

## Département Informatique

# Licence Informatique (L2)

---

---

**Projet :** Python

**Enseignant :** Dr. Ing. Castro G. HOUNMENOU

**Année académique :** 2024-2025

**Date limite :** 11 novembre 2024

**Instruction :** Écrivez un excellent programme intelligent avec Python. Notez qu'il doit être réalisé individuellement. Cependant, vous pouvez en discuter en termes généraux avec d'autres étudiants. Mais le travail que vous remettez doit être le vôtre.

### Projet:

#### Exercice 1

La constante réciproque de Fibonacci  $W$  est définie par la somme infinie :

$W = \text{somme}(1/F_n)$  où  $F_n$  sont les nombres de Fibonacci 1,1,2,3,5,8,13,...

Chaque élément de cette séquence de nombres est la somme des deux précédents. Commencez par définir les deux premiers éléments  $F_1 = 1$ ,  $F_2 = 1$ , puis  $F_n = F_{n-1} + F_{n-2}$ . Écrivez une fonction qui calcule le premier nombre de Fibonacci supérieur à un  $n$  donné. Exécutez le programme pour  $n = 75$ , 50 et 100.

#### Exercice 2

Les précipitations mensuelles moyennes (en pouces) pour Boston et Seattle en 2012 sont données dans les vecteurs ci-dessous (données de la National Oceanic and Atmospheric Administration des États-Unis).

BOS = [2,67 1,00 1,21 3,09 3,43 4,71 3,88 3,08 4,10 2,62 1,01 5,93]

MER = [6,83 3,63 7,20 2,68 2,05 2,96 1,04 0,00 0,03 6,71 8,28 6,85]

où les éléments des vecteurs sont dans l'ordre des mois (de janvier à décembre). Écrivez un programme dans un fichier script pour répondre à la question suivante :

a) Calculez les précipitations totales pour l'année et les précipitations moyennes mensuelles dans chaque ville.

b) Pendant combien de mois les précipitations ont-elles été supérieures à la moyenne dans chaque ville ?

c) Pendant combien de mois, et au cours de quels mois, les précipitations à Boston ont-elles été inférieures à celles à Seattle ?

### Exercice 3

Dans de nombreux systèmes naturels, les changements d'un élément donné entraînent des variations d'un autre élément, et il existe une relation définie entre eux. En termes statistiques, il existe une corrélation entre les deux variables. Par exemple, de nombreuses études (par exemple Glèlè Kakaï , 2009) ont montré que la taille d'une espèce d'arbre (définie par son diamètre à hauteur de poitrine) est corrélée à sa hauteur. Dans une telle situation, il peut être intéressant de mesurer l'importance de cette relation. Pour cette problématique, en statistique, nous utilisons le calcul de la corrélation entre les variables d'intérêt. De plus, il est très important de tester la significativité de la relation puisque la corrélation est calculée sur un échantillon. Ce test de corrélation vient confirmer si cette valeur de corrélation existe réellement dans la population considérée ou non.

Cependant, la plupart des logiciels statistiques ne proposent pas immédiatement le test de corrélation, lors du calcul de la valeur du coefficient de corrélation. Vous ne pouvez obtenir les deux qu'en effectuant un modèle linéaire. Le but de cet exercice est de proposer un programme Python qui 1) calcule la valeur du coefficient de corrélation et 2) effectue le test de corrélation en utilisant l'hypothèse  $H_0 : \rho = \rho_0$ , où  $\rho_0$  est une valeur donnée de  $\rho$  pour laquelle nous utilisons la transformation Z de Fisher donnée par

$$z = \frac{1}{2} \ln \left( \frac{1+r}{1-r} \right)$$

Le programme peut prendre en compte les étapes suivantes :

**Étape 1.** Calculez la valeur du coefficient de corrélation entre X et Y.

**Étape 2.** Calculez la statistique z de Fisher.

**Étape 3.** Pour tester l'hypothèse nulle, calculez les statistiques w

$$w = \frac{z-z_0}{\sqrt{\frac{1}{n-3}}}, \text{ où } z_0 = \frac{1}{2} \ln \left( \frac{1+\rho_0}{1-\rho_0} \right)$$

**Étape 4.** Calculez la valeur p du test à l'aide de la formule suivante :

$$P(|w| \geq |Z|) = 2[1 - \varphi(w)],$$

où  $\varphi$  est la fonction de distribution cumulative (cdf) de la distribution normale.

