

Easy16S, une application web conviviale pour l'exploration statistique et la visualisation de données de séquençage métagénomique d'amplicons

➤ Résumé

Easy16S est une application web conviviale, permettant de facilement explorer, visualiser et analyser des données de séquençage métagénomique d'amplicons. Easy16S accepte des données aux formats BIOM, tabulé ou RData, qui auront été au préalable traitées avec des pipelines d'analyse bioinformatique de données de séquençage métagénomique d'amplicons, tels que FROGS ou DADA2.

Au sein de l'application, il est possible de sélectionner les échantillons d'intérêt, et de transformer numériquement les données (ex : normalisation des données). Entre autres, des barplots peuvent être générés ; des analyses multivariées peuvent être réalisées, avec un mapping dynamique des co-variables d'intérêt. Les scripts R et les graphiques peuvent être exportés pour utilisation en dehors de l'application. Easy16S est développée en R Shiny et repose principalement sur le package phyloseq.

Elle est hébergée par la plateforme bioinformatique INRAE MIGALE où elle est accessible librement et sans inscription : shiny.migale.inrae.fr/app/easy16S



Coordinateur Cédric MIDOUX

UR PROSE – INRAE, Centre de Jouy-en-Josas – Antony
[cedric.midoux\[at\]inrae.fr](mailto:cedric.midoux[at]inrae.fr)



Serveur Easy16S

Easy16S est actuellement accessible sur le serveur de la plateforme bioinformatique INRAE MIGALE
shiny.migale.inrae.fr/app/easy16S



Partenaires scientifiques et techniques

➤ **Plateforme bioinformatique MIGALE – UR MalAGE**

Mathématiques et Informatique Appliquées du Génome à l'Environnement
INRAE – Centre Île de France Jouy-en-Josas – Antony



UR 1461 PROSE

INRAE Centre Ile de France Jouy-en-Josas – Antony
1 rue Pierre-Gilles de Gennes
92761 Antony Cedex
www6.jouy.inrae.fr/prose/