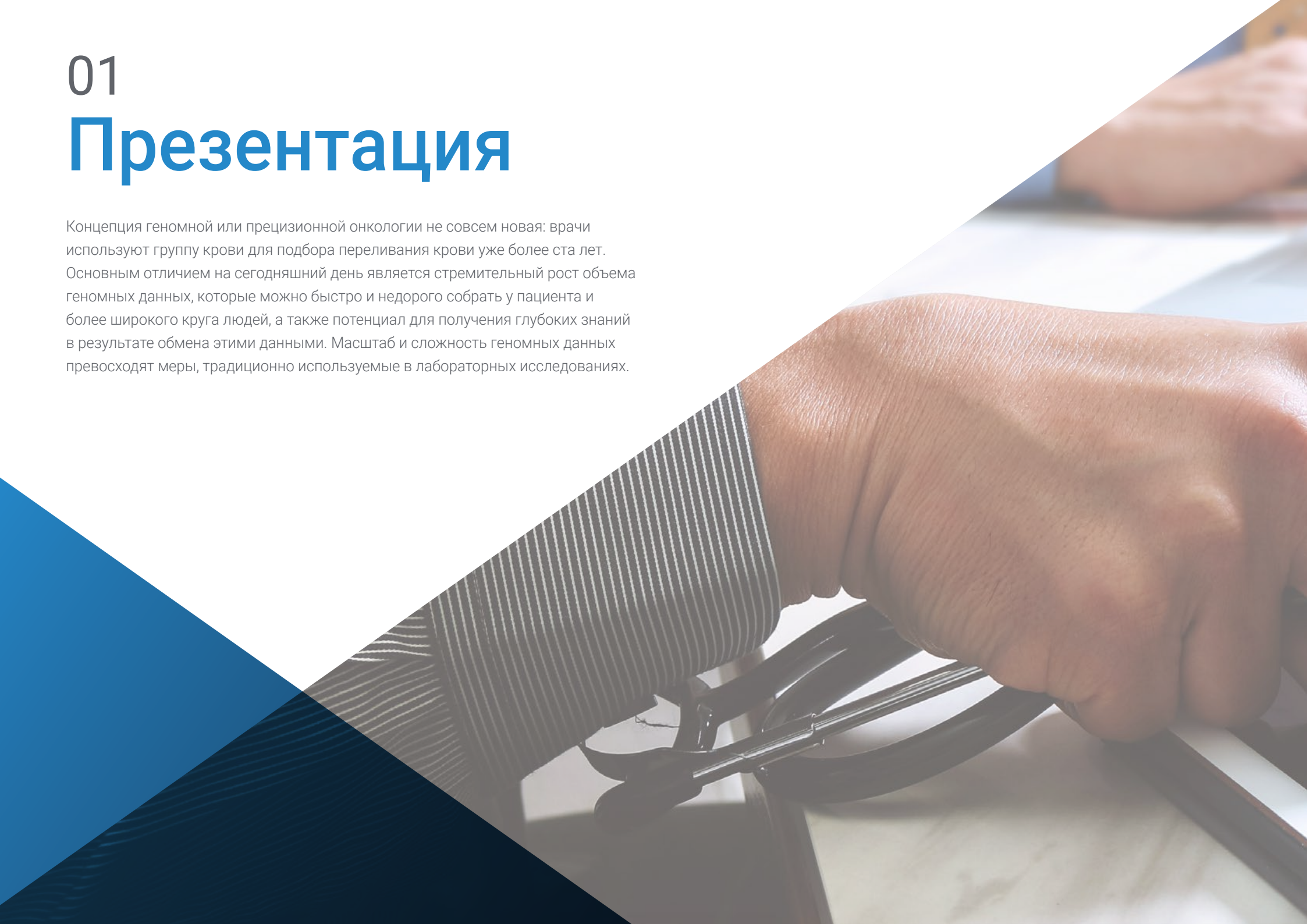
Квалификация

стр. 44

01

Презентация

Концепция геномной или прецизионной онкологии не совсем новая: врачи используют группу крови для подбора переливания крови уже более ста лет. Основным отличием на сегодняшний день является стремительный рост объема геномных данных, которые можно быстро и недорого собрать у пациента и более широкого круга людей, а также потенциал для получения глубоких знаний в результате обмена этими данными. Масштаб и сложность геномных данных превосходят меры, традиционно используемые в лабораторных исследованиях.



“

Усовершенствуйте свои знания в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data с помощью этой программы, в которой вы найдете лучший учебный материал с реальными примерами из практики. Узнайте о новейших достижениях по данной специальности, чтобы иметь возможность эффективно осуществлять медицинскую практику”

Основная цель программы - приблизить студентов и распространить компьютерные знания, которые уже применяются в других областях знаний, но имеют лишь минимальное применение в мире медицины. Несмотря на то, что до того, как геномная медицина станет реальностью, еще далеко, необходимо точно интерпретировать огромный объем клинической информации, доступной в настоящее время, и связать ее с биологическими данными, полученными после биоинформационного анализа.

Несмотря на то, что это сложная задача, она позволит быстро, экономично и с большей точностью, изучить влияние генетических вариаций и потенциальные методы лечения. Человек от природы не приспособлен ни к восприятию и интерпретации геномных последовательностей, ни к пониманию всех механизмов, путей и взаимодействий, происходящих внутри живой клетки, ни к принятию медицинских решений с десятками или сотнями переменных. Чтобы двигаться вперед, необходима система со сверхчеловеческими аналитическими возможностями, которая упростит рабочую среду и покажет взаимосвязи и близость между переменными.

В геномике и биологии считается, что ресурсы лучше тратить на новые вычислительные методы, чем на чистый сбор данных, что, возможно, в равной степени относится и к медицине, и, конечно, к онкологии.

Имеются миллионы данных и публикаций, но когда они анализируются врачами или биологами, выводы полностью субъективны и соотносятся с имеющимися публикациями или данными, которые произвольно расставляются по приоритетам, создавая частичное знание, и, конечно, все больше отдаляются от генетических и биологических знаний, доступных и поддерживаемых вычислениями. Поэтому огромным шагом в использовании прецизионной медицины является сокращение этого расстояния путем массового анализа доступной медицинской и фармакологической информации.

Данная **Специализированная магистратура в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data** содержит самую полную и актуальную научную программу на рынке. Основными особенностями обучения являются:

- ♦ Разбор более 75 практических кейсов, представленных экспертами в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data. Наглядное, схематичное и исключительно практическое содержание программы направлено на предоставление научной и медицинской информации по тем дисциплинам, которые необходимы для профессиональной практики
- ♦ Актуальные сведения в области в прецизионной онкологии, геномике и *Big Data*
- ♦ Практические упражнения, в которых процесс самоконтроля может быть использован для улучшения эффективности обучения
- ♦ Интерактивная обучающая система, основанная на алгоритмах принятия решения в созданных клинических ситуациях
- ♦ Особое внимание уделяется доказательной медицине и исследовательской методологии в прецизионной онкологии: геномика и Big Data
- ♦ Все вышеперечисленное дополняют теоретические занятия, вопросы к эксперту, дискуссионные форумы по спорным вопросам и индивидуальная работа по закреплению материала
- ♦ Доступ к учебным материалам с любого стационарного или мобильного устройства с выходом в интернет



Обновите свои знания благодаря программе в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data”

“

Данная Специализированная магистратура может стать лучшим вложением средств при выборе программы повышения квалификации по двум причинам: помимо обновления знаний в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data, вы получите диплом TECH Технологического университета”

В преподавательский состав входят профессионалы в области прецизионной онкологии, которые привносят в эту специализацию опыт своей работы, а также признанные специалисты, принадлежащие к ведущим научным обществам.

Мультимедийное содержание программы, разработанное с использованием новейших образовательных технологий позволит специалисту проходить обучение с учетом ситуации и контекста, т.е. в такой среде, которая обеспечит погружение в учебный процесс, запрограммированный на обучение в реальных ситуациях.

Структура этой программы основана на проблемно-ориентированном обучении, с помощью которого специалист должен попытаться решить различные ситуации из профессиональной практики, возникающие в течение учебного года. Для этого практикующему поможет инновационная интерактивная видеосистема, созданная признанными экспертами в области прецизионной онкологии с большим опытом преподавания.

Специализированная магистратура позволяет обучаться в симулированной среде, которая обеспечивает иммерсивный учебный процесс, основанный на обучении в реальных ситуациях.

Программа включает клинические случаи, чтобы максимально приблизить разработку учебной программы к реальным условиям оказания медицинской помощи.



