

Universitätsexperte

Genomik der Thrombose





tech technologische
universität

Universitätsexperte Genomik der Thrombose

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Internetzugang: www.techtitute.com/de/medizin/spezialisierung/spezialisierung-genomik-thrombose

Index

01

Präsentation

Seite 4

02

Ziele

Seite 8

03

Kursleitung

Seite 12

04

Struktur und Inhalt

Seite 18

05

Methodik

Seite 24

06

Qualifizierung

Seite 32

01

Präsentation

Neben umweltbedingten Ursachen wie Ernährung oder Rauchen ist die Genetik einer der wichtigsten Faktoren für die Entstehung von Thrombosen. Dank der Fortschritte in der Genomik können die Behandlungen für Menschen, die an diesen Krankheiten leiden, verbessert werden. Daher ist es wichtig, dass die Fachleute ihr Wissen auf diesem Gebiet erweitern.





Die Venenthrombose ist eine Krankheit, die man verhindern und heilen kann, die aber immer noch viele Todesopfer fordert

Die Thrombose ist eine Krankheit, die jeden treffen kann, unabhängig vom Alter. Oft bleibt sie unerkannt und kann zu einer schweren Erkrankung werden. Daher ist die Früherkennung einer Venenthrombose von entscheidender Bedeutung, um die Krankheit zu behandeln und ihre Folgen für die Patienten zu mindern. Es gibt auch vorbeugende Maßnahmen, zum Beispiel physische oder pharmakologische.

Während des Studiums konzentriert sich der Student auf die Genomische Medizin in der Behandlung der Venenthrombose. Das Programm wurde von Spezialisten auf diesem Gebiet entwickelt, so dass der Student eine umfassende und spezifische Weiterbildung von Experten auf diesem Gebiet erhält.

Diese Fortbildung zielt also darauf ab, die Wissensbasis in diesem Bereich zu schaffen, angefangen bei globalen Genomstudien (GWAS), massiven Sequenzierungsstudien und Studien zur Regulierung der Genexpression.

Daher wird der Student nach Abschluss und Bestehen des Universitätsexperten das notwendige theoretische Wissen erworben haben, um eine wirksame Behandlung von Venenthrombosen in den wichtigsten Tätigkeitsbereichen des Spezialisten durchzuführen.

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

- Die Entwicklung von Fallstudien, die von Experten für Genomik der Thrombose vorgestellt werden
- Der anschauliche, schematische und äußerst praxisnahe Inhalt soll wissenschaftliche und praktische Informationen zu den für die berufliche Praxis wesentlichen Disziplinen vermitteln
- Neuigkeiten über Genomik der Thrombose
- Er enthält praktische Übungen, in denen der Selbstbewertungsprozess durchgeführt werden kann, um das Lernen zu verbessern
- Sein besonderer Schwerpunkt liegt auf innovativen Methoden in Genomik der Thrombose
- Theoretische Vorträge, Fragen an den Experten, Diskussionsforen zu kontroversen Themen und individuelle Reflexionsarbeit
- Die Verfügbarkeit des Zugangs zu Inhalten von jedem festen oder tragbaren Gerät mit Internetanschluss



Verpassen Sie nicht die Gelegenheit, diesen Universitätsexperten bei TECH zu studieren. Er ist die perfekte Gelegenheit, um Ihre Karriere voranzutreiben”



Dieser Universitätsexperte ist vielleicht die beste Investition, die Sie bei der Auswahl eines Auffrischungsprogramms tätigen können, und zwar aus zwei Gründen: Sie aktualisieren nicht nur Ihr Wissen in Genomik der Thrombose, sondern erhalten auch eine Qualifikation der TECH Technologischen Universität“

Zu den Dozenten gehören Fachleute aus der Genomik der Thrombose, die ihre Erfahrungen aus ihrer Arbeit in diese Fortbildung einbringen, sowie anerkannte Spezialisten aus führenden Unternehmen und renommierten Universitäten.

Die multimedialen Inhalte, die mit der neuesten Bildungstechnologie entwickelt wurden, werden der Fachkraft ein situiertes und kontextbezogenes Lernen ermöglichen, d. h. eine simulierte Umgebung, die eine immersive Fortbildung bietet, die auf die Ausführung von realen Situationen ausgerichtet ist.

