Master TRIED

TP EX07 : Rapport

Sujet :

Irradiation de bactéries

Réalisé par :

Karim ASSAAD

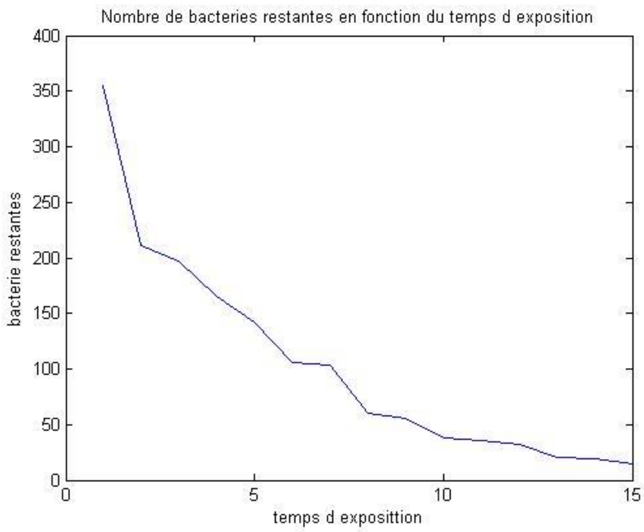
Année universitaire :

2016/2017

Présentation du sujet :

En travaillant sur des données qui représentent le nombre de bactéries marines survivantes (en centaines) après une exposition à une irradiation par rayons X de 200 kV durant des périodes de 15 intervalles de 6 minutes, on souhaite créer un modèle efficace qui permet de prédire le nombre de bactéries survivantes.

1 -

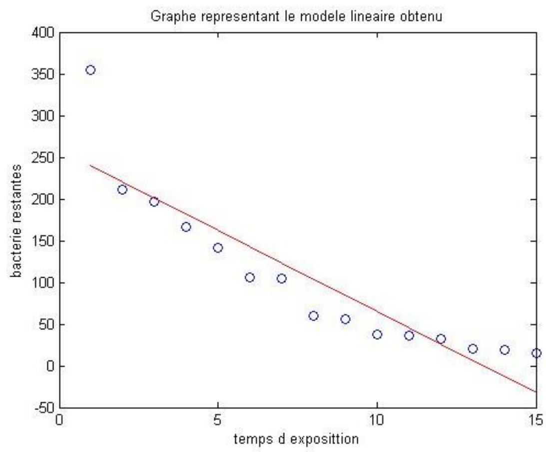


Il y a une dépendance de forme décroissante presque exponentielle.

2-

Droite de régression linéaire

b0	259.5810
b1	-19.4643
S	41.8324
R2	0.8234
Sigb0	22.7300
Sigb1	2.5000



Analyse des résidus

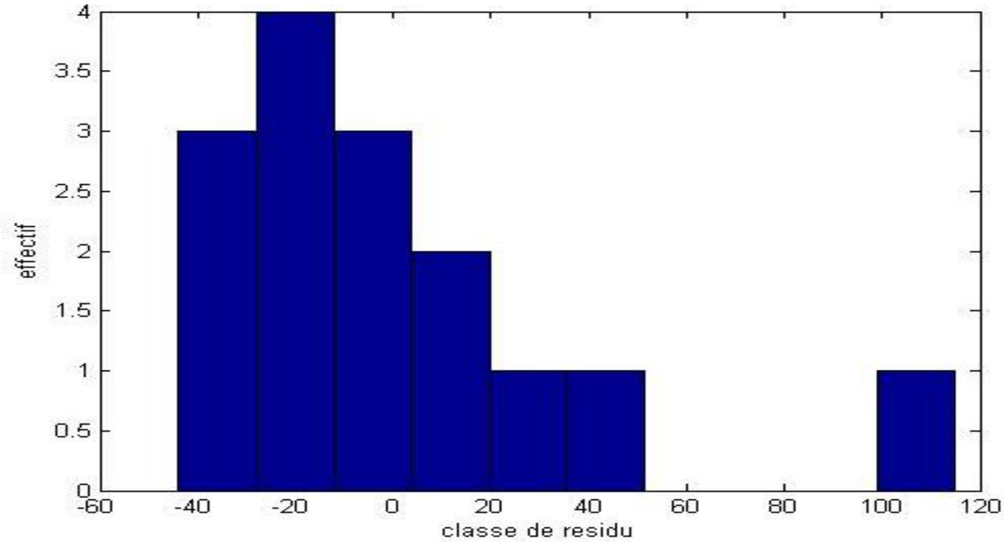
L'analyse des résidus a pour objectif de tester la validité d'un modèle de régression. Elle permet de détecter les défaillances d'un modèle, c'est pourquoi il est nécessaire de l'effectuer avant toute analyse de régression.

