

# taxon-utils之输给定节点下的所有子节点： clade

## 一、taxon-utils clade介绍

功能描述：

`taxon-utils clade` 提供一个节点，返回该节点在树中的所有子节点，比如获得所有属于病毒分类的所有ID

命令行接口：

```
1 $ taxon-utils clade
2
3 Usage: taxon-utils clade <taxon.map> <clade: NCBI Taxonomy ID, ie:
   10239(viruses)>
```

## 二、使用场景实例及其用法

示例演示：

示例文件在: `data` 目录

示例文件: `taxon.map.gz`

```
1 $ zcat taxon.map.gz | head -n 6
```

```
1 1      1      no rank root      root
2 2      1      superkingdom Archaea root
3 3      1      superkingdom Bacteria      root
4 4      3      phylum 4572-55 Bacteria
5 5      3      phylum AABM5-125-24 Bacteria
6 6      3      phylum AB1-6 Bacteria
```

运行命令：

输出所有属于 `Lactobacillus: 7115` 下面所有的分类。

```
1 $ taxon-utils clade taxon.map.gz 7115 | taxon-utils translate -c 1
   taxon.map.gz - | head -n 6
```

1	7115	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus 3,63,186,874,2386,7115
2	21349	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus,s:Lactobacillus acetotolerans 3,63,186,874,2386,7115,21349
3	21350	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus,s:Lactobacillus acidophilus 3,63,186,874,2386,7115,21350
4	21351	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus,s:Lactobacillus amylolyticus 3,63,186,874,2386,7115,21351
5	21352	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus,s:Lactobacillus amylophilus 3,63,186,874,2386,7115,21352
6	21353	k:Bacteria,p:Firmicutes,c:Bacilli,o:Lactobacillales,f:Lactobacillaceae,g:Lactobacillus,s:Lactobacillus amylovorus 3,63,186,874,2386,7115,21353

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