

Universitätsexperte

Genomische und Präzisionsonkologie





Universitätsexperte Genomische und Präzisionsonkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Internetzugang: www.techtitude.com/de/medizin/spezialisierung/spezialisierung-genomische-prazisionsonkologie

Index

01

Präsentation

Seite 4

02

Ziele

Seite 8

03

Kursleitung

Seite 12

04

Struktur und Inhalt

Seite 20

05

Methodik

Seite 26

06

Qualifizierung

Seite 34

01

Präsentation

Das Konzept der Genom- oder Präzisionsonkologie ist nicht ganz neu: Seit mehr als einem Jahrhundert verwenden Ärzte die Blutgruppe, um Bluttransfusionen individuell anzupassen. Was heute anders ist, ist die rasche Zunahme genomischer Daten, die schnell und kostengünstig vom Patienten und der Allgemeinheit gesammelt werden können, und das Potenzial, aus der gemeinsamen Nutzung dieser Daten Erkenntnisse zu gewinnen.





“

Diese Fortbildung schafft ein Gefühl der Sicherheit bei der Ausübung der ärztlichen Tätigkeit, das Ihnen helfen wird, persönlich und beruflich zu wachsen"

Der Umfang und die Komplexität genomischer Daten stellen die traditionell bei Labortests verwendeten Maße in den Schatten. In den letzten Jahren hat sich die Computertechnologie zur Analyse und Interpretation von DNA-Sequenzierungen enorm weiterentwickelt und eine Lücke zwischen biologischem Wissen und dessen Anwendung in der klinischen Praxis geschaffen. Es ist daher notwendig, diese Informatiktechniken in der medizinischen Gemeinschaft zu vermitteln, zu verbreiten und zu integrieren, um die massive Analyse von Daten aus Veröffentlichungen, biologischen oder medizinischen Datenbanken und Krankenakten usw. zu interpretieren und so die auf klinischer Ebene verfügbaren biologischen Informationen zu bereichern.

Dieses maschinelle Lernen wird die Entwicklung der Präzisionsonkologie ermöglichen, um genomische Merkmale zu interpretieren und zielgerichtete Therapien zu finden oder um Risiken für bestimmte Krankheiten zu ermitteln und individuellere Präventionsmaßnahmen festzulegen. Ein grundlegendes Ziel des Programms ist es, den Studenten das Informatikwissen näher zu bringen und zu verbreiten, das bereits in anderen Wissensbereichen angewandt wird, aber in der medizinischen Welt nur wenig Anwendung findet. Und das, obwohl es für die Verwirklichung der genomischen Medizin notwendig ist, die riesige Menge an klinischen Informationen, die derzeit zur Verfügung stehen, genau zu interpretieren und sie mit den biologischen Daten zu verknüpfen, die nach einer bioinformatischen Analyse erzeugt werden. Dies ist zwar eine schwierige Aufgabe, aber sie wird es ermöglichen, die Auswirkungen genetischer Variationen und potenzieller Therapien schnell, kostengünstig und mit größerer Präzision zu erforschen, als dies derzeit möglich ist.

Der Mensch ist von Natur aus nicht in der Lage, genomische Sequenzen zu erkennen und zu interpretieren, alle Mechanismen, Wege und Wechselwirkungen innerhalb einer lebenden Zelle zu verstehen oder medizinische Entscheidungen zu treffen, die Dutzende oder Hunderte von Variablen betreffen. Um voranzukommen, ist ein System mit übermenschlichen Analysefähigkeiten erforderlich, das das Arbeitsumfeld vereinfacht und die Beziehungen und Zusammenhänge zwischen den Variablen aufzeigt. In der Genomik und Biologie ist man sich inzwischen darüber im Klaren, dass es besser ist, Ressourcen für neue Rechentechniken als für die reine Datenerfassung aufzuwenden, was möglicherweise auch für die Medizin und natürlich für die Onkologie gilt.

Dieser **Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt. Die wichtigsten Merkmale sind:

- Entwicklung von Fallstudien, die von Experten für Genomische und Präzisionsonkologie vorgestellt werden
- Sein anschaulicher, schematischer und äußerst praktischer Inhalt liefert wissenschaftliche und praktische Informationen zu den Disziplinen, die für die berufliche Praxis unerlässlich sind
- Neuigkeiten in der Genomischen und Präzisionsonkologie
- Er enthält praktische Übungen, bei denen der Selbstbewertungsprozess zur Verbesserung des Lernens genutzt werden kann
- Mit besonderem Schwerpunkt auf innovativen Methoden in der Genomischen und Präzisionsonkologie
- Ergänzt wird dies durch theoretische Vorträge, Fragen an den Experten, Diskussionsforen zu kontroversen Themen und individuelle Reflexionsarbeit
- Verfügbarkeit der Inhalte von jedem festen oder tragbaren Gerät mit Internetanschluss



*Aktualisieren Sie Ihr Wissen mit dem
Universitätsexperten in Genomische
und Präzisionsonkologie*

“

Dieser Experte kann aus zwei Gründen die beste Investition sein, die Sie bei der Auswahl eines Fortbildungsprogramms tätigen können: Sie aktualisieren nicht nur Ihre Kenntnisse in der Genomischen und Präzisionsonkologie, sondern erhalten auch einen Abschluss der TECH Technologischen Universität“

Das Dozententeam besteht aus Fachleuten aus dem Bereich der Genomischen und Präzisionsonkologie, die ihre Erfahrungen in diese Fortbildung einbringen, sowie aus anerkannten Fachleuten von führenden Gesellschaften und renommierten Universitäten.

