

taxon-utils之寻找共同祖先：lca

一、taxon-utils lca介绍

功能描述：

`taxon-utils lca` 对提供的多个节点，从物种树中寻找共同祖先，输出对应的共同祖先节点

命令行接口：

```
1 $ taxon-utils lca
2
3 Usage: taxon-utils lca <taxon.map> <match>
```

二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件在: `data` 目录

示例文件: `taxon.map.gz`

```
1 $ zcat taxon.map.gz | head -n 6
```

```
1 1      1      no rank root    root
2 2      1      superkingdom  Archaea root
3 3      1      superkingdom  Bacteria      root
4 4      3      phylum 4572-55 Bacteria
5 5      3      phylum AABM5-125-24 Bacteria
6 6      3      phylum AB1-6 Bacteria
```

运行命令：

```
1 $ cat reads.txt
```

```
1 A01050:204:HF7FGDSXY:4:1104:4580:31876 21349
2 A01050:204:HF7FGDSXY:4:1104:4580:31876 21349
3 A01050:204:HF7FGDSXY:4:1104:4580:31876 21353
4 A01050:204:HF7FGDSXY:4:1104:4580:31876 21350
```

注意事项：输入文件，2列，第一列为标识符， 第二为物种分类编号；

```
1 $ taxon-utils lca taxon.map.gz reads.txt
```

```
1 A01050:204:HF7FGDSXY:4:1104:4580:31876 4 7115
```

注意事项：输出文件，3列，第一列为标识符，第二列为LCA前同一标识符分类的分类个数， 第三为 `LCA` 后物种分类编号；

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