

**Ankieta badająca poziom przygotowania osoby po zakończeniu uczestnictwa w kursie
Ocena podsumowująca wiedzę zdobytą podczas uczestnictwa w wybranym przez Pana/Panią kursie**

Jak ocenia Pan/Pani swój obecny poziom wiedzy z każdego przedmiotu po ukończeniu kursu?

Proszę zaznaczyć tylko jedną odpowiedź gdzie **0** oznacza **brak wiedzy**, **1**-poziom **bardzo niski**, **2**- **niski**, **3**-**średni**, **4**- **wysoki**, **5**- **bardzo wysoki** poziom wiedzy.

Zajęcia wprowadzające do analizy danych wysokoprzepustowych:

1. **BWwM** : Badania wysokoprzepustowe w medycynie – wprowadzenie:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

2. **IBW**: Infrastruktura w badaniach wysokoprzepustowych:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

3. **PNI**: Podstawowe narzędzia informatyczne:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

4. **PBDNADW**: Podstawowe bazy danych i narzędzia do analizy danych wysokoprzepustowych:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

5. **PADG**: Podstawowa analiza danych genomowych

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

6. **PAWPR**: Podstawy analizy z wykorzystaniem pakietu R

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

7. **NWwBBwAO**: Narzędzia wykorzystywane w badaniach biomedycznych w analizach omicznych

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

Praktyczne wykorzystanie analiz wysokoprzepustowych – zajęcia praktyczne poprzedzone wstępem teoretycznym:

1. **Ety-RODO**: Etyczne aspekty biomedycznych badań wysokoprzepustowych:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

2. **Gen**: Genomika:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

3. **Transk**: Transkryptomika:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

4. **Epigen**: Epigenomika:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

5. **Microb**: Metagenomika/ Mikrobiom:

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐

6. **Prot/Metabol**: Proteomika/ Metabolomika

0 ☐ , 1 ☐ , 2 ☐ , 3 ☐ , 4 ☐ , 5 ☐