Dank der multimedialen Inhalte, die mit der neuesten Bildungstechnologie entwickelt wurden, wird der Fachkraft ein situiertes und kontextbezogenes Lernen ermöglicht, d.h. eine simulierte Umgebung, die ein immersives Lernen in realen Situationen ermöglicht.

Das Programm ist auf problemorientiertes Lernen ausgerichtet, bei dem die Studenten versuchen müssen, die verschiedenen Situationen aus der beruflichen Praxis zu lösen, die während des Kurses auftreten. Dabei wird der Student durch ein neuartiges interaktives Videosystem unterstützt werden, das von renommierten Experten auf dem Gebiet der Genomischen und Präzisionsonkologie mit umfangreicher Lehrerfahrung entwickelt wurde.

Steigern Sie Ihr Selbstvertrauen bei der Entscheidungsfindung, indem Sie Ihr Wissen mit diesem Universitätsexperten auf den neuesten Stand bringen.

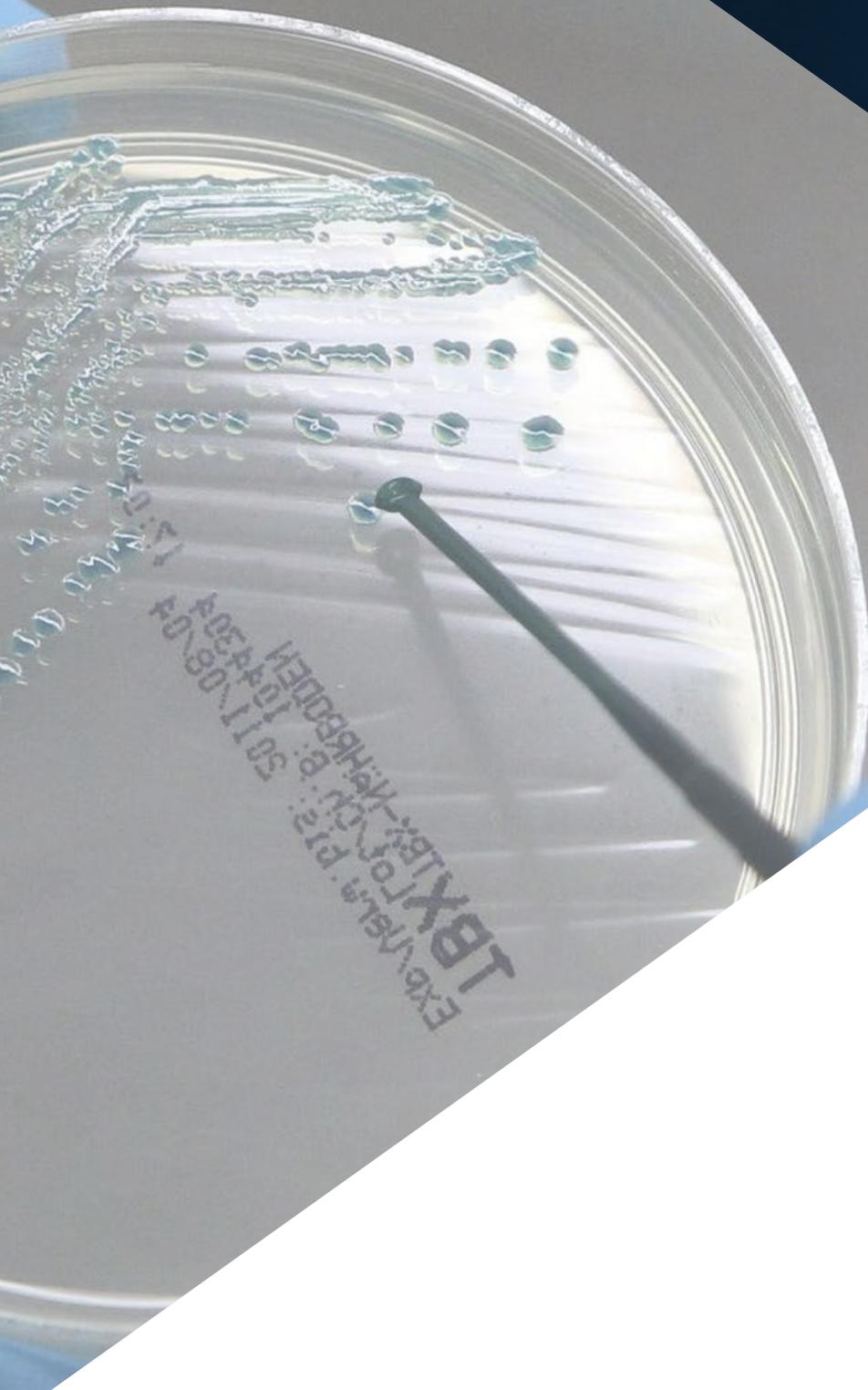
Nutzen Sie die Gelegenheit, um sich über die neuesten Fortschritte in der Genomischen und Präzisionsonkologie zu informieren und Ihre Patientenversorgung zu verbessern.



02 Ziele

Der Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie soll dem Arzt, der sich mit der Behandlung onkologischer Erkrankungen befasst, die Arbeit erleichtern. Dazu ist es notwendig, die riesige Menge an klinischen Informationen, die derzeit verfügbar sind, genau zu interpretieren und mit den biologischen Daten zu verknüpfen, die nach einer bioinformatischen Analyse erzeugt werden.





