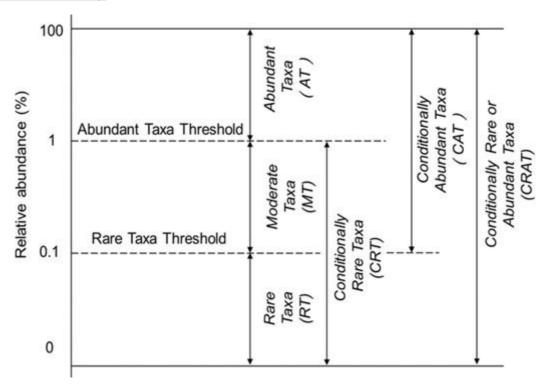
atlas-utils之分析物种组成稀有度分布: rarity

一、atlas-utils rarity 介绍

功能描述:

atlas-utils rarity 根据物种丰度稀有度阈值 doi: 10.1093/femsec/fiw150 分析稀有度分布。



据图分类参考:

- 稀有物种 (rare taxa, RT), 在所有的样本中丰度均低于0.1%
- 丰富物种 (abundant taxa, AT), 在所有的样本中丰度均高于1%;
- 中等物种 (moderate taxa, MT):
- 在所有样本中丰度在0.1%至1%之间;
- 条件稀有物种 (conditionally rare taxa, CRT):
- 在所有样本中丰度均低于1%,同时在部分样本中丰度低于0.1%;
- 条件丰富物种 (conditionally abundant taxa, CAT):
- 在所有样本中丰度均高于0.1%,同时在部分样本中丰度高于1%; 条件稀有或丰富物种 (conditionally rare or abundant taxa, CRAT):
- 在部分样本中的丰度在低于0.1%,同时在部分样本中的丰度高于1%。

更多可参考: 红皇后学术: 一条命令按照物种丰度对OTU表格进行拆分-丰富和稀有物种识别

命令行接口:

```
1  $ atlas-utils rarity
2
3  Usage: atlas-utils rarity [option] <tsv>
4
5  Options:
6  -n INT normalization factor, ie: 100 default: [1]
```

1 -n 整型 标准化因数,默认为1;

二、使用场景实例及其用法

示例演示:

示例文件:

```
1 $ cat genus.freqs.txt | head -n 5
```

```
1 #level A-1 A-2 B-1
                       B-2 C-1
                                  C-2
2 Parvibaculum 0.0003635
                       0.0002873
                                  5.318e-05
                                            0
 0.004845
           0.004367
                      0 0
3 Agromyces 0 0
                                0.009585
                                           0.0114
4 Pigmentiphaga 0.0001091 0.0001642 0.002765
                                            0.001841
    5.209e-05 0
 Mangrovibacterium 0 0 0.002499
                                      0.001785
                                                  0
```

```
1 | $ cat zotu.freqs.txt | head -n 5
```

```
      1
      #OTU ID A-1
      A-2
      B-1
      B-2
      C-1
      C-2

      2
      ZOTU_1
      0
      0
      0.004627
      0.01551
      0.09528
      0.1079

      3
      ZOTU_2
      0.008106
      0.01835
      0.06743
      0.08831
      0.002709
      0.002064

      4
      ZOTU_3
      0
      0
      0.008615
      0.00887
      0.05814
      0.06045

      5
      ZOTU_4
      0
      0
      0.005265
      0.002789
      0.06512
      0.06497
```

运行命令:

物种丰度稀有度阈值 分析稀有度分布

```
1 | $ atlas-utils rarity -n 1 zotu.freqs.txt | head
```

1	#OTU ID	A-1	A-2	B-1	B-2	C-1	C-2	Туре		
2	ZOTU_2	0.008106		0.01835 0.06743		0.08831 0.002709		0.002064		1
	RT									
3	ZOTU_3	0	0	0.008615		0.00887	0.05814	0.06045	RT	
4	ZOTU_4	0	0	0.005265		0.002789		0.06512	0.06497	RT
5	ZOTU_5	0	0	5.318e-05		0.0004463		0.06335	0.0641	RT
6	ZOTU_6	3.635e-05		8.211e-05		0.0004786		0.0008926		
	0.06017	0.05797	RT							
7	ZOTU_7	0	0	0.003882	2	0.002287	7	0.05439	0.05633	RT
8	ZOTU_8	0	0	0.07195	0.06867	0.000104	12	2.991e-0	05	RT
9	ZOTU_9	0	0	0.06233	0.05701	5.209e-0)5	5.983e-0	05	RT
10	ZOTU_10	0	0	0	0	0.04631	0.04936	RT		

注意事项:如果加和为1,需要乘100作为标准化因子。

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: 2020-09-11 11:56 AM