Das Konzept dieses Programms konzentriert sich auf problemorientiertes Lernen, bei dem die Fachkraft versuchen muss, die verschiedenen Situationen aus der beruflichen Praxis zu lösen, die während des akademischen Kurses auftreten. Zu diesem Zweck wird sie durch ein hochmodernes interaktives Videosystem unterstützt, das von renommierten und erfahrenen Experten in Genomik der Thrombose entwickelt wurde.

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

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



02 Ziele

Der Universitätsexperte in Genomik der Thrombose zielt darauf ab, die Leistung des Spezialisten mit den neuesten Fortschritten und innovativsten Behandlungen in diesem Bereich zu erleichtern.



“

Dies ist die beste Möglichkeit, sich über die neuesten Fortschritte in Genomik der Thrombose zu informieren”



Allgemeine Ziele

- ♦ Vertiefen der Kenntnisse über venöse thromboembolische Erkrankungen als komplexe Krankheit
- ♦ Weiterbilden auf dem Gebiet der Omik-Daten und bioinformatischen Methoden für die Präzisionsmedizin
- ♦ Erhalten der neuesten Informationen über diese Krankheit



Ein breiter Überblick über den multidisziplinären Ansatz, der zur Bekämpfung von Autoimmunkrankheiten erforderlich ist, mit den Leitlinien und Kenntnissen, die in dieser wissenschaftlichen Disziplin unerlässlich sind





Spezifische Ziele

Modul 1. Thrombose im Zeitalter der Genomik I: Genomweite Assoziationsstudien (GWAS)

- ♦ Vermitteln eines Überblicks über die Genetik und insbesondere über genomweite Assoziationsstudien
- ♦ Aufzeigen des aktuellen Stands der Anwendung der Genetik bei venösen thromboembolischen Erkrankungen

Modul 2. Thrombose im Zeitalter der Genomik II: Massive Sequenzierungsstudien

- ♦ Verstehen der genetischen Grundlagen und molekularen Studien bei Thrombose und Hämostase
- ♦ Identifizieren von DNA-Sequenzierungstechniken
- ♦ Erwerben von Kenntnissen über die bioinformatische Analyse von NGS-Daten
- ♦ Lernen, wie man die Ergebnisse von NGS bei Thrombose und Hämostase interpretiert
- ♦ Lernen über zukünftige Perspektiven der NGS-Technologien

Modul 3. Thrombose im Zeitalter der Genomik III: Studien zur Regulierung der Genexpression (RNA und miRNA)

- ♦ Verstehen von RNA-seq
- ♦ Erlernen der Versuchspläne für RNA-seq-Studien sowie der Qualitätskontrolle dieser Studien

03

Kursleitung

Zu den Dozenten des Programms gehören führende Experten auf dem Gebiet der Genomik der Thrombose, die ihre Erfahrungen aus ihrer Arbeit in diese Spezialisierung einbringen. Darüber hinaus sind weitere anerkannte Experten an der Konzeption und Ausarbeitung beteiligt, die das Programm auf interdisziplinäre Weise vervollständigen.



“

*Führende Fachleute auf diesem Gebiet
haben sich zusammengetan, um Ihnen
die neuesten Fortschritte im Bereich der
Genomik der Thrombose vorzustellen”*

Internationaler Gastdirektor

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

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

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

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



Dr. Dua, Anahita

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

“

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

Leitung



Dr. Soria, José Manuel

- ♦ Genomikgruppe für komplexe Krankheiten, Forschungsinstitut des Krankenhauses Sant Pau (IIB Sant Pau), Krankenhaus Santa Creu i Sant Pau, Barcelona

Professoren

Dr. Sabater Lleal, María

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

Dr. Vidal, Francisco

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



04

Struktur und Inhalt

Die Struktur des Inhalts wurde von den besten Fachleuten entworfen, die über umfangreiche Erfahrung und anerkanntes Ansehen in diesem Beruf verfügen, die durch die Menge der besprochenen, untersuchten und diagnostizierten Fälle gestützt werden, und die über umfassende Kenntnisse der neuen Technologien verfügen.





