



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_reproducible <- function(recherche) {  
  reqs <- c("Données", "Métadonnées", "Matériel & Méthodes", "Article")  
  
  if( sum(is.element(recherche, reqs)) == length(reqs) ) {  
    cat("'[x_-]'" <(Congrats, this research is REPRODUCIBLE !)\n")  
  } else {  
    cat("'[-_-]'" <(Bo0o0o, this research is NOT REPRODUCIBLE !)\n")  
  }  
}
```

Si on prend par exemple, un article.

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

```
## '[-_-]'" <(Bo0o0o, this research is NOT REPRODUCIBLE !)
```

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

```
## '[-_-]'" <(Bo0o0o, this research is NOT REPRODUCIBLE !)
```

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

```
## '[x_-]'" <(Congrats, 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.**


👉 **Séparez données, méthodes et résultats**, tout en explicitant votre démarche.

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

👉 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 explicitant votre démarche.

Développez des fonctions  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**

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

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

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 téméraires, ayez l'esprit **docker** 

Aussi ...

👉 **Pour un travail collaboratif :**

(potentiellement avec vous-même dans 3 mois)

**V**ersionnez 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**)