

	03	
Ш	04	
LS	05	
Z Z	06	
_	07	
	08	
Ш	09	
	10	
Z	11	
	14	

MÁSTER EN ONCOLOGÍA MÉDICA, GENÓMICA Y BIG DATA

POR QUÉ REALIZAR UN MASTER

OBJETIVOS

PARA QUÉ TE PREPARA EL MASTER

DISEÑO Y CONTENIDO

REQUISITOS DE POSTULACIÓN

TITULACIÓN PROPIA

TRABAJO DE FINAL DEL MASTER

CONTENIDO DEL MASTER

UBICACIÓN Y CONTACTO



MÁSTER EN ONCOLOGÍA MÉDICA, GENÓMICA Y BIG DATA

En un mundo donde la ciencia avanza a pasos agigantados, la oncología se ha transformado. La era de la genómica y el Big Data ha llegado, abriendo un camino sin precedentes para comprender y combatir el cáncer. Este Máster te ofrece la oportunidad de convertirte en un profesional de vanguardia, equipado con las herramientas y conocimientos necesarios para liderar la revolución en el tratamiento del cáncer.





POR QUÉ REALIZAR UN MASTER





Un máster supone una especialización en un rubro específico, se eleva el conocimiento y nivel académico de la persona, convirtiéndola en un elemento fundamental dentro de un esquema de trabajo; su trascendencia radica en el desarrollo de competencias adicionales que adquiere, su proceso formativo se vuelve más sólido y por ende se convierte en un candidato más atractivo para cubrir un puesto preponderante.

Te brinda la oportunidad de adquirir conocimientos actualizados y estar al tanto de las últimas tendencias y avances en tu área de interés. Realizar un curso en un área que te apasiona puede brindarte una gran satisfacción personal.

Te permite profundizar en un tema que te interesa y te da la oportunidad de contribuir de manera significativa en ese campo.

OBJETIVOS



Los estudios de postgrado consisten no solo en adquirir conocimientos por parte del participante.



Sino que estos queden supeditados al desarrollo de una serie de competencias en función de los perfiles académicos y los correspondientes perfiles profesionales.



Nuestra función es centrar los objetivos de este programa y los diferentes módulos que lo conforman no solamente en la simple acumulación de conocimientos.



Conocimientos sino también en las hard skills y soft skills que permitan a los profesionales desempeñar su labor de forma exitosa en este mundo laboral en constante evolución.

PARA QUÉ TE PREPARA EL MASTER

- Adquirirás una comprensión profunda de los mecanismos moleculares del cáncer, las diferentes estrategias de tratamiento y las últimas innovaciones en el campo.
- Aprenderás a analizar datos genómicos para identificar mutaciones, determinar la sensibilidad a fármacos y desarrollar terapias personalizadas.
- Aprenderás a aplicar los conocimientos de genómica y Big Data en la práctica clínica, mejorando la toma de decisiones y el desarrollo de estrategias terapéuticas personalizadas.

Nuestro programa te prepara para ser un experto en esta área de estudio, capacitado para mejorar la calidad de vida de los pacientes a través de un enfoque integral y actualizado en el diagnóstico y tratamiento adecuado.

DISEÑO Y CONTENIDO

01

Para el diseño del Plan de estudios de este master. ISEIE Innovation School ha seguido las directrices del equipo docente, el cual ha sido el encargado de seleccionar la información con la que posteriormente se ha constituido el plan de estudio

02

De esta forma, el profesional que acceda al programa encontrará el contenido más vanguardista y exhaustivo relacionado con el uso de procesos innovadores y altamente eficaces, conforme a las necesidades y problemáticas actuales,



Buscando la integración de conocimientos académicos y de formación profesional, en un ambiente competitivo y globalizado. Todo ello a través de cada uno de sus módulos de estudio presentado en un cómodo y accesible formato 100% online.

-00

El empleo de la metodología Relearning en el desarrollo de este programa te permitirá fortalecer y enriquecer tus conocimientos y hacer que perduren en el tiempo a base de una reiteración de contenidos.

