

INRAe
migale



Application pour des données de réseaux :

- Nœuds (individus)
- Arêtes (relations)

Les réseaux sont :

- des **structures omniprésentes**
- des données souvent **complexes à récolter**
- **difficiles à lire et à interpréter**

Disponible sur :

- <https://shinyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Figure 1 : Réseau d'espèces d'arbres connectées entre elles par le nombre d'espèces de champignons en commun

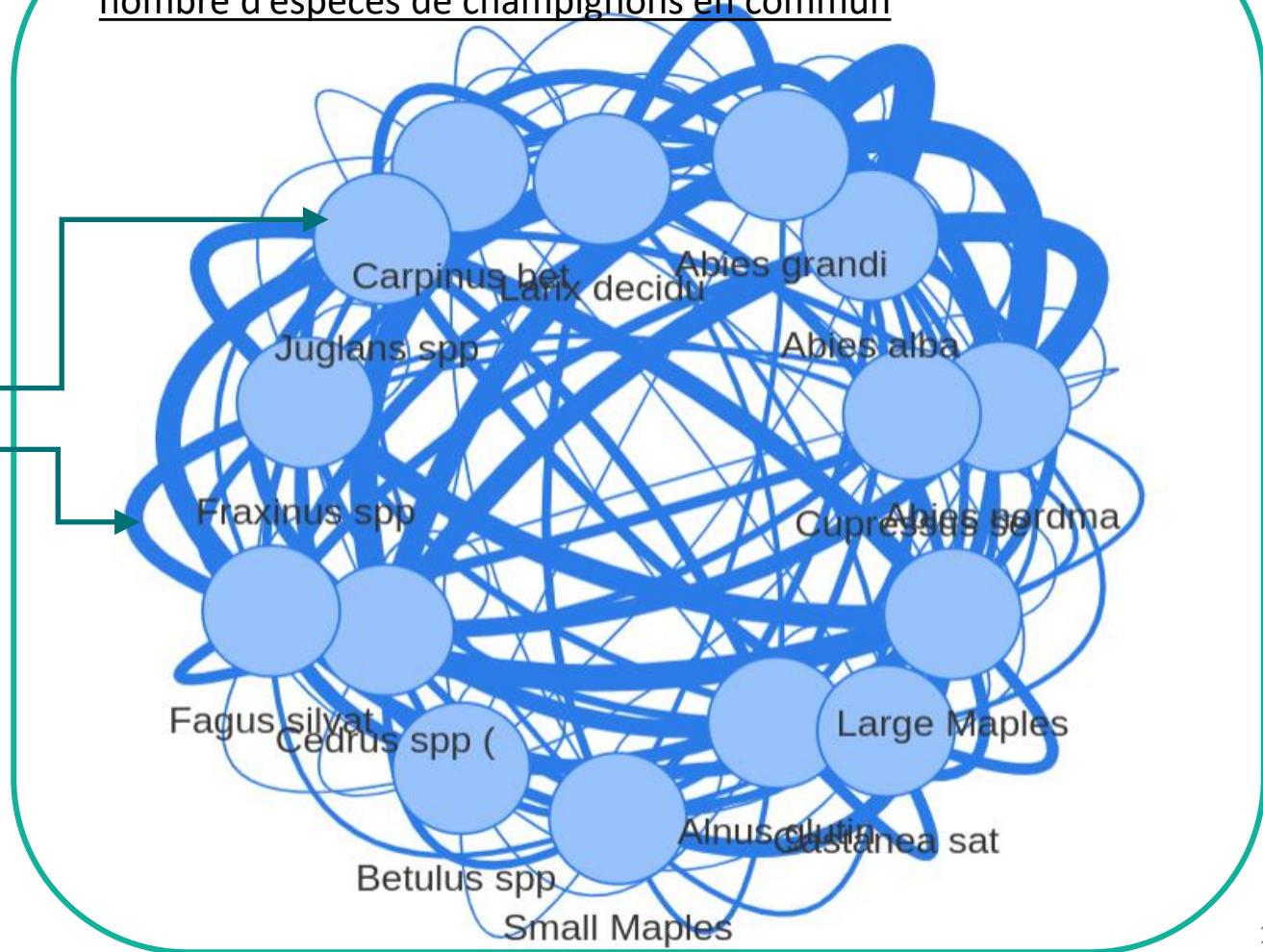


Figure 2 : Réseau d'amis dans un réseau social

Data dimension : 403 rows x 2 columns

rn	V1	V2
1	Aaran	Armelle
2	Aaran	Eric
3	Aaran	Hugo
4	Aaran	Jacques
5	Aaran	Jay
6	Aaran	Michele
7	Aaran	Misae
8	Aaran	Therese
9	Aaran	Zaho
10	Albert	Armelle

394	Yvonne	Aaran
395	Yvonne	Azmar
396	Yvonne	Clara
397	Yvonne	Mohammed
398	Yvonne	Sebastien
399	Yvonne	Wren
400	Zaho	Armelle
401	Zaho	Izumi
402	Zaho	Rye
403	Zaho	Sylvain

Disponible sur :

- <https://shinypyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Deux formats :

- Liste d'arêtes
- Matrice d'adjacence

Réseau d'amis :

- **Liste d'arêtes**
- **Binaire** (connexion ou non)
- **Unipartite** : Les nœuds peuvent tous se connecter entre eux

Figure 2 : Réseau d'amis dans un réseau social

Data dimension : 403 rows x 2 columns

rn	V1	V2
1	Aaran	Armelle
2	Aaran	Eric
3	Aaran	Hugo
4	Aaran	Jacques
5	Aaran	Jay
6	Aaran	Michele
7	Aaran	Misae
8	Aaran	Therese
9	Aaran	Zaho
10	Albert	Armelle

394	Yvonne	Aaran
395	Yvonne	Azmar
396	Yvonne	Clara
397	Yvonne	Mohammed
398	Yvonne	Sebastien
399	Yvonne	Wren
400	Zaho	Armelle
401	Zaho	Izumi
402	Zaho	Rye
403	Zaho	Sylvain

Disponible sur :

- <https://shinyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Deux formats :

- Liste d'arêtes
- Matrice d'adjacence

Réseau d'amis :

- **Liste d'arêtes**
- **Binaire** (connexion ou non)
- **Unipartite** : Les nœuds peuvent tous se connecter entre eux

Réseau Arbres/Champignons :

- **Matrice d'adjacence**
- **Comptage** (nombre de connexions observées)
- **Bipartite** : Deux types de nœuds, connexion entre types différents

Figure 3 : Réseau d'espèces arbres et de champignons connectés par co-présences

Data dimension : 154 rows x 51 columns

rn	Abies	...	Abies	...	Abies	...	Large	...
Amphip...	0		0		0		0	
Apiogn...	0		0		0		1	
Apiogn...	0		0		0		0	
Armill...	0		1		0		1	
Armill...	1		1		1		1	
Armill...	1		1		0		1	
Armill...	1		1		1		0	
Astero...	0		0		0		0	
Biscog...	0		0		0		0	
Bjerka...	0		0		0		0	

Tramet...	0		0		0		0	
Trunca...	0		0		0		0	
Valsa ...	0		0		0		0	
Valsa ...	0		0		1		0	
Valsa ...	0		0		0		0	
Valsa ...	0		0		0		0	
Ventur...	0		0		0		0	
Ventur...	0		0		0		0	
Vertic...	0		0		0		1	
Zythio...	0		0		0		0	

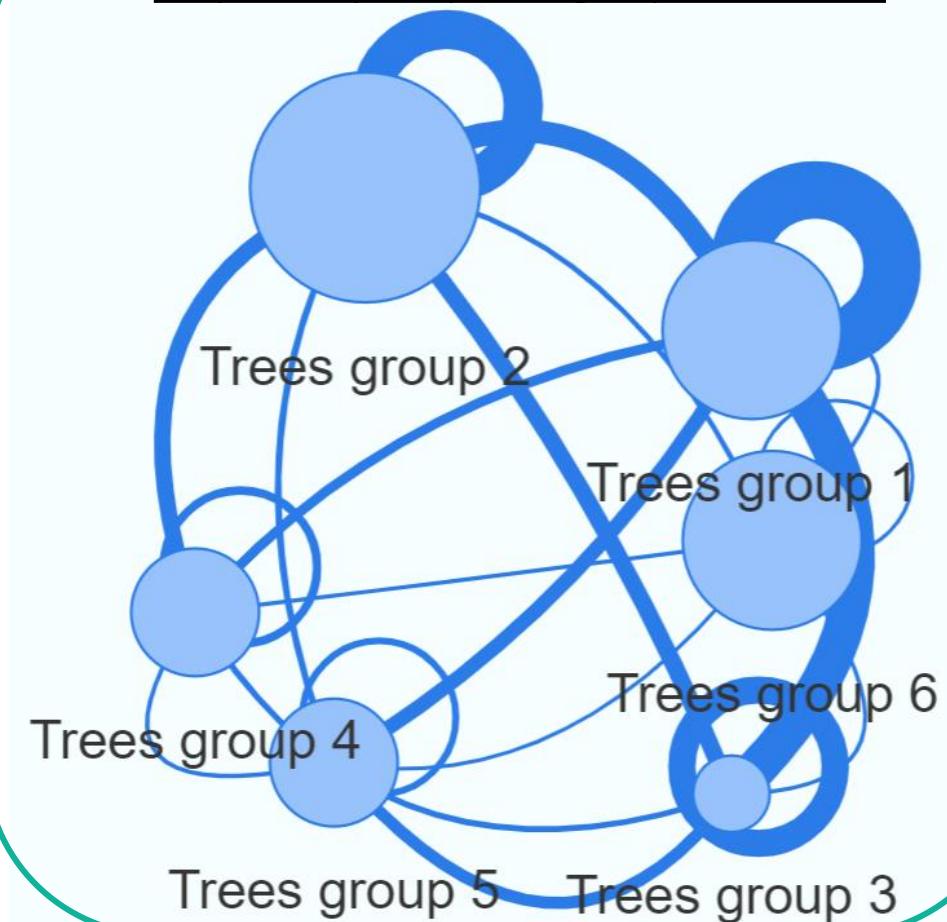
Le modèle à blocs stochastiques :

- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- Structure le réseau par **blocs/groupes**
- Simplifie l'interprétation

Disponible sur :

- <https://shinyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>

Figure 4 : Réseau d'arbres (de la figure 1) :
Graphe simplifié par les groupes d'un SBM



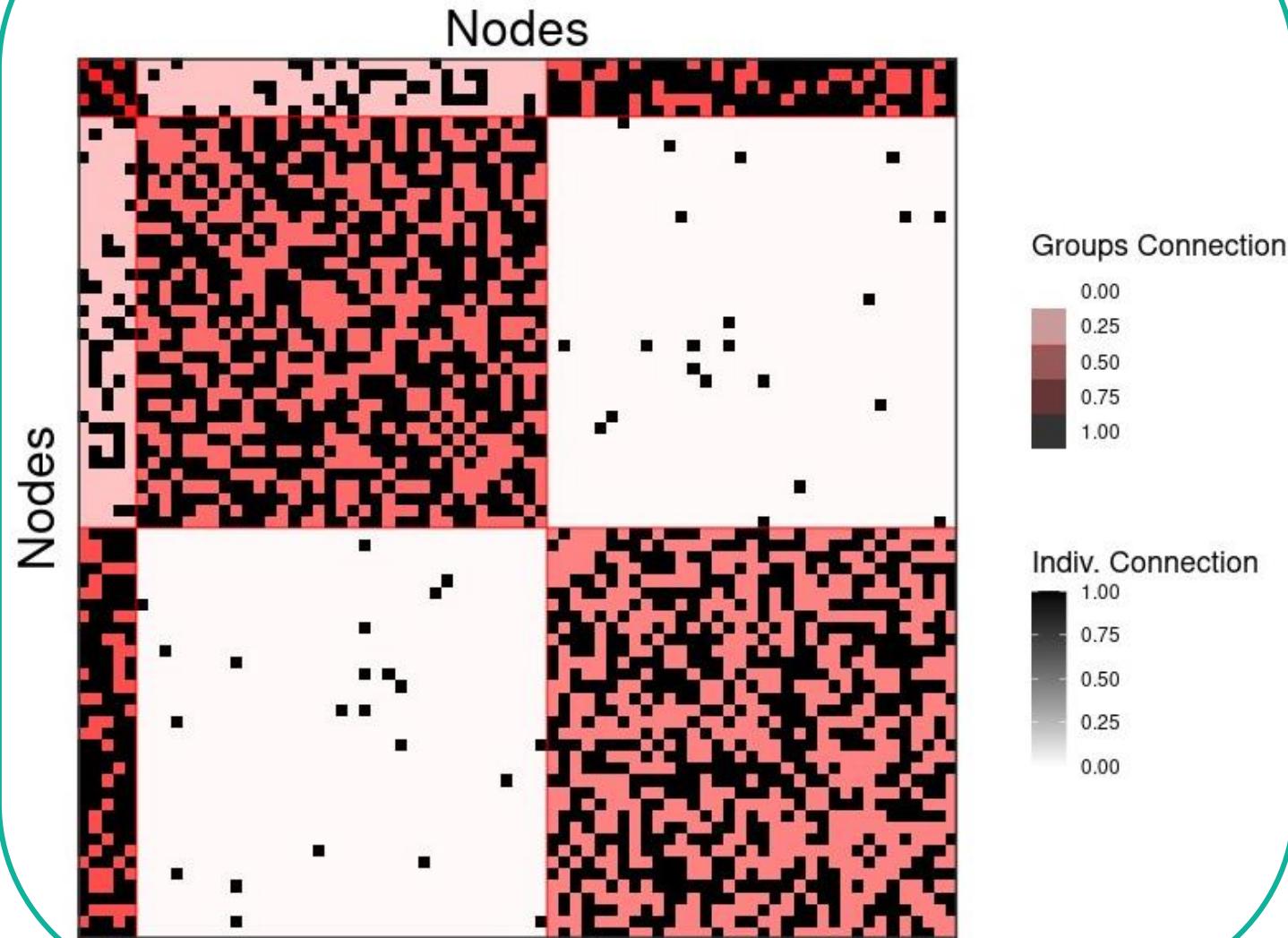
Le modèle à blocs stochastiques :

- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- **Structure** le réseau par **blocs/groupes**
- **Simplifie** l'interprétation

Modèle très flexible, il permet la détection de :

- **Sous-communauté**
- **Strates** dans le réseau (emboîtement)
- **Individus généralistes/centraux**
- **Individus spécialistes**

Figure 5 : Matrice de réseau organisée :
Illustration de sous-communautés et de strates au sein d'un réseau



Le modèle à blocs stochastiques :

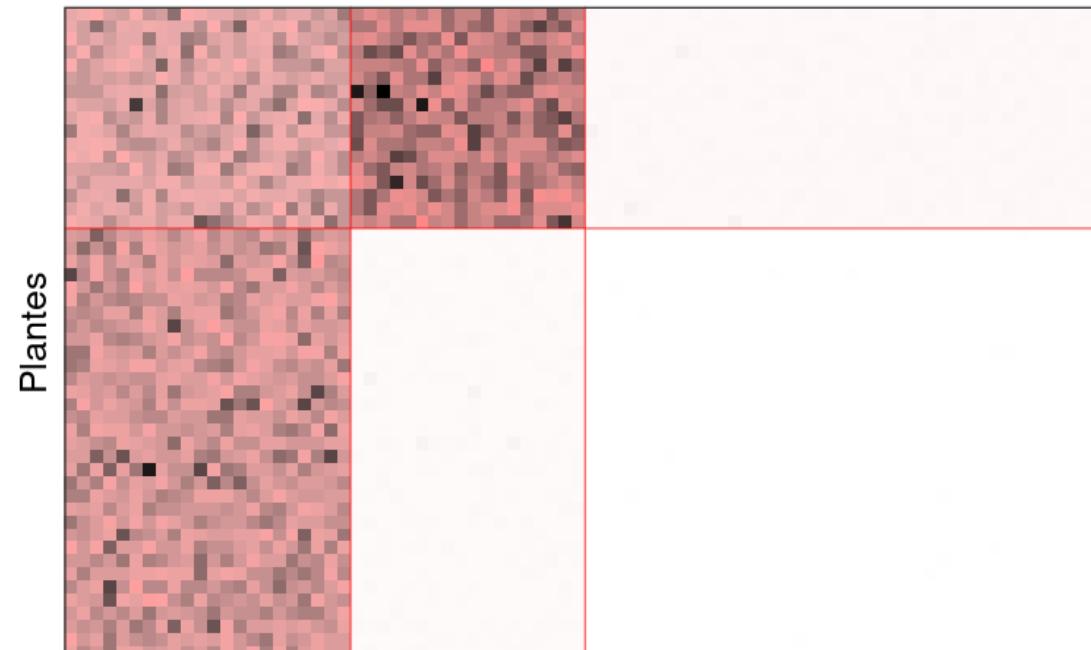
- **Groupe** les nœuds par **profils de connexion similaire**
- **Structure** le réseau par **blocs/groupes**
- **Simplifie** l'interprétation

