Projet de science des données Fertility data set UCI

Autrices: ASSI Dima & Houda EL AJI INFO5-Polytech Grenoble

1. Motivation et positionnement du projet

Plusieurs études scientifiques récentes ont noté que la qualité du sperme masculin diminue considérablement en raison du mode de vie et des facteurs environnementaux. Le diagnostic de la qualité du sperme est un aspect important de l'identification du potentiel du sperme pour évaluer la fertilité au sein d'un couple. En raison des progrès des algorithmes d'apprentissage automatique, en particulier de la précision de classification fiable et élevée de la science des données dans différents problèmes de la vie quotidienne, il devient possible de prédire cette qualité à partir des données sur le mode de vie. À cet égard, nous avons procédé par une analyse descriptive et globale, une classification non supervisée et une classification supervisée pour un jeu de données.

Les données utilisées dans cette étude sont collectées à partir du référentiel de données UCI: Fertility Data Set.

Il s'agit de cent (100) volontaires fournissent un échantillon de sperme analysé selon les critères OMS 2010. De ce fait, la base de donnée contient 100 individus (lignes) et 10 attributs qui se présente comme le suivant :

- Saison au cours de laquelle l'analyse a été effectuée.
 - 1) hiver: -1
 - 2) printemps : -0.33
 - 3) été : 0.33
 - 4) automne : -1
- 2. Âge au moment de l'analyse : 18-36 (0, 1)
- 3. Maladies infantiles (c.-à-d. Varicelle, rougeole, oreillons, polio)
 - 1) oui 0
 - 2) non 1
- 4. Accident ou traumatisme grave
 - 1) oui: 0
 - 2) non :1
- 5. Intervention chirurgicale
 - 1) oui : 0
 - 2) non: 1

- 6. Fièvres élevées l'année dernière :
 - 1) il y a moins de trois mois : -1
 - 2) il y a plus de trois mois : 0
 - 3) non: 1
- 7. Fréquence de la consommation d'alcool : varie en (0, 1)
 - 1) plusieurs fois par jour
 - 2) tous les jours
 - 3) plusieurs fois par semaine
 - 4) une fois par semaine
 - 5) presque jamais ou jamais
- 8. Fumer:
 - 1) jamais : -1
 - 2) occasionnellement: 0
 - 3) tous les jours. 1
- 9. Nombre d'heures passées assis par jour: varie entre 1-16 (0, 1)
- 10. Sortie: Diagnostic
 - normal (N)
 - modifié (O)

2. Analyse descriptive

2.1 Exploration des données

Tout d'abord, nous commençons par faire une exploration des données obtenue par cette étude pour avoir une vue générale de nos individus et leurs habitudes.

En regardant les histogrammes ci-dessous on remarque que la grande majorité des individus ne consomment pas l'alcool fréquemment (cf. Figure 1).

En plus, une grande majorité des individus ~80 passe entre 0 et 8 heure assis durant leur journée(cf. Figure 2).

Et dans le 3ème histogramme, l'âge des individus est entre 0.5 et 1 c'est à dire varie entre 18 et 36 avec la majorité des individus sont âgés entre 18 et 27 ans (cf. Figure 3).

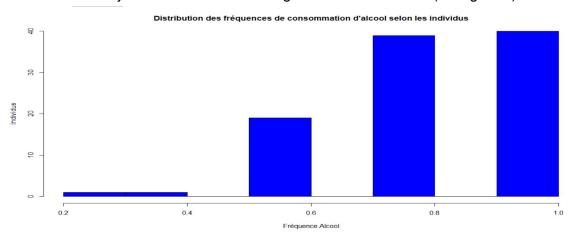


Figure 1. Nombre des individus en fonction de la fréquence de consommation d'alcool

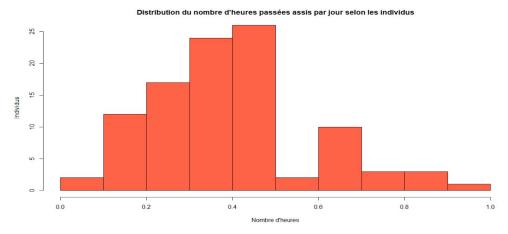


Figure 2. Nombre d'individus en fonction de nombre d'heures passée assis pas jour

