

tsv-utils之获取子矩阵:submatrix

一、tsv-utils submatrix介绍

功能描述：

`tsv-utils submatrix` 针对矩阵（方阵）进行抽取子阵。

命令行接口：

```
1 $ tsv-utils submatrix
2
3 Usage:tsv-utils submatrix <matrix> <samples>
```

二、使用场景实例及其用法

经典使用场景：

1. 16S扩增子数据分析，对大样本距离矩阵拆分出小的距离矩阵。

示例演示：

示例文件： `bray_curtis.txt`, `list`

```
1 $ cat bray_curtis.txt
2 bray_curtis      A-1      A-2      B-1      B-2      C-1      C-2
3 A-1      0      0.110    0.986    0.986    0.990    0.991
4 A-2      0.110    0      0.976    0.976    0.990    0.990
5 B-1      0.986    0.976    0      0.134    0.872    0.874
6 B-2      0.986    0.976    0.134    0      0.868    0.870
7 C-1      0.990    0.990    0.872    0.868    0      0.0601
8 C-2      0.991    0.990    0.874    0.870    0.0601    0
```

```
1 $ cat list
2 A-1
3 A-2
4 B-1
5 B-2
```

运行命令：

```
1 $ tsv-utils submatrix bray_curtis.txt list
```

```
1 bray_curtis      A-1      A-2      B-1      B-2
2 A-1      0      0.110    0.986    0.986
3 A-2      0.110    0      0.976    0.976
4 B-1      0.986    0.976    0      0.134
5 B-2      0.986    0.976    0.134    0
```

使用 `-d` 参数, 可以去除 `bray_curtis` 字符串

```
1 $ tsv-utils submatrix -d bray_curtis.txt list
2      A-1      A-2      B-1      B-2
3 A-1      0      0.110    0.986    0.986
4 A-2      0.110    0      0.976    0.976
5 B-1      0.986    0.976    0      0.134
6 B-2      0.986    0.976    0.134    0
```

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