Les résidus sont calculés en suivant cette formule :

$$Residus = Y - \hat{Y}$$

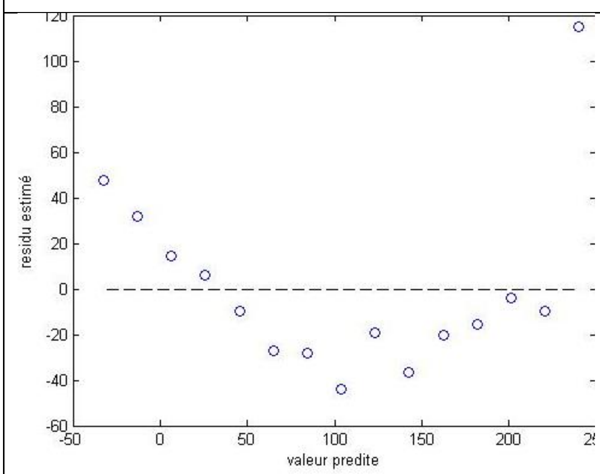
Y : les valeurs réelles ET $\hat{Y}$: les valeurs prédites

Représentation de l'histogramme des résidus



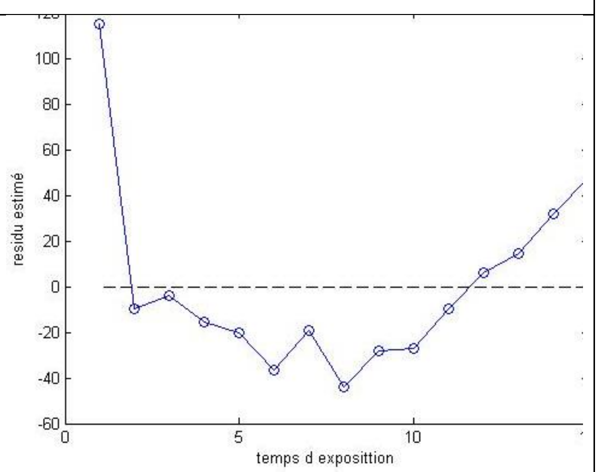
L'allure de l'histogramme des résidus estimés aide à vérifier le postulat de normalité.
L'histogramme des résidus présente une allure qui suit une loi normale sauf la dernière valeur qui peut être considérée comme une valeur aberrante.

Homogénéité des variances /espérance nulle



Le graphique représentant les résidus estimés contre les valeurs prédites par le modèle permet de vérifier que les résidus sont centrés sur 0. Il permet ensuite de vérifier l'homogénéité des variances par la comparaison de la dispersion des points, observée dans les groupes.
D'après ce graphique on peut voir qu'il y a deux groupes de points hétérogènes et en plus on peut voir que leur moyenne est légèrement au-dessous de zéro.

Vérification de l'indépendance des résidus



Si les résidus sont indépendants, le graphique des résidus estimés contre les valeurs prédites doit correspondre à un nuage de points complètement dispersés ne présentant aucune structure.

Mais le nuage obtenu n'est pas dispersé donc on considère que le postulat d'indépendance des erreurs n'est pas vérifié.

On peut conclure que notre modèle est à rejeter.

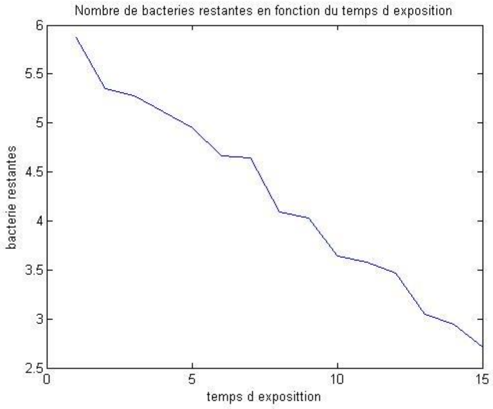
3-

Le nombre des bactéries survivantes doit suivre une loi exponentielle.

