

# 罗氏KAPA HyperPETE靶向富集方案 搭载DNBSEQ测序平台赋能肿瘤研究

KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel和KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel在华大智造DNBSEQ-G99测序仪上的实测数据展示

罗氏基于其自有的KAPA HyperPETE技术开发了多种靶向富集panel。本研究选取了罗氏的KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel和KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel两个panel以测试KAPA HyperPETE靶向富集方案是否可以适配华大智造DNBSEQ测序平台。综合研究表明：KAPA HyperPETE靶向富集方案在华大智造DNBSEQ-G99测序仪上性能表现出色，与Vendor X平台性能相当。

推荐应用：肿瘤组学

推荐机型：DNBSEQ-G99ARS, DNBSEQ-T7RS, MGISEQ-2000RS

## • 捕获性能和变异检出能力优越

KAPA HyperPETE靶向富集方案3小时即可完成高质量的靶向富集,适用于多种样本类型,可检测多种类型的突变。

## • KAPA HyperPETE靶向富集方案可完美适配DNBSEQ测序平台

华大智造通用文库转换方案可使该富集方案完美适配DNBSEQ测序平台。

## • 数据产出高效且质量高

DNBSEQ测序技术具有高准确性,低重复序列率、低标签跳跃等重要特性。而DNBSEQ-G99测序速度快,内置计算模块,测序生信一体化,12小时即可完成PE150测序,数据产出高效且优质。

## • 可匹配自动化操作

华大智造可为实验流程提供自动化解决方案,能够极大的节约人工成本并提高效率。



## 背景介绍

肿瘤是具有遗传复杂性和异质性的疾病。遗传性胚系变异在所有肿瘤中占5-10%的主导作用，获得性体细胞变异是推动疾病进展和治疗干预反应的主要因素<sup>1,2</sup>。不同患者的肿瘤都具有独特的基因变异图谱，包括单个碱基对的变异(SNVs/SNPs),单核苷酸变异(SNV),短插入/缺失(InDels),微卫星不稳定性(MSI),拷贝数变异(CNVs),结构变异(SVs)和大型结构重排等。结构变异导致基因融合是实体肿瘤的常见事件，基因融合(fusion gene)是指两个基因的部分序列发生融合形成的嵌合基因，一般由于染色体易位、缺失等原因所致，这种嵌合基因会在后续的生物学过程中形成异常转录本或蛋白质，进而导致或者促进肿瘤的发生<sup>1</sup>。因此，准确检测出以上这些变异，对于肿瘤疾病的预防、治疗和全面理解有着重要的意义。

大规模平行测序(massively parallel sequencing, MPS)的快速发展已经颠覆了大众对癌症和临床研究的认知<sup>3</sup>。该技术以其高灵敏度、高通量和检测不同变异的能力而被广泛应用于癌症研究。研究者可以通过全基因组测序(WGS)、全外显子测序(WES)以及靶向测序(TS)以识别基因组上的突变<sup>3</sup>。相比前两种方法而言，靶向测序可在拥有更低廉的价格和更少的数据量优势的同时，保证高准确度、高灵敏性地识别靶向区域<sup>3</sup>。靶向测序极高的测序深度使其非常适合临床样本的研究，且其可检测变异等位基因频率低至0.1-0.2%的突变位点<sup>4</sup>。

罗氏基于引物延伸靶向富集技术(Primer Extension Target Enrichment, PETE)研发出一种新型的靶向捕获方案——KAPA HyperPETE<sup>5</sup>。PETE技术可利用引物延伸反应实现对靶向区域的特异性捕获和释放并通过扩增完成靶向文库的构建。该靶向富集技术在保留传统杂交捕获性能的同时，极大地缩短了工作流程，仅需1天即可完成NGS样本制备。该技术可用于检测来自液体活检、FFPE组织和细胞系中提取的DNA或RNA样本中的包括SNVs,短InDels, CNVs, MSI和融合基因(包含未知融合变异)在内的所有主要体细胞变异，且被证实非常适用于肿瘤小panel的研究应用<sup>5</sup>。