“

Dieser Universitats-Experte soll Ihnen dabei helfen, Ihr Wissen in Genomische und Prazisionsonkologie auf den neuesten Stand zu bringen, indem er die neueste Bildungstechnologie verwendet, um mit Qualitat und Sicherheit zur Entscheidungsfindung beizutragen"



Allgemeines Ziel

- In der Lage sein, die Menge an klinischen Informationen, die derzeit verfügbar sind und mit biologischen Daten, die nach einer bioinformatischen Analyse generiert wurden, in Verbindung stehen, genau zu interpretieren

“

Nutzen Sie die Gelegenheit und machen Sie den Schritt, sich über die neuesten Entwicklungen in der Genomischen und Präzisionsonkologie auf den neusten Stand zu bringen"





Spezifische Ziele

Modul 1. Molekularbiologie

- ♦ Aktualisieren des Wissens über die Molekularbiologie von Krebs in Bezug auf verschiedene Konzepte wie die genetische Heterogenität oder die Umprogrammierung der Mikroumgebung
- ♦ Vermitteln und Erweitern des Wissens über die Immuntherapie als Beispiel für einen klaren wissenschaftlichen Fortschritt in der translationalen Forschung
- ♦ Kennenlernen eines neuen Ansatzes zur Klassifizierung der häufigsten Tumoren auf der Grundlage der im The Cancer Genome Atlas (TCGA) Research Network verfügbaren Genomdaten

Modul 2. Genomische oder Präzisionsonkologie

- ♦ Erörtern der Veränderungen, die sich mit der Einführung genomischer Daten für das biologische Verständnis von Tumoren ergeben
- ♦ Erläutern auf welche Weise die genomische Klassifizierung unabhängige Informationen zur Vorhersage klinischer Ergebnisse liefert und die biologische Grundlage für eine Ära der personalisierten Krebsbehandlung bildet
- ♦ Kennenlernen der neuen genomischen Technologien, die derzeit bei der DNA- und RNA-Sequenzierung eingesetzt werden und die auf der Sequenz des menschlichen Genoms beruhen und seit dem Abschluss des Humangenomprojekts möglich sind, was eine beispiellose Erweiterung der Möglichkeiten der Molekulargenetik in der genetischen und klinischen Diagnostik bedeutet
- ♦ Erläutern des Verfahrens der Bioinformatik für das Interpretieren und Anwenden biologischer Daten
- ♦ Analysieren und Interpretieren biologischer Informationen auf molekularer, zellulärer und genomischer Ebene

Modul 3 Veränderungen in der derzeitigen klinischen Praxis und neue Anwendungen der Genomischen Onkologie

- ♦ Diskutieren und Interpretieren der Tumormutationslast (TMB) als genomischer Biomarker, der einen bedeutenden Einfluss auf die Krebsimmuntherapie hat
- ♦ Erfahren, wie die Flüssigbiopsie der zirkulierenden DNA es uns ermöglicht, in Echtzeit zu verstehen, welche molekularen Veränderungen im Tumor stattfinden
- ♦ Erläutern des aktuellen Paradigmas für die Einbindung genomischer Daten in die aktuelle klinische Praxis

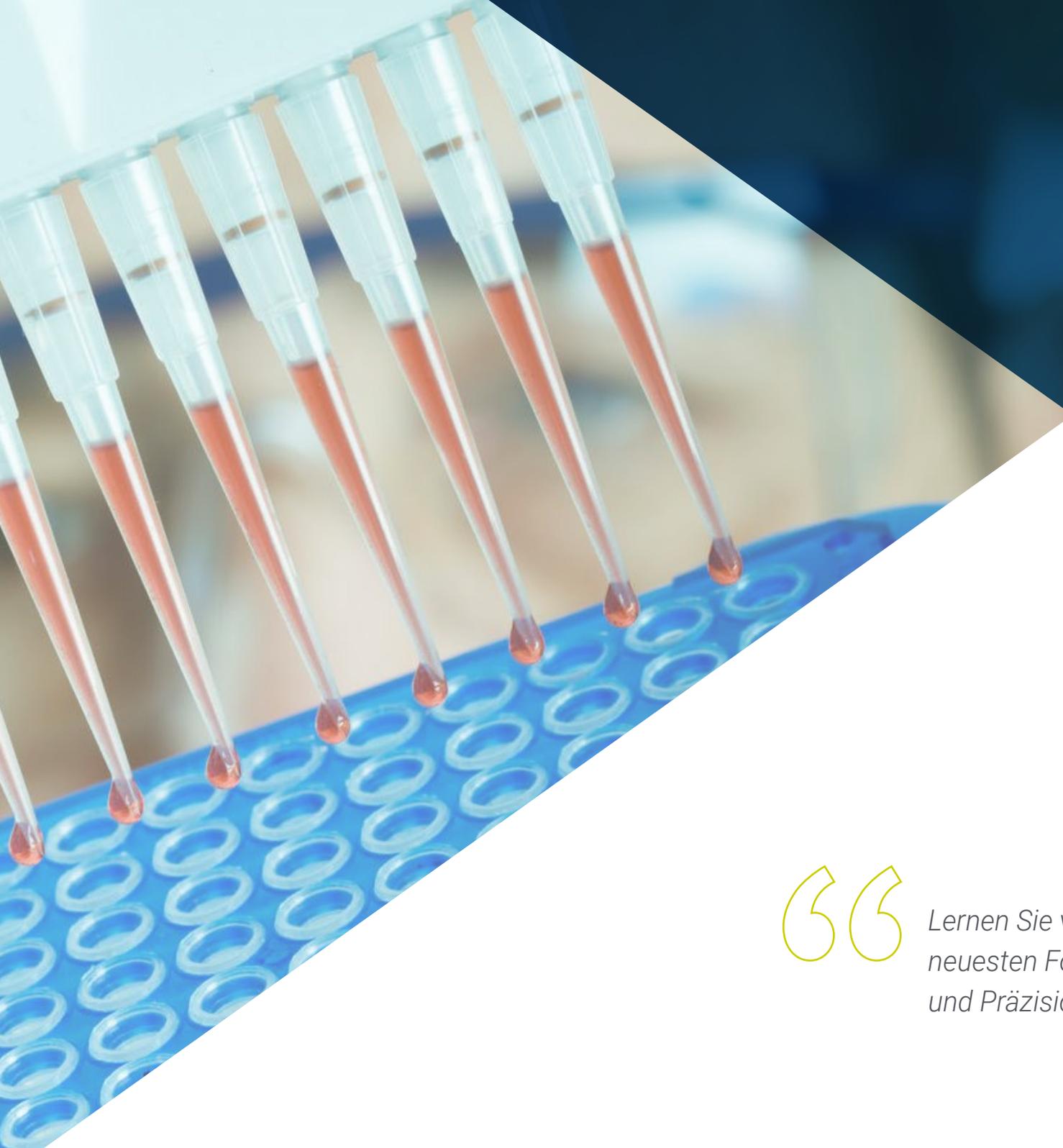
Modul 4 Neue Techniken im Zeitalter der Genomik

