

# Projet Analyse de Donnée

FERRERE HOAREAU Anthony et CALLIS Guilhem

2024-12-26

## R Markdown

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

```
## Le chargement a nécessité le package : ggplot2
```

```
## '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" ...
```

##	T1_1H_R1	T1_2H_R1	T1_3H_R1	T1_4H_R1
##	Min. : -3.58436	Min. : -4.3034	Min. : -2.26607	Min. : -2.56731
##	1st Qu.: -0.22978	1st Qu.: -0.1404	1st Qu.: -0.28249	1st Qu.: -0.42895
##	Median : -0.03631	Median : 0.1420	Median : -0.05927	Median : 0.16867
##	Mean : -0.02951	Mean : 0.1767	Mean : 0.04103	Mean : 0.05281
##	3rd Qu.: 0.12204	3rd Qu.: 0.3904	3rd Qu.: 0.15839	3rd Qu.: 0.44483
##	Max. : 5.06654	Max. : 7.2821	Max. : 6.61788	Max. : 6.87671
##	T1_5H_R1	T1_6H_R1	T2_1H_R1	T2_2H_R1
##	Min. : -5.5106	Min. : -2.9759	Min. : -4.30401	Min. : -4.5825
##	1st Qu.: -0.4788	1st Qu.: -0.6124	1st Qu.: -0.43935	1st Qu.: -0.9932
##	Median : -0.1984	Median : -0.3724	Median : 0.13065	Median : 0.3289
##	Mean : -0.1585	Mean : -0.2416	Mean : 0.06039	Mean : 0.4714
##	3rd Qu.: 0.2077	3rd Qu.: 0.2413	3rd Qu.: 0.46011	3rd Qu.: 1.9464
##	Max. : 5.8582	Max. : 4.1009	Max. : 8.66345	Max. : 8.7483
##	T2_3H_R1	T2_4H_R1	T2_5H_R1	T2_6H_R1
##	Min. : -6.6293	Min. : -5.813548	Min. : -5.8017	Min. : -5.6784
##	1st Qu.: -2.0451	1st Qu.: -2.406108	1st Qu.: -2.4172	1st Qu.: -2.5552
##	Median : 0.3733	Median : 0.008421	Median : 0.7556	Median : 1.8857
##	Mean : 0.3805	Mean : 0.197409	Mean : 0.1521	Mean : 0.2313
##	3rd Qu.: 2.7644	3rd Qu.: 2.699218	3rd Qu.: 2.5236	3rd Qu.: 2.7235
##	Max. : 8.9881	Max. : 7.503939	Max. : 7.0606	Max. : 8.8815
##	T3_1H_R1	T3_2H_R1	T3_3H_R1	T3_4H_R1
##	Min. : -2.9561	Min. : -4.9884	Min. : -5.8280	Min. : -6.0789
##	1st Qu.: -0.4409	1st Qu.: -1.1066	1st Qu.: -1.5925	1st Qu.: -2.4930
##	Median : 0.1573	Median : 0.6914	Median : 0.9585	Median : 0.9982
##	Mean : 0.1714	Mean : 0.5878	Mean : 0.6387	Mean : 0.2736
##	3rd Qu.: 0.6673	3rd Qu.: 2.3016	3rd Qu.: 2.7533	3rd Qu.: 2.7854
##	Max. : 8.6849	Max. : 8.6560	Max. : 8.0950	Max. : 7.0103
##	T3_5H_R1	T3_6H_R1	T1_1H_R2	T1_2H_R2
##	Min. : -6.910	Min. : -4.7625	Min. : -2.11580	Min. : -2.75004
##	1st Qu.: -2.487	1st Qu.: -2.0911	1st Qu.: -0.28225	1st Qu.: -0.27271
##	Median : 1.156	Median : 1.8690	Median : -0.02432	Median : -0.04075
##	Mean : 0.258	Mean : 0.3913	Mean : -0.04445	Mean : 0.10717
##	3rd Qu.: 2.709	3rd Qu.: 2.4879	3rd Qu.: 0.15670	3rd Qu.: 0.25383
##	Max. : 6.529	Max. : 8.6398	Max. : 4.70943	Max. : 7.03638
##	T1_3H_R2	T1_4H_R2	T1_5H_R2	T1_6H_R2
##	Min. : -3.2539	Min. : -3.50770	Min. : -3.3307	Min. : -2.4863
##	1st Qu.: -0.1229	1st Qu.: -0.51001	1st Qu.: -0.6437	1st Qu.: -0.9686
##	Median : 0.2674	Median : -0.27091	Median : -0.3845	Median : -0.7215
##	Mean : 0.3033	Mean : -0.02457	Mean : -0.2410	Mean : -0.3082
##	3rd Qu.: 0.5068	3rd Qu.: 0.27652	3rd Qu.: 0.1442	3rd Qu.: 0.5814
##	Max. : 7.1995	Max. : 6.52284	Max. : 5.2469	Max. : 3.9054
##	T2_1H_R2	T2_2H_R2	T2_3H_R2	T2_4H_R2
##	Min. : -2.38587	Min. : -5.8266	Min. : -4.6135	Min. : -6.4553
##	1st Qu.: -0.48477	1st Qu.: -1.2309	1st Qu.: -1.4511	1st Qu.: -2.3416
##	Median : 0.03105	Median : 0.6644	Median : 0.5351	Median : 0.5323
##	Mean : 0.08932	Mean : 0.4684	Mean : 0.5999	Mean : 0.1279
##	3rd Qu.: 0.61495	3rd Qu.: 2.1298	3rd Qu.: 2.5954	3rd Qu.: 2.4618

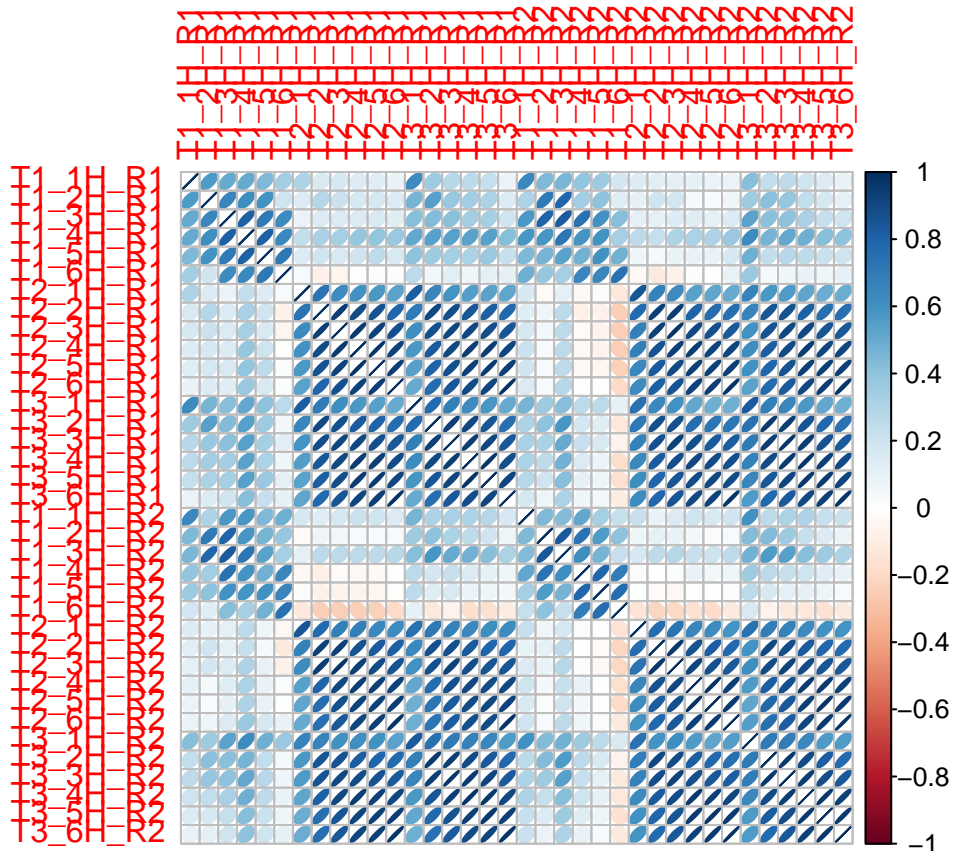
```

## Max. : 8.59820 Max. : 8.8928 Max. : 8.4956 Max. : 8.0010
## T2_5H_R2 T2_6H_R2 T3_1H_R2 T3_2H_R2
## Min. : -6.1685 Min. : -6.2234 Min. : -3.22436 Min. : -6.0944
## 1st Qu.: -2.4058 1st Qu.: -2.6251 1st Qu.: -0.61705 1st Qu.: -1.3567
## Median : 1.0892 Median : 2.0014 Median : 0.07589 Median : 0.7670
## Mean : 0.1411 Mean : 0.1572 Mean : 0.11618 Mean : 0.5725
## 3rd Qu.: 2.5033 3rd Qu.: 2.5375 3rd Qu.: 0.76673 3rd Qu.: 2.3150
## Max. : 7.4521 Max. : 8.7777 Max. : 8.77729 Max. : 8.6354
## T3_3H_R2 T3_4H_R2 T3_5H_R2 T3_6H_R2
## Min. : -6.0135 Min. : -6.0345 Min. : -6.8294 Min. : -7.24672
## 1st Qu.: -1.8079 1st Qu.: -2.2277 1st Qu.: -2.5646 1st Qu.: -2.80051
## Median : 1.1183 Median : 1.1769 Median : 1.6539 Median : 1.92082
## Mean : 0.5828 Mean : 0.3157 Mean : 0.1338 Mean : 0.05484
## 3rd Qu.: 2.8892 3rd Qu.: 2.6455 3rd Qu.: 2.5664 3rd Qu.: 2.46450
## Max. : 8.2637 Max. : 7.4777 Max. : 6.9137 Max. : 8.69285
## ExpT1 ExpT2 ExpT3
## Non : 441 Non : 11 Non : 7
## Sous: 57 Sous: 247 Sous: 247
## Sur : 44 Sur : 284 Sur : 288
##
##
##