Modèle très flexible, il permet la détection de :

- **Sous-communauté**
- **Strates** dans le réseau (emboîtement)
- **Individus généralistes/centraux**
- **Individus spécialistes**

Figure 6 : Matrice de réseau organisée :
Illustration d'individus généralistes et spécialistes

Polliniseurs



Modèle statistique à variable latente :

- **Pas d'aprioris** sur les groupes
- Information produite **vraisemblable**
- Les blocs contiennent des nœuds **significativement proches**
- Modèle génératif

Fonctionnalité de base :

- Liste d'arêtes → matrice d'adjacences
- Application de **modèles SBM**
- **Sélection** nombre de **groupes**
- **Visualisation** de graphes et matrices **simplifiés/organisés**

Extraction :

- des **visuels** sous forme **d'images**
- des **groupes prédits** sous formes de **tableaux** de données
- de **rapport** de modélisation **automatique** (pdf ou html)

Figure 7 : Réseau d'arbres (de la figure 1) :
Exemple de groupes prédits à extraire

Nodes_names	Groups
1 Abies alba	Group_Trees_3
2 Abies grandis	Group_Trees_3
3 Abies nordmanniana	Group_Trees_3
4 Large Maples (Acer platanoides, Acer pseudoplatanus)	Group_Trees_2
5 Small Maples (Acer campestre, Acer monspessulanum, Acer negundo, Acer opalus)	Group_Trees_4
6 Alnus glutinosa	Group_Trees_4
7 Betulus spp (Betula pendula, Betula pubescens)	Group_Trees_4
8 Carpinus betulus	Group_Trees_4
9 Castanea sativa	Group_Trees_2
10 Cedrus spp (Cedrus atlantica, Cedrus libani)	Group_Trees_3
11 Cupressus sempervirens	Group_Trees_4
12 Fagus silvatica	Group_Trees_2
13 Fraxinus spp (Fraxinus angustifolia, Fraxinus excelsior)	Group_Trees_2
14 Juglans spp (Juglans nigra, Juglans regia)	Group_Trees_2
15 Larix decidua	Group_Trees_3



Fonctionnalité de base :

- Liste d'arêtes → matrice d'adjacences
- Application de **modèles SBM**
- **Sélection nombre de groupes**
- **Visualisation** de graphes et matrices simplifiés/organisés

Extraction :

- des **visuels** sous forme **d'images**
- des **groupes prédits** sous formes de **tableaux** de données
- de **rapport** de modélisation **automatique** (pdf ou html)

Aide à l'utilisation du package {sbm} de R :

- L'application tourne grâce à **{sbm}**
- Les **lignes de codes** permettant son **exploration** sont affichées dans l'application

Figure 8 : Réseau arbres/champignon (de la figure 3) : Exemple rapport automatique

Table 2: Proportion des groupes en lignes

Fungus_1	Fungus_2	Fungus_3	Fungus_4
0.03	0.06	0.32	0.59

Ici par exemple 59% des Fungus sont dans le groupe Fungus_4.

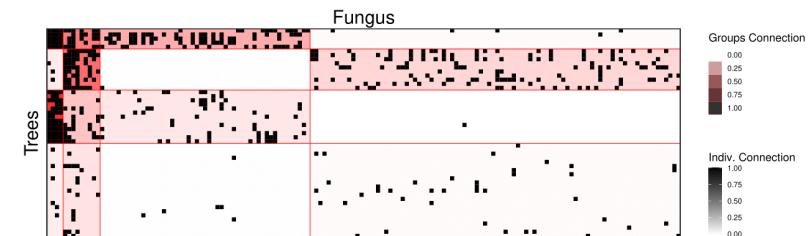
Table 3: Table de connectivité

Trees_1	Trees_2	Trees_3	Trees_4	
Fungus_1	0.97	0.08	0.84	0.07
Fungus_2	0.52	0.58	0.23	0.11
Fungus_3	0.32	0.00	0.10	0.01
Fungus_4	0.02	0.15	0.00	0.02

Les valeurs dans ce tableau sont les paramètres de connectivité du model sbm (Bernoulli).

Par exemple, si l'on prend un noeud A dans le groupe Fungus_1 en lignes et un noeud B dans le groupe Trees_2 en colonnes. Alors le noeud A à une probabilité 0.08 d'être connecté au noeud B. Le modèle sélectionné possède une entropie (Indice globale de certitude d'appartenance aux groupes attribués) de 17.47 .

Visualisation du SBM



À noter que sur cette image, colonnes et lignes sont inversées.

Références

1. Chiquet J, Donnet S, Barbillon P (2023). sbm: Stochastic Blockmodels. R package version 0.4.5, <https://CRAN.R-project.org/package=sbm>.
2. Vanrenterghem T, Julie A (2023). ShinySBM: A shiny application for Stochastic Blockmodels. R package on gitlab, <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>.
3. We are grateful to the INRAE MIGALE bioinformatics facility (MIGALE, INRAE, 2020. Migale bioinformatics Facility, doi: 10.15454/1.5572390655343293E12) for providing help and/or computing and/or storage resources.

Résumé :

- **Application pour des données de réseaux**
- **Public : novices** en R ou personnes souhaitant **apprendre** à utiliser le package **{sbm}**
- Application et **analyse** des résultats de modèles à blocs stochastiques et **visualisation** de réseaux
- **Extractions des groupes, visuels et rapports automatiques**

Accessible :

- **Serveur Migale** : <https://shinyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- **Registre** : <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>
- **Sur R** : remotes::install_github("Jo-Theo/shinySbm")
- **Image docker** : docker pull registry.forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinysbm:latest

Résumé :

- **Application pour des données de réseaux**
- **Public : novices** en R ou personnes souhaitant **apprendre** à utiliser le package **{sbm}**
- Application et **analyse** des résultats de modèles à blocs stochastiques et **visualisation** de réseaux
- **Extractions des groupes, visuels et rapports automatiques**

Accessible :

- **Serveur Migale** : <https://shinyproxy-dev.migale.inrae.fr/app/SBM>
- **Registre** : <https://forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinySbm>
- **Sur R** : remotes::install_github("Jo-Theo/shinySbm")
- **Image docker** : docker pull registry.forgemia.inra.fr/theodore.vanrenterghem/shinysbm:latest

Références / Remerciements :

- Chiquet J, Donnet S, Barbillon P (2023). sbm: Stochastic Blockmodels. R package version 0.4.5, <https://CRAN.R-project.org/package=sbm>.
- Nous remercions le centre de bioinformatique MIGALE de l'INRAE (MIGALE, INRAE, 2020. Migale bioinformatics Facility, doi : 10.15454/1.5572390655343293E12) pour avoir fourni de l'aide et/ou des ressources de calcul et/ou de stockage.

Merci pour votre attention !

PAR UNE FROIDE APRÈS MIDI DE DÉCEMBRE...

ANTOINE LANGUILLAUME



LE PROBLÈME



VS



Notre Dame de la Mouise.m4a

titre01.m4a

Jolie Môme.m4a

titre02.m4a

Quand C'est Fini, Ça Recommence.m4a

titre03.m4a

Le Temps Du Tango.m4a

titre04.m4a

La Chanson Du Scaphandrier.m4a

titre05.m4a

Mister Giorgina.m4a

titre06.m4a

Le Fleuve Aux Amants.m4a

titre07.m4a

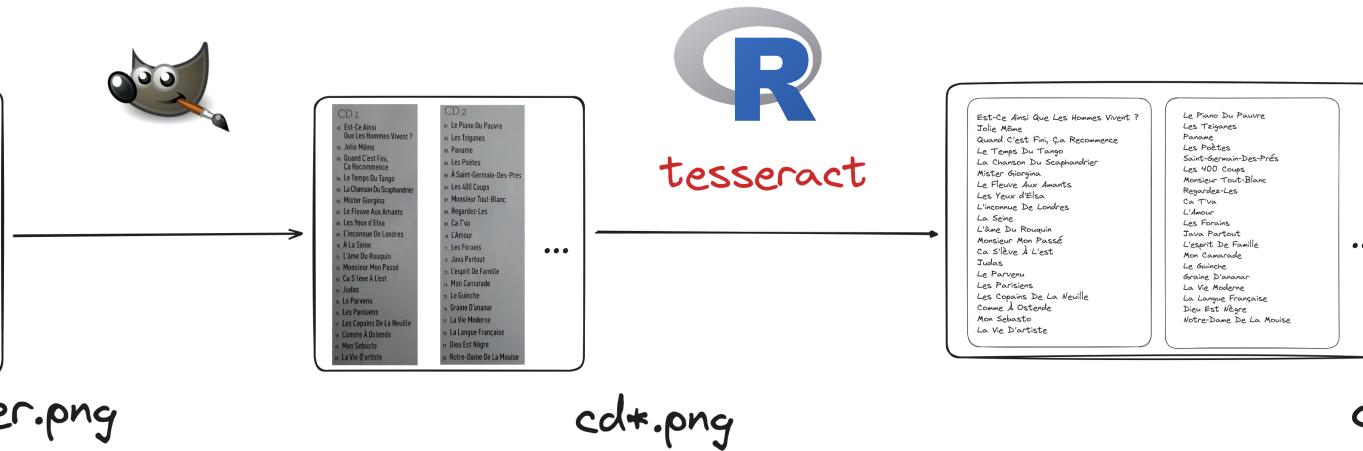
...

...

“DONNE MOI 2H !”



cover.png



titre01.m4q

3



“DONNE MOI 2H !”

CD 1	CD 2	CD 3	CD 4
Est Ce Ainsi Qui Les Hommes Vivent ? John More Quand C'est Fini, Ca Recommence Le Temps Du Tango La Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Fleuve Aux Amants Le Yester-Da Cézanne De L'Ordes A La Seine L'Amé Du Rousquin Monsieur Mon Passé Le St'reve à La Vie Judas Le Parvenu Les Parisiens Les Copains De La Neige Mon Sébasto La Vie D'artiste	Le Piano Du Pauvre Les Tziganes Parraine Les Poètes Le Flamenco Des-Pres A Saint Germain-des-Prés Le Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Monsieur Tout-Blanc E.P. Love Babylie Ca T'a La Vie Le Jour Bon Les Fées Les Bonnes Maries Le Chantier Mon Comrade Grand D'amour La Vie Moderne Le Loup Et Le Chien Dieu Est Majeur Mon Sébasto La Vie D'artiste	Paris Casuille Monsieur William Ja Chante Pour Passer Le Matin La Maffia Les Rayons Mon Général Tahiti E.P. Love Ca T'a La Vie Le Jour Bon Les Bonnes Maries Le Chantier Mon Comrade Merche La Môme La Rue En Amour Le Revenant Le Chantier Le Babouin Epposoi Mon Sébasto La Vie D'artiste	Les Temps Difficiles Pavane Rutbeuf L'Île Saint Louis Le Flamenco Des-Pres La Flamenco De Paris Les Coûches De Notre Dame Monsieur à Robain E.P. Love Chanson Mécanique Notre Amour T'as Pas De Poésie Maronne Du Soir La Mort Des Amants L'Invitation Au Voyage La Vie Antérieure Babylie Et Phœbus Le Lettre Judas Le Père Les Parents Les Copains De La Neige Comme A Orteide Dieu Est Nigre Notre-Dame De La Mouise

cover.png



CD 1	CD 2
Est Ce Ainsi Qui Les Hommes Vivent ? John More Quand C'est Fini, Ca Recommence Le Temps Du Tango La Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Fleuve Aux Amants Le Yester-Da Cézanne De L'Ordes A La Seine L'Amé Du Rousquin Monsieur Mon Passé Le St'reve à La Vie Judas Le Parvenu Les Parisiens Les Copains De La Neige Mon Sébasto La Vie D'artiste	Le Piano Du Pauvre Les Tziganes Parraine Les Poètes Le Flamenco Des-Pres A Saint Germain-des-Prés Le Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Monsieur Tout-Blanc E.P. Love Babylie Ca T'a La Vie Le Jour Bon Les Bonnes Maries Le Chantier Mon Comrade Merche La Môme La Rue En Amour Le Revenant Le Chantier Le Babouin Epposoi Mon Sébasto La Vie D'artiste



tesseract

CD 1	CD 2
Est Ce Ainsi Qui Les Hommes Vivent ? John More Quand C'est Fini, Ca Recommence Le Temps Du Tango La Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Fleuve Aux Amants Le Yester-Da Cézanne De L'Ordes A La Seine L'Amé Du Rousquin Monsieur Mon Passé Le St'reve à La Vie Judas Le Parvenu Les Parisiens Les Copains De La Neige Mon Sébasto La Vie D'artiste	Le Piano Du Pauvre Les Tziganes Parraine Les Poètes Le Flamenco Des-Pres A Saint Germain-des-Prés Le Chanson Du Scaphander Mister Georges Le Monsieur Tout-Blanc E.P. Love Babylie Ca T'a La Vie Le Jour Bon Les Bonnes Maries Le Chantier Mon Comrade Merche La Môme La Rue En Amour Le Revenant Le Chantier Le Babouin Epposoi Mon Sébasto La Vie D'artiste

cd*.png



mutagen

titre01.m4a

...