- ♦ Umsetzen der erworbenen Kenntnisse in die Praxis bei der Interpretation einer Genomstudie in mehreren Krebsfällen durch Extraktion nützlicher Informationen für die Entscheidungsfindung
- ♦ Verwenden verschiedener mit der Sprache R erstellter Algorithmen für die Extraktion von Wissen aus den Datenbanken Pubmed, DGIdb und Clinical Trials bei der Suche nach genetischen Informationen zu bestimmten Tumoren

03 Kursleitung

Zu den Dozenten des Programms gehören führende Spezialisten der Genomischen und Präzisionsonkologie, die ihre Erfahrungen in diese Fortbildung einbringen. Darüber hinaus sind weitere anerkannte Fachleute an der Konzeption und Ausarbeitung beteiligt, die das Programm auf interdisziplinäre Weise vervollständigen.





“

Lernen Sie von führenden Fachleuten die neuesten Fortschritte in der Genomischen und Präzisionsonkologie kennen"

Leitung



Dr. Oruezábal Moreno, Mauro Javier

- ♦ Leiter des medizinisch-onkologischen Dienstes am Universitätskrankenhaus Rey Juan Carlos
- ♦ Research Visitors at University of Southampton
- ♦ Universitärer Masterstudiengang in Bioinformatik und Biostatistik UOC-UB
- ♦ Masterstudiengang in Bioinformatik-Analyse an der Universität Pablo Olavide
- ♦ Doktor der Medizin an der Universität Complutense von Madrid. Prädikat Hervorragend cum laude
- ♦ Mitglied der spanischen Gesellschaft für medizinische Onkologie und der GECP-Gruppe (Spanische Lungenkrebsgruppe)
- ♦ Facharzt (MIR) für medizinische Onkologie, Universitätskrankenhaus San Carlos de Madrid
- ♦ Hochschulabschluss in Medizin und Chirurgie, Universität von Navarra



Hr. Krallinger, Martin

- Leiter der Einheit für Text Mining am Spanischen Nationalen Krebsforschungszentrum (CNIO)
- Abschluss des Auswahlverfahrens für die Stelle des Leiters der Einheit für Text Mining am Barcelona Supercomputing Centre (BSC)
- Experte auf dem Gebiet des biomedizinischen und klinischen Text Mining und der linguistischen Technologien
- Experte für gezielte Text Mining-Anwendungen für Arzneimittelsicherheit, molekulare Systembiologie und Onkologie
- Beteiligung an der Implementierung und Evaluierung von biomedizinischen Named-Entity-Recognition-Komponenten, Informationsextraktionssystemen und der semantischen Indexierung großer Datensätze heterogener Dokumenttypen
- Beteiligung an der Entwicklung des ersten Metaservers für biomedizinische Textannotation (biocreative meta-server - BCMS) und des BeCalm-Metaserver
- Organisator der BioCreative Community Evaluation Challenges für die Evaluierung von Werkzeugen zur Verarbeitung natürlicher Sprache
- Beteiligung an der Organisation von biomedizinischen Textmining-Aufgaben in verschiedenen internationalen Community Challenges, darunter IberEval und CLEF

Professoren

Hr. Alberich Martí, Ricardo

- ♦ Universitätsprofessor, Mathematik und Informatik (Direktor)
- ♦ Informatik und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln

Fr. Álvarez Cubero, María Jesús

- ♦ Professorin der Abteilung für Biochemie III und Immunologie, Universität von Granada

Hr. Andrés León, Eduardo

- ♦ Leiter der Abteilung Bioinformatik am Institut für Parasitologie und Biomedizin "Lopez-Neyra" - CSIC
- ♦ Hochschulabschluss in Biologie und Molekularbiologie an der Autonomen Universität von Madrid

Fr. Astudillo González, Aurora

- ♦ Abteilung für anatomische Pathologie
- ♦ Professorin an der Universität von Oviedo im Zentralen Universitätskrankenhaus von Asturien
- ♦ Wissenschaftliche Direktion der Biobank des Fürstentums Asturien

Fr. Burón Fernández, María del Rosario

- ♦ Abteilung für Innere Medizin am Universitätskrankenhaus Infanta Cristina

Hr. Carmona Bayonas, Alberto

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie am Universitätskrankenhaus Morales Meseguer

