regression logistique diabète détection

2025-06-18

Exemple R : régression logistique et test de Box–Tidwell sur PimaIndiansDiabetes2

Contexte

– Jeu de données : **PimaIndiansDiabetes2** (package `mlbench`).
– Objectif : prédire la survenue du diabète (`diabetes`, binaire « pos »/« neg »)
à partir de mesures physiologiques chez des femmes Pima[^2^].
– Variable à expliquer (Y) : `diabetes`
– Variables explicatives (X) :
- `glucose` : concentration de glucose plasmatique
- `pressure` : pression diastolique
- `triceps` : épaisseur du pli cutané tricipital
- `insulin` : insulinemie sérique
- `mass` : indice de masse corporelle
- `pedigree` : fonction de transmission du diabète
- `age` : âge en années - `pregnant`: mois de grossesses

hypothèse 1 la variable cible est binaire (0/1 ou 1/2)

visualisation des données

apercu des données avec head():

```
head(df)
```

```
##    pregnant glucose pressure triceps insulin mass pedigree age diabetes
## 4         1      89       66      23      94 28.1    0.167  21      neg
## 5         0     137       40      35     168 43.1    2.288  33      pos
## 7         3      78       50      32      88 31.0    0.248  26      pos
## 9         2     197       70      45     543 30.5    0.158  53      pos
## 14        1     189       60      23     846 30.1    0.398  59      pos
## 15        5     166       72      19     175 25.8    0.587  51      pos
```

```
levels(PimaIndiansDiabetes2$diabetes)
```

```
## [1] "neg" "pos"
```

oui la variable est bien binaire pour la variable d'intérêt diabète, l'hypothèse 1 est vérifiées (ont a 2 résultats possible “neg” et “pos”)

hypothèse 2 linéarité entre les variables explicatives et la fonction logit de la variable à expliquer:

exemple avec une variable explicative: exemple avec la variable age:

```
# 1) Création des variables explicative adapté au model Box-Tidwell
df$age_bt <- df$age * log(df$age)

# 2) Ajout du terme Box-Tidwell au modèle
mod0 <- glm(diabetes ~ age,      data=df, family=binomial) #modèle de regression basique
mod_bt <- glm(diabetes ~ age + age_bt,
              data = df, family = binomial) #moddèle pour vérifier la linéarité de age

# 3) vérification du modèle créer
summary(mod_bt)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = diabetes ~ age + age_bt, family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -1.4417  -0.8054  -0.5196   0.9780   2.1333
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -13.31530    2.64885  -5.027 4.99e-07 ***
## age           1.41810    0.34126   4.155 3.25e-05 ***
## age_bt       -0.29142    0.07389  -3.944 8.02e-05 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 432.52  on 389  degrees of freedom
## AIC: 438.52
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 4
```

```
# 4) visualisation directe de la p value:
p_bt <- summary(mod_bt)$coefficients["age_bt", "Pr(>|z|)"]
print(paste("p-value (age_bt) =", round(p_bt, 4)))
```

```
## [1] "p-value (age_bt) = 1e-04"
```

Ici la p-value de l'age est inferieur a 0.05 on rejette l'hypothèse h0 de linéarité du logit, il faut adapté la variable age dans ce cas, si on veux l'ajouter au modèle

```r
# 1) Création des termes BT pour plusieurs variables
vars <- c("glucose","pressure","triceps","insulin","mass","pedigree","age")
for (v in vars) {
  df[[paste0(v,"_bt")]] <- df[[v]] * log(df[[v]])
}

# 2) Ajustement du modèle logistique avec tous les termes BT
formule_bt <- paste0("diabetes ~ ",
                  paste(vars, collapse=" + "), " + ",
                  paste(paste0(vars,"_bt"), collapse=" + "))
mod_bt_multi <- glm(as.formula(formule_bt),
                    data = df, family = binomial)

summary(mod_bt_multi)
```