Notre Dame de la Mouise.m4a

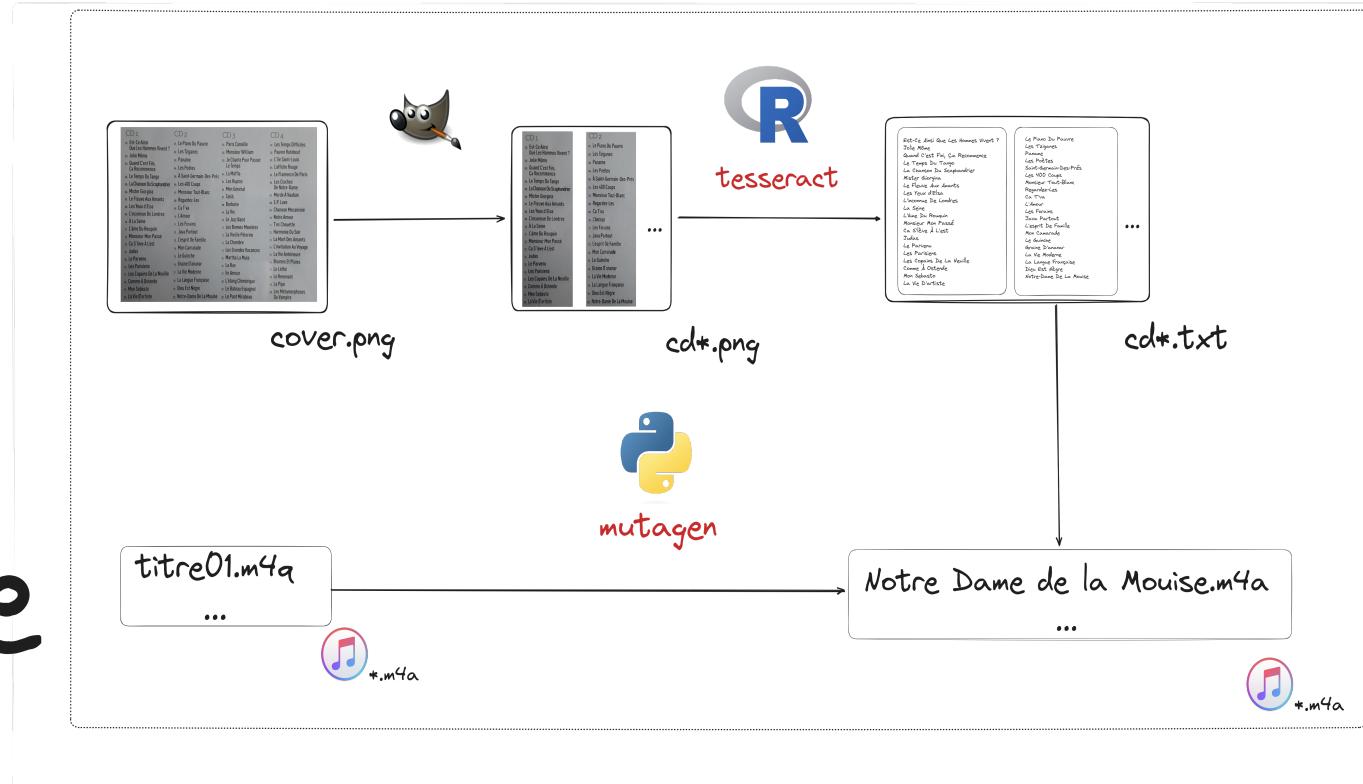
...



MAKE UN BOOMER TOUJOURS FRINGANT



GNU Make



2 ANS PASSENT....

LES RENCONTRES R ARRIVENT



« Alerte générale ! »

```
1 hash_updated_m4a_files <- tools::md5sum(updated_m4a_files)
2
3 test_that("updated m4a files are as expected", {
4   expect_equal(
5     hash_updated_m4a_files
6     c(
7       `Notre-Dame De La Mouise_cd2.m4a` = "4cc5f3f0d58893d901173f281b0db805"
8       ...
9     )
10   )
11 })
```

JE LANCE LE WORKFLOW

ET PATATRA !

```
Error in `str_subset()`:  
! `pattern` can't be the empty string ('""').  
Run `rlang::last_trace()` to see where the error occurred.
```

```
1 > library(stringr) # 1.4.0  
2 > c("", "a") %>% str_subset("")  
3 [1] "a"
```



LES BALEINES SONT NOS AMIS



LE MONDE D'AVANT LE MONDE D'APRÈS

AU MOMENT DES FAITS



```
1 FROM rocker/tidyverse:4.0.3
```



<https://packagemanager.posit.co/cran/2020-12-28>



```
# requirements.txt
mutagen==1.45.1
```

```
1 pip install -r requirements.txt
```

BIM BOUM BADABOUM ÇA REMARCHE

```
1 $ docker run -it -v $(pwd):/home/leo-ferre/ leo-ferre
2 root@2ee321d56110:/home/leo-ferre# make all
3 --- Get song titles with OCR ---
4 Rscript get_song_titles.R
5 --- Update metadata m4a files ---
6 find music/raw/ -type d -name "cd*" -exec cp {} music/updated/ -r \;
7 python3 update_tag_id3.py
8 --- Test if output is as expected ---
9 Rscript -e "testthat::test_file('tests.R')"
10
11 == Testing tests.R =====
12 [ FAIL 0 | WARN 0 | SKIP 0 | PASS 1 ] Done!
```



Pybind11/reticulate as an alternative to Rcpp

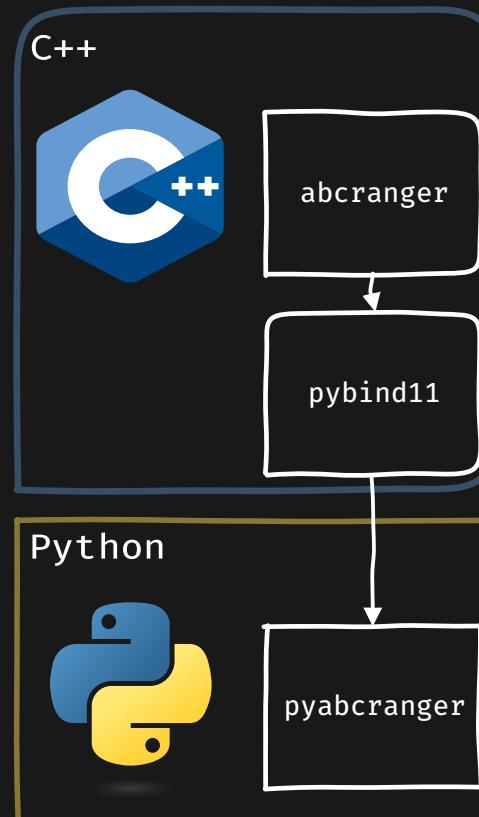
A humble non-fluent R user's perspective

