

Projet Analyse de Donnée

CALLIS Guilhem et FERRERE HOAREAU Anthony

2025-01-17

Contents

1	Introduction	2
2	Description du jeux de donnée	3
3	Analyse d'imensionnelle du jeu de donnée	4
3.1	Analyse uni-dimensionnelle	4
3.2	Analyse Bi-dimensionnelle	6
4	Analyse des Tt_sH_Rr	10
4.1	Analyse en composante principales	10
4.2	Classification non supervisée (Clustering)	12
5	Analyse de DataExpMoy et de ExpT	14
5.1	Analyse en composantes principales de DataExpMoy	14
5.2	Classification non supervisée (Clustering) de DataExpMoy	16
5.3	Classification non supervisée (Clustering) de ExpT	16
6	Conclusion	20

1 Introduction

Ce rapport de projet présente les différents aspects de l'analyse que nous avons réalisée sur un jeu de données en rapport à une expérimentation de différents traitements sur des plantes visant à observer l'évolution de l'expression des gènes chez celle-ci. Pour cela nous avons décidé d'effectuer différentes analyses sur ce jeu de données de 542 gènes qui nous a été fourni :

- Une analyse uni-dimensionnelle sur chacune des variables du jeu de données pour mieux comprendre leur comportement.
- Une analyse bi-dimensionnelle pour mettre en évidence les liens entre les variables des données.
- Une analyse en composante principale des variables quantitatives du jeu de données ainsi qu'une classification non supervisée de ces variables, pour ici analyser les traitements.
- Une analyse en composante principale ainsi qu'une classification non supervisée mais ici en prenant les gènes comme variable.
- Une classification non supervisée des gènes à partir ici des variables qualitatives "ExpT1", "ExpT2", et "ExpT3".

2 Description du jeux de donnée

Chargement du jeux de donnée: Décrivez l'ensemble du jeu de données en précisant la nature des variables.

En premier lieu, l'analyse du jeu de données révèle qu'il contient à la fois des variables qualitatives et quantitatives. Les variables quantitatives correspondent aux 36 premières colonnes, réparties en deux catégories : les colonnes 1 à 18 pour le réplikat 1 (R1) et les colonnes 19 à 36 pour le réplikat 2 (R2). Ces deux réplikats seront comparés au cours de l'analyse.

Chaque réplikat est subdivisé en trois traitements distincts (T1, T2, T3). Il est important de noter que T3 est une combinaison des traitements T1 et T2, une information essentielle pour les analyses ultérieures. De plus, chaque traitement est décomposé en six heures d'observation, allant de 1 heure à 6 heures. Ainsi, chaque colonne des variables quantitatives peut être désignée par la notation Tt_sH_Rr, où t représente le traitement, s l'heure, et r le réplikat.

Les variables qualitatives, quant à elles, sont contenues dans les colonnes 37 à 39. Ces colonnes (ExpT1, ExpT2 et ExpT3) indiquent les états "Sur", "Sous" ou "Non" de l'expression des gènes des différent traitement au boud de 6 heures.

```
## [1] "Table de la nature des diff rente variable du jeu de donn e"
```

```
## 'data.frame': 542 obs. of 39 variables:
## $ T1_1H_R1: num -0.205 -0.62 0.309 0.192 0.108 ...
## $ T1_2H_R1: num -0.689 -0.856 0.817 0.148 0.288 ...
## $ T1_3H_R1: num -0.1811 -0.0211 -0.5615 0.2424 -0.1975 ...
## $ T1_4H_R1: num -0.06657 -0.14456 0.18148 0.56182 -0.00155 ...
## $ T1_5H_R1: num 0.5217 0.4934 -0.337 0.0453 -0.2274 ...
## $ T1_6H_R1: num 0.448 0.454 -0.373 -0.635 -0.571 ...
## $ T2_1H_R1: num -0.449 -0.572 -0.209 0.526 0.34 ...
## $ T2_2H_R1: num -1.5144 -1.4755 -1.29 1.4315 -0.0468 ...
## $ T2_3H_R1: num -3.815 -3.079 -2.633 1.842 -0.327 ...
## $ T2_4H_R1: num -2.5 -2.22 -2.4 1.83 -0.47 ...
## $ T2_5H_R1: num -2.9144 -2.2659 -2.4397 1.9242 0.0153 ...
## $ T2_6H_R1: num -3.57 -3.36 -2.03 2.19 2.17 ...
## $ T3_1H_R1: num -0.6645 -0.5427 -0.2709 0.4127 -0.0402 ...
## $ T3_2H_R1: num -2.522 -2.281 -1.176 1.688 0.179 ...
## $ T3_3H_R1: num -1.797 -1.597 -3.018 1.812 -0.192 ...
## $ T3_4H_R1: num -2.967 -2.635 -2.953 1.868 -0.553 ...
## $ T3_5H_R1: num -2.99182 -2.42474 -2.96356 2.14249 -0.00553 ...
## $ T3_6H_R1: num -2.84 -2.54 -2.49 2.1 2.09 ...
## $ T1_1H_R2: num -0.25 -0.527 0.303 -0.234 -0.33 ...
## $ T1_2H_R2: num -0.2376 -0.3474 0.5477 -0.2899 0.0044 ...
## $ T1_3H_R2: num -0.741 -0.64 0.589 0.725 0.171 ...
## $ T1_4H_R2: num 0.504 0.274 -0.908 -0.488 -0.53 ...
## $ T1_5H_R2: num 0.355 0.347 -1.428 -0.289 -0.481 ...
## $ T1_6H_R2: num 0.698 0.663 -0.699 -0.649 -0.714 ...
## $ T2_1H_R2: num -0.671 -0.67 0.163 0.272 -0.373 ...
## $ T2_2H_R2: num -2.489 -2.416 -2.307 1.47 -0.109 ...
## $ T2_3H_R2: num -2.4 -2.21 -2.32 1.83 0.13 ...
## $ T2_4H_R2: num -2.552 -2.198 -3.294 1.618 -0.453 ...
## $ T2_5H_R2: num -2.474 -2.238 -2.967 2.191 0.888 ...
## $ T2_6H_R2: num -3.14 -2.47 -3.18 2.19 2.18 ...
## $ T3_1H_R2: num -0.62 -0.842 -0.195 0.17 -0.446 ...
## $ T3_2H_R2: num -2.7064 -2.4478 -2.1068 1.5124 0.0384 ...
## $ T3_3H_R2: num -2.828 -2.552 -2.624 2.051 -0.111 ...
```

```
## $ T3_4H_R2: num -2.849 -2.484 -3.024 1.559 -0.222 ...
## $ T3_5H_R2: num -2.94 -2.46 -2.81 2.32 1.19 ...
## $ T3_6H_R2: num -3.39 -2.97 -2.7 2.16 1.95 ...
## $ ExpT1 : chr "Non" "Non" "Non" "Non" ...
## $ ExpT2 : chr "Sous" "Sous" "Sous" "Sur" ...
## $ ExpT3 : chr "Sous" "Sous" "Sous" "Sur" ...
```

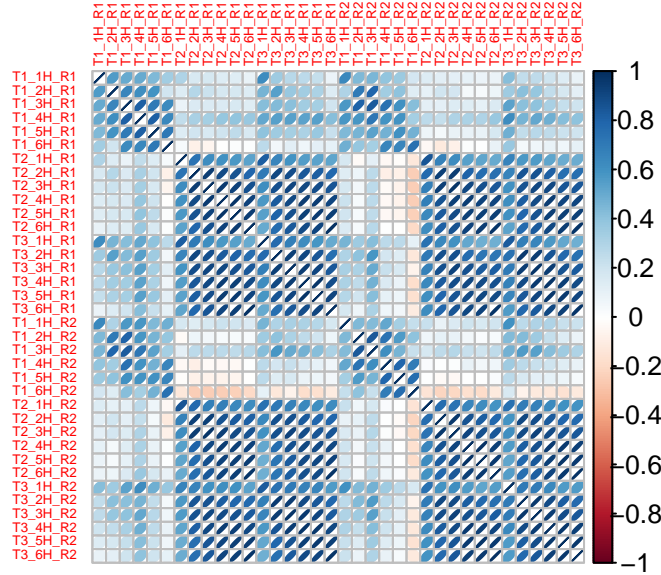


Figure 1: Matrice des corrélations entre les variables quantitatives (les Tt_sH_Rr)

On peut constater sur la figure 1, que dans notre jeu de donnée, les traitement 2 et 3 quelque soit leur réplicat sont fortement corréler entre eux contrairement au traitement 1 ou plus particulièrement on constate qu'à la 6ème pour le réplicat 2 une corrélation négative avec les autres variable montrant un comportement différent du traitement 1 par rapport au deux autres. Et nous permettant également de poser l'hypothèse que le traitement 3 (pour rappel étant une combinaison des deux autres traitements) serait majoritairement dépendant du comportement et engendrerait des variations génétiques fortement similaires à celui du traitement 2.