02

Цели

Программа в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data направлена на облегчение работы врача, занимающегося лечением онкологической патологии, при которой необходимо верно интерпретировать огромный объем клинической информации, доступной в настоящее время, и соотносить ее с биологическими данными, полученными после биоинформационного анализа



“

Данная программа предназначена для обновления ваших знаний в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data с применением новейших образовательных технологий для того, чтобы качественно и безопасно способствовать принятию решений, диагностике, лечению и уходу за пациентами”



Общая цель

- ♦ Научиться точно определять объем клинической информации, доступной в настоящее время и соотносимой с биологическими данными, полученными после биоинформатического анализа

“

Воспользуйтесь возможностью и сделайте шаг к ознакомлению с последними данными в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data”





Конкретные цели

Модуль 1. Молекулярная биология

- ♦ Усовершенствовать знания в области молекулярной биологии рака по отношению к другим понятиям, таким как генетическая гетерогенность или перепрограммирование микроокружения
- ♦ Обеспечить и углубить знания об иммунотерапии как примера очевидного научного достижения в трансляционных исследованиях
- ♦ Ознакомиться с новым подходом к классификации наиболее распространенных опухолей на основе геномных данных, доступных в исследовательском проекте "Атлас ракового генома" (APG)

Модуль 2. Геномная или прецизионная онкология

- ♦ Обсудить, как меняется нынешняя картина с внедрением геномных данных в биологическое понимание опухолей
- ♦ Пояснить, как геномная классификация несет в себе независимую информацию для прогнозирования клинических результатов и обеспечивает биологическую основу для начала эпохи индивидуального лечения рака
- ♦ Ознакомиться с новыми геномными технологиями, используемыми в настоящее время для проведения секвенции ДНК и РНК, основанной на последовательности генома человека и ставшей возможной после завершения проекта "Геном человека", что означает беспрецедентное расширение возможностей молекулярной генетики в генетических и клинико-диагностических исследованиях
- ♦ Рассмотреть процесс биоинформатики, используемый для интерпретации и применения биологических данных
- ♦ Проанализировать и интерпретировать биологическую информацию на молекулярном, клеточном и геномном уровнях

Модуль 3. Изменения в современной клинической практике и новые применения в геномной онкологии

- ♦ Обсудить и интерпретировать опухолевую мутационную нагрузку (ТМВ) как геномный биомаркер, который оказывает значительное влияние на картину иммунотерапии рака
- ♦ Узнать, как жидкостная биопсия циркулирующей ДНК позволяет нам понять, какие именно молекулярные изменения происходят в опухоли в режиме реального времени
- ♦ Описать современную парадигму включения геномных данных в текущую клиническую практику

Модуль 4. Использование систем Unix и Linux в биоинформатике

- ♦ Ознакомиться с операционной системой Linux, которая в настоящее время является основополагающей в научном мире как для интерпретации биологических данных, полученных в результате секвенирования, так и для медицинского анализа текстов при работе с крупномасштабными данными
- ♦ Освоить базовые принципы доступа к серверу Linux, а также научиться находить и устанавливать пакеты для локальной установки программного обеспечения
- ♦ Описать основные команды Linux для создания, переименования, перемещения и удаления каталогов; перечисления, чтения, создания, редактирования, копирования и удаления файлов
- ♦ Понять, как действуют права доступа и как с легкостью обойти самые запутанные из них в системе Linux

Модуль 5. Анализ данных в проектах *Big Data*: язык программирования R

- ♦ Обсудить, как внедрение секвенирования следующего поколения (NGS) в диагностическом контексте поднимает многочисленные вопросы относительно идентификации и отчетности о вариантах в генах, вторичных по отношению к патологии пациента
- ♦ Ознакомиться с языком программирования R, преимущества которого заключаются в том, что он является языком программирования с открытым исходным кодом и имеет множество пакетов статистического анализа
- ♦ Изучить основные концепции программирования на языке R, такие как типы данных, векторная арифметика и индексирование
- ♦ Выполнять операции на R, включая сортировку, создание или импорт данных
- ♦ Узнать, как решение проблемы начинается с модульной декомпозиции, а затем дальнейшей декомпозиции каждого модуля в процессе, называемом последовательным уточнением
- ♦ Изучить основы статистических выводов, чтобы понять и рассчитать р-значения и доверительные интервалы при анализе данных с помощью R
- ♦ Привести примеры программирования на языке R таким образом, чтобы помочь установить связь между концепциями и реализацией

Модуль 6. Графическая среда на языке R

- ♦ Использовать методы визуализации для изучения новых наборов данных и определения наиболее подходящего подхода
- ♦ Научиться визуализировать данные для извлечения информации, лучшего понимания данных и принятия более эффективных решений
- ♦ Обучить использованию данных, которые на первый взгляд не имеют особого смысла, и визуально представлять их в форме, имеющей смысл для анализа

- ♦ Освоить использование трех основных источников графиков в R: base, lattice и ggplot2
- ♦ Знать, на чем основан каждый графический пакет, чтобы определить, какой из них использовать и какие преимущества дает тот или иной

Модуль 7. Статистический анализ на языке R

- ♦ Описать наиболее подходящие статистические методы в качестве альтернативы, когда данные не соответствуют предположениям, требуемым стандартным подходом
- ♦ Изучить основы проведения воспроизводимых исследований с использованием скриптов R для анализа данных

Модуль 8. Машинное обучение для анализа *Big Data*

- ♦ Быстро и автоматически обрабатывать и анализировать огромные объемы сложных структурированных, полуструктурированных и неструктурированных данных в Big Data
- ♦ Понять, что такое машинное обучение, и использовать некоторые методы классификации данных (дерево решений, k-NN, машины опорных векторов, нейронные сети и т.д.)
- ♦ Научиться разделять данные на тестовый и обучающий наборы и познакомиться с понятиями смещения и дисперсии

Модуль 9. Интеллектуальный анализ данных в геномике

- ♦ Освоить интеллектуальный анализ данных, позволяющий находить паттерны и закономерности в базах данных
- ♦ Научиться применять принципы интеллектуального анализа данных для больших сложных массивов данных (Big Data), в том числе содержащихся в очень больших базах данных или на веб-страницах
- ♦ Изучить, проанализировать и использовать данные и превратить их в полезную и ценную информацию для клинической практики



Модуль 10. Методы анализа геномных данных

- ♦ Понять, каким образом большинство научных данных отображается в документах, трудно поддающихся обработке для дальнейшего анализа, таких как веб-страницы и PDF-файлы; однако, их обработка возможна при помощи методов скрейпинга
- ♦ Обеспечить доступ к многочисленным источникам данных с помощью Интернета в целях внедрения прецизионной медицины за счет массового извлечения информации

Модуль 11. Новые методы в геномную эру

- ♦ Применить на практике полученные знания для интерпретации геномного исследования в различных случаях рака путем извлечения полезной информации для принятия решений
- ♦ Использовать различные алгоритмы на языке R для извлечения знаний из баз данных Pubmed, DGIdb и Clinical Trials на основе поиска генетической информации в определенных опухолях

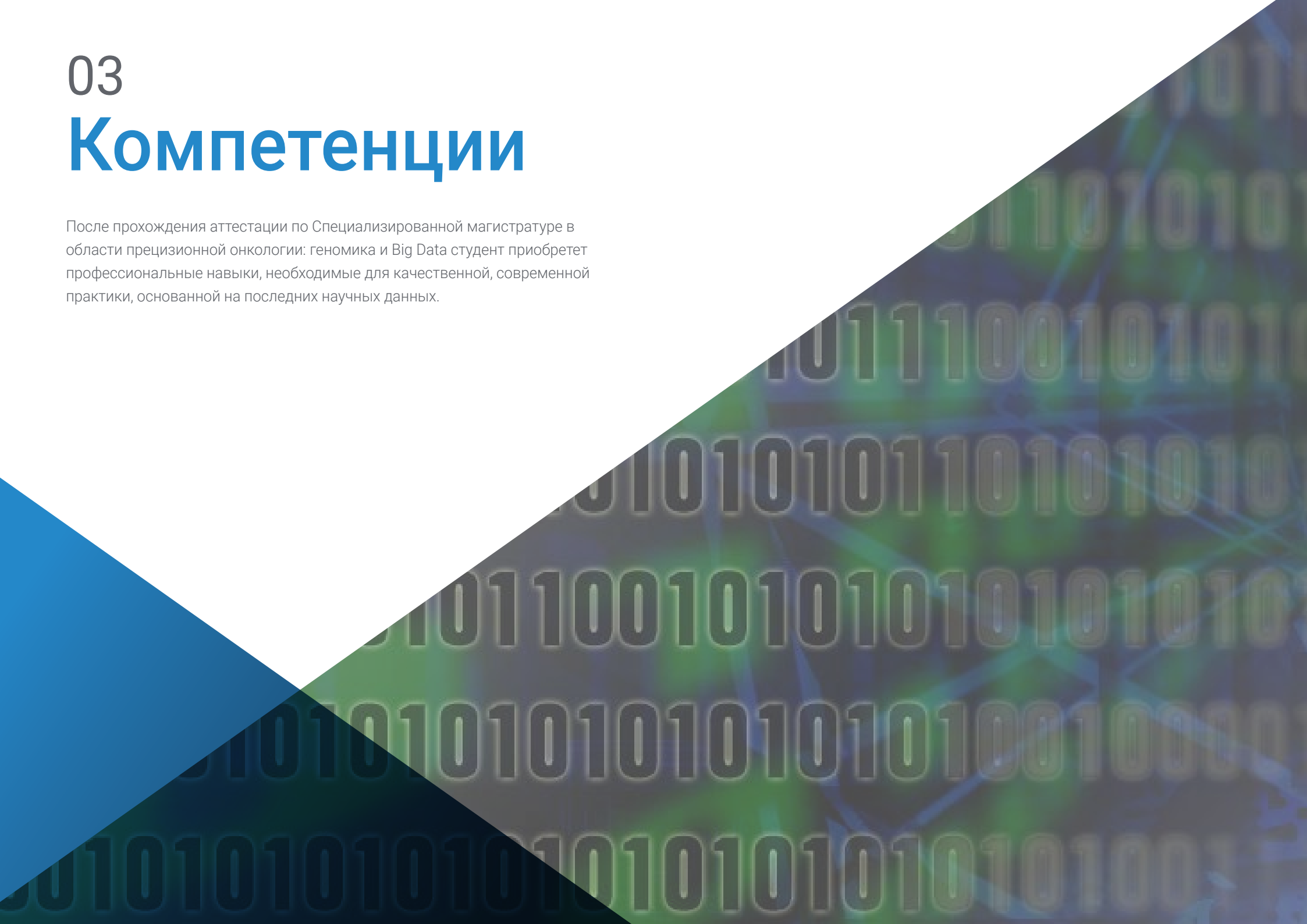
Модуль 12. Применение биоинформатики в геномной онкологии

- ♦ Понимать функции генов с небольшой клинической информацией на основе онтологической близости
- ♦ Обнаруживать гены, вовлеченные в болезнь, на основе массового поиска в Pubmed и графического представления уровня научных доказательств

03

Компетенции

После прохождения аттестации по Специализированной магистратуре в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data студент приобретет профессиональные навыки, необходимые для качественной, современной практики, основанной на последних научных данных.