03

04

REQUISITOS DE POSTULACIÓN

Para postular a nuestro master debes cumplir con los siguientes requisitos:







Curriculum Vitae

A QUIEN ESTA DIRIGIDO EL MASTER

Médicos: Especialistas en oncología médica, hematología, oncología radioterápica, medicina interna, etc, que deseen actualizar sus conocimientos y adquirir nuevas habilidades en el campo de la genómica y el Big Data.

Profesionales de la salud: Enfermeros, farmacéuticos, biotecnólogos, etc, que buscan profundizar en el conocimiento del cáncer y su tratamiento desde una perspectiva innovadora.



TITULACIÓN PROPIA



Al concluir el máster, los participantes serán galardonados con una titulación propia otorgada por ISEIE Innovation School. Esta titulación se encuentra respaldada por una certificación que equivale a 60 créditos ECTS (European Credit Transfer and Accumulation System) y representa un total de 1500 horas de dedicación al estudio.



Esta titulación no solo enriquecerá su imagen y credibilidad ante potenciales clientes, sino que reforzara significativamente su perfil profesional en el ámbito laboral. Αl presentar esta certificación, podrá demostrar de manera concreta y verificable su conocimiento de nivel competencia en el área temática del programa.



Esto resultará en un aumento de su empleabilidad, al hacerle destacar entre otros candidatos y resaltar su compromiso con la mejora continua y el desarrollo profesional.



TRABAJO FINAL DEL MASTER

- A vez que haya completado satisfactoriamente todos los módulos del máster, deberá llevar a cabo un trabajo final en el cual deberá aplicar y demostrar los conocimientos que ha adquirido a lo largo del programa.
- Este trabajo final suele ser una oportunidad para poner en práctica lo que ha aprendido y mostrar su comprensión y habilidades en el tema.
- Puede tomar la forma de un proyecto, un informe, una presentación u otra tarea específica, dependiendo del contenido del curso y sus objetivos. Recuerde seguir las instrucciones proporcionadas y consultar con su instructor o profesor si tiene alguna pregunta sobre cómo abordar el trabajo final.





CONTENIDO DEL MÁSTER EN ONCOLOGÍA MÉDICA, GENÓMICA Y BIG DATA

MÓDULO 1 FUNDAMENTOS DE NUTRICIÓN Y DIETÉTICA

- 11.1. Utilidad del perfil de expresión génica en cáncer
- 1.2. Subtipos moleculares del cáncer de mama
- 1.3. Plataformas genómicas de carácter pronóstico-predictivo en el cáncer de mama
- 1.4. Dianas terapéuticas en cáncer de pulmón célula no pequeña
- 1.4.1. Introducción
- 1.4.2. Técnicas de detección molecular
- 1.4.3. Mutación EGFR
- 1.4.4. Translocación ALK
- 1.4.5. Translocación ROS
- 1.4.6. Mutación BRAF
- 1.4.7. Reordenamientos NRTK
- 1.4.8. Mutación HER2
- 1.4.9. Mutación/amplificación de MET
- 1.4.10. Reordenamientos de RET
- 1.4.11. Otras dianas moleculares
- 1.5. Clasificación molecular del cáncer de colon
- 1.6. Estudios moleculares en el cáncer gástrico
- 1.6.1. Tratamiento del cáncer gástrico avanzado
- 1.6.2. Sobreexpresión de HER2 en cáncer gástrico avanzado
- 1.6.3. Determinación e interpretación de sobreexpresión de HER2 en cáncer gástrico avanzado
- 1.6.4. Fármacos con actividad frente a HER2
- 1.6.5. Trastuzumab en primera línea de cáncer gástrico avanzado
- 1.6.6. Actividad de otros fármacos anti-HER2 en cáncer gástrico avanzado
- 1.7. El GIST como modelo de investigación traslacional: 15 años de experiencia
- 1.7.1. Introducción
- 1.7.2. Mutaciones de KIT y PDGFRA como promotores principales en GIST
- 1.7.3. Genotipo en GIST: valor pronóstico y predictivo
- 1.7.4. Genotipo en GIST y resistencias al imatinib
- 1.7.5. Conclusiones