罗氏基于PETE技术已开发出涵盖遗传肿瘤学、肿瘤学热点、泛癌变异(含MSI模块)和肺癌融合变异等多种成熟panel供研究者选择。此外，研究者也可基于罗氏的在线设计工具——HyperDesign开发设计个性化panel<sup>5</sup>。

华大智造基于DNBSEQ技术推出的测序平台拥有高准确度和灵敏度、超低重复率、低标签跳跃率等优势<sup>6</sup>。本研究选取了KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel和KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel以测试罗氏的KAPA HyperPETE靶向富集方案在DNBSEQ测序平台上的综合表现。

## 研究描述

为了验证KAPA HyperPETE靶向富集方案在DNBSEQ平台的性能表现，本研究选取KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel和KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel这两个肿瘤panel并在DNBSEQ-G99上测试其性能表现。测试结果发现KAPA HyperPETE靶向富集方案可完美适配华大智造DNBSEQ测序平台。两panel的捕获效率都较高，且与Vendor X平台相比，相关的数据指标也不相上下。

## 研究方法

### 样本制备

本研究基于商业化标准品开展性能测试评估。

利用Seraseq® ctDNA MRD Panel Mix标准品(货号: 0710-2146)对KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel进行性能评估。选取其中三个肿瘤分数(tumor fraction,TF)分别为0%(Seraseq-WT)、0.5%(Seraseq-AF05)、0.05%(Seraseq-AF005)的标准品开展后续实验。

利用Seraseq® Compromised FFPE WT (DNA/RNA) RM(货号: 0710-1710)作为对照组，使用RNeasy FFPE Kit (50) (QIAGEN货号: 73504)从中提取总RNA，利用Seraseq® FFPE Tumor Fusion RNA v4 Reference Material(货号: 0710-0496)作为实验组，使用High Pure FFPE RNA Isolation Kit (Roche货号: 06650775001)从中提取总RNA，进而对KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel进行评估。本研究中RNA-Seraseq WT代表Seraseq® Compromised FFPE WT (DNA/RNA) RM，RNA-Seraseq FC代表Seraseq® FFPE Tumor Fusion RNA v4 Reference Material。

### 文库制备与测序

本研究中所使用的KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel是一个 302 kb 的捕获靶标 panel，涵盖 1321 个目标区域、86 个癌症相关基因和190 个与体细胞

肿瘤学研究应用相关的MSI位点；KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel 是一个 18 kb的捕获靶标 panel，包括17个肺癌融合基因和4个管家基因(作为内部对照)。

对于KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel的性能评估实验：各取50ng肿瘤分数为0%、0.05%和0.5%的标准品分别利用KAPA HyperPrep kit完成文库构建，其中Pre-PCR为6个循环；后利用KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel进行捕获(3杂)。Post PCR反应使用Vendor X通用引物进行15个循环的扩增。实验流程的详细步骤可参考KAPA HyperPETE Somatic Plasma cfDNA Workflow v1.0。

对于KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel的性能评估实验：两个样本各取10ng 利用KAPA RNA HyperPrep kit完成文库构建，其中Pre-PCR为18个循环；后利用KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel进行捕获(2杂)。Post PCR反应使用Vendor X通用引物进行17个循环的扩增。实验流程的详细步骤可参考 KAPA HyperPETE Tissue RNA Fusion Transcript Workflow V1.0。

文库构建完成后采用双端150bp(PE150)策略在华大智造DNBSEQ-G99测序仪和Vendor X平台上完成测序工作。其中，在DNBSEQ-G99上测序的文库在测序之前需利用MGIEasy通用文库转换试剂盒(App-A)完成文库转化工作。

### 数据分析

本研究中的生信分析流程包括：测序reads质量评估，接头切除以及低质量数据过滤，将序列比对到参考基因组上，利用UMI进行去重，数据统计，变异检测和变异过滤。具体分析流程可参考罗氏官网描述：<https://www.n-genetics.com/products/1104/1024/19049.pdf>。KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel的性能评估参考P1-19，利用VarDict进行变异检测，KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel的性能评估参考P29-P50，利用STAR-Fusion进行变异检测。