François-David Collin

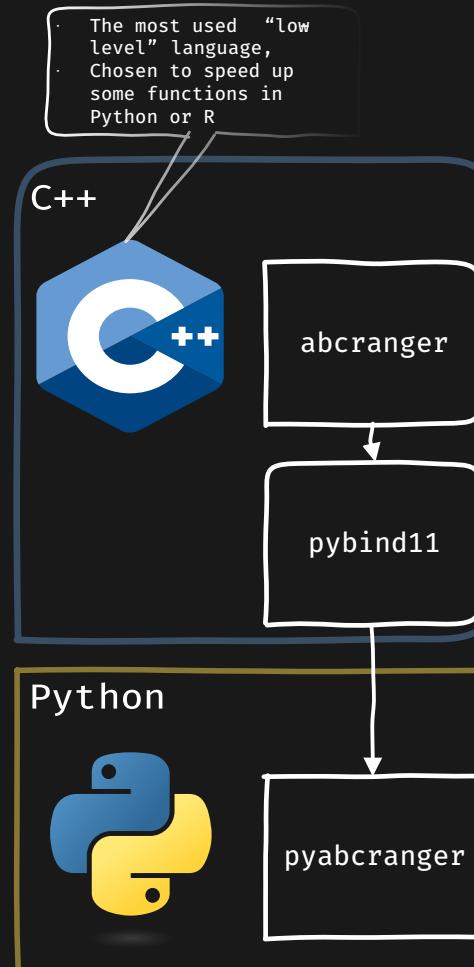
IMAG Montpellier

2023-06-18

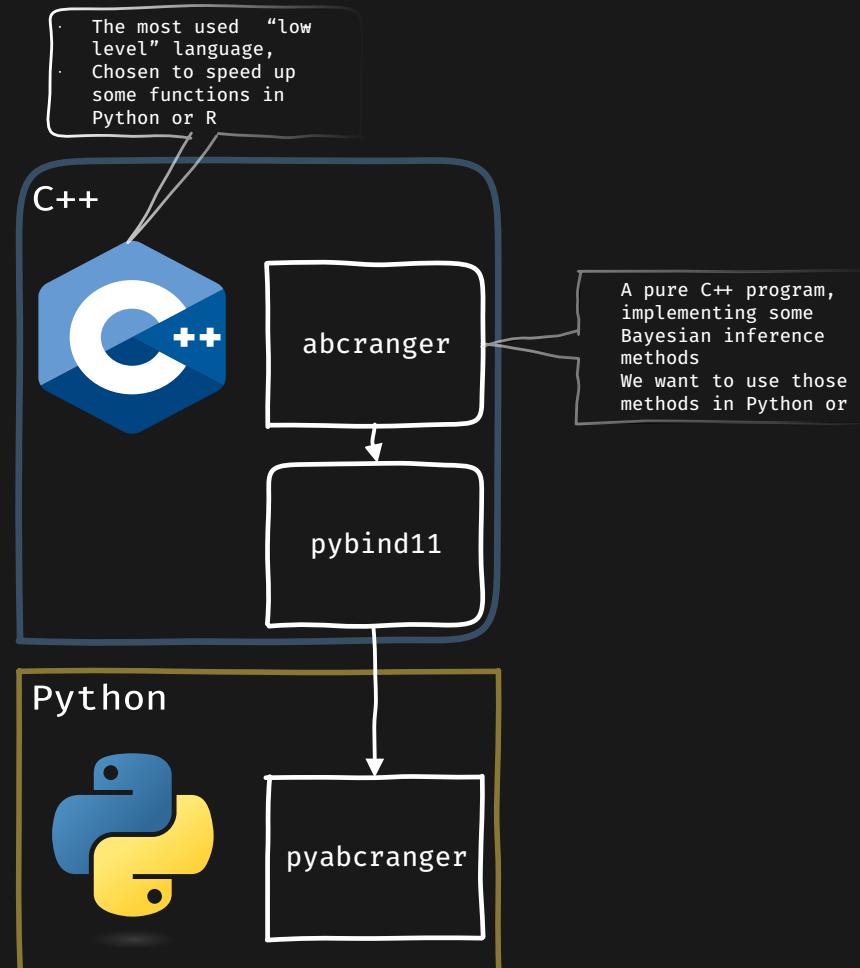
Python/C++ Development Workflow



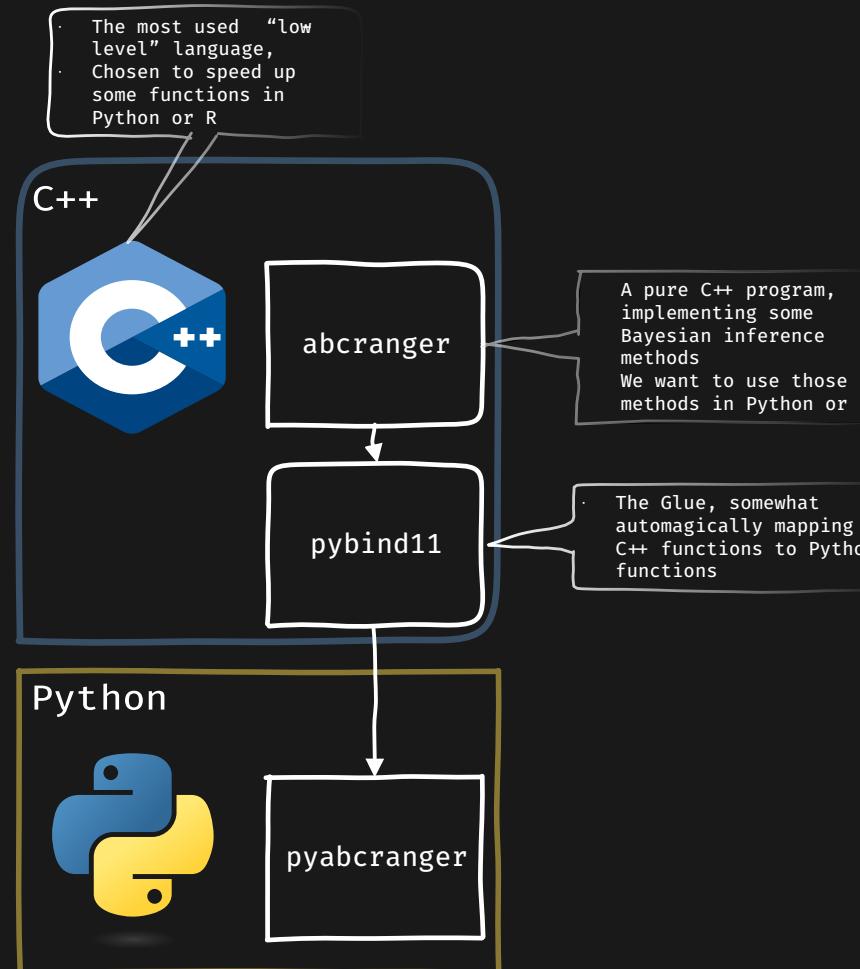
Python/C++ Development Workflow



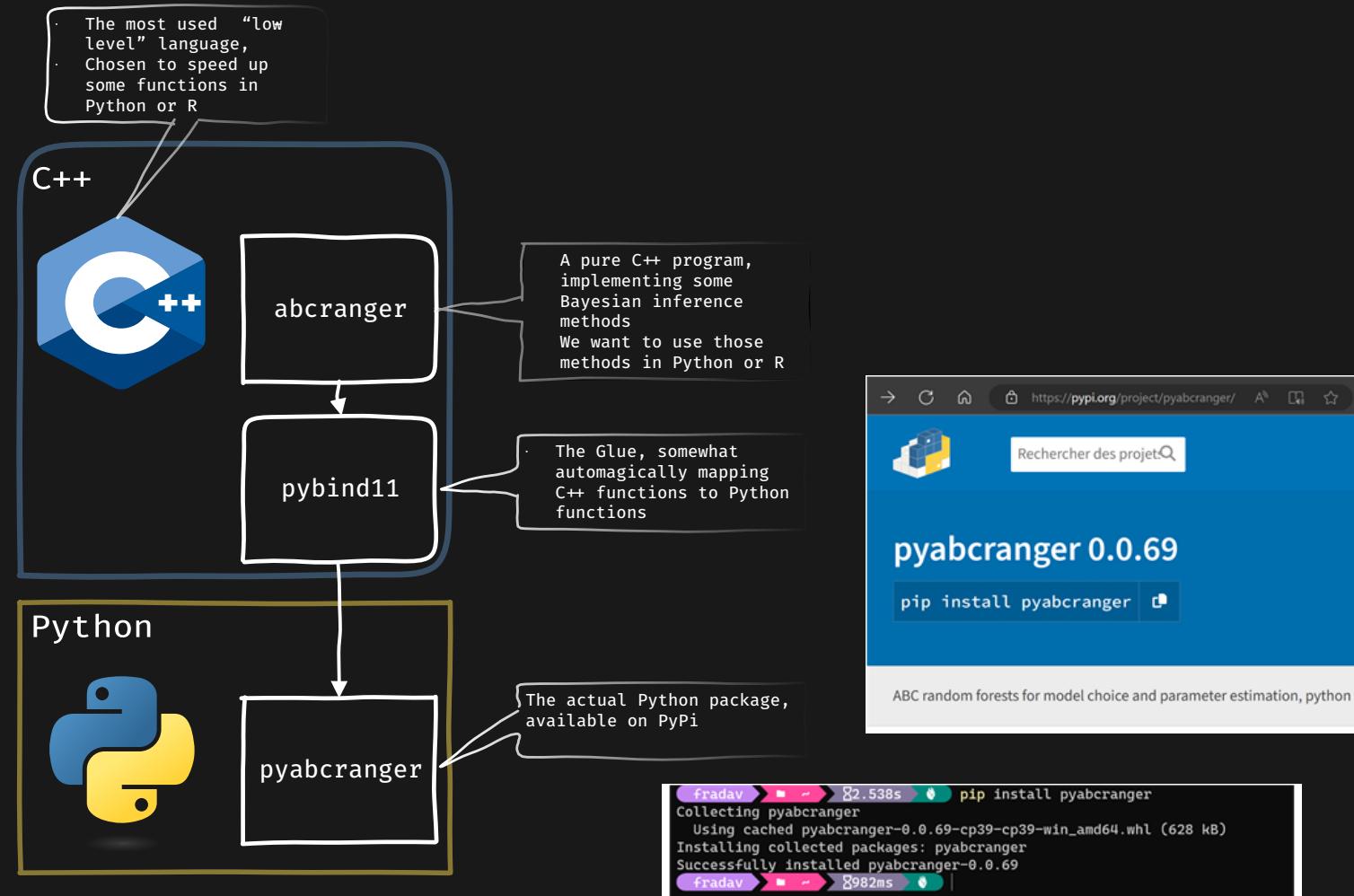
Python/C++ Development Workflow



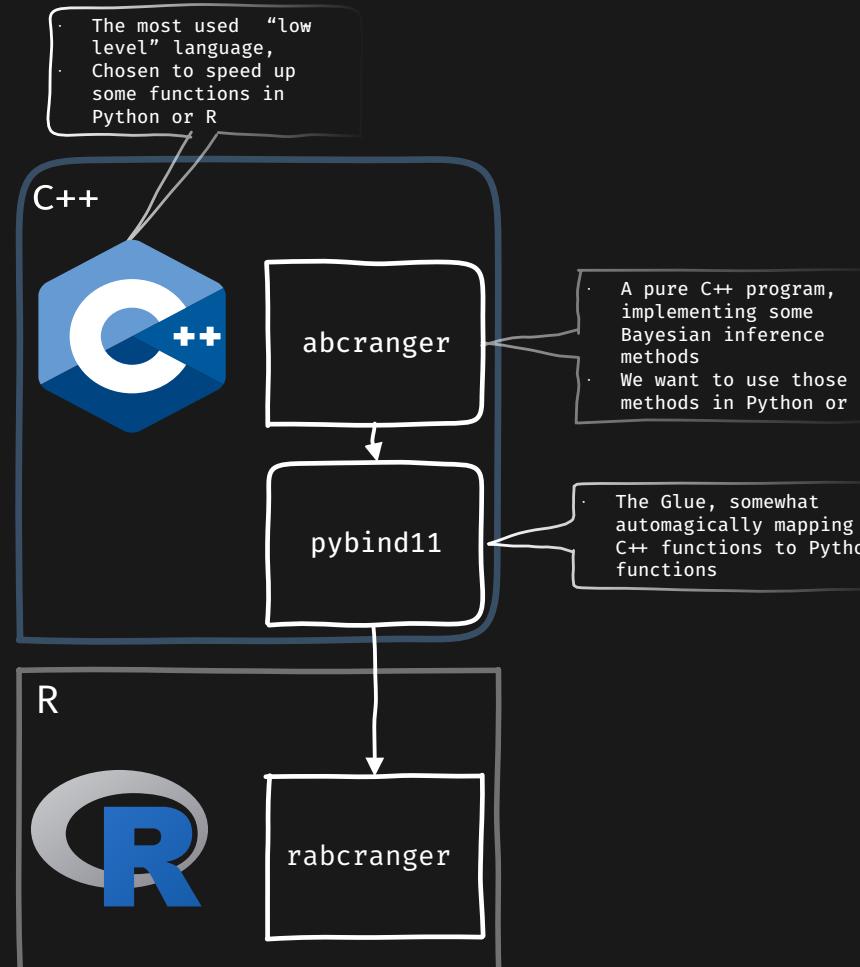
Python/C++ Development Workflow



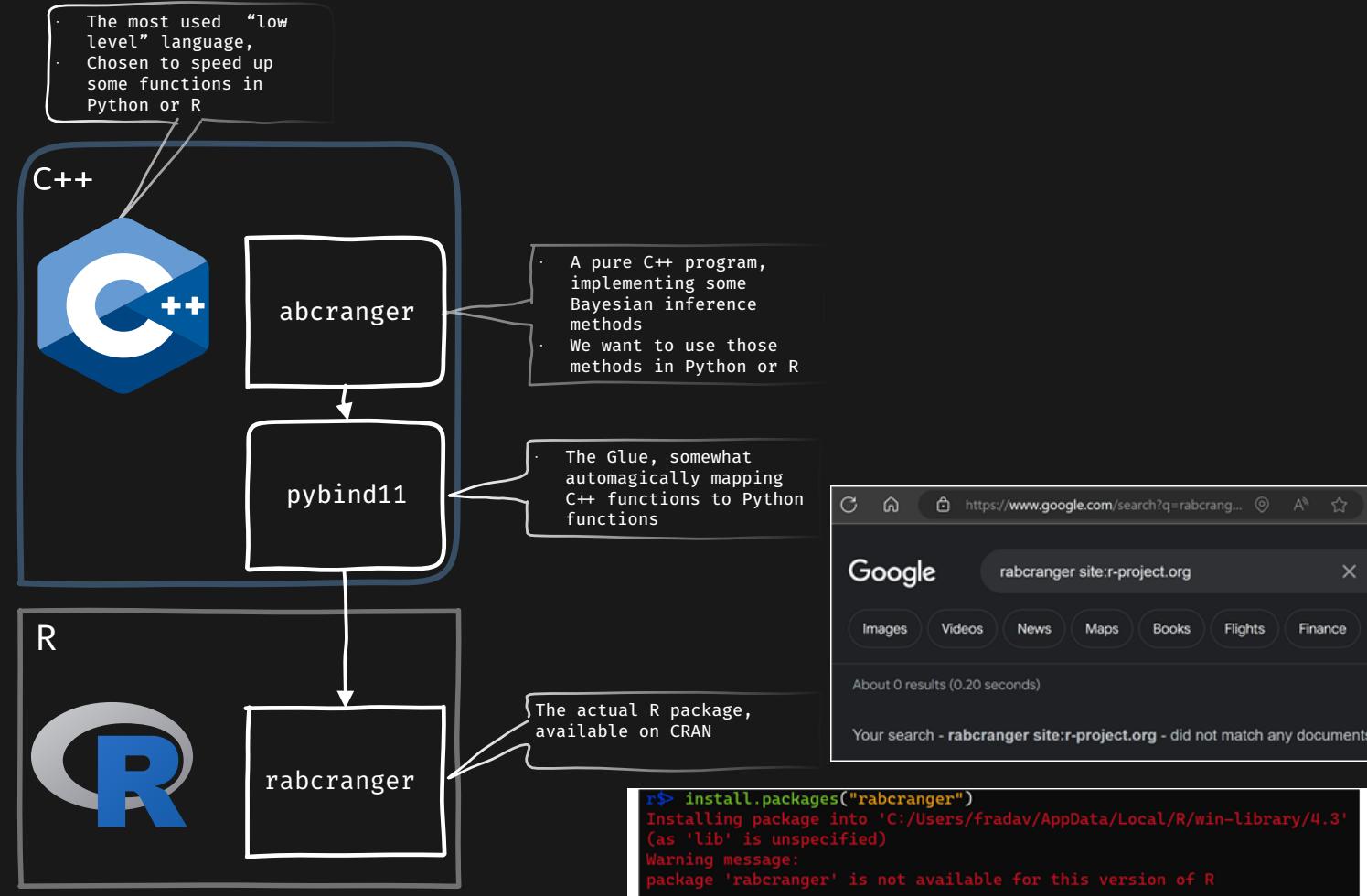
Python/C++ Development Workflow



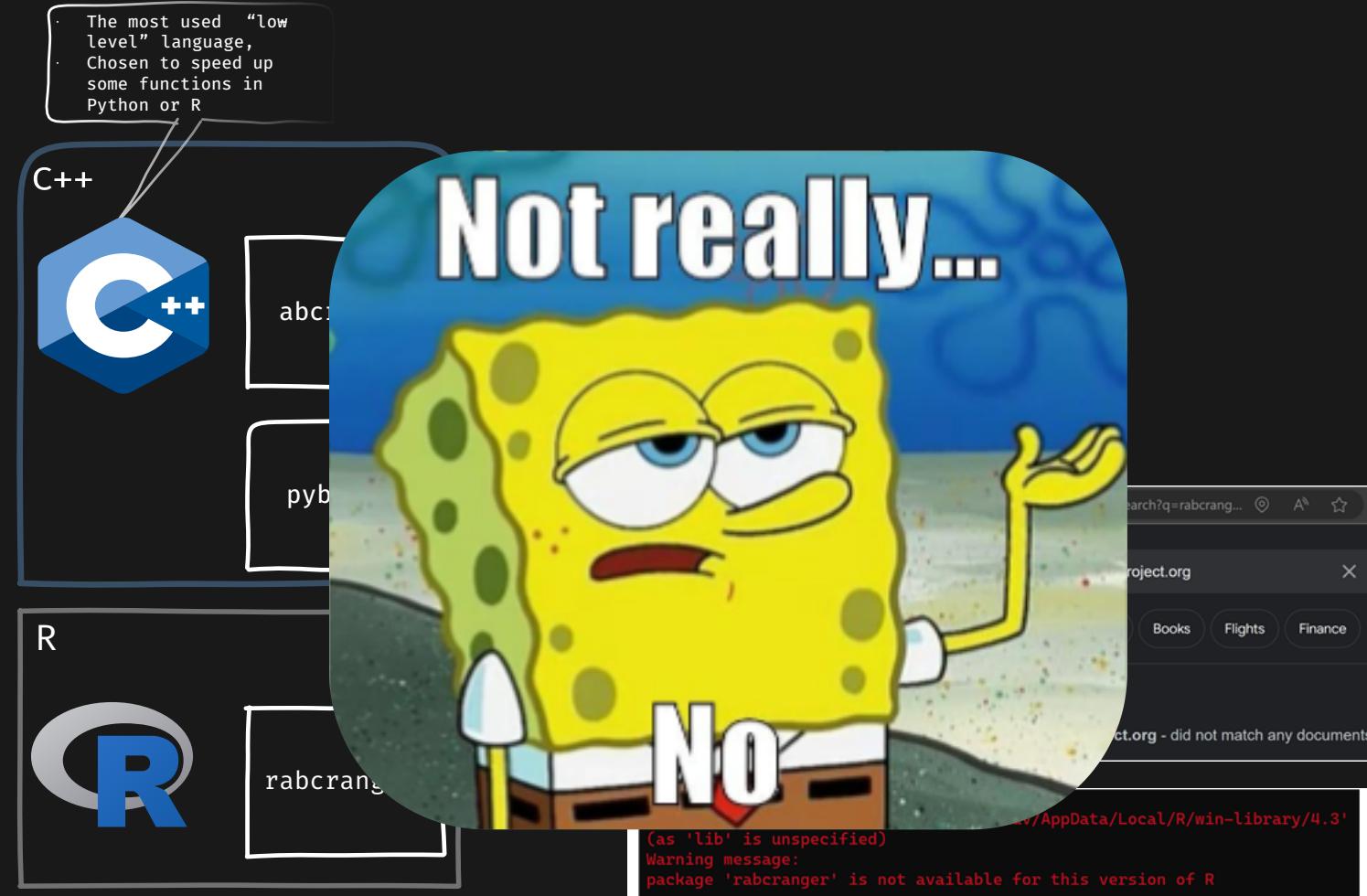
R/C++ Development Workflow



R/C++ Development Workflow



R/C++ Development Workflow



R package cancelled, why?

R package cancelled, why?

 Heterogeneous *build* system between **Rcpp** and **pybind11**

- Rcpp based on `makefile`
- pybind11 on `cmake`

R package cancelled, why?

i Heterogeneous *build* system between Rcpp and pybind11

- Rcpp based on makefile
- pybind11 on cmake

⚠ Obsolete version of Eigen from RcppEigen

C++ part extensively using Eigen, conflicting C++ dependency management.

R package cancelled, why?

i Heterogeneous *build* system between Rcpp and pybind11

- Rcpp based on makefile
- pybind11 on cmake

⚠ Obsolete version of Eigen from RcppEigen

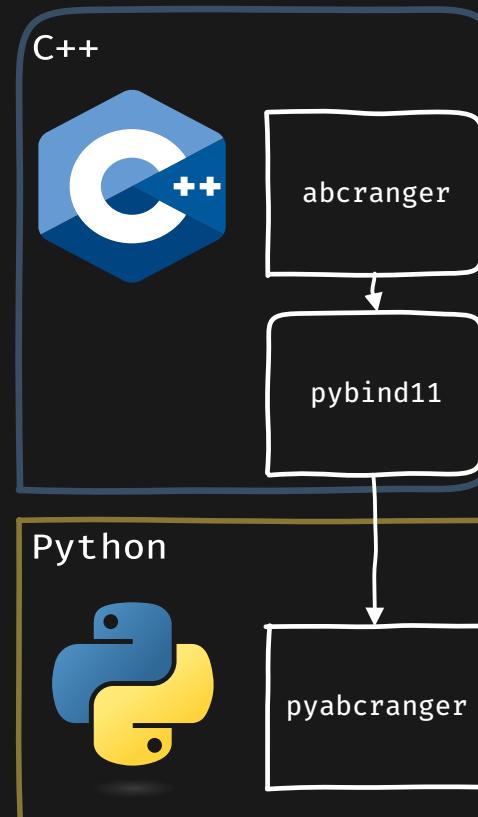
C++ part extensively using Eigen, conflicting C++ dependency management.

❗ Memory copy

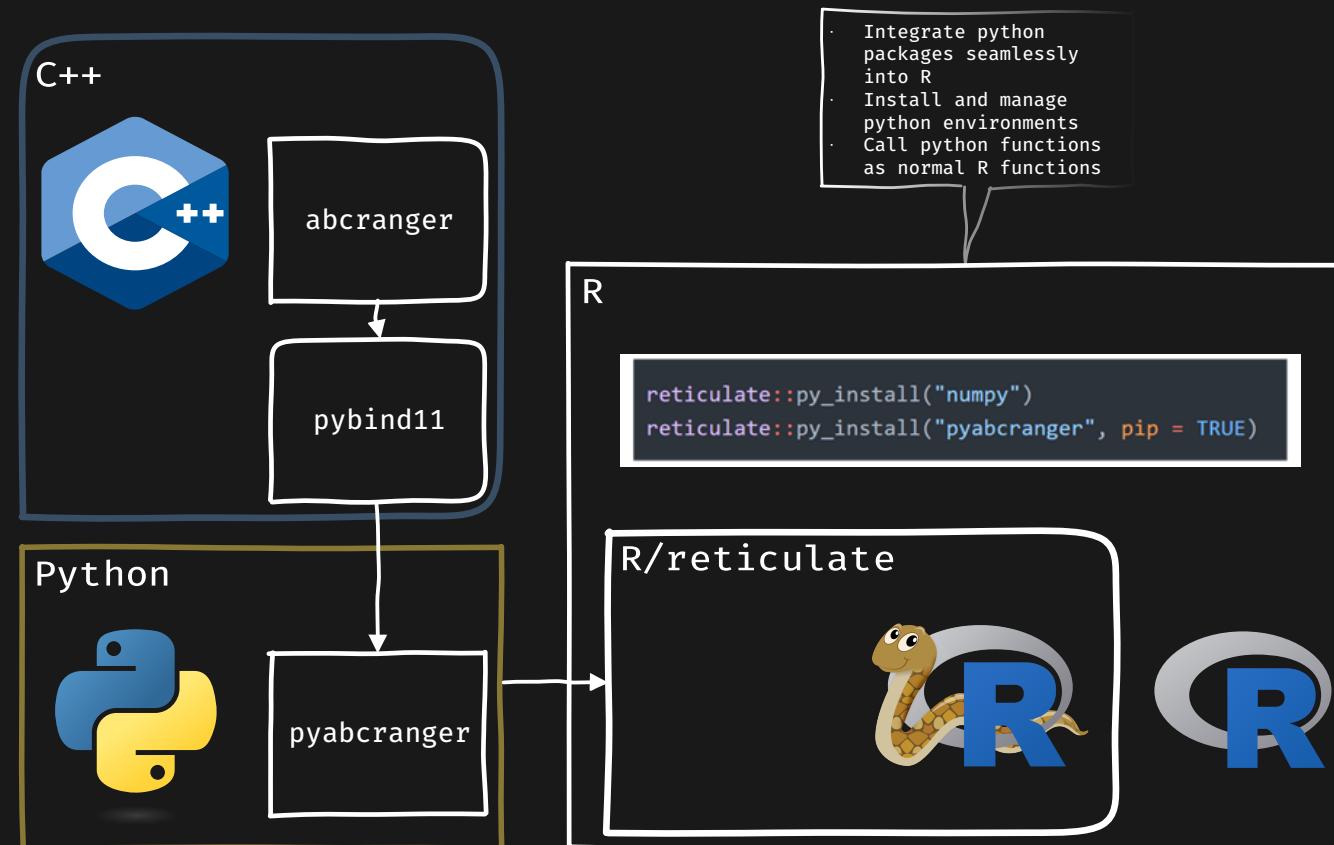
Copy of data between R and C++ (e.g. NumericVector to Eigen::VectorXd)