```

```
## Le chargement a nécessité le package : corrplot
```

```
## corrplot 0.95 loaded
```

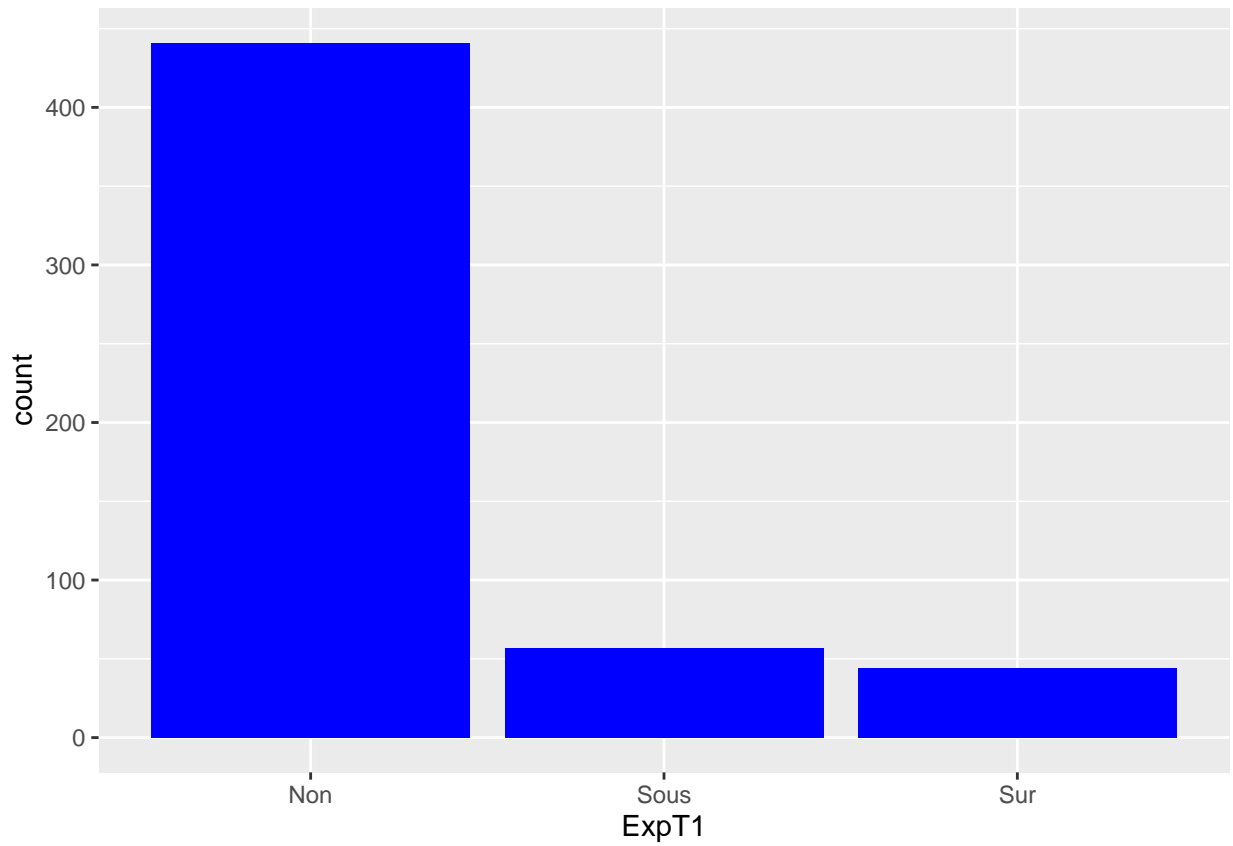


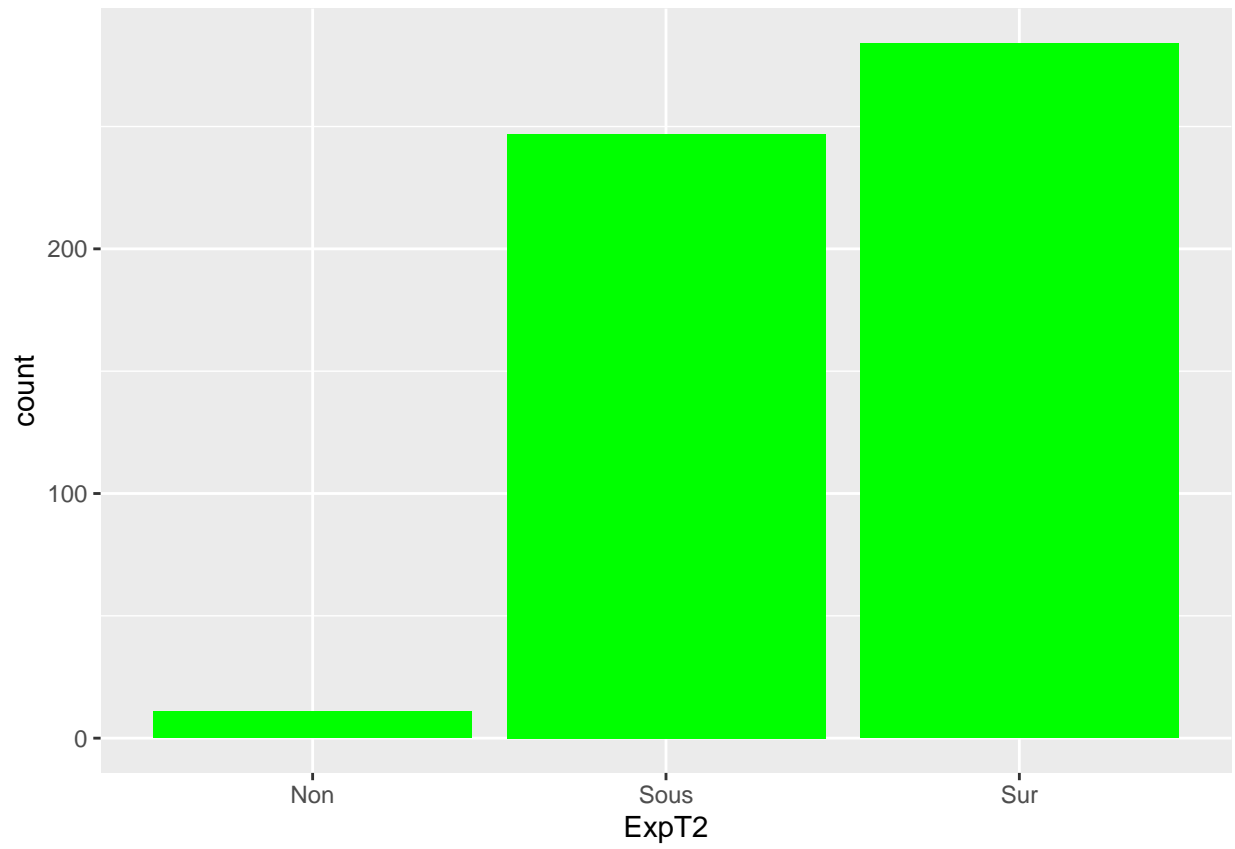
Faites une analyse uni-dimensionnelle et bi-dimensionnelle du jeu de données. Certaines variables sont-elles liées ? Une attention particulière sera portée sur le choix des représentations, et sur l'interprétation des résultats présentés. (Voilà ce que j'ai fait pour l'analyse uni-dimensionnelle. Je vais essayer de tout regrouper dans un seul graphe (je n'y arrive pas pour l'instant mais je vais continuer à essayer))

