

fastx-utils之拆分交叠的序列文件：deinterleave

一、fastx-utils deinterleave介绍

功能描述：

`fastx-utils deinterleave` 将交叠的序列文件转换成双端序列。

命令行接口：

```
1 $ fastx-utils deinterleave
2
3 Usage: fastx-utils deinterleave [options] <fasta/q> <prefix>
4 Options:
5 -f specify input file as fasta format
```

可选参数：

```
1 -f 输出文件转为fasta格式；
```

二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件：`interleave.fastq`

```
1 $ cat interleave.fastq | head -n 8
```

```
1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 1:N:0:CACCGG
2 CCTATGGGATGCAGCAGTGGGGAATCTTGCCCAATGGGCGCAAGCCTGAGGCAGCGACGCCGCTGAGGGATGACGG
3 CCTTCGGGTTGTAAACCTCGTTCAGCAGGGACGAAGCGAAAGTGACGGTACCTGCAGAAGAAGCACCGGCTAACTAC
4 GTGCCAGCAGCCGCGGTAATACGTAGGGTGCAAGCGTTGTCCGGAATTATTGGGCGTAAAGAGCTCGTAGGCGGCTT
5 GTCGCGTCTGCT
6 +
7 IHIIIGGIIIEHIIIIHIIIIIIHIIIIIIIIIIHIEHIIIIIIIIHIIHFIIIIIHIIIIIGIIIIIIIIIIID
8 HHIIIIIIIIIIH?
9 HHFIHHIIIIHIIIIIIHIIIIIIIIHIIHHIIHHIIIIIIIIIGIIIIHHHHIIHHIIHIIIIIIHIIHHIIHHI
10 HIGIIIIHIIIIHHHGHCAH.?GHHFD-EAFGHIHHIDHHGFHHIIGFFHEHHHHCH,,CHHIGIHHCHII
11 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2215:13265:62834 2:N:0:CACCGG
12 GGACTACCCGGGTATCTAATCCTGTTCTGCTCCCCACGCTTTCGCTCCTCAGCGTCAGCAACGGCCAGAGACCCGCC
13 TTCGCCACCGGTGTTCTCCTGATATCTGCGCATTCCACCGCTACACCAGGAATTCGGTCTCCCCTACCGCGCTCT
14 AGCCTGCCCGTATCCACTGCAGGCCCGGAGTTAAGCTCCGGGTTTTACAGCAGACGCGACAAGCCGCCTACGAGCT
15 CTTTACGCCCACTA
16 +
17 HH?
18 GHIHHIIIGIDHHIEDF@HHIIIIIGGHHIIIIIIIIIIIGIIIIIIIIIIIGIHHIIIIIIIIIIHIIHHHI
19 HHFIHHIHCHEIIIEF@GHFHHGHIIIIHHGEFHIIIIHIIIIH@GGHEHHIIIGIIIIHHHHH@HHGHDHHHHHHI
20 IHCHIIHHH?GEHHHHHHHEHIIII=HDE@6-8?E?GGIHG=@-GHIIHHH-@D,++D:>@@E++;E-6@@@C+--
21 @@-6@-C:C-@@
```

运行命令：

将交叠的序列文件转换成PE双端序列。

```
1 | $ fastx-utils deinterleave interleave.fastq A1
```

```
1 | $ ls
```

```
1 | A1_R1.fastq A1_R2.fastq interleave.fastq
```

注意事项： 如果是 **fasta** 文件格式, 需要指定文件类型 **-f**.

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