3 Analyse dimensionnelle du jeu de donnée

3.1 Analyse uni-dimensionnelle

À la suite de cette analyse, plusieurs observations et conclusions peuvent être tirées sur les relations entre les variables : (on rappelle que T3 est une combinaison de T1 et T2, indiqué dans le sujet.) En ce qui concerne l'analyse Uni-dimensionnelle sur les variables qualitatives, on constate sur la figure 2 que les fréquences des gènes classés comme surexprimés, sous-exprimés et non exprimés sont globalement similaires pour ExpT2 et ExpT3. Cela peut s'expliquer par le fait que T3 est une combinaison de T1 et T2, ce qui entraîne des distributions proches. En revanche, ExpT1 se distingue clairement des deux autres, la majorité des gènes dans ExpT1 sont non exprimés, ce qui contraste avec les répartitions plus équilibrées observées pour ExpT2 et ExpT3. Cette observation suggère que le traitement T1 induit très peu de changements dans l'expression des gènes en réponse à un traitement.

Pour les variables quantitatives, on remarque plusieurs choses. En effet, sur la figure 3, on remarque que les distributions des valeurs d'expression pour R1 et R2 sont remarquablement similaires. Cela indique

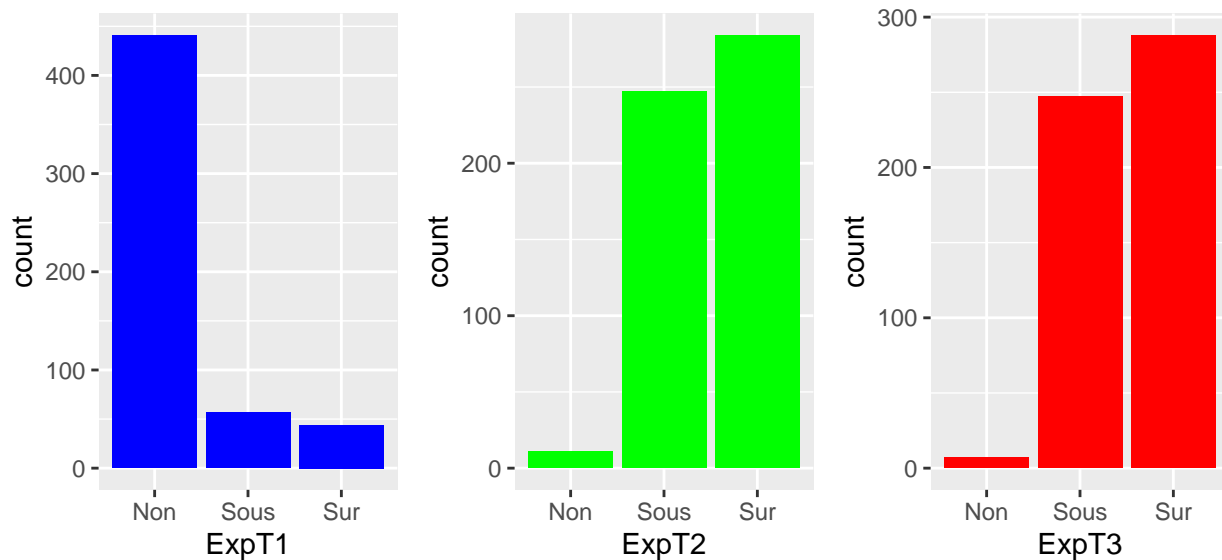
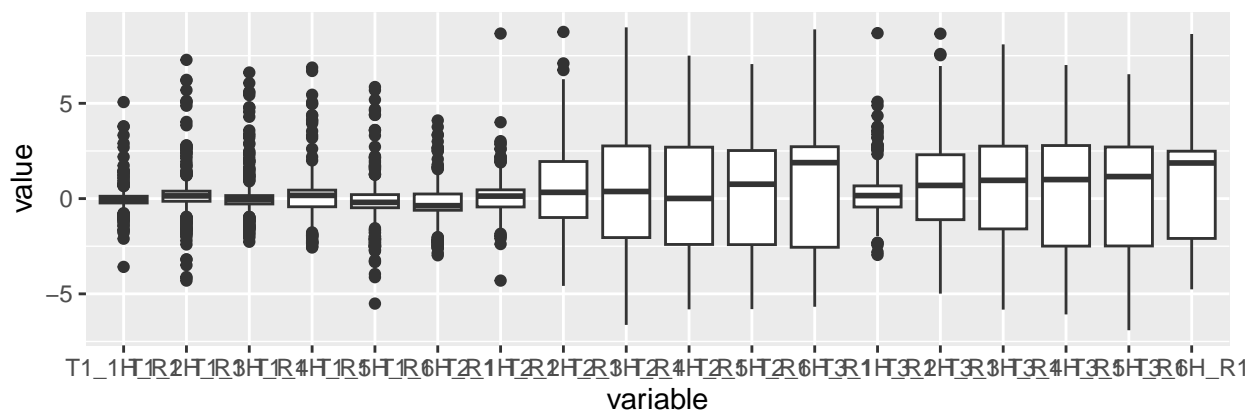


Figure 2: Représentation de la quantité respective de gène non, sur et sous exprimer pour pour les traitement 1, 2 et 3 à 6 heure

Représentation en boxplot des traitement pour le réplicat 1



Représentation en boxplot des traitement pour le réplicat 2

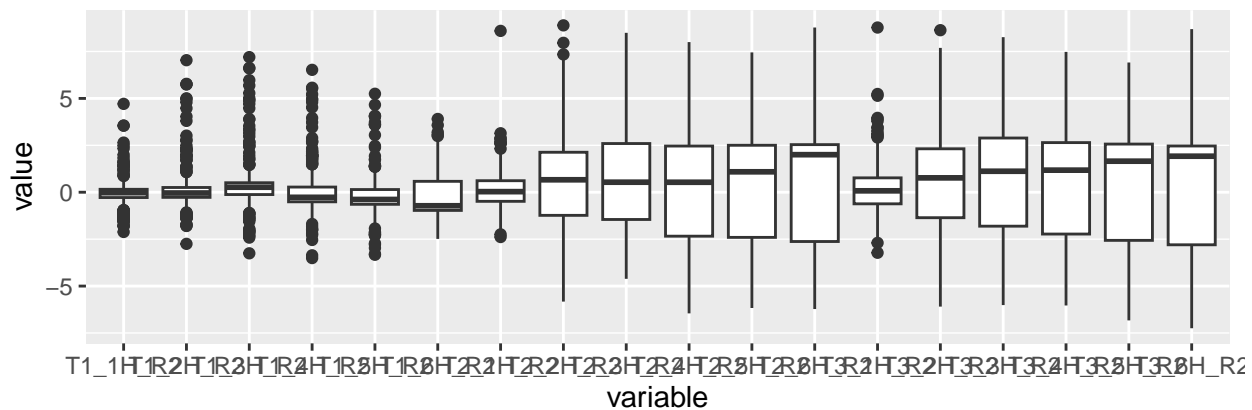


Figure 3: Représentation de la dispersion des valeurs pour chaque variable

une bonne reproductibilité biologique entre les réplicats. La cohérence entre R1 et R2 valide la qualité des données et leur fiabilité pour les analyses ultérieures. Pour les traitements, T2 et T3 sont fortement liés, leurs médianes, leurs intervalles interquartiles sont très similaires. Cela renforce l'idée que T3, étant une combinaison de T1 et T2, hérite principalement des caractéristiques de T2. Cependant, les colonnes T2_1H_R1/R2 et T3_1H_R1/R2 présentent un grand nombre de valeurs aberrantes (outliers), ce qui peut indiquer des réponses génétiques atypiques à 1 heure pour ces traitements. Les intervalles interquartiles pour T1 sont beaucoup plus petits, suggérant que les données pour ce traitement sont plus concentrées autour de la médiane. Toutefois, T1 présente également de nombreux outliers, en plus grand nombre que pour T2 ou T3, ce qui peut indiquer des comportements génétiques spécifiques ou une variabilité accrue pour certains gènes sous ce traitement.

3.2 Analyse Bi-dimensionnelle

Pour celle-ci nous décider, afin de bien comprendre les relation qu'il y pourrait y avoir entre les variable, d'en faire 3.

