

Application {shiny} de correction de projets individuels utilisant R, RStudio, GitHub



Philippe Grosjean & Guyliann Engels

Service d'Écologie numérique
Université de Mons, Belgique
<guyliann.engels@umons.ac.be>

Rencontres R 2023, Avignon

Qui sommes-nous?

Philippe Grosjean

- Professeur
- Biologiste marin
- Développeur en R



Guyliann Engels

- Assistant
- Biologiste marin
- Utilisateur de R



Cours de sciences des données biologiques

<https://wp.sciviews.org/>

UMONS - Université de Mons



Science des données biologiques

Moodle

Discord

Github

E-mail

RStudio



Login with BioDataScience

Accueil

Contact

Contenu des cours

Science des données biologiques 1 (Bab2)

Science des données biologiques 2 (Bab3)

Science des données biologiques 3-5 (Ma1&2)

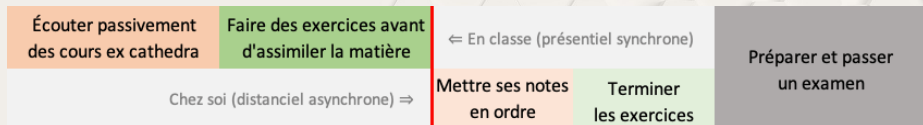
Bien débiter...



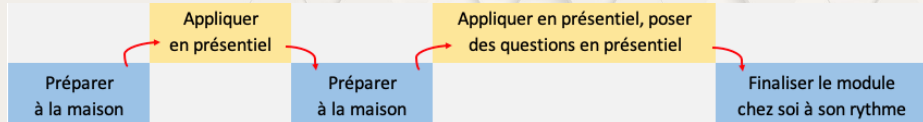
Méthode d'enseignement

On veut des étudiants **actifs**

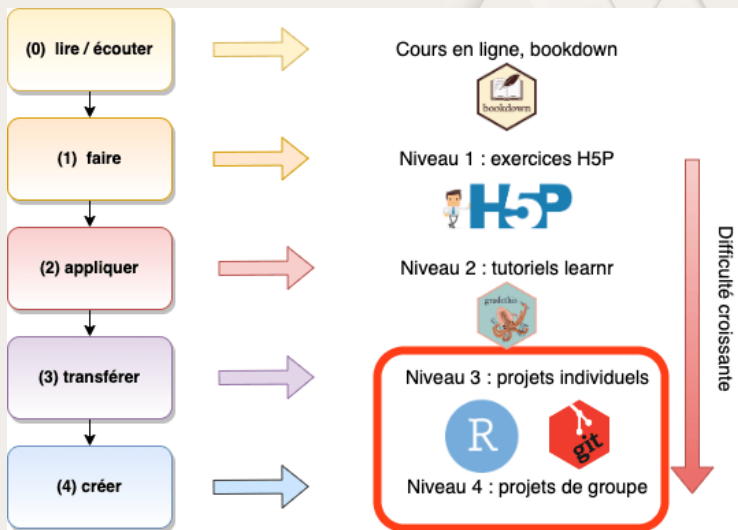
Cours classique *ex cathedra* + séances d'exercices



Approche en classe inversée



Quatre niveaux d'exercices



Gestion des projets

Projet RStudio hébergé sur github sous la forme d'un template :

https://github.com/BioDataScience-Course/A09Ia_ttest

Github Classroom permet à chaque étudiant de générer une copie dans notre organisation github du projet template.

The screenshot shows the GitHub interface for the repository `BioDataScience-Course / A09Ia_ttest`. The repository is a public template. The main navigation bar includes links for Code, Issues, Pull requests, Actions, Projects, Wiki, Security, Insights, and Settings. The repository structure is displayed as follows:

File/Folder	Description	Last Commit
R	Adaptation of import.R	3 months ago
bibliography	initialisation du projet	3 months ago
data	Adaptation of import.R	3 months ago
docs	Save objects	3 months ago
tests	Save objects	3 months ago
.gitignore	collection of several objects to automate the correction	3 months ago
A09Ia_ttest.Rproj	Create A09Ia_ttest.Rproj	3 months ago

The 'About' section states: "No description, website, or topics provided." The 'Releases' section states: "No releases published."

