

# Reproductibilité

Tsoldour

2025-03-04

## Contents

Introduction	2
1. L'architecture du projet	3
1.1 La structure fondamentale . . . . .	3
1.2 Les éléments supplémentaires . . . . .	4
2. La mise en oeuvre du projet - le package <i>targets</i>	5
3. La reproductibilité de l'environnement de travail - le package <i>renv</i>	8
4. Le suivi du projet - Git et Github	9
4.1 De quoi parle-t-on ? . . . . .	9
4.2 Installation de Git . . . . .	9
4.3 Configuration de Git . . . . .	10
4.4 Connecter Git et Github . . . . .	11
4.5 Exemple d'utilisation en routine . . . . .	12
4.5 Connecter Rstudio à Git et Github . . . . .	14
5. Rendre compte de son travail	15
5.1 Introduction au Rmarkdown . . . . .	15
5.2 Structure d'un document Rmarkdown . . . . .	15

body { text-align : justify} header { text-align : center}

# Introduction

Depuis l'avènement de la science moderne, chaque expérience, aussi élégante soit-elle, est d'abord considérée du point de vue de sa **réplicabilité**. On entend par ce terme la capacité "*d'obtenir des résultats cohérents entre différentes études répondant à la même question scientifique à partir de données obtenues séparément.*" (National Academies of Sciences, Engineering and Medicine, 2019 dans Hicks, 2023). La répliquabilité ainsi entendue renvoie au présupposé de l'**universalité de la science** : si on montre la neurotoxicité du mercure sur les céphalopodes dans une expérience menée à La Rochelle, cela *doit être vrai* aussi à New York ou à Göteborg. Ainsi, la répliquabilité porte sur la cohérence **qualitative** des résultats scientifiques. Elle repose en outre sur un partage rigoureux des conditions de réalisation de chaque étude permettant de la reproduire à l'envie.

Mais depuis l'avènement des ordinateurs et des analyses numériques, la notion de **reproductibilité** est venue s'ajouter à celle de **réplicabilité**. Synonyme de **reproductibilité computationnelle**, la reproductibilité consiste à pouvoir "*obtenir les mêmes résultats à partir des mêmes données en utilisant les mêmes étapes computationnelles, les mêmes codes, et les mêmes conditions d'analyse*" (National Academies of Sciences, Engineering and Medicine, 2019 dans Hicks, 2023). La reproductibilité porte, quant à elle, sur la cohérence **quantitative** des résultats et doit être considérée comme **un outils indispensable** à l'évaluation par les pairs des productions résultant d'un projet de recherche (rapports, articles, expertise).

Si la répliquabilité implique un certain nombre de bonnes pratiques (*design* expérimentaux robustes, cahier de laboratoire, nombre suffisant de réplicats, randomisation, interprétation non-biaisée, etc.), la reproductibilité aussi repose sur quelques outils et quelques bonnes habitudes à prendre dans l'analyse numérique au sein d'un projet de recherche.

Oui, mais voilà !

Depuis plusieurs années maintenant, la science en général et les sciences de l'environnement en particulier souffrent d'une **crise de la reproductibilité** (Ioannidis, 2005). Cette dernière résulte pour une part de l'affaiblissement des bonnes pratiques admises dans les sciences concernées (Harris et al., 2014), mais aussi de l'émergence de l'informatique et du Big Data qui impliquent l'utilisation de jeux de données souvent complexes et d'outils d'analyse évoluant à un rythme effréné par des opérateurs encore trop rarement rompus aux bonnes pratiques de la reproductibilité.

Ce document propose de présenter ces bonnes pratiques et quelques outils de base essentiels à la reproductibilité d'un travail de recherche reposant sur l'utilisation d'outils bioinformatiques. **Le langage de programmation R sera notre fil conducteur.**

Ces bonnes pratiques se déclinent en 4 axes principaux :

- **L'architecture du projet** : Elle correspond à la manière d'organiser son répertoire de travail, qui doit être efficace (chemins d'accès simplifiés, noms de fichiers facilement intelligibles) et normée, en satisfaisant à la convention du **Research compendium**.
- **La mise en oeuvre du projet** : Aussi étonnant que cela puisse paraître, un simple clic dans une interface n'est pas reproductible ! Il est donc impératif de privilégier l'interaction en **ligne de commande** avec sa machine, quand bien même cela demande un long et difficile apprentissage. De plus, l'utilisation et la génération de *scripts* doit se faire selon certaines règles. De même que l'enchaînement des actions réalisées sur les données (**workflow**) doit être automatisé pour éviter toute erreur/variation due à l'opérateur. Enfin, il est important de garder à l'esprit que toute action réalisée sur un ordinateur, qu'il s'agisse d'une opération en ligne de commande ou de l'utilisation d'une interface clic-bouton donnera un résultat intimement lié à l'**environnement système**, qu'il faut donc prendre en compte.

Pour tout cela, deux principaux packages R sont à connaître : *targets* et *renv*

- **Le suivi du projet** : De même qu'au laboratoire toute modification d'un protocole doit être discutée avec ses collègues, validée collectivement et notifiée dans le cahier de laboratoire, de même tout

changement opéré au sein d'un workflow doit être discuté, validé, recensé ET réversible. Pour cela, des outils de **suivi de version (versioning)** existent, qui devraient être systématiquement utilisés.

*Git* (en local) et *Github* (en distancié) sont les outils de versioning les plus communément utilisés par la communauté.

- **Le partage du projet** : Le partage du projet doit se faire à l'aide d'outils limitant l'intégration manuelle d'objets divers au sein du manuscrit (rapport, thèse, article, etc.) dans le but, toujours, de réduire au maximum le risque d'erreur individuelle. Ces outils reposent sur le principe de **programmation lettrée (literate programming)**, qui consiste en l'intégration de balises au sein même du texte, dont le rendu visuel n'est accessible qu'après exportation du document au format pdf (ou word, html, LaTeX, etc.).

