

(全) WES (全外显子测序) 分析流程



黄晶_id (/u/060676b0fa06) [+ 关注](#)

2019.01.24 17:50* 字数 1139 阅读 609 评论 2 喜欢 12

(/u/060676b0fa06)

1. 安装软件配置环境

先安装conda，相当于先给我们的电脑安装一个软件管家

安装conda的方法

```
# 先去清华镜像站搜索你想安装版本的下载链接
mkdir src && cd src
wget -c https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/anaconda/miniconda/Miniconda2-4.5.12-Li
```

回车后系统会自动下载，下载完成后会有一个 Miniconda2-4.5.12-Linux-x86_64.sh
bash文件

```
bash Miniconda2-4.5.12-Linux-x86_64.sh
#这样就相当于激活了Miniconda这个软件，软件安装成功。
```

更改镜像源配置如下：

```
#直接复制粘贴运行这些代码，镜像就配置好了
conda config --add channels https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/anaconda/pkgs/free
conda config --add channels https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/anaconda/cloud/conda
conda config --add channels https://mirrors.tuna.tsinghua.edu.cn/anaconda/cloud/bioconductor
conda config --set show_channel_urls yes
```

然后就可以用conda来安装一系列软件了

注意：安装软件前一定先搜索一下，conda有没有这个软件或者这个软件是不是你以为的名字



高学历



```
conda create -n wes python=2 bwa #创建wes环境
conda info --envs #查看当前环境命令，看看是否添加上了wes环境
source activate wes #启动当前环境

**必须保证所有的软件都是安装在 wes 环境下面**
conda install sra-tools
conda install samtools
conda install -y bcftools vcftools snpeff
conda install -y multiqc qualimap
conda install -y gatk4
```

(/apps/
utm_sc
banner

2.raw fastq

从NCBI上下载SRA数据转成fastq，此时就得到了原始的fastq数据。（下载sra数据特别慢）

```
## 找到SRA数据，下载SRR list
nohup cat SRR_Acc_List.txt | while read id; do (prefetch ${id}); done &
## sra转为fastq
ls SRR5660416.sra | fastq-dump -gzip --split-3 -O ./ SRR5660416.sra #单个测试
cat >sra.sh #写脚本
ls SRR* | while read id; do (fastq-dump -gzip --split-3 -O ./ ${id}) 1>./${id}.sra.log
nohup bash sra.sh & #挂后台运行
```

```
drwxrwxr-x 4 jhuang jhuang 4.0K Jan 25 07:25 ./
-rw-r--r-- 1 jhuang jhuang 1.8G Jan 25 14:54 SRR5943132.sra
-rw-r--r-- 1 jhuang jhuang 1.8G Jan 25 14:54 SRR5943133.sra
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.2G Jan 25 15:38 SRR5943131_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.4G Jan 25 15:38 SRR5943131_2.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 97 Jan 25 15:46 sra.sh
-rw----- 1 jhuang jhuang 0 Jan 25 15:47 nohup.out
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 81 Jan 25 16:14 SRR5943132.sra.sra.log
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.3G Jan 25 16:14 SRR5943132_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.4G Jan 25 16:14 SRR5943132_2.fastq.gz
drwxrwxr-x 2 jhuang jhuang 4.0K Jan 25 16:14 ./
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 81 Jan 25 16:41 SRR5943133.sra.sra.log
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.3G Jan 25 16:41 SRR5943133_1.fastq.gz
-rw-rw-r-- 1 jhuang jhuang 1.4G Jan 25 16:41 SRR5943133_2.fastq.gz
```

得到原始的fastq数据

3.质控得到dean fastq

软件:

- fastqc
- cutadapt
- Trim Galore

fastqc质量报告



```
mkdir 1.fastq_qc && cd 1.fastq_qc
fastqc /home/qmcui/7E5240_L1_A001.L1_1.fastq.gz /home/qmcui/7E5240_L1_A001.L1_2.fastq.gz
```

```
(wes) vip11 20:28:11 ~/project/wes/sra/tmp
$ ls
7E5240_L1_A001.L1_1_fastqc.html 7E5240_L1_A001.L1_2_fastqc.html
7E5240_L1_A001.L1_1_fastqc.zip 7E5240_L1_A001.L1_2_fastqc.zip
(wes) vip11 20:28:13 ~/project/wes/sra/tmp
```

fastqc得到的文件

(/apps/
utm_sc
banner

去接头

```
mkdir 1.fastq_qc && cd 1.fastq_qc
#单个测试
trim_galore --phred33 -q 25 -e 0.1 --length 36 --stringency 3 --paired -o ~/ ../sra/t
```

我们来看下这些数字的含义：

- 去除接头
- 去除低质量碱基(-q 25)
- 最大允许错误率(默认-e 0.1)
- 去除<36的reads(--length 36)
- 切除双端的overlap>3的碱基
- 去除reads以对为单位(--paired)

```
#多个循环 trim_galore
ls /home/qmcui/*1.fastq.gz>./1;cat 1
ls /home/qmcui/*2.fastq.gz>./2;cat 2
paste 1 2 >config
cat >trim.sh
cat config|while read id;do arr=(${id}); fq1=${arr[0]}; fq2=${arr[1]}; echo $fq1 $fq2 >trim.sh
nohup bash mvadaptor.sh &
```

下面跑流程的时候我们用少量sample序列做分析，所以我们每一步会给它先赋值

4.比对mapping

^

+

🔖

♡

🔗

比对目的:

- 将打断测序的reads比回参考基因组
- 得到比对结果sam文本, 用于后续分析

软件:

- bwa(Burrows-Wheeler Aligner对准器)
- bwa 是一款将序列比对到参考基因组上的软件

比对策略:

- index先建立索引
- mem算法(maximal exact matches)

bwa软件的作用是将序列比对到参考基因组上, 在比对之前, 首先需要对参考基因组建立索引。

```
#1. 建立project路径
mkdir 0.config 2.mapping
#2. 建立索引
ln -s /public/biosoft/GATK/resources/bundle/hg38/Homo_sapiens_assembly38.fasta /home/
bwa index /home/jhuang/project/wes/0.config/hg38.fa
## 人类参考基因组 hg38.fa
```

索引建立好之后, 会生成5个文件, 后缀分别为 .bwt / .pac / .ann / .amb / .sa

索引建好之后我们开始用baw比对, 比对结果是要生成排好序的bam, 有两个策略:

- bwa生成sam转bam,然后再排序。
- bwa比对时直接利用管道符'|'直接生成排序bam (推荐)

这里这两种方法都介绍, 但跑的时候建议用第二种

bwa首先生成sam文件:

```
## 先赋值
sample="7E5241"
INDEX="/home/qmcui/database/reference/index/bwa/hg38" (比对基因组所放的位置)
fq1="/home/qmcui/7E5239.L1_1_val_1.fq.gz"
fq2="/home/qmcui/7E5239.L1_2_val_2.fq.gz"
(这里的fq1、fq2是经过过滤得到的fastq文件)

**单个样品比对
bwa mem -t 5 -R "@RG\tID:$sample\tSM:$sample\tLB:WGS\tPL:Illumina" $INDEX $fq1 $fq2 |
## 1>7E5241.sam 2>7E5241.log` 条命令是说正确的运行结果放入命名为7E5241.sam的文档, 错误的放
```

再将上步生成的sam文件转成bam

bam文件是二进制文件, 占内存小, 一般存bam删sam

(/apps/
utm_sc
banner

高学历



```
## sam转bam
samtools view -bS -h 7E5241.sam > 7E5241.bam
或者
samtools view -bS -h 7E5241.sam -o 7E5241.bam
```

(/apps/
utm_sc
banner

bam查看方法

```
samtools view -h smaple.bam |less -S
或者
samtools view smaple.bam |less -S
```

bam文件排序 (sort)

sort目的:

- 用于后续软件分析
- 提取bam序列

软件: samtools(sort参数)

```
## 建立路径
mkdir 3.sort_bam && cd 3.sort_bam
## 排序bam
samtools sort -@ 5 ../2.mapping/7E5241.bam -o 7E5241.sort.bam
```

下面介绍一步到位生成sort.bam

```
## 先赋值
sample="7E5241"
INDEX="/home/qmcui/database/reference/index/bwa/hg38" (比对基因组所放的位置)
fq1="/home/qmcui/7E5239.L1_1_val_1.fq.gz"
fq2="/home/qmcui/7E5239.L1_2_val_2.fq.gz"
##
bwa mem -t 5 -R
"@RG\tID:$sample\tSM:$sample\tLB:WGS\tPL:Illumina" $INDEX
$fq1 $fq2 | samtools sort -@ 5 -o $sample.sort.bam -
### bam统计
*单个测试
samtools flagstat /home/qmcui/7E5241.chr1_2.sort.bam
*多个
ls *.bam | while read id ;do (samtools flagstat $id > $(basename$id ".bam").stat);done
```

5.Mark PCR重复

此步的目的:

- 标记/删除PCR重复的reads
- 为后续call变异位点增加可信度, 去掉假阳性

软件: GATK4(MarkDuplicates)



高学历



```
mkdir 4.gatk_markdup && cd 4.gatk_markdup

sample="7E5241"
gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" MarkDuplicates -I /home/qmcui/7E524
```

(/apps/
utm_sc
banner

6.找变异

目的:

- 得到vcf前矫正的bam步骤

参数:

- sample赋值
- -I 输入文件
- -O 输出文件
- 1> 重定向标准输出
- 2> 重定向错误输出到1的文
件内(目的: 记录程序运行日志)

软件:

- GATK 子命令FixMateInformation
- samtools 子命令index 建索引

6.1标记flagstat

```
### 建立路径
mkdir 6.gatk_bam && cd 6.gatk_bam
### 找变异
sample="7E5241"
gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" FixMateInformation -I ${sample}_ma
samtools index ${sample}_marked_fixed.bam
```

6.2找变异

```
sample="7E5241"
ref="/home/qmcui/database/reference/index/hisat/hg38/hg38.fa"
indel="/home/qmcui/tmp/Mills_and_1000G_gold_standard.indels.hg38.vcf.gz"
snps="/home/qmcui/dbsnp_146.hg38.vcf.gz"

gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" BaseRecalibrator -R $ref -I ${samp
```

6.3矫正bam

```
sample="7E5241"
ref="/home/qmcui/database/reference/index/hisat/hg38/hg38.fa"
indel="/home/qmcui/tmp/Mills_and_1000G_gold_standard.indels.hg38.vcf.gz"

gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" ApplyBQSR -R $ref -I ${sample}_mar
```





6.4 calling variation得到vcf

```
mkdir gatk_single_vcf && cd gatk_single_vcf
ref="/home/qmcui/database/reference/index/hisat/hg38/hg38.fa"
"snp="/home/qmcui/dbsnp_146.hg38.vcf.gz
gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=." HaplotypeCaller -R $ref -I ${sample}
```

(/apps/
utm_sc
banner

得到_raw.vcf文件找变异这步就算成功

6.5 得到gvcf文件

3个样本循环（一个样本1.5h的耗时）所以把它挂后台运行吧（nohup）。

参数：

- ERC 指定类型
- -R 参考基因组
- -I 输入的bam(bqsr bam)
- dbsnp数据库
- -O 输出文件

软件：GATK

```
## sample是不同的样本，可以把样本写入一个txt文档中
cat bq_bam.txt
7E5239
7E5240
7E5241
^C
cat >bq_bam.sh
ref="/home/qmcui/database/reference/index/hisat/hg38/hg38.fa"
snp="/home/qmcui/dbsnp_146.hg38.vcf.gz"
cat bq_bam.txt| while read sample
do gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=." HaplotypeCaller -ERC GVCF -R $ref -I ${sample}.bqsr.bam -O ${sample}.gvcf
done
nohup bash bq_bam.sh &
samtools index ${sample}.bqsr.bam # 核查bam是否建索引
```