⇒ Whereas pybind11 allows avoiding it, by using numpy arrays directly

Reticulate to the rescue



Reticulate to the rescue



Minimal example, C++ part

- CMakeLists.txt
- main.cpp
- main.h

- ①
- ②
- ③

- ① CMake file, to build the C++ library
- ② C++ file, containing the function to be called from Python/R
- ③ C++ header, containing the function declaration for pybind11

Minimal example, Python and R parts

`setup.py`

Python setup file, to call CMake
and build the Python module

`script.R`

R script, to install/build/call the
Python module

Minimal example, Python and R parts

setup.py

Python setup file, to call CMake
and build the Python module

```
library(reticulate)
config <- reticulate::py_config()
setupargs <- c("-m", "pip", "install", "--quiet", shQuote("."))  
system2(config$python, setupargs)
my_module <- import("my_module")
my_module$my_function(1:10)
```

①

②

③

script.R

R script, to install/build/call the
Python module

- ① Compile/install the local Python module
- ② Load the Python module
- ③ Call the Python function

Conclusion

- **pybind11** is a modern C++ library: creating Python modules from C++ code
- **reticulate** is an R package: calling Python code from R
- **pybind11** and **reticulate** used together: using existing C++ code from R, without the need to rewrite it in Rcpp

Conclusion, continued

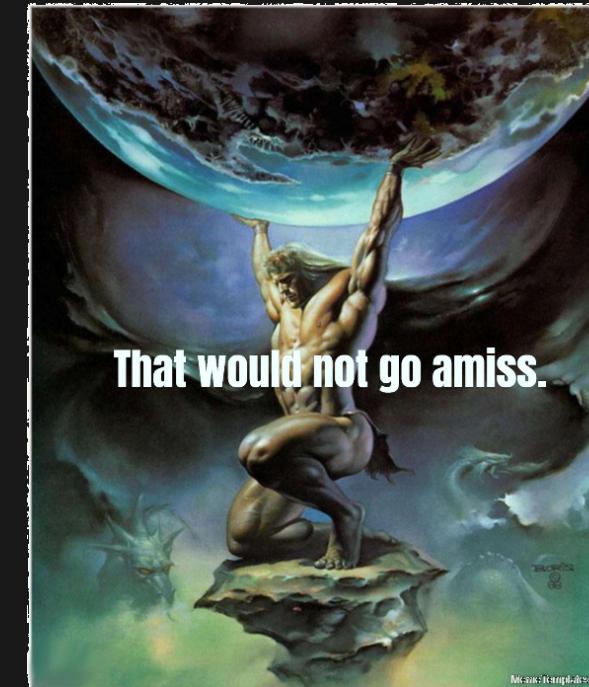
Finally

⇒ Only one interface and one package to maintain, the Python one

Conclusion, continued

i Finally

⇒ Only one interface and one package to maintain, the Python one



References

- [1] W. Jakob, J. Rhinelander, and D. Moldovan, “pybind11—seamless operability between c++ 11 and python,” URL: <https://github.com/pybind/pybind11>, 2017.
- [2] K. Ushey, J. Allaire, and Y. Tang, *Reticulate: Interface to 'python'*. 2023.
- [3] W. Tang *et al.*, “Towards understanding third-party library dependency in c/c++ ecosystem,” in *37th IEEE/ACM international conference on automated software engineering*, 2022, pp. 1–12.
- [4] “GitHub Language Stats.” <https://madnight.github.io/github/> (accessed Mar. 23, 2023).
- [5] “Stack Overflow Developer Survey 2022,” *Stack Overflow*.
https://survey.stackoverflow.co/2022/?utm_source=social-share&utm_medium=social&utm_campaign=dev-survey-2022 (accessed Mar. 23, 2023).
- [6] D. Eddelbuettel and R. François, “Rcpp: Seamless R and C++ integration,” *Journal of Statistical Software*, vol. 40, no. 8, pp. 1–18, 2011, doi: [10.18637/jss.v040.i08](https://doi.org/10.18637/jss.v040.i08).
- [7] F.-D. Collin, A. Estoup, J.-M. Marin, and L. Raynal, “Bringing ABC inference to the machine learning realm: AbcRanger, an optimized random forests library for ABC,” in *JOBIM 2020*, 2020, vol. 2020, p. 66.
- [8] G. Guennebaud, B. Jacob, *et al.*, “Eigen v3.” <http://eigen.tuxfamily.org>, 2010.
- [9] C. R. Harris *et al.*, “Array programming with NumPy,” *Nature*, vol. 585, no. 7825, pp. 357–362, Sep. 2020, doi: [10.1038/s41586-020-2649-2](https://doi.org/10.1038/s41586-020-2649-2).

SABRE (Projet industriel)

Statistical Analysis on BRush Experiments

Présenté par Antony Pudlicki

Ingénieur R&D

Université Picardie Jules Vernes – Mersen France Amiens

Avec la collaboration de G. BERARD* V. BOURNY² O. DURAND-DROUHIN² O. BERNARD*

*Mersen ²UPJV

CONTEXTE

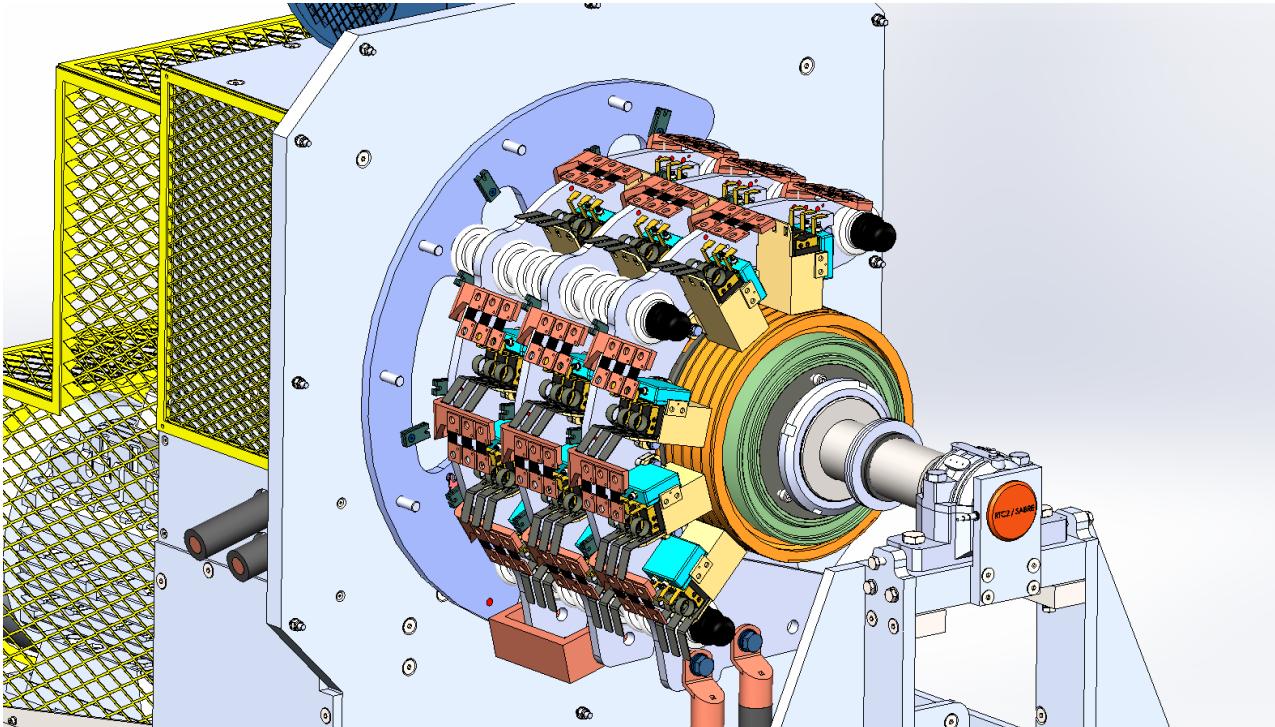


Mersen est une entreprise mondiale qui se positionne comme un leader dans les matériaux et les solutions électriques et thermiques avancées.

L'entreprise développe des matériaux spécialisés tels que les graphites, les composites avancés.

Elle propose une vaste gamme de produits et de **services dans plusieurs secteurs clés tels que l'énergie, les transports, l'électronique, la chimie et les procédés industriels.**

CONTEXTE



Plus de 300 paramètres à analyser

Banc d'essai qui reproduit un générateur avec **45 contacts électriques glissants** qui sont **des pièces d'usures** que l'on nomme **balais**.

On récupère les **données de composition/fabrication** des balais jusqu'au **condition d'essai (une vitesse et un courant)** pour chaque essai

Pendant l'essai on récupère plusieurs données : **le courant, la température en continue (séries temporelles)** de chaque balai, **leur usure et les conditions extérieures (humidité, température)**

Objectifs

Fabrication/Montage du banc

Création de la structuration des bases de données **en format tidy**

Création d'un rapport données brutes avec Rmarkdown

Analyser un essai avec R

Analyser plusieurs essais(même condition d'essai même nuance) avec R

Analyser plusieurs essais(même nuance, condition d'essai différentes) avec R

Comparer plusieurs essais(nuances différentes) avec R

Prédire des résultats futurs avec R

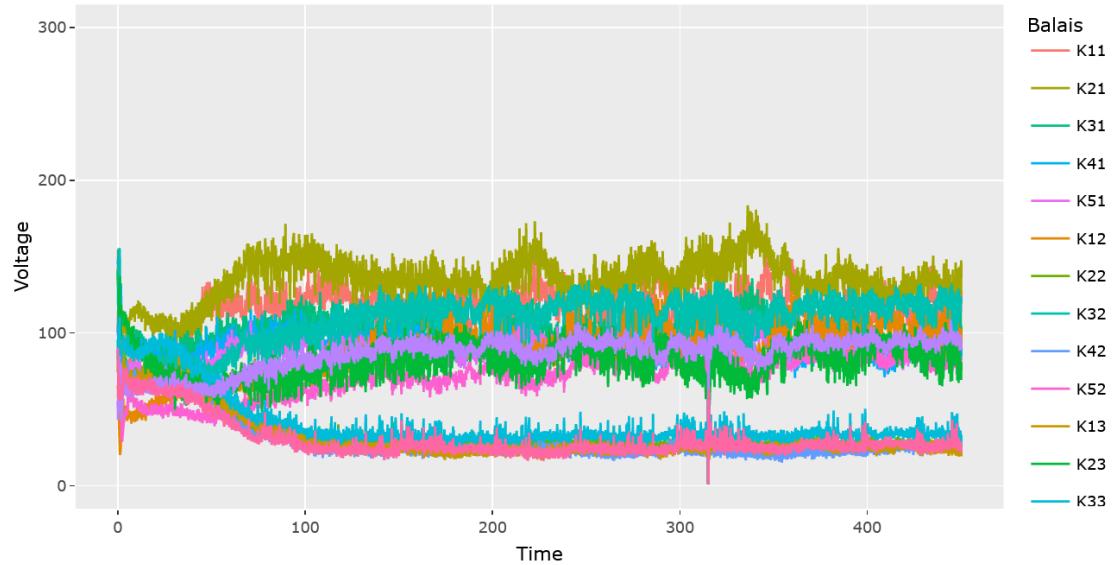
Création d'un rapport données brutes automatique

```
```{r echo=FALSE, warning=FALSE, message=FALSE}
nuance="XXXXXXX"
balais="XXXXXXX"
rapport="XXXXXXX"
importation_1_essai(nuance,balais,rapport)
```

```

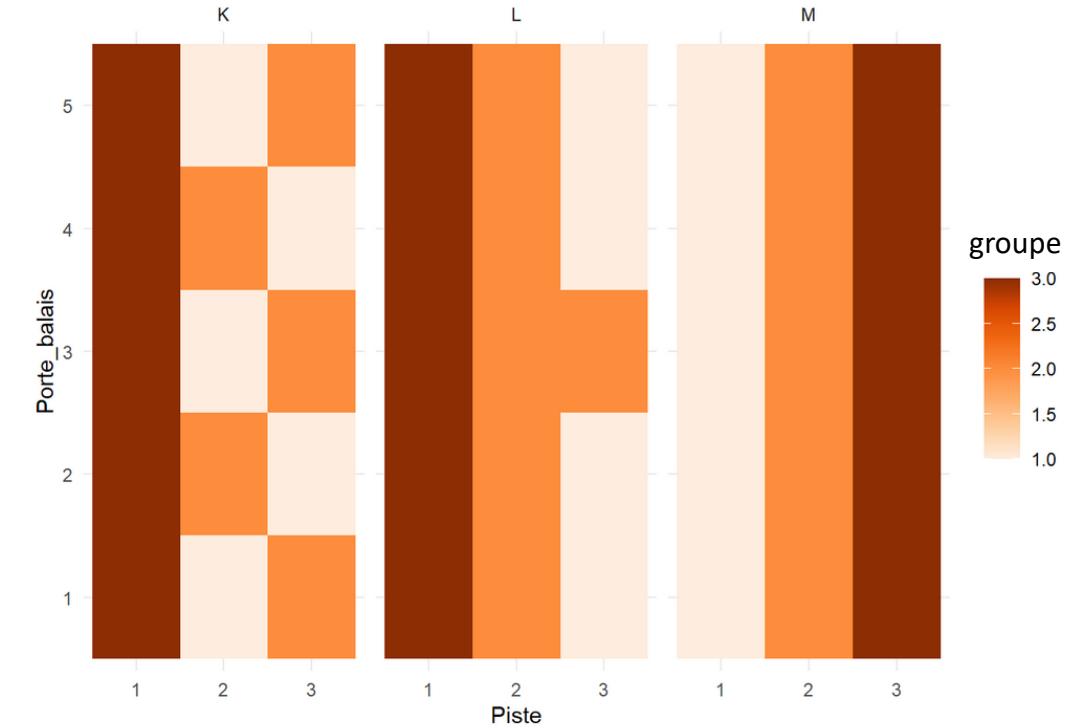
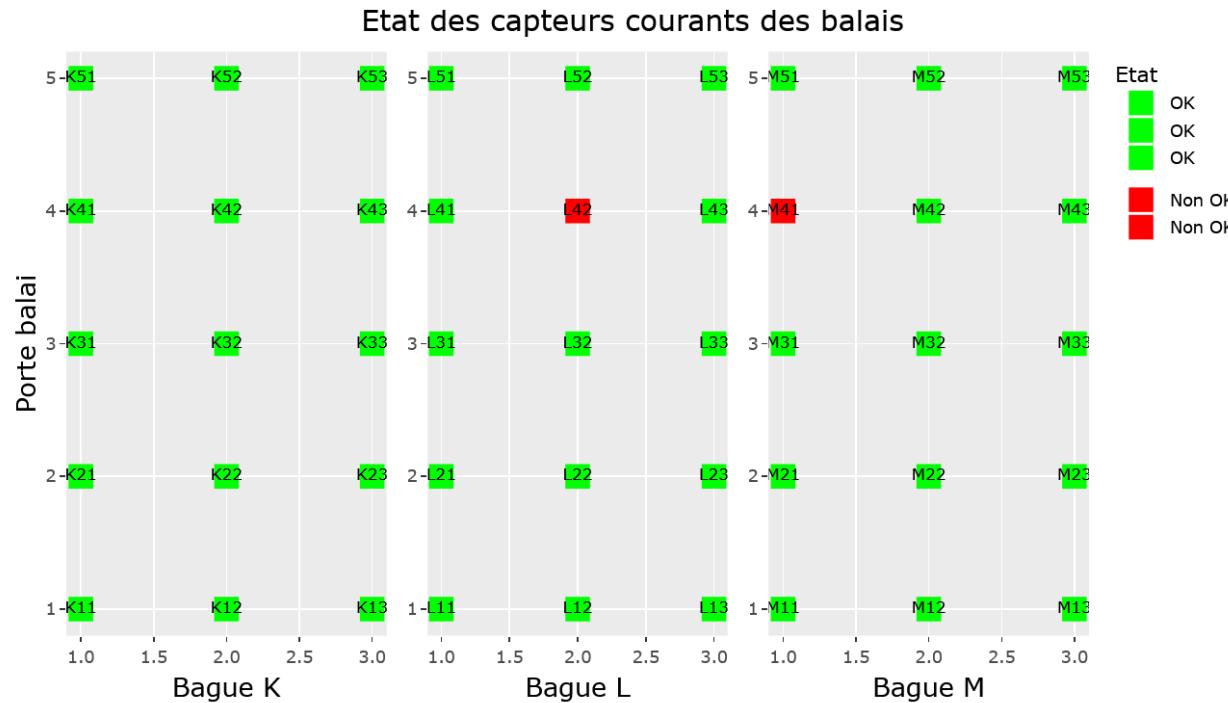
Le formatage des dossiers de données permet d'avoir un **rapport automatique uniquement** en donnant la **nuance analysée et le n° de rapport**