4-

On applique la transformation suivante pour obtenir une transformation presque linéaire.

$$Y2 = \log Y$$



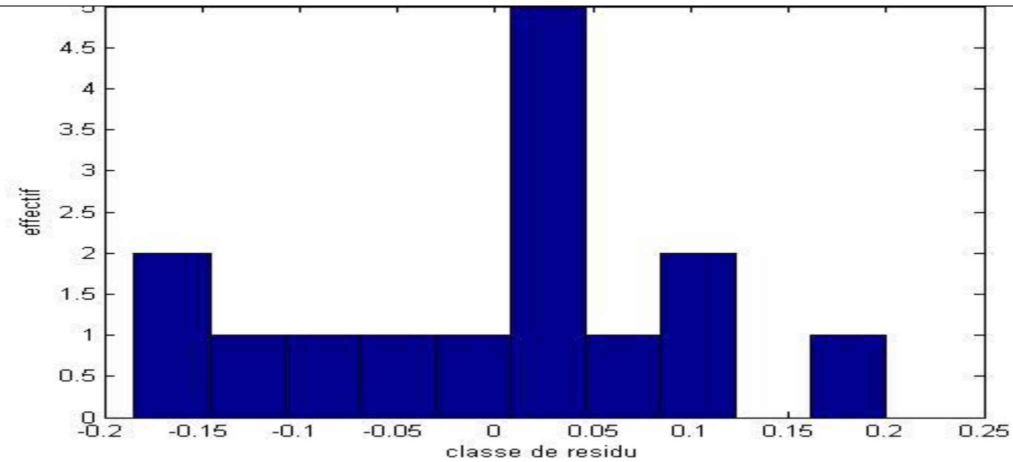
D’après ce graphe on vérifie que la dépendance est devenue presque linéaire.

5-

b0	5.9732
b1	-0.2184
S	0.1100
R2	0.9884
Sigb0	0.0598
Sigb1	0.0066

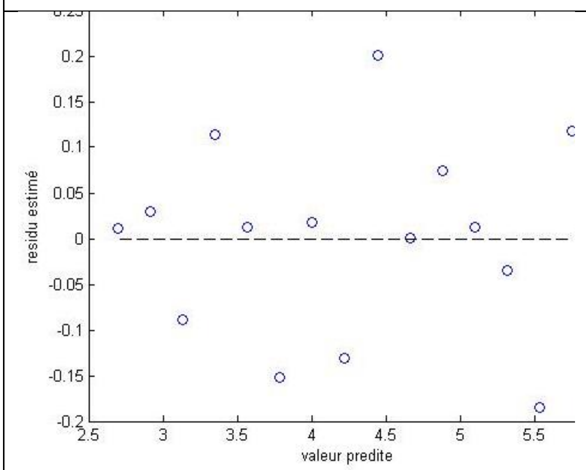
L’indicateur R2 montre qu’il y a une relation lineaire assez fort entre les donneés.

Représentation de l'histogramme des résidus



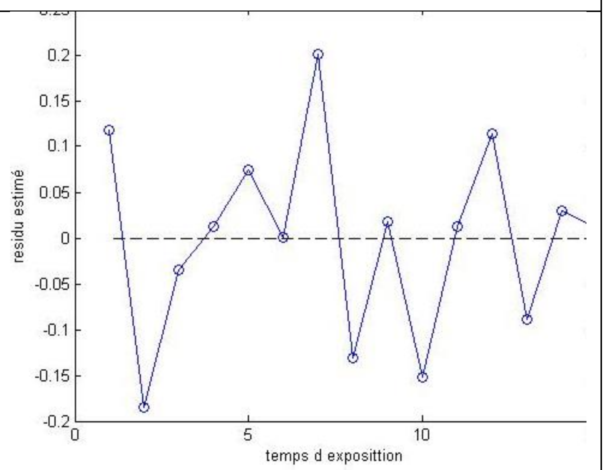
L'histogramme des résidus présente une allure s'apparentant à une loi normale. Donc on considère que la normalité est vérifiée.

Homogénéité des variances et espérance nulle



La dispersion varie autour de 0 donc l'espérance est estimée d'être nulle.
Et en plus on peut voir que les deux groupes de points (positive et négative) sont assez homogènes.

Vérification de l'indépendance des résidus



Le nuage obtenu est dispersé sans présenter de structure, on considère le postulat d'indépendance des erreurs vérifié.

On peut conclure que la transformation nous a permis d'obtenir un modèle plus robuste donc on peut l'accepter.

6-

Apres la transformation $\mathrm{Y2} = \log Y$, on a appliqué un modèle linéaire et on a obtenu b1 et b0.
Pour retrouver le modèle exponentiel il faut utiliser le fait que le modèle linéaire est présenté par :

$$Y = b0 * e^{b1*x}$$

Et donc $$\ln(Y) = \ln(b0) + b1 * x$$

On note Y'=ln(Y) et b0'=ln(b)

Pour revenir de Y' a Y il faut faire une transformation exponentielle pour éliminer le logarithme et par la suite on obtient :

$$e^{Y'} = e^{\log Y} = Y = e^{b0'+b1*x} = e^{\mathrm{b0}'} * e^{b1*x}$$

Après cette transformation on obtient le modèle exponentiel représenté ci-dessous.