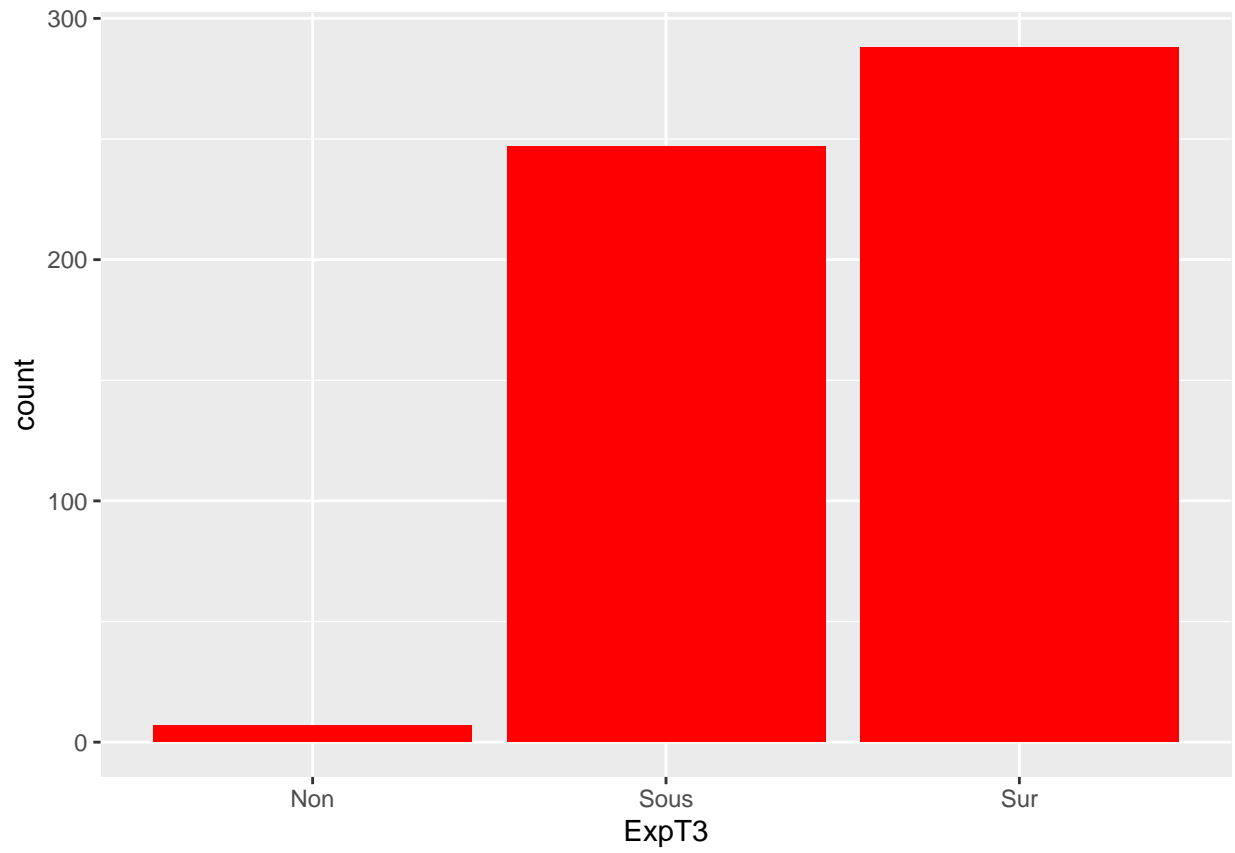
```
## Le chargement a nécessité le package : grid
```

```
## Le chargement a nécessité le package : gridExtra
```

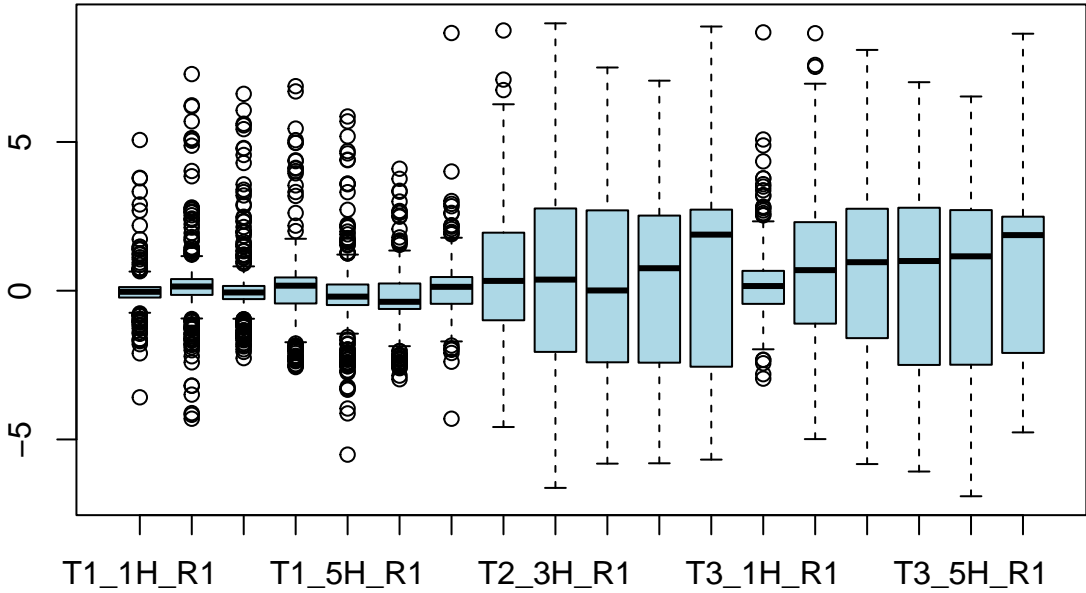
```
## Le chargement a nécessité le package : lattice
```



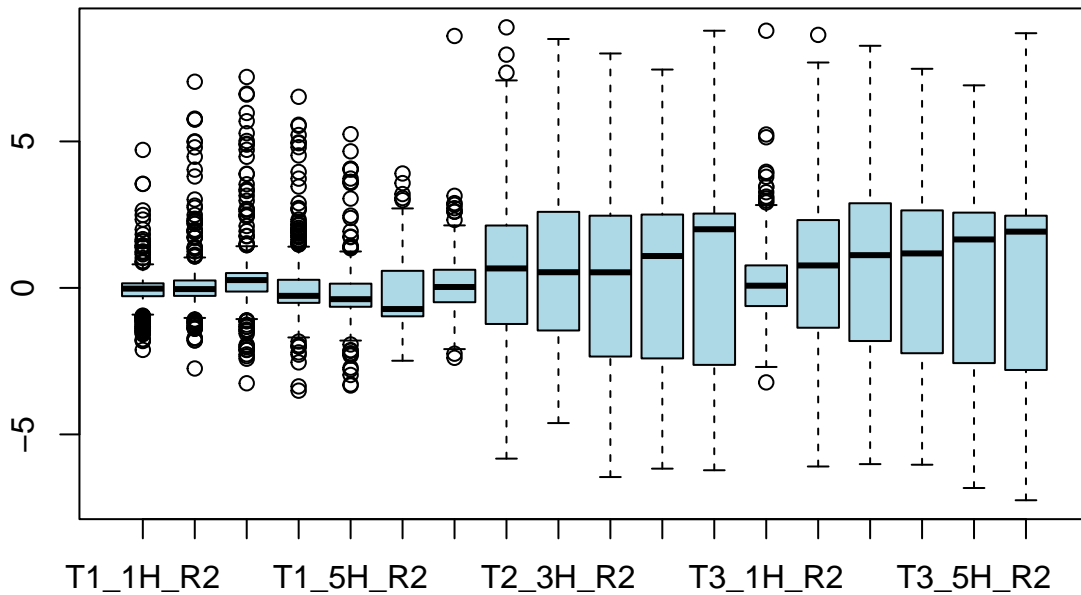




Expression sous T1



## Expression sous T1



Interprétation des Résultats (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, 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. Premièrement, on remarque que les distributions des valeurs d'expression pour R1 et R2 sont remarquablement similaires. Cela indique 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.

