fastx-utils之双端序列转成交叠的序列文件: interleave

一、fastx-utils interleave介绍

功能描述:

fastx-utils interleave 将PE双端序列转成交叠的序列文件。

命令行接口:

```
$ fastx-utils interleave

Usage: fastx-utils interleave [options] <in1.fq> <in2.fq>
Options:
   -o old fashion interleave fastq format
```

可选参数:

1 -o 使用老的序列显示模式 1/, 2/

二、使用场景实例及其用法

使用场景经典案例:

1. 产生Jellyfish软件的输入数据。

示例演示:

示例文件: A1.1.fastq, A1.2.fastq

1 | \$ cat A1.1.fastq | head -n 6

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 2:N:0:CACCGG
- 2 GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCC
 TTCGCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCT
 AGCCTGCCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCT
 CTTTACGCCCACTA
- 3 +
- 4 HH?

- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1210:15779:30764 2:N:0:CACCGG
- 6 GGACTACGGGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGCGTCAGTACCGGACCAGTGAGCCGCC
 TTCGCCACTGGTGTTCTTCCTAATATCTACGAATTTCACCTCTACACTAGGAATTCCACCTCACCTCTTCCGGACTCG
 AGATCCGCAGTATCAAAGGCAGTTCCGAGGTTGAGCCTCGGGATTTCACCCCTGACTTACAAATCCGCCTACGTGCG
 CTTTACGCCCAGTA

运行命令: 将双端序列转成交叠的序列文件。

1 | \$ fastx-utils interleave A1.1.fastq A1.2.fastq | head -n8

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 1:N:0:CACCGG
- 2 CCTATGGGATGCAGCAGTGGGGAATCTTGCCCAATGGGCGCAAGCCTGAGGCACGCCGCGCGTGAGGGATGACGG
 CCTTCGGGTTGTAAACCTCGTTCAGCAGGGACGAAGCGAAGCGAAGCGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTAC
 GTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTT
 GTCGCGTCTGCT
- 3 +

- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 2:N:0:CACCGG
- GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCC
 TTCGCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCT
 AGCCTGCCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCT
 CTTTACGCCCACTA
- 7 +
- 8 HH?

参数选项1: 设置 -o 参数, 生成老格式 fastq.

1 | \$ fastx-utils interleave -o Al.1.fastq Al.2.fastq | head -n8

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834/1
- 2 CCTATGGGATGCAGCAGTGGGGAATCTTGCCCAATGGGCGCAAGCCTGAGGCAGCGACGCCGCGTGAGGGATGACGG CCTTCGGGTTGTAAACCTCGTTCAGCAGGGACGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTAC GTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTT GTCGCGTCTGCT
- 3 | 4
- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834/2
- 6 GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCC
 TTCGCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCT
 AGCCTGCCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCT
 CTTTACGCCCACTA
- 7 | +
- 8 HH?

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