仅供研究使用，不适用于临床诊断

样本采集	文库制备和测序	生信分析	结果分析
<p>采购自seracare公司的标准品</p>	<div data-bbox="443 429 613 548">  </div> <p data-bbox="651 460 873 493">KAPA HyperPrep Kit</p> <div data-bbox="459 581 591 694">  </div> <p data-bbox="651 599 841 665">KAPA HyperPETE Panel</p> <div data-bbox="467 747 594 814">  </div> <p data-bbox="651 725 870 847">MGIEasy 通用文库转换试剂盒 (App-A)</p> <div data-bbox="467 858 584 975">  </div> <p data-bbox="651 902 800 931">DNBSEQ-G99</p>	<p data-bbox="948 599 1143 754"><a href="https://www.n-genetics.com/products/1104/1024/19049.pdf">https://www.n-genetics.com/products/1104/1024/19049.pdf</a></p>	<p data-bbox="1219 599 1438 721">KAPA HyperPETE靶向富集方案的系统性评估</p>

# 结果

## KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel的性能评估

三个文库样本 (Seraseq-WT, Seraseq-AF05, Seraseq-AF005) 在DNBSEQ-G99和Vendor X平台上分别完成测序后, 测序数据均截取至110M reads(PE150), 可以看出三个样本在两平台中的Reads on target rate都达到了87%以上, 说明此panel有着较高的中靶率, 对目标基因有着较高的

富集特异性(图1A), 图1B显示Fold-80 Base Penalty的值都小于1.5, 说明此panel有着较为出色的覆盖均一性。图1C显示不论在哪种样本中, 大于等于10x, 50x以及100x测序深度的碱基率都达到了99%以上, 说明此panel有着较为宽泛的靶标碱基覆盖率。从以上参数来看, KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel十分适配DNBSEQ-G99平台, 且与Vendor X平台的性能相当。

