



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

```
is_reproductible <- function(recherche) {  
  reqs <- c("Données", "Métadonnées", "Matériel & Méthodes", "Article")  
  if( sum(is.element(recherche, reqs)) == length(reqs) ) {  
    cat("This research is REPRODUCIBLE !\n")  
  } else {  
    cat("This research is NOT REPRODUCIBLE !\n")  
  }  
}
```

```
recherche_a <- c("Article")  
is_reproductible(recherche_a)
```

This research is NOT REPRODUCIBLE !

```
recherche_b <- c("Matériel & Méthodes", "Article")  
is_reproductible(recherche_b)
```

This research is NOT REPRODUCIBLE !

```
recherche_c <- c("Données", "Métadonnées", "Matériel & Méthodes", "Article")  
is_reproductible(recherche_c)
```

This research is REPRODUCIBLE !

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 : construisez un **Research Compendium - Lecture**

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

Développez des fonctions **R** dans un sous-dossier **R/** et documentez-les avec **devtools::document()** (pour les rendre accessible à vos analyses grâce au **NAMESPACE**)

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 :

(potentiellement avec vous-même dans 3 mois)

Versionnez votre développement avec **git** et GitHub  (ou gitlab )

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

Packages **{drake}** , **{targets}**

👉 Pour diffuser / réutiliser vos fonctions :

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