Courant des balais Bague K



Utilisation de la **library plotly** pour comparer facilement les courbes

Création de graphiques appropriés

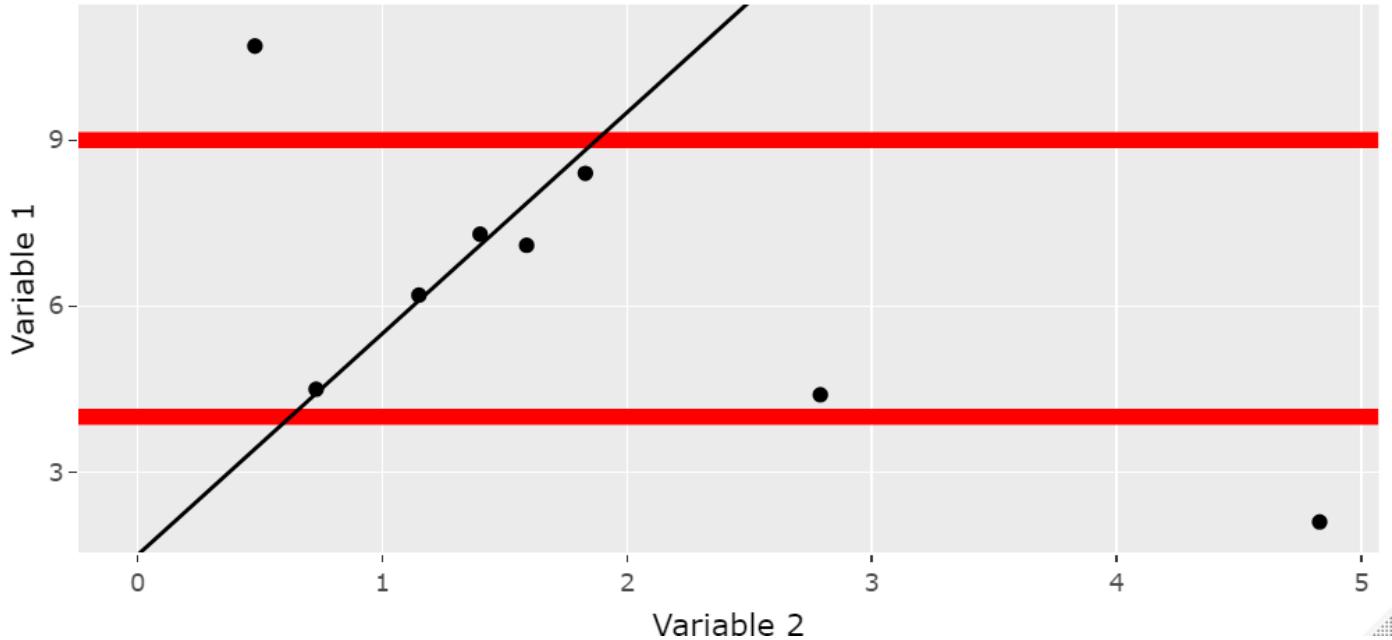


Création de graphes avec **ggplot** pour bien visualiser les données

Création de groupes de comportement avec les librairies **kmeans**, **Factoextra**,...

Comparaison de plusieurs essais(même nuance)

Avec la création de nouvelles variables et l'utilisation du **package corrplot** on a déterminé des résultats qui étaient déjà observés sur le terrain : la variable 1 influence la variable 2



- : essai avec des consignes expérimentales différentes

Prochaines étapes long terme

- Pouvoir prédire le comportement futur des séries temporelle avec la **library forecasts**
- Utiliser des modèles de série temporelle (**SARIMA, ARCH, GARCH, ML, ...**) dans nos modèles pour prédire des comportements
- Augmenter notre base de données, en ayant une méthodologie nous permettant d'améliorer nos modèles (avec des données homogènes)

Merci pour votre attention

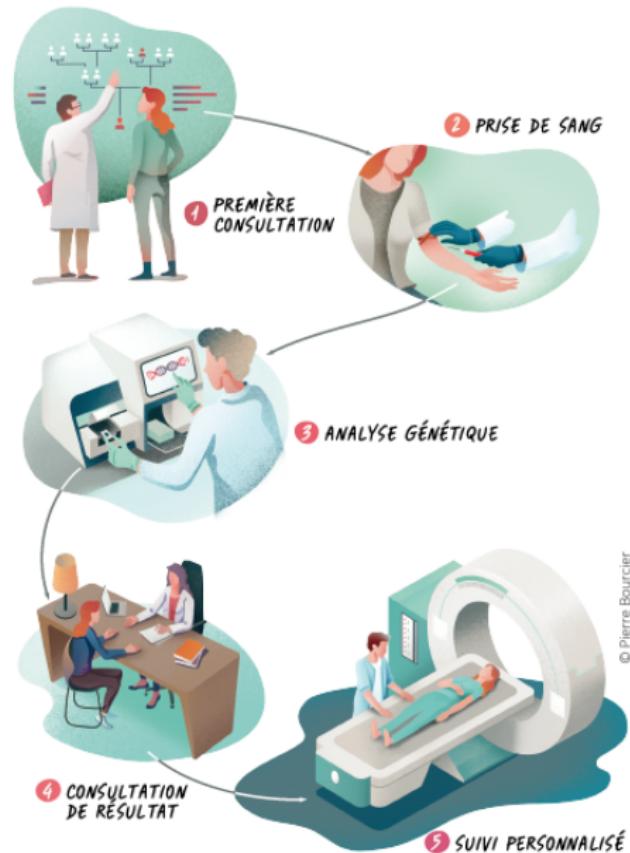
QUESTIONS ?

MyFamilyRisk: une application R/Shiny pour saisir facilement son histoire familiale de cancer.

Youenn Drouet –Centre Léon Bérard–
youenn.drouet@lyon.unicancer.fr

Rencontres R 21-23 juin 2023 Avignon

Contexte



© Pierre Bourcier

La première consultation d'oncogénétique

1. Le patient remplit un questionnaire (15 pages!)
2. Le conseiller en génétique saisit les informations dans une BDD, puis trace l'arbre généalogique.
3. Le médecin évalue l'intérêt de proposer un test génétique
- 4. Première consultation d'oncogénétique pour ce patient !**

Application MyFamilyRisk (1/4)

Application MyFamilyRisk (2/4)

Application MyFamilyRisk (3/4)

Application MyFamilyRisk (4/4)

Déploiement sur le serveur du Centre Léon Bérard

1.



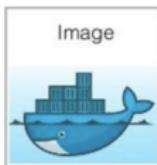
```
library("shinymanager")
library("bsplus")
library("easyUI")
library("shiny")
library("shinyjs")
library("shinydashboard")
library("shinywidgets")
library("DT")
library("rintrojs")
library("kableExtra")
library("remarkdown")|
```



2.



build



Dockerfile

Docker Container

run



Future version à destination du grand public

Votre médecin traitant vous a sûrement déjà posé cette question :



Il y a des cancers dans votre famille ?

Merci pour votre attention

youenn.drouet@lyon.unicancer.fr

{GOLEM} ET {FUSEN}: LE COMBO GAGNANT POUR CONSTRUIRE DES APPLICATIONS SHINY ROBUSTES ET FACILES À MAINTENIR

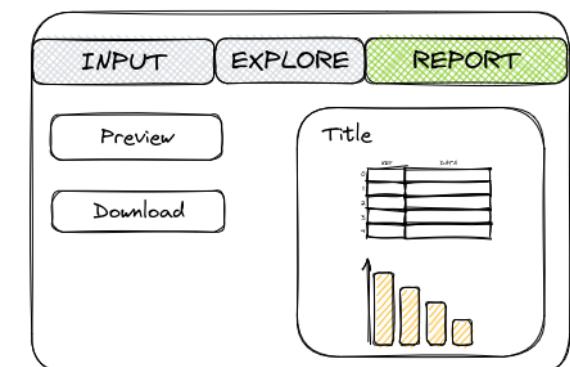
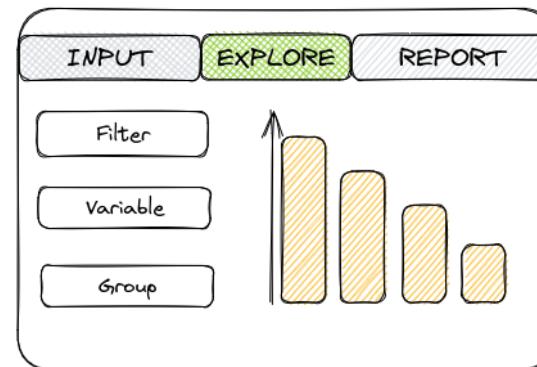
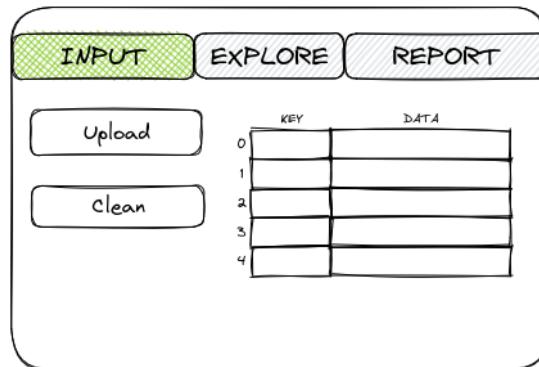
{GOLEM} ET {FUSEN}, BFF

SÉBASTIEN ROCHETTE, THINKR



Design your application

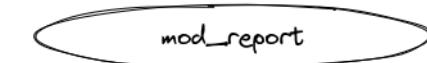
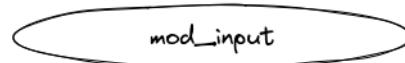
Let's imagine a 3 pages shiny application: input, explore, report



BUSINESS LOGIC



USER INTERFACE



Design your development project

Separate code according to the stakes and app structure



Prototype your app

Use a notebook to explore and validate the future outputs

BUSINESS
LOGIC
(dev/)



`flat_02_explore_utils.Rmd`

Filter data on multiple variables

`filter_data()`

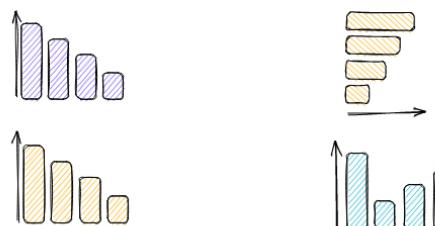
examples

tests

Build a graph with two variables

`graph_two_vars()`

Which one would you prefer in the application ?



tests

Prototype your app

Use a notebook to explore and validate the future outputs

BUSINESS
LOGIC
(dev/)



`flat_02_explore_utils.Rmd`

Filter data on multiple variables

`filter_data()`

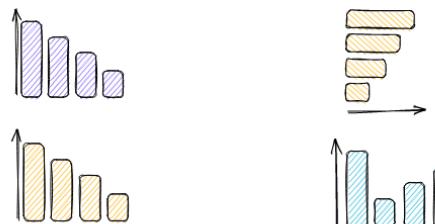
examples

tests

Build a graph with two variables

`graph_two_vars()`

Which one would you prefer in the application ?



tests

Strengthen your code

Use a notebook with {fusen} template to document and test the business logic



BUSINESS
LOGIC



flat_02_explore_utils.Rmd

```
# Filter data on multiple variables
```

function
filter_data()

examples

tests

```
# Build a graph with two variables
```

function
graph_two_vars()

Which one would you prefer in the application ?

examples

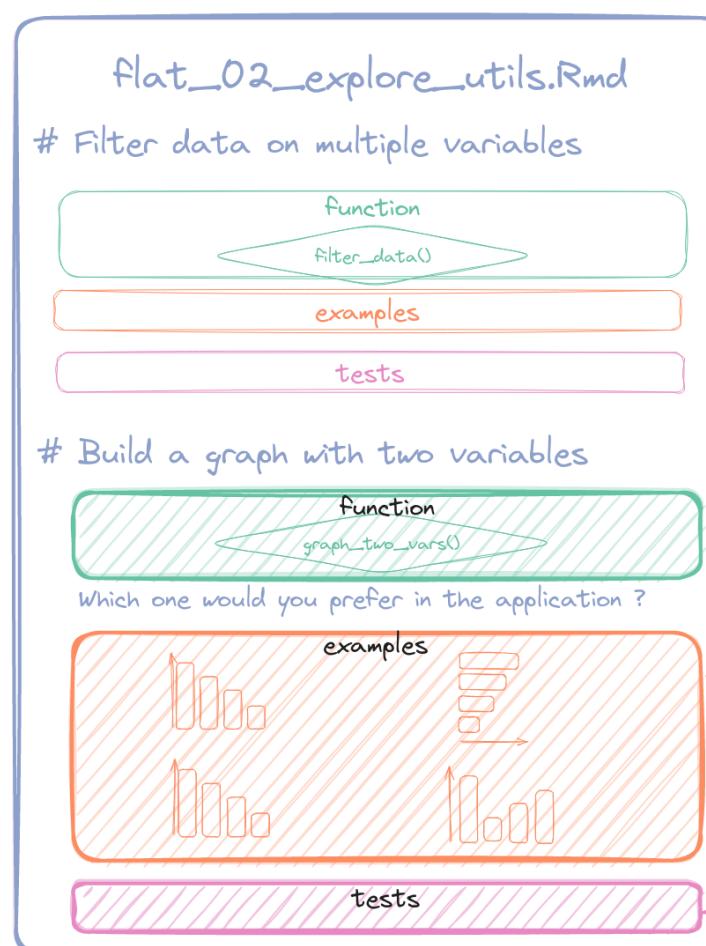
tests

Strengthen your code

Inflate as a package for a documented, robust and maintainable production-grade project



