fastx-utils之根据index数据拆分: demultiplex

一、fastx-utils demultiplex

功能描述:

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

命令行接口:

```
$ fastx-utils demultiplex
Usage: fastx-utils demultiplex [options]

Options:
    -d output directory for demultiplex reads. default: [./]
    -i index sheet [sample\tindex].
    -1 forword reads.
    -2 reverse reads.
```

参数接口:

- -d 数据输出目录
- -i 信息表 [样本\t索引]
- -1 正向测序数据.
- -2 反向测序数据.

二、使用场景实例及其用法

示例演示:

示例文件: A1.1.fastq.gz, A1.1.fastq.gz, index.txt

```
1 | $ zcat A1.1.fastq.gz | head -n 6
```

- 1 @A01050:39:HJ5FKDRXX:2:2135:18141:18004 2:N:0:TCCGCGAA+GGCTCTGA
- TACCGGAAGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGGAAGGTCCGGGCGTTATCCGGATTTATTGGGTTTAAAGGGAGCGTA GGCCGGAGATTAAGCGTGTTGTGACATGTAGATGCTCAACATCTGAACTGCAGCGCGAACTGGTTTCCTTGAGTACG CACAAAGTGGGCGGAATTCGTGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGATATCACGAAGAACTCCGATTGCGAAGGCAGCTC ACTGGAGCGCACCTGACGC
- 3 4
- 6 @A01050:39:HJ5FKDRXX:2:2116:24451:15969 2:N:0:TCCGCGAA+GGCTCTGA
- 6 TAAATGCGGGACTACAGGGGTATCTAATCCTGTTCGATCCCCACGCTTTCGTGCTTCAGCGTCAGTTGAGTGCCGGT
 ACGCTGCCTTCGCAATTGGAGTTCTGCGTGATATCTATGCATTTCACCGCTACACCTCGCATTCCGCGTACTTCTCA
 CTCACTCTAGAAAACCAGTTTCAACGGCTGAAAGAGGGTTGAGCCTCTCGATTTTACCGCTGACTTAACTTTCCGCCT
 ACGCACCCTTTAAACCCAA
- 1 | \$ cat index.txt
- 1 D001 TCCGCGAA+GGCTCTGA

运行命令: 将双端序列转成交叠的序列文件。

```
$\fastx-utils demultiplex -d ./ -i index.txt -1 A1.1.fastq.gz -2 A1.2.fastq.gz
```

```
1 | $ ls
2 | A1.1.fastq.gz | A1.2.fastq.gz | D001_R1.fastq | D001_R2.fastq | index.txt
```

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: 9/2/2020 12:37:53 AM