6.6合并上步生成的gvcf，按染色体来找变异



(/apps/
utm_sc
banner

参数:

- -L 区域(可多个)
- -R 参考基因组
- -V 一个样本的gvcf
- -V 再一个, 可追加
- --genomicsdb先生成db文件

软件:

- GATK
- GenomicsDBImport合并gvcf
- GenotypeGVCFs工具对gvcf文件进行 joint genotyping

```
#先将染色体按条数分开
seq 22|while read id;do echo chr${id};done >bed.txt
cat >>bed.txt
chrX
chrY
chrM
#合并样本的gvcf
ref="/home/qmcui/database/reference/index/hisat/hg38/hg38.fa"
snp="/home/qmcui/dbsnp_146.hg38.vcf.gz"
cat bed.txt|while read bed;do gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" GenomicsDBImport -R $ref -V gendb:/
gatk --java-options "-Xmx20G -Djava.io.tmpdir=/" GenotypeGVCFs \ -R $ref -V gendb:/

#合并gvcf
gatk MergeVcfs -I final_chr2.vcf -I final_chr1.vcf -O raw.combine.vcf.gz
```



高学历

7.过滤

由raw vcf经过滤得到HQ vcf

过滤流程

7.1 vcf snp过滤



目的:

- 过滤snp的vcf

参数:

- -select-type 筛选类型
- -V 输入文件
- --filter-expression 过滤参数
- -I 输入文件
- -O 输出
- exclude-filtered true: **过滤**

非pass**软件:**

SelectVariants 还可以设置---min-indel-size 2、--max-indel-size 5 -R \$ref

```
mkdir 7.vcf_filter && cd 7.vcf_filter
mv ../raw.combine.vcf.gz ./
```

##意思就是把上步生成的合并的gvcf文件`raw.combine.vcf.gz`放入到当前目录下。

```
##提取snp为单独文件,
gatk SelectVariants -select-type SNP -V raw.combine.vcf.gz -O raw.snp.vcf.gz
#设置过滤参数进行过滤
# -filter-expression "QUAL < 30.0 || QD < 2.0 || MQ < 40.0 || FS > 60.0 || SOR > 3.0"

gatk VariantFiltration -V raw.snp.vcf.gz --filter-expression "QUAL < 30.0 || QD < 2.0 || MQ < 40.0 || FS > 60.0 || SOR > 3.0" -O filter.snp.vcf.gz
```

标记过滤参数下要被过滤及合格的序列

```
#过滤
#`--exclude-filtered true`过滤掉非pass的
gatk SelectVariants --exclude-filtered true -V filter.snp.vcf.gz -O filtered.snp.vcf.gz
```

```
zless -S filter.indel.vcf.gz | grep -v '^#' | cut -f 7 | sort | uniq -c
zless -S filtered.snp.vcf.gz | grep -v '^#' | cut -f 7 | sort | uniq -c
#查看过滤前和过滤后文件的内容, 第七列标记了pass或是要被过滤的信息
```



7.2 vcf indel过滤

步骤与snp过滤相同，过滤参数不同

```
gatk SelectVariants -select-type INDEL -V raw.combine.vcf.gz -O raw.indel.vcf.gz
gatk VariantFiltration -V raw.indel.vcf.gz --filter-expression "QUAL < 30.0 | QD < 2.0"
--filter-name "Filter" -O filter.indel.vcf.gz
gatk SelectVariants --exclude-filtered true -V filter.indel.vcf.gz \
-O filtered.indel.vcf.gz
#过滤后的snp与indel合并（可以不合并）
gatk MergeVcfs -I filtered.snp.vcf.gz -I filtered.indel.vcf.gz -O combine.filtered.vcf.gz
```