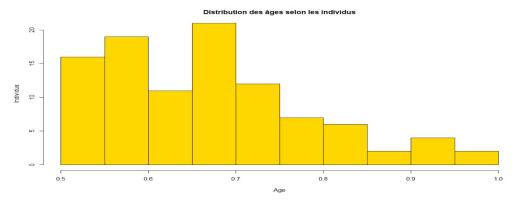
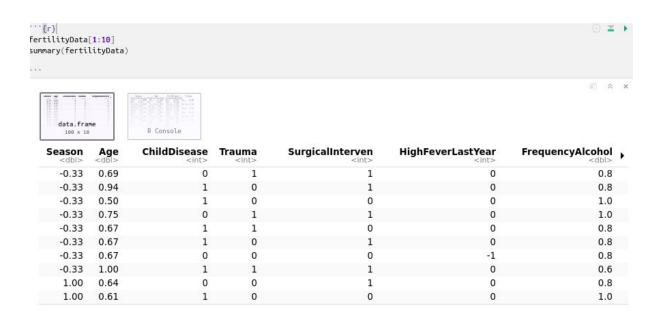


Figure 3. Nombre d'individus en fonction de leurs âges



Season Age		ChildDisease	Trauma	SurgicalInterven HighFeverLastYear
FrequencyAlcohol				
Min. :-1.0000	Min. :0.500	Min. :0.00	Min. :0.00	Min. :0.00 Min. :-1.00 Min.
:0.200				
1st Qu.:-1.0000	1st Qu.:0.560	1st Qu.:1.00	1st Qu.:0.00	1st Qu.:0.00 1st Qu.: 0.00 1st
Qu.:0.800				
Median :-0.3300	Median :0.670	Median :1.00	Median :0.00	Median :1.00 Median : 0.00
Median :0.800				
Mean :-0.0789	Mean :0.669	Mean :0.87	Mean :0.44	Mean :0.51 Mean : 0.19 Mean
:0.832				
3rd Qu.: 1.0000	3rd Qu.:0.750	3rd Qu.:1.00	3rd Qu.:1.00	3rd Qu.:1.00 3rd Qu.: 1.00 3rd
Qu.:1.000				
Max. : 1.0000	Max. :1.000	Max. :1.00	Max. :1.00	Max. :1.00 Max. : 1.00 Max.
:1.000				
Smoking SittingHour		Diagnosis		
Min. :-1.00	Min. :0.0600	N:88		
1st Qu.:-1.00	1st Qu.:0.2500	0:12		
Median :-1.00	Median :0.3800			
Mean :-0.35	Mean :0.4068			
3rd Qu.: 0.00	3rd Qu.:0.5000			
Max. : 1.00	Max. :1.0000			

Nos descripteurs comme données et comme vous pouvez les voir dans les résultats ci-dessus sont:

- Season, HighFeverLastYear, Smoking: Variables qualitatives ordinales
- ChildDisease, Trauma, SurgicalIntervention, Diagnosis: Variables binaires
- Age, FrequencyAlcohol, SittingHour: Variables numériques

Les résultats obtenus pour faire l'analyse descriptive montrent que parmi les 100 individus, 88 ont des résultats normaux de concentration de sperme tandis que le reste(12 individus) présentent des résultats altérés.

L'âge moyen des individus est 0.669 qui est équivalent à ~24 ans.

2.2 Analyse des relation entre les attributs

2.2.1 Base de projection

Sur la base de projection ci-dessous nous pouvons mettre plus en valeur les relations entre les instances il ya un grand nombre qui n'ont pas de relations claires ou d'effets l'un sur l'autre comme Age-ChildDisease Age-Trauma ChildDisease-Trauma ce qui est normal tandis qu'on voit bien que Age-Sitting hour ont une relation triangulaire.

En plus on voit pas d'effet directe claire de Smoking, HighFeverLastYear, ChildDisease, Season,Trauma, ChirugicalInteventionsur Diagnosis

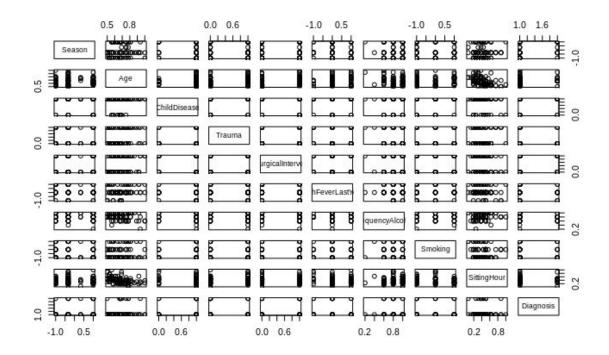
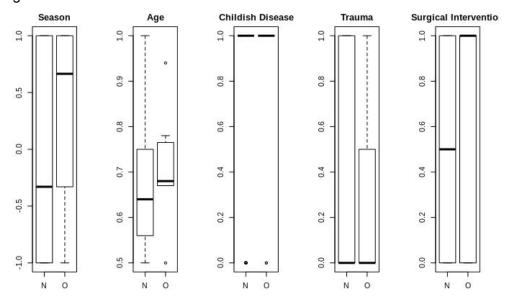