Menez une analyse en composantes principales où les Tt sH Rr sont les individus d'écrits par les gènes.

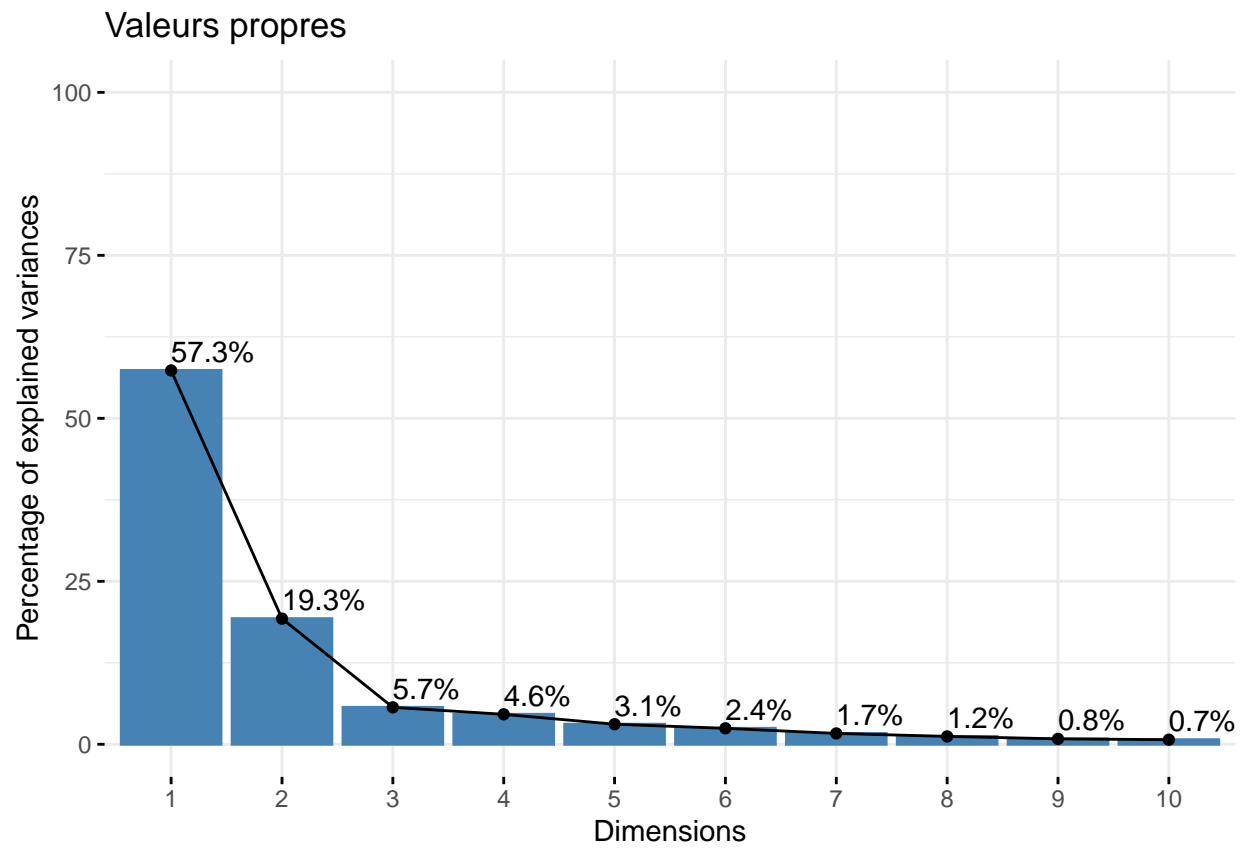
## Le chargement a nécessité le package : FactoMineR

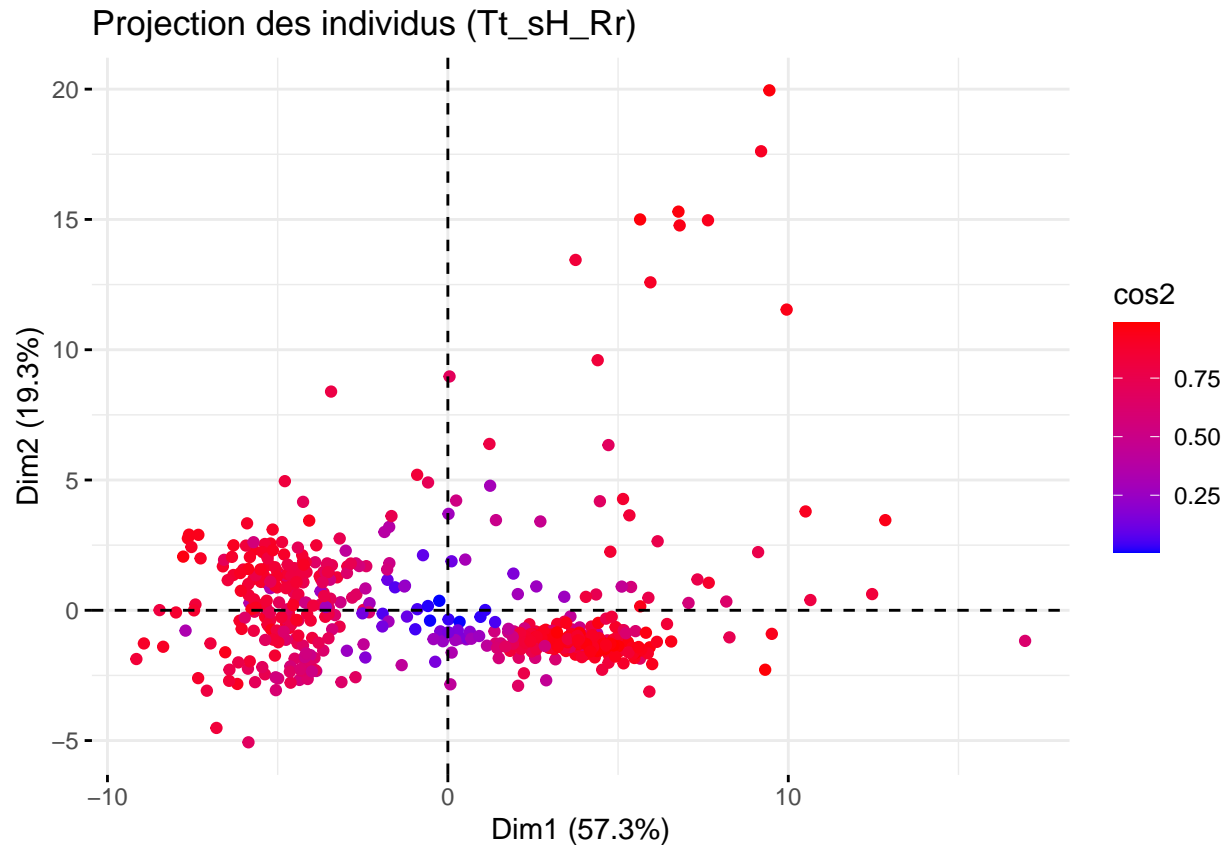
## Le chargement a nécessité le package : factoextra



## Welcome! Want to learn more? See two factoextra-related books at <https://goo.gl/ve3WBa>

##	eigenvalue	percentage of variance	cumulative percentage of variance
## comp 1	20.643727183	57.34368662	57.34369
## comp 2	6.938281435	19.27300398	76.61669
## comp 3	2.041274447	5.67020680	82.28690
## comp 4	1.656135505	4.60037640	86.88727
## comp 5	1.109348959	3.08152489	89.96880
## comp 6	0.881791877	2.44942188	92.41822
## comp 7	0.599431245	1.66508679	94.08331
## comp 8	0.436409980	1.21224994	95.29556
## comp 9	0.300326182	0.83423939	96.12980
## comp 10	0.254557652	0.70710459	96.83690
## comp 11	0.195646575	0.54346271	97.38036
## comp 12	0.114623243	0.31839790	97.69876
## comp 13	0.113438274	0.31510632	98.01387
## comp 14	0.098934866	0.27481907	98.28869
## comp 15	0.084015374	0.23337604	98.52206
## comp 16	0.075403512	0.20945420	98.73152
## comp 17	0.068914101	0.19142806	98.92295
## comp 18	0.060357899	0.16766083	99.09061
## comp 19	0.056624240	0.15728956	99.24790
## comp 20	0.045538131	0.12649481	99.37439
## comp 21	0.037080890	0.10300247	99.47739
## comp 22	0.032099053	0.08916404	99.56656
## comp 23	0.026356683	0.07321301	99.63977
## comp 24	0.021809019	0.06058061	99.70035
## comp 25	0.015239265	0.04233129	99.74268
## comp 26	0.014299054	0.03971959	99.78240
## comp 27	0.011721521	0.03255978	99.81496
## comp 28	0.010954844	0.03043012	99.84539
## comp 29	0.009729805	0.02702724	99.87242
## comp 30	0.009492364	0.02636768	99.89879
## comp 31	0.008089909	0.02247197	99.92126
## comp 32	0.006904142	0.01917817	99.94044
## comp 33	0.006571646	0.01825457	99.95869
## comp 34	0.005669160	0.01574767	99.97444
## comp 35	0.004995223	0.01387562	99.98831
## comp 36	0.004206745	0.01168540	100.00000





