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。

命今行接口:

\$ fastx-utils interleave

Usage: fastx-utils interleave [options] <in1.fq> <in2.fq>
Options:

-o old fashion interleave fastq format

可选参数:

-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

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

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 1:N:0:CACCGG

+

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1210:15779:30764 1:N:0:CACCGG

CCTATGGGGGGCACCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGGGTGAAGAAGGCCT
TAGGGTTGTAAACCCCTTTCAGCGGGGAAGATAATGACGGTACCCGCAGAAGAAGTCCCGGCTAACTCCGTGCCAGCAGC
CGCGGTAATACGGAGGGGACTAGCGTTGTTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATTTGTAAGTCAGGGGT
GAA

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 2:N:0:CACCGG

GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCCTTC
GCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCTAGCCTG
CCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCTCTTTACGCC
CACTA

+

HH?

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1210:15779:30764 2:N:0:CACCGG

GGACTACGGGGGTATCTAATCCTGTTTGCTCCCCACGCTTTCGCACCTCAGCGTCAGTACCGGACCAGTGAGCCGCCTTC
GCCACTGGTGTTCTTCCTAATATCTACGAATTTCACCTCTACACTAGGAATTCCACCTCACCTCTCCGGACTCGAGATCC
GCAGTATCAAAGGCAGTTCCGAGGTTGAGCCTCGGGATTTCACCCCTGACTTACAAATCCGCCTACGTGCGCTTTACGCC
CAGTA

运行命令: 将双端序列转成交叠的序列文件。

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

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 1:N:0:CACCGG

+

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 2:N:0:CACCGG

GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCCTTC
GCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCTAGCCTG
CCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCTCTTTACGCC
CACTA

т

HH?

参数选项1: 设置 -o 参数, 生成老格式 fastq.

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

@HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834/1

+

GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCCAGAGACCCGCCTTC GCCACCGGTGTTCCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCGTACACCAGGAATTCCGGTCTCCCCTACCGCGCTCTAGCCTG CCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTCACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCTCTTTACGCC CACTA

.

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