“

Благодаря этой программе вы сможете освоить новые диагностические и терапевтические процедуры в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data”

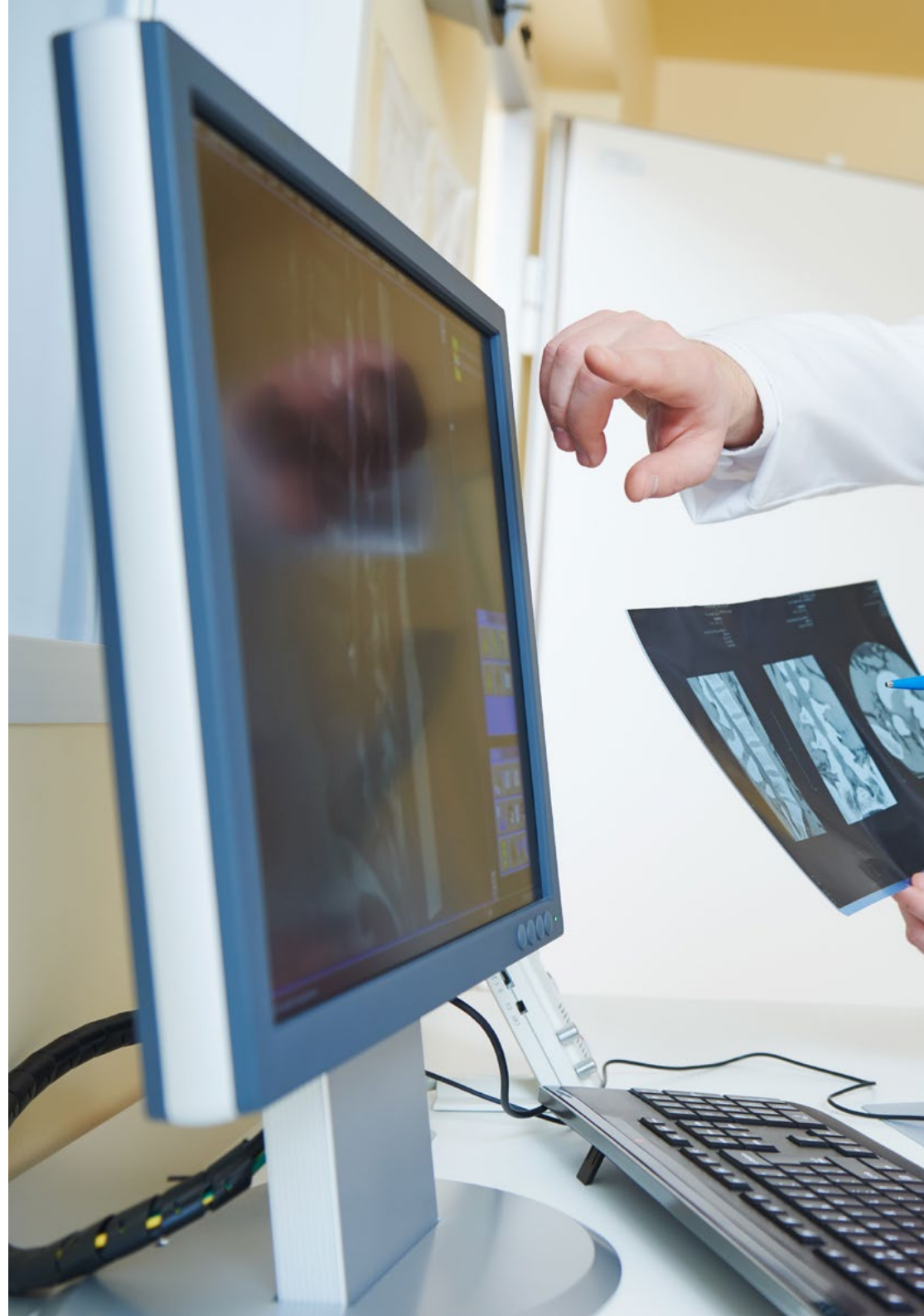


Общие профессиональные навыки

- ♦ Применять полученные знания, обеспечивая основу или возможность для оригинальности в разработке и/или применении идей, обычно в исследовательском контексте
- ♦ Применять полученные знания и навыки решения проблем в новых или незнакомых условиях в более широких (или междисциплинарных) контекстах, связанных с изучаемой областью
- ♦ Интегрировать знания и справляться с трудностями, вынесения суждений на основе неполной или ограниченной информации, включая размышления о социальной и этической ответственности, связанной с применением своих знаний и суждений
- ♦ Четко и недвусмысленно доносить свои выводы и стоящие за ними конечные знания и обоснования до специализированной и неспециализированной аудитории
- ♦ Приобрести навыки, которые позволят врачам продолжить обучение в значительной степени самостоятельно

“

Данная программа сформирует у вас чувство уверенности в результатах медицинской практики, что поможет вам вырасти как в личном, так и в профессиональном плане”





Профессиональные навыки

- ♦ Создать глобальное и обновленное видение радиационной онкологии и всех ее направлений, позволяющее студентам приобрести полезные знания и в то же время вызвать интерес к более углубленному изучению темы и поиску ее применения в своей повседневной практике
- ♦ Понять процесс обнаружения знаний, включая выбор данных, их очистку, кодирование, использование различных статистических методов и методов машинного обучения, а также визуализацию созданных структур
- ♦ Понять, как оценить эффективность алгоритмов контролируемого и неконтролируемого обучения
- ♦ Узнать, как функции обычно возвращают в программный блок одно значение в отличие от процедур, которые могут возвращать ноль, одно или несколько значений
- ♦ Узнать о биологических базах данных, возникших в ответ на огромный объем данных, генерируемых технологиями секвенирования ДНК Данные, хранящиеся в биологических базах данных, организуются для оптимального анализа и характеризуются как сложные, гетерогенные, динамичные и при этом непоследовательные из-за отсутствия стандартов на онтологическом уровне

04

Руководство курса

В преподавательский состав программы входят ведущие специалисты в области прецизионной онкологии, геномике и Big Data и других смежных областях, которые используют свой опыт работы в данной программе. Кроме того, в разработке и создании программы участвуют люди с признанным авторитетом, которые дополняют программу междисциплинарным подходом.





“

Узнайте от ведущих специалистов о последних достижениях в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data”

Руководство



Д-р Оруэсабаль Морено, Мауро Хавьер

- Заведующий отделением медицинской онкологии в Университетской больнице имени короля Хуана Карлоса
- Научный исследователь в Саутгемптонском университете
- Степень магистра в области биоинформатики и биостатистики UOC-UB
- Степень магистра в области анализа биоинформатики в Университете Пабло-де-Олаvide
- Доктор медицины Мадридского университета Комплутенсе. Получение Академической награды с почетом
- Член Испанского общества медицинской онкологии и группы GECF (Испанская группа рака легких)
- Клинический ординатор в области медицинской онкологии, Университетская больница Сан-Карлос в Мадриде
- Степень бакалавра медицины и хирургии Университета Наварры



Г-н Краллингер, Мартин

- ♦ Руководитель отдела интеллектуального анализа текстов в Испанском национальном центре исследования рака (CNIO)
- ♦ Завершил процесс отбора на должность руководителя подразделения текстового майнинга в Суперкомпьютерном центре Барселоны (BSC)
- ♦ Специалист в области биомедицинского и клинического анализа текстов и языковых технологий
- ♦ Специалист в области применения целевого анализа текстов для обеспечения безопасности лекарств, молекулярной системной биологии и онкологии
- ♦ Участвовал в реализации и оценке биомедицинских компонентов распознавания именованных сущностей, систем извлечения информации, семантического индексирования больших наборов данных разнородных типов документов
- ♦ Участвовал в разработке первого мета-сервера аннотации биомедицинских текстов (BioCreative MetaServer - BCMS) и метасервера BeCalm
- ♦ Организатор оценочных задач сообщества BioCreative для оценки инструментов обработки естественного языка, участвовал в организации задач по биомедицинскому текстовому маркетингу в различных международных докладах сообщества, включая IberEval и CLEF

