fastx-utils之统计fasta/q文件信息: info

一、fastx-utils info介绍

功能描述:

fastx-utils info 统计序列数,碱基数,最小长度,最大长度, GC 含量等信息; 命令行接口:

1 \$ fastx-utils info

2

3 Usage: fastx-utils info <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 -n6

1 @HISEO:483:HLJ2LBCXY:1:1111:14104:10730

- 3 +

- 6 @HISEQ:483:HLJ2LBCXY:1:2112:7631:97645

运行命令: 统计 sequence. fastq 的序列数, 碱基数, 最小长度, 最大长度, GCh含量等信息;

1 | \$ fastx-utils info sequence.fastq

1 #sequence base min_len max_len avg_len GC(%)
2 1000 448557 299 468 448.56 55.43

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