

# tsv-utils之行修饰: view

## 一、tsv-utils view介绍

功能描述:

`tsv-utils view` 辅助操作子命令, 可以将 `double` 型转换成 `int` 类型, 去除文件中的空行以及注释行。

命令行接口:

```
1 Usage: tsv-utils view <tsv>
2
3 Options:
4   -c   Add comment char '#' to the first line.
5   -d   Drop lines start with '#', skip first line.
6   -b   Remove the blank lines.
7   -r   Round value to Int.
8   -l   Add line number.
```

可选参数:

```
1  -c 再第一行添加 '#', 如存在, 跳过;
2  -b 删除空白行和注释;
3  -d 删除除了第一行外的以 '#' 开头的注释行;
4  -r 将数值变为整数;
5  -l 添加行号
```

## 二、使用场景实例及其用法

经典使用案例

`tsv-utils view` 使用场景比较多, 主要是辅助功能, 比如: `salmon` 基因丰度定量的结果 `quant.sf`。

示例演示

示例文件: `quant.sf` 文件

```
1 $ cat quant.sf | head -n 7
```

1	Name	Length	EffectiveLength	TPM	NumReads	
2	TrA0001W	9003	8740.853	0.048685	1.000	
3	TrA0002C	2364	2101.853	0.202465	1.000	
4	TrA0003W	1065	802.853	0.000000	0.000	
5	TrA0004W	783	521.202	0.000000	0.000	
6	TrA0005W	654	392.544	0.000000	0.000	
7	TrA0006W	921	658.964	0.000000	0.000	

运行命令:

示例 1: 在第一行添加 `"#"`

```
1 | $ tsv-utils view -c quant.sf | head -n 7
```

1	#Name	Length	EffectiveLength	TPM	NumReads	
2	TrA0001W		9003	8740.853	0.048685	1.000
3	TrA0002C		2364	2101.853	0.202465	1.000
4	TrA0003W		1065	802.853	0.000000	0.000
5	TrA0004W		783	521.202	0.000000	0.000
6	TrA0005W		654	392.544	0.000000	0.000
7	TrA0006W		921	658.964	0.000000	0.000

示例2：添加列号。

```
1 | $ tsv-utils view -c1 quant.sf | head -n 7
```

1	1	#Name	Length	EffectiveLength	TPM	NumReads	
2	2	TrA0001W		9003	8740.853	0.048685	1.000
3	3	TrA0002C		2364	2101.853	0.202465	1.000
4	4	TrA0003W		1065	802.853	0.000000	0.000
5	5	TrA0004W		783	521.202	0.000000	0.000
6	6	TrA0005W		654	392.544	0.000000	0.000
7	7	TrA0006W		921	658.964	0.000000	0.000

示例3：添加列号。

参数使用：设置 `-r` 参数，将数值变为整数，并删除空白行和注释行。

```
1 | $ tsv-utils view -cr quant.sf | cut -f1,5 | head -n 7
```

1	#Name	NumReads
2	TrA0001W	1
3	TrA0002C	1
4	TrA0003W	0
5	TrA0004W	0
6	TrA0005W	0
7	TrA0006W	0

示例4：合并多个注释文件,删除中间的注释行.

示例文件: `alpha.A-1.txt`, `alpha.A-2.txt` alpha多样性计算文件

```
1 | $ cat alpha.A-1.txt | cut -f1,2,4
```

```
#Sample berger_parker chao1
A-1 0.0313 433.2
```

```
1 | $ cat alpha.A-2.txt alpha.A-1.txt | tsv-utils view -d - | cut -f1,2,3
```

```
1 | #Sample berger_parker    buzas_gibson
2 | A-2      0.0356  0.00743
3 | A-1      0.0313  0.00669
```

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: Saturday, August 29, 2020