BUSINESS
LOGIC

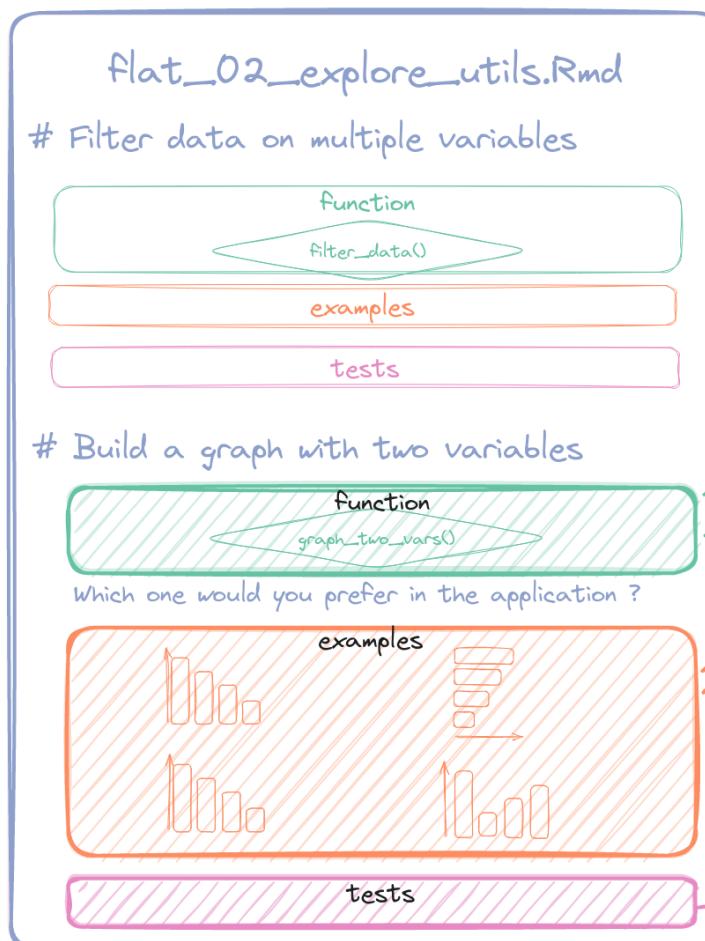


Strengthen your code

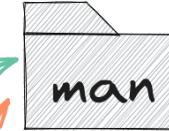
Inflate as a package for a documented, robust and maintainable production-grade project



BUSINESS
LOGIC



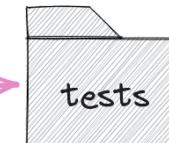
`02_explore_utils.R`



`filter_data.Rd`



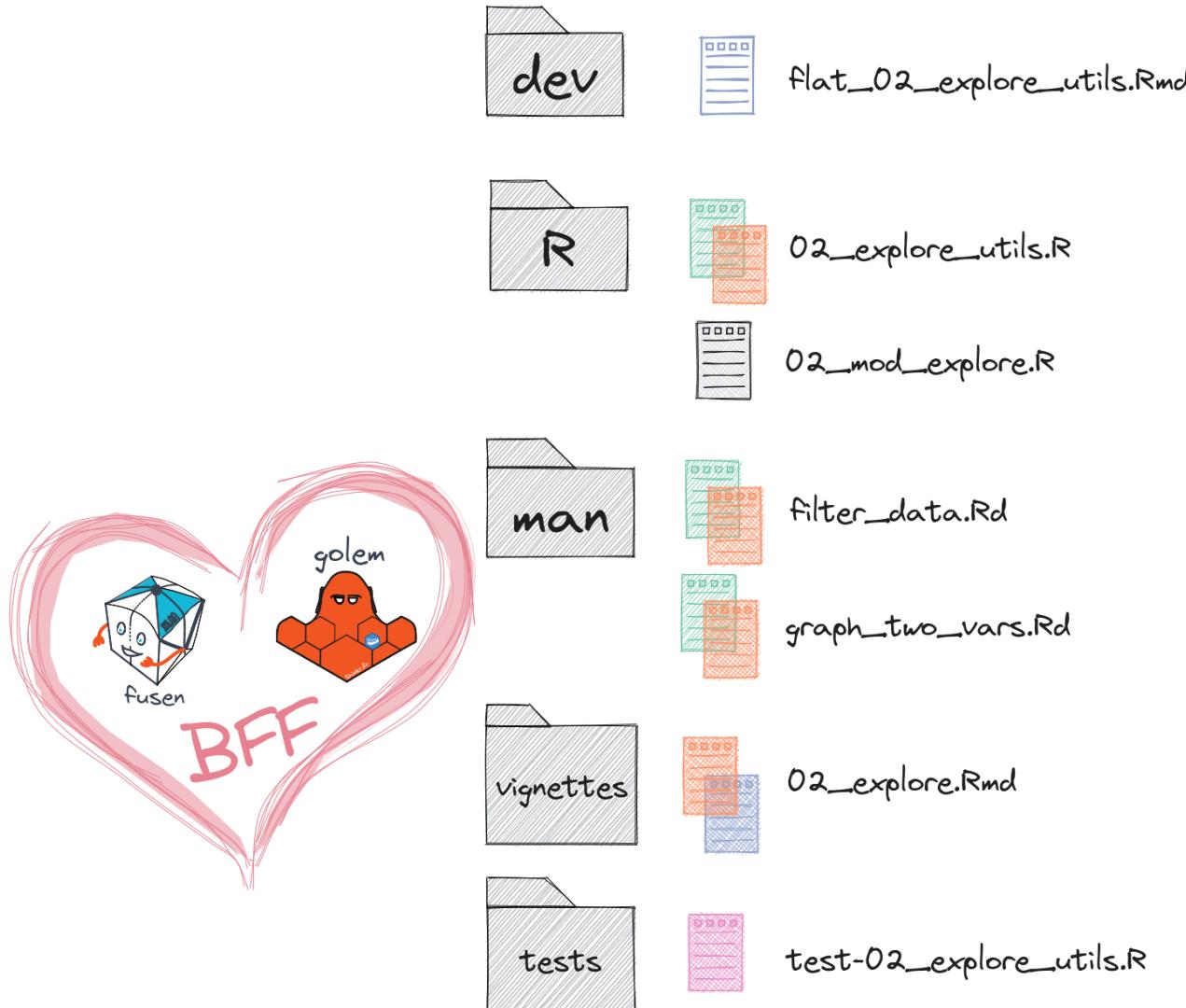
`graph_two_vars.Rd`



`02_explore.Rmd`

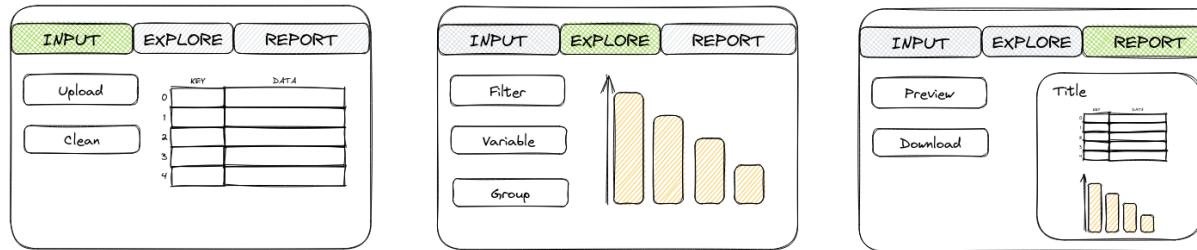
Build your app

Combine UI and business within the {golem} package structure



Tada! A production-ready web application!

Now you can let your imagination run wild



- Deploy the `{pkgdown}` HTML documentation of your package
- Separate Business and UI in two different packages
- Combine the business package with a Plumber API (See `{mariobox}`)

Find out more

- `{fusen}` documentation: <https://thinkr-open.github.io/fusen/>
- `{golem}` documentation: <https://thinkr-open.github.io/golem/>
- `{fusen}` blog posts: <https://rtask.thinkr.fr/fusen/>





{matreeX} R package

Maxime Jaunatre



2023-06-22

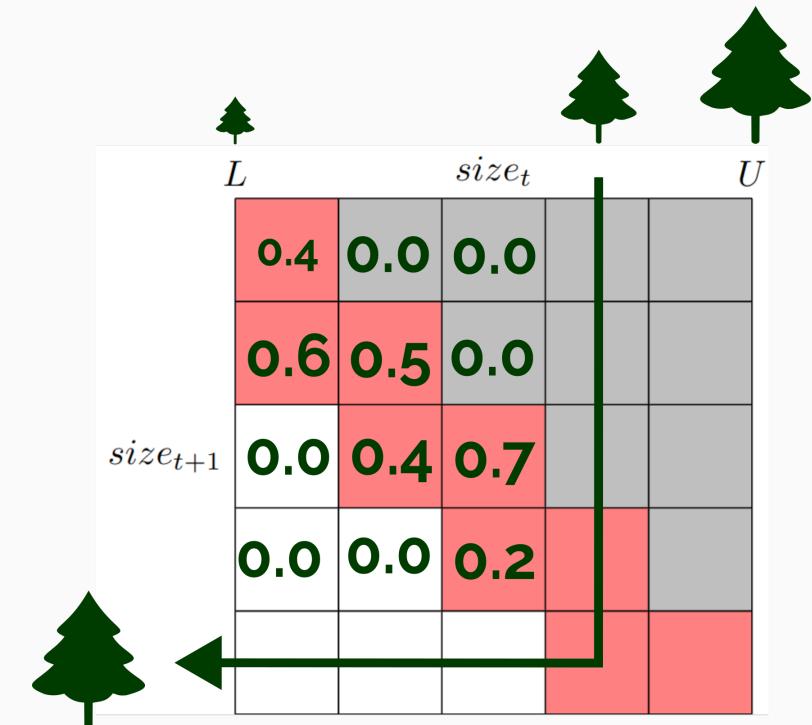
Vous avez dit matrices ?

Matrices de transitions utilisées en biologie :

Probabilité de passage d'un stade à l'autre. (juvénile -> adulte)

Problèmes :

- les arbres grandissent très très lentement...
- Probabilités difficiles à estimer



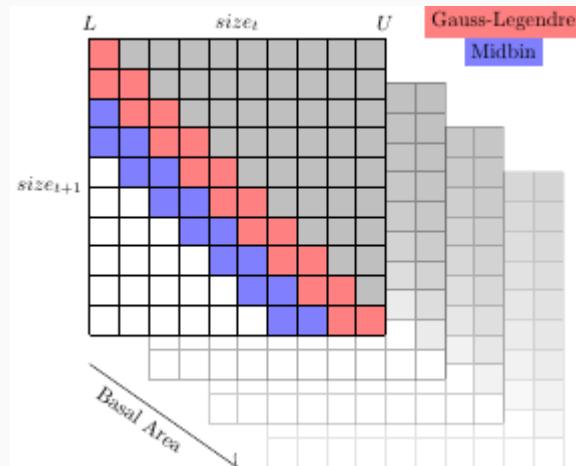
Integrated Projection Models



Passage de modèles de croissance/survie/reproduction continus à des matrices intégrées.

$700_x \times 700_y \times 200_{compet} \times 100_{models} \times 27_{espèces}$

- Objects deviennent complexes à utiliser
- Beaucoup de paramètres pour l'intégration

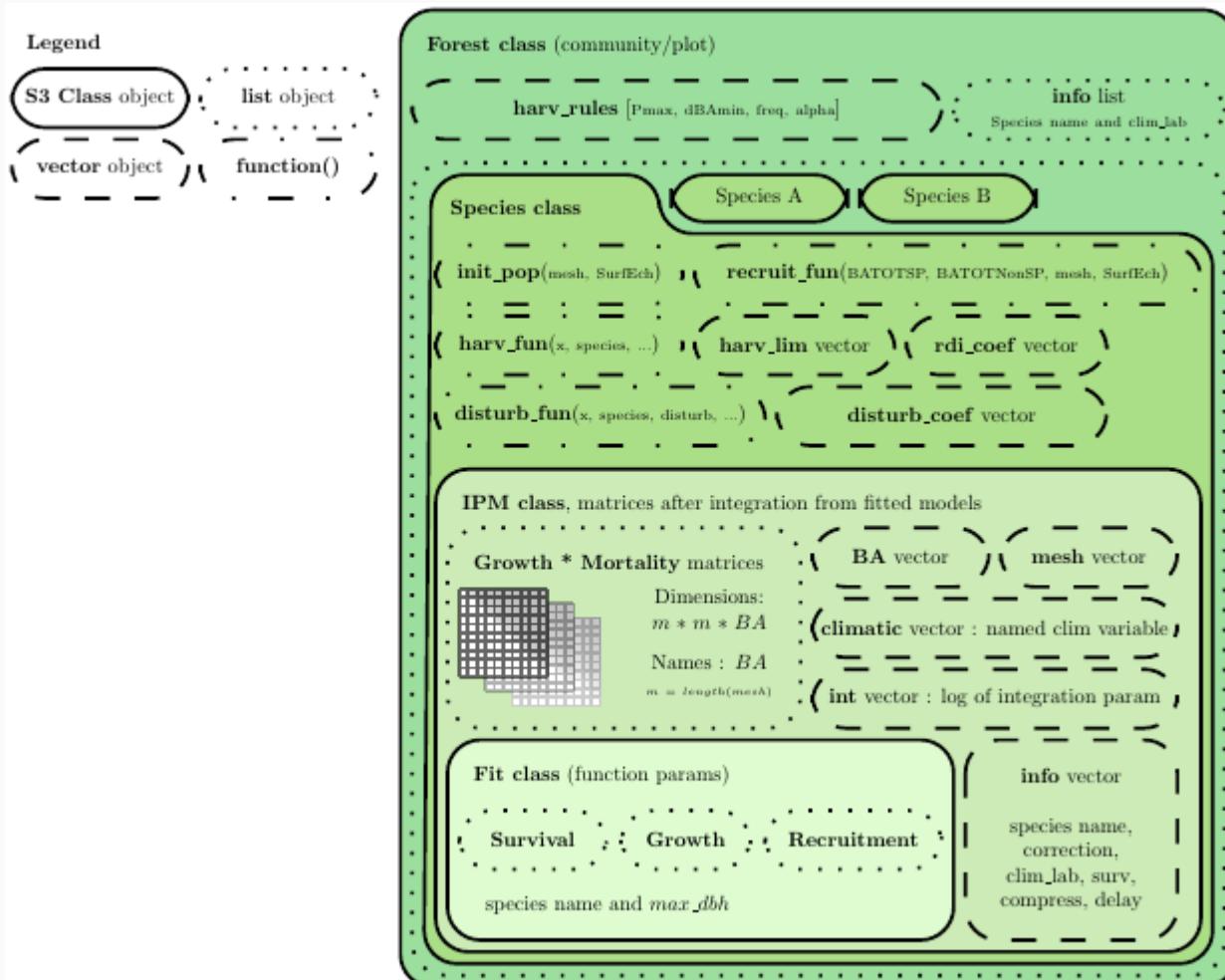


Creation du package pour simplifier tout cela, documenter et intégrer des datas

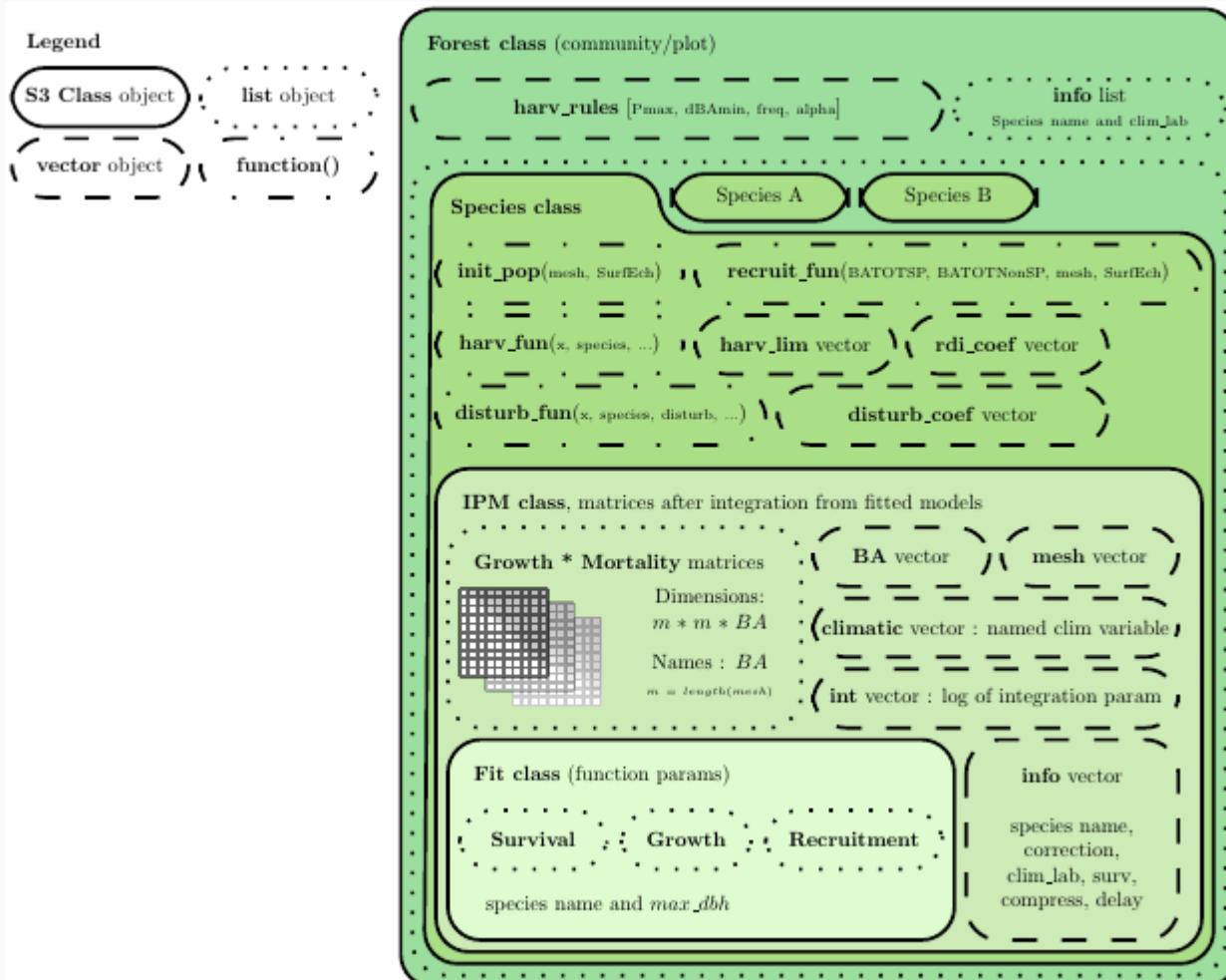
Guyennon *et al* in: *Global Ecology and Biogeography* (2023)

Kunstler *et al* in: *Journal of Ecology* (2021)

Structure des objets R



Structure des objets R



Et en code ça donne ?