Fr. Ciruelos, Eva M

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie, Universitätskrankenhaus 12 de Octubre Madrid
- ♦ HM CIOCC, Madrid

Hr. Galiana, Enrique de Andrés

- ♦ Fakultät für Mathematik, Universität von Oviedo

Hr. De la Haba Rodríguez, Juan

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie, Universität von Cordoba, Universitätskrankenhaus Reina Sofía

Hr. Fernández Martínez, Juan Luis

- ♦ Direktor der Gruppe für Inverse Probleme, Optimierung und maschinelles Lernen an der Fakultät für Mathematik. Universität von Oviedo

Fr. Figueroa, Angélica

- ♦ Biomedizinisches Forschungsinstitut von A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Fr. García Casado, Zaida

- ♦ Labor für Molekularbiologie, Stiftung des Valencianischen Institutes für Onkologien

Hr. García Foncillas, Jesús

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie, Stiftung Jimenez Díaz

Hr. Gomila Salas, Juan Gabriel

- ♦ Universitätsdozent für mathematische Wissenschaften und Informatik, Informatik und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln

Hr. González Gomáriz, José

- ♦ IdiSNA (Institut für Gesundheitsforschung von Navarra) Praktikant in der Forschung

Hr. Hoyos Simón, Sergio

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie am Universitätskrankenhaus Rey Juan Carlos in Madrid



Hr. Intxaurreondo, Ander

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

Fr. Jiménez-Fonseca, Paula

- ♦ Koordinatorin der Sektion Verdauungstumore und endokrine Tumore, Medizinische Onkologie. Zentrales Universitätskrankenhaus von Asturien

Fr. Lage Alfranca, Yolanda

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie, Stiftung Jimenez Díaz

Hr. López Guerrero, José Antonio

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie, Valencianisches Institut für Onkologie

Hr. López López, Rafael

- ♦ Leiter der Abteilung für medizinische Onkologie
- ♦ Universitätskrankenhaus von Santiago de Compostela
- ♦ Translationale medizinische Onkologie-Gruppe, Institut für sanitäre Forschung

Hr. Martínez González, Luis Javier

- ♦ Einheit für Genomik | Genomic Unit
- ♦ Pfizer Zentrum - Universität von Granada - Andalusische Behörde für Genomik und onkologische Forschung
- ♦ Pfizer - Universität von Granada - Andalusische Behörde - Centre for Genomics and Oncological Research (GENYO)

Fr. Martínez Iglesias, Olaia

- ♦ Biomedizinisches Forschungsinstitut von A Coruña (INIBIC)
- ♦ Research Group Leader, Epithelial Plasticity and Metástasis

Hr. Paramio Gonzalez, Jesús María

- ♦ Einheit für molekulare Onkologie des CIEMAT
- ♦ Forschungsinstitut 12 de Octubre in Madrid

Hr. Pascual Martínez, Tomás

- ♦ Krankenhaus Clínic in Barcelona
- ♦ Translational Genomics and Targeted Therapeutics in Solid Tumours Lab (IDIBAPS)

Fr. Pérez Gutiérrez, Ana María

- ♦ Masterstudentin im Bereich Klinische Bioinformatik der Stiftung für Fortschritt und Gesundheit -FPS- (Krankenhaus Virgen del Rocío, Sevilla)
- ♦ Doktorandin (PhD) in Biomedizin, UGR

Fr. Ribalta, Teresa

- ♦ Leiterin der Abteilung für anatomische Pathologie, Krankenhaus Sant Joan de Déu, Biobank
- ♦ Beraterin, Abteilung für anatomische Pathologie, Krankenhaus Clínic
- ♦ Professorin für Pathologie, Universität von Barcelona

Hr. Sánchez Rubio, Javier

- ♦ Apothekendienst im Universitätskrankenhaus von Getafe





Hr. Olivas Varela, José Ángel

- ♦ Stellvertretender Direktor des Departements für Informationstechnologien und -systeme, Fakultät für Informatik

Hr. Torres, Arnau Mir

- ♦ Universitätsprofessor für mathematische Wissenschaften und Informatik, Computerwissenschaften und künstliche Intelligenz, Universität der Balearischen Inseln

Hr. Soares, Felipe

- ♦ Ingenieur für künstliche Intelligenz und maschinelles Lernen bei Apple
- ♦ Forschungsingenieur für Text Mining am Nationalen Supercomputing Zentrum in Barcelona

Hr. Rueda Fernández, Daniel

- ♦ Forschungseinheit des Universitätskrankenhauses 12 de Octubre in Madrid

Hr. Segura Ruiz, Víctor

- ♦ CIMA Universität von Navarra (Bioinformatik-Plattform), Leiter der Einheit

Hr. Vázquez García, Miguel

- ♦ Genome Informatics Group Leader
- ♦ Barcelona Supercomputing Center

Hr. Velastegui Ordoñez, Alejandro

- ♦ Abteilung für medizinische Onkologie

04

Struktur und Inhalt

Die Struktur der Inhalte wurde von einem Team von Fachleuten aus den besten Bildungszentren, Universitäten und Unternehmen in Spanien entwickelt, die sich der Relevanz der aktuellen Fortbildung bewusst sind, um in die Bildung und Unterstützung der Studenten einzugreifen, und sich für eine qualitativ hochwertige Lehre durch neue Bildungstechnologien einsetzen.