“

Dieser Universitätsexperte in Genomik der Thrombose enthält das vollständigste und aktuellste wissenschaftliche Programm auf dem Markt”

Modul 1. Thrombose im Zeitalter der Genomik I: Genomweite Assoziationsstudien (GWAS)

- 1.1. Einführung in die Genetik
 - 1.1.1. Einführung und Grundkonzepte
 - 1.1.1.1. Gene
 - 1.1.1.2. Polymorphismen, Allele und *Loci*
 - 1.1.1.3. Haplotypen
 - 1.1.1.4. Konzept des Kopplungsungleichgewichts (Linkage Disequilibrium)
 - 1.1.1.5. Genotyp
 - 1.1.1.6. Phänotyp
 - 1.1.2. Genetik zur Untersuchung komplexer Krankheiten
 - 1.1.2.1. Komplexe und seltene Krankheiten
 - 1.1.2.2. Kandidatengene versus genomweite Studien
 - 1.1.3. Polymorphismus-Typen, Nomenklatur und Genom-Versionen
 - 1.1.4. Genotypisierungs-Chips
- 1.2. Einführung in genomweite Assoziationsstudien (GWAS)
 - 1.2.1. Was ist eine GWAS?
 - 1.2.2. Design von GWAS-Studien
 - 1.2.2.1. Vererbbarkeit
 - 1.2.2.2. Fall-Kontrolle versus quantitative Merkmalsanalyse
 - 1.2.2.3. Stichprobengröße und statistische Aussagekraft
 - 1.2.2.4. Verzerrungen durch die Substruktur der Bevölkerung
 - 1.2.2.5. Phänotypen: Standardisierung und *Outliers*
 - 1.2.3. Der genetische Assoziationstest
 - 1.2.4. Nützliche Software für GWAS
- 1.3. Genetische Imputation
 - 1.3.1. Konzept der Imputation
 - 1.3.2. Referenz-Panels
 - 1.3.1.1. Projekt *Hap Map*
 - 1.3.1.2. Projekt *1000 Genomes*
 - 1.3.1.3. Projekt *Haplotype Reference Consortium*
 - 1.3.1.4. Andere bevölkerungsspezifische Projekte



- 1.4. Qualitätskontrolle und Filter
 - 1.4.1. Vor-Imputationsfilter
 - 1.4.1.1. Minor-Allel-Häufigkeit
 - 1.4.1.2. Hardy-Weinberg-Gleichgewicht
 - 1.4.1.3. Genotypisierungsfehler (*Call Rate*)
 - 1.4.1.4. Überschüssige Heterozygotie
 - 1.4.1.5. Mendelsche Fehler
 - 1.4.1.6. Geschlechtliche Fehler
 - 1.4.1.7. Richtung der Kette
 - 1.4.1.8. Verwandtschaftliche Beziehungen
 - 1.4.2. Post-Imputationsfilter
 - 1.4.2.1. Monomorphe Varianten, Häufigkeiten
 - 1.4.2.2. Qualität der Imputation
 - 1.4.3. Post-GWAS-Filter
 - 1.4.4. Software zur Qualitätskontrolle
- 1.5. Analyse und Interpretation der GWAS-Ergebnisse
 - 1.5.1. Manhattan Plot
 - 1.5.2. Korrektur von *Multiple Testing* und *Genome-wide* signifikante Ergebnisse
 - 1.5.3. Konzept des genetischen Locus
- 1.6. Meta-Analyse und Replikation
 - 1.6.1. Üblicher *Workflow* für GWAS-Studien
 - 1.6.2. Meta-Analyse
 - 1.6.2.1. Methoden der Meta-Analyse
 - 1.6.2.2. Für die Durchführung einer Meta-Analyse benötigte Informationen
 - 1.6.2.3. Ergebnis der Meta-Analyse
 - 1.6.2.4. Beispiele für Meta-Analyse-Software
 - 1.6.3. Die wichtigsten Konsortien
- 1.7. Post-GWAS-Analyse
 - 1.7.1. *Fine-Mapping* und Regionalgrafik
 - 1.7.2. Bedingte Analyse
 - 1.7.3. Auswahl des besten Kandidatengens (vom Locus zum Gen)
 - 1.7.3.1. Ausnutzung von Ausdrucksinformationen
 - 1.7.3.2. Anreicherungsanalysen für Gensätze (*Gene Set Enrichment Analyses*)
 - 1.7.3.3. Studie über die mögliche funktionelle Wirkung des Polymorphismus
- 1.8. Die Ära der GWAS
 - 1.8.1. GWAS-Daten-Repositorien
 - 1.8.2. Eine Bestandsaufnahme der Ergebnisse der GWAS-Ära
- 1.9. Verwendung der GWAS-Ergebnisse
 - 1.9.1. Modelle zur Risikoeinschätzung
 - 1.9.2. Mendelsche Randomisierungsstudien
- 1.10. Genetische Analyse von venösen thromboembolischen Erkrankungen (VTE)
 - 1.10.1. Ein bisschen Geschichte
 - 1.10.2. Die wichtigsten GWAS-Studien zu VTE
 - 1.10.3. Ergebnisse der neuesten Studien
 - 1.10.4. Klinische Implikationen der genetischen Befunde: die Bedeutung der Gerinnungskaskade und neue beteiligte Stoffwechselwege
 - 1.10.5. Zukünftige Strategien