- 1.8. Biomarcadores moleculares y genómicos en melanoma
- 1.9. Clasificación molecular de los tumores cerebrales
- 1.10. Biomarcadores moleculares y genómicos en melanoma
- 1.11. Inmunoterapia y biomarcadores
- 1.11.1. Escenario de las terapias inmunológicas en el tratamiento del cáncer y necesidad de definir el perfil mutacional de un tumor
- 1.11.2. Biomarcadores del inhibidor del punto de control: PD-L1 y más allá
- 1.11.3. Desarrollo de fármacos de punto de control inmune en cáncer
- 1.11.4. Fármacos disponibles

MÓDULO 2. BIOLOGÍA MOLECULAR

- 2.1. Mecanismos moleculares del cáncer
- 2.1.1. Ciclo celular
- 2.1.2. Desprendimiento de las células tumorales
- 2.2. Reprogramación del microambiente tumoral
- 2.2.1. El microambiente del tumor: una visión general
- 2.2.2. El TME como factor pronóstico del cáncer de pulmón
- 2.2.3. TME en progresión y metástasis del cáncer de pulmón

- 2.2.4. Contribución del TME a la resistencia terapéutica
- 2.2.5. El TME como blanco terapéutico en el cáncer de pulmón
- 2.3. Inmunología tumoral: bases de la inmunoterapia en cáncer
- 2.3.1. Introducción al sistema inmune
- 2.3.2. Inmunología tumoral
- 2.3.3. Bases de la inmunoterapia en cáncer
- 2.3.4. Moduladores inmunes no específicos
- 2.3.5. Otros enfoques para la inmunoterapia
- 2.4. Mecanismos moleculares implicados en el proceso de invasión y metástasis

MÓDULO 3. MACHINE LEARNING PARA EL ANÁLISIS DE BIG DATA

- 3.1. Introducción a Machine Learning
- 3.2. Presentación del problema, carga de datos y librerías
- 3.3. Limpieza de datos (NAs, categorías, variables Dummy)
- 3.4. Análisis de datos exploratorio (ggPlot) + validación cruzada
- 3.5. Algoritmos de predicción: regresión lineal múltiple, Support Vector Machine, árboles de regresión, Random
- Forest, etc.

 3.6. Algoritmos de clasificación: regresión lineal

múltiple, Support Vector Machine, árboles de regresión, Random

Forest, etc.

- 3.7. Ajuste de los hiperparámetros del algoritmo
- 3.8. Predicción de los datos con los diferentes modelos
- 3.9. Curvas ROC y matrices de confusión para evaluar la calidad del modelo

MÓDULO 4. MINERÍA DE DATOS APLICADO A LA GENÓMICA

- 4.1. Introducción
- 4.2. Inicialización de variables
- 4.3. Limpieza y acondicionado del texto
- 4.4. Generación de la matriz de términos
- 4.4.1. Creación de la matriz de términos TDM
- 4.4.2. Visualizaciones sobre la matriz de palabras TDM
- 4.5. Descripción de la matriz de términos

- 4.5. Descripción de la matriz de términos
- 4.5.1. Representación gráfica de las frecuencias
- 4.5.2. Construcción de una nube de palabras
- 4.6. Creación de un Data Frame apto para K-NN
- 4.7. Construcción del modelo de clasificación
- 4.8. Validación del modelo de clasificación
- 4.9. Ejercicio práctico guiado de minería de datos en Genómica en cáncer

