

# Setup Shinyapps.io

De volgende stappen doe je in R. Je kan het R script voor de app alvast openen.

## 1. Installeer rsconnect

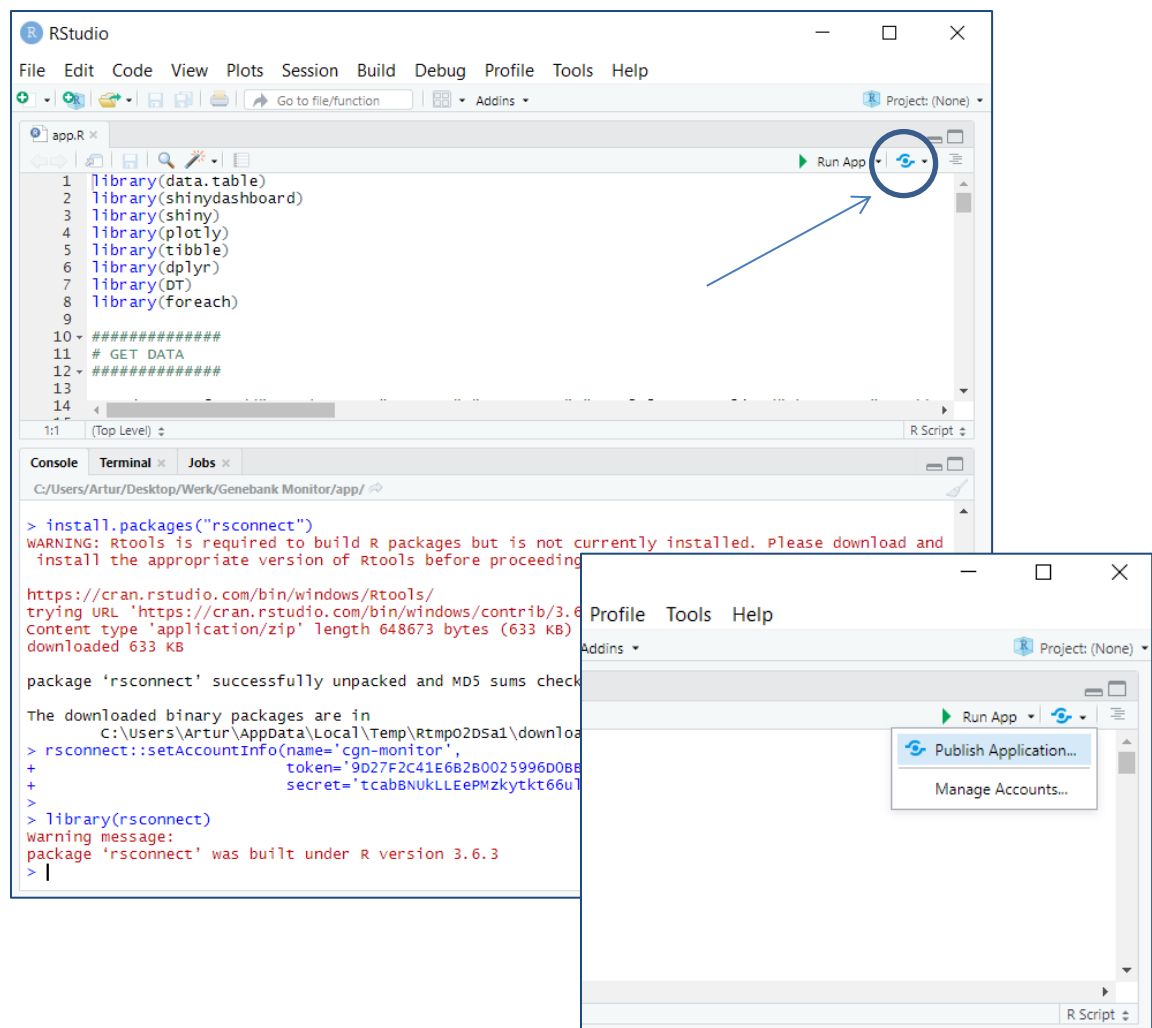
```
install.packages("rsconnect")
```

## 2. Authoriseer het CGN account

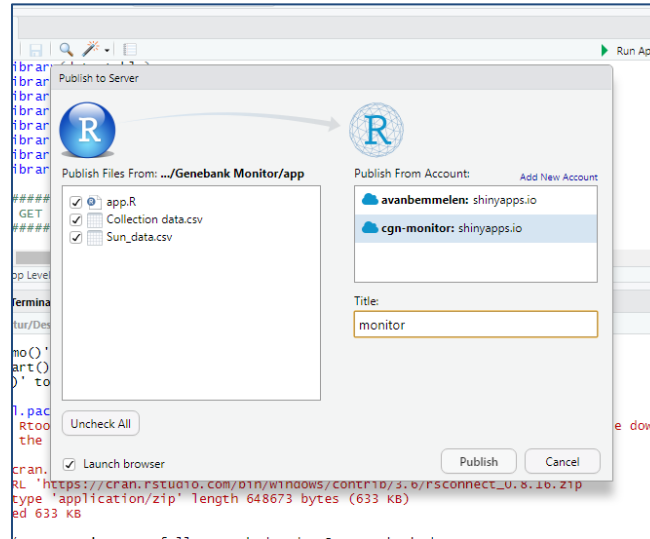
```
rsconnect::setAccountInfo(name='cgn-monitor',  
                           token='9D27F2C41E6B2B0025996D0BB484473C',  