Faites une classification non supervisée (clustering) de ces données afin de regrouper les Tt sH Rr. en plusieurs classes homogènes.

```
if (!require("forcats")) install.packages("forcats")
if (!require("ggplot2")) install.packages("ggplot2")
if (!require("corrplot")) install.packages("corrplot")
if (!require("FactoMineR")) install.packages("FactoMineR")
if (!require("factoextra")) install.packages("factoextra")
if (!require("mclust")) install.packages("mclust")
if (!require("cluster")) install.packages("cluster")
if (!require("ppclust")) install.packages("ppclust")
if (!require("circlize")) install.packages("circlize")
if (!require("ggalluvial")) install.packages("ggalluvial")
library(forcats)
library(ggplot2)
library(corrplot)
library(reshape2)

library(FactoMineR)
library(factoextra)

library(mclust)
library(cluster)
library(ppclust)

library(circlize)
```

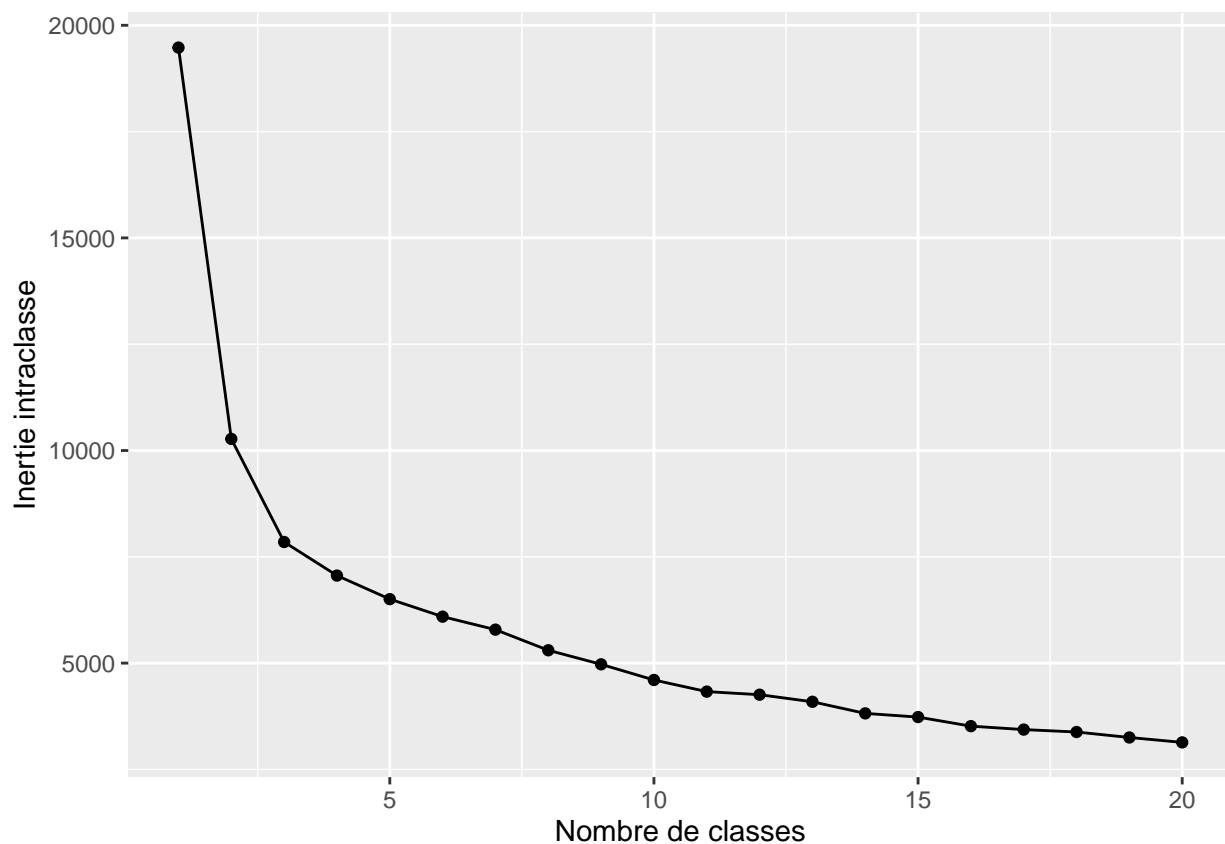
```
library(ggalluvial)

# Maintenant que l'ACP a été effectuée, on fait un clustering des classes à l'aide de la méthode K-means.

# Avant de débiter le clustering avec la méthode K-means, il faut déterminer le nombre de classes.

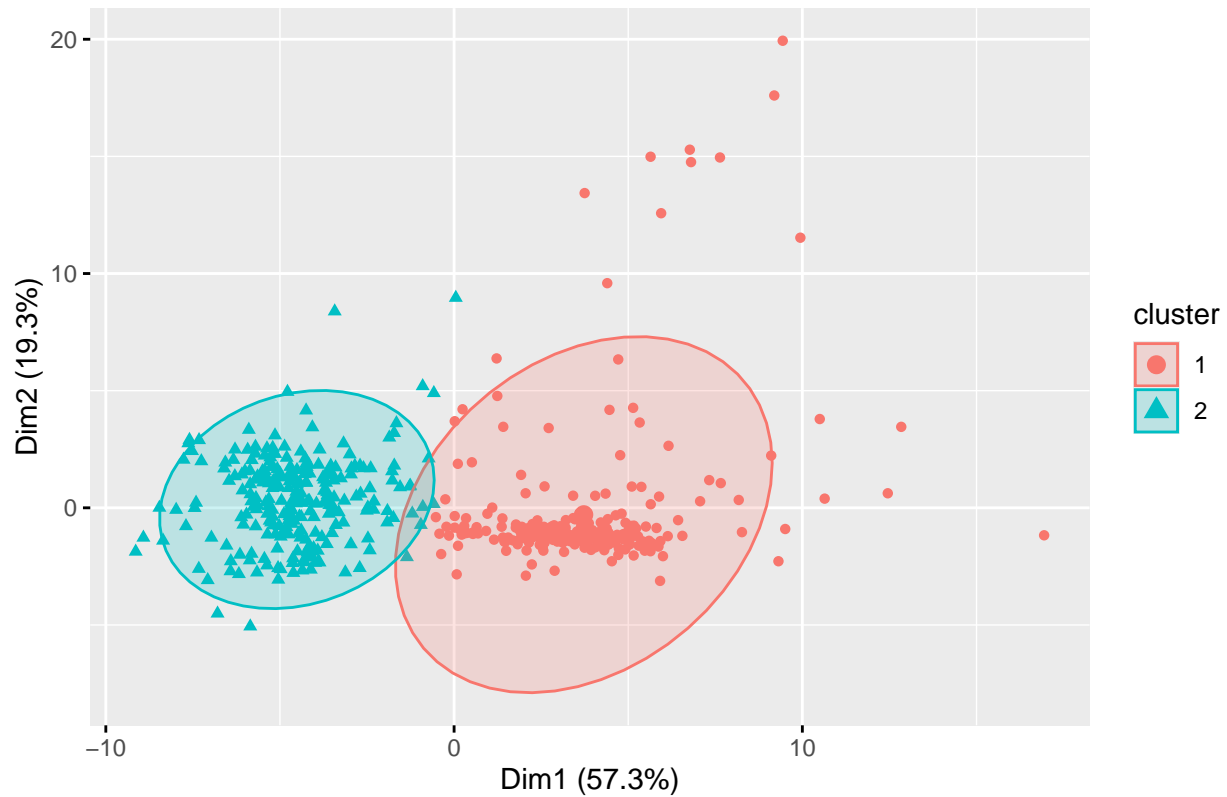
Kmax<-20
reskmeanscl<-matrix(0,nrow=nrow(DataBio),ncol=Kmax-1)
lintra<-NULL
for (k in 1:Kmax){
  resaux<-kmeans(DataBioCR,centers=k)
  reskmeanscl[,k-1]<-resaux$cluster
  lintra<-c(lintra,resaux$tot.withinss) # tot.withinss correspond à la somme des composantes au carré d
}

df<-data.frame(K=1:20,lintra=lintra)
ggplot(df,aes(x=K,y=lintra))+
  geom_line()+
  geom_point()+
  xlab("Nombre de classes")+
  ylab("Inertie intraclasse")
```



```
# Avec cette méthode, on dirait que le coude correspond lorsque le nombre de classes est de 2.
# On va alors utiliser 2 classes pour la méthode des K-means.
```

```
reskmeans<-kmeans(DataBioCR,centers = 2)
fviz_cluster(reskmeans,data=Tt_sH_Rr,
  ellipse.type="norm",labelsize=8,
  geom=c("point"))+ggtitle("")
```



```
#fviz_pca_ind(resacp,col.ind=as.factor(reskmeans$cluster),geom = c("point"),axes=c(1,2))
```