Преподаватели

Г-н Альберих Марти, Рикардо

- ♦ Старший преподаватель математики и компьютерных наук (директор)
- ♦ Компьютерные науки и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов

Г-жа Альварес Куберо, Мария Хесус

- ♦ Преподаватель кафедры биохимии III и иммунологии, Университета Гранады

Г-н Андрес Леон, Эдуардо

- ♦ Руководитель отдела биоинформатики в Институте паразитологии и биомедицины "Лопес-Нейра" - CSIC
- ♦ Степень бакалавра биологии и молекулярной биологии Автономного университета Мадрида

Г-жа Астудильо Гонсалес, Аурора

- ♦ Служба патологической анатомии
- ♦ Старший преподаватель Университета Овьедо при Центральной университетской больнице Астурии. Научный директор Биобанка княжества Астурия

Г-жа Бурон Фернандес, Мария дель Росарио

- ♦ Отделение внутренней медицины, Университетская больница Инфанта Кристины

Г-н Кармона Байонас, Альберто

- ♦ Отделение медицинской онкологии, Университетская больница общего профиля Моралеса Месегера

Г-жа Сируэлос, Ева М

- ♦ MD, Ph. Отделение медицинской онкологии, Университетская больница 12 октября, Мадрид
- ♦ NM CIOCC, Мадрид

Г-н Галиана, Энрике де Андрес

- ♦ Кафедра математики, Университет Овьедо

Г-н Де ла Хаба Родригес, Хуан

- ♦ Отделение медицинской онкологии, Университет Кордовы, Университетская больница Королевы Софии

Г-н Фернандес Мартинес, Хуан Луис

- ♦ Руководитель группы обратных задач, оптимизации и машинного обучения, факультет математики. Университет Овьедо

Г-жа Фигероа, Анхелика

- ♦ Институт биомедицинских исследований в А-Корунье (INIBIC)
- ♦ Руководитель исследовательской группы, Эпителиальная пластичность и метастаз

Г-жа Гарсия Касадо, Зайда

- ♦ Лаборатория молекулярной биологии, Фонд Валенсийского института онкологии

Г-н Гарсия Фонсильяс, Хесус

- ♦ Отделение медицинской онкологии, Фонд Хименеса Диаса

Г-н Гомила Салас, Хуан Габриэль

- ♦ Преподаватель университета, математические науки и информатика, информатика и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов

Г-н Гонсалес Гомарис, Хосе

- ♦ IdiSNA (Институт медицинских исследований Наварры) Исследователь в области образования



Гн Хойос Симон, Серхио

- ♦ Заведующий отделением медицинской онкологии в Университетской больнице имени короля Хуана Карлоса

Гн Интахуррондо, Андер

- ♦ Науки о жизни – интеллектуальный анализ текста
- ♦ Суперкомпьютерный центр Барселоны

Г-жа Хименес-Фонсека, Паула

- ♦ Координатор отдела медицинской онкологии пищеварительных и эндокринных опухолей. Центральная университетская больница Астурии

Г-жа Лаге Альфранка, Йоланда

- ♦ Отделение медицинской онкологии, Фонд Хименеса Диаса

Гн Лопес Герреро, Хосе Антонио

- ♦ Отделение медицинской онкологии, Валенсийский институт онкологии

Гн Лопес Лопес, Рафаэль

- ♦ Заведующий медицинской онкологической службой
- ♦ Больничный комплекс университета Сантьяго-де-Компостела
- ♦ Группа трансляционной медицинской онкологии, Институт медицинских исследований

Гн Мартинес Гонсалес, Луис Хавьер

- ♦ PhD Отделение геномики
- ♦ Центр Pfizer - Университет Гранады - Андалузский совет по геномным и онкологическим исследованиям
- ♦ Pfizer - Университет Гранады - Центр геномных и онкологических исследований Хунта-де-Андалусия (GENYO)

Г-жа Мартинес Иглесиас, Олайя

- ♦ Институт биомедицинских исследований в А-Корунье (INIBIC)
- ♦ Руководитель исследовательской группы, Эпителиальная пластичность и метастаз

Г-н Парамьо Гонсалес, Хесус Мария

- ♦ Отдел молекулярной онкологии CIEMAT
- ♦ Научно-исследовательский институт «12 Октября» в Мадриде

Г-н Паскуаль Мартинес, Томас

- ♦ Клиническая больница Барселоны
- ♦ Лаборатория трансляционной геномики и целевая терапия в лечении солидных опухолей (IDIBAPS)

Г-жа Перес Гутьеррес, Ана Мария

- ♦ Студентка магистратуры в области клинической биоинформатики Фонда прогресса и здоровья (FPS) (Больница Вирхен-дель-Росио, Севилья)
- ♦ Аспирант (Phd) в области биомедицины, UGR

Г-жа Рибальта, Тереза

- ♦ MD, PhD. Руководитель службы анатомической патологии, больница Сант-Жоан-де-Дей, Биобанк
- ♦ Консультант, Служба патологоанатомической патологии, больница Clínic
- ♦ Преподаватель патологии, Университет Барселоны

Г-н Санчес Рубио, Хавьер

- ♦ Фармацевтическое отделение, Университетская больница Гетафе





Г-н Оливас Варела, Хосе Анхель

- ♦ Заместитель заведующего кафедрой информационных технологий и систем, Школа компьютерных наук

Г-н Торрес, Арнау Мир

- ♦ Старший преподаватель, математика и компьютерные науки, компьютерные науки и искусственный интеллект, Университет Балеарских островов

Г-н Соарес, Фелипе

- ♦ Инженер по искусственному интеллекту и машинному обучению в Apple
- ♦ Инженер-исследователь в области Интеллектуального анализа текстов в Национальном суперкомпьютерном центре в Барселоне

Г-н Руэда Фернандес, Даниэль

- ♦ Исследовательский отдел Университетская больница «12 Октября» в Мадриде

Г-н Сегура Руис, Виктор

- ♦ СИМА Университет Наварры (платформа биоинформатики) Руководитель подразделения

Г-н Васкес Гарсия, Мигель

- ♦ Руководитель группы по геномной информатике
- ♦ Суперкомпьютерный центр Барселоны

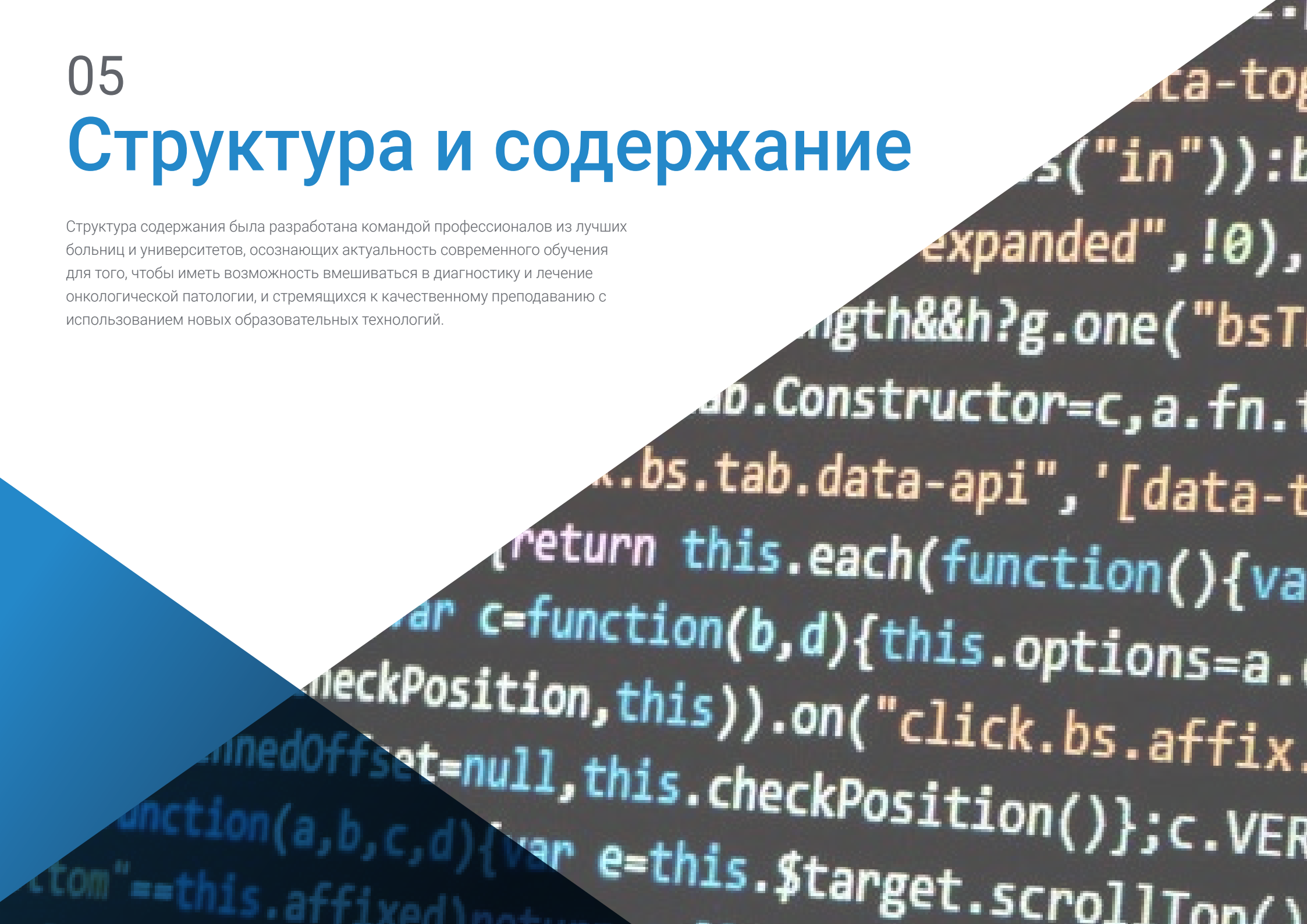
Г-н Веластеги Ордоньес, Алехандро

- ♦ Отделение медицинской онкологии

05

Структура и содержание

Структура содержания была разработана командой профессионалов из лучших больниц и университетов, осознающих актуальность современного обучения для того, чтобы иметь возможность вмешиваться в диагностику и лечение онкологической патологии, и стремящихся к качественному преподаванию с использованием новых образовательных технологий.