exemple avec plusieurs variables explicatives

```
##
## Call:
## glm(formula = as.formula(formule_bt), family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.4686  -0.6508  -0.2860   0.6175   2.7018
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -17.376498   8.810535  -1.972  0.04858 *
## glucose      -0.109313   0.258255  -0.423  0.67209
## pressure     -0.472072   0.380196  -1.242  0.21436
## triceps       0.215423   0.294365   0.732  0.46428
## insulin       0.032937   0.020409   1.614  0.10656
## mass          0.560042   0.641247   0.873  0.38246
## pedigree      2.074414   0.787171   2.635  0.00841 **
## age           1.340740   0.459457   2.918  0.00352 **
## glucose_bt    0.024764   0.043869   0.565  0.57241
## pressure_bt   0.090063   0.072902   1.235  0.21668
## triceps_bt   -0.046585   0.066541  -0.700  0.48386
## insulin_bt   -0.005021   0.003072  -1.634  0.10222
## mass_bt      -0.110755   0.138742  -0.798  0.42471
## pedigree_bt  -1.557066   0.952943  -1.634  0.10227
## age_bt       -0.279298   0.099751  -2.800  0.00511 **
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 325.77  on 377  degrees of freedom
## AIC: 355.77
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

Ici la p-value de l'age est toujours inferieur à 0.05 on rejette l'hypothèse h0 de linéarité du logit, il faut adapté la variable age dans ce cas, si on veux l'ajouter au modèle

adaptation avec la fonction logit

```
#on adapte la variable age qui n'est pas n'est pas purement linéaire avec logit
df$age2 <- log(df$age) #on la renomme après age2
#donc on refait tout le processus
vars2 <- c("glucose","pressure","triceps","insulin","mass","pedigree","age2")
for (v in vars2) {
  df[[paste0(v,"_bt")]] <- df[[v]] * log(df[[v]])
}

formule_bt2 <- paste0("diabetes ~ ",
                  paste(vars2, collapse=" + "), " + ",
                  paste(paste0(vars2,"_bt"), collapse=" + "))
mod_bt_multi2 <- glm(as.formula(formule_bt2),
                     data = df, family = binomial)

summary(mod_bt_multi2)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = as.formula(formule_bt2), family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5050  -0.6424  -0.2787   0.6199   2.7195
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept) -1.178e+02  4.367e+01  -2.697  0.00700 **
## glucose     -1.185e-01  2.585e-01  -0.458  0.64659
## pressure    -4.813e-01  3.824e-01  -1.259  0.20816
## triceps      2.288e-01  2.942e-01   0.778  0.43661
## insulin      3.316e-02  2.043e-02   1.623  0.10455
## mass         5.751e-01  6.413e-01   0.897  0.36984
## pedigree     2.085e+00  7.868e-01   2.650  0.00804 **
## age2         6.961e+01  2.802e+01   2.485  0.01297 *
## glucose_bt   2.631e-02  4.391e-02   0.599  0.54903
## pressure_bt  9.194e-02  7.331e-02   1.254  0.20980
## triceps_bt  -4.991e-02  6.648e-02  -0.751  0.45280
## insulin_bt  -5.054e-03  3.077e-03  -1.643  0.10044
## mass_bt     -1.140e-01  1.388e-01  -0.822  0.41125
## pedigree_bt -1.568e+00  9.540e-01  -1.643  0.10035
## age2_bt     -2.989e+01  1.239e+01  -2.412  0.01588 *
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
```

```
## Residual deviance: 325.83  on 377  degrees of freedom
## AIC: 355.83
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

L'age étant toujours significatif au test de box tidwell maglré la fonction logit, on utilise la libraire mfp qui sélectionne automatiquement la (ou les) meilleures puissances pour adapter notre variable âge

```
# 2) fit d'une logistique avec FP sur age (mettre fp() sur les variables à adapter)
mod_fp <- mfp(
  diabetes ~ fp(age) + glucose + pressure + triceps +
             insulin + mass + pedigree,
  family = binomial, data = df
)

# 3) résumé du modèle
summary(mod_fp)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = diabetes ~ glucose + I((age/10)^-2) + pedigree +
##     mass + insulin + triceps + pressure, family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.8148  -0.6669  -0.3264   0.6210   2.5414
##
## Coefficients:
##                   Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)    -6.650e+00  1.250e+00  -5.319 1.05e-07 ***
## glucose         3.717e-02  5.827e-03   6.378 1.79e-10 ***
## I((age/10)^-2) -1.206e+01  2.586e+00  -4.662 3.13e-06 ***
## pedigree        1.058e+00  4.255e-01   2.487   0.0129 *
## mass            6.819e-02  2.699e-02   2.526   0.0115 *
## insulin        -5.728e-04  1.332e-03  -0.430   0.6672
## triceps         7.541e-03  1.730e-02   0.436   0.6629
## pressure       -4.438e-03  1.182e-02  -0.376   0.7072
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 336.85  on 384  degrees of freedom
## AIC: 352.85
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

on transforme alors la variable âge de cette façon: (age/10)^(-2) on revérifie dans un modèle de box_tidwell cette adaptation:

```r
#on ajoute les variables adapté a notre df pour le verifier ensuite
df$age2 <- (df$age / 10)^(-2)
df$age2_bt <- df$age2 * log(df$age/10)

mod_multi_adapt <- glm(as.formula(formule_bt2),
                       data = df, family = binomial)
summary(mod_multi_adapt)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = as.formula(formule_bt2), family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5764  -0.6401  -0.2769   0.6233   2.7284
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -5.591995   8.368156  -0.668  0.50398
## glucose      -0.127779   0.258697  -0.494  0.62135
## pressure     -0.496726   0.383945  -1.294  0.19575
## triceps       0.237325   0.293498   0.809  0.41874
## insulin       0.033987   0.020413   1.665  0.09592 .
## mass          0.624351   0.639749   0.976  0.32910
## pedigree      2.085251   0.786080   2.653  0.00798 **
## age2        -26.549137  13.031098  -2.037  0.04161 *
## glucose_bt    0.027857   0.043951   0.634  0.52620
## pressure_bt   0.095002   0.073597   1.291  0.19676
## triceps_bt   -0.052146   0.066322  -0.786  0.43172
## insulin_bt   -0.005186   0.003075  -1.687  0.09168 .
## mass_bt      -0.124614   0.138421  -0.900  0.36799
## pedigree_bt  -1.553122   0.953219  -1.629  0.10324
## age2_bt      25.058566  21.380979   1.172  0.24120
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 326.32  on 377  degrees of freedom
## AIC: 356.32
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

la variables age à bien été adapté au modèle, il n'est plus significatif avec une p-value > 0.05 au test de box_tidwel

hypothèse 3 éviter les multicolinéarités

la meilleur méthodes verification est la méthodes par le VIF ### Vérification du VIF

```r
#vérification des VIF, avec modèle glm(simple)
formule <- paste0("diabetes ~ ",
                  paste(vars, collapse=" + "), collapse=" + ") #format d'écriture pour le moddèle glm
mod_multi<- glm(as.formula(formule),
                    data = df, family = binomial) #modèle glm
#vérification des vif
vif(mod_multi) #dans ce dataset les vif sont inferieur à 5 on est bon
```

```
##  glucose pressure  triceps  insulin     mass pedigree      age
## 1.372081 1.190718 1.658114 1.379178 1.823170 1.016410 1.150417
```