Figure 4. Base de projection

2.2.2 Analyse des boxplots

Voici les boxplots de notre étude, pour chaque instance nous avons créé deux boxplots, une pour les individus ayant des diagnostics normaux et une pour les individus ayant des diagnostics altérés.



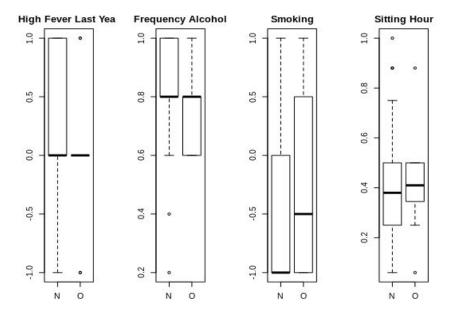


Figure 5.Boxplots

Age: L'âge maximal des individus avec des résultats altérés est de \sim 0.79 ce qui est équivalent à \sim 29 avec une moyenne de 0.69 qui est équivalent à \sim 25.

Le nombre d'heure passé assis pour les individus normales est 0 minimum tandis que les individus avec des résultats altérés

Pareil, vous pouvez voir tous les résultats des autres instances dans la figure 4.

2.2.3 Analyse de relations entre l'âge et le résultat de diagnostics

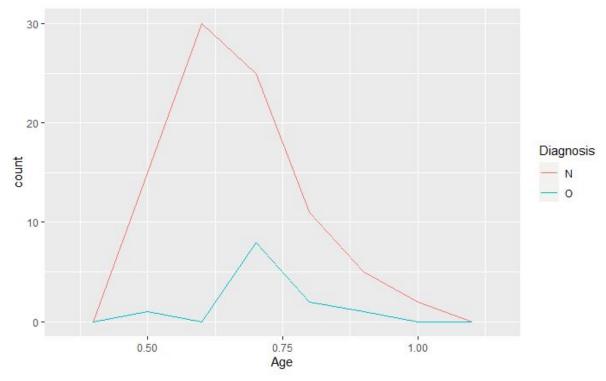


Figure 6. Résultat de diagnostics en fonction de l'âge

Dans la courbe ci-dessus on examine l'influence de l'âge sur les diagnostics, on remarque que dans l'intervalle d'âge donné dans l'étude le nombre des individus avec des résultats normaux est beaucoup plus important que ceux qui ont des résultats altérés et c'est normalement dû au fait que les individus dans cet intervalle entre 18 et 36 ans sont dans une période de leur vie où leur fertilité doit être la meilleur.

2.2.4 Analyse de relation entre la fréquence de consommation d'alcool et les saisons

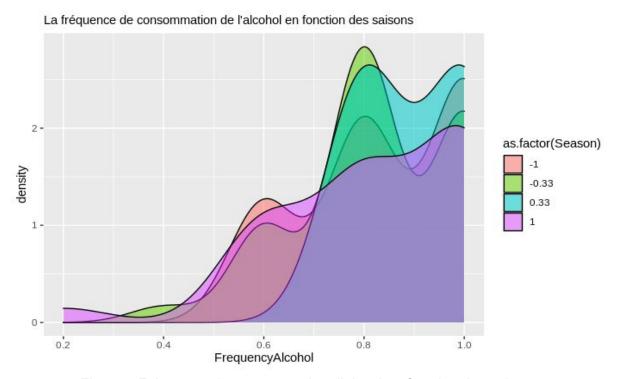


Figure 7. Fréquence de consommation d'alcool en fonction des saisons

Les courbes ci-dessus présentent la fréquence de consommation d'alcool en fonction des saisons, on remarque que durant l'été est la période la plus importante au niveau de consommation d'alcool, suivi du printemps puis l'hiver et finalement l'automne ce qui est normal concernant les individus qu'on a dans cette étude.

