

Rapport de stage partiel

**Mise en place d'une application web
surveillant la croissance des coraux
en mésocosmes.**

Jordan Benrezkallah

Maître de stage : Philippe Grosjean

Encadrant de stage : Guyliann Engels

Promoteur : Aline Leonet et David Coornaert

HEH - Campus technique - Bloc 3 du cursus Bachelier en Biotechnique

Année académique 2018-2019

Table des matières

1 Présentation de l'entreprise	3
2 Présentation de l'équipe	5
2.1 Philippe Grosjean	5
2.2 Guyliann Engels	5
2.3 Antoine Batigny	6
2.4 Rémy Dugauquier	6
2.5 Madeleine Gille	6
3 But	8
3.1 Stage	8
4 Analyse	9
4.1 Outils monitorings	9
4.1.1 Masse immergée et masse squelettique	9
4.1.2 Tableur	9
4.1.3 Application Shiny	10
4.2 Outils utilisés	13
4.3 Objectifs réalisés	13
4.4 Planning de travail	13
5 Communications interpersonnelles	14
5.1 Difficultés rencontrées	14
5.1.1 R vs python	14
5.1.2 Shiny communication entre ui.R et server.R	14
5.1.3 Apport au sein de l'entreprise	14
6 Note	16
7 Annexe	17
7.1 ui.R	17
7.2 server.R	18

Chapitre 1

Présentation de l'entreprise

Mon stage de fin d'études, se déroule dans à l'université de l'UMons dans le service d'Écologie Numérique des Milieux Aquatiques (abrégé en EcoNum) du département de Biologie.

L'Université de Mons (UMONS), est une université francophone implantée en Belgique, dans la province du Hainaut. Elle est constituée de 2 écoles et de 7 facultés, dont la faculté des Sciences.

Le Département de biologie de la faculté des Sciences est impliqué dans la formation des étudiants et dans la recherche.

Le département de biologie de la faculté des Sciences comprend 5 services dont le service d'Écologie Numérique des Milieux Aquatiques. Ce dernier étudie les écosystèmes aquatiques complexes, tels les communautés planctoniques et les récifs coralliens, face aux changements de leur environnement.

Le Service développe également des outils en science des données, y compris dans le domaine du data mining, des big data, et de la recherche reproductible. Il participe à des études sur les logiciels Open Source.

Le laboratoire d'EcoNum est situé sur le campus de la plaine de Nimy (A) (voir figure 1.1) dans le pentagone (1) (voir figure 1.2).

