

Préambule

Le fabricant d'un test de dépistage d'une maladie fournit les caractéristiques suivantes :

- ↳ la probabilité qu'un individu malade ait un test positif est 0,99
- ↳ la probabilité qu'un individu non malade ait un test négatif est 0,98.

Pour un individu de cette population, on note M l'événement « L'individu est malade » et T l'événement « Le test est positif ».

On note f la fréquence d'individus malades dans la population. On rappelle qu'une fréquence appartient à l'intervalle $[0; 1]$.

La **valeur prédictive** du test de dépistage est la probabilité qu'un individu soit malade si le test est positif.

Partie A : Simulation et conjectures

1. Pour estimer la **valeur prédictive** du test en fonction de la fréquence f d'individus malades dans la population, on réalise la simulation suivante :

- On stocke dans la variable `pMalades`, la valeur en pourcentage de la fréquence f sous la forme d'un entier entre 1 et 100;
- On extrait de la population un échantillon de `nSimul` personnes (la population est suffisamment grande pour que ce tirage soit assimilé à un tirage avec remise);
- Pour chaque personne de l'échantillon, on détermine si elle est malade et si son test est positif selon le modèle proposé par le fabricant;
- On affiche en sortie le quotient entre le nombre `nM` de personnes malades avec un test positif et le nombre `nT` de personnes avec un test positif.

Compléter la fonction ci-dessous `valeur_diagnostique(nSimul, pMalades)` pour qu'elle renvoie une estimation de la **valeur prédictive** du test sur un échantillon de taille `nSimul`. On rappelle que `randint(1, 100)` renvoie un entier choisi de façon équiprobable dans l'intervalle d'entiers $[[1; 100]]$.

```
from random import randint

def valeur_diagnostique(nSimul, pMalades):
    """ nSimul est le nombre de simulations
    pMalades est la proportion de malades pour 100 individus"""
    nT= 0 #nombre de tests positifs
    nM = 0 #nombre de malades avec un test positif
    for k in range(nSimul):
        # si la personne est malade
        if randint(1, 100) <= pMalades:
            # si le test est positif
```

```

if randint(1, 100) <= 99:
    nM = .....
    nT = .....
else:
    # si la personne n'est pas malade
    if randint(1, 100) > 98:
        nT = .....
return nM/nT

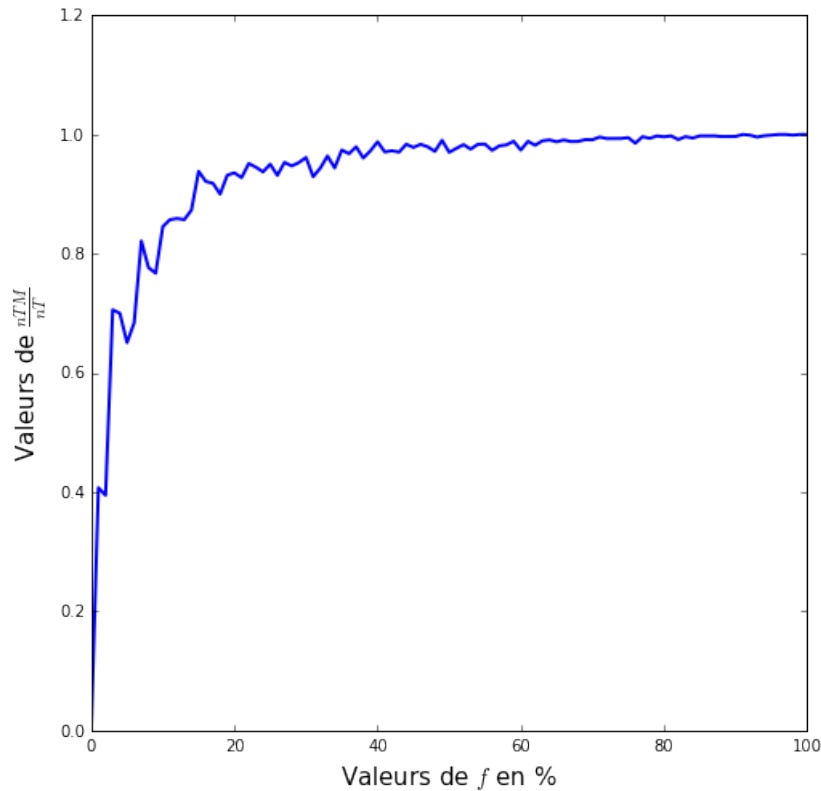
```

Compléter le code dans le carnet Capytale de code :

<https://capytale2.ac-paris.fr/web/c/33aa-3964071>

Pour y accéder vous copiez le lien dans la barre d'adresse d'un navigateur Web, vous choisissez l'ENT de la région AURA et vous vous authentifiez avec vos identifiants ENT.

2. On donne ci-dessous une représentation graphique du quotient $\frac{nM}{nT}$ obtenu pour différentes valeurs de f sur des échantillons de taille 1 000.



- a. Quelle conjecture peut-on faire sur l'évolution de la **valeur prédictive** du test lorsque f augmente?
- b. Quelle conjecture peut-on faire sur l'évolution de la **valeur prédictive** du test lorsque f tend vers 0?

Partie B : Étude mathématique

1. Représenter la situation décrite dans le préambule par un arbre pondéré.
2. Exprimer $\mathbb{P}(T)$ en fonction de f .
3. Exprimer la valeur prédictive du test, c'est-à-dire $\mathbb{P}_T(M)$, en fonction de f .
4. Calculer la probabilité d'un « faux positif », c'est-à-dire la probabilité qu'un individu dont le test est positif, ne soit pas malade.
5. Dresser le tableau de variations complet de la fonction $g : f \mapsto \mathbb{P}_T(M)$ sur l'intervalle $[0; 1]$. Détailler la démarche.
6. Déterminer la condition que doit vérifier la fréquence f de la maladie dans la population pour que la valeur prédictive du test soit supérieure à 0,5.
7. Quel problème pose ce test de dépistage si la maladie est rare?