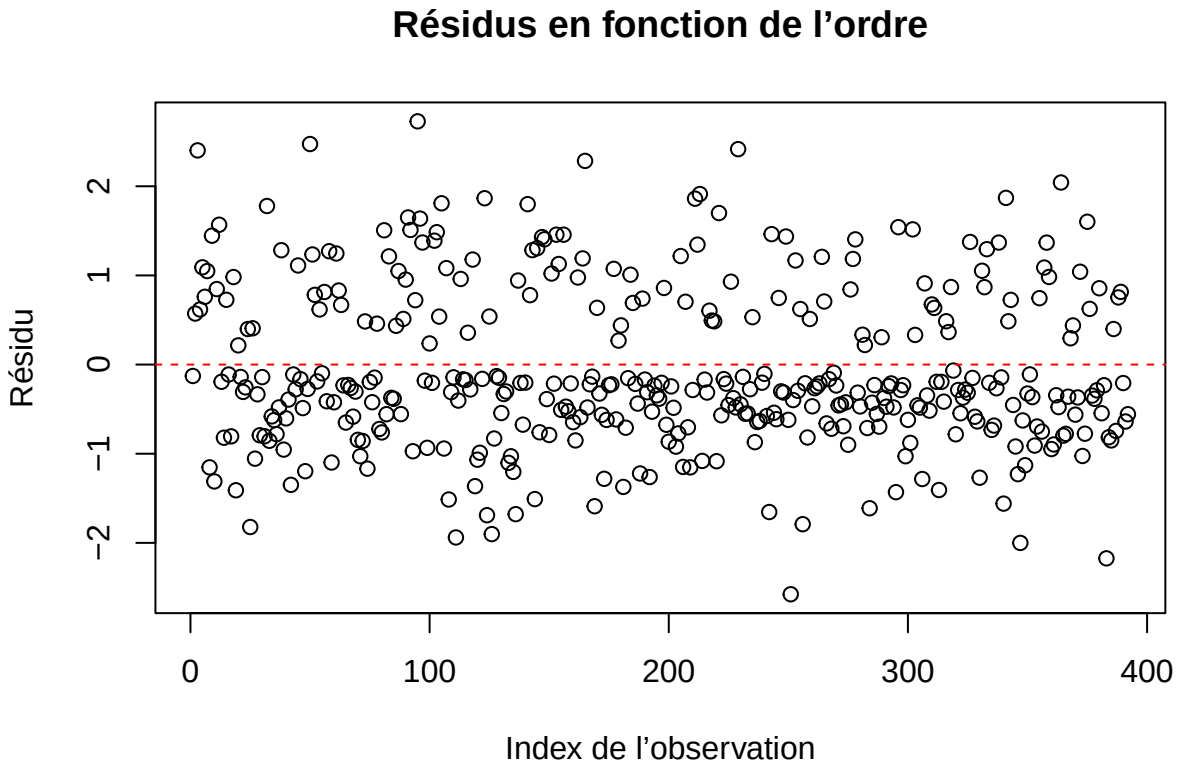
les VIF semblent correcte inferieur à 5

hypothèses 4 l'indépendance des variables explicatives

la meilleur façon de vérifier cette hypothèse reste le graphique des résidus en fonction du temps: dans notre graphique comme il n'y a pas de variable chronologique on se baseras sur l'ordre des observations directement

```r
#dans le cas ou il y'aurait eu une variable date:
# Assure-toi que la variable date est bien au format Date
#df$date <- as.Date(df$date)
# Puis trie le dataframe selon la date (ordre croissant)
#df <- df[order(df$date), ]

# 1. reprendre le modèle mod_multi_adapt
mod_multi_adapt <- mod_multi_adapt #inutile
# 2. Extraire les résidus (Pearson ou de deviance)
residus <- resid(mod_multi_adapt, type = "deviance")  # ou type = "pearson"
# 3. Tracer les résidus en fonction de l'ordre des observations
plot(residus, type = "p", main = "Résidus en fonction de l'ordre",
     xlab = "Index de l'observation", ylab = "Résidu")
abline(h = 0, col = "red", lty = 2)
```




```r
# Compter les positifs et négatifs
n_positifs <- sum(residus > 0)
n_negatifs <- sum(residus < 0)

# Afficher les résultats
cat("Résidus positifs :", n_positifs, "\n")
```

```
## Résidus positifs : 130
```

```r
cat("Résidus négatifs :", n_negatifs, "\n")
```

```
## Résidus négatifs : 262
```

```r
total <- length(residus)
prop_positifs <- n_positifs / total
prop_negatifs <- n_negatifs / total

prop_negatifs
```

```
## [1] 0.6683673
```

```r
prop_positifs
```

```
## [1] 0.3316327
```