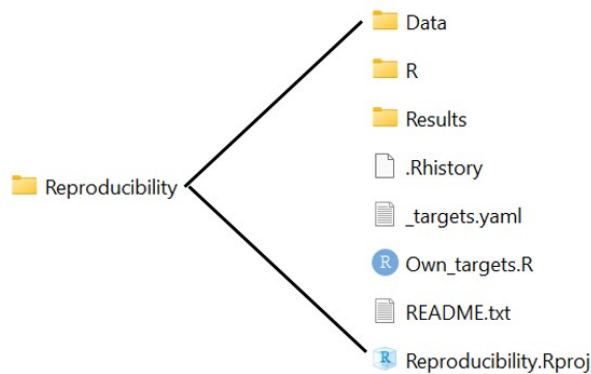
Sur Rstudio, l'outil de référence est *Rmarkdown*.

## 1. L'architecture du projet

L'architecture du projet doit répondre aux normes du **Research compendium** (Gentleman & Lang, 2012). Ce dernier est un ensemble de règles simples à suivre pour organiser de manière **standardisée** et efficace l'ensemble numérique de votre projet de recherche. En adoptant cette convention, n'importe quelle personne familière du **Research compendium** sera en mesure d'appréhender rapidement le projet, de l'élargir, de le diffuser, de le reproduire. Le **Research compendium** constitue ainsi l'architecture de base d'un projet reproductible !

### 1.1 La structure fondamentale

L'ensemble des éléments numériques d'un projet de recherche doivent être contenus dans un unique répertoire de travail, ici *Reproducibility*. Ils doivent en revanche être clairement séparés au sein du répertoire de travail.







Les éléments minimums devant être présents dans le répertoire de travail de votre projet sont :

- **Data** :

Ce dossier ne doit contenir que les **données brutes** du projet, programmées de préférence en **lecture seules**. Puisque tout le projet repose sur ces données, elles ne doivent jamais être manipulées ! Par ailleurs, les données nettoyées doivent déjà être considérées comme des résultats. Elles ne doivent donc pas se trouver dans ce dossier.

- **R :**

Ce dossier contient les **scripts du projet**. Ces scripts contiennent les actions réalisées sur les données. Il est préférable de se limiter à des scripts courts correspondant à des actions bien précises (nettoyage, analyse statistique, représentation graphique). Il est important que chaque script soit facilement compréhensible par chacun. Pour cela, il est pertinent de nommer le script avec le nom de la fonction qu'il contient et de les numéroter par ordre d'utilisation. On visualise ainsi facilement l'ensemble du workflow.

-  01\_Load\_gasar.R
-  02\_Res\_gasar.R
-  03\_Plot\_length\_gasar.R
-  04\_AnovaTest\_gasar.R

Pour en faciliter encore la compréhension, il est aussi conseillé d'attribuer un en-tête standardisé à chaque script. Il n'y a pas de norme établie, il faut simplement que cet en-tête permette de comprendre rapidement à quel projet appartient le script, quel est son rôle au sein du projet et, éventuellement, de contacter son auteur.

```
#####  
# NOM_DU_PROJET  
# NOM_DU_SCRIPT  
# OBJECTIF DU SCRIPT  
# CONTACT  
#####
```

- **Results**

Ce dossier contient l'ensemble des résultats : données nettoyées, graphiques, résultats statistiques, etc. Les résultats doivent *a minima* porter le nom du script les ayant produits. Si plusieurs résultats sont émis pour un même script, ils doivent alors être rangées dans des dossiers portant le nom de leur script parent.

Contrairement au dossier **Data** dont le contenu est sacré, et au dossier **R** qui doit faire l'objet d'un suivi particulier, le contenu de **Results** n'a aucune valeur dans la mesure où il peut être reproduit à l'identique et *ad libitum*. Il ne faut donc pas avoir peur de manipuler ses résultats, les effacer, les déplacer, etc.

- **R\_project**

Tout projet de recherche qui se respecte, s'il utilise R comme langage de programmation pour ses analyses, doit être réalisé dans le cadre d'un **R\_project**. Situé à la base du répertoire de travail, le **R\_project** associé à votre projet est ce qui vous permet d'utiliser des **chemins d'accès relatifs** pour l'ensemble des fichiers contenus dans votre répertoire de travail. Ainsi en diffusant votre projet avec le fichier *.Rproj* associé, il ne sera jamais nécessaire de toucher aux chemins d'accès utilisés dans les scripts.

Si vous ne travaillez pas déjà de manière systématique au sein de **R\_projects**, il est grand temps de s'y mettre ! Un tutoriel pour créer des **R\_projects** est accessible [ici](#). Ainsi, vous n'aurez plus jamais besoin de spécifier votre environnement de travail à l'aide de la fonction `setwd()`, qui utilise des chemins d'accès absolus valables uniquement sur votre ordinateur.

## 1.2 Les éléments supplémentaires

Quelques éléments peuvent être ajoutés au répertoire de travail qui, s'ils ne sont pas obligatoires sont quand même les bienvenus.

- **README.txt**

Le fichier **README** est un fichier qui a pour vocation d'expliquer le projet. C'est généralement le premier fichier qu'on ouvre lorsqu'on découvre un projet. On peut y faire mention de toutes les choses pertinentes à savoir pour comprendre l'origine, le contexte, l'objectif et les modalités de réalisation d'un projet.

Le fichier **README** est aussi le bon endroit pour lister l'ensemble des informations système propres au projet : le système d'exploitation, la version de R, les packages et les versions de package utilisés, etc.

- **Docs**

Un dossier **Docs** peut éventuellement venir compléter le répertoire de travail en contenant par exemple la documentation associée aux packages spécifiques utilisés.