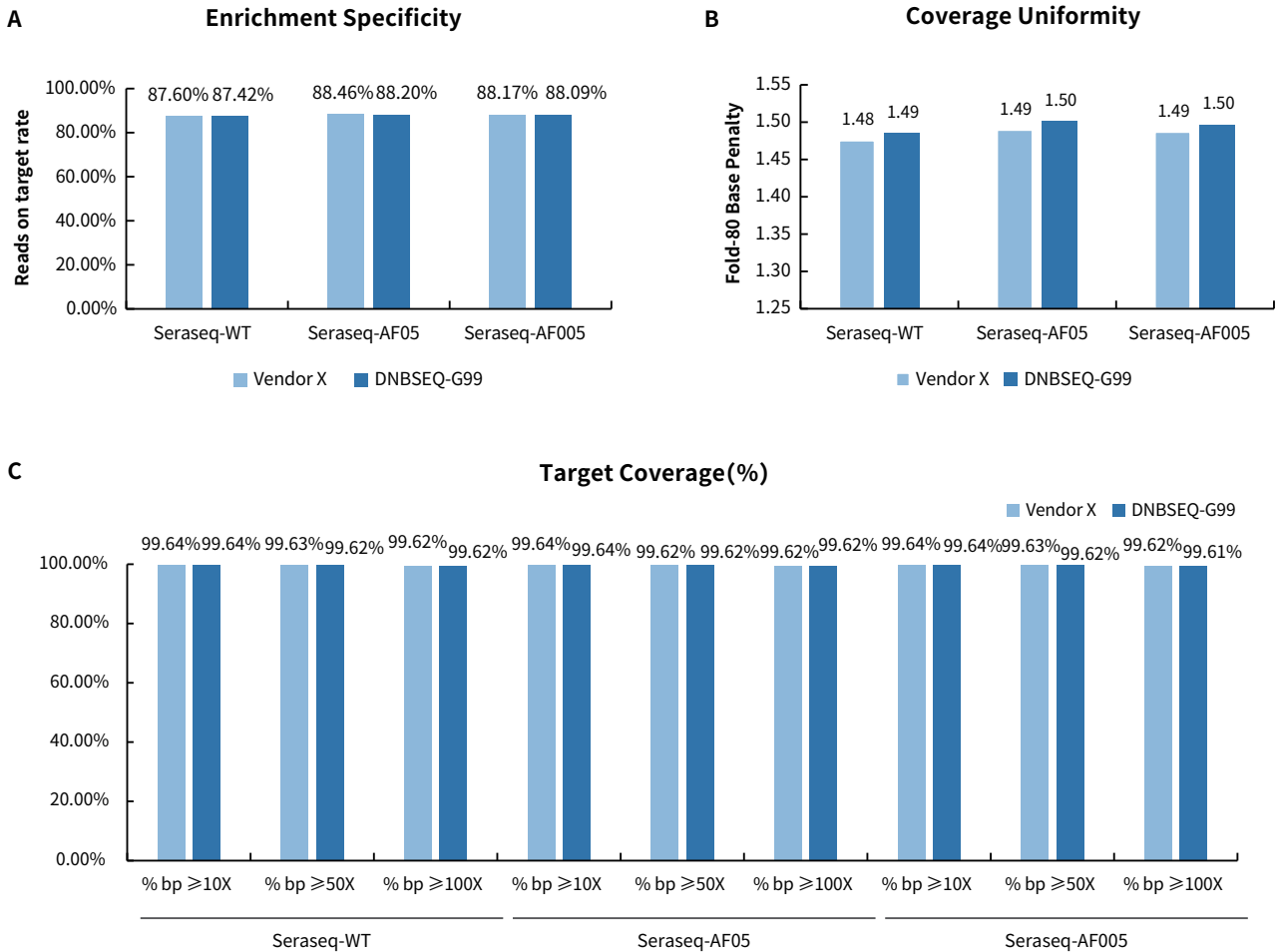


图1. KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel适配DNBSEQ-G99和Vendor X的技术指标比较。(A)Reads on target rate: 目标基因的特异富集率; (B)Fold-80 Base Penalty: panel捕获的均一性(该值越接近1越好); (C)Target Coverage: 目标覆盖率。

在SNV变异检测中，对于Seraseq-AF05样本，两平台除了PIK3CA的SNV变异外都能全部检出；对于Seraseq-AF005样本，Vendor X检测出7个SNV变异，DNBSEQ-G99检测出了6个SNV变异。在InDel变异检测中，对于Seraseq-AF05样本，DNBSEQ-G99平台与Vendor X平台均能100%检出其中的变异；而对于Seraseq-AF005样本，Vendor

X检测出3个InDel变异，DNBSEQ-G99平台检测出了4个InDel变异，比起Vendor X平台，检测到的变异更多。由以上变异检测结果也可以看出在Seraseq-AF05的样本中，此panel搭配两平台基本可以检测出样品中全部的SNV和InDel变异，并且两平台的检测性能相当(表1)。