“

Данная Специализированная магистратура в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data содержит самую полную и актуальную научную программу на рынке”

Модуль 1. Молекулярная биология

- 1.1. Молекулярные механизмы рака
 - 1.1.1. Клеточный цикл
 - 1.1.2. Отделение опухолевых клеток
- 1.2. Перепрограммирование опухолевого микроокружения
 - 1.2.1. Микроокружение опухоли: обзор
 - 1.2.2. Тотальная мезоректумэктомия (ТМЭ) как прогностический фактор при раке легкого
 - 1.2.3. ТМЭ в прогрессии и метастазировании рака легких
 - 1.2.3.1. Опухоль-ассоциированные фибробласты (ОАФ)
 - 1.2.3.2. Эндотелиальные клетки
 - 1.2.3.3. Гипоксия при раке легкого
 - 1.2.3.4. Воспаление
 - 1.2.3.5. Иммунные клетки
 - 1.2.4. Вклад ТМЭ в терапевтическую устойчивость
 - 1.2.4.1. Вклад ТМЭ в устойчивость к лучевой терапии
 - 1.2.5. ТМЭ как терапевтическая мишень при раке легкого
 - 1.2.5.1. Будущие направления
- 1.3. Опухолевая иммунология: основа иммунотерапии рака
 - 1.3.1. Введение в иммунную систему
 - 1.3.2. Опухолевая иммунология
 - 1.3.2.1. Опухоль-ассоциированные антигены
 - 1.3.2.2. Выявление ассоциированных с опухолью антигенов
 - 1.3.2.3. Типы ассоциированных с опухолью антигенов
 - 1.3.3. Основы иммунотерапии рака
 - 1.3.3.1. Введение в иммунотерапевтические методы
 - 1.3.3.2. Моноклональные антитела в терапии рака
 - 1.3.3.2.1. Выработка моноклональных антител
 - 1.3.3.2.2. Типы терапевтических антител
 - 1.3.3.2.3. Механизмы действия антител
 - 1.3.3.2.4. Модифицированные антитела

- 1.3.4. Неспецифические иммунные модуляторы
 - 1.3.4.1. Бацилла Кальметта-Герена
 - 1.3.4.2. Интерферон-α
 - 1.3.4.3. Интерлейкин-2
 - 1.3.4.4. Модификатор иммунного ответа ИМИКВИМОД
- 1.3.5. Другие подходы к иммунотерапии
 - 1.3.5.1. Вакцины из дендритных клеток
 - 1.3.5.2. Сипулейцел-Т
 - 1.3.5.3. Блокатор рецепторов CTLA4
 - 1.3.5.4. Адаптивная Т-клеточная терапия
 - 1.3.5.4.1. Адаптивная клеточная терапия с использованием клонов Т-клеток
 - 1.3.5.4.2. Адаптивная клеточная терапия с использованием опухоли-инфильтрирующих лимфоцитов

1.4. Молекулярные механизмы, участвующие в процессе инвазии и метастазирования

Модуль 2. Геномная или прецизионная онкология

- 2.1. Использование профилирования экспрессии генов при раке
- 2.2. Молекулярные подтипы рака молочной железы
- 2.3. Геномные платформы прогноза при раке молочной железы
- 2.4. Терапевтические мишени при немелкоклеточном раке легкого (НМРЛ)
 - 2.4.1. Введение
 - 2.4.2. Молекулярные методы обнаружения
 - 2.4.3. Мутация EGFR
 - 2.4.4. Транслокация гена ALK
 - 2.4.5. Транслокация с участием гена ROS
 - 2.4.6. Мутация BRAF
 - 2.4.7. Перестройки NRTK генов
 - 2.4.8. Мутация HER2
 - 2.4.9. Мутация/амплификация MET
 - 2.4.10. Перестройки RET
 - 2.4.11. Другие молекулярные мишени

- 2.5. Молекулярная классификация рака толстой кишки
 - 2.6. Молекулярные исследования при раке желудка
 - 2.6.1. Лечение распространенного рака желудка
 - 2.6.2. Чрезмерная выраженность HER2 при распространенном раке желудка
 - 2.6.3. Определение и интерпретация чрезмерной выраженности HER2 при распространенном раке желудка
 - 2.6.4. Препараты с HER2-таргетной активностью
 - 2.6.5. Трастузумаб в первой линии при распространенном раке желудка
 - 2.6.5.1. Лечение прогрессирующего рака желудка HER2+ после перехода на схемы трастузумаба
 - 2.6.6. Активность других анти-HER2 препаратов при распространенном раке желудка
 - 2.7. ГИСО как модель для трансляционных исследований: 15 лет опыта
 - 2.7.1. Введение
 - 2.7.2. Мутации KIT и PDGFRA как основные организаторы в ГИСО
 - 2.7.3. Генотип в ГИСО: прогнозируемое и предсказуемое значение
 - 2.7.4. Генотип в ГИСО и устойчивость к иматинибу
 - 2.7.5. Выводы
 - 2.8. Молекулярные и геномные биомаркеры в меланоме
 - 2.9. Молекулярная классификация опухолей головного мозга
 - 2.10. Молекулярные и геномные биомаркеры в меланоме
 - 2.11. Иммуноterapia и биомаркеры
 - 2.11.1. Сценарий применения иммунологической терапии в лечении рака и необходимость определения мутационного профиля опухоли
 - 2.11.2. Биомаркеры ингибитора контрольно-пропускного пункта: PD-L1 и не только
 - 2.11.2.1. Роль PD-L1 в иммунной регуляции
 - 2.11.2.2. Данные клинических испытаний и биомаркер PD-L1
 - 2.11.2.3. Пороговые значения и анализы для экспрессии PD-L1: сложная картина
 - 2.11.2.4. Появляющиеся биомаркеры
 - 2.11.2.4.1. Опухолевая мутационная нагрузка (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. Количественная оценка опухолевой мутационной нагрузки
 - 2.11.2.4.1.2. Доказательство опухолевой мутационной нагрузки
 - 2.11.2.4.1.3. Опухолевая мутационная нагрузка как прогностический биомаркер
 - 2.11.2.4.1.4. Опухолевая мутационная нагрузка как прогностический биомаркер
 - 2.11.2.4.1.5. Будущее мутационной нагрузки
 - 2.11.2.4.2. Микросателлитная нестабильность
 - 2.11.2.4.3. Анализ иммунных инфильтратов
 - 2.11.2.4.4. Маркеры токсичности
 - 2.11.3. Разработка препаратов иммунных контрольных точек при раке
 - 2.11.4. Доступные препараты
- 3.1. Жидкостная биопсия: Мода или будущее?
 - 3.1.1. Введение
 - 3.1.2. Циркулирующие опухолевые клетки
 - 3.1.3. ктДНК
 - 3.1.4. Клинические показатели
 - 3.1.5. Ограничения ктДНК
 - 3.1.6. Выводы и будущее
- 3.2. Роль биобанка в клинических исследованиях
 - 3.2.1. Введение
 - 3.2.2. Стоит ли создавать биобанк?
 - 3.2.3. Как начать создание биобанка?
 - 3.2.4. Информированное согласие на участие в биобанке
 - 3.2.5. Сбор образцов для биобанка
 - 3.2.6. Контроль качества
 - 3.2.7. Доступ к образцам
- 3.3. Клинические испытания: новые концепции, основанные на прецизионной медицине

Модуль 3. Изменения в современной клинической практике и новые приложения в геномной онкологии

- 3.3.1. Что такое клинические испытания? Чем они отличаются от других видов исследований?
 - 3.3.1.1. Виды клинических исследований
 - 3.3.1.1.1. В соответствии с их целями
 - 3.3.1.1.2. По количеству участвующих центров
 - 3.3.1.1.3. Согласно его методологии
 - 3.3.1.1.4. В зависимости от степени маскировки
- 3.3.2. Результаты клинических исследований в торакальной онкологии
 - 3.3.2.1. Связанные с временем выживания
 - 3.3.2.2. Исходы, связанные с опухолью
 - 3.3.2.3. Результаты, о которых сообщают пациенты
- 3.3.3. Клинические испытания в эпоху прецизионной медицины
 - 3.3.3.1. Прецизионная медицина
 - 3.3.3.2. Терминология, связанная с проектированием испытаний в эпоху прецизионной медицины
- 3.4. Внедрение действенных маркеров в клиническую практику
- 3.5. Применение геномики в клинической практике по типам опухолей
- 3.6. Системы поддержки принятия решений в онкологии на основе искусственного интеллекта