## 2. La mise en oeuvre du projet - le package *targets*

*targets* est un package servant à la gestion de **workflow**. Il sera votre allié idéal pour organiser votre projet, le faire évoluer, mais aussi avoir un oeil sur **l'architecture du projet** - très pratique lorsque le projet contient de multiples jeux de données, de nombreux scripts et énormément de résultats et que ces derniers sont en plus interdépendants ! - et visualiser le degré d'actualisation de vos différents objets.

Pour comprendre comment fonctionne *targets*, rien de tel qu'un exemple concret !

---

**A noter qu'il est recommandé d'écrire ses scripts sous forme de fonction. Cela permet (i) de limiter le nombre d'objets créés lorsque les scripts tournent et (ii) de simplifier au maximum l'utilisation du script de gestion *targets***

---

Pour cet exemple, nous utiliserons le jeu de données **Allo.csv** disponible ici. Ce jeu de données contient les mesures allométriques de deux espèces de bivalves *Crassostrea gasar* et *Anadara senilis* provenant de différentes stations d'échantillonnage dans le delta de Sine Saloum, au Sénégal.

Pour ce projet, nous souhaitons réaliser une comparaison succincte de la longueur des coquilles de *C. gasar* en fonction de la station d'échantillonnage. Pour cela, nous voulons d'abord :

- (i) charger le jeu de données et ne conserver que celles correspondant à *C.gasar* ;
- (ii) établir les statistiques descriptives pour chaque station ;
- (iii) représenter graphiquement les données ;
- (iv) réaliser un test de comparaison multiple (ANOVA)

Ces quatre étapes correspondent aux quatre fonctions ci-dessous:

```
#-----
load_gasar <- function(file){
  read_table(file=file, locale = locale(decimal_mark = ",")) %>%
    data.frame() %>%
    filter(Espece == "Crassostrea_gasar")
}
```

```

#-----

#-----
Res_gasar <- function(data) {
  data %>%
    group_by(Station, Lot) %>%
    summarise(length=mean(Longueurs) )
}
#-----

#-----
Plot_length <- function(Resume){
  ggplot(data = Resume, aes(x=Station, y=length, color=Lot)) +
    geom_point()
}
#-----

#-----
AnovaTest_gasar <- function(data, a, b){
  library(tibble)
  library(dplyr)
  library(car)
  Obj <- aov(a ~ b, data=data)
  Shap <- shapiro.test(Obj$residuals)
  if(Shap["p.value"] > 0.05){
    Lev <- leveneTest(Obj$residuals, data$Station)
  } else(return("No residual normality"))
  if(Lev["group","Pr(>F)"] > 0.05){
    Res <- anova(Obj)
  } else(return(paste0("No homoscedasticity, p-value = ", (Lev["group","Pr(>F)"]))))
  if(Res["b", "Pr(>F)"] < 0.05){
    Post <- TukeyHSD(Obj)
    return(list(data.frame(Post$b) %>%
      rownames_to_column(var="b") %>%
      filter(p.adj<0.05),Res["b", "Pr(>F)"])))
  } else (return("null"))
}
#-----

```

Le projet étant très simple (seulement 4 fonctions), il est possible de tout enregistrer dans un seul script que vous appellerez *FONCTIONS.R* afin de simplifier les choses. Mais dans un projet plus conséquent il est recommandé de **correctement séparer les fonctions en différents scripts**.

Maintenant que votre script est prêt et correctement enregistré dans le dossier **R** de votre projet, vous allez pouvoir utiliser le package *targets*.

Placez-vous à la racine de votre projet et créez le document `__targets.yalm` contenant ceci:

```

Own:
  script: Own_targets.R
  store: Results/Own

```

Ensuite, si ce n'est pas déjà fait, vous devez installer et charger le package *targets*. Vous pouvez maintenant commencer à utiliser *targets* en utilisant, toujours dans votre console, la fonction :

```
use_targets(script = "Own_targets.R")
```

Cette fonction crée le script suivant que vous avez nommé du nom de votre projet, ici *Own\_targets.R*. **Enregistrez-le à la racine de votre projet**. Ce script est le **tableau de bord de votre workflow**. C'est toujours par lui que vous lancerez votre workflow après avoir édité vos scripts existants ou en avoir créé de nouveaux.

Voyons maintenant comment il fonctionne.

- Avant tout, je vous conseille de **nettoyer l'espace de travail**:

```
rm(list=ls())
```

- Il faut ensuite **charger l'ensemble des packages nécessaires à la réalisation du workflow**. Dans ce cas, ils sont assez peu nombreux:

```
tar_option_set(  
  packages = c("readr", "dplyr", "ggplot2", "tibble", "car")
```

- Il faut maintenant **charger tous les scripts du workflow** (dans le bon ordre !). Ici, nous avons regroupé toutes nos fonctions en un seul script ce qui simplifie l'affaire:

```
tar_source("R/FUNCTIONS.R")
```

- C'est ici la partie délicate : vous devez lister de manière exhaustive et sans erreur l'ensemble des fonctions du *workflow* leurs arguments et leur *output*. La fonction pour le faire se résume ainsi : *tar\_target(OUTPUT, FONCTION(ARGUMENT))*

```
list(  
  tar_target(file, "Data/Allo.csv", format="file"),  
  tar_target(data, load_gasar(file)),  
  tar_target(Resume, Res_gasar(data)),  
  tar_target(Plot, Plot_length(Resume)),  
  tar_target(Anova_gasar_Length_Station, AnovaTest_gasar(data, data$Longueurs, data$Station)))
```

