fastx-utils之转换fastq为fasta文件: convert

一、fastx-utils convert 介绍

功能描述:

fastx-utils convert 转换 fastq 为 fasta 文件;

命令行接口:

```
1 \mid \$ fastx-utils convert
```

2

3 Usage: fastx-utils convert <fasta/q>

二、使用场景实例及其用法

示例演示:

示例文件: sequence.fastq

1 | \$ cat sequence.fastq | head -n8

- 1 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730

3 -

- 5 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645
- 6 CCTACGGGAGGCACCAGTGGGGAATATTGGACAATGGGCGAAAGCCTGATCCAGCCATGCCGCTGAGTGATGAAGG
 CCCTAGGGTTGTAAAGCTCTTTCACCGGTGAAGATAATGACGGTAACCGGAGAAGAAGCACCGGCTAACTTCGTGCC
 AGCAGCCGCGGTAATACCAAGGGGGCTAGCGTTGTTCGGAATTACTGGGCGTAAAGCGCACGTAGGCGGATATTTAA
 GTCAGGGGTGAAATCCCGGGGCTCAACCCCGGAACTGCCTTTGATACTGGGTATCTAGAGTATGGTAGAGGTGAGTG
 GAATTCCGAGTGTAGAGGTGAAATTCGTAGATATTCGGAGGAACACCAGTGGCGAAGGCGGCTCACTGGACCATTAC
 TGACGCTGAGGTGCGAAAGCGTGGGGAGCAAACAGGATTAGATACCCATGTAGTCC

7 | +

8

运行命令:

1 | \$ fastx-utils convert sequence.fastq | head -n6

- 1 >HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730
- 3 >HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645
- 5 >HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:1204:10672:14348

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