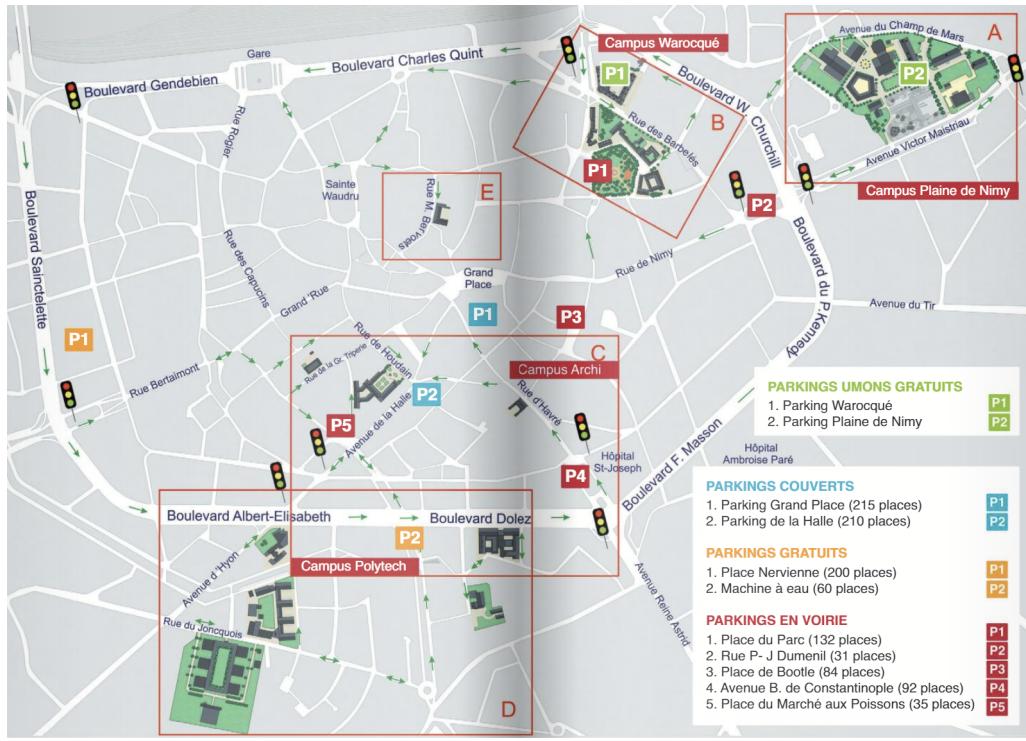


FIGURE 1.1 – Carte de la ville de Mons

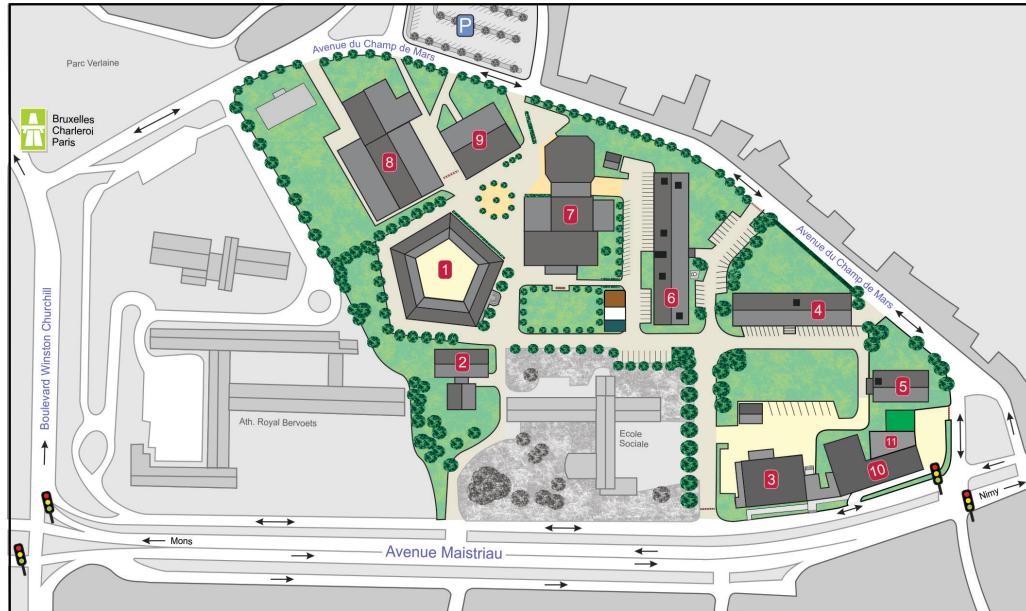


FIGURE 1.2 – Carte du campus de la plaine de Nimy

Chapitre 2

Présentation de l'équipe

2.1 Philippe Grosjean



FIGURE 2.1 – Monsieur Philippe Grosjean, chef du service d'EcoNum.

Mon maître de stage est Monsieur Philippe Grosjean. Il mène plusieurs projets de recherches sur l'identification automatique du plancton par des algorithmes de *machine learning*, sur l'écophysiologie des scléractiniaires et sur le développement de logiciel pour l'écologie.

Il enseigne également la science des données biologiques, l'écologie marine, l'écophysiologie et l'océanographie générale aux étudiants en biologie.

Il développe des outils Open Source comme la *SciViews Box*, qui est une machine virtuelle contenant une suite de logiciel pré-configuré pour l'utilisation de ses étudiants et des chercheurs.

Il encadre 1 doctorant et 2 étudiants en masters.

2.2 Guyliann Engels

Guyliann Engels est chercheur et assistant au sein du service. Il effectue sa thèse sur l'écophysiologie du corail, où il utilise un mésocosme pour étudier les stress des coraux



FIGURE 2.2 – Guyliann Engels, doctorant encadrant le stage.

engendrés par la modification de leurs nutriments essentiels (composés azotés et phosphorés). Il utilise fréquemment les outils de statistiques R et RStudio (avec R Markdown, R Notebook).

Il encadre mon travail.

2.3 Antoine Batigny



FIGURE 2.3 – Technicien du service d’EcoNum.

Antoine Batigny est le technicien du service. Il s’occupe principalement de gérer les mésocosmes.

2.4 Rémy Dugauquier

Rémy Dugauquier est en dernière année du master en biologie des organismes et écologie. Il réalise son T.F.E. sur l’écologie des organismes planctoniques en baie de Calvi, France.

2.5 Madeleine Gille

Madeleine Gille est étudiante en dernière année du master en biologie des organismes et écologie. Elle réalise son T.F.E. sur les effets d’un stress salins (hyper et hyposalin) sur *Seriatopora hystrix* (Dana, 1815).