变异类型	基因名称	变异信息					Vendor X			DNBSEQ-G99		
							Seraseq- WT	Seraseq- AF05	Seraseq- AF005	Seraseq- WT	Seraseq- AF05	Seraseq- AF005
SNV	AKT1	c.49G>A	p.E17K	chr14	105246551	105246551	0.07%			0.26%	0.04%	
	ALK	c.3604G>A	p.G1202R	chr2	29443613	29443613	0.18%	0.03%		0.21%		
	ALK	c.3522C>A	p.F1174L	chr2	29443695	29443695	0.20%			0.12%		
	BRAF	c.1799T>A	p.V600E	chr7	140453136	140453136	0.06%	0.56%	0.06%	0.06%	0.67%	0.06%
	EGFR	c.2369C>T	p.T790M	chr7	55249071	55249071	0.02%	0.21%	0.05%	0.02%	0.19%	0.05%
	EGFR	c.2573T>G	p.L858R	chr7	55259515	55259515	0.42%	0.03%		0.40%		
	KIT	c.2447A>T	p.D816V	chr4	55599321	55599321	0.40%	0.05%		0.45%	0.13%	
	KRAS	c.183A>C	p.Q61H	chr12	25398285	25398285	0.06%	0.24%	0.04%		0.12%	
	KRAS	c.35G>A	p.G12D	chr12	25398284	25398284	0.34%	0.04%	0.03%	0.33%	0.03%	
	KRAS	c.34G>T	p.G12C	chr12	25380275	25380275	0.02%	0.10%		0.33%		
	NRAS	c.182A>G	p.Q61R	chr1	115256529	115256529	0.36%			0.31%		
PIK3CA	c.3140A>G	p.H1047R	chr3	178936082	178936082					0.04%		
InDel	BRCA1	c.1961delA	p.K654fs*47	chr17	41245587	41245587	0.44%	0.20%		0.39%	0.17%	
	BRCA2	c.7934del	p.R2645Nfs*3	chr13	32936788	32936788	0.20%	0.04%		0.12%	0.02%	
	EGFR	c.2235_2249del	p.E746_A750del	chr7	55242465	55242479	0.18%			0.23%		
	EGFR	c.2240_2257del	p.L747_P753delinsS	chr7	55242470	55242487	0.24%	0.03%		0.17%	0.05%	
	EGFR	c.2254_2277del	p.S752_I759del	chr7	55242484	55242507	0.25%			0.21%		
	PIK3CA	c.3204_3205insA	p.*1069Mext*3, p.*1069fs	chr3	178952149	178952149	0.15%			0.20%	0.04%	
	ERBB2	c.2313_2324dup	p.Y772_A775dup,p.A775_G776insYVMA	chr17	37880981	37880982	0.27%			0.27%		

表1. KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel 适配DNBSEQ-G99和Vendor X的SNV、InDel变异检出率比较。

## KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel的性能评估

RNA-Seq WT和RNA-Seq FC两样本在DNB-SEQ-G99和Vendor X这两个测序平台的测试结果显示，在截取数据量为4M reads(PE150)的情况下，两样本在DNBSEQ-G99平台上得到的rRNA reads率分别为1.91%和1.38%，较Vendor X平台更低(图2A)；RNA-Seq FC样本中DNBSEQ-G99的Reads on

target for entire panel、Reads on target for fusion genes in design这两个指标的值分别为94.91%和57.98%，略优于Vendor X平台(图2B, 图2C)，在Reads on target for housekeeping genes以及Uniquely mapped reads after rRNA removal这两个指标上两平台表现类似(图2D, 图2E)。以上结果说明此panel有较高的中靶率，并且搭配DNBSEQ-G99平台得到的结果略优于Vendor X平台。