Модуль 4. Использование Unix и Linux в биоинформатике

- 4.1. Введение в операционную систему Linux
 - 4.1.1. Что такое операционная система?
 - 4.1.2. Преимущества использования Linux
- 4.2. Окружение и установка Linux
 - 4.2.1. Дистрибутивы Linux
 - 4.2.2. Установка Linux с помощью USB-накопителя
 - 4.2.3. Установка Linux с помощью CD-ROM
 - 4.2.4. Установка Linux с помощью виртуальной машины
- 4.3. Командная строка
 - 4.3.1. Введение
 - 4.3.2. Что такое командная строка
 - 4.3.3. Работа в терминале
 - 4.3.4. Shell и Bash
- 4.4. Основная навигация

- 4.4.1. Введение
- 4.4.2. Как узнать текущее местоположение?
- 4.4.3. Абсолютные и относительные маршруты
- 4.4.4. Как перемещаться по системе?
- 4.5. Работа с файлами
 - 4.5.1. Введение
 - 4.5.2. Как создать каталог?
 - 4.5.3. Как перейти в каталог?
 - 4.5.4. Как создать пустой файл?
 - 4.5.5. Копирование файла и каталога
 - 4.5.6. Удаление файла и каталога
- 4.6. Текстовый редактор vi
 - 4.6.1. Введение
 - 4.6.2. Как записывать и выходить?
 - 4.6.3. Как перемещаться по файлу в текстовом редакторе vi?
 - 4.6.4. Удаление содержимого
 - 4.6.5. Команда отмены
- 4.7. Символы подстановки
 - 4.7.1. Введение
 - 4.7.2. Что такое символы подстановки?
 - 4.7.3. Примеры с символами подстановки
- 4.8. Разрешения
 - 4.8.1. Введение
 - 4.8.2. Как просмотреть права доступа к файлу?
 - 4.8.3. Как изменить разрешения?
 - 4.8.4. Настройки разрешений
 - 4.8.5. Разрешения для каталогов
 - 4.8.6. Пользователь "root"
- 4.9. Фильтры



- 4.9.1. Введение
- 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. Другие фильтры
- 4.10. Грег и регулярные выражения
 - 4.10.1. Введение
 - 4.10.2. *eGrep*
 - 4.10.3. Регулярные выражения
 - 4.10.4. Некоторые примеры
- 4.11. Пайплайн и перенаправление
 - 4.11.1. Введение
 - 4.11.2. Перенаправление в файл
 - 4.11.3. Сохранить в файл
 - 4.11.4. Перенаправление из файла
 - 4.11.5. Перенаправление STDERR
 - 4.11.6. Пайплайны
- 4.12. Управление процессами
 - 4.12.1. Введение
 - 4.12.2. Активные процессы
 - 4.12.3. Закрыть поврежденный процесс
 - 4.12.4. Работа с крупным планом и фоном
- 4.13. *Bash*

- 4.13.1. Введение
- 4.13.2. Важные моменты
- 4.13.3. Зачем нужен `"/" / "` ?
- 4.13.4. Переменные
- 4.13.5. Заявления

Модуль 5. Анализ данных в проектах *Big Data*: язык программирования R

- 5.1. Введение в язык программирования R
 - 5.1.1. Что такое R?
 - 5.1.2. Установка R и графического интерфейса R
 - 5.1.3. Пакеты
 - 5.1.3.1. Стандартные пакеты
 - 5.1.3.2. Внесенные пакеты и CRAN
- 5.2. Основные характеристики R
 - 5.2.1. Среда R
 - 5.2.2. Сопутствующее программное обеспечение и документация
 - 5.2.3. R и статистика
 - 5.2.4. R и оконная система
 - 5.2.5. Использование R в интерактивном режим
 - 5.2.6. Вводное занятие
 - 5.2.7. Получение помощи по функциям и возможностям
 - 5.2.8. Команды R, чувствительность к регистру и т.д.
 - 5.2.9. Восстановление и коррекция предыдущих команд
 - 5.2.10. Выполнение команд или перенаправление вывода в файл
 - 5.2.11. Постоянство данных и удаление объектов
- 5.3. Типы объектов R
 - 5.3.1. Простые манипуляции; числа и векторы
 - 5.3.1.1. Векторы и назначение
 - 5.3.1.2. Векторная арифметика
 - 5.3.1.3. Генерация регулярных последовательностей
 - 5.3.1.4. Логические векторы
 - 5.3.1.5. Отсутствующие значения
 - 5.3.1.6. Векторы символов
 - 5.3.1.7. Индексные векторы
 - 5.3.1.7.1. Выбор и изменение подмножеств набора данных
 - 5.3.1.8. Другие типы объектов
- 5.3.2. Объекты, их режимы и атрибуты
 - 5.3.2.1. Внутренние атрибуты: режим и длина
 - 5.3.2.2. Изменить длину объекта
 - 5.3.2.3. Сбор и настройка атрибутов
 - 5.3.2.4. Класс объекта
- 5.3.3. Упорядоченные и неупорядоченные факторы
 - 5.3.3.1. Конкретный пример
 - 5.3.3.2. Функция `tapply ()` и неравные матрицы
 - 5.3.3.3. Упорядоченные факторы
- 5.3.4. Матрицы
 - 5.3.4.1. Матрицы
 - 5.3.4.2. Матричное индексирование. Подразделы матрицы
 - 5.3.4.3. Индексные матрицы
 - 5.3.4.4. Функция массива `()`
 - 5.3.4.5. Смешанная арифметика векторов и матриц. Правило утилизации
 - 5.3.4.6. Внешнее произведение двух матриц
 - 5.3.4.7. Обобщенное транспонирование матрицы
 - 5.3.4.8. Матричное умножение
 - 5.3.4.9. Собственные значения и собственные векторы
 - 5.3.4.10. Разложение сингулярных значений и детерминанты
 - 5.3.4.11. Формирование разделенных массивов, `cbind ()` и `rbind ()`
 - 5.3.4.12. Функция конкатенации, `c ()`, с матрицами
- 5.3.5. Таблицы частот факторов
- 5.3.6. Списки
 - 5.3.6.1. Создание и изменение списков
 - 5.3.6.2. Конкатенационные списки

- 5.3.7. *Кадры данных*
 - 5.3.7.1. Как создать *фреймы данных*?
 - 5.3.7.2. Присоединить () и отсоединить ()
 - 5.3.7.3. Работа с *фреймами данных*
- 5.4. Чтение и запись данных
 - 5.4.1. Функция read.table ()
 - 5.4.2. Функция scan()
 - 5.4.3. Доступ к встроенным наборам данных
 - 5.4.4. Загрузка данных из других пакетов R
 - 5.4.5. Редактирование данных
- 5.5. Группировка, циклы и условное выполнение
 - 5.5.1. Сгруппированные выражения
 - 5.5.2. Контрольные заявления
 - 5.5.2.1. Условное выполнение: операторы IF
 - 5.5.2.2. Повторяющееся выполнение: циклы for, повторение и тайминг
- 5.6. Написание собственных функций
 - 5.6.1. Простые примеры
 - 5.6.2. Определение новых бинарных операторов
 - 5.6.3. Аргументы с именем и значениями по умолчанию
 - 5.6.4. Аргумент "..."
 - 5.6.5. Назначения в рамках функций

Модуль 6. Графическая среда на языке R

- 6.1. Графические процедуры
 - 6.1.1. Высокоуровневые команды трассировки
 - 6.1.1.1. Функция plot ()
 - 6.1.1.2. Визуализация многомерных данных
 - 6.1.1.3. Экранная графика
 - 6.1.1.4. Аргументы для высокоуровневых функций трассировки
 - 6.1.2. Команды низкоуровневого черчения
 - 6.1.2.1. Математическая аннотация
 - 6.1.2.2. Векторные шрифты Hershey

- 6.1.3. Взаимодействие с графикой
- 6.1.4. Использование графических параметров
 - 6.1.4.1. Постоянные изменения: функция par ()
 - 6.1.4.2. Временные изменения: аргументы для графических функций
- 6.1.5. Список графических параметров
 - 6.1.5.1. Графические элементы
 - 6.1.5.2. Оси и маркировка
 - 6.1.5.3. Поля фигуры
 - 6.1.5.4. Многофигурная среда
- 6.1.6. Описательная статистика: графические представления

Модуль 7. Статистический анализ на языке R

- 7.1. Дискретные распределения вероятностей
- 7.2. Непрерывные распределения вероятностей
- 7.3. Введение в выводы и выборку (точечное оценивание)
- 7.4. Доверительные интервалы
- 7.5. Проверка гипотез
- 7.6. ANOVA однофакторный
- 7.7. Корректировка Бондат (тест хи-квадрат)
- 7.8. Объект *fitdist*
- 7.9. Введение в многомерную статистику