FIGURE 2.4 – Etudiant en master



FIGURE 2.5 – Etudiante en master

Chapitre 3

But

Le but du stage est de créer une application web via le package Shiny développé par RStudio sur R, qui suit l'évolution des coraux dans les mésocosmes. Les coraux seront utilisés dans des expériences par le laboratoire, il est donc nécessaire de visualiser leur croissance. L'application doit pouvoir être utilisée facilement par d'autres personnes à *posteriori*, il faut donc l'automatiser et anticiper les problèmes à venir.

Le stage se déroule en 2 parties, la première est une phase d'apprentissage, la deuxième est la création de l'application et l'implémentation d'outils pour le monitoring de la croissance des coraux.

3.1 Stage

La phase d'apprentissage comprend :

- Apprentissage du langage de programmation R, de ses packages et de l'environnement RStudio.

La phase de création d'outils comprend :

- L'acquisition des données de croissance régulière des coraux.
- La réalisation d'une application web Shiny, surveillant la croissance (monitoring) des coraux de l'espèce *S. hystrix*.

Chapitre 4

Analyse

4.1 Outils monitorings

4.1.1 Masse immergée et masse squelettique

Pour évaluer la croissance des boutures de coraux, on utilise la masse squelettique. Pour l'obtenir sans détruire le corail, on mesure la masse immergée du corail dans l'eau de mer avec une balance munie d'un crochet. Cette méthode de mesure est rapide et peu stressante pour les organismes. Après avoir mesuré la température et la salinité on peut convertir la masse immergée en masse squelettique à l'aide de la formule ci-dessous mise au point par Jokiel *et al* (1978) :

$$m_{\text{squelettique}} = \frac{m_{\text{immerge}}}{\frac{1-\rho_{\text{eau}}}{\rho_{\text{squelettique}}}} \quad (4.1)$$

ρ_{eau} est déterminé via l'équation d'état de l'eau de mer grâce à la mesure de la salinité et de la température. Le $\rho_{\text{squelettique}}$ est la densité de l'aragonite(CaCO₃) du squelette du corail.

4.1.2 Tableur

Les mesures effectuées sur les coraux et les paramètres de l'eau des mésocosmes sont encodé dans un tableau de données.

Pour l'instant, j'utilise ma licence d'Excel d'office 365 fourni par la HEH. Par la suite, j'aimerai utiliser un tableur en ligne afin que n'importe qui, qui a besoin de remplir un tableau de donnée puisse le faire depuis n'importe quelle machine connectée à internet.

Afin d'éviter au maximum des erreurs d'encodages, j'ai utilisé des règles pour mettre en évidence les cases non remplies, formater le type des cellules et mettre un dégradé de couleur suivant l'avancement des données.

Le tableau de donnée contient 7 colonnes :

- ID : corresponds à l'identifiant de la bouture.
- weight : corresponds à la masse immergée de la bouture.

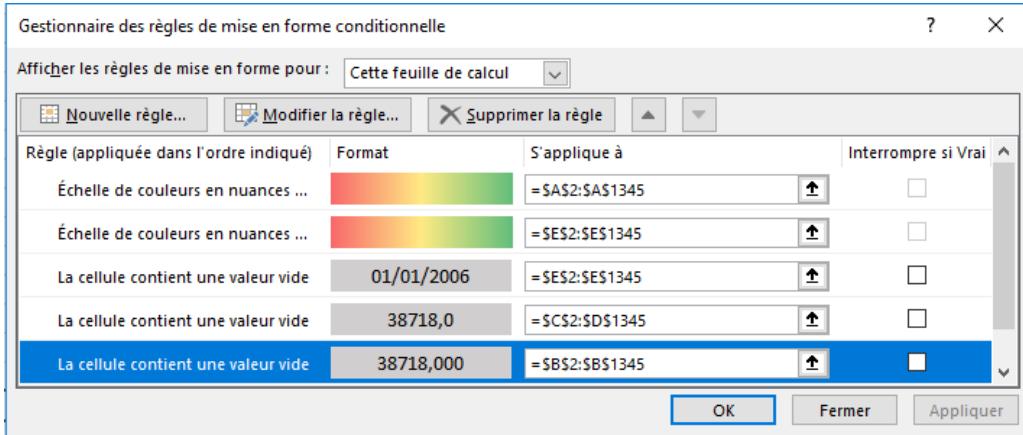


FIGURE 4.1 – Mise en forme conditionnelle d’Excel

- temp : corresponds à la température de l’eau de mer.
- salinity : corresponds à la salinité de l’eau de mer
- date : corresponds à la date et heure du relevé.
- commentaire : donne quelques annotations.