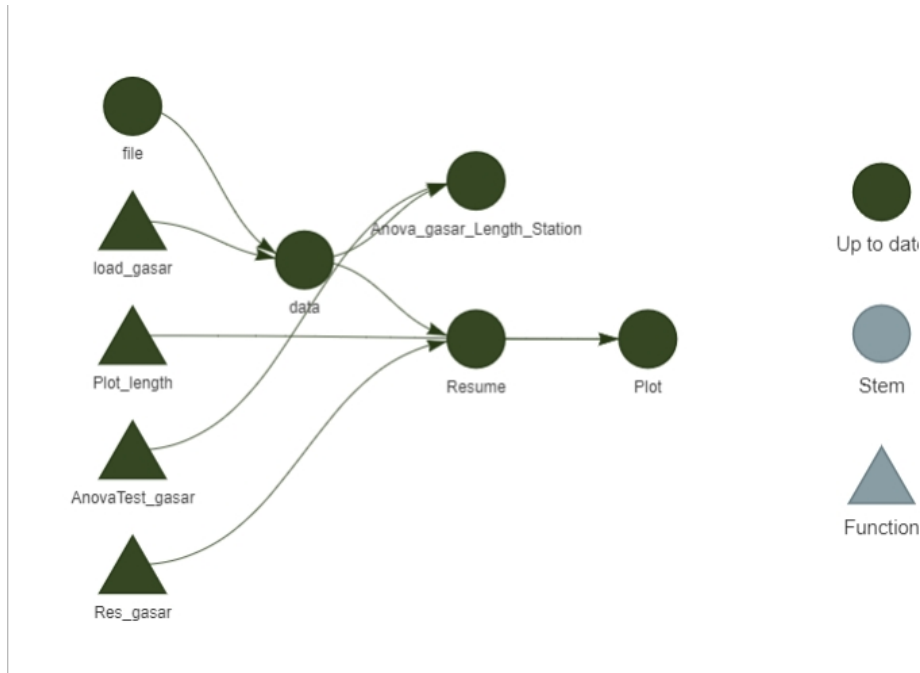
Voilà, votre projet est maintenant prêt à être géré par *targets* ! Ce script ne doit rien contenir d'autre que les éléments déjà présents. Vous pourrez évidemment le mettre à jour en ajoutant de nouveaux packages, de nouveaux scripts et de nouvelles *targets* à mesure que vous avancez dans votre projet.

Plusieurs fonctions de base que vous devez utiliser dans votre console vous permettent d'interagir avec votre workflow:

```
Sys.setenv(TAR_PROJECT = "Own") # Pour spécifier à target que vous vous trouvez dans la partie  
# "Own" de votre projet  
tar_manifest(fields = command) # Pour vous assurer qu'il n'y a pas d'erreur dans  
# le listing des targets  
tar_visnetwork() # Pour visualiser l'architecture du projet  
tar_make() # Pour faire tourner le workflow  
tar_read() # Pour afficher les résultats du workflow
```

La fonction `tar_visnetwork()` est particulièrement pratique puisqu'elle vous permet d'afficher l'ensemble de votre projet et d'en percevoir ainsi l'architecture, les dépendances entre les objets et leur niveau d'actualisation.

Dans le cas de cet exemple, la figure produite est la suivante:



Par ailleurs, la fonction `Sys.setenv()` est à utiliser surtout lorsque votre répertoire de travail contient plusieurs sous projets. L'argument qu'on lui indique renvoie au contenu du fichier `__PROJECT.yalm` dans lequel sont listés tous les sous projets du répertoire et qui définit les dossiers dans lesquels ranger les *outputs* associés.

### 3. La reproductibilité de l'environnement de travail - le package *renv*

L'intérêt de *renv* pour la gestion et la reproductibilité de vos projets de recherche est triple :

- (i) *renv* permet d'**isoler** chaque projet en lui fournissant sa propre **librairie de packages**. Ainsi, en installant de nouveaux packages ou en mettant à jour des packages existants dans le cadre d'un projet, vous n'impacterez pas les autres projets utilisant éventuellement les versions antérieures.
- (ii) *renv* facilite le **transport** des projets entre ordinateurs en automatisant l'installation des packages et de leurs versions dont dépend le projet.
- (iii) *renv* améliore la **reproductibilité** du projet en assurant l'utilisation constante d'une même librairie de packages quel que soit l'utilisation, l'ordinateur et l'époque d'utilisation.

**Point sémantique :** Le terme “librairie” désigne ici un dossier contenant l'ensemble des *packages* utilisés. Habituellement, avec la fonction `library()`, on charge les packages depuis une **librairie système** partagée par tous les projets R. Avec *renv*, ce sont des librairies spécifiques qui sont créées pour chaque projet.

Une fois le package installé grâce à la fonction `install.packages("renv")`, vous pouvez convertir votre projet par la fonction suivante `renv::init()`. Ce-faisant, trois nouvelles entités sont créées à la racine de votre projet:



- La **librairie du projet** : *renv/library*. Ici seront stockés tous les packages du projet.
- Le **fichier verrou** : *renv.lock*. Ce fichier contient toutes les métadonnées nécessaires pour pouvoir réinstaller tous les packages sur n'importe quel nouvel ordinateur.
- Le **R profile** : *.Rprofile*. Ce fichier est utilisé par *renv* pour configurer chaque nouvelle session de R de sorte qu'il soit possible d'utiliser la librairie du projet.

Au cours de l'élaboration de votre projet, vous serez très probablement amenés à charger, installer, mettre à jour différents packages. Pour que *renv* mette correctement à jour le fichier *renv.lock*, il suffit de faire tourner la fonction `renv::snapshot()`.

Enfin, la fonction `renv::restore()` permet, lorsque vous partagez votre projet avec une tierce personne de réinstaller automatiquement l'ensemble de la librairie projet sur son ordinateur à partir des métadonnées de *renv.lock*.

Ici sont les trois fonctions `init()`, `snapshot()`, `restore()` qui permettent une utilisation basique du package *renv* pour améliorer la reproductibilité de votre projet. Pour une utilisation avancée, vous trouverez toutes les informations nécessaires ici.

## 4. Le suivi du projet - Git et Github

### 4.1 De quoi parle-t-on ?

**Git** est un système de **contrôle de version**, pensé initialement pour faciliter le **travail collaboratif** pour les développeurs travaillant sur des projets de grande taille et complexes. Ainsi, Git permet de gérer l'évolution d'un ensemble de documents au sein d'un projet - **repository** dans le jargon.