*# A présent, on va essayer une autre méthode, la méthode hiérarchique.*

*# D'une part, on fait le calcul de la matrice de distances*

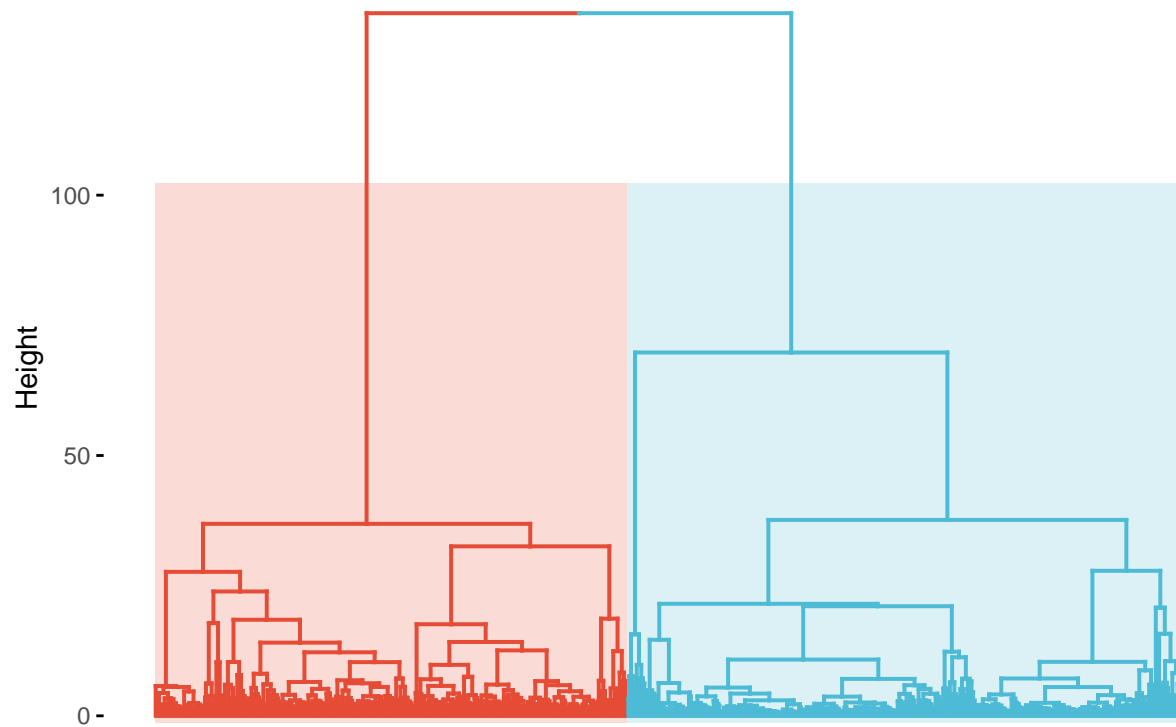
```
dist_matrix <- dist(DataBioCR, method = "euclidean")
```

*# Clustering hiérarchique avec la méthode de liaison "ward.D2", on peut aussi faire avec "single", "com*

```
hc <- hclust(dist_matrix, method = "ward.D2")
```

*# Afficher le dendrogramme*

```
fviz_dend(hc,k=2,show_labels = FALSE,
  rect = TRUE, rect_fill = TRUE,palette = "npg",
  rect_border = "npg",
  labels_track_height = 0.8)+ggtitle("")
```



```
# (Le temps de chargement est plutôt long, C'est NORMAL)
```

Préliminairement, construisez un jeu de données `DataExpMoy` contenant la moyenne des expressions sur les réplicats de chaque gène, pour chaque traitement et chaque heure. `DataExpMoy` est donc une matrice de taille  $G \times 18$ . Vous pourrez utiliser les variables `ExpT1`, `ExpT2` et `ExpT3` pour commenter vos résultats des questions suivantes.

Menez une analyse en composantes principales pour les gènes à partir du jeu de données `DataExpMoy`.