ID	weight	temp	salinity	date	Commentaire
1	0,415	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
2	0,286	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
3		25,1	35,1	11/2/19 14:20	14h20
4	1,059	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
5	0,677	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
6	0,394	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
7	0,795	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
8	0,228	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
9	0,508	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
10	0,929	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
11	0,519	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
12	1,088	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
13	0,603	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
14	0,224	25,1	35,1	11/2/19 14:20	
15		25,1	35,1	11/2/19 14:20	
16		25,1	35,1	11/2/19 14:20	numéro 16 à rejeter, mal mesuré
17	0,465	25,1	35,1	11/2/19 14:20	

FIGURE 4.2 – Tableau de donnée

4.1.3 Application Shiny

L’application est divisée en deux éléments, une partie “ui” (User Interface), c’est la partie qui affiche les éléments graphiques de l’interface Shiny à l’utilisateur, et une partie “server”, qui contient toutes les commandes R qui s’opère côté serveur.

Il est possible mettre l’intégralité du code dans un seul fichier app.R, mais pour plus de clarté j’ai divisé mon script en deux fichiers ui.R et server.R (voir page annexe).

Mon application présente 2 onglets, le premier créer un graphique interactif.

Par défaut, le graphique montre l’évolution de la masse squelettique en fonction du temps.

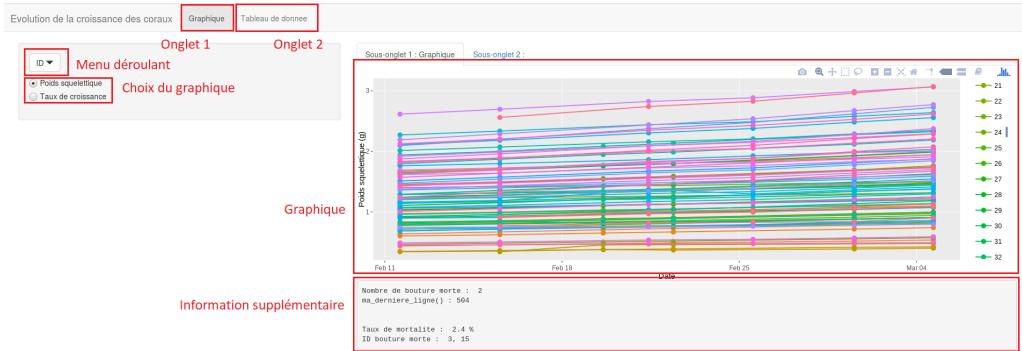


FIGURE 4.3 – Application Shiny : légende

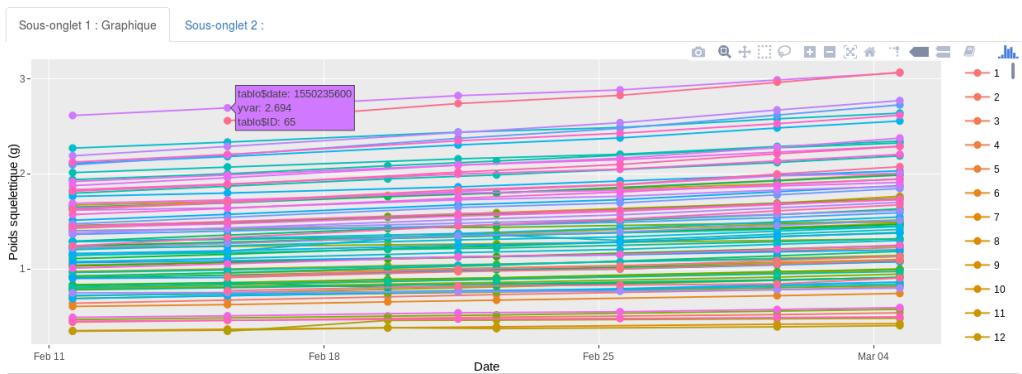


FIGURE 4.4 – Application Shiny : masse squelettique

On peut sélectionner le taux de croissance en fonction du temps.

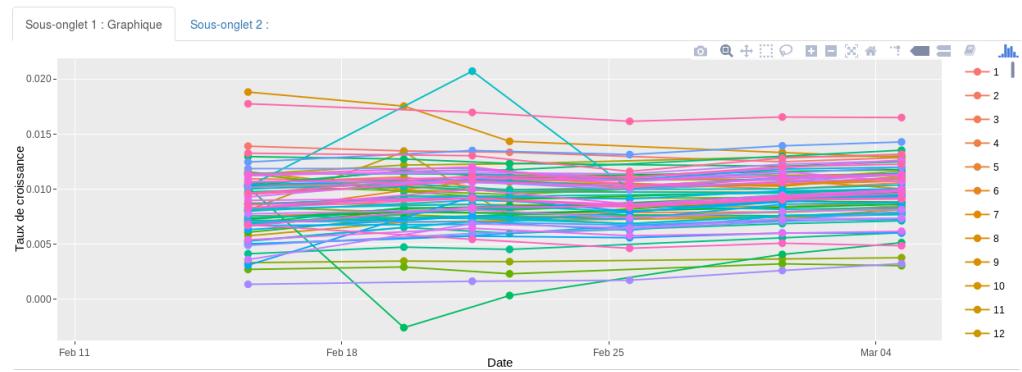


FIGURE 4.5 – Application Shiny : taux de croissance

Il est possible de sélectionner les ID dans un menu déroulant ou de directement cliquer à droite du graphique sur les ID triés par couleur.