hypothèses 5 les variables abérante et comment les retirer

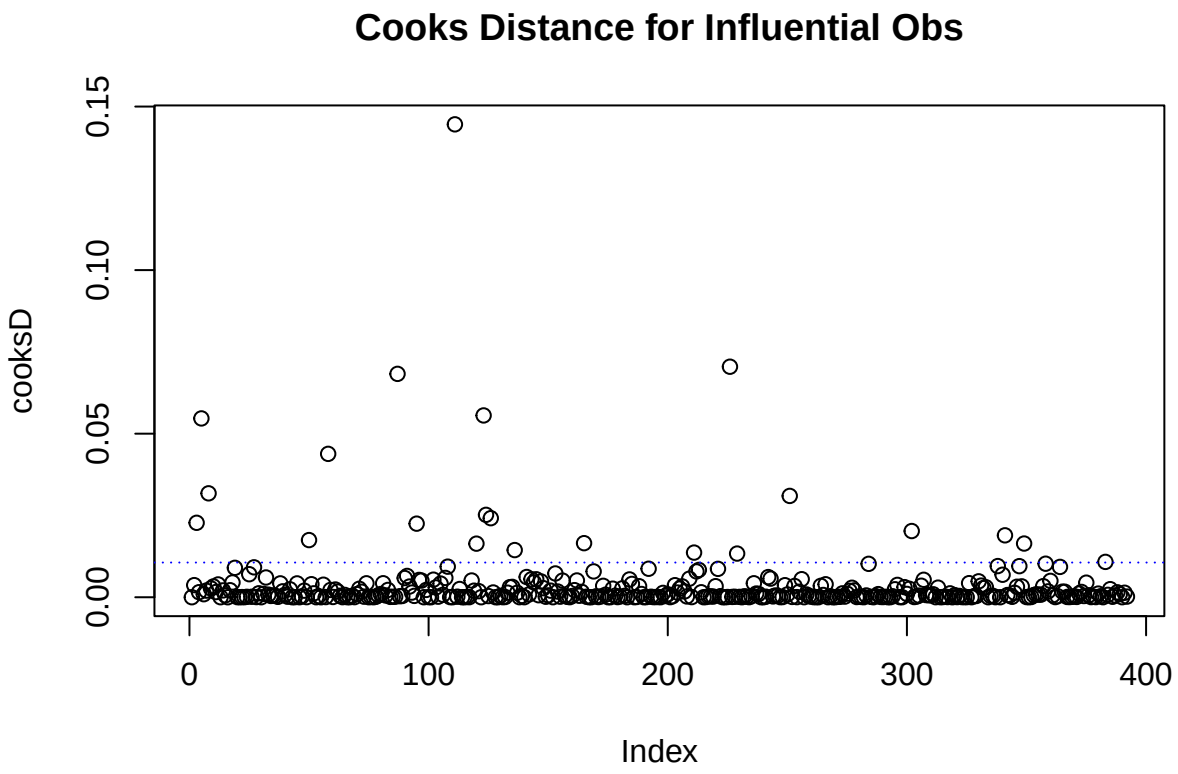
```r
library(ggplot2)
library(gridExtra)

#on repren le modèle multiple avec toutes no variable pour notre regression logisitique
mod_multi_adapt
```

```
##
## Call:  glm(formula = as.formula(formule_bt2), family = binomial, data = df)
##
## Coefficients:
## (Intercept)      glucose     pressure      triceps      insulin         mass
##   -5.591995    -0.127779    -0.496726     0.237325     0.033987     0.624351
##    pedigree         age2   glucose_bt  pressure_bt   triceps_bt   insulin_bt
##    2.085251   -26.549137     0.027857     0.095002    -0.052146    -0.005186
##     mass_bt  pedigree_bt      age2_bt
##   -0.124614    -1.553122    25.058566
##
## Degrees of Freedom: 391 Total (i.e. Null);  377 Residual
## Null Deviance:       498.1
## Residual Deviance: 326.3     AIC: 356.3
```

```r
#trouve la Cook's distance pour chaque observation dans le jeu de donnée
cooksD <- cooks.distance(mod_multi_adapt)

# graphique de la distance de Cook with avec une ligne horizontale a 4/n et voir ce qui dépasse
#exceed this thresdhold
n <- nrow(df)
p <- length(coef(mod_multi_adapt))  # nb de paramètres (incluant l'intercept)
plot(cooksD, main = "Cooks Distance for Influential Obs")
abline(h = 4/(n-p), col = "blue", lty = 3) # rajoute la limite (pour p predicteur)
```




```
influents <- which(cooksD > 4/(n-p))
df[influents, ]   # affiche les lignes influentes
```

```
##     pregnant glucose pressure triceps insulin mass pedigree age diabetes
## 7          3      78       50      32      88 31.0    0.248  26      pos
## 14         1     189       60      23     846 30.1    0.398  59      pos
## 19         1     103       30      38      83 43.3    0.183  33      neg
## 110        0      95       85      25      36 37.4    0.247  24      pos
## 126        1      88       30      42      99 55.0    0.496  26      pos
## 178        0     129      110      46     130 67.1    0.319  26      pos
## 198        3     107       62      13      48 22.9    0.678  23      pos
## 229        4     197       70      39     744 36.7    2.329  31      neg
## 248        0     165       90      33     680 52.3    0.427  23      neg
## 255       12      92       62       7     258 27.6    0.926  44      pos
## 259        1     193       50      16     375 25.9    0.655  24      neg
## 261        3     191       68      15     130 30.9    0.299  34      neg
## 287        5     155       84      44     545 38.7    0.619  34      neg
## 329        2     102       86      36     120 45.5    0.127  23      pos
## 415        0     138       60      35     167 34.6    0.534  21      pos
## 446        0     180       78      63      14 59.4    2.420  25      pos
## 449        0     104       64      37      64 33.6    0.510  22      pos
## 488        0     173       78      32     265 46.5    1.159  58      neg
## 585        8     124       76      24     600 28.7    0.687  52      pos
## 660        3      80       82      31      70 34.2    1.292  27      pos
## 674        3     123      100      35     240 57.3    0.880  22      neg
```