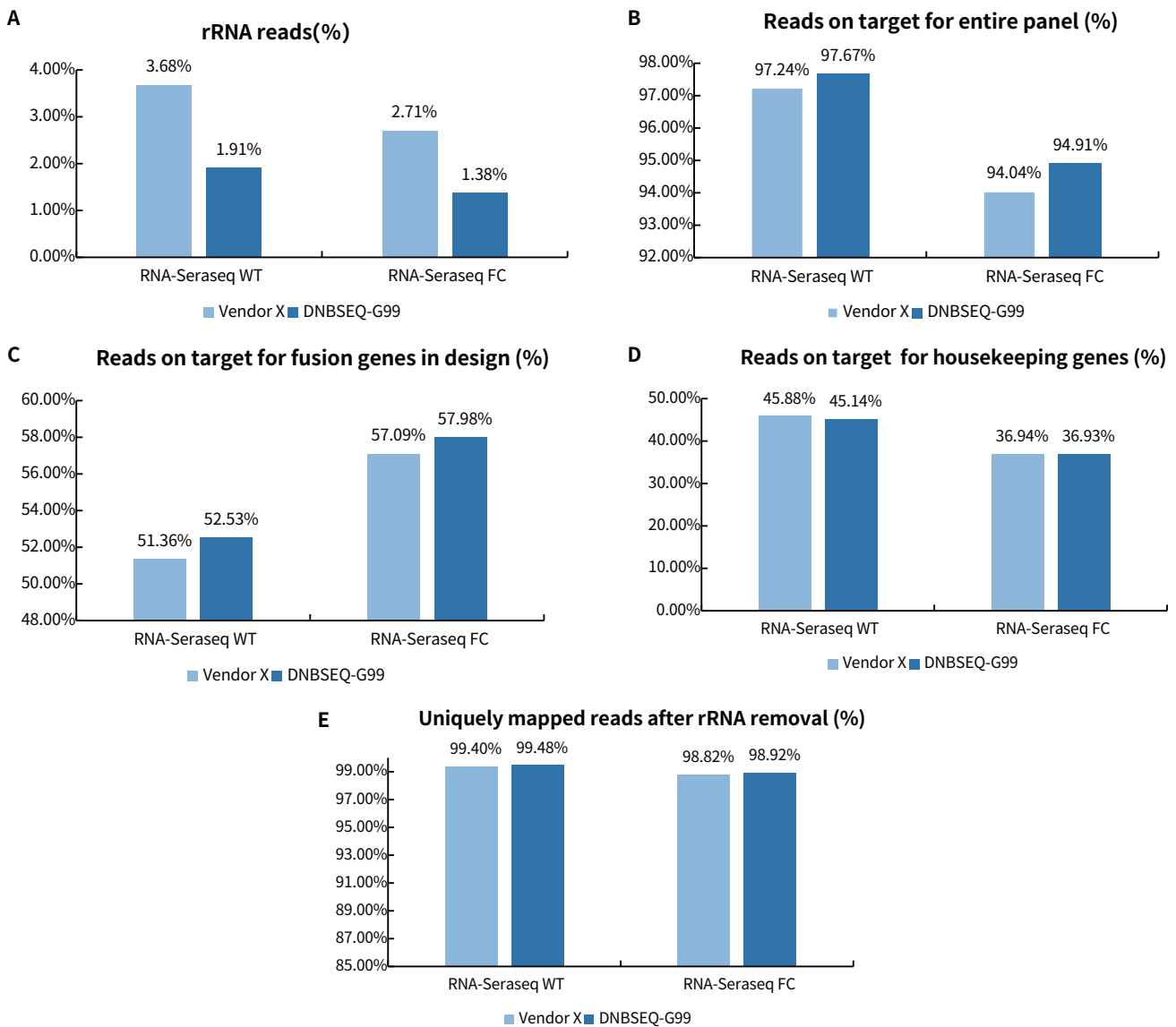


图2. KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel适配DNBSEQ-G99和Vendor X的技术指标比较。(A)rRNA reads比对率。在计算Reads on-target rate之前，比对到rRNA的reads都要去除。(B, C, D)on-target rate for housekeeping genes (阳性富集对照) = (on-target rate for entire panel) - (on-target rate for fusion genes)。(E)去除rRNA后的唯一比对reads百分数。

