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:

可选参数:

```
1 -1 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
```

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730

3 4

- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645

7 | +

运行命令:

参数示例1对 sequence. fastq 文件计算序列数, 默认参数

1 | \$ fastx-utils counts sequence.fastq

1 1000

参数选项2: 设置 -1 参数,添加标签A-1。

1 | \$ fastx-utils counts -1 A-1 sequence.fastq

1 A-1 1000

参数选项2: 设置 -b 参数,显示碱基数。

1 | \$ fastx-utils counts -1 A-1 -b sequence.fastq

1 A-1 1000 448557

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