“

Dieser Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt”

Modul 1. Molekularbiologie

- 1.1. Molekulare Mechanismen von Krebs
 - 1.1.1. Zellzyklus
 - 1.1.2. Ablösung von Tumorzellen
- 1.2. Reprogrammierung der Mikroumgebung des Tumors
 - 1.2.1. Die Mikroumgebung des Tumors: ein Überblick
 - 1.2.2. TME als prognostischer Faktor bei Lungenkrebs
 - 1.2.3. TME bei der Progression und Metastasierung von Lungenkrebs
 - 1.2.3.1. Krebs-assoziierte Fibroblasten (CAF)
 - 1.2.3.2. Endothelzellen
 - 1.2.3.3. Hypoxie bei Lungenkrebs
 - 1.2.3.4. Entzündung
 - 1.2.3.5. Immunzellen
 - 1.2.4. Beitrag der TME zur Therapieresistenz
 - 1.2.4.1. Beitrag von TME zur Resistenz gegen Strahlentherapie
 - 1.2.5. TME als therapeutisches Ziel bei Lungenkrebs
 - 1.2.5.1. Zukünftige Richtungen
- 1.3. Tumor-Immunologie: Grundlagen der Krebsimmuntherapie
 - 1.3.1. Einführung in das Immunsystem
 - 1.3.2. Tumor-Immunologie
 - 1.3.2.1. Tumor-assoziierte Antigene
 - 1.3.2.2. Identifizierung von Tumor-assoziierten Antigenen
 - 1.3.2.3. Arten von Tumor-assoziierten Antigenen
 - 1.3.3. Grundlagen der Krebsimmuntherapie
 - 1.3.3.1. Einführung in immuntherapeutische Ansätze
 - 1.3.3.2. Monoklonale Antikörper in der Krebstherapie
 - 1.3.3.2.1. Produktion von monoklonalen Antikörpern
 - 1.3.3.2.2. Arten von therapeutischen Antikörpern
 - 1.3.3.2.3. Mechanismen der Antikörperwirkung
 - 1.3.3.2.4. Modifizierte Antikörper
 - 1.3.4. Unspezifische Immunmodulatoren
 - 1.3.4.1. Bazillus Calmette-Guérin
 - 1.3.4.2. Interferon- α
 - 1.3.4.3. Interleukin-2
 - 1.3.4.4. Imiquimod



- 1.3.5. Andere Ansätze der Immuntherapie
 - 1.3.5.1. Dendritische Zellimpfstoffe
 - 1.3.5.2. Sipuleucel-T
 - 1.3.5.3. CTLA-4-Blockade
 - 1.3.5.4. Adoptive T-Zell-Therapie
 - 1.3.5.4.1. Adoptive Zelltherapie mit T-Zell-Klonen
 - 1.3.5.4.2. Adoptive Zelltherapie mit tumorinfiltrierenden Lymphozyten
- 1.4. Molekulare Mechanismen, die an der Invasion und Metastasierung beteiligt sind

Modul 2. Genomische oder Präzisionsonkologie

- 2.1. Nutzen des Genexpressionsprofils bei Krebs
- 2.2. Molekulare Subtypen von Brustkrebs
- 2.3. Genomische Plattformen zur Vorhersage von Brustkrebs
- 2.4. Therapeutische Ziele bei nicht-kleinzelligem Lungenkrebs
 - 2.4.1. Einführung
 - 2.4.2. Molekulare Nachweisverfahren
 - 2.4.3. EGFR-Mutation
 - 2.4.4. ALK-Translokation
 - 2.4.5. ROS-Translokation
 - 2.4.6. BRAF-Mutation
 - 2.4.7. NRTK-Umlagerungen
 - 2.4.8. HER2-Mutation
 - 2.4.9. MET-Mutation/Amplifikation
 - 2.4.10. RET-Umstrukturierungen
 - 2.4.11. Andere molekulare Ziele
- 2.5. Molekulare Klassifizierung von Dickdarmkrebs
- 2.6. Molekulare Studien bei Magenkrebs
 - 2.6.1. Behandlung von fortgeschrittenem Magenkrebs
 - 2.6.2. HER2-Überexpression bei fortgeschrittenem Magenkrebs
 - 2.6.3. Bestimmung und Interpretation der HER2-Überexpression bei fortgeschrittenem Magenkrebs
 - 2.6.4. Arzneimittel mit HER2-Targeting-Aktivität
 - 2.6.5. Trastuzumab als Erstbehandlung bei fortgeschrittenem Magenkrebs
 - 2.6.5.1. Behandlung von HER2+ fortgeschrittenem Magenkrebs nach Fortschreiten der Erkrankung mit Trastuzumab-haltigen Therapien
 - 2.6.6. Aktivität anderer Anti-HER2-Wirkstoffe bei fortgeschrittenem Magenkrebs
- 2.7. GIST als Modell für die translationale Forschung: 15 Jahre Erfahrung
 - 2.7.1. Einführung
 - 2.7.2. KIT- und PDGFRA-Mutationen als wichtige Promotoren bei GIST
 - 2.7.3. Genotyp bei GIST: prognostischer und prädiktiver Wert
 - 2.7.4. Genotyp bei GIST und Imatinib-Resistenz
 - 2.7.5. Schlussfolgerungen
- 2.8. Molekulare und genomische Biomarker beim Melanom
- 2.9. Molekulare Klassifizierung von Hirntumoren
- 2.10. Molekulare und genomische Biomarker beim Melanom
- 2.11. Immuntherapie und Biomarker
 - 2.11.1. Szenario der immunologischen Therapien in der Krebsbehandlung und die Notwendigkeit, das Mutationsprofil eines Tumors zu bestimmen
 - 2.11.2. Biomarker für Checkpoint-Inhibitoren: PD-L1 und darüber hinaus
 - 2.11.2.1. Die Rolle von PD-L1 bei der Immunregulierung
 - 2.11.2.2. Daten aus klinischen Studien und Biomarker PD-L1
 - 2.11.2.3. Schwellenwerte und Assays für die PD-L1-Expression: ein komplexes Bild
 - 2.11.2.4. Aufkommende Biomarker
 - 2.11.2.4.1. Mutationslast des Tumors (TMB)
 - 2.11.2.4.1.1. Quantifizierung der Mutationslast des Tumors
 - 2.11.2.4.1.2. Nachweis der Mutationslast des Tumors
 - 2.11.2.4.1.3. Tumorlast als prädiktiver Biomarker
 - 2.11.2.4.1.4. Tumorlast als prognostischer Biomarker
 - 2.11.2.4.1.5. Die Zukunft der Mutationsbelastung
 - 2.11.2.4.2. Instabilität der Mikrosatelliten
 - 2.11.2.4.3. Analyse der Immuninfiltrate
 - 2.11.2.4.4. Toxizitätsmarker
 - 2.11.2.5. Entwicklung von Immun-Checkpoint-Medikamenten gegen Krebs
 - 2.11.2.6. Verfügbare Medikamente