                           secret='tcabBNUkLLEePMzkykt66u194p6286t2ftc+TMz')
```

## 3. Deploy

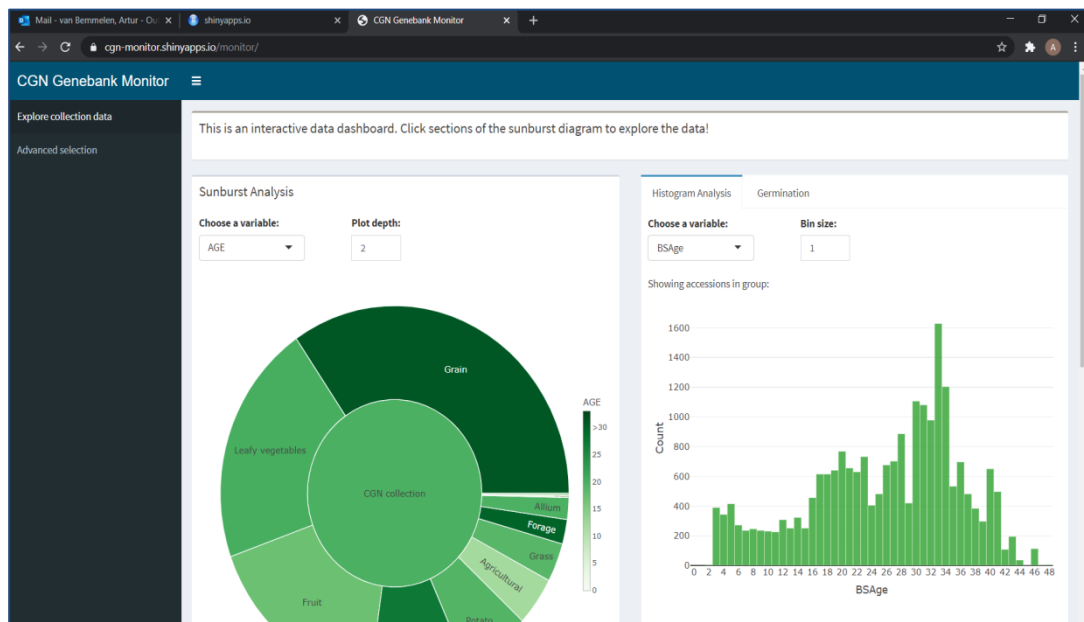
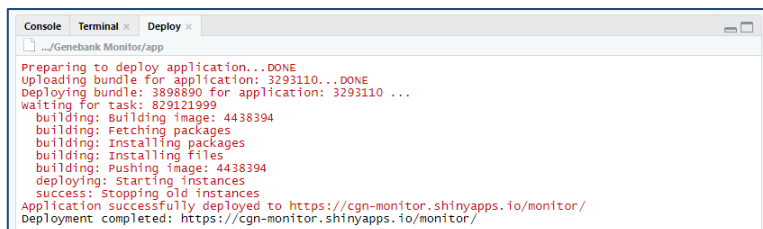
Rechtsboven zou nu een blauw icoontje aanwezig moeten zijn. Ernaast staat 'Run App', als je hierop klikt wordt de app lokaal opgestart. Je klikt op het blauw icoontje en klikt 'Publish Application'.