Le menu déroulant permet de tout sélectionner ou de tout désélectionner.

En passant le curseur sur les points du graphique, on peut obtenir quelques informations.

Sous le graphique, des informations supplémentaires : le nombre de boutures mortes, leur

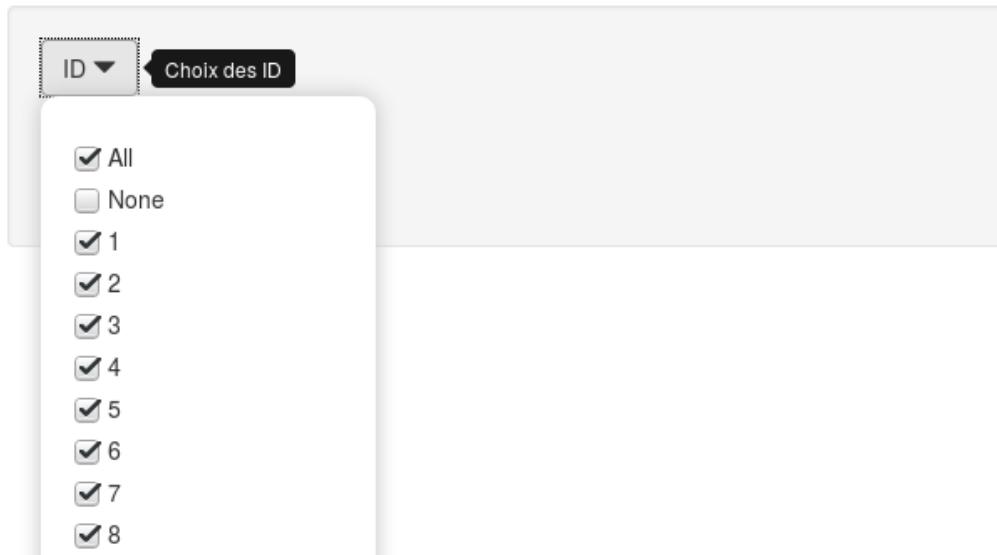


FIGURE 4.6 – Application Shiny : menu déroulant

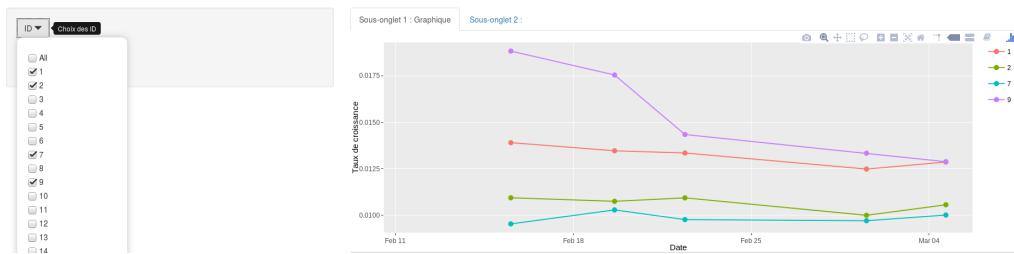


FIGURE 4.7 – Application Shiny : affichage interactif

ID et le taux de mortalité sont calculés.

```
Nombre de bouture morte : 2
ma_derniere_ligne() : 504
```

```
Taux de mortalite : 2.4 %
ID bouture morte : 3, 15
```

FIGURE 4.8 – Application Shiny : informations supplémentaires

Le deuxième onglet contient le tableau de donnée où de nouvelles colonnes ont été calculées, il y a l'ajout de la masse squelettique et du “ratio” qui correspond au taux de croissance.

