

taxon-utils: taxon 数据操作工具

一、程序介绍

`taxon-utils` 为一组处理 `taxon` 信息的程序集合，主要使用 `klib` 进行开发，包括 `khash`, `kvect`, `kstring` 等。

二、主程序接口

当前释放版本: `version: 0.0.1-r1`

```
1 $ taxon-utils
2
3 Usage:  taxon-utils <command> <arguments>
4 Version: 0.0.1-r1
5
6 Command:
7     translate  translate the taxon_id map to lineage.
8     lineage    translate the taxon_id map to full lineage.
9     name       translate the taxon_id map to name.
10    lca        perform lca for given taxon match per query.
11    bin        bin reads for specify level. default: [species] .
12    clade      get clade taxon id from NCBI taxonomy tree.
13    filter     filter the entries with specified taxonIds.
14
15 Licenced:
16 (c) 2018-2020 - LEI ZHANG
17 Logic Informatics Co.,Ltd.
18 zhanglei@logicinformatics.com
```

三、主要子命令功能介绍

主要子命令功能介绍:

1. [translate](#) : 指定的特定节点或者节点列表, 使用构建的节点树文件, 回溯到根节点, 输出中间节点的路径。
2. [lineage](#) : 指定的特定节点或者节点列表, 使用构建的节点树文件, 回溯到根节点, 输出中间节点的路径。
3. [name](#) : 指定的特定节点或者节点列表, 输出对应的科学命令。
4. [lca](#) : 对提供的多个节点, 从物种树中寻找共同祖先, 输出对应的共同祖先节点。
5. [bin](#) : 将所有分类都归并到指定的分类水平, 比如门水平。
6. [clade](#) : 提供一个节点, 返回该节点在树中的说有子节点。
7. [filter](#) : 适配程序, 过滤掉指定的节点 (包含其所有子节点), 使用场景: Kraken序列分类中去除特定分类的比对结果, 比如病毒, 或者真菌类。

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: 9/13/2020 8:14:45 PM

