

atlas-utils之统计序列质量：fqchk

一、atlas-utils fqchk介绍

功能描述：

`atlas-utils fqchk` 统计序列质量。

命令行接口：

```
1 $ atlas-utils fqchk
2
3 Usage: atlas-utils fqchk [options] <in.fq>
4 Options:
5   -q INT      offset value: 33 for Sanger quality, 64 for Illumina quality,
                default: [33]
6   -p          specify input fastq as paired reads.
7   -l STR      Fastq name
```

可选参数：

```
1   -q  整数      33为Sanger测序质量，64位Illumina测序质量，默认为33；
2   -p          指定为成对读取；
3   -l  字符串    样品名称；
```

二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件：`A-1_1.fastq`

```
1 $ cat A-1_1.fastq | head
```

```

1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1101:7924:2136 1:N:0:CACCGG
2 CCTATGGGACGCAGCAGTGGGAATATTGGACAATGGGCGCAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAG
  GCCCTAGGGTTGTAAAGCCCTTTTCGGCGGGGAAGATAATGACGGTACCCGCAGAAGAAGCCCCGGCTAACTTCGTG
  CCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGCTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGCTTTC
  TAAGTCGGGGGTGAA
3 +
4 HH1CHHHHDFHDHDH?C<DEG/CEHHIHEHCHECFHICHHHHHDHIICHHIEHCHCEGHIIICH?
  EEHFFFFHIECEE?HE?1GHHHHDHHHHHFFGHHHCHHHII?H?
  HHEHCHF1CGHC0DEEHHD<<FEHHHIGHIC??HHC GHHHHIHH@FFEEHIDHHCHHIIHE@GH-G??
  EDEGEHIIHICHHC?EHH-6@8-B-=C,5@@FHHHHHHHCEHH#####
5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1101:16730:2160 1:N:0:CACCGG
6 CCTACGGGAGGCACCAGCAAGGAATTTTCGCAATGGGCGAAAGCCTGACGGAGCAACGCCGCGTGCGGGATGAAG
  GCCTTCGGGTTGTAAACCCCTTTTGCAGGGGAAGAAGATCTGACGGTACCTCGCAATAAGCCACGGCTAACTACG
  TGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGTGGCAAGCGTTGTCCGGATTTACTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGACT
  GGTAAGTCTGGGGCG
7 +
8 IHHHHHIEHHHHHIGHFIEHHHIEHICHGIGHHHIHHIHHHHFEHHHECHIIHHHHHHHHHHHHHHHHHH
  IHHHCHHIEHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHH
  CH?D.GHHHHHH<EHC?AHEHE@GE=HHFHFI?BA@EHH?B=CGHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHHH
  @<,CCFHCHGDHCHCHHDH<,+558@E@E@6GH####
9 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1101:19412:2440 1:N:0:CACCGG
10 CCTATGGGAGGCAGCAGTAGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCGTGAGTGATGAAG
  GCCCTAGGGTTGTAAAGCTCTTTTCAGCGGGGAAGATAATGACGGTACCCGCAGAAGAAGCCCCGGCCAACTTCGTG
  CCAGCAGCCGCGGTAATACGAAGGGGGCTAGCGTTGTTTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCGCGCAGGCGGACTGT
  TAAGTCAGGGGTGCA

```

运行命令：

统计序列质量。

```
1 $ atlas-utils fqchk A-1_1.fastq | head
```

1	#sample	sequence	base	Q20(%)	Q30(%)
2	Fastq	46642	11334006	97.0610	94.4801

参数选项1： 设置 `-p` 参数，指定为成对读取。

```
1 $ atlas-utils fqchk -p A-1_1.fastq | head
```

1	#sample	sequence	base	Q20(%)	Q30(%)
2	Fastq	23321	11334006	97.0610	94.4801

参数选项2： 设置 `-l` 参数，修改标签为A-1_1。

```
1 $ atlas-utils fqchk -l A-1_1 A-1_1.fastq | head
```

1	#sample	sequence	base	Q20(%)	Q30(%)
2	A-1_1	46642	11334006	97.0610	94.4801

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

