

# fastx-utils之填充fastq质量值：fake

## 一、fastx-utils fake 介绍

功能描述：

`fastx-utils fake` 填充或者修改 `fastq` 或者 `fasta` 文件的质量值, 构建fastq文件格式

命令行接口：

```
1 $ fastx-utils fake
2
3 Usage: fastx-utils fake [options] <fa/fq>
4
5 Options:
6   -q CHAR FASTQ quality . default: [I]
```

可选参数：

```
1 -q    fastq质量值对应的字符.
```

## 二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件： `sequence.fasta`

```
1 $ cat sequence.fasta | seqtk seq -l 60 | head -n 8
```

```
1 >HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730
2 CCTATGGGATGCACCAAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGC
3 CGCGTGAGTGATGAAGGCCTTAGGGTTGTAAAGCTCTTCGGCGGGGAAGATAATGACGG
4 TACCCGCAGAAGAAGCCCCGGCTAACTTCGTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGC
5 TAGCGTTGTTCGGAACCACTGGGCGTAAAGCGCGTGAGGCGGATTGTTAAGTCGGGGGT
6 GAAATCCTGGGGCTCAACCTCAGAACTGCCTTCGATACTGGCGATCTTGAGTCCGGGAGA
7 GGTGAGTGGTATTCCTAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTAGGAAGAACACCAAGTGG
8 CGAAGGCGGCTCACTGGCCCGGTACTGACGCTGAAACGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAG
```

运行命令：

```
1 $ fastx-utils fake -q I sequence.fasta | head -n 8
```

[illegible]

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