

# 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 \(Ma1&2\)](#)

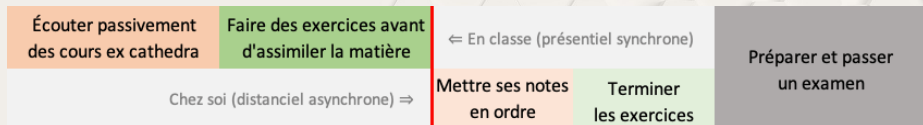
## Bien débiter...



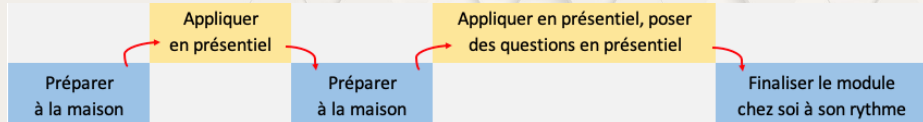
# Méthode d'enseignement

On veut des étudiants **actifs**

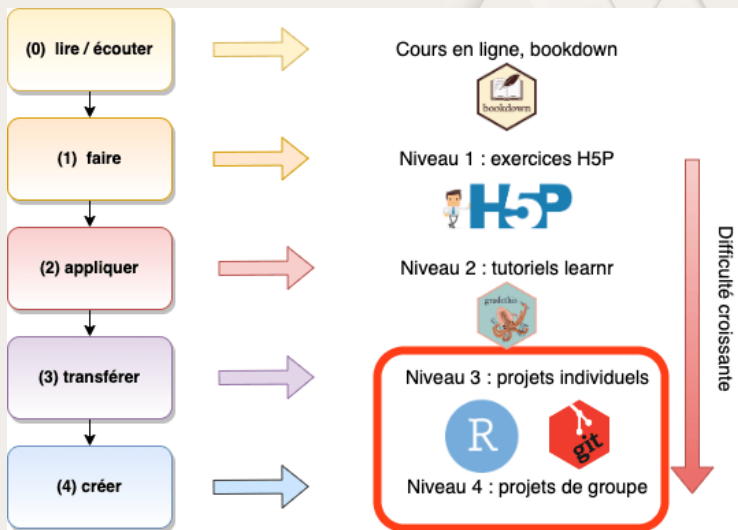
**Cours classique *ex cathedra* + séances d'exercices**



**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](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 interface for the repository `BioDataScience-Course / A09Ia_ttest`. The repository is a public template with 0 stars and 0 forks. The main content area displays the repository structure:

File/Folder	Description	Last Commit
<b>phgrosjean</b> Save objects		ccf7b27 on Mar 13 9 commits
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 on the right indicates that no description, website, or topics are provided. The 'Releases' section shows that no releases have been 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](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 ?

## Cas pratique : A09Ia\_22M\_ttest

- 50 projets
  - avec 1 document Rmarkdown
- 50 grilles de corrections
  - avec 26 critères (code R, interprétation de graphique, ...)

```
Remarques générales sur le projet.
Réalisation d'au moins un commit dans seaweed.Rmd.
Compilation du document seaweed.Rmd.
YAML = Entête complet (title+author+date) dans seaweed.Rmd.
# Introduction = Introduction photosynthèse et stress thermique chez Fucus distichus.
@import = Importation de photosynthesis.csv.
@select1 = sélection Svalbard + 20°C + t0 & t60.
@pivot1 = remaniement du tableau avec pivot_wider().
## Variation de la capacité photosynthétique après 60 minutes dans une eau à 20°C = formulation des hypothèses.
@plot1 = Nuage de points t60 vs t0 avec bissectrice.
@tab1 = Tableau descriptif des données.
@test1a = t-test apparié t0 / t60.
+test1a = Interprétation du t-test apparié t0 / t60 + Normalité + test alternatif.
@test1b = Wilcoxon apparié t0 / t60.
+test1b = Interprétation du Wilcoxon apparié t0 / t60 + comparaison.
@select2 = sélection 20°C + t60.
+select2 = choix test et formulation des hypothèses.
@plot2 = graphique moyennes + barres d'erreurs / population.
@tab2 = Tableau descriptif du second sous-ensemble de données.
@test2a = Wilcoxon pi_abs ~ population.
+test2a = Interprétation Wilcoxon #2 + hypothèses t-test.
@test2b = t-test pi_abs ~ population.
+test2b = interprétation et comparaison au Wilcoxon.
@power2b = puissance du t-test.
+power2b = interprétation puissance du t-test.
Question bonus = calcul de taille nécessaire pour un effet significatif (+2 points max).
```

Total : 1300 critères note et commentaire à compléter



Notre solution : {learnitgrid} <https://github.com/SciViews/learnitgrid>

- `create_context()` : une liste contenant toutes les informations sur les projets à corriger
- `populate_table()` : regrouper toutes les informations dans un tableau pour réaliser la correction


=> Une application shiny permettant la correction en série.


# 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

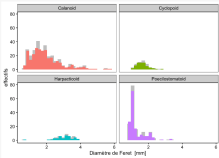
 EVALUATEUR  
GuyliannEngels

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> |  | <a href="#">template</a><br><a href="#">repo</a><br><a href="#">docs</a><br><a href="#">html</a><br><a href="#">Rmd (get it)</a> | 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>   |   | <a href="#">template</a><br><a href="#">repo</a><br><a href="#">docs</a><br><a href="#">html</a><br><a href="#">Rmd (get it)</a> | GuyliannEngels | id320           |

# Avez-vous des questions ?

## Ressources utiles

- Site web du cours : <https://wp.sciviews.org/>
- {learnitgrid} : <https://github.com/SciViews/learnitgrid>
- {learnitdown} : <https://www.sciviews.org/learnitdown/>
- cette présentation : [https://github.com/BioDataScience-Course/sdd\\_presentations/tree/master/2023\\_rencontresr\\_avignon](https://github.com/BioDataScience-Course/sdd_presentations/tree/master/2023_rencontresr_avignon)

