

# atlas-utils之计算对应样本的丰度：abundance

---

## 一、atlas-utils abundance介绍

功能描述：

`atlas-utils abundance` 给定 (Z)OTU 表以及样本标识符，计算对应样本的丰度。

命令行接口：

```
1 $ atlas-utils abundance
2
3 Usage: atlas-utils abundance [options] <otutab:annotated> <sample>
4
5 Options:
6 -l taxonomy level in [dkcofgs] Default:['g']
```

可选参数：

```
1 -l 指定分类学等级，默认为'g'；
```

## 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, 计算样本的在不同分类水平的相对丰度;

示例演示：

示例文件： `zotu_table_freqs_ann.txt`

```
1 $ cat zotu_table_freqs_ann.txt | head -n 10
```

1	#OTU	ID	A-1	A-2	B-1	B-2	C-1	C-2	taxonomy
2	ZOTU_1	0	0	87	278	1829	3608		d:Bacteria,p:"Proteobacteria",c:Epsilonproteobacteria,o:Campylobacterales,f:Campylobacteraceae,g:Arcobacter
3	ZOTU_2	223	447	1268	1583	52	69		d:Bacteria,p:"Proteobacteria",c:Gammaproteobacteria,o:Oceanospirillales,f:Halomonadaceae,g:Halomonas
4	ZOTU_3	0	0	162	159	1116	2021		d:Bacteria,p:"Proteobacteria",c:Alphaproteobacteria,o:Rhodospirillales,f:Acetobacteraceae,g:Roseomonas
5	ZOTU_4	0	0	99	50	1250	2172		d:Bacteria,p:"Bacteroidetes",c:"Bacteroidia",o:"Bacteroidales",f:"Porphyromonadaceae"
6	ZOTU_5	0	0	1	8	1216	2143		d:Bacteria,p:"Bacteroidetes"
7	ZOTU_6	1	2	9	16	1155	1938		d:Bacteria,p:"Proteobacteria",c:Alphaproteobacteria,o:Rhizobiales,f:Rhizobiaceae
8	ZOTU_7	0	0	73	41	1044	1883		d:Bacteria,p:"Bacteroidetes",c:"Bacteroidia",o:"Bacteroidales",f:"Porphyromonadaceae"
9	ZOTU_8	0	0	1353	1231	2	1		d:Bacteria,p:"Proteobacteria",c:Gammaproteobacteria,o:Alteromonadales,f:Alteromonadaceae,g:Alishewanella
10	ZOTU_9	0	0	1172	1022	1	2		d:Bacteria,p:"Bacteroidetes",c:Flavobacteriia,o:"Flavobacteriales",f:Flavobacteriaceae,g:Flavobacterium

注意事项：文件格式使用 `d:Bacteria`。

运行命令：

计 `A-1` 的丰度，默认为属水平。

```
1 | $ atlas-utils abundance ./zotu_table_freqs_ann.txt A-1 | head -n 10
```

1	#taxonomy	abundance
2	Parvibaculum	10
3	Pigmentiphaga	3
4	Pseudonocardia	52
5	Lactococcus	90
6	Chelativorans	81
7	Olivibacter	50
8	Brevundimonas	5
9	Pseudomonas	84
10	Sphingopyxis	303

参数选项1： 设置 `-l` 参数，该为计算科水平丰度。

```
1 | $ atlas-utils abundance -l f ./zotu_table_freqs_ann.txt A-1 | head -n 10
```

1	#taxonomy	abundance
2	Streptococcaceae	98
3	Acetobacteraceae	33
4	Pseudonocardiaceae	213
5	Microbacteriaceae	265
6	Sneathiellaceae	14
7	Thermomonosporaceae	246
8	Caulobacteraceae	32
9	Mycobacteriaceae	422
10	Rhizobiaceae	159

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: 2020-09-9 11:56 AM