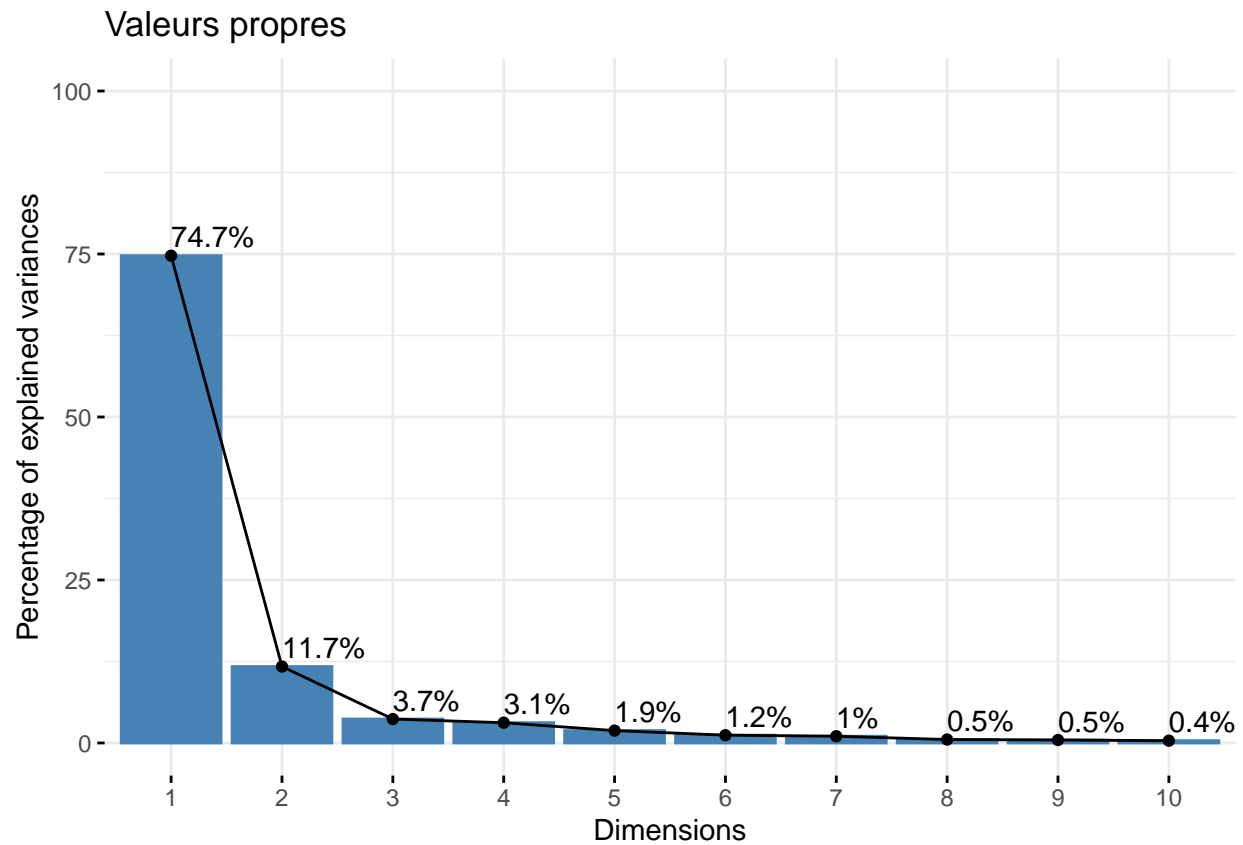
```
## [1] 542 18
```

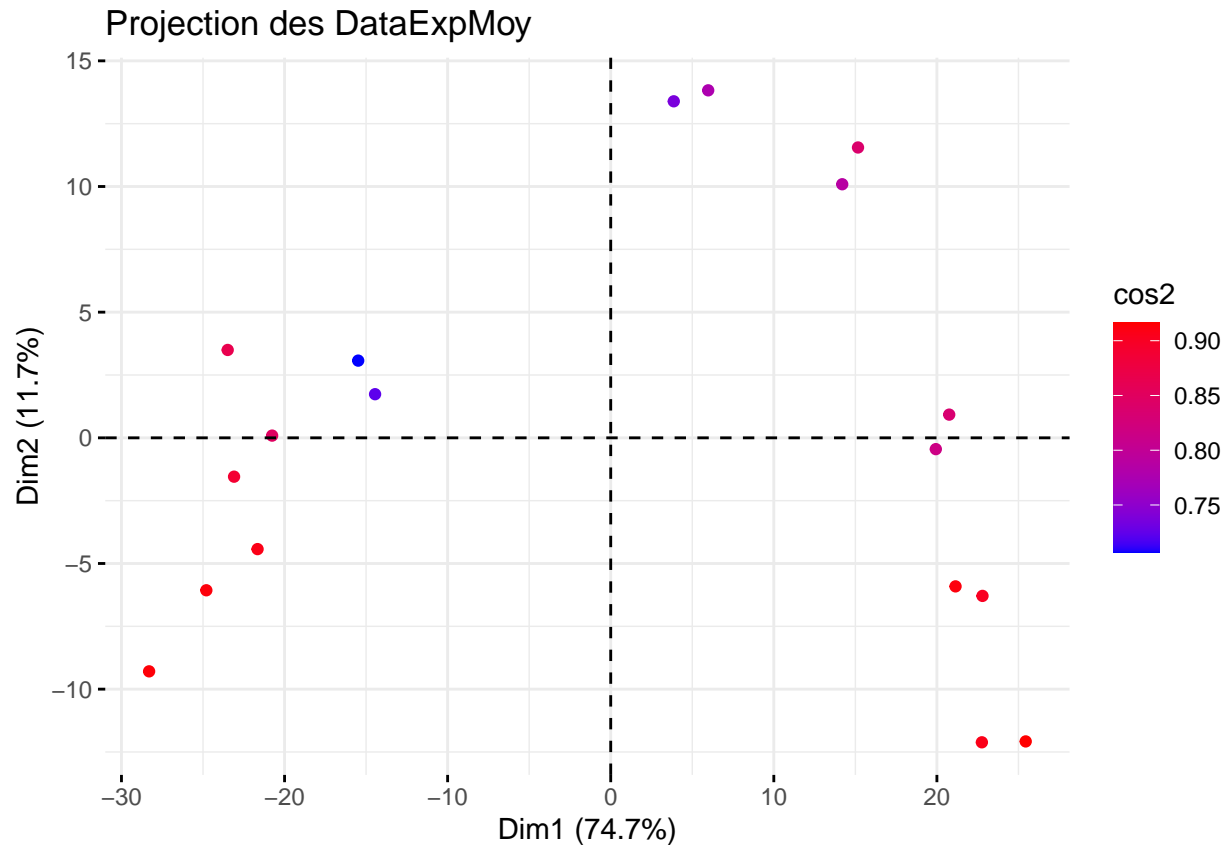
```
## Warning in mean.default(DataExpMoy_full[DataExpMoy_full$ExpT1 == "Sur", :  
## l'argument n'est ni numérique, ni logique : renvoi de NA
```

```
## [1] NA
```

```
##      eigenvalue percentage of variance cumulative percentage of variance  
## comp 1 405.0981814      74.74136189      74.74136  
## comp 2  63.5464399      11.72443541      86.46580  
## comp 3  19.8878459       3.66934427      90.13514  
## comp 4  16.8479751       3.10848248      93.24362  
## comp 5  10.2927617       1.89903352      95.14266  
## comp 6   6.4759341       1.19482180      96.33748  
## comp 7   5.5998433       1.03318142      97.37066  
## comp 8   2.8740502       0.53026756      97.90093
```

## comp 9	2.4754020	0.45671624	98.35764
## comp 10	1.9014013	0.35081205	98.70846
## comp 11	1.6037165	0.29588865	99.00435
## comp 12	1.4238320	0.26269962	99.26704
## comp 13	1.1833848	0.21833668	99.48538
## comp 14	0.9911234	0.18286410	99.66825
## comp 15	0.7400607	0.13654256	99.80479
## comp 16	0.5887171	0.10861938	99.91341
## comp 17	0.4693307	0.08659237	100.00000





Faites une classification non supervisée (clustering) des gènes à partir de leur expression (DataExpMoy) afin d'obtenir des classes de gènes homogènes (ayant la même évolution d'expression).

```
if (!require("forcats")) install.packages("forcats")
if (!require("ggplot2")) install.packages("ggplot2")
if (!require("corrplot")) install.packages("corrplot")
if (!require("FactoMineR")) install.packages("FactoMineR")
if (!require("factoextra")) install.packages("factoextra")
if (!require("mclust")) install.packages("mclust")
if (!require("cluster")) install.packages("cluster")
if (!require("ppclust")) install.packages("ppclust")
if (!require("circlize")) install.packages("circlize")
if (!require("ggalluvial")) install.packages("ggalluvial")
library(forcats)
library(ggplot2)
library(corrplot)
library(reshape2)

library(FactoMineR)
library(factoextra)

library(mclust)
library(cluster)
library(ppclust)

library(circlize)
```