8.ANNOVAR注释

目的：

- 注释vcf

参数：

- convert2annovar perl脚本生成注释需要文件
- annotate_variation 注释

软件：

- annovar 的perl脚本

8.1输入文件格式转换

```
# convert2annovar.pl 可将多种格式转为ANNOVAR使用.avinput格式；
# -format vcf4 表明输入文件`filtered.indel.vcf.gz`是vcf格式的内容
# -allsample 将输入filtered.indel.vcf.gz中3个样本按每个样本输出到单一的.avinput文件
dir=/home/qmcui/software/ANNOVAR/annovar/
$dir/convert2annovar.pl -format vcf4 -allsample filtered.indel.vcf.gz -outfile anno
```

8.2 ANNOVAR注释功能



```
#根据基因注释
cat >id.txt
anno.7E5239
anno.7E5240
anno.7E5241

# -geneanno 基于基因的注释
# -buildver hg38 默认使用hg18
#`$id.avinput`输入文件
dir=/home/qmcui/software/ANNOVAR/annovar/
db=$dir/humandb/
ls $db
cat id.txt|while read id; do ($dir/annotate_variation.pl -geneanno -buildver hg38 $id
```

(/apps/
utm_sc
banner

小礼物走一走，来简书关注我

赞赏支持

📖 总结整理 (/nb/35285178)

举报文章 © 著作权归作者所有



黄晶_id (/u/060676b0fa06)

写了 82014 字，被 148 人关注，获得了 219 个喜欢
(/u/060676b0fa06)

+ 关注

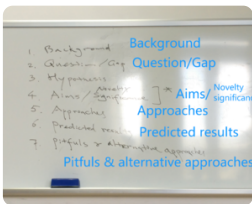
喜欢 | 12

更多分享

被以下专题收入，发现更多相似内容

+ 收入我的专题

(/p/61f2e7a765bd?)



^

+

🔖

❤️


🔍

utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommenc

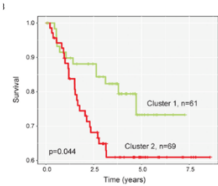
老板亲自传授的文献阅读方法 (/p/61f2e7a765bd?utm_campaign=maleski...

前言 论一个气场合适的导师的重要性。想起一个微信朋友前截图 A：导师牛不牛，师兄师姐牛不牛，跟你牛

不牛没有关系 B：你错啦，导师牛不牛，师兄师姐牛不牛，很大程度上决定我牛不牛。 演示招式 其实有时...


 春卷00 (/u/6323855c2fa2?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation (/apps/utm_source_banner (/p/c5fb82f91e08?



utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 对方向扔了一个赤果果的生信分析SCI思路 (/p/c5fb82f91e08?utm_campaign=...

作者：白介素2 很久没有写稿子了，今天给大家分享一篇纯生信的SCI,思路简单粗暴。文章2017年发表在Oncotarget上(虽然已经牺牲了)，但是我们可以取其精华呀，只要还有值得我们学习的地方，我们就挖掘出...


 白介素2 (/u/3019130068f1?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation (/p/2055db183907?



utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation RNA-seq 数据分析最佳实战 (综述) (/p/2055db183907?utm_campaign=...

知识的学习没有一蹴而就，没有捷径，扎实的学习是唯一的捷径。一篇RNA-seq分析流程的综述，全面而详细！深度好文，可用来反复阅读。初学者用于把握RNA-seq真个流程及各个流程选择上的差异。已经开始...


 dandanwu90 (/u/4467fc299229?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation (/p/ce51b519767f? utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 零代码也能发3分的SCI? 请收下这个套路 (/p/ce51b519767f?utm_campaign=...

作者：白介素2 经常有小伙伴跟我抱怨，没时间没精力去学代码，太复杂了。当然也有些小伙伴确实打起精神开始学，从网上搜了一大堆R语言资料，和生物...