3.2.1 Analyse sur les variable qualitative

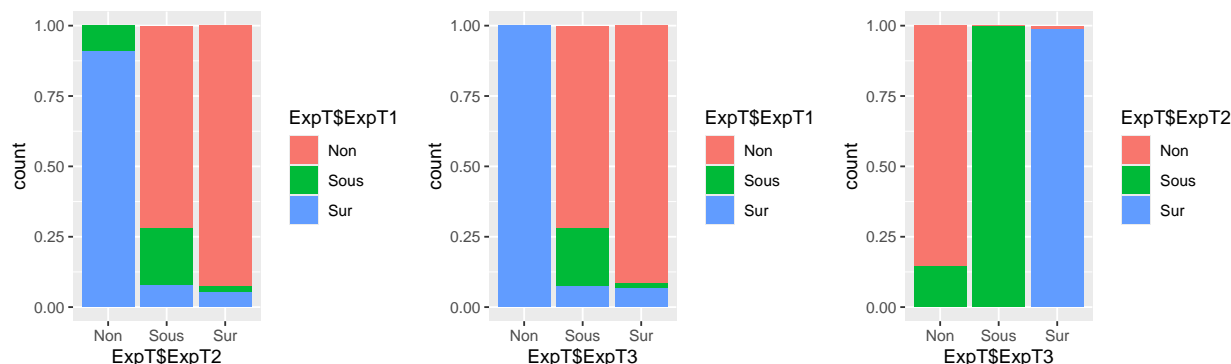


Figure 4: Comparaison entre l'expression des gène des traitement deux à deux à 6 heure

On constate sur la figure 4 que les relation entre l'expressions des gène sur le 2ème et 3ème traitement sont très similaire vis à vis du premier traitement. En effet, la grande majorité, si ce n'est la totalité des gène non exprimer des traitement 2 et 3 sont sur exprimer pour le traitement 1 et que les gène sur et sous exprimer des traitement 2 et 3 sont majoritairement non exprimer pour le traitement 1. On peut donc on conclure ici que le traitement 1 est quasiment l'opposé du traitement 2 en terme d'expression de gène et que grace au troisième graphique, le traitement 3 étant une combinaison des 2 autres, est quasiment identique au traitement 2 en terme d'expression des gène sur exprimer et sous exprimer bien qu'on note une différence minime pour les gène non exprimer. Ce qui est cohérent avec les observation de l'analyse uni-dimensionnel de l'expression des gènes.

3.2.2 Analyse sur les variable qualitative et quantitative

Cette analyse-ci nous montre, sur la figure 5 différents graphiques sur l'évolution des degré de liaison entre les traitements et l'expression de leur gène au cours du temps. Ce degré de liaison ici reflète la proximité entre l'évolution de l'expression des gènes considérer au fils du temps lors du traitement et l'expression de ces même gène au bout de 6h. On constate pour le premier traitement que malgré une évolution croissante du degré de liaison celui-ci très variant en fonction du temps que cela soit pour le premier ou le second réplicat avec des diminution à 2h, 3h et 5h. De plus ce degré à un maximum de 0.56 pour le premier réplicat et 0.46 pour le deuxième réplicat. Indiquant une forte évolution au cours du temps des gène de la plante lors

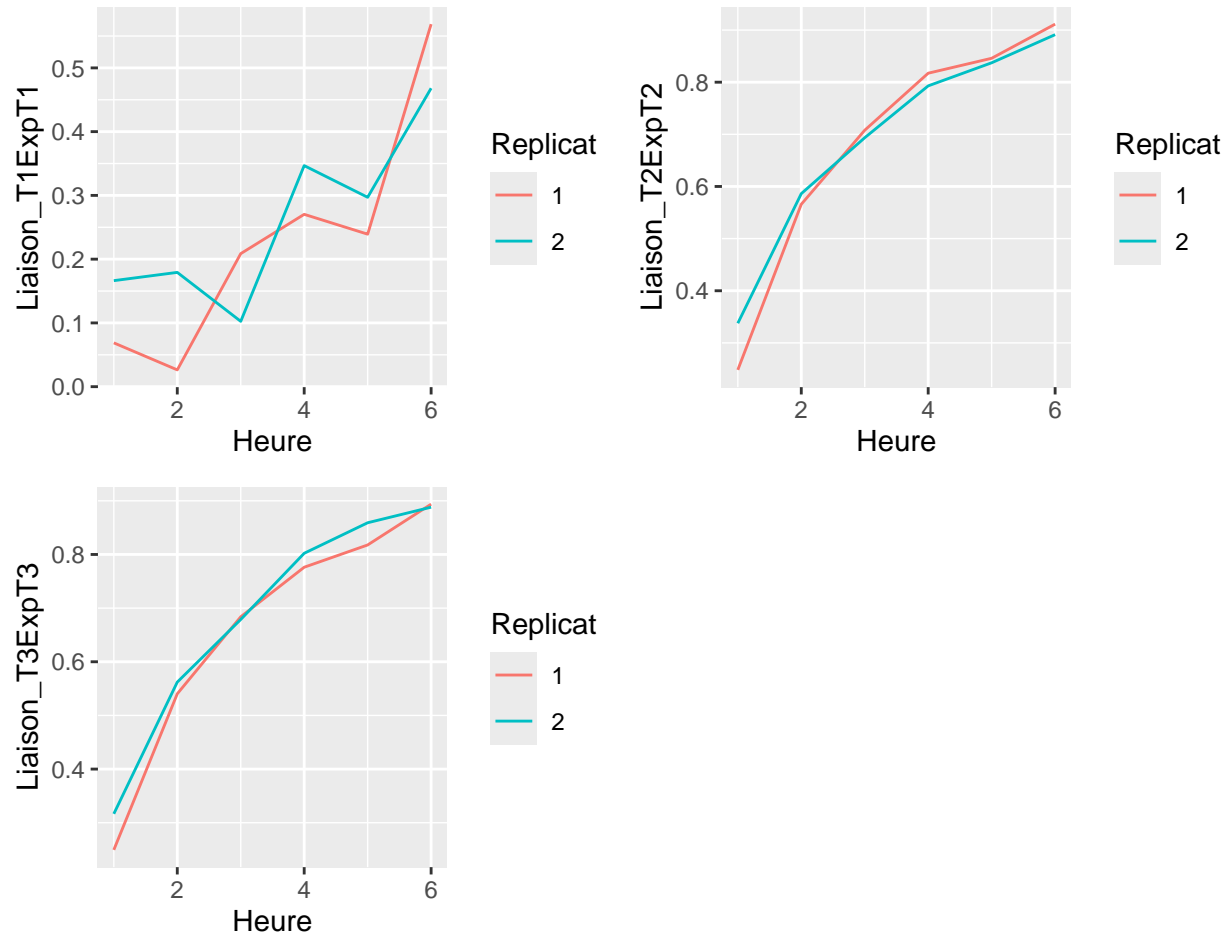


Figure 5: Degré de liaison entre l'expression des gènes obtenu dans le jeu de donnée à 6 heure et l'évolution de cette expression au court du temps lors des testes

du traitement ainsi que ce traitement est plus long à agir que les deux autres puisque n'étant semblable qu'à 50% au résultat final attendu pour ce traitement au bout de 6h. Les deux autres traitement quant à eux, ayant de forte similarité comme constaté précédemment, ont une courbe d'évolution du degré de liaison très similaire, on peut donc en conclure que ces deux traitement agisse dans un même temps et bien plus rapidement que le premier traitement avec beaucoup moins de variation des l'expression des gène au cours du temps, puisque les courbe étant des courbe logarithmique, on constate qu'il à de fort changement dans l'expression des gènes au départ mais que ces changement diminue en fonction du temps. On peut donc en déduire que contrairement au premier traitement qui lui est fortement actif sur la plante tout au long de l'expérience malgré une forte présence de gène non actif, et prend beaucoup de temps à agir, les deux autres traitement quant à eux, sont principalement actif sur la plante au début de l'expérience et leur influence et a variation de l'expression des gène diminue avec le temps ils sont donc en comparaison au résultat mesuré à 6h bien plus rapide et efficace que le traitement 1.

3.2.3 Analyse sur les variable quantitatives

Pour cette analyse, nous avons décidé de représenté de nouveau la matrice de corrélation de la première partie mais en réalisant un zoom sur les différent traitement.