2.3 Conclusion

Jusqu'à là et après avoir une vue globale des relations entre les attributs on ne peut pas avoir des analyses claires et définies de ce qui affectent le plus les résultats des diagnostics mais d'autre part on peut voir que certains attributs ont des effets directs sur les résultats. En plus certains diagrammes qu'on a mis dans nos analyses montre clairement des relations directe entre les attributs comme **season** et **AlcoholFrequency...**

3. Classification non supervisée

3.1. Matrice de dissimilarités :

Ayant des attributs de type mixte (c-à-d : attributs binaire, ordinale , numérique), nous avons opté pour l'utilisation de la méthode Gower. Le concept de distance de Gower est en fait assez simple. Pour chaque type de variable, une mesure de distance particulière qui

fonctionne bien pour ce type est utilisée et mise à l'échelle pour tomber entre 0 et 1. Ensuite, une combinaison linéaire utilisant des poids spécifiés par l'utilisateur (plus simplement une moyenne) est calculée pour créer la matrice de distance finale . Les métriques utilisées pour chaque type de données sont décrites ci-dessous:

- 1. quantitatif (intervalle): distance de Manhattan normalisée par distance
- 2. ordinal: la variable est classée en premier, puis la distance de Manhattan est utilisée avec un ajustement spécial pour les liens
- 3. nominal: les variables de k catégories sont d'abord converties en k colonnes binaires puis le coefficient de dés est utilisé.

3.2 Classification ascendante hiérarchique

3.2.1 Arbre de CAH

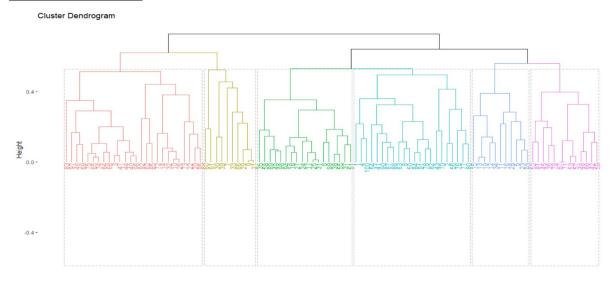


Figure 8. Arbre CAH

La dessous on observe un dendrogramme où l'on peut choisir de retenir 6 classes avec une moyenne de similarité d'environ 0.6 qui est une valeur qu'on trouve intéressante et qu'on a trouvé la meilleure parmi tous les découpages de classes qu'on avait testé.

3.3 Partitionnement autour des medoids (PAM)

3.3.1 Choix de nombre de cluster:

Dans notre étude nous avons choisi d'avoir 6 clusters pour vérifier ce choix au lieu d'un nombre plus petit ou plus grand nous avons ajouté la courbe ci-dessous qui montre que 6 est le meilleur choix pour avoir la meilleur largeur de silhouette

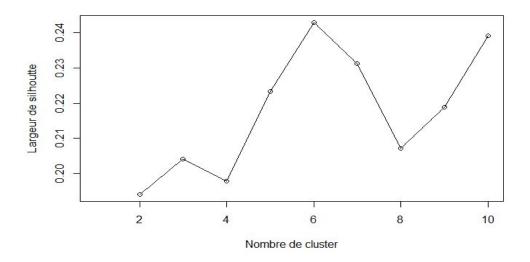


Figure 9. Choix de nombre de cluster

3.3.2 Analyse silhouette

On observe dans la figure ci-dessous 6 classes différentes, on voit clairement que surtout dans la première plein d'individus sont mal classés et elle a une moyenne Si très basse. La deuxième a des individus classés de la meilleure façon, on voit qu'un seul est mal classé et la valeur moyenne Si dans cette classe est la plus proche de 1, elle est la plus stable. On peut voir clairement que dans chaque bloc d'individus il y a 1 ou plusieurs individus mal classés et la meilleure moyenne de valeur Si est de 0.41.