Als je alle app bestanden in apart in een map hebt staan, dan hoef je links niks meer te deselecteren. Rechts selecteer je je account. De titel is wat er achteraan de URL komt te staan. De titel 'monitor' levert de volgende URL op: [cg-n-monitor.shinyapps.io/monitor](https://cg-n-monitor.shinyapps.io/monitor). Links onder staat een vinkje bij 'Launch browser', deze voert je gelijk naar je app wanneer deze klaar is met uploaden. Klik publish.



Het deploy process kan nu enige tijd duren, sluit R ondertussen niet af. Wanneer de app klaar is, zal de webpagina zich vanzelf openen en kan je controleren dat alles goed gegaan is.

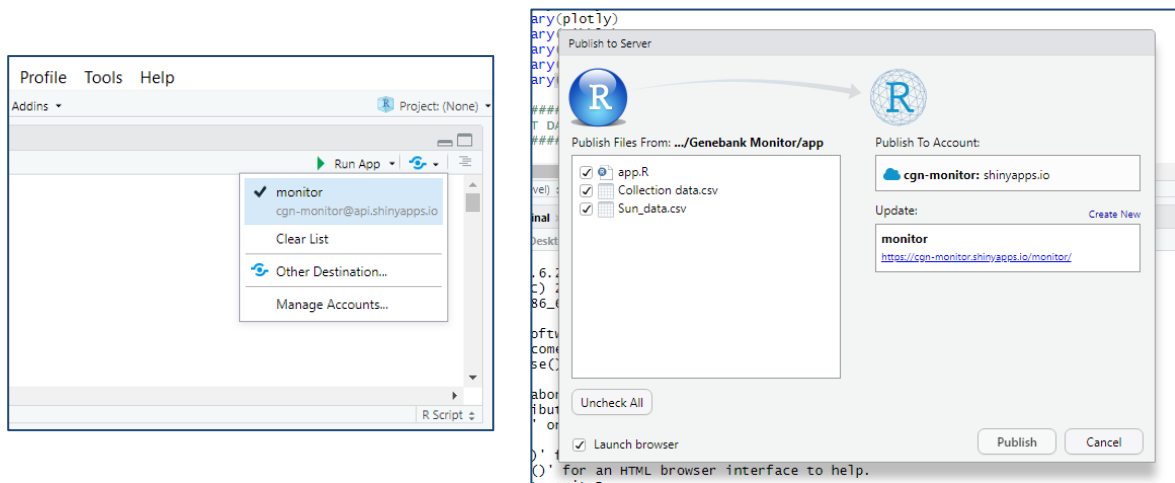


# Updaten

Om een nieuwe versie van de app online te brengen, start je R op en open je het R script van de app. Het maakt niet uit of de data vernieuwd is, of het R script waarin de app geschreven is. Je kan hier twee keuzes maken:

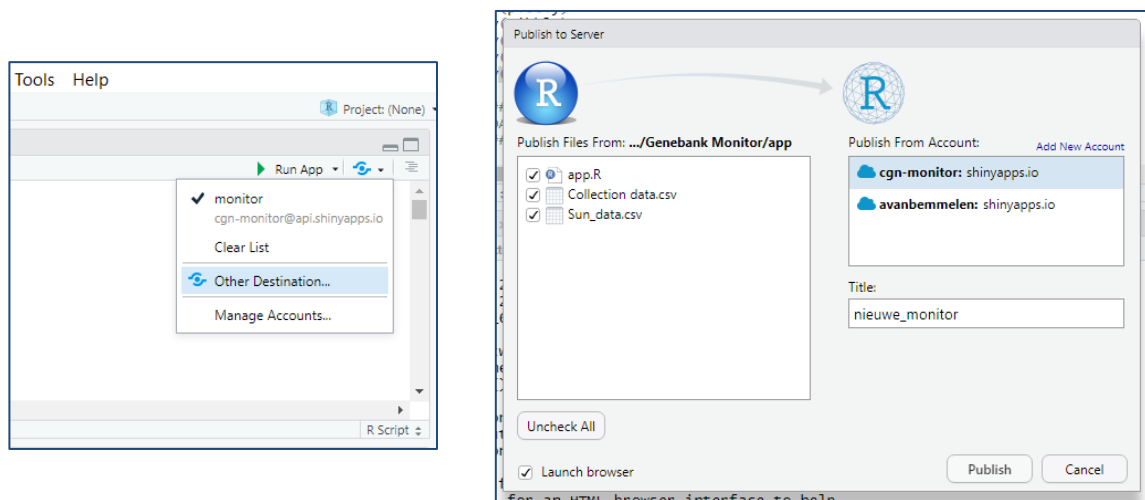
## 1. De nieuwe versie uploaden op de oude URL

Bij deze keuze overschrijf je de oude versie van monitor. Je klikt het blauwe icoontje, en selecteert de monitor aanklikken. Daarna kan je de nieuwe app gelijk publishen op de oude URL.



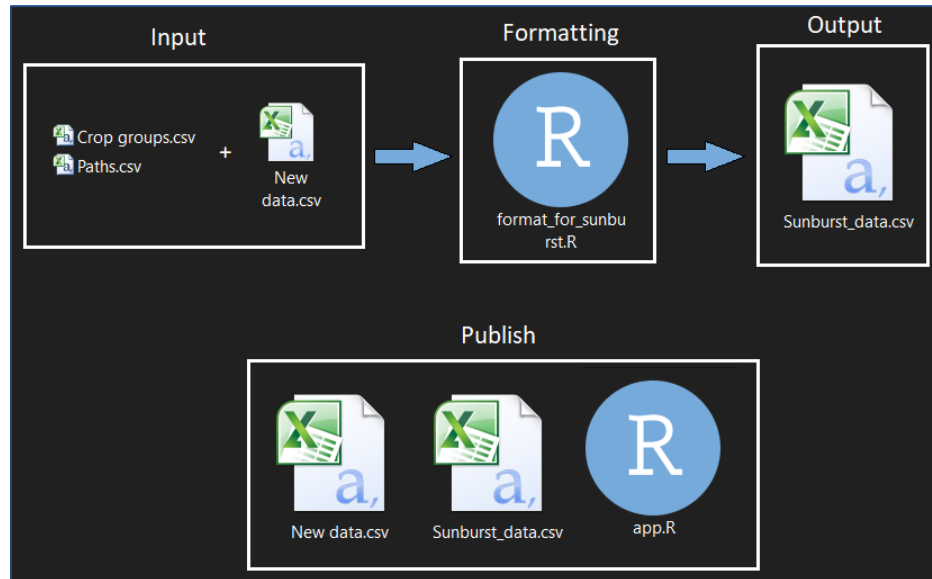
## 2. De nieuwe versie uploaden op een nieuwe URL

Bij deze keuze bewaar je de oude versie op de oude URL, en maak je een nieuwe URL voor de nieuwe versie. Klik het blauwe icoontje, en selecteer 'Other Destination'. Je kan bij 'Title' nu een andere naam opgeven. De URL voor deze versie wordt dan: cg-n-monitor.shinyapps.io/nieuwe\_monitor