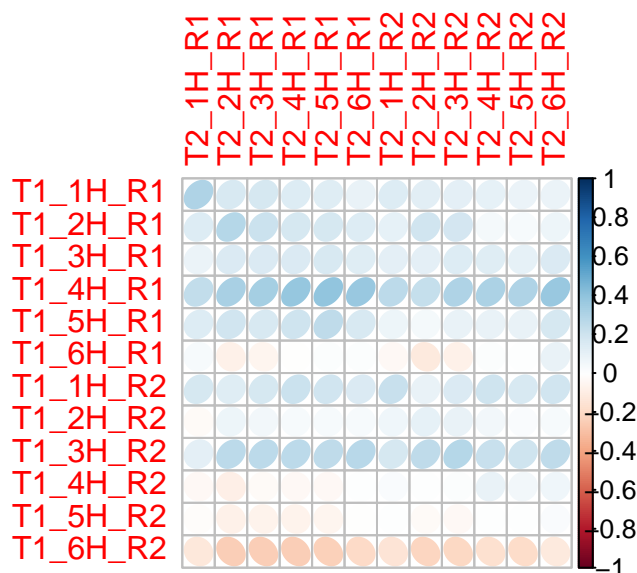


Figure 6: Correlation entre les variable du traitement 1 et du traitement 2 pour les deux répliat

Ici en comparant l'expression des gène au cours du temps des différent des traitement, on remarque sur la figure 6 que le traitement 1 est très peu corrélé avec le traitement 2 voir même corrélé négativement pour ce qui est de la 6ème heure du répliat 2, un même constat que l'on peu faire vis à vis du traitement 3 visible sur la figure 7 (bien que moins visible, puisqu'étant une combinaison du traitement 1 et 2 et donc étant plus ou moins fortement corrélé au traitement 3 selon les heures), appuyant sur le fait que le traitement 1 se comporte différemment des deux autres. Les traitement T2 et T3 quant à eux sont similaire dans leur variation.

En effet, sur la figure 8 ceux deux traitements sont très corrélé positivement quelque soit l'heure à laquelle on a réaliser les mesure, ils se comporte donc de la même manière et sont semblable en terme d'évolution de l'expression des gènes, confirmant le fait que le traitement T3 hérite principalement des caractéristique du traitement T2

De manière générale en dehors du premier traitement peu corrélés positivement voir négativement à certaines heures des deux autres, les variables sont fortement corrélées positivement, ce qui implique qu'une forte réduction des dimensions est attendue pour l'ACP.

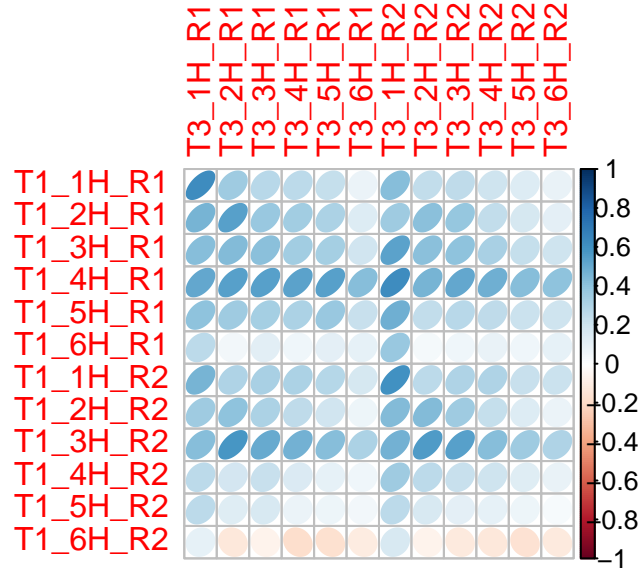


Figure 7: Correlation entre les variable du traitement 1 et du traitement 3 pour les deux réplicat

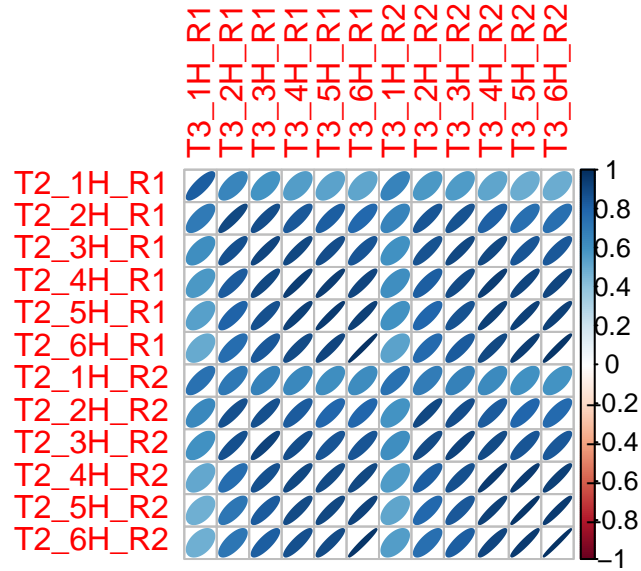


Figure 8: Correlation entre les variable du traitement 2 et du traitement 3 pour les deux réplicat

4 Analyse des Tt_sH_Rr

4.1 Analyse en composante principales

Ici, les variables de notre jeu de donnée sont déjà homogènes, elles ont des échelles similaires et il n'est pas nécessaire de centrer/réduire. Dans ce cas, les données sont déjà comparables sans manipulation supplémentaire. De plus, La centrage/réduction pourrait artificiellement altérer les relations naturelles entre les variables.

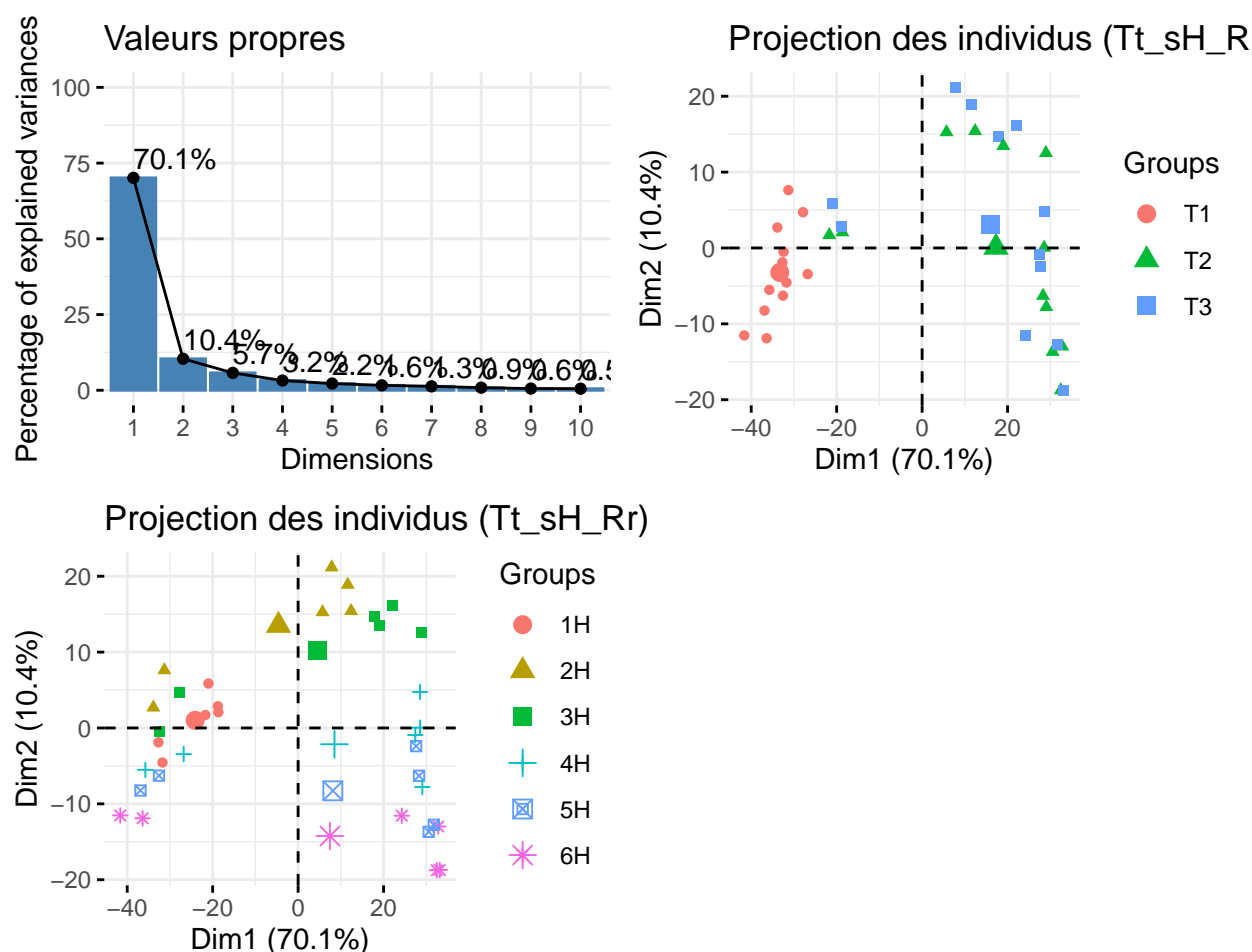


Figure 9: Représentation de l'ACP des Tt_sH_Rr regroupé selon les heures et selon les traitement

En premier lieu, lorsqu'on regarde notre graphe des valeurs propres sur la figure 9, on remarque bien que les 2 premières dimensions représentent environ 80% de la variance, ces deux dimensions sont alors suffisantes pour résumer les données. Il ne faut pas oublier pour la suite que la dimension 1 (70,1%) a beaucoup plus "d'information" que la dimension 2 (10,5%). Chaque point sur notre ACP correspond à une colonne Tt_sH_Rr et donc aux variables.