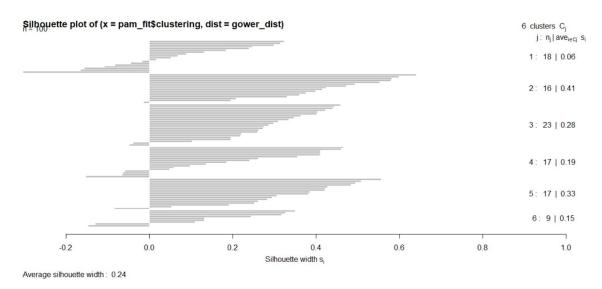


Figure 10.Silhouette

3.3.2 Analyse des clusters obtenus et profils types :

Visualisation

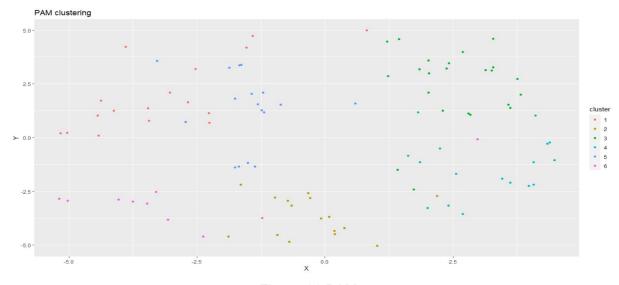


Figure 11.PAM

Après avoir exécuté l'algorithme PAM et sélectionné six clusters, nous pouvons interpréter les clusters en exécutant un résumé sur chaque cluster (cf Figure ci-dessous). Sur la base de ces résultats, il semble que

- Le cluster 1 : Les individus dans ce groupe ont généralement passé le test entre hiver et printemps, et ont une moyenne d'âge de 0.675, 75% d'eux n'avaient pas des Child Disease tandis qu'une petite partie d'eux a eu des traumas, et peuvent être considérés comme alcoolique.
- Le cluster 2 :Dans ce groupe l'âge moyen est 0.6215 et aucun des individus n'a eu des Child disease (min = 1) et ils ont tous eu des intervention chirurgical(max = 0)
- Le cluster 3 :Ce groupe a un âge moyen de 0.7609, aucun individu n'a eu des Traumas(min = 1) et les individus de ce groupe ont relativement alcoolique.
- Le cluster 4 :Ce groupe a 0.67 comme âge moyen, et aucun des individus n'a eu des Child disease ni des Traumas et la grande majorité n'a pas eu d' interventions chirurgicales.
- Le cluster 5 :La grande majorité de ce groupe a eu des traumas, les individus de ce groupe sont généralement des consommateurs d'alcool, mais ne sont pas fumeurs(max = -1)
- Le cluster 6 :La majorité de ce groupe ont eu des Child diseases, la majorité ont eu des traumatismes, et tous les individus de ce groupe ont eu des interventions chirurgicales.

