

## Praktická část – odpovědi:

1A) Dle věku matky "vek\_mother", ve věkových kategoriích viz tabulka, vytvořte tabulku úspěšnosti embryotransferu v procentech dle sloupce "clinical\_gravidity", kde 1 = transfer byl úspěšný a 0 = neúspěšný. Prázdné hodnoty do statistik nepočítejte.

Odpověď:

vek\_category

<25	70.00
25-30	53.85
30-35	51.81
35-40	47.96
40+	44.52
všechny kategorie	53.63

Postup:

- Stáhl jsem si do PC celý repozitář, rozbil jsem ho pomocí winrar, do excelu jsem převedl tabulky ve formátu .csv, data jsem musel převést do formátu .xlsx s oddělovačem a zařadit do jednotlivých sloupců, první řádek v tabulce jsem nastavil jako zápatí
- Následně jsem použil program Visual Code, kde jsem napsal skript, který využil databáze embryotransferů (formát .xlsx) a provedl tam požadovaný výpočet
- Aby skript fungoval, musel jsem si nainstalovat v příkazovém řádku nejrozumnější knihovny (pandas...)
- Funkční skript má název: „Repromeda\_projekt\_1A“

Poznámka:

- vím, že věkové kategorie mám ve výsledku trošku jinak, než bylo v zadání. Rozdíl 30-35 oproti 30-34. Všiml jsem si toho v závěru mého skriptování a bohužel už to nedokážu vzhledem k časové náročnosti úkolů změnit.

### 1B) Určete zda-li je věk matky statisticky významný na úspěch transferu.

Odpověď:

P-hodnota pro všechny kategorie: 0.0545

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi věkovými kategoriemi.

P-hodnota pro kategorii 'do 29': 0.0354

P-hodnota je menší než hladina významnosti 0.05, takže zamítáme nulovou hypotézu.

Existují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi touto kategorií a ostatními.

P-hodnota pro kategorii '30-34': 0.2351

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi touto kategorií a ostatními.

P-hodnota pro kategorii '35-39': 0.2206

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi touto kategorií a ostatními.

P-hodnota pro kategorii '40 a více': 0.1343

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi touto kategorií a ostatními.

Postup:

- Pro určení, zda je věk matky statisticky významný na úspěch transferu, jsem použil statistický test. Je možné použít t-test nebo analýzu rozptylu (ANOVA). Obecně platí, že P-hodnota menší než 0.05 naznačuje, že existují statisticky významné rozdíly.

- Já jsem pro tyto účely vytvořil skript ve Visual Code.

- Aby skript fungoval, musel jsem si nainstalovat knihovnu scipy, pandas, payarrow.

- Skript nese název: „Repromeda\_projekt\_1B“

1C) Taktéž A-B proved'te i pro věk embrya "vek\_embryo". Pokud bylo embryo darované "f\_donor" = 1, takový transfer do statistiky nepočítejte.

Odpověď:

P-hodnota pro věk matky: 0.1606

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy pro věk matky.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi věkovými kategoriemi matky.

P-hodnota pro věk embrya: 0.1059

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy pro věk embrya.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu transferu mezi věkovými kategoriemi embrya.

Postup:

- Skript jsem opět napsal v programu Visual Code.
- Skript nese název: „Repromeda\_projekt\_1C“

1D) Vytvořte tabulku s počty transferů dle použité genetické metody "genetic\_method" viz tabulka.

Odpověď:

	Genetické metody	Počet
0	PGT-A	697
1	Karyomapping	66
2	VeriSeq	41
3	OneGene	20
4	PGT-SR	15
5	NICS	7
6	Acgh	3
7	DNaseq	1
8	bez genetické metody	162
9	ostatní	0

Postup:

- Skript jsem vytvořil v programu Visual Code.
- Skript nese název: „Repromeda\_projekt\_1D“

1E) Určete statistickou významnost pohlaví embrya "sex" – XX/XY na úspěch klinické gravidity dle sloupce "clinical\_gravidity", kde 1 = transfer byl úspěšný a 0 = neúspěšný. Prázdné hodnoty do statistik nepočítejte.

Odpověď:

P-hodnota pro významnost pohlaví embrya: 0.7234

P-hodnota je větší než hladina významnosti 0.05, takže nemáme dostatek důkazů k zamítnutí nulové hypotézy.

Neexistují statisticky významné rozdíly v úspěchu klinické gravidity mezi pohlavím XX a XY.

Postup:

- Vytvořil jsem skript v programu Visual code.
- Skript nese název: „Repromeda\_projekt\_1E“

1F) Z výsledných tabulek z úkolu A a D vytvořte a uložte grafy ve formátu .png, kde na ose x bude první a na ose y druhý řádek tabulky.

Postup:

- Výsledné tabulky z úkolů 1A a 1D jsem nejdříve vložil do excelu.
- A vytvořil jsem excelovský soubor: „Repromeda\_projekt\_1F\_excel“
- Pak se mi nedařilo na první dobrou vyexportovat tabulky v .png, atak jsem se rozhodl využít program Graphpad Prism, kde to lze snadno.

- Vytvořil jsem soubory: „

„Repromeda\_projekt\_1F\_graphpad“

„Repromeda\_projekt\_1F\_tabulka-A.png“

„Repromeda\_projekt\_1F\_tabulka-D.png“

- Vytvořil jsem skript v programu Visual code.
- Skript nese název: „Repromeda\_projekt\_1F“

2) Vytvořte script, který bude vytvářet jednoduchý .docx dokument obsahující nadpis, tučným a zarovnaný na střed “Výsledný protokol genetického vyšetření”, a dále pak tabulku, která se vyplní dle tří vstupních argumentů následovně:

Odpověď:

Použití: `python create_protocol.py <jméno> <rodné_číslo> <datum_odběru>`

Postup:

- aby skript fungoval musel by člověk uvést nahradit <jméno>, <rodné číslo>, <jméno>, <datum odběru> skutečnými hodnotami