仅供研究使用，不适用于临床诊断

对RNA-Serseq FC样本进行变异检测分析显示，RNA-Serseq FC中含有18种融合变异，其中17种

融合变异的主基因被此panel覆盖，这17种变异在DNBSEQ-G99和Vendor X两平台中均被检出(表2)。

RNA Fusion	5' Partner	3' Partner	HGVS Name	Vendor X		DNBSEQ-G99	
				RNA-Serseq	RNA-Serseq	RNA-Serseq	RNA-Serseq
				WT	FC	WT	FC
<b>EML4-ALK</b>	<b>EML4</b> ex 13	<b>ALK</b> ex 20	EML4{NM_019063.4};r.1_1763_ALK{NM_004304.4};r.4125_6265	N	Y	N	Y
<b>CD74-ROS1</b>	<b>CD74</b> ex 6	<b>ROS1</b> ex 34	CD74{NM_001025159.2};r.1_812_ROS1{NM_002944.2};r.5757_7368	N	Y	N	Y
<b>SLC34A2-ROS1</b>	<b>SLC34A2</b> ex 4	<b>ROS1</b> ex 34	SLC34A2{NM_006424.2};r.1_460_ROS1{NM_002944.2};r.5757_7368	N	Y	N	Y
<b>CCDC6-RET</b>	<b>CCDC6</b> ex 1	<b>RET</b> ex 12	CCDC6{NM_005436.5};r.1_435_RET{NM_020975.6};r.2327_5617	N	Y	N	Y
<b>KIF5B-RET</b>	<b>KIF5B</b> ex 24	<b>RET</b> ex 11	KIF5B{NM_004521.2};r.1_3231_RET{NM_020975.6};r.2070_5617	N	Y	N	Y
<b>NCOA4-RET</b>	<b>NCOA4</b> ex 8	<b>RET</b> ex 12	NCOA4{NM_001145260.1};r.1_1014_RET{NM_020975.6};r.2327_5617	N	Y	N	Y
<b>EGFR</b> Variant III	<b>EGFR</b> ex 1	<b>EGFR</b> ex 8	EGFR{NM_005228.5};r.350_1150del	N	Y	N	Y
<b>EGFR-SEPT14</b>	<b>EGFR</b> ex 24	<b>SEPT14</b> ex 10	EGFR{NM_005228.5};r.1_3207_SEPT14{NM_207366.3};r.1200_3752	N	Y	N	Y
<b>LMNA-NTRK1</b>	<b>LMNA</b> ex 2	<b>NTRK1</b> ex 10	LMNA{NM_170707.3};r.1_762_NTRK1{NM_001012331.1};r.1290_2647	N	Y	N	Y
<b>TFG-NTRK1</b>	<b>TFG</b> ex 5	<b>NTRK1</b> ex 9	TFG{NM_006070.5};r.1_851_NTRK1{NM_001012331.1};r.1234_2647	N	Y	N	Y
<b>TPM3-NTRK1</b>	<b>TPM3</b> ex 7	<b>NTRK1</b> ex 9	TPM3{NM_153649.3};r.1_794_NTRK1{NM_001012331.1};r.1234_2647	N	Y	N	Y
<b>ETV6-NTRK3</b>	<b>ETV6</b> ex 5	<b>NTRK3</b> ex 15	ETV6{NM_001987.4};r.1_1283_NTRK3{NM_001012338.2};r.1892_3004	N	Y	N	Y
<b>FGFR3-BAIAP2L1</b>	<b>FGFR3</b> ex 17	<b>BAIAP2L1</b> ex 2	FGFR3{NM_000142.4};r.1_2530_BAIAP2L1{NM_018842.4};r.315_3682	N	Y	N	Y
<b>FGFR3-TACC3</b>	<b>FGFR3</b> ex 17	<b>TACC3</b> ex 11	FGFR3{NM_000142.4};r.1_2530_TACC3{NM_006342.3};r.2066_2799	N	Y	N	Y
<b>MET</b> ex 14 Skipping	<b>MET</b> ex 13	<b>MET</b> ex 15	MET{NM_001127500.3};r.3338_3478del	N	Y	N	Y
<b>PAX8-PPARG1</b>	<b>PAX8</b> ex 9	<b>PPARG1</b> ex 3	PAX8{NM_003466.4};r.1_1253_PPARG{NM_138712.3};r.246_1892	N	Y	N	Y
<b>SLC45A3-BRAF</b>	<b>SLC45A3</b> ex 1	<b>BRAF</b> ex 8	SLC45A3{NM_033102.3};r.1_109_BRAF{NM_004333.5};r.1206_4560	N	Y	N	Y
<b>TPRSS2-ERG*</b>	<b>TPRSS2</b> ex 1 (5' UTR)	<b>ERG</b> ex 2	TPRSS2{NM_005656.3};r.1_78_ERG{NM_004449.4};r.124_5042	N	N	N	N

表2. KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel 适配DNBSEQ-G99和Vendor X的融合变异检出比较。粗体字为panel设计覆盖的基因，非粗体字不覆盖。\*表示此panel设计不覆盖该融合变异的相关基因。



## 总结

KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel和KAPA HyperPETE Lung Cancer Fusion Panel在DNBSEQ以及VendorX平台上的实测结果表明，罗氏的KAPA HyperPETE靶向富集方案适配DNBSEQ-G99平台——不同panel、不同的样本类型均能够获得较为理想结果。基于罗氏开发的PETE技术设计的KAPA HyperPETE panel搭配DNBSEQ-G99平台检测变异的能力十分优越且与Vendor X平台相当。

