

# fastx-utils之统计fastq序列数: counts

## 一、fastx-utils counts介绍

功能描述:

`fastx-utils counts` 返回序列数, 输出流可以添加注释信息。

命令行接口:

```
1 $ fastx-utils counts
2
3 Usage: fastx-utils counts [options] <fastq>
4
5 Options:
6   -l STR  Label for the fasta/q file. default: [NULL]
7   -b      Enable display the base counts. default: []
```

可选参数:

```
1   -l 字符串  为输出信息添加标签, 默认为空;
2   -b          是否显示碱基数, 默认为不显示;
```

## 二、使用场景实例及其用法

使用场景经典案例:

1. 统计多样本测序数据序列数值, 添加样本标识信息。

示例演示:

示例文件: `sequence.fastq`

```
1 $ cat sequence.fastq | head -n8
```