Introduction: Aquaporins (AQPs), also called water channels, have been found to be involved in the regulation, invasion, and proliferation of human breast tumor cells. However, the mRNA expression of AQP1 in different clinical stages and prognostic values according to different kinds of classifications of breast cancer remain unclear.

Materials and methods: In the current study, we used the Cancer Genome Atlas (TCGA) database to analyze the mRNA expression levels of AQP1 in breast cancer patients. The clinical data showed that lower mRNA levels of AQP1 were in high clinical stage breast cancer patients, but AQP1 showed the opposite trend in low clinical stage breast cancer patients. Furthermore, we found that AQP1 and AQP9 were significantly associated with breast cancer prognosis. These significant AQP members might be further explored as new breast cancer prognostic factors.

 白介素2 (/u/3019130068f1?)


utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation (/p/e209219eccb0? (/p/e209219eccb0? utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation

LE
ic profiling identifies
expressed genes associat
nmed cell death of nucell
to biloba L.

utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 转录组+? 分析+? 实验=2区文章 (/p/e209219eccb0?utm_campaign=male...

随着高通量测序技术的发展，越来越多的研究者或多或少的做了一些测序项目，其中尤以转录组测序类最

多。今天小编就给大家带来一篇2月28日发表在BMC Plant Biology (影响因子3.93, 中科院分区二区) 上...

 组学大讲堂 (/u/391ed0195099?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation (/apps/utm_source_banner (/p/d2b226b14799?)



utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 《釜山行》观后感 (/p/d2b226b14799?utm_campaign=maleskine&utm_c...


七月二十日在韩国上映的电影《釜山行》，首映就突破了记录。那时身边的很多人都在向我推荐，我都没空去看，趁着这次国庆放假，我找来了资源打算慢慢观影。晚上一个人在电脑房里观看，本以为是部很吓人...

 汝辈本浴火 (/u/fa915dcf83cb?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation

我还是想成为这样的老师 (/p/cc9eb9d9fc63?utm_campaign=maleskine&...

期中考试已结束，我所带的班级考试结果不尽人意。在教学上，我始终暗示自己，不争名夺利，做好自己的本职工作。然而，我又不得不反省自己的教学方式，我现在的这种方式真的适合这些学生吗？我到底该如...

 宓美人 (/u/5c80166a0bee?)


utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation

(/p/690e6b563d39?)



utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 我为什么要打12345? (/p/690e6b563d39?utm_campaign=maleskine&ut...

柯桥区老小区改造工程如火如荼地进行着，也许过些时候真的会比原来好？但这只是也许，因为眼前，许许多多的普通百姓遭殃受罪，年纪大的老人们，被改造引发的诸多事情而气得血压升高。我早几天为我住的4...

 胡亚红 (/u/d1559aa1b7ff?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation

(/p/433dd1d568a6?)



utm_campaign=maleskine&utm_content=note&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommendation 在这个“成三”的浪潮中，他连成双的勇气都没有 (/p/433dd1d568a6?utm_c...

1、“风哥，下个月我结婚，记得过来喝杯喜酒。”“风仔，我失恋又热恋了，你什么时候不用再喂狗粮？”“小风，在我们村，你这个年纪都在结婚生娃了，要不改天阿姨给你介绍个姑娘处处。”面对过往的同学，好友...

^


+

🔖

❤️

🔗




 愛絲美拉達 (/u/dfa0d72cb051?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommenc

车体部焊装二区“大干六十天，奔腾向前冲”活动所记 (/p/34cbea3749a3?ut...

奔腾T77车型从上线试生产到下线仪式，再到今天的上市销售，经历了一个又一个艰难的阶段跳跃。作为奔腾事业本部的生命之车，部里的全体员工日以继夜，为了奔腾T77的顺利量产而奋战。为了更好的激励员...

 张树超_hzcj (/u/8b4dc8dd8367?)

utm_campaign=maleskine&utm_content=user&utm_medium=seo_notes&utm_source=recommenc

(/apps/
utm_sc
banner



^

+

🔖

❤

🔗