

# Le cruncher et les packages {rjwsacruncher} et {JDCruncher}

Désaisonnalisation avec JDemetra+

Anna Smyk

# Sommaire I

① Cruncher

② Lancement avec R

③ Le bilan qualité avec {JDCruncher}

## Section 1

Cruncher

# Le cruncher (1/2)

Le Cruncher est un module exécutable additionnel, pas un package R. Il peut être lancé via R, SAS...

Objectif: mise à jour d'un workspace et export des résultats (séries et diagnostics), sans avoir à ouvrir l'interface graphique.

Très utile dans un processus de production

Quelques liens

- pour télécharger le cruncher <https://github.com/jdemetra/jwsacruncher/releases>  
Le cruncher est déjà installé sous AUS.
- l'aide associée au cruncher  
<https://github.com/jdemetra/jwsacruncher/wiki>

# Le cruncher (2/2)

Pour mettre à jour un workspace il faut :

- le cruncher
- un fichier de paramètres (cf utilisateurs SAS)
- un workspace valide (chemin vers les données)

L'utilisation d'un package R évite de faire un fichier de paramètres :

- **{rjwsacruncher}** (sur le CRAN) : Mise à jour du workspace et export des outputs
- **{JDCruncherR}** (sur le CRAN) : Créer un bilan qualité pour le workspace à partir des outputs

## Section 2

### Lancement avec R

# Installation et chargement des packages

Pour installer les packages :

```
install.packages("JDCruncher", "rjwsacruncher")
```

Pour charger les packages :

```
library("JDCruncher")  
library("rjwsacruncher")
```

# Cruncher avec {rjwsacruncher} (1/2)

Trois options à paramétrer:

- `default_matrix_item` (diagnostics à exporter)
- `default_tsmatrix_series` (séries temporelles à exporter)
- `cruncher_bin_directory` (chemin vers le cruncher).

Pour afficher les valeurs :

```
getOption("default_matrix_item")  
getOption("default_tsmatrix_series")  
getOption("cruncher_bin_directory")
```

Utiliser la fonction `options()` pour les modifier. Par exemple :

```
options(  
  default_matrix_item =  
    c(  
      "likelihood.aic", "likelihood.aicc",  
      "likelihood.bic", "likelihood.bicc"  
    ),  
  default_tsmatrix_series = c("sa", "sa_f"),
```



## Cruncher avec {rjwsacruncher} (2/2)

Une fois les trois options précédentes validées le plus simple est d'utiliser la fonction `cruncher_and_param()` :

```
cruncher_and_param() # lancement avec paramètres par défaut
```

```
cruncher_and_param(  
  workspace = "D:/Campagne_CVS/ipi.xml",  
  # Pour ne pas renommer les noms des dossiers exportés :  
  rename_multi_documents = FALSE,  
  policy = "lastoutliers"  
)
```

Pour voir l'aide associée à une fonction, utiliser `help()` ou `?` :

```
?cruncher_and_param  
help(cruncher_and_param)
```

## Section 3

# Le bilan qualité avec {JDCruncher}

# Bilan qualité avec {JDCruncher} (1/4)

Le package {JDCruncher} permet de calculer un bilan qualité à partir des diagnostics exportés depuis JDemetra+ ou via le cruncher (fichier demetra\_m.csv). Les trois principales fonctions sont :

- `extract_QR()` qui permet d'extraire le bilan qualité à partir du fichier csv contenant l'ensemble des diagnostics de JDemetra+ ;
- `compute_score()` pour calculer un score dans le bilan qualité ;
- `export_xlsx()` permet d'exporter le bilan qualité.

## Bilan qualité avec {JDCruncher} (2/4) : Exemple

```
# Sélectionner le fichier demetra_m.csv
# exporté à partir du cruncher
QR <- extract_QR()
QR

# Pour comprendre comment le score est calculé
?compute_score
QR <- compute_score(QR, n_contrib_score = 3)

QR

QR <- sort(QR, decreasing = TRUE, sort_variables = "score")
export_xlsx(QR, file_name = "U:/bilan_qualité.xls")
```

Si l'on a plusieurs workspaces (ou multi-documents) on peut “rassembler” les bilans qualité en les empilant avec la fonction `rbind()` ou en créant un objet `mQR` avec la fonction `mQR_matrix()`

## Bilan qualité avec {JDCruncher} (3/4) : Exemple

On peut aussi ne pas prendre en compte les valeurs manquantes et mettre des conditions sur les indicateurs :

```
# Poids de l'indicateur oos_mse réduit à 1 si les autres
# indicateurs valent "Bad" ou "Severe"
condition1 <- list(
  indicator = "oos_mse",
  conditions = c(
    "residuals_independency",
    "residuals_homoskedasticity",
    "residuals_normality"
  ),
  conditions_modalities = c("Bad", "Severe")
)
BQ <- compute_score(
  x = BQ,
  n_contrib_score = 5,
  conditional_indicator = list(condition1),
  na.rm = TRUE
```

## Bilan qualité avec {JDCruncher} (4/4) : Exemple

```
QR1 <- extract_QR()
QR2 <- extract_QR()

mQR <- mQR_matrix(Bilan_1 = QR1, Bilan_2 = QR2)

# On calcule le score pour tous les bilans
mQR <- compute_score(mQR, n_contrib_score = 3)
export_xlsx(mQR, export_dir = "U:/")
```