Modul 2. Thrombose im Zeitalter der Genomik II: Massive Sequenzierungsstudien

- 2.1. Genetische Grundlagen und molekulare Untersuchungen bei Thrombose und Hämostase
 - 2.1.1. Molekulare Epidemiologie bei Thrombose und Hämostase
 - 2.1.2. Genetische Untersuchung von angeborenen Krankheiten
 - 2.1.3. Klassischer Ansatz für die Molekulardiagnostik
 - 2.1.4. Indirekte Diagnose oder genetische Verknüpfungstechniken
 - 2.1.5. Direkte Diagnoseverfahren
 - 2.1.5.1. *Mutations-Screening*
 - 2.1.5.2. Direkte Identifizierung von Mutationen

- 2.2. DNA-Sequenzierungstechniken
 - 2.2.1. Traditionelle Sanger-Sequenzierung
 - 2.2.1.1. Merkmale der Technik, Grenzen und Anwendung bei Thrombose und Hämostase
 - 2.2.2. Sequenzierung der nächsten Generation oder NGS
 - 2.2.2.1. NGS-Plattformen in der Molekular Diagnostik
 - 2.2.2.2. Überblick über die Technologie, Möglichkeiten und Grenzen von NGS im Vergleich zur traditionellen Sequenzierung
 - 2.2.3. Sequenzierung der dritten Generation (TGS)
- 2.3. Verschiedene Ansätze zum genetischen *Screening* durch NGS
 - 2.3.1. Sequenzierung von Genpanels
 - 2.3.2. Vollständige Exom-Sequenzierung und vollständige Genom-Sequenzierung
 - 2.3.3. Transkriptomik durch RNA-Seq
 - 2.3.4. MicroRNA-Sequenzierung
 - 2.3.5. Kartierung von Protein-DNA-Interaktionen mit ChIP-Seq
 - 2.3.6. Analyse von Epigenomik und DNA-Methylierung durch NGS
- 2.4. Bioinformatische Analyse von NGS-Daten
 - 2.4.1. Die Herausforderung der bioinformatischen Analyse von massiven NGS-generierten Daten
 - 2.4.2. *Computing*-Anforderungen für die Verwaltung und Analyse von NGS-Daten
 - 2.4.2.1. Speicherung, Übertragung und gemeinsame Nutzung von NGS-Daten
 - 2.4.2.2. Für die Analyse von NGS-Daten erforderliche Rechenleistung
 - 2.4.2.3. Softwareanforderungen für die NGS-Datenanalyse
 - 2.4.2.4. Bioinformatikkenntnisse für die Analyse von NGS-Daten erforderlich
 - 2.4.3. *Base Calling*, FASTQ-Dateiformat und *Base Quality Scores*
 - 2.4.4. Qualitätskontrolle und Vorverarbeitung von NGS-Daten
 - 2.4.5. *Mapping* von Lesungen
 - 2.4.6. Variantenaufrufe
 - 2.4.7. Tertiäre Analyse
 - 2.4.8. Analyse der strukturellen Variation durch NGS
 - 2.4.9. Methoden zur Schätzung der Kopienzahlvariation aus NGS-Daten
- 2.5. Konzept und Arten der durch NGS nachweisbaren Mutationen
 - 2.5.1. Molekulare Ätiologie von thrombotischen und hämorrhagischen Erkrankungen
 - 2.5.2. Nomenklatur der Mutationen
 - 2.5.3. Funktionelle Bedeutung der identifizierten Varianten/Mutationen
 - 2.5.4. Unterscheidung zwischen Mutation und Polymorphismus
- 2.6. Grundlegende molekulare Datenbanken in NGS
 - 2.6.1. Locus-spezifische Datenbanken (LSMD)
 - 2.6.2. Frühere Mutationsbeschreibungen in Datenbanken
 - 2.6.3. Datenbanken mit Varianten, die in der gesunden Bevölkerung durch NGS entdeckt wurden
 - 2.6.4. Molekulare Datenbanken mit klinischen Annotationen
- 2.7. Analyse und Interpretation von NGS-Ergebnissen bei Thrombose und Hämostase
 - 2.7.1. Validierung von Mutationen
 - 2.7.2. Konzept der Pathogenität von Mutationen
 - 2.7.3. Genotyp-Phänotyp-Korrelation
 - 2.7.3.1. *In-Silico*-Studien
 - 2.7.3.2. Studien zur Expression
 - 2.7.3.3. *In-Vitro*-Funktionsstudien
- 2.8. Die Rolle von NGS in der genetischen Beratung und pränatalen Diagnose
 - 2.8.1. Genetische Beratung in der NGS-Ära
 - 2.8.2. Ethische Fragen im Zusammenhang mit NGS und Ganzgenomsequenzierung für die genetische Beratung und klinische Diagnose
 - 2.8.3. Konventionelle pränatale Diagnose und Methoden
 - 2.8.4. Genetische Präimplantationsdiagnostik
 - 2.8.5. Nichtinvasive pränatale Diagnose
 - 2.8.5.1. Verwendung von fetaler DNA im mütterlichen Kreislauf für die pränatale Diagnose
 - 2.8.5.2. Sequenzierung von SNPs aus zirkulierender fetaler DNA
 - 2.8.5.3. Grenzen und Herausforderungen bei nichtinvasiven pränatalen Tests auf der Grundlage von NGS
 - 2.8.5.4. Klinische Anwendung nichtinvasiver pränataler Aneuploidie-Tests

