fastx-utils之修饰序列的名字: label

一、fastx-utils label介绍

功能描述:

fastx-utils label 修饰序列的名字,比如添加样本信息,";sample=X1"。

命令行接口:

可选参数:

1 -b 标签在序列之前(左侧);

二、使用场景实例及其用法

使用场景经典案例:

1. 扩增子数据分析,添加序列的样本注释信息;

示例演示:

示例文件: sequence.fastq

1 \$ cat sequence.fastq | head -n8

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730 CCTTAGGGTTGTAAAGCTCTTTCGGCGGGAAGATAATGACGGTACCCGCAGAAGAAGCCCCGGCTAACTTCGTGCC AGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTCGGAACCACTGGGCGTAAAGCGCGTGTAGGCGGATTGTTAA GTCGGGGGTGAAATCCTGGGGCTCAACCTCAGAACTGCCTTCGATACTGGCGATCTTGAGTCCGGGAGAGGTGAGTG GTATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAAGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCACTGGCCCGGTAC TGACGCTGAAACGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCGTGTAGTCC 3 4 IIGHHIIIIIDHCEHFHHEHFIICDH-FB.FHIIIHIGHIHHHHHHHHGHEFEEEHHHDDCHHC<EEGGHEIGHEGHIIIIHHIIIHHHIHHHHHHHIIIIHHI IIIIHEIIHFGIHHFHIIHFIIIHEEC @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645 CCCTAGGGTTGTAAAGCTCTTTCACCGGTGAAGATAATGACGGTAACCGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTTCGTGCC AGCAGCCGCGGTAATACCAAGGGGGCTAGCGTTGTTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATATTTAA GTCAGGGGTGAAATCCCGGGGCTCAACCCCGGAACTGCCTTTGATACTGGGTATCTAGAGTATGGTAGAGGTGAGTG GAATTCCGAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTCGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCACTGGACCATTAC TGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCATGTAGTCC

运行命令: 修饰序列的名字 ';sample=A1'

1 | \$ fastx-utils label sequence.fastq ';sample=A1' | head -n6

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730;sample=A1

3 +

- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645;sample=A1

参数选项1: 设置 -b 参数,将修饰信息添加在序列左侧。

- \$\fastx-utils label -b sequence.fastq 'sample=X1:' | head -n 6
- 1 @sample=X1:HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730

3 +

- 5 @sample=X1:HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645

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: 2020-08-10 11:56 AM