1. 软件安装

github上下载二进制文件

High-confidence的vcf

不考虑基因型合并（只保留前八列进行合并）

/usr\_storage/lzq/software/SURVIVOR-master/Debug/SURVIVOR merge par.txt 1000 2 1 -1 -1 50 cutesv\_sniffles\_paragraph.vcf

###Windows下conda 安装python模块时的时候关掉代理服务器

Paragraph仅支持单个VCF输入去genotype二代数据（或者提取多个vcf的info那一列合并）有人提出用survivor合并个体然后再用paragraph，但是survivor合并之后的断点十分不精确。会影响genotype的结果

大服务器在线跑是可以的但是提交报错没有pysam模块,其他节点没有安装这个模块

其他版本的pysam

[E::idx\_find\_and\_load] Could not retrieve index file for 'test1/variants.vcf.gz'

conda activate py36

他会先卸载原来安装的版本所以我们没有权限在conda里面安可以

pip install pysam==0.15.3

换了版本以后这个报错就没有啦