**Praktická část**

! Veškeré řešení – skripty/odpovědi/použité funkce dávejte do nové složky “Odpovědi”.

Př.: po první úloze tam uložte script .R/.py s kódem a textový soubor s výsledky.

1. Načtěte soubor Data/transfery.csv a vypracujte následující statistiky:
   1. 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.

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| všechny věkové kategorie | do 29 | 30-34 | 35-39 | 40 a výše |
| x% | x% | x% | x% | x% |

* 1. Určete zda-li je věk matky statisticky významný na úspěch transferu.
  2. Taktéž A-B proveďte i pro věk embrya “vek\_embryo”. Pokud bylo embryo darované ”f\_donor” = 1, takový transfer do statistiky nepočítejte.
  3. Vytvořte tabulku s počty transferů dle použité genetické metody "genetic\_method” viz tabulka.

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| PGT-A | PGT-SR | Karyomapping | OneGene | bez genetické metody (prázdná hodnota) | ostatní |
| x | x | x | x | x | x |

* 1. 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.
  2. 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.

BONUS) Vytvořte jednoduchou R shiny aplikaci, která udělá předchozí statistiky při spuštění a vykreslí tabulky nebo hodnoty, tak aby je uživatel viděl.

1. 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:

|  |  |
| --- | --- |
| Jméno a příjmení: | argument 1 |
| Rodné číslo: | argument 2 |
| Datum odběru: | argument 3 |

**Teoretická/vyhledávací část**

! Úkoly jsou koncipovány, tak abyste odpovědi hledali a získali tak trochu přehled, nejedná se o vědomostní test.

Nalezené výsledky vkládejte do libovolného textového dokumentu do složky “Odpovědi”.

Zde netřeba uvádět postup, kde a jak jste informaci našli.

1. Uveďte nukleotidovou sekvenci exonu 9 genu CFTR. (tip: hledejte “ensembl”)
2. Uveďte, jaké onemocnění způsobují patogenní mutace v genu CFTR a některé uveďte.
3. Uveďte, co znamená autosomálně recesivní přenašečtví.
4. Rozepiště, jak byste postupovali při vytváření SQL datábaze na Linux serveru, tak aby byla zajištěna integrita dat.
5. Uveďte, co znamená SQL Injection a jak se tomu vyvarovat.
6. Zjistěte, co znamená error: “Error in .local: Cannot allocate a new connection: 16 connections already opened” a napiště jak byste postupovali při jeho opravě.
7. Zjistěte, co znamená error: “Error in if: argument is of length zero” a napiště jak byste postupovali při jeho opravě.
8. Napište, proč se dělá Sekvenování nové generace (NGS)?