```
## 745       13     153       88      37     140 40.6    1.174  39      neg
##        age_bt glucose_bt pressure_bt triceps_bt insulin_bt   mass_bt
## 7    84.71051   339.8233    195.6012  110.90355   394.0056 106.45360
## 14  240.57471   990.6902    245.6607   72.11637  5702.4794 102.47621
## 19  115.38475   477.3771    102.0359  138.22827   366.7638 163.16101
## 110  76.27329   432.6183    377.6254   80.47190   129.0067 135.45048
## 126  84.71051   394.0056    102.0359  156.98212   454.9169 220.40333
## 178  84.71051   626.9158    517.0528  176.11750   632.7795 282.23495
## 198  72.11637   499.9927    255.8823   33.34434   185.8176  71.70304
## 229 106.45360  1040.7911    297.3947  142.87890  4919.3585 132.22191
## 248  72.11637   842.4810    404.9829  115.38475  4435.0231 206.95091
## 255 166.50434   416.0045    255.8823   13.62137  1432.6636  91.57172
## 259  76.27329  1015.6992    195.6012   44.36142  2222.5973  84.28489
## 261 119.89626  1003.1842    286.9265   40.62075   632.7795 106.01037
## 287 119.89626   781.7309    372.1886  166.50434  3433.9283 141.48099
## 329  72.11637   471.7472    383.0739  129.00668   574.4990 173.70591
## 415  63.93497   679.9610    245.6607  124.43718   854.7050 122.61734
## 446  80.47190   934.7322    339.8233  261.01749    36.9468 242.60708
## 449  68.00293   483.0167    266.1685  133.60396   266.1685 118.08808
## 488 235.50569   891.5194    339.8233  110.90355  1478.6284 178.53453
## 585 205.46467   597.7149    329.1357   76.27329  3838.1578  96.34295
## 660  88.98760   350.5621    361.3510  106.45360   297.3947 120.80212
## 674  68.00293   591.8987    460.5170  124.43718  1315.3533 231.96763
## 745 142.87890   769.6570    394.0056  133.60396   691.8299 150.37298
##     pedigree_bt       age2    age2_bt
## 7   -0.34579298 0.14792899 0.14134785
## 14  -0.36667870 0.02872738 0.05098973
## 19  -0.31078325 0.09182736 0.10963475
## 110 -0.34539663 0.17361111 0.15199110
## 126 -0.34778496 0.14792899 0.14134785
## 178 -0.36447797 0.14792899 0.14134785
## 198 -0.26347622 0.18903592 0.15744974
## 229  1.96902741 0.10405827 0.11773175
## 248 -0.36336473 0.18903592 0.15744974
## 255 -0.07119185 0.05165289 0.07652916
## 259 -0.27714363 0.17361111 0.15199110
## 261 -0.36098620 0.08650519 0.10586293
## 287 -0.29690335 0.08650519 0.10586293
## 329 -0.26207316 0.18903592 0.15744974
## 415 -0.33500994 0.22675737 0.16823976
## 446  2.13871745 0.16000000 0.14660652
## 449 -0.34340572 0.20661157 0.16290441
## 488  0.17101922 0.02972652 0.05225499
## 585 -0.25791422 0.03698225 0.06097110
## 660  0.33099930 0.13717421 0.13624853
## 674 -0.11249337 0.20661157 0.16290441
## 745  0.18832923 0.06574622 0.08947906
```

```
nrow(df[influents, ]) #il y a 28 lignes influentes donc trop forte et influent trop le modèle (que l'on
```

```
## [1] 22
```

```r
# pour les supprimer, on prend df[-influents, ]
df_clean <- df[-influents, ]
```