Structuration du document

```
<!--% Réalisez un graphique pertinent par rapport à ce
test afin d'illustrer la situation d'après l'indice de
performance de la photosynthèse pi_abs. -->
```

```
```${r plot2}
```

```
<!-- Calculez un tableau des descripteurs statistiques
pertinents par rapport à ce test (incluez médiane,
moyenne et écart type dans vos calculs). -->
```

```
```${r tab2}
```

```
<!--% Réalisez le test d'hypothèse, en prenant un seuil
alpha de 5%. -->
```

```
```${r test2a}
```

```
test2a <- ____
test2a
Ne modifiez pas ci-dessous
write$rds(test2a, here::here("tests", "test2a.rds"),
compress = "xz")
````
```

Un document R
Markdown contenu dans
un projet RStudio sur un
dépôt github :

[https://github.com/Bio
DataScience-
Course/A09Ia_ttest](https://github.com/BioDataScience-Course/A09Ia_ttest)

- des consignes sous la
forme de
commentaire
- des noms de chunks
ou des niveaux de
titres comme des
balises.

Comment corriger ces projets ?

Cas pratique : A09Ia_22M_ttest

- 50 projets
 - avec 1 document R Markdown
- 50 grilles de corrections
 - avec 26 critères (code R, interprétation de graphiques, ...)

```
Remarques générales sur le projet.
Réalisation d'au moins un commit dans seaweed.Rmd.
Compilation du document seaweed.Rmd.
YAML = Entête complet (title+author+date) dans seaweed.Rmd.
# Introduction = Introduction photosynthèse et stress thermique chez Fucus distichus.
@import = Importation de photosynthesis.csv.
@select1 = sélection Svalbard + 20°C + t0 & t60.
@pivot1 = remaniement du tableau avec pivot_wider().
## Variation de la capacité photosynthétique après 60 minutes dans une eau à 20°C = formulation des hypothèses.
@plot1 = Nuage de points t60 vs t0 avec bissectrice.
@tab1 = Tableau descriptif des données.
@test1a = t-test apparié t0 / t60.
+test1a = Interprétation du t-test apparié t0 / t60 + Normalité + test alternatif.
@test1b = Wilcoxon apparié t0 / t60.
+test1b = Interprétation du Wilcoxon apparié t0 / t60 + comparaison.
@select2 = sélection 20°C + t60.
+select2 = choix test et formulation des hypothèses.
@plot2 = graphique moyennes + barres d'erreurs / population.
@tab2 = Tableau descriptif du second sous-ensemble de données.
@test2a = Wilcoxon pi_abs ~ population.
+test2a = Interprétation Wilcoxon #2 + hypothèses t-test.
@test2b = t-test pi_abs ~ population.
+test2b = interprétation et comparaison au Wilcoxon.
@power2b = puissance du t-test.
+power2b = interprétation puissance du t-test.
Question bonus = calcul de taille nécessaire pour un effet significatif (+2 points max).
```

Total : 1300 critères : Il faut attribuer 1300 notes et commentaires

Notre solution : {learnitgrid} <https://github.com/SciViews/learnitgrid>

- `create_context()` : une liste contenant toutes les informations sur les projets à corriger
- `populate_table()` : regrouper toutes les informations dans un tableau pour réaliser la correction


=> Une application shiny permettant la correction en série.


Démonstration : {learnitgrid}


~/EcoNum/sdd-projects-pseudo/learnitgrid_phg_test.R - Shiny

http://127.0.0.1:7429 Open in Browser Publish

✓ Correction par critère

 A03IA_22M_DISTRIBUTIONS
Set: 2022-12-07

 TEMPLATE
A03Ia_distributions

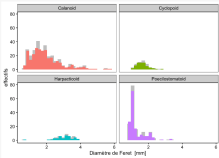
 EVALUATEUR
GuyliannEngels

Entrées pour un critère

@histo_fact = histogrammes multiples de la variable feret.

CSV Excel

Filtrer :

| Max | Score | Commentaire | Contenu | Graphique | Liens | Evaluateur | Étudiant/groupe |
|-----|-------|--|--|---|--|----------------|-----------------|
| 2 | | 1 Ce n'est pas le graphique demandé. Il manque encore quelques instructions. | <pre>chart(data=zoo_sub, ~ feret %fill=% cla ss class) + geom _histogram(fill= "g rey", bins=25) + yl ab("effectifs") + g eom_histogram(show. legend = FALSE)</pre> |  | template
repo
docs
html
Rmd (get it) | GuyliannEngels | id294 |
| 2 | | 1 Ce n'est pas le graphique demandé. Il manque encore quelques instructions. | <pre>chart(data = zoo_su b, ~ feret class) geom_histogram(sh ow.legend = FALSE, bins = 25) + ylab("Effectifs")</pre> | | template
repo
docs
html
Rmd (get it) | GuyliannEngels | id320 |

Avez-vous des questions ?

Ressources utiles

- Site web du cours : <https://wp.sciviews.org/>
- {learnitgrid} : <https://github.com/SciViews/learnitgrid>
- {learnitdown} : <https://www.sciviews.org/learnitdown/>
- Cette présentation : https://github.com/BioDataScience-Course/sdd_presentations/tree/master/2023_rencontresr_avignon