[[1]] Season Min. :-1.0000 1st Qu.:-1.0000 Median :-0.3300 Mean :-0.5339 3rd Qu.:-0.3300 Max. : 1.0000 Smoking Min. :-1.0000 1st Qu.:-1.0000 Median :-0.0111 3rd Qu.: 0.0000 Max. : 1.0000 Max. : 1.0000	Age Min. :0.5000 1st Qu:0.5875 Median :0.6750 Mean :0.6750 3rd Qu:0.6850 Max. :1.0000 SittingHour Min. :0.1900 Ist Qu:0.2650 Median :0.5040 Med :0.4489 3rd Qu:0.5450 Max. :0.8800	ChildDisease Min. :0.0000 lst Qu:0.2500 Median :1.0000 Mean :0.7222 3rd Qu:1.0000 cluster Min. :1 lst Qu:1 Median :1 Median :1 Jrd Qu:1 Max. :1 Max. :1	Trauma Min. :0.0000 1st Qu.:0.0000 Median :0.0055 3rd Qu.:0.0000 Max. :1.0000	00 Min. :0.00 00 1st Qu.:1.00 00 Median :1.00 66 Mean :0.88 00 3rd Qu.:1.00	00 Min. :-1 00 1st Qu.: 0 00 Median : 0 89 Mean : 0 00 3rd Qu.: 0	Year FrequencyAlcohol Min. :0.6000 1st Qu.:0.8000 Median :0.8000 Mean :0.8111 3rd Qu.:0.9500 Max. :1.0000
[[21] Min.:-1.0000 1st Qu.:-1.0000 Median:-1.0000 Mean:-0.6656 3rd Qu.:-0.3300 Max.:0.3300 SittingHour Min.:0.1900 1st Qu.:0.3100 Median:0.4400 Mean:0.4288 3rd Qu.:0.5000 Max.:0.6300	Age Min. :0.5000 1st Qu.:0.5225 Median :0.5600 Mean :0.6125 3rd Qu.:0.6750 Max :0.9200 Cluster Min. :2 1st Qu.:2 Median :2 Median :2 3rd Qu.:2 Max :2	1st Qu.:1 1 Median :1 N Mean :1 N 3rd Qu.:1 3	Trauma din. :0.0000 st Qu.:0.0000 ledian :0.0000 lean :0.0625 srd Qu.:0.0000 dax. :1.0000	SurgicalInterven Min. :0 1st Qu.:0 Median :0 Mean :0 Srd Qu.:0 Max. :0	HighFeverLastYear Min. :0.0000 Ist Qu.:0.0000 Median :1.0000 Mean :0.6875 3rd Qu.:1.0000 Max. :1.0000	FrequencyAlcohol Smoking Min. :0.600 Min. :-1.00 Ist Qu.:0.800 Ist Qu.:-1.00 Median :1.000 Median :-1.00 Mean :0.925 Mean :-0.75 3rd Qu.:1.000 Max. :1.00
[[3]] Season Min. :-1.0000 1st Qu.:-0.6650 Median :-0.3300 Mean :-0.2157 3rd Qu.:-0.3300 Max. : 1.0000 SittingHour Min. :0.1300 1st Qu.:0.2200 Median :0.2500 Mean :0.3009 3rd Qu.:0.3009 Max. :0.7500 Max. :0.7500	Age Min. :0.5800 Ist Qu.:0.7050 Median :0.7500 Mean :0.7609 3rd Qu.:0.8100 Max. :1.0000 cluster Min. :3 Ist Qu.:3 Median :3 Median :3 Med Qu.:3 Max. :3	ChildDisease Min. :0.000 Ist Qu.:1.000 Median :1.000 Mean :0.913 3rd Qu.:1.000 Max. :1.000	Min. :1 Min 1st Qu.:1 1st Median :1 Med Mean :1 Med 3rd Qu.:1 3rd	n. :0.000 Mi t Qu.:1.000 Is dian :1.000 Me an :0.913 Me d Qu.:1.000 3r	edian : 0.0000 M ean : 0.2174 M rd Qu.: 1.0000 3	requencyAlcohol Smoking in. :0.2000 Min. :-1.0000 st Qu.:0.6000 Ist Qu.:-1.0000 edian :0.8000 Median :-1.0000 ean :0.7652 Mean :-0.4348 rd Qu.:1.0000 3rd Qu.: 0.0000 ax. :1.0000 Max. : 1.0000
[[4]] Season Min. :-1.0000 lst Qu.:-0.3300 Median :-0.3300 Mean :-0.2141 3rd Qu.:-0.3300 Max. : 1.0000 sittingHour Min. :0.1900 lst Qu.:0.3100 Median :0.5000 Mean :0.4976 3rd Qu.:0.6300 Max. :0.8800	Age Min. :0.5000 1st Qu.:0.5300 Median :0.5600 Mean :0.6029 3rd Qu.:0.6700 Max. :0.8900 cluster Min. :4 1st Qu.:4 Median :4 3rd Qu.:4 Max. :4	1st Qu.:1 1 Median :1 N Mean :1 N 3rd Qu.:1 3	Min. :1 Min. Lst Qu.:1 1st (Median :1 Media Mean :1 Mean Brd Qu.:1 3rd (:0.0000 Min. Qu.:0.0000 1st an :0.0000 Medi :0.1176 Mear Qu.:0.0000 3rd	Qu.: 0 1st ian : 0 Med n : 0 Mea Qu.: 0 3rd	quencyAlcohol Smoking . :0.4000 Min. :-1 qu.:0.8000 Ist qu.:-1 ian:0.8000 Median:0 n:0.7765 Mean:0 qu.:0.8000 3rd Qu.:1 . :1.0000 Max.:1
[[5]] Season Min. :-1.0000 Ist Qu.: 1.0000 Median : 1.0000 Mean : 0.3429 3rd Qu.: 1.0000 SittingHour Min. :0.1900 Ist Qu.:0.2500 Median :0.3800 Mean :0.3924 3rd Qu.:0.4400 Max. :0.6300	Age Min. :0.5600 1st Qu.:0.6100 Median :0.6407 Mean :0.6547 3rd Qu.:0.6900 Max. :0.8100 cluster min. :5 Ist Qu.:5 Median :5 Median :5 Sard Qu.:5 Max. :5	1st Qu.:1.0000 Median :1.0000 Mean :0.7647 3rd Qu.:1.0000	Trauma Min. :0.00000 1st Qu.:0.00000 Median :0.00000 Mean :0.05882 3rd Qu.:0.00000 Max. :1.00000	SurgicalInterve Min. :0.0000 1st Qu.:0.0000 Median :1.0000 Mean :0.7059 3rd Qu.:1.0000 Max. :1.0000	n HighFeverLastYea Min. :-1.00000 1st Qu.: 0.00000 Median : 0.00000 Mean :-0.05582 3rd Qu.: 0.00000 Max. : 0.00000	FrequencyAlcohol Smoking Min. :0.6000 Min. :-1 1st Qu.:0.8000 Ist Qu.:-1 Median :1.0000 Median :-1 Mean :0.9294 Mean :-1 3rd Qu.:1.0000 3rd Qu.:-1 Max. :1.0000 Max. :-1
1st Qu.:0.25 1 Median :0.44 M Mean :0.41 M 3rd Qu.:0.50 3	Age Min. :0.5600 1st Qu.:0.5800 Median :0.6700 Mean :0.6744 3rd Qu.:0.7800 Max. :0.8100 cluster in. :6 edian :6 ean :6 rd Qu.:6 ax. :6	ChildDisease Min. :0.0000 Ist Qu.:1.0000 Median :1.0000 Mean :0.7778 3rd Qu.:1.0000 Max. :1.0000	Trauma Min. :0.0000 Ist Qu.:0.0000 Median :0.0000 Mean :0.1111 3rd Qu.:0.0000 Max. :1.0000	SurgicalInterven Min. :0 1st Qu.:0 Median :0 Mean :0 3rd Qu.:0 Max. :0	HighFeverLastYear Min. :0.0000 1st Qu.:0.0000 Median :0.0000 Mean :0.4444 3rd Qu.:1.0000 Max. :1.0000	FrequencyAlcohol Smoking Min. :0.6 Min. :0.0000 1st Qu.:0.6 Ist Qu.:0.0000 Median :0.8 Median :1.0000 Mean :0.8 Mean :0.6667 3rd Qu.:1.0 3rd Qu.:1.0000 Max. :1.0 Max. :1.0000