Data Table								
Show		10	entries	Search:				
ID		weight	temp	salinity	date		skw	ratio
1	1	0.415	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		0.638	
2	2	0.286	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		0.44	
3	3		25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z			
4	4	1.059	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		1.627	
5	5	0.677	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		1.04	
6	6	0.394	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		0.605	
7	7	0.795	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		1.222	
8	8	0.228	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		0.35	
9	9	0.508	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		0.781	
10	10	0.929	25.1	35.1	2019-02-11T14:20:00Z		1.428	

Showing 1 to 10 of 504 entries

Previous 1 2 3 4 5 ... 51 Next

FIGURE 4.9 – Application Shiny : tableau de donnée

4.2 Outils utilisés

Les outils utilisés sont :

- La machine virtuelle *SciViews Box*, contenant un linux (Xubuntu), R, RStudio et les paquets nécessaires pré-installés.
- Les langages de programmation : R.
- Les paquets : Shiny, tidyverse, ggplot2, dyplr, plotly, googlesheets, ect.
- Le service web GitHub.

4.3 Objectifs réalisés

Les objectifs réalisés sont :

- Bouturer les coraux et relever leurs masses immergées.
- Créer un tableau Excel contenant les données nécessaires.
- Créer un prototype d’application web à l’aide du paquet Shiny.

4.4 Planning de travail

Les horaires de stages sont flexibles, on peut arriver entre 7 et 9 heure et il faut prester au moins 8 heures par jour.

Chapitre 5

Communications interpersonnelles

5.1 Difficultés rencontrées

5.1.1 R vs python

La principale difficulté rencontrée au début est de passer de l'apprentissage du langage de programmation *python* à *R*. Ce sont tous les deux des langages de programmation interprétés. *python* a été créé pour faire de la programmation informatique généraliste, il est utilisé dans de larges domaines par des informaticiens. A l'inverse, *R* est dédié aux analyses statistiques, plutôt utilisées par des spécialistes ou des scientifiques.

Dans le domaine du *data scientist*, *R* et *python* sont couramment employé.

5.1.2 Shiny communication entre ui.R et server.R

Les application web gérée par shiny utilise deux fonctions communiquant entre elles **ui** et le **server**

Le schéma de communication basique entre les deux scripts commence par la déclaration d'une variable *inputId = ma_variable* dans ui.R. Celui-ci est appelé dans server.R sous la forme *input\$ma_variable*, cette variable sera ensuite traitée dans un bloc de code délimiter par des crochets.

Shiny utilise du Javascript pour dynamiser l'interface de l'utilisateur sous une couche de code masqué, cette couche simplifie grandement le travail avec R. Si on sort du cadre de l'utilisation prévu par Shiny, on se heurte à de grands soucis de codage. Shiny restreint donc, la communication entre les différents blocs de code. Dans certaines situations cela complique le travail.

5.1.3 Apport au sein de l'entreprise

Pour l'instant, la contribution à l'entreprise revient principalement aux relevés des bouteurs (monitoring) et l'encodage, ceci permet de libérer du temps au technicien. L'ap-

plication qui est en développement est utilisé dans le travail de mémoire de Madeleine Gilles.

Chapitre 6

Note

Ce rapport en pdf interactif a été créé en R Markdown, il permet d'utiliser à la fois le langage LaTeX et R. Toutefois, dû à la récente prise en main de celui-ci, il y a un problème de positionnement des images qui n'a pas pu être résolu. LaTeX positionne automatiquement les images selon son bon vouloir.

Chapitre 7

Annexe

7.1 ui.R

```
library(shiny)
library(shinyWidgets)
library(DT)
library(plotly)
library(shinythemes)

shinyUI(
  navbarPage(
    # theme = shinytheme("slate"),
    title = "Evolution de la croissance des coraux", # Titre onglet 1
    tabPanel("Graphique", # Onglet principal 1
      # Sidebar : volet de gauche - Input
      sidebarPanel(
        uiOutput(outputId = "ID"),# Selection des ID a afficher
        uiOutput(outputId = "Ratio")
      ),
      # mainPanel : Volet de droite - Output
      mainPanel(
        tabsetPanel( # Sous-onglet
          tabPanel("Sous-onglet 1 : Graphique",
            plotlyOutput(outputId = "monplot"),
            #sortie console
            verbatimTextOutput(
              outputId = "boutures_mortes")),
          tabPanel("Sous-onglet 2 : ")
        )
      )
    ),
    tabPanel("Tableau de donnee", # Onglet principal 2
      # sidebar : volet de gauche - Input
      sidebarPanel(
```

```

),
# mainPanel : Volet de droite - Output
mainPanel(
  tabsetPanel(
    tabPanel("Beau tableau", DT::dataTableOutput("tableau"))
  )
)
)
)
)
)
)
```