**Attention:** **Git** peut être difficile à appréhender. Ce système est tout sauf intuitif... Si vous ne travaillez pas en *mode collaboratif* sur votre projet, il y a d'autres manières plus accessibles d'assurer un suivi de version en local. Autrement dit, vous immerger dans l'univers du Git n'a de sens que si vous vous destinez à travailler sur un projet avec d'autres collègues qui seront amenés à intervenir sur les scripts, les manuscrits et les autres objets dudit projet (ce qui est, en fait, le cas de la presque totalité des chercheurs !). Et dans ce cas, ce n'est pas seulement de Git dont vous aurez besoin mais de sa version *délocalisée* appelée **serveur distant**. Il en existe un certain nombre mais la plus généralement utilisée est **Github**.

Dans cette partie, vous allez apprendre à **utiliser Rstudio en contrôle de version à l'aide de Git et Github**. Il faut pour cela avoir installé R et Rstudio sur votre ordinateur, ainsi qu'avoir créé un compte gratuit sur **Github**.

---

Cette partie consiste essentiellement en une synthèse de l'excellent *Happy Git and Github for the useR*. L'objectif est de vous fournir un guide **simple et clair** pour vous permettre de débiter avec Git et Github. Mais comme tout ce qui est simple, ce n'est pas complet. Pour approfondir votre découverte du *versioning*, n'hésitez pas à consulter *Happy Git and Github for the useR*.

---

### 4.2 Installation de Git

Il y a différentes procédures d'installation de Git mais toutes ne se valent pas.

- Sur une machine **windows**, il est recommandé de suivre cette **procédure**, qui installe automatiquement le **Git bash** ainsi qu'un ensemble d'autres outils nécessaires. Par ailleurs, cette procédure place le fichier exécutable dans un dossier conventionnel qui en facilite l'utilisation par Rstudio.

- Sur une machine **MacOS**, la meilleure façon de faire est d'aller directement dans le shell et de taper ces deux commandes :

```
git --version
git config
```

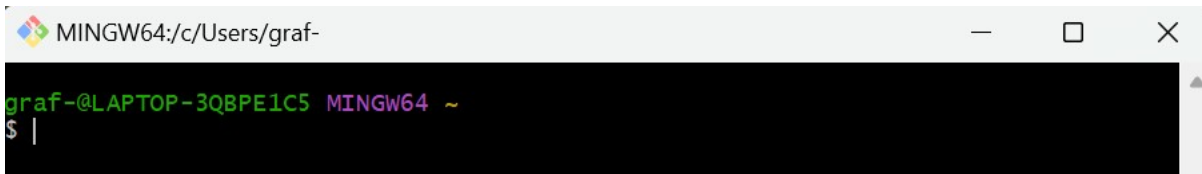
Un *pop-up* devrait alors proposer une installation, qu'il faut accepter !

## 4.3 Configuration de Git

Avant de passer par R, il est important de se familiariser avec les commandes de base de Git. Pour cela, il faut ouvrir l'application **Git bash**, accessible depuis le menu "Rechercher" de votre ordinateur.

Une fois ouverte, cette application n'est rien d'autre qu'un **shell**, une interface utilisateur permettant de recevoir des commandes émises en langage informatique et de les transmettre à un **programme**, ici Git. Et comme son nom l'indique, ce shell comprend préférentiellement le langage **bash**. Une liste assez complète des commandes bash élémentaires est disponible **ici**.

Voici à quoi ressemble votre interface, le dollar symbolise le début de votre ligne de commande :



A partir de là, il est possible de naviguer dans votre machine et de réaliser un ensemble d'actions basiques :

```
cd PATH           # Naviguer jusqu'à un répertoire choisi;
ls -l             # Afficher le contenu du répertoire;
touch NAME        # Créer un nouveau fichier;
rm NAME           # Effacer un fichier;
mkdir NAME        # Créer un nouveau dossier;
rm -r NAME        # Effacer un dossier
```

Une fois que vous maîtrisez ces quelques fonctions, il est temps de **programmer** votre Git !

Avec Git, la syntaxe est toujours la même **Git COMMANDE --ARGUMENT**, pour la configuration nous utiliserons **git config**:

```
git config --global user.name "votre nom"
git config --global user.email "votre email"
git config --global core.editor "emacs" #Ou tout autre éditeur de votre choix
git config --global init.defaultBranch "master" #Nom de la branche principale de vos projets
```

De nombreuses autres options de configuration sont disponibles que vous devrez découvrir par vous-même, par exemple **ici**. Pour voir l'ensemble de vos options :

```
git config --global --list
```

## 4.4 Connecter Git et Github

Maintenant que Git vous connaît, il faut lui présenter votre Github ! Là encore plusieurs façons de faire existent, c'est la plus simple qui vous est présentée ici.

Il faut d'abord générer un **PAT** (*Personal Access Token*). Le PAT est une sorte de mot de passe qui atteste de notre appartenance au Git et définit ce que vous pouvez ou ne pouvez pas faire.

Deux manières de générer un **PAT**:

- Directement *via* Github, une fois connectés, cliquez sur *settings>Developer settings>Personal access tokens>Generate new token*
- Sur Rstudio, installez le package *usethis* et utilisez la fonction `usethis::create_github_token()`. Cela ouvre un *pop-up* vous permettant de (i) **décrire** le PAT (à quoi est-il destiné), (ii) **définir une date d'expiration** (recommandé par Github) et (iii) **définir le scope** du PAT. Une fois ces paramètres renseignés, cliquez sur *Generate token*.

