

atlas-utils之对(Z)OTU表进行过滤：trim

一、atlas-utils trim介绍

功能描述：

`atlas-utils trim` 使用 (Z)OTU 相对丰度的和对(Z)OTU表进行过滤。

命令行接口：

```
1 $ atlas-utils trim
2
3 Usage: atlas-utils trim <otutab> <cutoff:2>
```

二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件： `zotu_table.txt`

```
1 $ cat zotu_table.txt | head -n 10
```

| | #OTU | ID | A-1 | A-2 | B-1 | B-2 | C-1 | C-2 |
|----|--------|-----|-----|------|------|------|------|-----|
| 2 | ZOTU_1 | 0 | 0 | 87 | 278 | 1829 | 3608 | |
| 3 | ZOTU_2 | 223 | 447 | 1268 | 1583 | 52 | 69 | |
| 4 | ZOTU_3 | 0 | 0 | 162 | 159 | 1116 | 2021 | |
| 5 | ZOTU_4 | 0 | 0 | 99 | 50 | 1250 | 2172 | |
| 6 | ZOTU_5 | 0 | 0 | 1 | 8 | 1216 | 2143 | |
| 7 | ZOTU_6 | 1 | 2 | 9 | 16 | 1155 | 1938 | |
| 8 | ZOTU_7 | 0 | 0 | 73 | 41 | 1044 | 1883 | |
| 9 | ZOTU_8 | 0 | 0 | 1353 | 1231 | 2 | 1 | |
| 10 | ZOTU_9 | 0 | 0 | 1172 | 1022 | 1 | 2 | |

运行命令：

过滤掉相对丰度之和小于3000的行。

```
1 $ atlas-utils trim zotu_table.txt 3000
```

| | #OTU | ID | A-1 | A-2 | B-1 | B-2 | C-1 | C-2 |
|---|--------|-----|-----|------|------|------|------|-----|
| 2 | ZOTU_1 | 0 | 0 | 87 | 278 | 1829 | 3608 | |
| 3 | ZOTU_2 | 223 | 447 | 1268 | 1583 | 52 | 69 | |
| 4 | ZOTU_3 | 0 | 0 | 162 | 159 | 1116 | 2021 | |
| 5 | ZOTU_4 | 0 | 0 | 99 | 50 | 1250 | 2172 | |
| 6 | ZOTU_5 | 0 | 0 | 1 | 8 | 1216 | 2143 | |
| 7 | ZOTU_6 | 1 | 2 | 9 | 16 | 1155 | 1938 | |
| 8 | ZOTU_7 | 0 | 0 | 73 | 41 | 1044 | 1883 | |

过滤掉相对丰度之和小于 3500 的行。

```
1 | $ atlas-utils trim zotu_table.txt 3500
```

```
1 | #OTU ID A-1      A-2      B-1      B-2      C-1      C-2
2 | ZOTU_1  0         0        87       278      1829     3608
3 | ZOTU_2  223        447      1268     1583     52       69
4 | ZOTU_4  0         0        99       50       1250     2172
```

本文材料为 **BASE (Biostack Applied bioinformatic SEies)** 课程 **Linux Command Line Tools for Life Scientists** 材料， 版权归 上海逻捷信息科技有限公司 所有。

Last Update: 2020-09-09 11:56 AM