

A02la_distributions

Private template

generated from [BioDataScience-Course/A03la_distributions](#)

1 Branch

1 Tag

Q

Go to file

About

Go to file

Code

GuyliannEngels

greater accurac...

70e3338 · 2 years ago

4 Commits

biblio

Initial com...

2 years ago

figu...

Initial com...

2 years ago

tests

version 20...

2 years ago

.Rb...

Initial com...

2 years ago

.giti...

first versio...

2 years ago

.zo...

greater ac...

2 years ago

.zo...

greater ac...

2 years ago

A02...

first versio...

2 years ago

DES...

first versio...

2 years ago

LIC...

first versio...

2 years ago

REA...

first versio...

2 years ago

zoo...

greater ac...

2 years ago

README

License

Graphiques de distributions

Avant-propos

Graphiques de distributions de variables

- Readme
- View license
- Activity
- Custom properties
- 0 stars
- 2 watching
- 0 forks
- Audit log

Releases 1

Version for academic year 20...

Latest

1 minute ago

Packages

No packages published

[Publish your first package](#)

Contributors 2

- GuyliannEngels

Guyliann Engels

phgrosjean

Philippe Grosjean

Languages

- R 70.0%
- Makefile 15.2%
- TeX 14.8%

Vous devez avoir assimilé l'ensemble des notions des deux premiers modules du cours de science des données biologiques 1 avant d'aborder ce projet. Il correspond au dépôt GitHub https://github.com/BioDataScience-Course/A02la_distributions.

Objectif

Ce projet est **individuel**, **court** et **cadré**. Il se focalise sur votre apprentissage dans l'analyse de la distribution d'une variable en réalisant différents types de graphiques :

- Histogramme
- Graphique de densité
- Diagramme en violon
- Graphique en lignes de crête

Consignes

Au sein du fichier

`zooplankton_notebook.qmd` , réalisez et décrivez les différents graphiques demandés.

Chaque variable du jeu de données

`zooplankton` du package `{data.io}` est explicitée dans la page d'aide. Vous y accédez avec la commande

`?zooplankton`



Assurez-vous à la fin que vous pouvez compiler une version HTML du fichier

`abalone_notebook.qmd` (bouton 'Rendu') sans erreurs. Sinon, corrigez-les avant la soumission finale. N'utilisez pas l'argument `echo=FALSE` dans vos chunks. Le code R qui génère les résultats doit rester visible dans la version HTML finale. Utilisez les outils de vérification mis à votre disposition (onglet 'Construire' -> bouton 'Construire tout').

Réalisez un commit, un pull et un push sur vos fichiers modifiés que vous avez indexés. Ne soyez pas avare de commit-pull-push. Vous pouvez en faire autant que vous voulez. Dès que vous avez franchi une étape importante, qu'un exercice est fini, qu'un fichier est édité, etc., faites un commit-pull-push.

Pour finir, vérifiez que votre dernier commit-pull-push est bien enregistré sur GitHub à la fin de l'exercice. **La seule version de votre projet que vos enseignants voient est celle dans GitHub. Votre travail local dans votre machine Saturn Cloud ne leur est pas accessible !** Pour accéder à votre projet, vous pouvez retrouver votre projet dans l'organisation GitHub

<https://github.com/BioDataScience-Course>.

Vous pouvez également utiliser l'instruction suivante dans votre console afin d'ouvrir directement votre dépôt sur GitHub dans votre navigateur web.

```
usethis::browse_github()
```



Une fois terminé, vous pouvez clôturer la session en cliquant sur le bouton orange tout en haut à droite de la fenêtre. Cela va refermer proprement votre machine Saturn Cloud. Dans la fenêtre Saturn Cloud, cliquez aussi sur le bouton Stop au niveau de votre ressource (prenez l'habitude de le faire toujours en fin de session... l'usage de vos machines virtuelles est facturé à l'heure).

Utilisation de l'IA

Dans le cadre de votre travail, vous avez le droit d'être aidé par l'intelligence artificielle. Le chatbot SciViews est disponible dans votre RStudio sur Saturn Cloud via l'addin Help. Il répond aux questions concernant le langage R, les statistiques et la science des données.