**AVANT DE FERMER LA FENÊTRE** assurez-vous de **copier** correctement le **PAT** car une fois la fenêtre fermée vous ne pourrez plus y avoir accès ! Un bon moyen de **copier le PAT** dans un endroit sûr, facilement accessible pour Rstudio, Git et Github est d'utiliser la fonction `usethis::gitcreds_set()`. R vous demandera alors de renseigner votre PAT pour le stocker en lieu sûr:

```
gitcreds::gitcreds_set()

? Enter password or token: ghp_XXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXXX
-> Adding new credentials...
-> Removing credentials from cache...
-> Done.
```

**Remarque :** Puisque la validité d'un PAT est temporaire, il vous faudra recommencer cette procédure régulièrement. Ce n'est pas forcément pratique mais c'est une question de sécurité !

C'est bon, vous pouvez maintenant connecter votre Git à Github !

- Dans Github, cliquez sur le gros bouton vert *new* à côté de **repositories**. Remplissez les champs nécessaires et laissez les paramètres par défaut. De préférence, donnez à votre repository le même nom que le projet local que vous voulez mettre en partage sur Github, par exemple le projet *Reproducibility*, puis cliquez sur *Create repository*.
- Dans l'encart *Quick setup* copiez l'**URL HTTPS**
- Dans le Git bash, placez-vous dans le dossier *Reproducibility*, racine du projet qui contient l'ensemble du R\_project avec son gestionnaire *targets* et sa librairie propre *renv*.
- Activer le suivi de version :

```
git init
```

- Signifier à Git de prendre en compte les fichiers présents dans le dossier (sauf les données brutes qui sont un trésor inviolable) :

```
git add NomDeFichier #Pour le faire individuellement

# Sinon :
git add --all #Pour intégrer tous les fichiers/dossiers dans le suivi de version puis
git rm -r --cached Data/ #Pour retirer le dossier contenant les données brutes du suivi.
```

- Réaliser le premier commit (on en reparle juste après) :

```
git commit -m "First commit"
```

- Faites tourner la fonction suivante avec l'URL HTTPS que vous avez copiée :

```
git remote add origin https://github.com/YOUR-USERNAME/YOUR-REPOSITORY.git
```

- Votre Github repository est maintenant connecté à votre projet local mais il est vide. Pour transférer l'ensemble de votre projet sur le *repository* github :

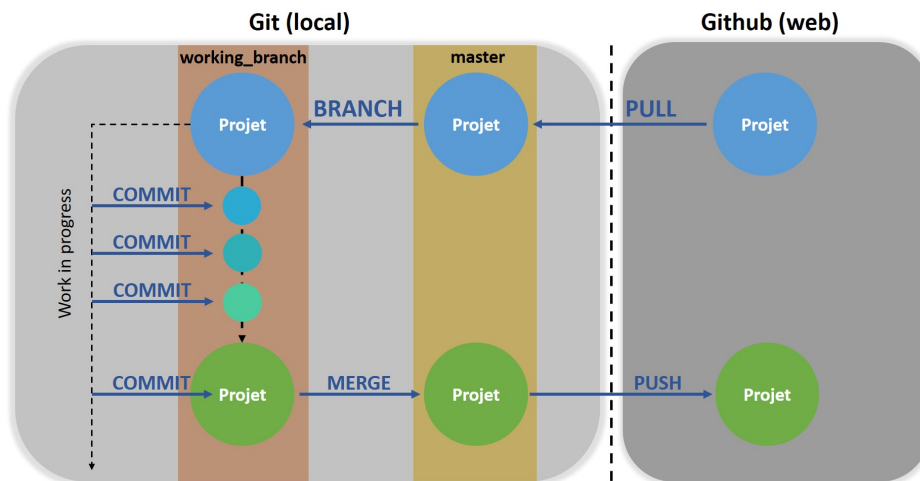
```
git push --set-upstream origin master
```

En rafraichissant la page de Github, vous devriez voir apparaître l'ensemble de votre projet. Il faut dorénavant considérer que la **localisation première** (la seule qui doit être systématiquement à jour) de votre projet n'est plus votre ordinateur mais votre **repository Github**. L'ordinateur n'est plus qu'un moyen d'agir sur les composants de votre projet.

**Remarque :** Avec `Git clone URL HTTPS` vous pouvez faire l'inverse, à savoir importer un *repository* depuis Github vers votre propre ordinateur.

## 4.5 Exemple d'utilisation en routine

Vous devez maintenant connaître l'architecture de base de Git et Github ainsi que les fonctions associées à certaines actions pour commencer à utiliser cet outil correctement. Une routine d'utilisation basique de Git et Github est synthétisée dans le schéma suivant :




En considérant toujours que **la dernière version de votre projet se trouve sur Github**, il faut, au début de votre journée de travail, vous rendre en local à la racine du répertoire de votre projet *via* le **git bash** : `cd PATH`. Une fois localisé au bon endroit, utilisez la commande `git pull` de manière à rapatrier la dernière version du projet sur votre machine. Ce faisant, vous avez maintenant votre projet *up-to-date* dans la branche *master* de votre git.

Pour travailler sereinement sur le projet, je vous conseille de créer immédiatement une branche parallèle en local, sur laquelle vous ferez toutes vos modifications avant de les réintégrer à la branche principale. Il est conseillé de toujours donner des **noms explicites** aux différentes branches que vous créerez ! Ici, par

exemple : `git branch working_branch`. Une fois votre branche créée, il faut vous placer sur celle-ci à l'aide de la fonction `git checkout working_branch`.

La branche sur laquelle vous vous trouvez est indiquée à la fin du chemin d'accès de votre localisation.

```
graf-@LAPTOP-3QBPE1C5 MINGW64 ~/Documents/Rstats/Projects/Reproducibility (working_branch)
$ |
```



A ce stade, vous vous trouvez sur une branche parallèle (*working\_branch*) qui contient la même version du projet que la branche principale (*master*). Vous pouvez commencer à travailler !