Ensuite, lorsque l'on observe cette ACP toujours sur la figure 9 en affectant des couleurs pour chaque traitement, on remarque quelque chose de très intéressant. Une fois de plus, on observe des comportements similaires pour le traitement 2 et le traitement 3. Cela signifie que les ensembles de données associés à ces traitements ont des caractéristiques similaires ou que les données sont distribuées de manière proche dans l'espace des variables considérées. En revanche, le centre d'inertie du traitement 1 semble plus éloigné. Le traitement 1 semble regroupé dans son coin. Lorsqu'on pousse cette analyse sur les heures, on remarque

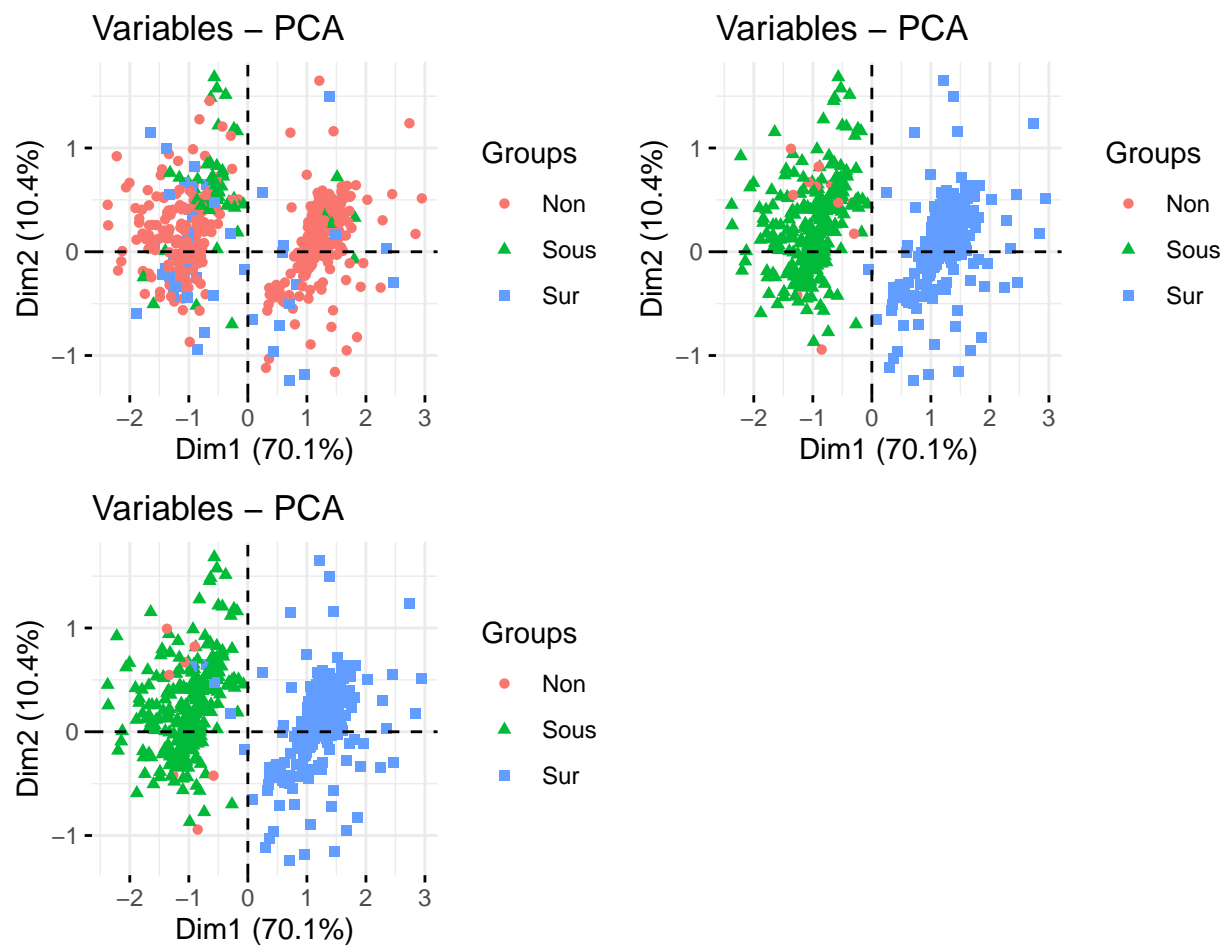


Figure 10: Représentation de l'ACP variable regroupé selon l'expression de leur gènes pour les traitement 1, 2 et 3 respectivement

que les heures à l'heure 1 sont tous très proches, peu importe le traitement auquel il appartient et que ces données se comportent toute comme le traitement 1 au départ (si l'on compare les deux graphiques). Par ailleurs, nous avons effectué une ACP en groupant les points par réplicats et encore une fois, on trouve que les deux réplicats sont cohérents car leurs centres d'inertie sont proches.

Lorsqu'on analyse le graphe des variables sur la figure 10, les conclusions sont les mêmes que dans la partie uni-dimensionnelle concernant la répartition des "Non", "Sous", "Sur" pour les traitements. On remarque que les gènes semblent plutôt bien répartis. On peut en déduire que centrer/résumer les variables n'était donc pas nécessaire.

Cependant, il reste possible d'étudier la contribution relative des individus. Les individus les plus "intéressants" sont ceux qui sont les plus éloignés de l'individu moyen et ceux dont la contribution à la dispersion est la plus importante. Ici, on remarque que la variable la plus intéressante est T1_6H_R2. Elle est éloignée du centre, indiquant une réponse atypique ou spécifique par rapport aux autres combinaisons traitement-heure-réplicat et sa position dans l'espace principal suggère qu'elle joue un rôle important dans la variation observée dans les données.