Créer une espèce

```
Picea_sp ← species(IPM = Picea_ipm,  
                     init_pop = def_init,  
                     harvest_fun = def_harv,  
                     disturb_fun = def_disturb,  
                     harv_lim = c(dth = 175, dha = 575, hmax = 1),  
                     rdi_coef = NULL,  
                     disturb_coef = NULL  
)
```

Créer une forêt

```
Picea_for ← forest(species = list(Picea = Picea_sp),  
                     harv_rules = c(Pmax = 0.25, dBMin = 3,  
                                    freq = 1, alpha = 1))
```

Lancer une simulation



```
set.seed(42) # The seed is here for initial population random functions.  
Picea_sim ← sim_deter_forest(  
    Picea_for, tlim = 1000, equil_time = 1500, equil_dist = 50, equil_diff = 1  
)
```

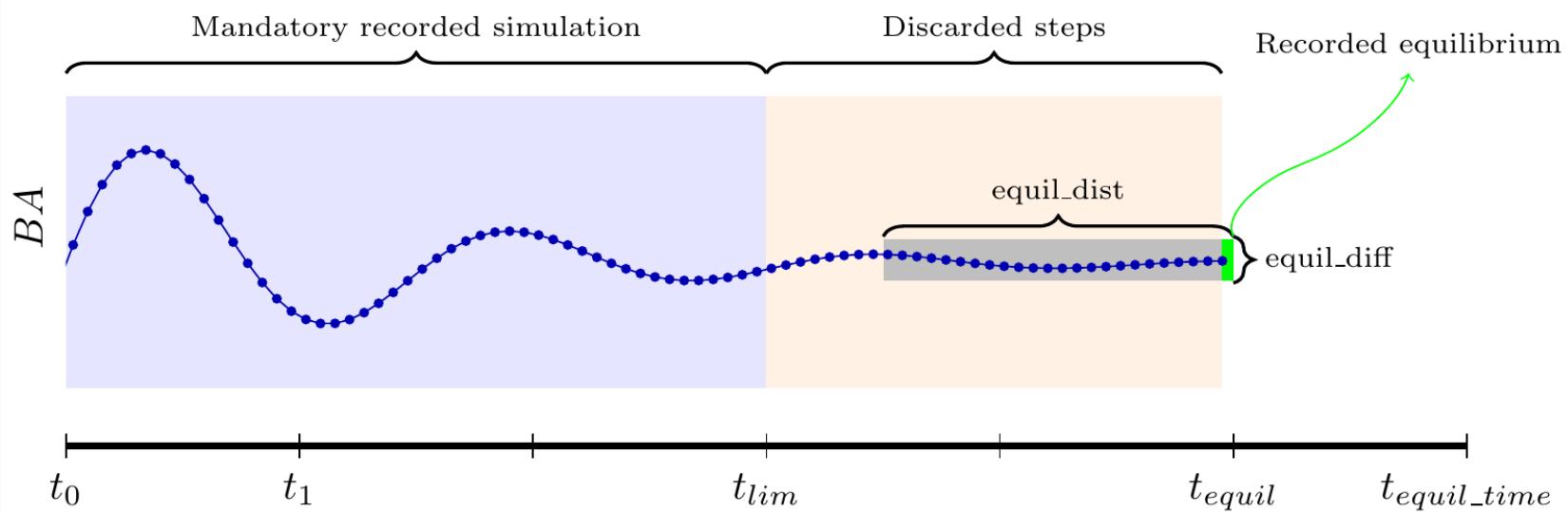
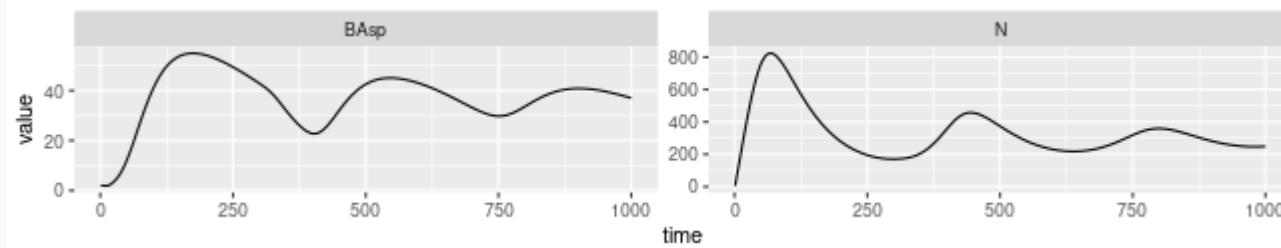
Résultats

Format de sortie de type long prévu pour les plots avec `{ggplot2}` et des filtres `{dplyr}`

```
Picea_sim %>%  
  dplyr::filter(var = "BAsp", ! equil) %>% head()  
  
## # A tibble: 6 × 7  
##   species     var     time   mesh   size equil value  
##   <chr>       <chr>   <dbl> <dbl> <dbl> <lgl> <dbl>  
## 1 Picea_abies BAsp      1     NA     NA FALSE  1.96  
## 2 Picea_abies BAsp      2     NA     NA FALSE  1.95  
## 3 Picea_abies BAsp      3     NA     NA FALSE  1.95  
## 4 Picea_abies BAsp      4     NA     NA FALSE  1.95  
## 5 Picea_abies BAsp      5     NA     NA FALSE  1.95  
## 6 Picea_abies BAsp      6     NA     NA FALSE  1.94
```

Des sorties graphiques

```
Picea_sim %>% dplyr::filter(var %in% c("BAsp", "N"), ! equil) %>%
  ggplot(aes(x = time, y = value)) +
  geom_line() + facet_wrap(~var, scales = "free_y")
```



Reproductibilité



Résultats reproductibles par autrui

Code accessible (installation, lecture)

Possibilité de remonter des problèmes

Développement en commun dans l'équipe

Documentation accessible, exemples, tests

DOCUMENT



ALL THE THINGS

memegenerator.net

Site {pkgdown}

matreex 0.3.0 Get started Reference Articles Changelog INRAE LESSEM

{matreex}

The goal of this package is to run integrated projection models of tree species in single or multi-specific density dependence context. The simulations return the size distribution dynamics along time. These models can be completed with different harvest and disturbance models and be runned until equilibrium.

Main methods have been developed for [Kunstler et al \(2020\)](#) and [Guyennou et al 2023](#) as well as european tree species growth/survival/recruitment models.

Installation

Dependencies

This package relies on very few packages listed below, that you can install with the following code.

```
deps <- c('checkmate', 'Matrix', 'here', 'dplyr',
         'rlang', 'tidyverse', 'purrr', 'cli',
         'statmod')
for (i in deps) {
  if(!require(i,character.only = TRUE))
    install.packages(i)
}
```

Stable version

You can install the {matreex} package from [gitlab](#):

```
# install.packages("remotes")
remotes::install_gitlab("gowachin/matreex")
```

Github repository is only a mirror from gitlab. If you are added in the github repo, the code below will do it!

```
# install.packages("remotes")
remotes::install_github("gowachin/matreex")
```

Development version

You can install the development version of {matreex} from gitlab with:

```
# install.packages("remotes")
remotes::install_gitlab("gowachin/matreex", ref = "dev")
# or
# remotes::install_github("gowachin/matreex", ref = "dev")
```

Links
[Browse source code](#)

License
[Full license](#)
[MIT + file LICENSE](#)

Citation
[Citing matreex](#)

Developers
Anne Baranger
Author
Julien Barrere
Author
Thomas Cordonnier
Author
Arnaud Guyennou
Author
Maxime Jaunatre
Author, maintainer, translator
Valentin Journe
Author
Georges Kunstler
Author
Bjoern Reineking
Author
Laura Touzot
Author
[More about authors...](#)

Dev status

Envie de faire pousser des forêts ?

 gowachin/matreex

Slides created via the R package **xaringan**.

```
library(dplyr)  
  
rladies_global %>%  
  filter(city == 'Paris')
```

R-Ladies Paris, une communauté engagée garantissant la diversité et l'inclusivité

Mouna Belaid
Consultante R, ArData

1. Introduction de R-Ladies Paris



R-Ladies Paris est un réseau local fondé en 2016 à Paris, qui fait partie de l'organisation mondiale à but non lucratif R-Ladies Global.

+220
Réseaux



+65
Villes



rladies.org

2. Introduction de R-Ladies Paris



Objectifs

- Promouvoir la culture de l'utilisation du langage de programmation 
- œuvrer en faveur d'une représentation équilibrée des genres au sein de la communauté R



Missions

- Créer un environnement de support convivial pour les passionnés de R
- Organiser des formations, des webinaires et de rassemblements sociaux autour de R
- Tisser des liens de collaboration



Décembre 2022 Association Matrice, Paris

paris@rladies.org



R-Ladies Paris

★★★★★ (105) ?

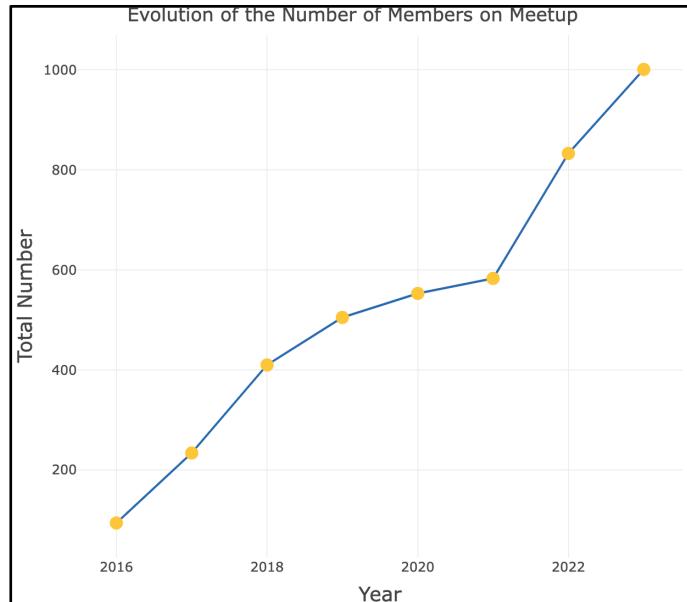
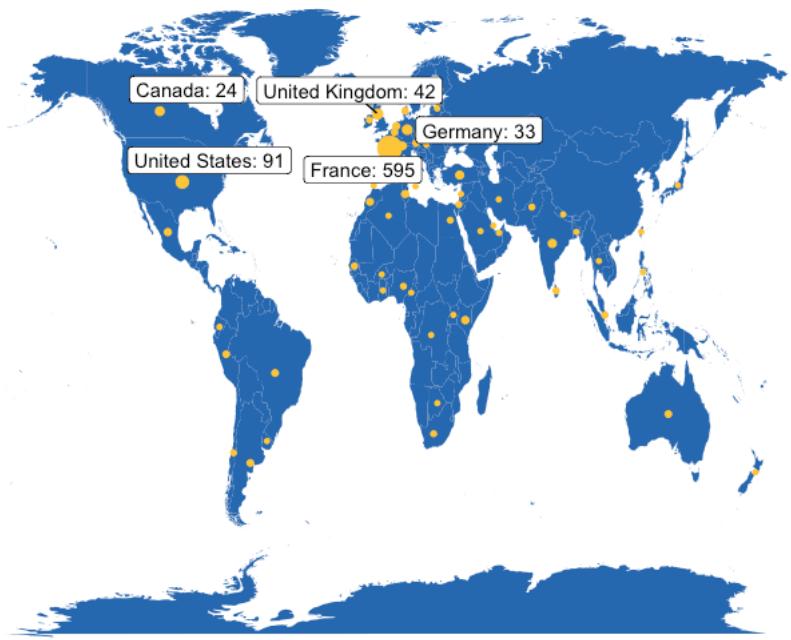

Paris, France

1,001 members · Public group ?



Localization of Members

Source: <https://www.meetup.com/r-ladies-paris/>



Les scripts R sont disponibles ici
github.com/R-Ladies-Paris/statistics-meetup



3. Témoignages de nos invités



« Ma collaboration avec la communauté R-Ladies Paris m'a permis d'acquérir une plus grande visibilité pour la session que j'ai animée, avec la participation d'une quinzaine de personnes, dépassant ainsi le nombre habituel de participants présents. Je suis reconnaissante de cette opportunité qui, bien que stressante, s'est avérée agréable et a contribué à augmenter d'une dizaine le nombre d'abonnés à ma newsletter. »



Marie Vaugoyeau
Accompagnatrice indépendante à l'analyse de données et la formation au langage R



« C'était un plaisir de rencontrer les membres de la communauté R-Ladies Paris. Je leur suis reconnaissante de m'avoir offert l'opportunité de vivre cette première expérience de prise de parole devant un public de plus de 20 personnes. Cela m'a permis de renforcer ma confiance en moi et était un moyen de rencontrer d'autres personnes qui partagent mes intérêts. »



Natacha Njongwa Yepnga
Ingénierie Data Scientist

3. Témoignages de nos invités



« Je crois que la participation a principalement eu pour effet de raviver ma motivation et de me procurer un réel plaisir à échanger au sein d'une communauté extrêmement bienveillante. Malgré le fait que je parle du handicap, je ne ressens absolument pas de stigmatisation. Au contraire, j'ai l'impression que je peux apporter aux personnes valides une nouvelle perspective de travail. Ainsi, en termes de valeurs, je dirais que cela se résume à partager, à faire preuve de bienveillance et à se stimuler mutuellement. »



Nancy Rebout
Statisticienne, Entrepreneur et
Maître de Conférences @Vet'Agro Sup, France



Nuage de mots généré par l'application Shiny ci-dessous



MERCI DE VOTRE ATTENTION !



@RLadiesParis



[meetup.com/r-ladies-paris/](https://www.meetup.com/r-ladies-paris/)