7.2 server.R

```

#           /
#           /
#           , /.
#           , \ / .
#           , ' . V. ` .
#           / .     . \
#           /`     '_ \
#           , ' . :   ;, ` .
#           | @ |   . . | ( @ |
#           , -.- _ ` . _ ' ;   . : ` _ , ' _ , - .
#           ' -- _ ` - \ / , - == = - . \ / - ' -- -
#           ( --- _ / || _ _ / / | _ _ --- )
#           ' _ , - ' \ ` - . - ' / ` - . _ , '
#           ` - . _ _ _ , - '
#####
#####_INFO_#####
# Application Shiny
# creer un graphique et un tableau a partir d'un fichier .csv
# les valeurs manquantes "NA" sont detecter
# comme etant des boutures mortes.
#
# Pour utiliser correctement l'application,
# il est important de respecter la syntaxe des noms des colonnes qui sont :
# |      ID |      weight|      temp|      salinity|      date|
#
# Le format de la date doit etre de type :
# dd/mm/yyyy
#
# Il est egalement necessaire de commenter les lignes :
#cp_tableo[81:84, 2] <- "oublie"
#cp_tableo[16, 2] <- "a rejeter"
#botableo[81:84, 2] <- "oublie"
#botableo[16, 2] <- "a rejeter"
#
# Ces lignes sont specifiques a mon jeux de donnees
#####
#
```

```

# Titre : Croissance des coraux
# Auteur : Jordan Benrezkallah
# Date debut : 04/03/2019
# Date fin : 06/05/2019
#
#####
##### Importation des librairies :

library(shiny)
library(ggplot2)
library(lubridate)
library(tidyverse)
library(dplyr)
library(plotly)
library(googlesheets)
SciViews::R
# library(scales)

# #Fonction de Raphael :
# source(file = "../R/fonctions.R")
# #Mes fonctions
# source(file = "../R/fonction.R")

# Importation de mes donnees (format csv)
#correction a faire : chemin relatif

tablo <- read.table(
  "~/shared/Github/coral_growth001/data/my_data/tablogs.csv",
  header = TRUE, sep = ";", dec = ",")

# GOOGLE SHEETS#
# tablo <- gs_title("tablo")
# tablo <- gs_read(tablo)
# tablo

# Determination du nombre de ligne de tableau a utiliser
# !\ Baser sur la premiere valeur NA rencontre
# dans la colonne "temp" !\
# Fonction a ameliorer de facon a ne garder
# seulement les lignes completes
# (ID, weight, temp, salinity, date)

ma_derniere_ligne <- function(){
  a <- 0
  for (i in tablo$temp) {
    if (!is.na(i)) {
      a <- a + 1
    }
  }
}

```

```

    }
    return(a)
}

# Extraction des 5 colonnes (id, weight,temp,salinity et date)
# jusqu'a la derniere
# ligne de la colonne "temp" du fichier .csv
tablo <- tablo[1:ma_derniere_ligne(), 1:5]

### Calcul du poids squelettique :
#a corriger : rho_aragonite
#P = Pression hydrostatique, elle vaut 0 a la surface
skeleton_weight <- function(S = tablo$salinity, T = tablo$temp, P = 0,
                           buoyant_weight = tablo$weight,
                           rho_aragonite = 2930){

  rho_water <- seacarb::rho(S = S, T = T , P = P)
  skl_wgt <- buoyant_weight / (1 - (rho_water / rho_aragonite))
  skl_wgt <- round(skl_wgt, digits = 3)
  return(skl_wgt)
}

#Ajout de la colonne du poids squelettique
tablo <- mutate(tablo, skw = skeleton_weight())

# changer le type de l'ID de "int" a "factor"
tablo$ID <- factor(tablo$ID)

#changer le type (mode) de la date
tablo$date <- dmy_hm(tablo$date)

#parse_date_time(tablo$date, locale = locale("fr"), orders = "dmy HMS")
tablo$date <- as_datetime(tablo$date)

# arrondir la datetime a l'heure pres
# tablo$date <- round_date(tablo$date, "hour")

# Nombre de ID different
nbr_ID <- unique(tablo$ID)

#Je fais une copie pour pouvoir travailler dessus
#sans creer de probleme d'affichage
cp_tablo <- tablo
botablo <- tablo

# affiche dans le tablo a presenter
botablo[81:84, 2] <- "oublie"

#la valeur de la bouture 16 est a rejeter
botablo[16, 2] <- "a rejeter"

