

atlas-utils之使用双端barcode拆分数据：demultiplex

一、atlas-utils demultiplex介绍

功能描述：

`atlas-utils demultiplex` 使用双端**barcode**拆分数据，之支持精确匹配模式。

命令行接口：

```
1 $ atlas-utils demultiplex
2
3 Usage: atlas-utils demultiplex [options]
4 Options:
5   -1 STR  forward reads file;
6   -2 STR  reverse reads file;
7   -b STR  barcode mapping file;
8   -d STR  output filename directory;
9   -l INT  minimum barcode length, default: 5;
10  -h      display usage;
11
12 Example:
13 atlas-utils demultiplex -b barcodes.txt -1 I365.R1.fastq.gz -2
    I365.R2.fastq.gz -l 5 -d I365
```

可选参数：

```
1   -1 字符串 正向序列文件；
2   -2 字符串 反向序列文件；
3   -b 字符串 barcode 映射文件；
4   -d 字符串 输出文件夹名称；
5   -l 字符串 最小barcode长度，默认为5；
6   -h      显示用法；
```

二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件：`barcodes.txt`

```
1 $ cat barcodes.txt
```

```
1 D001    TACCGGAA    GCCCTGTA
2 D002    CTGCTACA    TAAATGCG
```

运行命令：

```
1 $ cd example
2 $ ls
3
4 A1.1.fastq.gz  A1.2.fastq.gz  barcodes.txt
5
6 $ atlas-utils demultiplex -b barcodes.txt -1 A1.1.fastq.gz -2
  A1.2.fastq.gz -l 5 -d A1
7 $ tree -L 2
```

```
1 .
2 └─ A1
3   │ └─ D001_1.fastq
4   │ └─ D001_2.fastq
5   │ └─ D002_1.fastq
6   │ └─ D002_2.fastq
7 └─ A1.1.fastq.gz
8 └─ A1.2.fastq.gz
9 └─ barcodes.txt
```

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: 2020-09-09 11:56 AM