# Nieuwe Data

## 1. Overzicht



## 2. Ruwe data

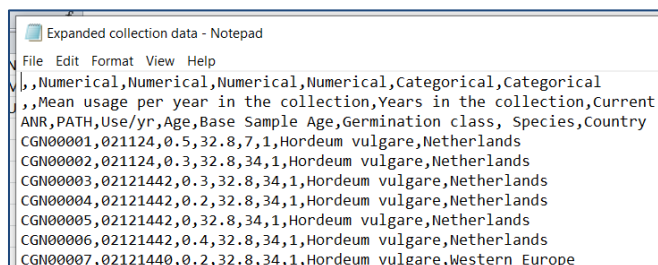
Er is een script om nieuwe data op de juiste manier te formatteren, maar om gebruik te maken van dit script moet de ruwe data wel aan de juiste specificaties voldoen. De data moet aangeleverd worden in .csv format, met de accessies in de rijen en de variabelen in de kolommen. In de eerste twee kolommen komen altijd de accessie nummers en hun path.

Zie hieronder de huidige .csv, ingelezen als normale Excel sheet voor de leesbaarheid.

Mean usage per year in the collection									
	A	B	C	D	E	F	G	H	I
1			Numerical	Numerical	Numerical	Numerical	Categorical	Categorical	
2			Mean usage	Years in the collection	Current age	Assessment of germination	Country of origin		
3	ANR	PATH	Use/yr	Age	Base Sample	Germination	Species	Country	
4	CGN00001	21124	0.5	32.8	7	1	Hordeum	Netherlands	
5	CGN00002	21124	0.3	32.8	34	1	Hordeum	Netherlands	
6	CGN00003	2121442	0.3	32.8	34	1	Hordeum	Netherlands	
7	CGN00004	2121442	0.2	32.8	34	1	Hordeum	Netherlands	
8	CGN00005	2121442	0	32.8	34	1	Hordeum	Netherlands	
9	CGN00006	2121442	0.4	32.8	34	1	Hordeum	Netherlands	
10	CGN00007	2121440	0.2	32.8	34	1	Hordeum	Western Europe	

Boven de kolomnamen (ANR, PATH, Use/yr, etc), voeg je nog twee rijen toe. In rij 1 komt te staan of de variabele Numerical of Categorical is (let op hoofdletter!). In rij 2 komt de omschrijving van de variabele. Deze worden dan vanzelf ingelezen en op de juiste plaats gezet in de app.

Belangrijk! Wanneer je een .csv file opnieuw opent met Excel, wil Excel de paths nog wel eens als getallen behandelen: 0211 wordt dan 211. Dit is hierboven ook te zien. Als je de file nu *niet* opnieuw opslaat, zijn de paths nog correct. Dit kan je controleren in Notepad.

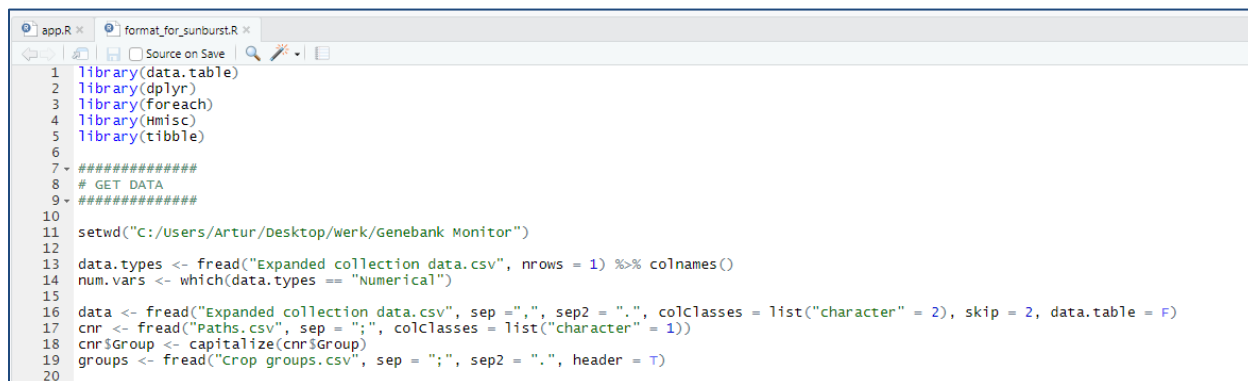


```
File Edit Format View Help
,,Numerical,Numerical,Numerical,Numerical,Categorical,Categorical
,,Mean usage per year in the collection,Years in the collection,Current a
ANR,PATH,Use/yr,Age,Base Sample Age,Germination class, Species,Country
CGN00001,021124,0.5,32.8,7,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00002,021124,0.3,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00003,02121442,0.3,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00004,02121442,0.2,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00005,02121442,0.3,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00006,02121442,0.4,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Netherlands
CGN00007,02121440,0.2,32.8,34,1,Hordeum vulgare,Western Europe
```