Модуль 8. Машинное обучение для анализа Big Data

- 8.1. Введение в *машинное обучение*
- 8.2. Представление проблем, загрузка данных и библиотеки
- 8.3. Очистка данных (НС, категории, *фиктивные* переменные)
- 8.4. Исследовательский анализ данных (ggplot) + перекрестная валидация
- 8.5. Алгоритмы прогнозирования: множественная линейная регрессия, машина опорных векторов, деревья регрессии, Random Forest, т.д.
- 8.6. Алгоритмы классификации: множественная линейная регрессия, машина опорных векторов, деревья регрессии, метод случайного леса, т.д.
- 8.7. Настройка гиперпараметров алгоритма
- 8.8. Прогнозирование данных с помощью различных моделей
- 8.9. ROC-кривые и матрицы смешения для оценки качества модели

Модуль 9. Интеллектуальный анализ данных в геномике

- 9.1. Введение
- 9.2. Инициализация переменных
- 9.3. Очистка и кондиционирование текста
- 9.4. Формирование матрицы терминов
 - 9.4.1. Создание матрицы терминов TDM
 - 9.4.2. Визуализации на матрице слов TDM
- 9.5. Описание матрицы терминов
 - 9.5.1. Графическое представление частот
 - 9.5.2. Построение облака слов
- 9.6. Создание *датафрейма* с поддержкой K-NN
- 9.7. Построение классификационной модели
- 9.8. Валидация модели классификации
- 9.9. Практическое занятие по поиску данных в геномике рака

Модуль 10. Методы анализа геномных данных

- 10.1. Введение в "поиск данных"
- 10.2. Импорт файлов данных электронных таблиц, хранящихся онлайн
- 10.3. *Скрейпинг* HTML-текста
- 10.4. *Скрейпинг* данных из таблицы HTML
- 10.5. Использование API для *скрейпинга* данных
- 10.6. Извлечение необходимой информации
- 10.7. Использование пакета Rvest на R
- 10.8. Получение данных, распределенных по нескольким страницам
- 10.9. Извлечение геномных данных из платформы "My Cancer Genome"
- 10.10. Извлечение информации о генах из базы данных Комитета по номенклатуре генов HGNC HUGO
- 10.11. Извлечение фармакологических данных из базы данных OpcoKB (База знаний по прецизионной онкологии)

Модуль 11. Новые методы в геномной эре

- 11.1. Понимание новых технологий: *Секвенирование нового поколения* (NGS) в клинической практике
 - 11.1.1. Введение
 - 11.1.2. История болезни
 - 11.1.3. Проблемы применения секвенирования по методу Сэнгера в онкологии
 - 11.1.4. Новые методы секвенирования
 - 11.1.5. Преимущества использования NGS в клинической практике
 - 11.1.6. Ограничения использования NGS в клинической практике
 - 11.1.7. Соответствующие термины и определения
 - 11.1.8. Типы исследований в зависимости от их размера и глубины
 - 11.1.8.1. Геномы
 - 11.1.8.2. Экзомы
 - 11.1.8.3. Мультигенные панели
 - 11.1.9. Этапы секвенирования NGS
 - 11.1.9.1. Подготовка образцов и библиотек
 - 11.1.9.2. Подготовка *шаблонов* и секвенирование
 - 11.1.9.3. Обработка биоинформатики
 - 11.1.10. Аннотирование и классификация вариантов
 - 11.1.10.1. Базы данных о населении
 - 11.1.10.2. Базы данных по конкретным локусам
 - 11.1.10.3. Биоинформационные предикторы функциональности
- 11.2. Секвенирование ДНК и биоинформационный анализ
 - 11.2.1. Введение
 - 11.2.2. Программное обеспечение
 - 11.2.3. Порядок действий
 - 11.2.3.1. Извлечение необработанных последовательностей
 - 11.2.3.2. Выравнивание последовательностей
 - 11.2.3.3. Уточнение выравнивания
 - 11.2.3.4. Вариант вызова
 - 11.2.3.5. Фильтрация вариантов

- 11.3. Секвенирование РНК и биоинформационный анализ
 - 11.3.1. Введение
 - 11.3.2. Программное обеспечение
 - 11.3.3. Порядок действий
 - 11.3.3.1. Оценка качества необработанных данных
 - 11.3.3.2. Отфильтрованная рРНК
 - 11.3.3.3. Отфильтрованные данные контроля качества
 - 11.3.3.4. Качественная обрезка и удаление адаптера
 - 11.3.3.5. Выравнивание *Reads* к ссылке
 - 11.3.3.6. Вариант вызова
 - 11.3.3.7. Дифференциальный анализ экспрессии генов
- 11.4. Технология ChIP-Seq
 - 11.4.1. Введение
 - 11.4.2. Программное обеспечение
 - 11.4.3. Порядок действий
 - 11.4.3.1. Описание набора данных ChIP-Seq
 - 11.4.3.2. Получить информацию об эксперименте, используя веб-сайты GEO и SRA
 - 11.4.3.3. Контроль качества данных секвенирования
 - 11.4.3.4. Обрезка и фильтрация чтений
 - 11.4.3.5. Визуализация результатов с помощью Integrated Genome Browser (IGV)
- 11.5. Применение *Big Data* в геномной онкологии
 - 11.5.1. Процесс анализа данных
- 11.6. Геномные серверы и базы данных генетических вариантов
 - 11.6.1. Введение
 - 11.6.2. Геномные веб-серверы
 - 11.6.3. Архитектура геномного сервера
 - 11.6.4. Поиск и анализ данных
 - 11.6.5. Персонализация

- 11.7. Аннотирование генетических вариантов
 - 11.7.1. Введение
 - 11.7.2. Что такое вызов вариантов?
 - 11.7.3. Понимание формата VCF
 - 11.7.4. Идентификаторы вариантов
 - 11.7.5. Анализ вариантов
 - 11.7.6. Прогнозирование влияния вариаций в структуре и функции белков

Модуль 12. Применение биоинформатики в геномной онкологии

- 12.1. Клиническое и фармакологическое обогащение вариантов генов
- 12.2. Массовый поиск геномной информации в PubMed
- 12.3. Массовый поиск геномной информации в DGIdb
- 12.4. Массовый поиск клинических испытаний на основе геномных данных
- 12.5. Поиск сходства генов для интерпретации панели генов или экзома
- 12.6. Масштабный поиск генов, связанных с заболеваниями
- 12.7. Enrich-Gen: платформа обогащения клинических и фармакологических генов
- 12.8. Процедура геномной отчетности в эпоху прецизионной онкологии



Уникальный, важный и значимый курс обучения для повышения вашей квалификации"

06

Методология

Данная учебная программа предлагает особый способ обучения. Наша методология разработана в режиме циклического обучения: **Relearning**. Данная система обучения используется, например, в самых престижных медицинских школах мира и признана одной из самых эффективных ведущими изданиями, такими как **Журнал медицины Новой Англии**.



““

Откройте для себя методику *Relearning*, которая отвергает традиционное линейное обучение, чтобы показать вам циклические системы обучения: способ, который доказал свою огромную эффективность, особенно в предметах, требующих запоминания”

В TECH мы используем метод запоминания кейсов

Что должен делать профессионал в определенной ситуации? На протяжении всей программы вы будете сталкиваться с множеством смоделированных клинических случаев, основанных на историях болезни реальных пациентов, когда вам придется проводить исследование, выдвигать гипотезы и в конечном итоге решать ситуацию. Существует множество научных доказательств эффективности этого метода. Будущие специалисты учатся лучше, быстрее и показывают стабильные результаты с течением времени.

С TECH вы сможете познакомиться со способом обучения, который опровергает основы традиционных методов образования в университетах по всему миру.



По словам доктора Жерваса, клинический случай - это описание диагноза пациента или группы пациентов, которые становятся "случаем", примером или моделью, иллюстрирующей какой-то особый клинический компонент, либо в силу обучающего эффекта, либо в силу своей редкости или необычности. Важно, чтобы кейс был основан на текущей трудовой деятельности, пытаюсь воссоздать реальные условия в профессиональной практике врача.

“

Знаете ли вы, что этот метод был разработан в 1912 году, в Гарвардском университете, для студентов-юристов? Метод кейсов заключался в представлении реальных сложных ситуаций, чтобы они принимали решения и обосновывали способы их решения. В 1924 году он был установлен в качестве стандартного метода обучения в Гарвардском университете”

Эффективность метода обосновывается четырьмя ключевыми достижениями:

1. Студенты, которые следуют этому методу, не только добиваются усвоения знаний, но и развивают свои умственные способности с помощью упражнений по оценке реальных ситуаций и применению своих знаний.
2. Обучение прочно опирается на практические навыки, что позволяет студенту лучше интегрироваться в реальный мир.
3. Усвоение идей и концепций становится проще и эффективнее благодаря использованию ситуаций, возникших в реальности.
4. Ощущение эффективности затраченных усилий становится очень важным стимулом для студентов, что приводит к повышению интереса к учебе и увеличению времени посвященному на работу над курсом.



Методология Relearning

TECH эффективно объединяет метод кейсов с системой 100% онлайн-обучения, основанной на повторении, которая сочетает 8 различных дидактических элементов в каждом уроке.

Мы улучшаем метод кейсов с помощью лучшего метода 100% онлайн-обучения: Relearning.



Студент будет учиться на основе реальных случаев и разрешения сложных ситуаций в смоделированных учебных условиях. Эти симуляции разработаны с использованием самого современного программного обеспечения для полного погружения в процесс обучения.