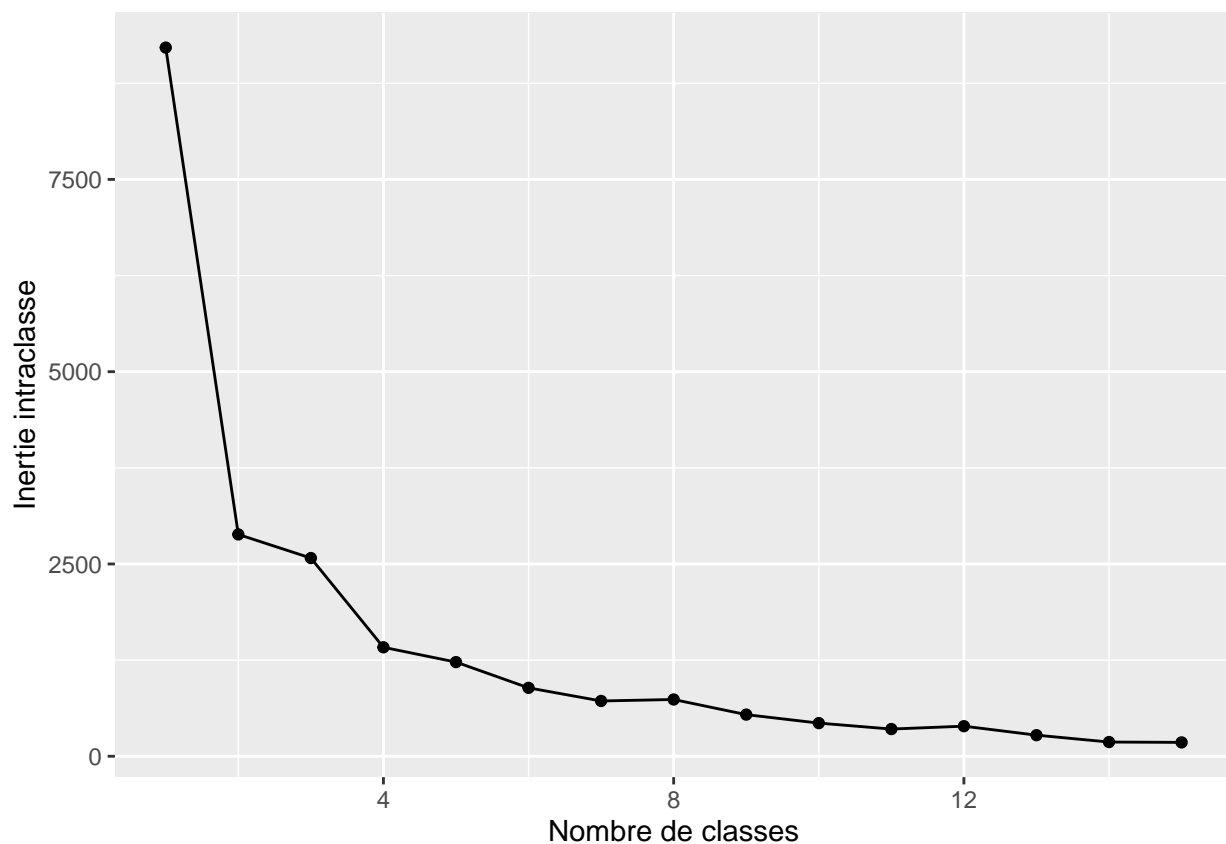
```
library(ggalluvial)

# Maintenant que l'ACP a été effectuée, on fait un clustering des classes à l'aide de la méthode K-means.

# Avant de débiter le clustering avec la méthode K-means, il faut déterminer le nombre de classes.

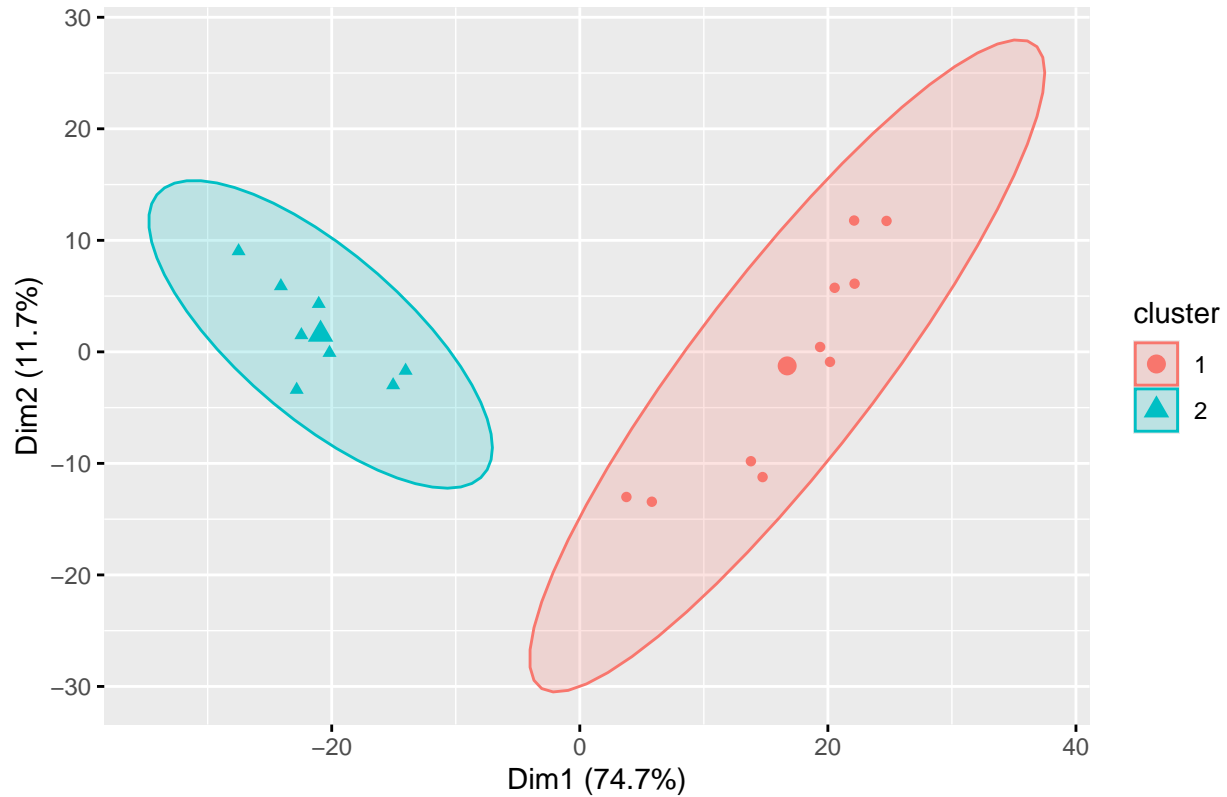
Kmax<-15
reskmeanscl<-matrix(0,nrow=nrow(DataExpMoyCR),ncol=Kmax-1)
lintra<-NULL
for (k in 1:Kmax){
  resaux<-kmeans(DataExpMoyCR,centers=k)
  reskmeanscl[,k-1]<-resaux$cluster
  lintra<-c(lintra,resaux$tot.withinss) # tot.withinss correspond à la somme des composantes au carré d
}

df<-data.frame(K=1:15,lintra=lintra)
ggplot(df,aes(x=K,y=lintra))+
  geom_line()+
  geom_point()+
  xlab("Nombre de classes")+
  ylab("Inertie intraclasse")
```



```
# Avec cette méthode, on dirait que le coude correspond lorsque le nombre de classes est de 2.
# On va alors utiliser 2 classes pour la méthode des K-means.
```

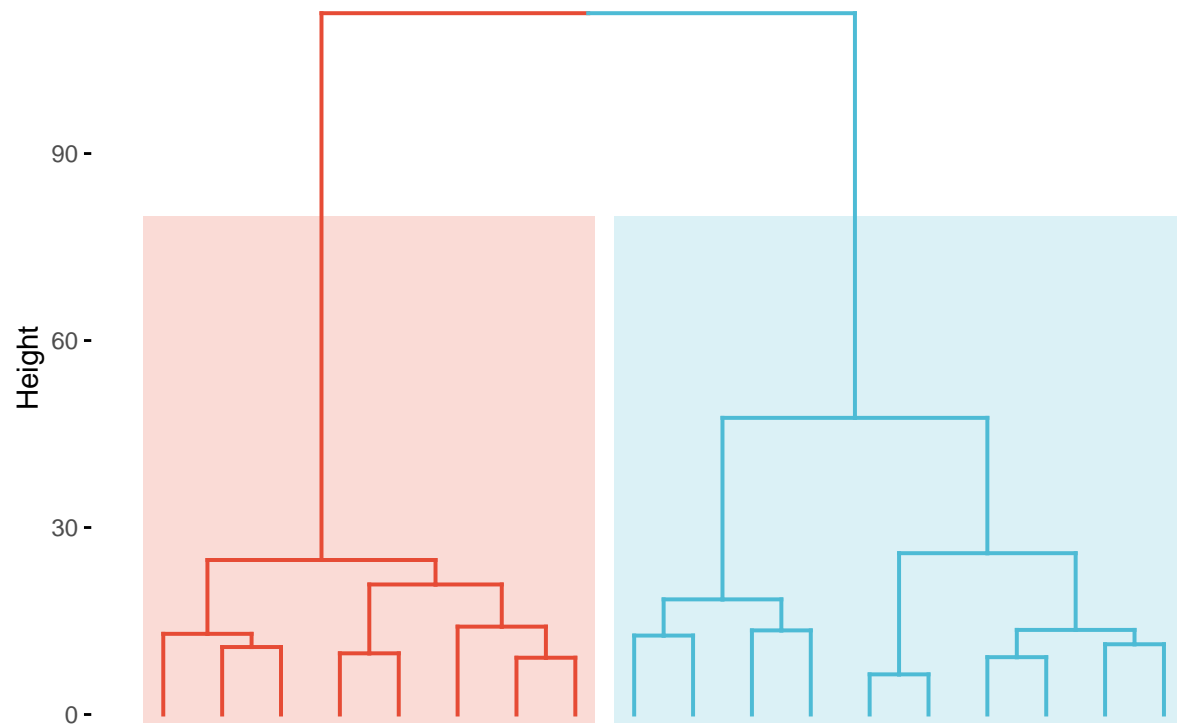
```
ExpMoykmeans<-kmeans(DataExpMoyCR,centers = 2)
fviz_cluster(ExpMoykmeans,data=DataExpMoyCR,ellipse.type="norm",labelsize=8,geom=c("point"))+ggtitle("")
```



```
#fviz_pca_ind(resacp,col.ind=as.factor(ExpMoykmean$cluster),geom = c("point"),axes=c(1,2))

# A présent, on va essayer une autre méthode, la méthode hiérarchique.

# D'une part, on fait le calcul de la matrice de distances
dist_matrix_ExpMoy <- dist(DataExpMoyCR, method = "euclidean")
# Clustering hiérarchique avec la méthode de liaison "ward.D2", on peut aussi faire avec "single", "complete"
hc_ExpMoy <- hclust(dist_matrix_ExpMoy, method = "ward.D2")
# Afficher le dendrogramme
fviz_dend(hc_ExpMoy,k=2,show_labels = FALSE,
rect = TRUE, rect_fill = TRUE,palette = "npg",
rect_border = "npg",
labels_track_height = 0.8)+ggtitle("")
```



*# (Le temps de chargement est plutôt long)*

Faites une classification non supervisée (clustering) des gènes à partir des variables ExpT1, ExpT2 et ExpT3. Comparez avec les résultats de la question précédente.