

Application {shiny} de correction de projets individuels utilisant R, RStudio, GitHub



Philippe Grosjean & Guyliann Engels

Université de Mons, Belgique
Service d'Écologie numérique

<philippe.grosjean@umons.ac.be>, <phgrosjean@sciviews.org>

Rencontres R 2023, Avignon

UMONS

Qui sommes-nous?

Philippe Grosjean

- Professeur
- Biologiste marin
- Développeur en R



Guyliann Engels

- Assistant
- Biologiste marin
- Utilisateur de R



Cours de sciences des données biologiques

<https://wp.sciviews.org/>

UMONS - Université de Mons



Science des données biologiques

Moodle

Discord

Github

E-mail

RStudio



Login with BioDataScience

Accueil

Contact

Contenu des cours

Science des données biologiques 1 (Bab2)

Science des données biologiques 2 (Bab3)

Science des données biologiques 3-5 (Ma1&2)

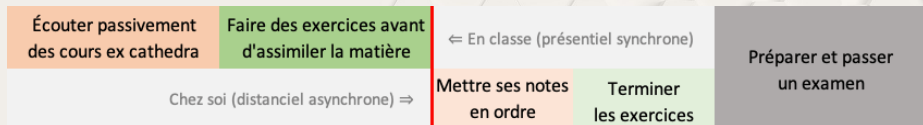
Bien débiter...



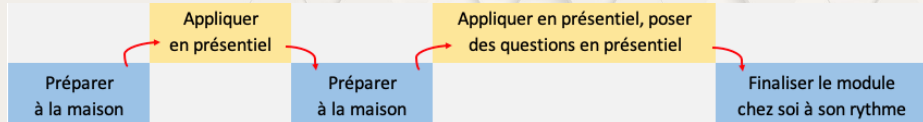
Méthode d'enseignement

On veut des étudiants **actifs**

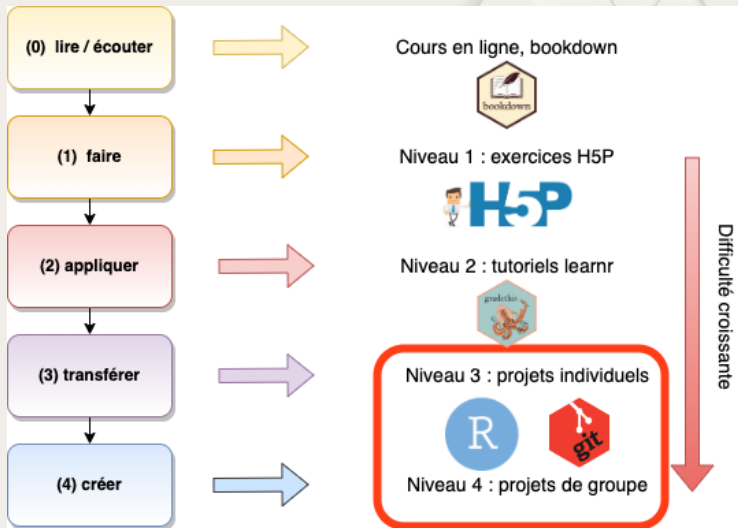
Cours classique *ex cathedra* + séances d'exercices



Approche en classe inversée



Quatre niveaux d'exercices



Gestion des projets

Projet RStudio hébergé sur github sous la forme d'un template. :

https://github.com/BioDataScience-Course/A09Ia_ttest

Github Classroom permet à chaque étudiant de générer une copie dans notre organisation github du projet template.

The screenshot shows the GitHub repository page for `BioDataScience-Course / A09Ia_ttest`. The repository is a public template with 0 stars and 0 forks. The repository structure is as follows:

File/Folder	Description	Last Commit
R	Adaptation of import.R	3 months ago
bibliography	initialisation du projet	3 months ago
data	Adaptation of import.R	3 months ago
docs	Save objects	3 months ago
tests	Save objects	3 months ago
.gitignore	collection of several objects to automate the correction	3 months ago
A09Ia_ttest.Rproj	Create A09Ia_ttest.Rproj	3 months ago

The 'About' section states: "No description, website, or topics provided." The 'Releases' section states: "No releases published."

Structuration du document

```
<!--% Réalisez un graphique pertinent par rapport à ce
test afin d'illustrer la situation d'après l'indice de
performance de la photosynthèse pi_abs. -->
```

```
```${r plot2}
```

```
<!-- Calculez un tableau des descripteurs statistiques
pertinents par rapport à ce test (incluez médiane,
moyenne et écart type dans vos calculs). -->
```

```
```${r tab2}
```

```
<!--% Réalisez le test d'hypothèse, en prenant un seuil
alpha de 5%. -->
```

```
```${r test2a}
```

```
test2a <- ____
test2a
Ne modifiez pas ci-dessous
write$rds(test2a, here::here("tests", "test2a.rds"),
compress = "xz")
````
```

Un document
Rmarkdown contenu
dans un projet RStudio
sur un dépôt github :
https://github.com/BioDataScience-Course/A09Ia_ttest

- des consignes sous la forme de commentaires
- des noms de chunks ou des niveaux de titres comme des balises.


Comment corriger ces projets ?


Démonstration : {learnitgrid}


~/EcoNum/sdd-projects-pseudo/learnitgrid_phg_test.R - Shiny

http://127.0.0.1:7429 Open in Browser Publish

✓ Correction par critère

 A03IA_22M_DISTRIBUTIONS
Set: 2022-12-07

 TEMPLATE
A03Ia_distributions

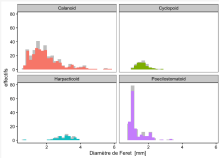
 EVALUATEUR
GuyliannEngels

Entrées pour un critère

@histo_fact = histogrammes multiples de la variable feret.

CSV Excel

Filtrer :

| Max | Score | Commentaire | Contenu | Graphique | Liens | Evaluateur | Étudiant/groupe |
|-----|-------|--|---|---|--|----------------|-----------------|
| 2 | | 1 Ce n'est pas le graphique demandé. Il manque encore quelques instructions. | <pre>chart(data=zoo_sub, ~ feret %fill=% cla ss class) + geom _histogram(fill= "g rey", bins=25) + yl ab("effectifs") + g eom_histogram(show. legend = FALSE)</pre> |  | template
repo
docs
html
Rmd (get it) | GuyliannEngels | id294 |
| 2 | | 1 Ce n'est pas le graphique demandé. Il manque encore quelques instructions. | <pre>chart(data = zoo_su b, ~ feret class) geom_histogram(sh ow.legend = FALSE, bins = 25) + ylab("Effectifs")</pre> | | template
repo
docs
html
Rmd (get it) | GuyliannEngels | id320 |

Avez-vous des questions ?

Ressources utiles

- Site web du cours : <https://wp.sciviews.org/>
- {learnitgrid} : <https://www.sciviews.org/learnitgrid/>
- {learnitdown} : <https://www.sciviews.org/learnitdown/>
- cette présentation : https://github.com/BioDataScience-Course/sdd_presentations/tree/master/2023_rencontresr_avignon