df_clean est donc notre nouveau jeu de donnée sans valeur “aberrante” (valeurs trop “rare”)

mise en place du modèle finale

```r
model_prefinale <- glm(diabetes ~ glucose + pressure + triceps + insulin + mass + pedigree + age2,  data
summary(mod_multi_adapt)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = as.formula(formule_bt2), family = binomial, data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.5764  -0.6401  -0.2769   0.6233   2.7284
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -5.591995   8.368156  -0.668  0.50398
## glucose      -0.127779   0.258697  -0.494  0.62135
## pressure     -0.496726   0.383945  -1.294  0.19575
## triceps       0.237325   0.293498   0.809  0.41874
## insulin       0.033987   0.020413   1.665  0.09592 .
## mass          0.624351   0.639749   0.976  0.32910
## pedigree      2.085251   0.786080   2.653  0.00798 **
## age2        -26.549137  13.031098  -2.037  0.04161 *
## glucose_bt    0.027857   0.043951   0.634  0.52620
## pressure_bt   0.095002   0.073597   1.291  0.19676
## triceps_bt   -0.052146   0.066322  -0.786  0.43172
## insulin_bt   -0.005186   0.003075  -1.687  0.09168 .
## mass_bt      -0.124614   0.138421  -0.900  0.36799
## pedigree_bt  -1.553122   0.953219  -1.629  0.10324
## age2_bt      25.058566  21.380979   1.172  0.24120
## ---
## Signif. codes:  0 ’***’ 0.001 ’**’ 0.01 ’*’ 0.05 ’.’ 0.1 ’ ’ 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 326.32  on 377  degrees of freedom
## AIC: 356.32
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

On retire les prédicteurs non-significatifs avec une P-value superieur à 0.05:

```r
model_finale <- glm(diabetes ~ glucose + mass + pedigree + age2,  data = df, family = binomial)
summary(model_finale)
```

```
##
## Call:
## glm(formula = diabetes ~ glucose + mass + pedigree + age2, family = binomial,
##     data = df)
##
## Deviance Residuals:
##     Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.8796  -0.6549  -0.3303   0.6356   2.5778
##
## Coefficients:
##               Estimate Std. Error z value Pr(>|z|)
## (Intercept)  -6.768592   1.028089  -6.584 4.59e-11 ***
## glucose       0.035765   0.005011   7.137 9.54e-13 ***
## mass          0.071212   0.020359   3.498 0.000469 ***
## pedigree      1.069722   0.421978   2.535 0.011244 *
## age2        -12.031214   2.442044  -4.927 8.36e-07 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## (Dispersion parameter for binomial family taken to be 1)
##
##     Null deviance: 498.10  on 391  degrees of freedom
## Residual deviance: 337.36  on 387  degrees of freedom
## AIC: 347.36
##
## Number of Fisher Scoring iterations: 5
```

on garde donc le modèle finale "model_finale"

#teste de préiction:

```
# 5 dernières lignes de df, enregistrées dans df_derniers
df_derniers <- tail(df, 5)
dernier_clean <- df_derniers[ , -c(1,1)]
dernier_clean2 <- dernier_clean[ , -c(2, 3, 4,7,8,9,10,11,12,13,14,15,17,18)]
#on prédit
(prediction <- predict(model_finale,newdata = dernier_clean2,type = "response"))
```

```
##        754        756        761        764        766
## 0.77661355 0.65935322 0.03678301 0.28218062 0.16110750
```

A ce niveau on peut tester avec toute sorte de données qui respecte l'ordre des variables dans lequel sont enregistré les données dans PimaIndiansDiabetes2. par exemple avec vos propres données vitales si vous les connaissez