3.3.3 Kmeans

Pour l'analyse des données qu'on a nous n'avons pas pu faire du kmeans car la grande majorité des variables qu'on a ne sont pas des valeurs numériques.

3.4 Conclusion

A la fin de cette partie nous avons nos individus groupés dans 6 groupes, chaque groupe a un cluster.

Pas tous les individus sont bien classés avec le cluster le plus proche mais on voit des ressemblances claires entre les individus d'un même groupe (nous pensons que cela peut être dû aussi à la nature des attributs de notre dataset, étant dans la majorité qualitative). Nous avons aussi un choix de nombres de clusters pour avoir les individus classés de la meilleure façon.

4. Classification supervisée

4.1 Arbres de décision

La dessous nous avons mis 2 arbres de décision, une globale de Diagnosis en fonction de toutes les variables(la première) et une présentant *Diagnosis* en fonction de *Trauma*, *SurgicalIntervention* et *Age*.

Dans le second arbre on voit clairement qu'un individu âgé entre 0.66 et 0.77 et ayant une intervention chirurgicale et n'ayant pas expérimenté une **trauma** a une grande chance d'avoir des résultats anormaux de ses **diagnostics**.

Dans le premier, on voit clairement qu'un individu âgé de moins de 0.66 ~24 ans, il y a une grande chance que ces résultats soient normaux.