Находясь в авангарде мировой педагогики, метод Relearning сумел повысить общий уровень удовлетворенности специалистов, завершивших обучение, по отношению к показателям качества лучшего онлайн-университета в мире.

С помощью этой методики мы с беспрецедентным успехом обучили более 250 000 врачей по всем клиническим специальностям, независимо от хирургической нагрузки. Наша методология преподавания разработана в среде с высокими требованиями к уровню подготовки, с университетским контингентом студентов с высоким социально-экономическим уровнем и средним возрастом 43,5 года.

Методика Relearning позволит вам учиться с меньшими усилиями и большей эффективностью, все больше вовлекая вас в процесс обучения, развивая критическое мышление, отстаивая аргументы и противопоставляя мнения, что непосредственно приведет к успеху.

В нашей программе обучение не является линейным процессом, а происходит по спирали (мы учимся, разучиваемся, забываем и заново учимся). Поэтому мы дополняем каждый из этих элементов по концентрическому принципу.

Общий балл квалификации по нашей системе обучения составляет 8.01, что соответствует самым высоким международным стандартам.



В рамках этой программы вы получаете доступ к лучшим учебным материалам, подготовленным специально для вас:



Учебный материал

Все дидактические материалы создаются преподавателями специально для студентов этого курса, чтобы они были действительно четко сформулированными и полезными.

Затем вся информация переводится в аудиовизуальный формат, создавая дистанционный рабочий метод TECH. Все это осуществляется с применением новейших технологий, обеспечивающих высокое качество каждого из представленных материалов.



Хирургические техники и процедуры на видео

TECH предоставляет в распоряжение студентов доступ к новейшим методикам и достижениям в области образования и к передовым медицинским технологиям. Все с максимальной тщательностью, объяснено и подробно описано самими преподавателями для усовершенствования усвоения и понимания материалов. И самое главное, вы можете смотреть их столько раз, сколько захотите.



Интерактивные конспекты

Мы представляем содержание в привлекательной и динамичной мультимедийной форме, которая включает аудио, видео, изображения, диаграммы и концептуальные карты для закрепления знаний.

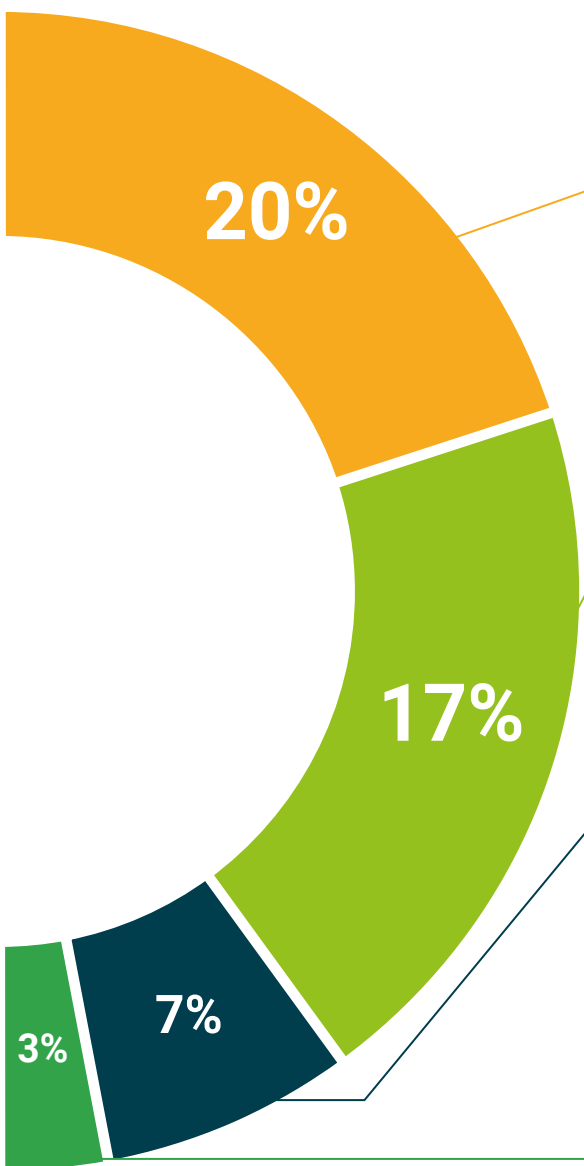
Эта уникальная обучающая система для представления мультимедийного содержания была отмечена компанией Microsoft как "Европейская история успеха".



Дополнительная литература

Новейшие статьи, консенсусные документы и международные руководства включены в список литературы курса. В виртуальной библиотеке TECH студент будет иметь доступ ко всем материалам, необходимым для завершения обучения.





Анализ кейсов, разработанных и объясненных экспертами

Эффективное обучение обязательно должно быть контекстным. Поэтому мы представим вам реальные кейсы, в которых эксперт проведет вас от оказания первичного осмотра до разработки схемы лечения: понятный и прямой способ достичь наивысшей степени понимания материала.



Тестирование и повторное тестирование

На протяжении всей программы мы периодически оцениваем и переоцениваем ваши знания с помощью оценочных и самооценочных упражнений: так вы сможете убедиться, что достигаете поставленных целей.



Мастер-классы

Существуют научные данные о пользе стороннего экспертного наблюдения: так называемый метод обучения у эксперта укрепляет знания и память, а также формирует уверенность в наших будущих сложных решениях.



Краткие руководства к действию

TECH предлагает наиболее актуальное содержание курса в виде рабочих листов или кратких руководств к действию. Обобщенный, практичный и эффективный способ помочь вам продвинуться в обучении.



07

Квалификация

Специализированная магистратура в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data гарантирует, помимо самой строгого и современного обучения, получение диплома об окончании Специализированной магистратуры, выдаваемого ТЕСН Технологическим университетом.



“

Успешно пройдите эту программу и получите университетский диплом без хлопот, связанных с поездками и оформлением документов”

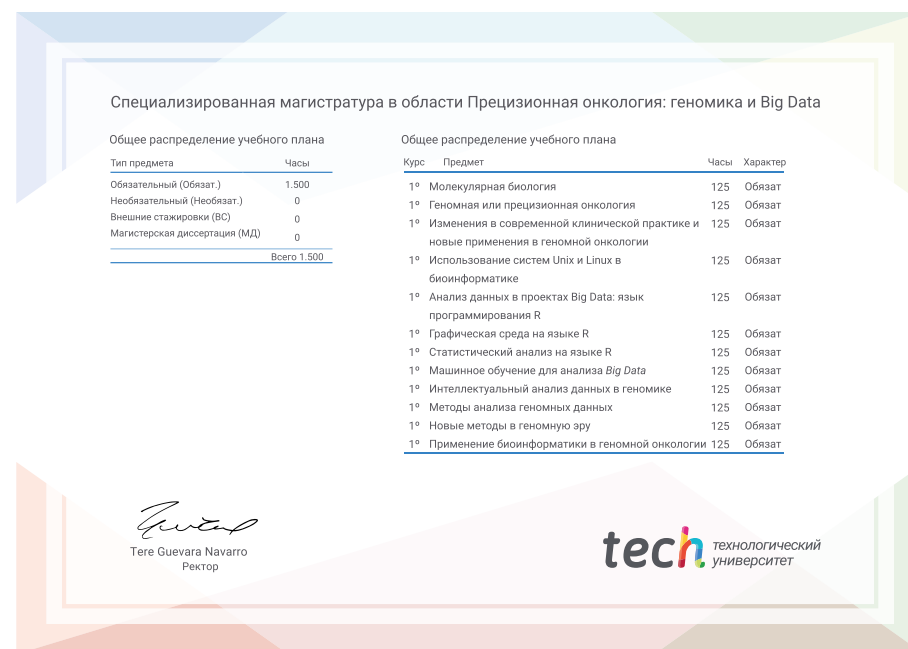
Данная **Специализированная магистратура в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data** содержит самую полную и современную научную программу на рынке.

После прохождения аттестации студент получит по почте* с подтверждением получения соответствующий диплом **Специализированной магистратуры**, выданный **TECH Технологическим университетом**.

Диплом, выданный **TECH Технологическим университетом**, подтверждает квалификацию, полученную в магистратуре, и соответствует требованиям, обычно предъявляемым биржами труда, конкурсными экзаменами и комитетами по оценке о карьеры.

Диплом: **Специализированная магистратура в области прецизионной онкологии: геномика и Big Data**

Количество учебных часов: **1500 часов**



*Гаагский апостиль. В случае, если студент потребует, чтобы на его диплом в бумажном формате был проставлен Гаагский апостиль, TECH EDUCATION предпримет необходимые шаги для его получения за дополнительную плату.

Будущее

Здоровье Доверие Люди

Образование Информация Тьюторы

Гарантия Аккредитация Преподавание

Институты Технологии Обучение

Сообщество Обязательство

tech технологический
университет

Специализированная
магистратура

Прецизионная онкология:
геномика и Big Data

- » Формат: онлайн
- » Продолжительность: 12 месяцев
- » Учебное заведение: ТЕСН Технологический университет
- » Режим обучения: 16ч./неделя
- » Расписание: по своему усмотрению
- » Экзамены: онлайн

Специализированная магистратура

Прецизионная онкология:
геномика и Big Data