DNBSEQ-G99基于DNBSEQ™专利技术，可以稳定获得高质量的测序数据，作为全球同等通量测序仪中速度最快的机型之一，特别适用于靶向基因测序。DNBSEQ-G99单张载片的通量为80M reads，最多可同时运行两张载片，可以在一天之内完成两轮PE150测序全流程，将测序效率提升到极致，同时内置计算模块，测序生信一体化，数据产出高效且优质，测序操作简单易用。

KAPA HyperPETE快速富集方案，DNA流程仅需6小时，RNA流程仅需8小时，搭配DNBSEQ-G99快速测序，可以实现单日内完成NGS湿实验环节，助力NGS全面提速。



基因测序仪DNBSEQ-G99

## 参考文献

1. Schram, A. M., Chang, M. T., Jonsson, P. & Drilon, A. Fusions in solid tumours: diagnostic strategies, targeted therapy, and acquired resistance. *Nat Rev Clin Oncol* **14**, 735-748, doi:10.1038/nrclinonc.2017.127 (2017).
2. National Cancer Institute. The Genetics of Cancer. <https://www.cancer.gov/about-cancer/causes-prevention/genetics>. Accessed 22 October 2021.
3. Bewicke-Copley, F., Arjun Kumar, E., Palladino, G., Korfi, K. & Wang, J. Applications and analysis of targeted genomic sequencing in cancer studies. *Comput Struct Biotechnol J* **17**, 1348-1359, doi:10.1016/j.csbj.2019.10.004 (2019).
4. Shin, H. T. *et al.* Prevalence and detection of low-allele-fraction variants in clinical cancer samples. *Nat Commun* **8**, 1377, doi:10.1038/s41467-017-01470-y (2017).
5. <https://sequencing.roche.com/us/en/products/product-category/primer-extension-based-target-enrichment.html#overview>.
6. Porreca, G. J. Genome sequencing on nanoballs. *Nat Biotechnol* **28**, 43-44, doi:10.1038/nbt0110-43 (2010).

## 推荐订购信息

产品类型	产品名称	产品货号
仪器	基因测序仪DNBSEQ-G99ARS	900-000560-00
	MGISP-100RS自动化样本制备系统	900-000070-00
	MGISP-960RS 自动化样本制备系统	900-000100-00
建库试剂	MGIEasy 通用文库转换试剂盒(App-A) (16RXN)	1000004155
	KAPA HyperPrep Kit	07962347001*
	KAPA HyperPure Beads	08963835001*
	KAPA Universal UMI Adapter	09329862001*
	KAPA UDI Primer Mixes, 1 – 96	09134336001*
	KAPA RNA HyperPrep Kit	08098093702*
	KAPA HyperPETE Pan Cancer Panel	09329161001*
	KAPA HyperPETE LC Fusion Panel	09329471001*
	KAPA HyperPETE Reagent Kit	09211624001*
KAPA HyperCapture Bead Kit	09075780001*	
测序试剂	DNBSEQ-G99RS高通量测序试剂套装 (G99 SM App-C FCL PE150)	940-000413-00

\*相关产品可登录罗氏官网进行查阅订购。

## 深圳华大智造科技股份有限公司

深圳市盐田区北山工业区综合楼11栋

☎ 4000-688-114

🌐 [www.mgi-tech.com](http://www.mgi-tech.com)

✉ [MGI-service@mgi-tech.com](mailto:MGI-service@mgi-tech.com)

股票简称：华大智造

股票代码：688114



仅供研究使用

版权声明：本手册版权属于深圳华大智造科技股份有限公司所有,未经本公司书面许可,任何其他个人或组织不得以任何形式将本手册中的各项内容进行复制拷贝、编辑或翻译为其他语言。本手册中所有商标或标识均属于深圳华大智造科技股份有限公司及其提供者所有。

版本：2023年8月版

撰稿：张含菲

责任编辑：王其伟

审稿：江遥