```

```

#Remplace les valeurs manquantes par "Bouture morte"
botablo[is.na(botablo)] <- "Bouture morte"

#Tableau a afficher sur l'app Shiny :
botablo <- transmute(botablo,
  ID = botablo$ID,
  "Masse immerge (g)" = botablo$weight,
  "Masse squelettique (g)" = skeleton_weight(),
  "Temperature (c)" = botablo$temp,
  "Salinite (g/L)" = botablo$salinity,
  Date = botablo$date)
  
# Taux de croissance
tablo %>%
  group_by(., ID) %>%
  arrange(., date) %>%
  mutate(., delta_date = difftime(date, date[1], units = "days" ),
        ratio = (skw-skw[1])/skw[1]/as.double(delta_date))->tablo1
# a cause du group_by je ne peux pas modifier directement "tablo"
tablo <- mutate(tablo, ratio = tablo1$ratio)

#tablo$ratio[is.nan(tablo$ratio)] <- "HOHOH"

#####-----#####
##### ----- Partie logique du serveur----- #####
shinyServer(function(input, output, session) {

  # -----Selection des ID-----

  # Recuperation de l'ID du fichier ui.R
  output$ID <- renderUI({ 

    #Menu deroulant
    dropdown(
      checkboxGroupInput(inputId = "choix_id", label = NULL,
                         choices = c("All", "None", nbr_ID),
                         selected = c("All")),
      width = "200px", size = "default", label = "ID",
      tooltip = tooltipOptions(placement = "right",
                               title = "Choix des ID")
    )
  })

  #-----Choix taux de croissance-----
  output$Ratio <- renderUI({ 
    radioButtons(inputId = "choix_ratio", label = NULL,
                choices = c("Masse squelettique",
                           "Taux de croissance"),
                selected = "Taux de croissance")
  })
})

```

```

# -----Output de mon graphique-----
output$monplot <- renderPlotly({

  #Filtrer les lignes par rapport a ce qui a ete selectionne
  if ("All" %in% input$choix_id) {
    updateCheckboxGroupInput(session, inputId = "choix_id",
      label = "select All",
      choices = c("All", "None", nbr_ID),
      selected = c("All", nbr_ID)
    )
  }

  if ("None" %in% input$choix_id) {
    updateCheckboxGroupInput(session, inputId = "choix_id",
      label = "select All",
      choices = c("All", nbr_ID),
      selected = NULL
    )
  }

  else {
    tablo <- filter(tablo, tablo$ID %in% input$choix_id)
    yvar = tablo$skw
    y_nom_axe <- "Masse squelettique (g)"
  }

  # Choix du taux de croissance
  if ("Taux de croissance" %in% input$choix_ratio) {
    #tutu <- filter(tutu, tutu$ID %in% input$choix_id)
    yvar = tablo$ratio
    y_nom_axe <- "Taux de croissance"
  }

  # Tableau
  p <- ggplot(tablo, aes(x = tablo$date, y = yvar,
    colour = tablo$ID)) +
    geom_point(size = 2, show.legend = FALSE) +
    geom_line(show.legend = F) +
    xlab("Date") + ylab(y_nom_axe)
  #+ theme( axis.line = element_line(color = "darkgray", size = 2,
  # linetype = "solid"))

  #p + scale_x_date(labels = date_format("%d-%m-%y"))

  #Pour remettre plotly, il faut changer : renderPlotly (server.R),
  #plotlyOutput (ui.R) et decommenter la ligne d'en dessous :
  p <- ggplotly(p)

  ### Legende qui ne fonctionne pas, probleme d'attribution...

  # Legende lorsque l'on passe son curseur :
}

```

```

# ma_legende <- paste("ID :", factor_ID, "\n", "Poids :", tablo$weight,
#   "\n", "Date :", madate)
# pp <- ggplotly(p)
# pp <- style(pp, text = ma_legende, hoverinfo = "text")
})
#-----Sortie console-----#
output$boutures_mortes <- renderPrint({
  ### Cette partie sert a compter les boutures mortes

  #remplacer les weight de valeur NA des id 81 a 84 par "oublie"
  #cela va servir pour ne pas les compter dans les boutures mortes
  cp_tablo[81:84, 2] <- "oublie"

  #la valeur de la bouture 16 est a rejeter
  cp_tablo[16, 2] <- "a rejeter"

  #les 2 lignes ci-dessous empêche la visualisation du graphique
  #si je ne met pas cp_tablo
  ID_NA <- subset(cp_tablo, is.na(weight) == TRUE, ID)
  ID_NA <- unique(ID_NA)
  ID_NA <- ID_NA$ID

  #nombre de boutures mortes :
  nbr_bouture_morte <- length(ID_NA)

  #Taux de mortalité :
  Taux_mort <- round(
    (nbr_bouture_morte / length(
      as.numeric(unique(cp_tablo$ID)))) * 100,
    digits = 1)

  cat("Nombre de bouture morte : ", nbr_bouture_morte,
      "\nma_derniere_ligne() :",
      ma_derniere_ligne(), "\n", "\nTaux de mortalité : ",
      Taux_mort, "%", "\nID bouture morte : ",
      paste(ID_NA, collapse = ", "))
})

# -----Tableau-----
output$tableau <- DT::renderDataTable({DT::datatable(tablo)
})

})

```