4.2 Classification non supervisée (Clustering)

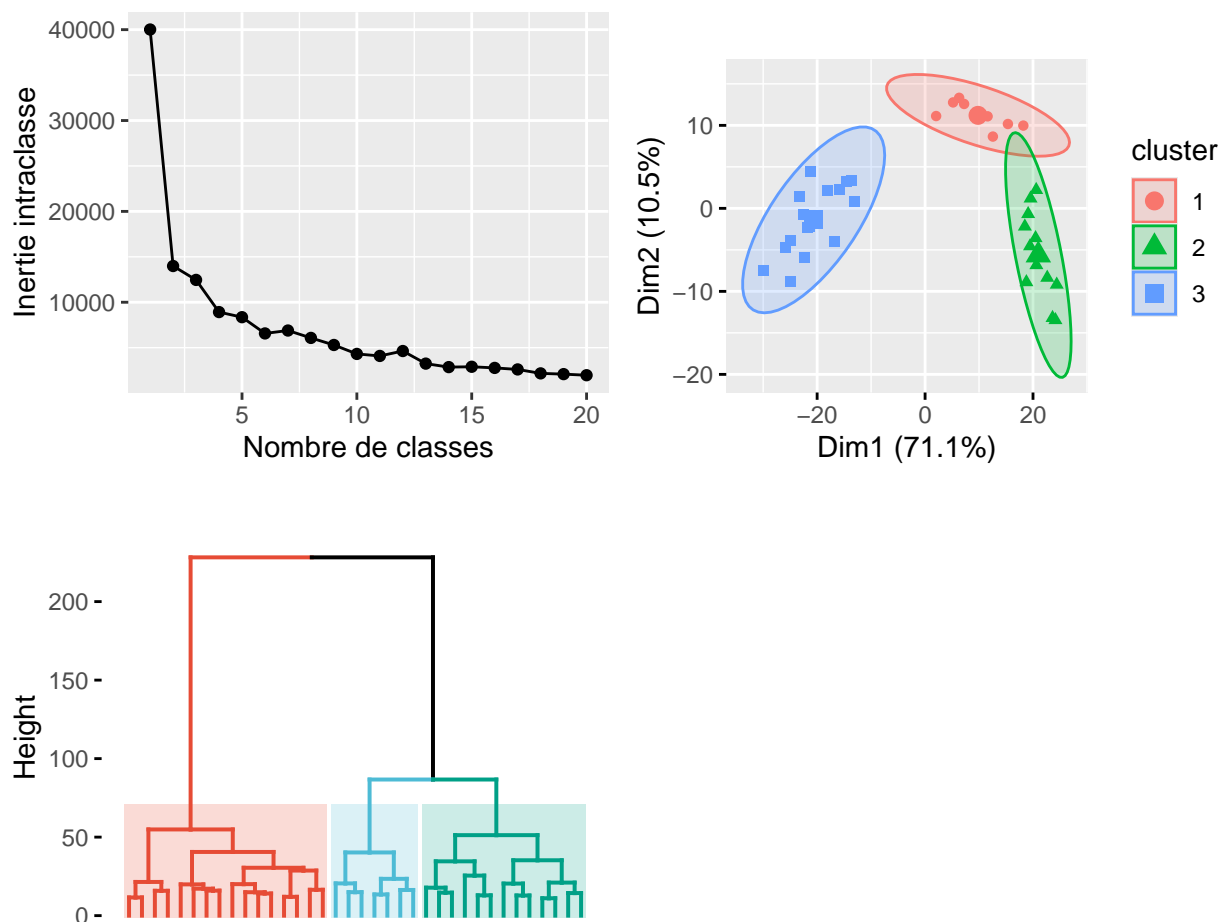


Figure 11: Représentation en cluster homogène de 3 classe sur les Tt_sH_Rr

La figure 11 En premier lieu, on remarque que nos Clustering (avec méthode K-means et méthode hiérarchique) nous donnent les mêmes résultats, on obtient les mêmes groupes avec le même nombre d'individus

pour les 3 cluster formé. Dans le cadre du clustering avec la méthode des K-means, on observe que les clusters sont bien distincts, ce qui indique que les groupes d'individus présentent des différences marquées. Ce résultat de clustering n'est d'ailleurs pas surprenant : lorsqu'on le compare à l'ACP basée sur le classement par traitements, on constate qu'une des classes était prévisible. Je parle de la classe "bleue" (située à gauche), qui est composée presque exclusivement du traitement 1. Les seuls points supplémentaires dans cette classe, sont au nombre de 4, et correspondent aux traitements 2 et 3 à l'heure 1 pour les deux réplicats.

En ce qui concerne les deux autres classes, elles apparaissent comme des "fusions" des traitements 2 et 3, suggérant une proximité ou une similarité entre ces deux traitements dans les dimensions considérées.

5 Analyse de DataExpMoy et de ExpT

5.1 Analyse en composantes principales de DataExpMoy

Pour la suite de l'analyse nous allons construire une matrice correspondant à la moyenne des données des expression des gènes pour chaque heure *DataExpMoy*

##	eigenvalue	percentage of variance	cumulative percentage of variance
## comp 1	65.16145327	85.37262060	85.37262
## comp 2	4.70336708	6.16221328	91.53483
## comp 3	2.98279169	3.90796599	95.44280
## comp 4	1.05225130	1.37862872	96.82143
## comp 5	0.67947009	0.89022174	97.71165
## comp 6	0.56145850	0.73560643	98.44726
## comp 7	0.27872498	0.36517727	98.81243
## comp 8	0.24923004	0.32653387	99.13897
## comp 9	0.14114338	0.18492191	99.32389
## comp 10	0.12794386	0.16762829	99.49152
## comp 11	0.08410710	0.11019464	99.60171
## comp 12	0.07066921	0.09258872	99.69430
## comp 13	0.05832086	0.07641028	99.77071
## comp 14	0.04954814	0.06491651	99.83563
## comp 15	0.04416281	0.05786081	99.89349
## comp 16	0.03142646	0.04117403	99.93466
## comp 17	0.02629581	0.03445200	99.96912
## comp 18	0.02357320	0.03088492	100.00000

En premier lieu, lorsqu'on regarde notre graphe des valeurs propres sur la **figure 12**, on remarque bien que les 2 premières dimensions représentent environ 81-82% de la variance, ces deux dimensions sont alors suffisantes pour résumer les données.

Chaque point sur notre ACP correspond à un gène.

Dans ce cas, il est particulièrement pertinent d'analyser le graphe des variables (**figure 13**), car il semble plus lisible et offre des informations riches et significatives. Une observation très intéressante émerge notamment grâce à la deuxième méta-variable (Dim2). Selon le graphe, cet axe semble refléter l'appartenance des gènes à un traitement spécifique. On constate que :

- Les valeurs positives sur Dim2 correspondent principalement au traitement 1.
- Les valeurs négatives sont plutôt associées au traitement 2.
- Concernent les gènes du traitement 3, il semblerai que ses valeurs soient mieux réparties, certaines étant dans le positif et d'autres dans le négatif.

En ce qui concerne le premier axe (Dim1), qui explique 85,4 % de la variance, on observe qu'il est principalement influencé par les traitements 2 et 3 entre 3 h et 6 h. Ces points se situent à l'extrémité droite de la dimension 1. De plus, leur forte contribution est confirmée par leur couleur rouge sur le graphe, indiquant qu'ils jouent un rôle majeur dans l'explication de la variance sur cet axe.

- Les valeur positives sur Dim1 correspondent principalement au traitement 2 et 3, on peut donc en déduire que les valeur positive de la Dim1 correspondent au comportement des traitement 2 et 3 à l'opposer du traitement 1 quasiment nul sur cette dimension (confirmant les résultat précédent).

