



CESAB  
CENTRE DE SYNTHÈSE ET D'ANALYSE  
SUR LA BIODIVERSITÉ



# Messages à retenir

En guise d'au-revoir 🙄



L'équipe au complet

Vendredi 6 novembre 2020

```
>>> Article -> RECHERCHE NON REPRODUCTIBLE
```

```
>>> Données + Métadonnées + Matériel & Méthodes + (Article) -> RECHERCHE REPRODUCTIBLE
```

**A vous de choisir le degré de complexité** mais respectez ces 3 principes :

👉 **Organisez vos fichiers selon les conventions de votre communauté.**

Organisez votre répertoire de travail avec des sous-dossiers : un **Research Compendium** - **Lecture**

👉 **Séparez données, méthodes et résultats**, tout en exposant leurs relations.

Développez des fonctions  dans un sous-dossier **R/** et documentez-les avec **devtools::document()**

Intégrez vos analyses, résultats et éléments textuels avec **RMarkdown**

👉 **Specifiez l'environnement de développement** qui a été utilisé pour réaliser vos analyses.

Créez un fichier **DESCRIPTION** et utilisez les fonctions :

- **devtools::install\_deps()** : évite d'utiliser **install.packages()**
- **devtools::load\_all()** : évite d'utiliser **library()**

Créez un README pour décrire l'environnement de développement (e.g. **Session.info()**)

Et pour les plus audacieux, ayez l'esprit **docker** 

👉 pour un travail collaboratif :

Versionnez votre développement avec `git` et GitHub/Lab  /  
`ricon::fa("gitlab")``

👉 Utilisez un "pipeline" si vos analyses prennent du temps :

`{drake} , {targets}`

👉 pour diffuser / réutiliser vos fonctions :

Construisez un `package R` (n'oubliez pas le `.Rbuildignore`)