Modul 3. Veränderungen in der aktuellen klinischen Praxis und neue Anwendungen in der Genomischen Onkologie

- 3.1. Flüssigbiopsien: Mode oder Zukunft?
 - 3.1.1. Einführung
 - 3.1.2. Zirkulierende Tumorzellen
 - 3.1.3. ctDNA
 - 3.1.4. Klinische Hilfsmittel
 - 3.1.5. Limitierungen der ctDNA
 - 3.1.6. Schlussfolgerungen und Zukunft
- 3.2. Rolle der Biobank in der klinischen Forschung
 - 3.2.1. Einführung
 - 3.2.2. Lohnt es sich, eine Biobank einzurichten?
 - 3.2.3. Wie man mit dem Aufbau einer Biobank beginnt
 - 3.2.4. Einverständniserklärung für die Biobank
 - 3.2.5. Probensammlung für die Biobank
 - 3.2.6. Qualitätskontrolle
 - 3.2.7. Zugang zu Proben
- 3.3. Klinische Studien: neue Konzepte auf der Grundlage der Präzisionsmedizin
 - 3.3.1. Was sind klinische Studien? Wie unterscheiden sie sich von anderen Arten der Forschung?
 - 3.3.1.1. Arten von klinischen Studien
 - 3.3.1.1.1. Entsprechend ihren Zielen
 - 3.3.1.1.2. Entsprechend der Anzahl der teilnehmenden Zentren
 - 3.3.1.1.3. Gemäß ihrer Methodik
 - 3.3.1.1.4. Je nach Grad der Maskierung
 - 3.3.2. Ergebnisse klinischer Studien in der Thoraxonkologie
 - 3.3.2.1. Bezogen auf die Überlebenszeit
 - 3.3.2.2. Tumorbezogene Ergebnisse
 - 3.3.2.3. Von Patienten berichtete Ergebnisse
 - 3.3.3. Klinische Studien im Zeitalter der Präzisionsmedizin
 - 3.3.3.1. Präzisionsmedizin
 - 3.3.3.2. Terminologie im Zusammenhang mit dem Studiendesign im Zeitalter der Präzisionsmedizin
- 3.4. Einbindung verwertbarer Marker in die klinische Praxis
- 3.5. Anwendung der Genomik in der klinischen Praxis nach Tumorart
- 3.6. Auf künstlicher Intelligenz basierende Entscheidungshilfesysteme in der Onkologie

Modul 4. Neue Techniken im Zeitalter der Genomik

- 4.1. Die neue Technologie verstehen: *Next Generation Sequence* (NGS) in der klinischen Praxis
 - 4.1.1. Einführung
 - 4.1.2. Hintergrund
 - 4.1.3. Probleme bei der Anwendung der Sanger-Sequenzierung in der Onkologie
 - 4.1.4. Neue Sequenzierungstechniken
 - 4.1.5. Vorteile des Einsatzes von NGS in der klinischen Praxis
 - 4.1.6. Grenzen des Einsatzes von NGS in der klinischen Praxis
 - 4.1.7. Relevante Begriffe und Definitionen
 - 4.1.8. Arten von Studien nach Umfang und Tiefe
 - 4.1.8.1. Genome
 - 4.1.8.2. Exome
 - 4.1.8.3. Multigene-Panels
 - 4.1.9. Schritte der NGS-Sequenzierung
 - 4.1.9.1. Probenvorbereitung und Bibliotheken
 - 4.1.9.2. Vorbereitung der *Templates* und Sequenzierung
 - 4.1.9.3. Bioinformatik-Verarbeitung
 - 4.1.10. Annotation und Klassifizierung von Varianten
 - 4.1.10.1. Datenbanken zur Bevölkerung
 - 4.1.10.2. Locus-spezifische Datenbanken
 - 4.1.10.3. Bioinformatische Prädiktoren für die Funktionalität
- 4.2. DNA-Sequenzierung und bioinformatische Analyse
 - 4.2.1. Einführung
 - 4.2.2. Software
 - 4.2.3. Verfahren
 - 4.2.3.1. Extraktion von Rohsequenzen
 - 4.2.3.2. Sequenzieller Abgleich
 - 4.2.3.3. Verfeinerung der Ausrichtung
 - 4.2.3.4. Variantenanruf
 - 4.2.3.5. Filterung von Varianten
- 4.3. RNA-Sequenzierung und bioinformatische Analyse
 - 4.3.1. Einführung
 - 4.3.2. Software