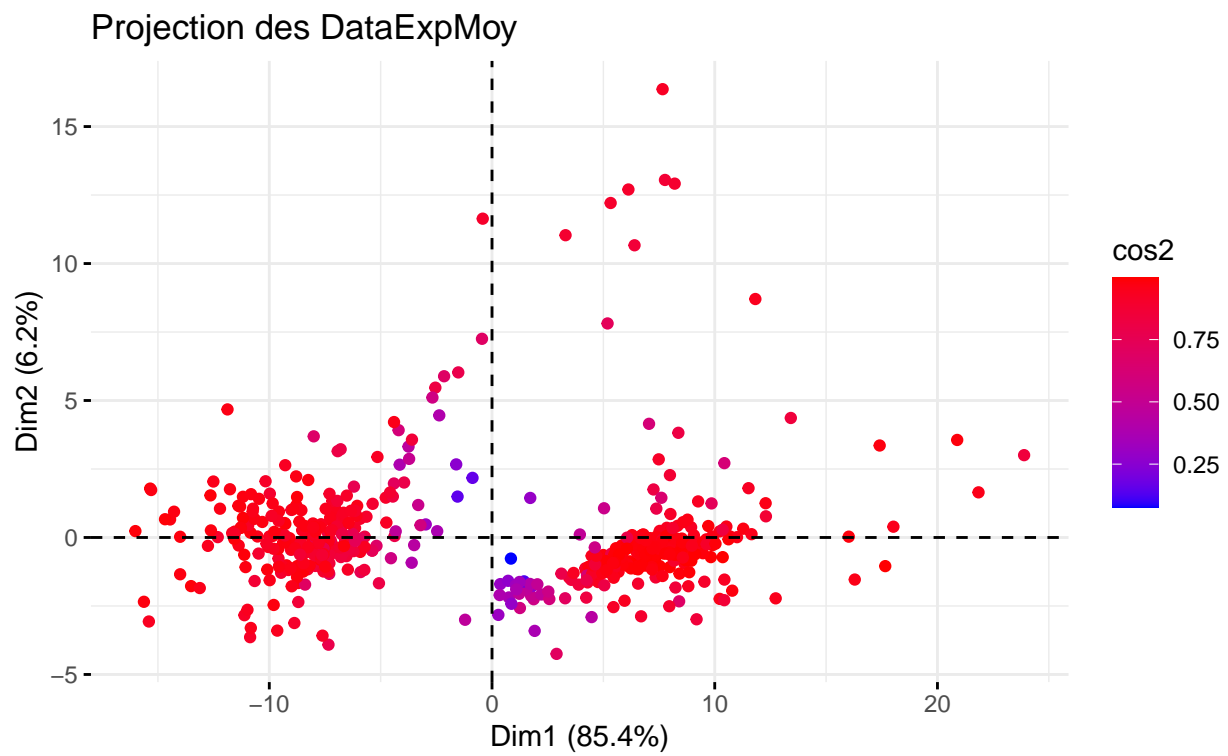
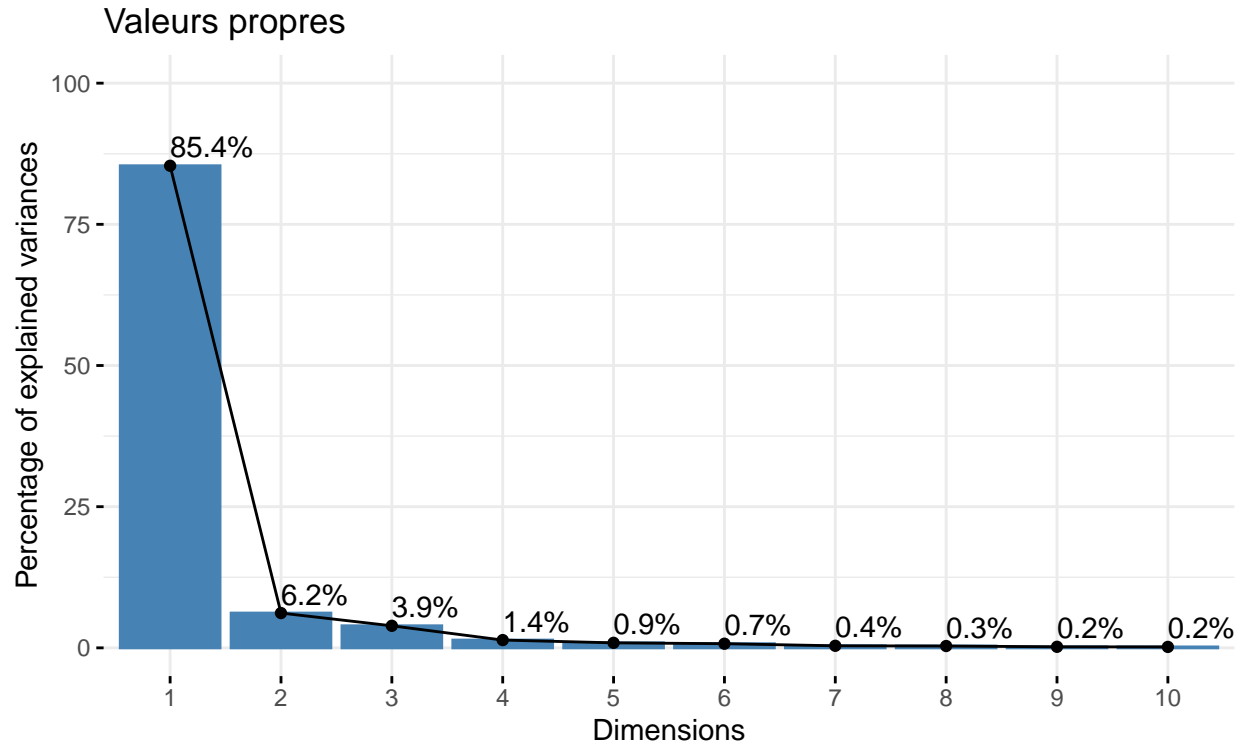


Figure 12: ACP de DataExpMoy

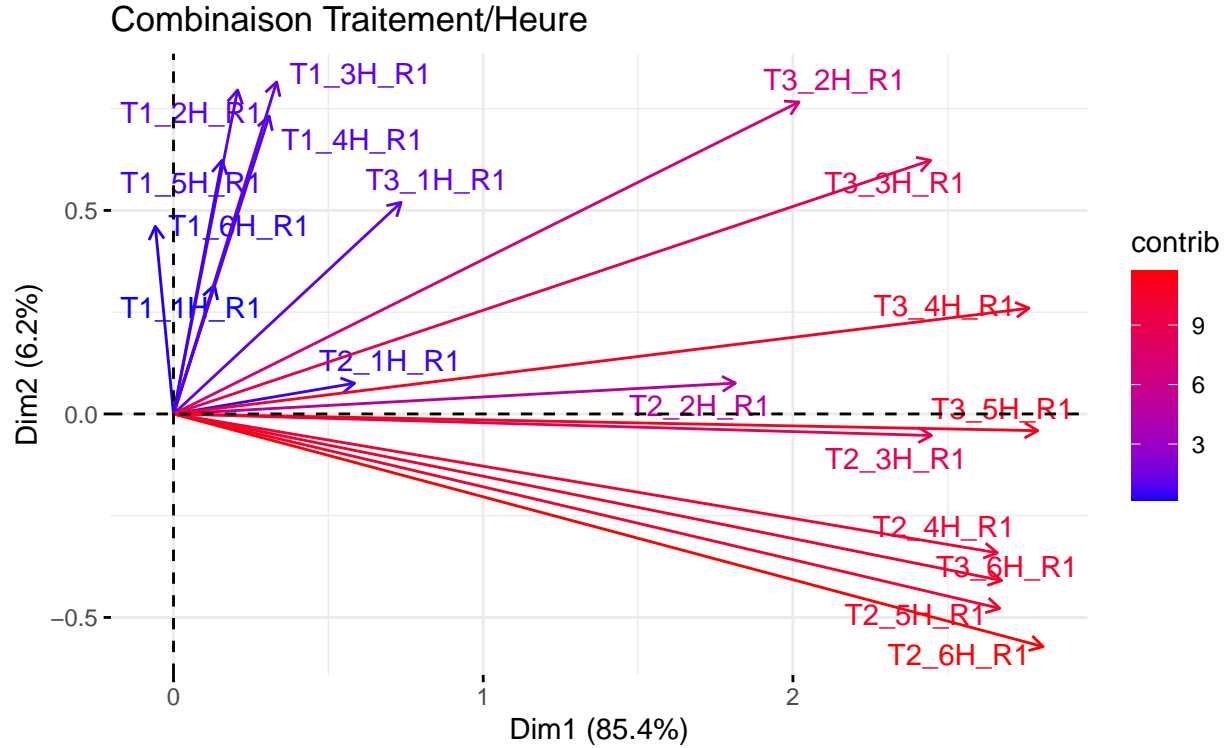


Figure 13: Projection des variable de l'ACP dans les dimension 1 et 2

5.2 Classification non supervisée (Clustering) de DataExpMoy

Lorsque l'on utilise un diagramme alluvial entre nos 6 clusters (figure 14) et les variables qualitatives ExpT1, ExpT2 et ExpT3 (figure 15). On remarque clairement une connexion et un lien entre ces données. Pour ExpT2 et ExpT3, encore une fois très similaires, on remarque que les clusters ExpMoy3 et ExpMoy6 sont liés avec la valeur "Sur". Ce qui signifie que les gènes appartenant à ces clusters montrent une forte surexpression dans les traitements T2 et T3. Ensuite, ExpMoy4 et ExpMoy5 et ExpMoy2 sont liés à "Sous". Ce qui indique que ces gènes sont sous-exprimés dans les traitements T2 et T3 à 6 heures. Enfin, ExpMoy2 est lié à "Non", Cela signifie que les traitements 2 et 3 sont inefficaces face à ses gènes. Pour ExpT1, la majorité des clusters sont liés à la classe "Non", ce qui signifie que le traitement 1 semble plutôt inefficace. Cependant, on remarque que ExpMoy2 est lié avec "Sur", ce qui montre l'efficacité de ce traitement pour ces gènes.

Cette analyse montre que si l'on arrive à relier un gène à un certain cluster alors on sait quelle traitement utiliser pour les gènes soient surexprimés. Si le gène appartient aux clusters ExpMoy3 ou ExpMoy6 alors il est préférable d'utiliser les traitements 2 ou 3. Si le gène appartient au cluster ExpMoy2 alors il est préférable d'utiliser le traitement 1. Si le gène appartient à ExpMoy4, il est préférable d'utiliser le traitement 1 car même si ce cluster est faiblement lié à "Sur", il s'agit du seul traitement qui peut avoir un effet positif ou nul sur le gène. Si le gène appartient au cluster ExpMoy1 ou ExpMoy5, il semble qu'aucun traitement ne puisse surexprimer le gène.