- 2.9. Zukunftsperspektiven für NGS-Technologien und Datenanalyse
 - 2.9.1. Mittelfristige technologische Entwicklung der Sequenzierung
 - 2.9.2. Entwicklung von Bioinformatik-Tools für die Analyse von Hochdurchsatz-Sequenzierungsdaten
 - 2.9.3. Standardisierung und Rationalisierung von NGS-Analyseprozessen
 - 2.9.4. Paralleles Rechnen
 - 2.9.5. *Cloud Computing*

Modul 3. Thrombose im Zeitalter der Genomik III: Studien zur Regulierung der Genexpression (RNA und miRNA)

- 3.1. Einführung in RNA-seq
 - 3.1.1. Beschreibung der Technik
 - 3.1.2. Vorteile gegenüber *Expression Arrays*
 - 3.1.3. Beschränkungen
- 3.2. Versuchsplanung für RNA-seq-Studien
 - 3.2.1. Konzept der *Randomization* und *Blocking*
 - 3.2.2. Biologische Replikate vs. Technische Replikate
 - 3.2.3. Anzahl der Wiederholungen
 - 3.2.4. Tiefe der Sequenzierung
 - 3.2.5. Typ der Bibliothek
- 3.3. Qualitätskontrolle für RNA-seq
 - 3.3.1. Qualitätsmetriken für RNA-seq
 - 3.3.2. Programme für die Qualitätskontrolle bei RNA-seq
- 3.4. RNA-Ausrichtung und -Quantifizierung
 - 3.4.1. Mit Referenzgenom (*Genome-based*)
 - 3.4.2. Ohne Referenzgenom (*Transcriptome-based*)
- 3.5. De novo Assemblierung und RNA-Annotation
 - 3.5.1. *Pipeline* ohne Referenztranskriptom
 - 3.5.2. Annotation von kodierenden und nicht kodierenden Transkripten
- 3.6. Differenzielle Expression mit RNA-seq
 - 3.6.1. Normalisierung
 - 3.6.2. Eliminierung von latenten Variablen
 - 3.6.3. Statistische Programme und Methoden
 - 3.6.4. Funktionale Anreicherung
- 3.7. Andere Anwendungen der RNA-seq-Technologie
 - 3.7.1. Nachweis von alternativem *Splicing*
 - 3.7.2. Nachweis von Chimären-Transkripten
 - 3.7.3. Erkennung von Mutationen
 - 3.7.4. Nachweis der *Allele-Specific Expression*
- 3.8. *Small RNA-seq*
 - 3.8.1. Aufbau der *Small RNA-seq*-Bibliothek
 - 3.9.8.1. Qualitätskontrolle für *Small RNA-seq*
 - 3.8.2. Ausrichtung und Quantifizierung für *Small RNA-seq*
 - 3.8.3. miRNA-Annotation
 - 3.8.4. miRNA-Ziele
- 3.9. *Gene Coexpression Networks*
 - 3.9.1. Konzept der *Gene Coexpression Networks*
 - 3.9.2. Differentielle Koexpression vs. Differentielle Expression
 - 3.9.3. *Weighted Gene Coexpression Networks Analysis* (WGCNA)
 - 3.9.4. Visualisierung von *Gene Coexpression Networks*
- 3.10. Analyse der Regulation der Genexpression bei venösen thromboembolischen Erkrankungen (VTE)
 - 3.10.1. Ein bisschen Geschichte
 - 3.10.2. Einschlägige Studien zur VTE
 - 3.10.3. Ergebnisse der neuesten Studien
 - 3.10.4. Klinische Implikationen der Ergebnisse
 - 3.10.5. Praktische Beispiele und Übungen



