

fastx-utils之截断序列：truncate

一、fastx-utils truncate介绍

功能描述：

`fastx-utils truncate` 对序列进行截断操作，可指定序列长度。

命令行接口：

```
1 $ fastx-utils truncate
2
3 Usage: fastx-utils truncate [options] <fasta/q>
4
5 Options:
6 -b      Truncate sequence from left side, default: [right]
7 -d      Discard sequence short than L , default: [0]
8 -l INT  Truncate sequence length to length 'L', default: [NONE]
```

可选参数：

1	-b	从左侧截断序列，默认为右侧；
2	-d	过滤掉序列长度低于指定值的序列，默认为0；
3	-l	截断序列到指定长度，默认为空；

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：针对454数据分析，对序列进行截断以及过滤过短序列

示例演示：

示例文件： `sequence.fastq`

```
1 $ cat sequence.fastq | head -n 6
```

```

1 @EJFW8:00682:05789
2 TAATACGGAGGGTGCAAGCGGTTGAATCGGAATAACTGGGCGTGAAAGCAGCACGCAGGCGGTTTTGTTAAGTCAGA
  TGTGGAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGTAGAAT
  TCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCTGGACGAAGACTGAC
  GCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGATACGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACCTTG
  GAGGTTGTGCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACCGCTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTA
3 +
4 //39977+//:1///849/4-3-33,33849133,3333(333337.3322222=<<:7::.444&4:5:7;=
  <===9988.44(33333$3:1;9975:588;5;+//77::BBCBB?@@@<99+--
  -059>>>9449::333333#39991713,3<6;?;;;7703<991=887667785.../)/:)/+/.404;;;
  <A4;2;75;<<<,=<8777=8>>BBAAA@@@?8939@?998(7<;7777(7377?/74>69959>>7888.88(---
  --992..2605.--'----448;88557277(-(---//(67<=<=?;;;7::38385:98;<166;
  <<4947/////377178;;;/5499)/)/--(-1818
5 @EJFW8:00704:05760
6 TAATACGGAGGATTCAAGCGTTATCCGATTTATTGGGTTTAAAGGGTGCGTAGGCGGTTTGATAAGTTAGAGGTGA
  AATTCGGGGCTCAACCCTGAACGTGCCTCTAATACTGTTTAGCTAGAGAGTAGTTGCGGTAGGCGGAATGTATGGT
  GTAGCGGTGAAATGCTTAGAGATCATACAGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTACCAAATATATCTGACGTTGAGG
  CACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCGTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGATAACTCGTTGTCGGC
  GATAACACAGTCGGTGAATAAGCGAAAGCGATAAGTTATCACCTGGGAGTACGTTGCAAGAATG

```

运行命令：

参数选项1： 设定 `-l` 参数, 从右侧截断序列, 使得最后序列长度为 300。

```
1 $ fastx-utils truncate -l 300 sequence.fastq | head -n 6
```

```

1 @EJFW8:00682:05789
2 TAATACGGAGGGTGCAAGCGGTTGAATCGGAATAACTGGGCGTGAAAGCAGCACGCAGGCGGTTTTGTTAAGTCAGA
  TGTGGAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGTGCATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGTAGAAT
  TCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCTGGACGAAGACTGAC
  GCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGATACGTCCACGCCGTAAACGATG
3 +
4 //39977+//:1///849/4-3-33,33849133,3333(333337.3322222=<<:7::.444&4:5:7;=
  <===9988.44(33333$3:1;9975:588;5;+//77::BBCBB?@@@<99+--
  -059>>>9449::333333#39991713,3<6;?;;;7703<991=887667785.../)/:)/+/.404;;;
  <A4;2;75;<<<,=<8777=8>>BBAAA@@@?8939@?998(7<;7777(7377?/74>69959>>7888.88(---
  --992..2605.--'----4
5 @EJFW8:00704:05760
6 TAATACGGAGGATTCAAGCGTTATCCGATTTATTGGGTTTAAAGGGTGCGTAGGCGGTTTGATAAGTTAGAGGTGA
  AATTCGGGGCTCAACCCTGAACGTGCCTCTAATACTGTTTAGCTAGAGAGTAGTTGCGGTAGGCGGAATGTATGGT
  GTAGCGGTGAAATGCTTAGAGATCATACAGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTACCAAATATATCTGACGTTGAGG
  CACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCGTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGATAACTCG

```

参数选项2： 设置 `-b` 参数, 从左侧开始截断序列到 300。

```
1 $ fastx-utils truncate -b -l 300 sequence.fna | head -n 6
```

```

1 @EJFW8:00682:05789
2 TCCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGCTGATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAATTCCAGGTG
TAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCTGGACGAAGACTGACGCTCAGGT
GCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGATACGTCCACGCCGTAAACGATGTCGACTTGGAGGTTGT
GCCCTTGAGGCGTGGCTTCCGGAGCTAACGCGTTAAGTCGACCGCCTGGGGAGTACGGCCGCAAGGTTA
3 +
4 33333$3:1;9975:588;5;+//77::BBCBB?@@@<99+--
-059>>>9449::333333#39991713,3<6;?;;;7703<991=887667785.../)/:)/+/=:.404;::
<A4;2;75;<<<,=<8777=8>>BBAAA@@@?8939@?998(7<;7777(7377?/74>69959>>7888.88(---
--992..2605.--'----448;88557277(-(---/(67<=<?;;;7::38385:98;<166;
<<4947/////377178;;;/;/5499)/)/--(-1818
5 @EJFW8:00704:05760
6 GTGAAATTCGGGGCTCAACCCTGAACGTGCCTCTAATACTGTTTAGCTAGAGAGTAGTTGCGGTAGGCGGAATGTA
TGGTGTAGCGGTGAAATGCTTAGAGATCATACAGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTACCAAATATATCTGACGTT
GAGGCACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCGTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGATAACTCGTTGT
CGGCGATAACACAGTCGGTGACTAAGCGAAAGCGATAAGTTATCACCTGGGAGTACGTTCCGAAGAATG

```

参数选项3: 设置 `-d` 参数, 过滤掉序列长度低于100的序列。

```

1 $ fastx-utils truncate -d -l 300 sequence.fastq | head -n 6
2 @EJFW8:00682:05789
3 TAATACGAGGGTGCAAGCGTTGAATCGGAATAACTGGGCGTGAAAGCAGCACGCAGGCGGTTTTGTTAAGTCAGA
TGTGGAATCCCCGGGCTCAACCTGGGAAGCTGATCTGATACTGGCAAGCTTGAGTCTCGTAGAGGGGGGTAGAAT
TCCAGGTGTAGCGGTGAAATGCGTAGAGATCTGGAGGAATACCGGTGGCGAAGGCGGCCCTGGACGAAGACTGAC
GCTCAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCTGGATACGTCCACGCCGTAAACGATG
4 +
5 //39977+//:1//849/4-3-33,33849133,3333(333337.332222=<=:7::.444&4:5:7;=
<==9988.44(33333$3:1;9975:588;5;+//77::BBCBB?@@@<99+--
-059>>>9449::333333#39991713,3<6;?;;;7703<991=887667785.../)/:)/+/=:.404;::
<A4;2;75;<<<,=<8777=8>>BBAAA@@@?8939@?998(7<;7777(7377?/74>69959>>7888.88(---
--992..2605.--'----4
6 @EJFW8:00704:05760
7 TAATACGAGGATTCAAGCGTTATCCGATTTATTGGGTTTAAAGGGTGCGTAGGCGGTTTGATAAGTTAGAGGTGA
AATTCGGGGCTCAACCCTGAACGTGCCTCTAATACTGTTTAGCTAGAGAGTAGTTGCGGTAGGCGGAATGTATGGT
GTAGCGGTGAAATGCTTAGAGATCATACAGAACACCGATTGCGAAGGCAGCTTACCAAATATATCTGACGTTGAGG
CACGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCGTGGTAGTCCACGCAGTAAACGATGATAACTCG

```

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