- 4.3.3. Verfahren
 - 4.3.3.1. QC-Auswertung der Rohdaten
 - 4.3.3.2. rRNA-Filterung
 - 4.3.3.3. QC-gefilterte Daten
 - 4.3.3.4. Qualitätsbeschnitt und Adapterentfernung
 - 4.3.3.5. Ausrichtung von Reads an einer Referenz
 - 4.3.3.6. Variantenanruf
 - 4.3.3.7. Analyse der differentiellen Genexpression
- 4.4. ChIP-Seq-Technologie
 - 4.4.1. Einführung
 - 4.4.2. Software
 - 4.4.3. Verfahren
 - 4.4.3.1. Beschreibung des ChIP-Seq-Datensatzes
 - 4.4.3.2. Beschaffung von Informationen über das Experiment über die Websites von GEO und SRA
 - 4.4.3.3. Qualitätskontrolle von Sequenzierungsdaten
 - 4.4.3.4. Trimmen und Filtern von Reads
 - 4.4.3.5. Visualisierung der Ergebnisse mit *Integrated Genome Browser* (IGV)
- 4.5. Big Data in der genomischen Onkologie
 - 4.5.1. Der Prozess der Datenanalyse
- 4.6. Genomische Server und Datenbanken mit genetischen Varianten
 - 4.6.1. Einführung
 - 4.6.2. Webbasierte genomische Server
 - 4.6.3. Genomische Server-Architektur
 - 4.6.4. Wiederherstellung und Datenanalyse
 - 4.6.5. Personalisierung
- 4.7. Annotation genetischer Varianten
 - 4.7.1. Einführung
 - 4.7.2. Was bedeutet Variantenaufruf?
 - 4.7.3. Das VCF-Format verstehen
 - 4.7.4. Variantenbezeichnungen
 - 4.7.5. Variantenanalyse
 - 4.7.6. Vorhersage der Auswirkungen von Variationen in Proteinstruktur und -funktion



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

05 Methodik

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

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



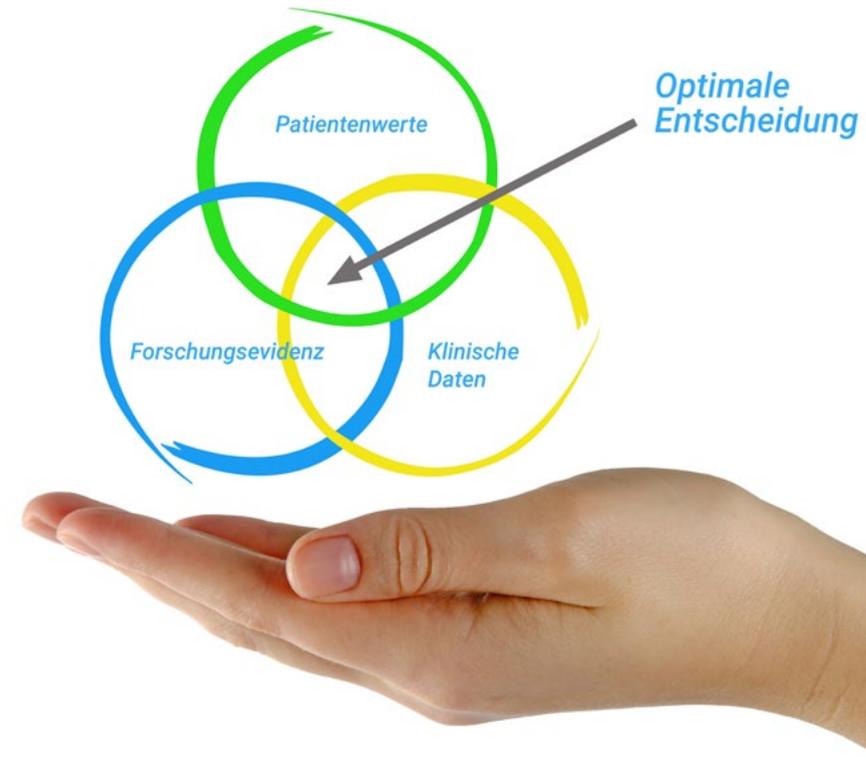
“

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

Bei TECH verwenden wir die Fallmethode

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

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



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

“

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

Die Wirksamkeit der Methode wird durch vier Schlüsselergebnisse belegt:

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



Relearning Methodik

TECH kombiniert die Methodik der Fallstudien effektiv mit einem 100%igen Online-Lernsystem, das auf Wiederholung basiert und in jeder Lektion 8 verschiedene didaktische Elemente kombiniert.

Wir ergänzen die Fallstudie mit der besten 100%igen Online-Lehrmethode: Relearning.

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



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

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

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

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

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



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



Studienmaterial

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

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



Chirurgische Techniken und Verfahren auf Video

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



Interaktive Zusammenfassungen

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

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



Weitere Lektüren

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





Von Experten geleitete und von Fachleuten durchgeführte Fallstudien

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



Prüfung und Nachprüfung

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



Meisterklassen

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



Leitfäden für Schnellmaßnahmen

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



06

Qualifizierung

Der Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie garantiert neben der strengsten und aktuellsten Ausbildung auch den Zugang zu einem von der TECH Technologischen Universität ausgestellten Diplom.





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

Dieser **Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie** enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt

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

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

Titel: **Universitätsexperte in Genomische und Präzisionsonkologie**

Anzahl der offiziellen Arbeitsstunden: **425 Std.**



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

zukunft

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

tech technologische
universität

Universitätsexperte
Genomische und
Präzisionsonkologie

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Aufwand: 16 Std./Woche
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Universitätsexperte

Genomische und Präzisionsonkologie