Diese Fortbildung wird es Ihnen ermöglichen, Ihre Karriere auf bequeme Weise voranzutreiben

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.



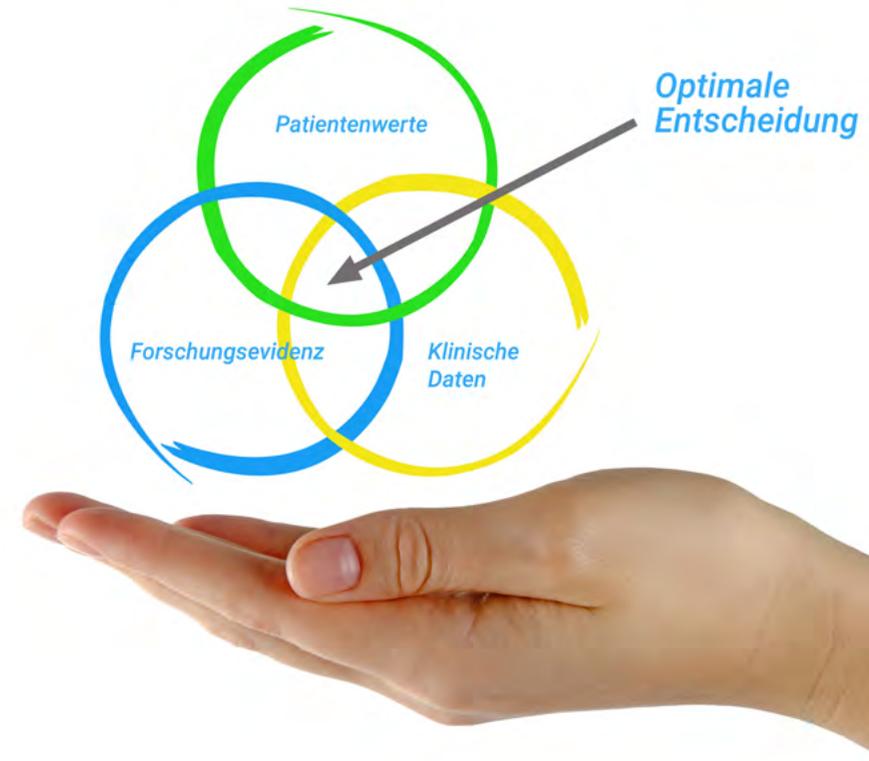
“

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 Genomik der Thrombose garantiert neben der strengsten und aktuellsten Ausbildung auch den Zugang zu einem von der TECH Technologischen Universität ausgestellten Diplom.



“

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

Dieser **Universitätsexperte in Genomik der Thrombose** 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 Genomik der Thrombose**

Anzahl der offiziellen Arbeitsstunden: **450 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 instituten
virtuelles Klassenzimmer

tech technologische
universität

Universitätsexperte
Genomik der Thrombose

- » Modalität: online
- » Dauer: 6 Monate
- » Qualifizierung: TECH Technologische Universität
- » Zeitplan: in Ihrem eigenen Tempo
- » Prüfungen: online

Universitätsexperte

Genomik der Thrombose