Par exemple, vous pouvez créer - si ce n'est pas déjà fait - le fichier README.txt à la racine de votre projet, ou le modifier s'il existe déjà. Cette modification n'existe que dans votre *working\_branch* mais elle n'est pas encore prise en compte par Git. Il faut pour cela faire deux choses :

- Signifier à Git de prendre en compte la création ou la modification du fichier : `git add NomDuFichier` ou bien `git add --all` dans le cas où plusieurs actions sont à prendre en compte en même temps (création d'un fichier, modification d'un autre, etc.) ;
- Dire à Git de capturer ces modifications. On parle alors de **commit** qui est une sorte de capture d'écran, d'enregistrement de l'état actuel du projet. Un commit requiert un commentaire de sorte qu'il vous sera ultérieurement possible de savoir explicitement à quel ajout/modification du projet correspond chaque commit. Pour que le message du commit soit le plus précis possible, il vaut mieux *commiter* chaque objet indépendamment, ou des ensembles cohérents d'objets. La fonction est la suivante : `git commit FileName -m "Votre message"`.

**Remarque :** Si vous êtes un peu perdus, vous pouvez demander à Git le status des différents objets du projet : sont-ils tous pris en compte ? combien d'actions doivent être *committées* ? Il suffit de taper : `git status`.

Ainsi, après chaque commit, c'est une nouvelle version du projet qui est enregistrée sur votre branche. Ce n'est pas la peine de *commiter* à chaque modification apportée. Il est conseillé de le faire à des moments stratégiques, lorsqu'une modification significative a été apportée au projet : la rédaction d'un nouveau script, l'ajout de nouvelles données, la production d'un nouveau résultat... En réalisant plusieurs commits au cours de votre journée de travail, le projet se modifie en conservant la trace de chaque étape clé : les versions du projet, qui fonctionnent comme les cailloux laissés derrière lui par le Petit Poucet. C'est là tout l'intérêt du *versionning*, en cas de problème, d'erreur ou d'impasse, il vous est possible de revenir au commit précédent en un claquement de doigt : `git reset HEAD^` !

A la fin de votre session de travail, le moment est venu de renvoyer la dernière version de votre projet vers Github pour qu'elle soit accessible par chacun et partout. Au moins deux possibilités s'offrent à vous : (i) Vous êtes satisfaits du travail accompli, vous être sûr de vos modifications et personne d'autre que vous ne doit les valider ou (ii) Vous devez rendre vos modifications accessibles à un collègue avant de les intégrer pleinement au projet.

Dans le premier cas, il vous faut réintégrer la dernière version de votre projet sur votre branche principale en local. Pour cela, rendez-vous sur votre branche *master* : `git checkout master`, puis fusionnez le contenu de votre branche parallèle à la branche principale : `git merge working_branch`. Ca y est, la branche *master* contient la dernière version de votre projet, que vous pouvez renvoyer sur la *master* de Github par la fonction `git push`.

Dans le second cas, vous pouvez envoyer directement votre *working\_branch* vers Github avec la même fonction `git push`. En actualisant la page de github, vous verrez alors apparaître cette nouvelle branche qui pourra être consultée, modifiée ou fusionnée à la branche principale à tout moment.

**Remarque :** Grâce aux commits, vous pouvez vous déplacer à tout moment dans l'historique de votre projet ! En utilisant la fonction `git log`, vous accédez à l'historique de vos commits :

```

graf-@LAPTOP-3QBPE1C5 MINGW64 ~/Documents/Rstats/Projects/Reproducibility (master)
$ git log
commit 3946b70dd26d3b5971637c0daa5cc2b280a9f6ef
Author: Thomas Sol Dourdin <t.soldourdin@gmail.com>
Date: Thu Feb 20 10:35:15 2025 +0100

    next

commit 8d6b8aff3f19eb0c7eb94dd67dffc87bacd7eedb
Author: Thomas Sol Dourdin <t.soldourdin@gmail.com>
Date: Thu Feb 20 10:32:51 2025 +0100

    Section 3.5

commit 580c9627d1a35dc621407f8b5ef1988a68b0b31f
Author: Thomas Sol Dourdin <t.soldourdin@gmail.com>
Date: Thu Feb 20 09:58:53 2025 +0100

    3.5 utilisation en routine

```

Chaque commit est désigné par un numéro d'identification - le **hash** -, l'**auteur**, la **date de création** et le **message** que vous avez rédigé au moment du commit. Vous pouvez ainsi retrouver chaque version de votre projet et y retourner si besoin, **sans modifier ni supprimer les versions ultérieures** ! Cela grâce à la fonction `git checkout <HashDuCommit>`. Une fois dans le commit choisi, vous pouvez visionner l'état correspondant de votre projet, y faire des modifications et même créer une nouvelle branche à partir de ce commit pour entamer un travail parallèle à votre projet actuel, qu'il sera possible de fusionner par la suite.

Pour créer une branche à partir d'un commit précédent : `git switch -c <NewBranch>`.

L'utilisation de Git et Github peut être bien plus fine et complexe que la routine présentée ci-dessus. Si vous souhaitez en savoir plus sur les fonctions Git pour gagner en dextérité avec votre gestionnaire de versions, rendez-vous **ici** !

## 4.5 Connecter Rstudio à Git et Github

Pour les utilisateurs réguliers de Rstudio, il est possible de simplifier l'utilisation de Git et Github depuis votre IDE (et de s'affranchir un peu du shell Git bash). Il faut pour cela connecter Rstudio à Git et à Github !