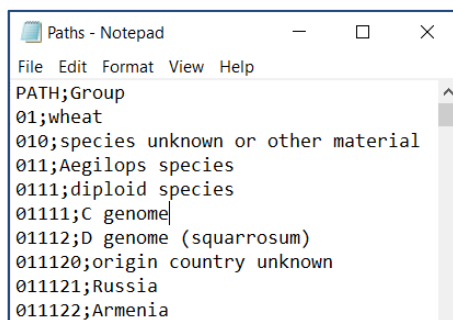
Zorg dus dat je een backup hebt van de correcte path waardes voor alle accessies. Dan kan je de wijzigingen die in Excel moeten gebeuren gewoon daar doen, en daarna de path waardes corrigeren. Om deze reden is het ook fijner om kleine wijzigingen (bijvoorbeeld de omschrijvingen van variabelen) in Notepad te doen.

### 3. Ruwe data formatteren

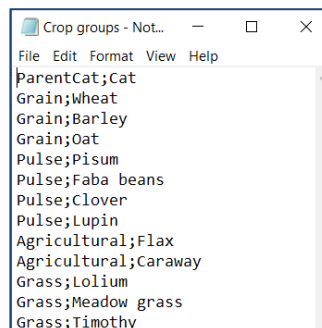
Wanneer de ruwe data aan de specificaties voldoet, kan je deze met het `format_for_sunburst.R` script formatteren. Zet het working directory naar de map waar je de ruwe data bewaard (hier 'Expanded collection data.csv'). Hier heb je ook de bestanden 'Paths.csv' en 'Crop groups.csv' nodig.



```
app.R x format_for_sunburst.R x
1 library(data.table)
2 library(dplyr)
3 library(foreach)
4 library(Hmisc)
5 library(tibble)
6
7 #####
8 # GET DATA
9 #####
10
11 setwd("C:/Users/Artur/Desktop/werk/Genebank Monitor")
12
13 data.types <- fread("Expanded collection data.csv", nrows = 1) %>% colnames()
14 num.vars <- which(data.types == "Numerical")
15
16 data <- fread("Expanded collection data.csv", sep = ",", sep2 = ".", colClasses = list("character" = 2), skip = 2, data.table = F)
17 cnr <- fread("Paths.csv", sep = ";", colClasses = list("character" = 1))
18 cnr$Group <- capitalize(cnr$Group)
19 groups <- fread("Crop groups.csv", sep = ";", sep2 = ".", header = T)
20
```



```
File Edit Format View Help
PATH;Group
01;wheat
010;species unknown or other material
011;Aegilops species
0111;dipliod species
01111;C genome
01112;D genome (squarrosom)
011120;origin country unknown
011121;Russia
011122;Armenia
```



```
File Edit Format View Help
ParentCat;Cat
Grain;wheat
Grain;Barley
Grain;Oat
Pulse;Pisum
Pulse;Faba beans
Pulse;Clover
Pulse;Lupin
Agricultural;Flax
Agricultural;Caraway
Grass;Lolium
Grass;Meadow grass
Grass;Timothy
```

