

# fastx-utils之修改序列的名字: rename

## 一、fastx-utils rename介绍

功能描述:

`fastx-utils rename` 修改序列的名字, 统一使用前缀, 比如 `"ZOTU_"`。

命令行接口:

```
$ fastx-utils rename

Usage: fastx-utils rename [options] <fasta/q> <prefix>

Options:
  -r retain original sequence identifier.
  -m print the mapping info to stderr streaming.
```

可选参数:

-r	保留原始序列标识符;
-m	输出映射信息到标准错误;

## 二、使用场景实例及其用法

使用场景经典案例:

1. 16S扩增子数据分析, 构建的OTU名字可以自己定义, 比如 `zotU`, 并重新进行索引, `_1`, `_2`

示例演示:

示例文件: `sequence.fastq`

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



[illegible]

**参数选项2:** 设置 `-r` 参数, 保留原始序列标识符。

```
$ fastx-utils rename -r sequence.fastq A1 | head -n8
```