Il y a des prérequis à la réalisation de cette connexion, que vous devez valider sans problème si vous avez suivi ce document dans l'ordre :

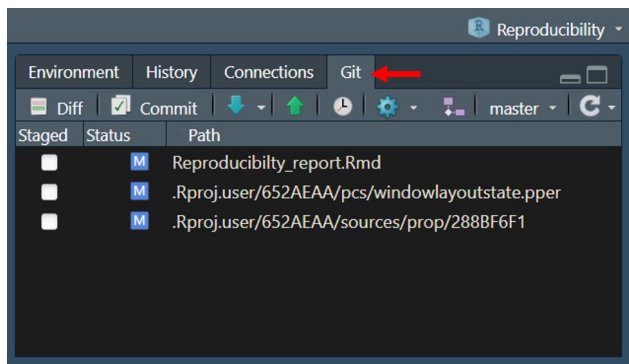
- Avoir un compte Github ;
- Avoir installé une version récente de R et Rstudio ;
- Etre initié au fonctionnement de Git ;
- Avoir une connexion fonctionnelle entre votre git (local) et votre compte Github.

Si vous n'avez pas redémarré RStudio depuis l'installation de Git, faites-le.

Il faut maintenant s'assurer que Rstudio localise correctement l'exécutable Git. Si vous avez installé Git en suivant les instructions de la **section 4.2**, cela doit fonctionner automatiquement.

Pour vous en assurer en cliquant sur *Tools > Global options... > Git/SVN*. Dans ce menu, vérifiez que le chemin d'accès vers l'exécutable Git est correcte. Ensuite, cochez la case *"Enable version control interface for Rstudio projects"* et cliquez sur *Apply* en bas de la fenêtre. Redémarrez Rstudio et ouvrez le projet *Reproducibility* qui fait déjà l'objet d'un suivi de version Git.

Vous devriez voir dans le panel en haut à droite un bouton *Git* vous permettant de **suivre les modifications** apportées au projet, de réaliser les **commits**, les **push/pull**, de créer de **nouvelles branches** et de naviguer entre elles !



L'utilisation en interface clic-bouton de git *via* Rstudio ne sera pas décrite dans ce document. Un bon tutoriel est disponible [ici](#).

## 5. Rendre compte de son travail

### 5.1 Introduction au Rmarkdown

Seul le partage écrit du projet sera ici abordé : articles, rapports, livres, etc.

Le commun des mortels utilise pour s'exprimer électroniquement pas écrit des logiciels tels que **Word**, **OpenOffice**, **LibreOffice**, etc. Ces logiciels de traitement de texte sont dits **WYSIWYG** : "What You See Is What You Get". L'avantage principal de ces logiciels est leur interface clic-bouton qui les rend généralement très intuitifs. Néanmoins, dès qu'il s'agit de programmer des documents un petit peu complexes présentant des mises en page spécifiques, intégrant des images, des tableaux, voire même du code, les logiciels **WYSIWYG** deviennent très laborieux.

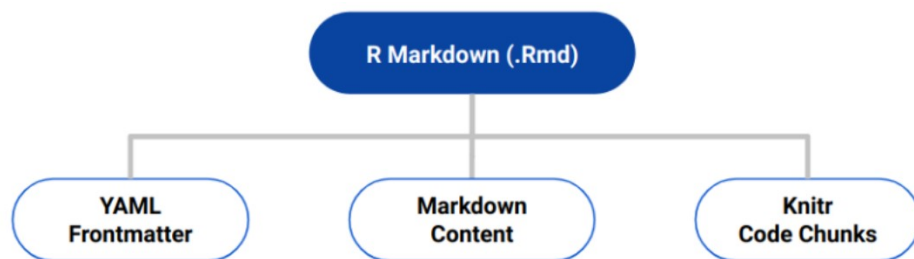
Heureusement, une alternative existe ! Ce sont les logiciels **WYSIWYM** : "What You See Is What You Mean". Ces logiciels se basent sur un **langage balisé** permettant de complètement détacher le fond de la forme. Certains langages balisés sont connus, comme **LateX** ou **HTML**. Le principe est simple : en intégrant *dans le texte* des balises signifiant une mise en forme particulière, l'opérateur ne se contente que du fond. La mise en forme est faite automatiquement par des compilateurs.

Le **WYSIWYM** utilisé avec R est **Rmarkdown**, une version adaptée du **Markdown** originel développé pour fournir un langage balisé d'une grande simplicité.

Les documents Rmarkdown sont dynamiques, c'est-à-dire qu'ils intègrent à la fois du texte (transmettre un message) et du code (réaliser des analyses et des figures).

### 5.2 Structure d'un document Rmarkdown

Un document Rmarkdown est composé de trois éléments principaux :



- L'en-tête :

Il se situe au début du document et est délimité par 3 tirets (—) :

```
---
title: "Reproductibilité"
author: "Tsoldour"
date: "`r Sys.Date()`"
output: pdf_document
toc: TRUE
---
```

L'en-tête contient par défaut les **métadonnées** du document : titre, auteur, date et output. Il est possible de renseigner de nombreuses autres informations pour **personnaliser le style** de votre document. Par exemple ici `toc: TRUE` active l'insertion d'une table des matières en début de document.

- **Le corps du document :**

Le corps du document est simplement le texte que vous allez pouvoir rédiger et personnaliser grâce à l'utilisation des **balises**.

```
Vous pouvez par exemple écrire en *italique* ou en **gras**.
Il est aussi possible de faire des listes à puce :
+ première puce ;
+ deuxième puce ;
+ troisième puce
Ou même d'insérer du code dans le texte : `usethis::create_github_token()`
```

Vous pouvez par exemple écrire en *italique* ou en **gras**.

Il est aussi possible de faire des listes à puce :

- première puce ;
- deuxième puce ;
- troisième puce

Ou même d'insérer du code dans le texte : `usethis::create_github_token()`

- **Le code actif :**

C'est là tout l'intérêt de Rmarkdown : il est possible d'insérer des **chunks**, qui sont des espaces de code R pouvant être utilisés pour réaliser des analyses et produire des figures directement dans le document.

---

Pour en savoir (beaucoup) plus sur le fonctionnement et l'utilisation de Rmarkdown, rendez-vous sur le **markdown guide** et sur le **Rmarkdown guide**.

---