Hierna volgt een korte sectie ‘Settings’ waar je specificeert hoe de 0 van de kiemkrachten behandeld moet worden voor de gemiddeldes van het sunburst diagram.

```

21 #####
22 # SETTINGS
23 #####
24
25 #Currently, there is still germination assessment data rated 0, on a scale of 1 to 4.
26 #These are extrapolated values which is assumed to be 1, but were not actually measured.
27 #Keeping the value as 0 leads to highly misleading averages.
28 #Keep in mind: these values are only replaced to determine the averages of the sunburst diagram.
29 #With which value do you want to replace the zeros? Options: 1, NA.
30
31 germination.extrapolation.val <- 1
32
33 #What is the column name of the germination variable?
34
35 germination.colname <- "Germination class"
36
37 #This code replaces all zeros as specified above
38 germination.col <- grep(germination.colname, colnames(data))
39 data[, germination.col] <- replace(data[, germination.col]==0, values = germination.extrapolation.val)
40

```

Daarna scroll je helemaal naar beneden. Hier kan je de naam van de geformatteerde output veranderen. Als je tevreden bent met je settings, en je je bestanden goed kan inlezen, dan kan je het gehele script gewoon in 1 keer uitvoeren.

```

99 #####
100 # SAVE DATA
101 #####
102
103 fwrite(summary, "sunburst_data.csv", sep = ";", row.names = FALSE, col.names = TRUE)
104

```

#### 4. De geformatteerde output

Hieronder zie je de geformatteerde uitput van de file bij “2. Ruwe data”. Iedere gewassengroep heeft een rij, met daarin hun path (CNR), het path van de overkoepelende groep (ParentCNR), de naam van de groep (Cat), en het aantal leden (Count). Verder is er voor iedere **numerieke** variabele het gemiddelde bepaald, en het aantal accessies dat data mist voor die variabele.

	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	CNR	ParentCNR	Cat	Count	Use/yr	Age	Base Sample Age	Germination class	Use/yr.NA	Age.NA	Base Sample Age.NA	Germination class.NA
2	01	Grain	Wheat	4909	0.1	29.02	27.56	1	0	0	72	0
3	010	01	Species un	7	0.36	26.64	30.71	1	0	0	0	0
4	011	01	Aegilops sp	189	0.12	28.61	25.54	1	0	0	10	0
5	0111	011	Diploid spe	124	0.12	28.28	26.74	1	0	0	7	0
6	01112	0111	D genome	78	0.12	28.12	28.6	1	0	0	3	0
7	011120	01112	Origin cou	11	0.11	28.45	34.64	1	0	0	0	0
8	011121	01112	Russia	1	0.1	10.2	NaN	1	0	0	1	0
9	011122	01112	Armenia	1	0.1	29.4	40	1	0	0	0	0
10	011123	01112	Azerbaijan	4	0.02	26.8	18	1	0	0	0	0
11	011124	01112	Turkmenis	5	0.16	20.68	18.33	1	0	0	2	0
12	011125	01112	Pakistan	9	0.1	29	28.11	1	0	0	0	0
13	011126	01112	Afghanista	28	0.11	29.31	30.64	1	0	0	0	0

#### 5. Publish

Zie het hoofdstuk “Updaten”. De app is pas compleet als je de volgende files hebt: de ruwe data als .csv, de geformatteerde sunburst als .csv, en het app script.

# Verwijderen of Archiveren

Om de app te verwijderen ga je naar shinyapps.io en log je in.

Emailadres: [roel.hoekstra@wur.nl](mailto:roel.hoekstra@wur.nl)

Wachtwoord: Nietmachine01





Onder 'Applications' vind je de monitor.

shinyapps.io

Help Account: cgn-monitor

APPLICATIONS / ALL

Search...

Id	Name	Status	Instances	Deployed Date	Created Date	
3293110	monitor	Running	1	Nov 24, 2020	Nov 24, 2020	   

Show 10 entries per page

First 1 Last

© 2020 RStudio, PBC | All Rights Reserved | Terms Of Use

Om de app te verwijderen, moet je deze eerst archiveren. Daarna kan je hem verwijderen met de prullenbak. Archiveren is een mooie manier om een app tijdelijk uit de lucht te halen. De app kan dan niet meer bereikt worden via zijn URL, maar kan onmiddellijk weer online gebracht worden door hem uit het archief te halen.