5.3 Classification non supervisée (Clustering) de ExpT

Ce clustering en deux classe visible sur la figure 16 nous permet de voir avec un peu plus de précision le comportement des trois traitement diviser en 2 grande classe avec une regroupant les gènes ayant une

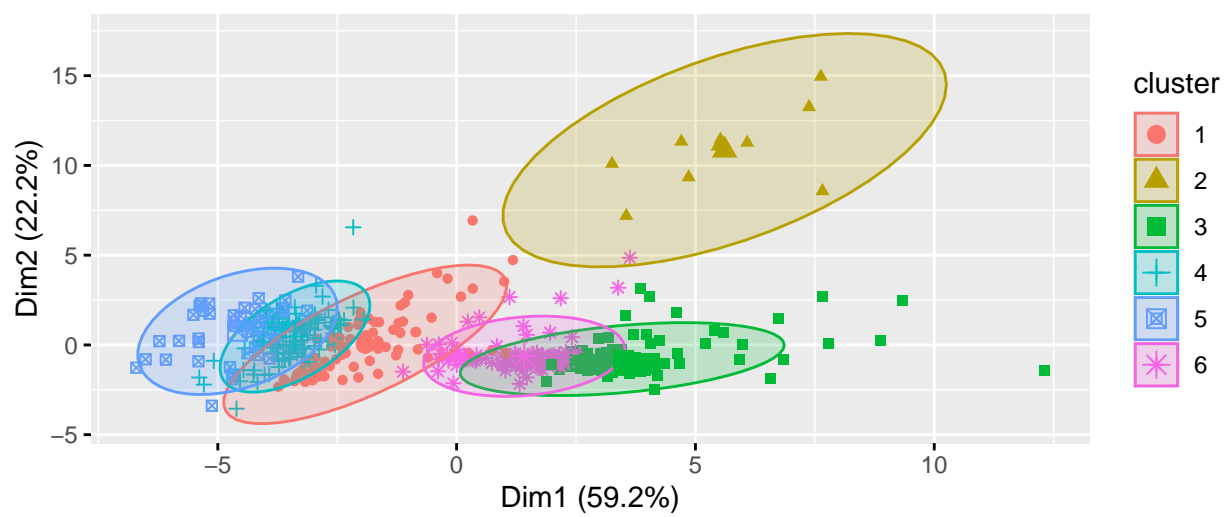
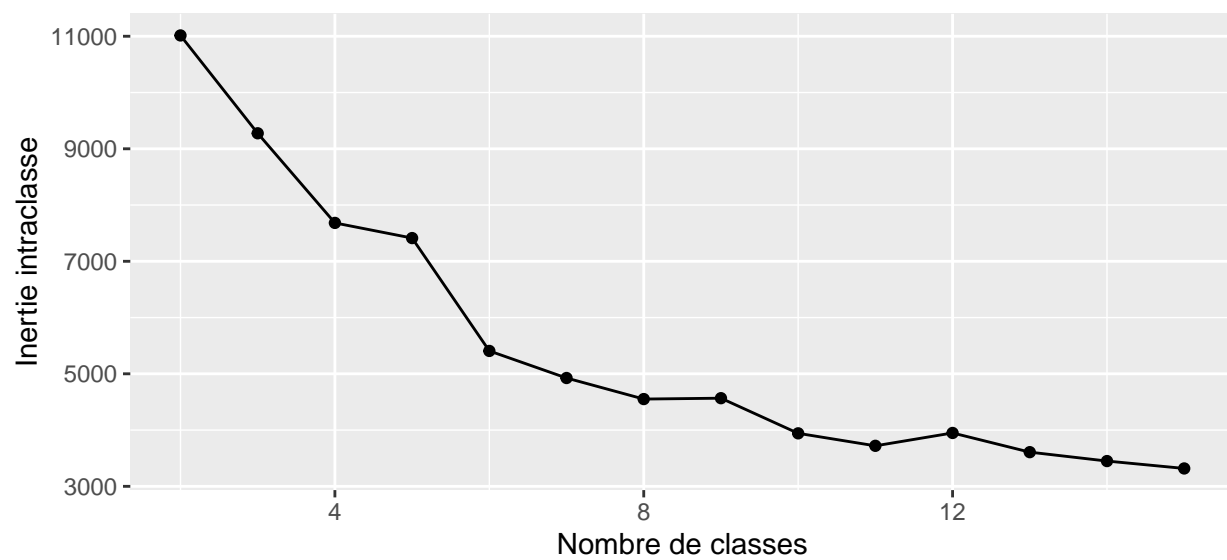


Figure 14: Clustering de DataExpMoy

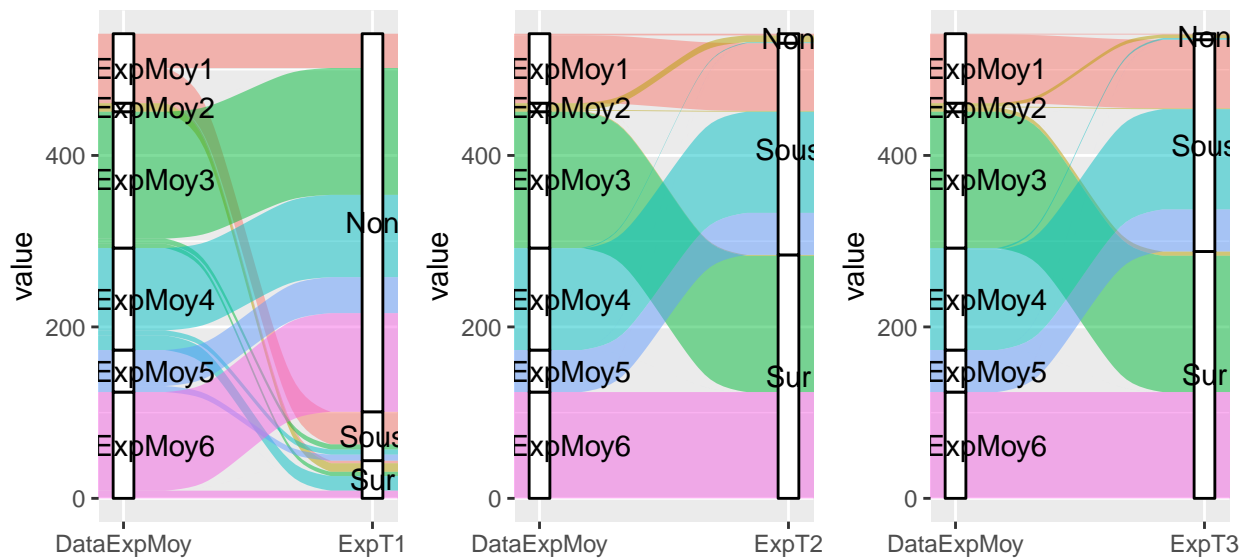


Figure 15: Alluvial diagram de la répartition des différents cluster en fonction des l'expression des gènes

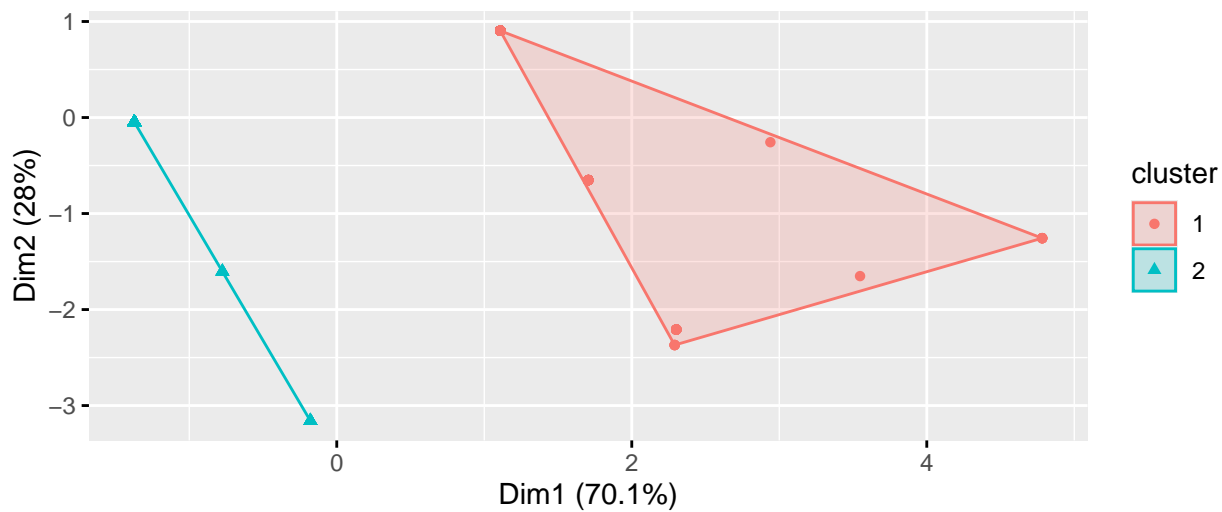


Figure 16: Cluster des gènes à partir des variable ExpT

expression au cours du temps suivant le comportement des traitement 2 et 3 et l'autre regroupant les gènes suivant le comportement du traitement 1.

6 Conclusion

Pour conclure