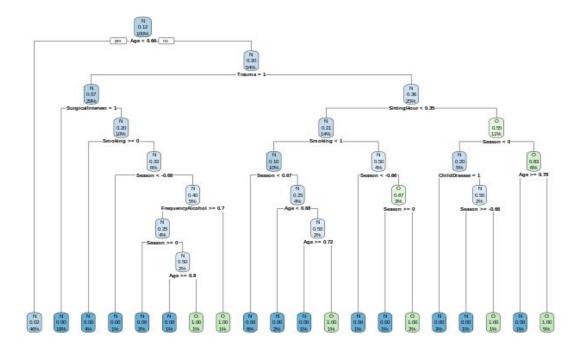


Figure 12. Arbre de décision global

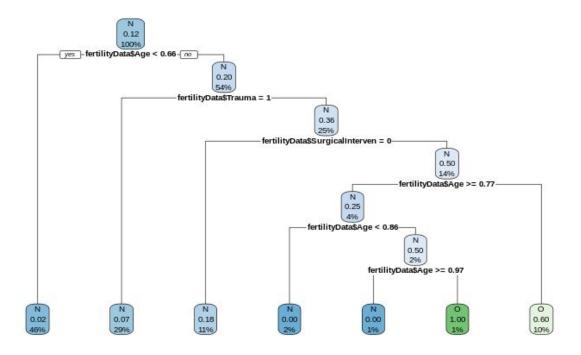


Figure 13. Arbre de décision Age, Trauma, SurgicalIntervention

4.2 Validation croisée

Afin de valider notre arbre de décision et évaluer les erreurs de prédictions nous avons choisi d'utiliser la méthode de validation croisée que nous jugeons plus convenable à notre dataset qui ne contient que 100 individus (taille relativement petite).

On s'est intéressé tout d'abord à calculer l'erreur globale de prédiction des deux arbres obtenus ci-dessus. Pour calculer cette erreur nous avons calculer la **matrice de confusion**

Ici, pred et pre2 constitue respectivement les matrices de confusion pour arbre global et arbre (Age, Trauma, SurgicalIntervention).

Ainsi, nous remarquons que les deux arbre ont un taux d'erreur semblable et très léger (=0.09)

Afin d'avoir un indicateur d'erreur plus solide, on applique la méthode de validation croisée. Ainsi, nous proposons de sélectionner 70 individus au hasard dans le jeu de données, pour un échantillon d'apprentissage et le reste constitue le jeu de données de test. Puis, on utilise les individus non sélectionnés pour construire le jeu de données d'apprentissage avec lequel on va construire un nouvel arbre de classification (cf. code source), dont on calcule le taux d'erreur apprentissage-classification. L'arbre est sélectionné en minimisant un critère d'erreur (estimé par validation croisée) en fonction d'un paramètre appelé cp.

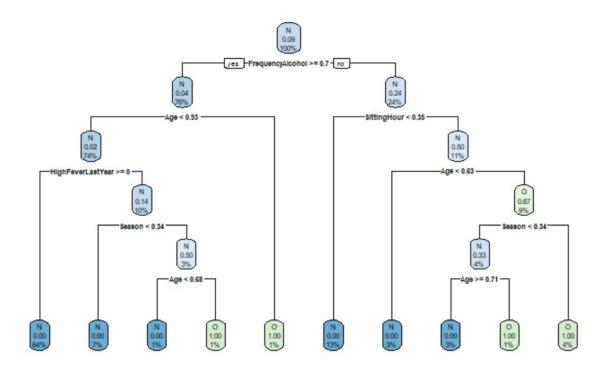


Figure 14. Arbre obtenue avec méthode de validation croisée

L'arbre obtenu est différent des deux premiers, avec une valeur d'erreur égale à 20% environ. Nous constatons clairement que les performances de cet arbre est plus faible que ce que nous avons construit auparavant. Nous voyons par ailleurs que les valeurs de \mathtt{cp} prises par défaut ne permettent pas de minimiser le critère d'erreur. Il faut augmenter la plage de valeurs de \mathtt{cp} sur laquelle la minimisation est calculée.

4.3 Conclusion:

D'après cette étude de classification supervisée nous constatons qu'il y a des facteurs qui affectent directement les résultats par exemple toutes les personnes âgées de moins que 33 ans (0.66) ont des résultats normaux.

En plus nous trouvons aussi que plein d'autres facteurs combinés peuvent avoir un effet sur les résultats de diagnostics comme par exemple avoir eu des SurgicalIntervention et des Traumas.

Finalement la validation croisée a validé les résultats de l'arbre de la figure 13.

5. Conclusion globale

Dans ce rapport nous avons fait nos analyses en utilisant plusieurs classifications de données. Nous pouvons conclure que certaines valeurs ont joué un rôle plus important que d'autres en affectant le résultat des données et pour prédire le diagnostic du sperme . En effet, Il y avait beaucoup de valeurs qui avaient peu ou pas d'impact sur le résultat du test de fertilité, comme la saison, le temps passé assis. Pourtant, l'âge à titre d'exemple peut impacter la qualité séminale. Nous pouvons conclure alors que les facteurs liés à la santé des hommes et leur antécédent sont considérés plus importants que leurs habitudes et l'environnement dans lequel ils vivent.

Finalement, nous considérons que ces résultats peuvent toujours être améliorés avec un échantillon plus grand, car plus on a d'individus, plus la véracité de notre analyse et généralisation de synthèse est meilleure.