**Étape 5.** Renvoyer la valeur  $r$  et la valeur  $p$  de l'ensemble de données ci-dessous pour  $\rho_0 = 0$  et  $\rho_0 = 0,6$ . Comparez les deux résultats.

#### Exercice 4

Ce projet a pour but de programmer un modèle célèbre d'une population d'insectes et d'une guêpe parasite qui s'en nourrit. Le modèle s'appelle le modèle de Nicholson-Bailey, et lorsqu'il est écrit sous forme d'un ensemble d'équations, il ressemble à ceci.

$$\begin{aligned} H_{t+1} &= \beta H_t \exp(-\alpha P_t) \\ P_{t+1} &= g H_t \{1 - \exp(-\alpha P_t)\} \end{aligned}$$

Il s'agit d'un modèle mathématique qui prédit les changements de la population au fil du temps pour un insecte hôte et une guêpe parasitoïde (un « parasitoïde ») qui attaque l'hôte et se développe sur lui. Le modèle s'exécute sous la forme d'un ensemble d'étapes de temps discrètes que nous supposons égales au temps de génération de l'hôte et de son parasitoïde. Si nous connaissons la taille de la population de l'hôte ( $H$ ) et de la population du parasitoïde ( $P$ ) à une étape de temps, ces deux équations nous indiqueront quelles seront les populations des deux insectes à l'étape de temps suivante. Si nous itérons ce modèle, c'est-à-dire que nous l'exécutons de manière répétée, en lui donnant à chaque fois les chiffres de l'exécution précédente, il devrait nous indiquer comment les nombres d'hôtes et de parasitoïdes évoluent au fil du temps.

Pour plus de détails, il existe de nombreuses informations sur Internet concernant ce modèle et tout bon manuel d'écologie vous en parlera. De plus, Mills & Getz (1996), *Ecological Modelling* 92 : 121-143 propose une bonne description de ce modèle.

Les différentes parties du modèle sont :

$H_t$  est la taille de la population hôte à l'instant  $t$ ,  $H_{t+1}$  est la population à l'étape suivante.

$P_t$  est la taille de la population de parasitoïdes à l'instant  $t$ ,  $P_{t+1}$  est la population à l'étape de temps suivante.

$\beta$  est le taux d'augmentation par habitant de la population hôte : le nombre de nouveaux hôtes qu'un hôte produira à la prochaine génération.

$\alpha$  est la « zone d'attaque » du parasitoïde – en d'autres termes, la proportion de la population hôte qu'il est capable de parasiter.

$g$  est le nombre de nouveaux parasitoïdes produits à partir de chaque hôte parasité. On l'appelle souvent « c », mais il est conseillé d'utiliser «  $g$  » car « c » est le nom d'une fonction dans R.

Cela peut paraître un peu technique et compliqué, mais il est remarquablement facile de programmer en utilisant une boucle. On vous a demandé de proposer un programme pour modéliser ce phénomène dans le cas où nous considérons 30 générations. Chaque hôte peut créer 2 nouveaux hôtes par génération, mais s'il est parasité, il sera transformé en un seul nouveau parasitoïde à la place. La zone d'attaque sera fixée à une valeur arbitraire de 0,05 et la taille initiale de la population sera respectivement de 20 et 2 pour les hôtes et les parasitoïdes.

Le projet peut suivre les étapes suivantes :

Étape 1. Initialisation des différents paramètres et des tailles des populations

Étape 2. Configuration des vecteurs  $H$ ,  $P$  et  $t$  (temps)

Étape 3. Programmez le modèle réel.

La sortie de ce programme peut être une matrice des trois vecteurs  $t$ ,  $H$  et  $P$ .

Étape 4. En utilisant les résultats de votre modèle, dessinez un joli graphique montrant une prédiction des tailles de population pour une population d'hôtes et de parasitoïdes.