MÓDULO 5. TÉCNICAS DE EXTRACCIÓN DE DATOS GENÓMICOS

- 5.1. Introducción al "Scraping Data"
- 5.2. Importación de archivos de datos de hoja de cálculo almacenados online
- 5.3. Scraping de texto HTML
- 5.4. Scraping los datos de una tabla HTML
- 5.5. Aprovechar las API para Scraping de los datos
- 5.6. Extraer la información relevante
- 5.7. Uso del paquete rvest de R
- 5.8. Obtención de datos distribuidos en múltiples páginas
- 5.9. Extracción de datos genómicos de la plataforma "My Cancer Genome"
- 5.10. Extracción de información sobre genes de la base de datos" HGNC HUGO Gene Nomenclature Committee"
- 5.11. Extracción de datos farmacológicos de la base de datos "OncoKB" (Precision Oncology Knowledge Base)





MÓDULO 6. ANÁLISIS DE DATOS, BIG DATA EN SALUD, TRAZABILIDAD E INTELIGENCIA ARTIFICIAL

- 6.1. Los datos
- 6.1.1. Ciclo de vida del dato
- 6.2. Aplicación de ciencias de los datos y Big Data en salud
- 6.3. Estado del arte en salud e inteligencia artificial
- 6.3.1. Usos de la IA en salud
- 6.4. Técnica de cadena de bloques (Blockchain)
- 6.5. Realidad virtual, aumentada, Internet de las Cosas (IoT) y domótica
- 6.5.1. Usos de la realidad virtual/aumentada en salud
- 6.5.2. Usos de loT en salud
- 6.5.3. Usos de la domótica en salud
- 6.6. Inteligencia artificial centrada en el paciente: redes neuronales, chatbots, aprendizaje automático
- 6.7. Aplicaciones emergentes en el cuidado de la salud usando IA
- 6.7.1. Principales aplicaciones emergentes de IA en salud
- 6.8. Bioinformática
- 6.9. Semántica web en salud
- 6.9.1. Lenguajes de uso en terminología semántica
- 6.10. Estrategia de implantación de IA

MÓDULO 7. NUEVAS TÉCNICAS EN LA ERA GENÓMICA

- 7.1. Entendiendo la nueva tecnología: Next Generation Sequence (NGS) en la práctica clínica
- 7.1.1. Introducción
- 7.1.2. Antecedentes
- 7.1.3. Problemas en la aplicación de la secuenciación Sanger en Oncología
- 7.1.4. Nuevas técnicas de secuenciación
- 7.1.5. Ventajas del uso de la NGS en la práctica clínica
- 7.1.6. Limitaciones del uso de la NGS en la práctica clínica
- 7.1.7. Términos y definiciones de interés
- 7.1.8. Tipos de estudios en función de su tamaño y profundidad
- 7.1.9. Etapas en la secuenciación NGS
- 7.1.10. Anotación y clasificación de variantes
- 7.2. Secuenciación DNA y análisis bioinformático



- 7.2.1. Introducción
- 7.2.2. Software
- 7.2.3. Procedimiento
- 7.3. Secuenciación RNA y análisis bioinformático
- 7.3.1. Introducción
- 7.3.2. Software
- 7.3.3. Procedimiento
- 7.4. Tecnología ChIP-seq
- 7.4.1. Introducción
- 7.4.2. Software
- 7.4.3. Procedimiento
- 7.5. Big Data aplicado a la oncología genómica
- 7.5.1. El proceso de análisis de datos
- 7.6. Servidores genómicos y bases de datos de variantes genéticas
- 7.6.1. Introducción
- 7.6.2. Servidores genómicos en web
- 7.6.3 Arquitectura de los servidores genómicos
- 7.6.4 Recuperación y análisis de datos
- 7.6.5. Personalización
- 7.7. Anotación de variantes genéticas
- 7.7.1. Introducción
- 7.7.2. ¿Qué es la llamada de variantes?
- 7.7.3. Entendiendo el formato VCF
- 7.7.4. Identificadores de variantes
- 7.7.5. Análisis de variantes
- 7.7.6. Predicción del efecto de la variación en la estructura y función de la proteína

MÓDULO 8. TRABAJO DE FIN DE MÁSTER (TFM)



CONTACTANOS

- +34 960 25 47 46
- Av. Aragón 30, 5. 46021 Valencia.
- mww.iseie.com