

分子植物育种
Molecular Plant Breeding
ISSN 1672-416X, CN 46-1068/S

《分子植物育种》网络首发论文

题目：藏药细果角茴香转录组 SSR 分布特征分析
作者：张晶，文怀秀，王卫东，邵赞，梅丽娟，陶燕铎
网络首发日期：2020-10-26
引用格式：张晶，文怀秀，王卫东，邵赞，梅丽娟，陶燕铎. 藏药细果角茴香转录组 SSR 分布特征分析. 分子植物育种.
<https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20201026.0910.002.html>



网络首发：在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

出版确认：纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

研究报告

Research Report

藏药细果角茴香转录组 SSR 分布特征分析

张晶^{1,2} 文怀秀¹ 王卫东^{1,2} 邵赟¹ 梅丽娟¹ 陶燕铎^{1*}

1 中国科学院西北高原生物研究所, 中国科学院藏药研究重点实验室, 西宁, 810008; 2 中国科学院大学, 北京, 100049

*通信作者, whx@nwipb.cas.cn

摘要 为探究藏药细果角茴香转录组中简单重复序列位点信息, 本研究利用 Illumina Hi Seq™ 2500 高通量测序平台, RNA-Seq 测序技术对藏药细果角茴香植株进行测序, 并采用生物信息学 MISA 数据分析进行拼接后查找 SSR 位点。细果角茴香转录组测序共获得 27979 个重复单元长度为 2~6 个碱基的微卫星重复序列, 总的 SSR 碱基数为 142108085 bp, 平均每 3.1kb 出现 1 个 SSR 位点。细果角茴香 SSR 中主要重复单元类型为三碱基, 占 SSR 总数的 68.34%, 在统计的 213 种重复类型中(AAG/CTT)_n 所占比例最高为 (7773, 27.78%), 其次是(AG/CT)_n(4735, 16.92%)和(ATC/ATG)_n(2420, 8.65%), 藏药细果角茴香转录组中 SSR 位点分布频率较高, 重复单元类型丰富。研究首次基于细果角茴香转录组高通量测序数据开发了 SSR 分子标记, 为细果角茴香遗传连锁图谱、DNA 指纹图谱、遗传多样性评价、种植资源收集与鉴定和分子标记辅助育种等工作提供了科学基础。

关键词 细果角茴香; RNA-Seq 技术; 转录组; SSR 标记; 生物信息

SSR Loci Information Analysis in Transcriptome of *Hypocoum leptocarpum* Hook. f. et Thoms

Zhang Jing^{1,2} Wen Huaixiu¹ Wang Weidong^{1,2} Shao Yun¹ Mei Lijuan¹ Tao Yanduo^{1*}

1 Key Laboratory of Tibetan Medicine Research, Chinese Academy of Sciences, Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, 810008; 2 University of Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100049

*Corresponding author, whx@nwipb.cas.cn

Abstract In order to explore the information of the simple repetitive sequence sites in the transcriptome of *Hypocoum leptocarpum* Hook. f .et Thoms, this study used the Illumina Hi Seq™ 2500 high-throughput sequencing platform and RNA-Seq sequencing technology to sequence the *Hypocoum leptocarpum* Hook. f .et Thoms, and used biological Informatics MISA data analysis is performed to find SSR after splicing. A total of 27,979 microsatellite repeats with a length of 2 to 6 bases were sequenced from the transcriptome of *H. leptocarpum*. The total number of SSR bases was 142108085 bp, with an average of 1 SSR site per 3.1 kb. The main repeat unit type of *H. leptocarpum* SSR is Trinucleotide, accounting for 68.34% of the total number of SSRs. Among the 213 repeat types, (AAG / CTT) n accounts for the highest proportion (7773, 27.78%), followed by (AG / CT) n (4735, 16.92%) and (ATC / ATG) n (2420, 8.65%), the distribution of SSR microdots in the transcriptome of the *H. leptocarpum* is high, and the types of repeating units are abundant. In this study, SSR molecular markers were developed for the first time based on high-throughput sequencing data from the transcriptome of *H. leptocarpum*, which is providing a scientific basis for the genetic linkage maps, DNA fingerprints, evaluation of genetic diversity, collection and identification of plant resources, and molecular marker-assisted breeding.

Keywords *Hypocoum leptocarpum* Hook. f .et Thoms.; RNA-Seq technology; Transcriptome; SSR markers; Biological information

藏药细果角茴香是罂粟科(Papaveraceae)植物角茴香属(*Hypocoum leptocarpum* Hook. f .et Thoms.)的干燥全草。细果角茴香暂未收录于《中国药典》中,它是现行部颁《藏药标准》(中华人民共和国卫生部,1995,人民卫生出版社,pp.41)收录的角茴香正品药材之一,作为常用的传统藏药被称为“巴尔巴达”。其性味苦寒,有小毒,具有清热解毒,消炎镇痛,凉血等功效,可用于治疗热性传染病的高烧,感冒发烧头痛及关节疼痛,也可用于解食物中毒(巩江等,2011)。角茴香属植物的主要化学成分为生物碱类、黄酮类和多糖类化合物,其中生物碱类成分活性最为显著,如原阿片碱具有镇痛、抗心律失常、抗血小板凝集作用(Slaninová et

al., 2014)。

SSR (Simple sequence repeats)简单重复序列, 又称为微卫星标记或短串联重复序列, 是均匀分布于原核生物和真核生物基因中(Wang et al., 2013)的简单重复序列。SSR 标记因其具有多态性、共显性、可重复、数量丰富等特点, 广泛用于品种鉴定、遗传图谱构建、遗传多样性分析和分子标记辅助育等研究(张涵等, 2019)。近几年来, 随着高通量测序技术的发展和应用, SSR 技术在药用植物研究中越来越多, 如人参(邹丽秋等, 2016)、甘草(分辛倩, 2019)、丹参(刘欣雨等, 2019)等植物的转录组测序和分析已经完成, 并且发现了大量参与药用次生代谢产物合成调控相关的基因, 可以为后期的引物设计和筛选提供相应的理论指导。现有对高原特色稀有植物资源 SSR 标记的研究报道非常有限(郝广婧等, 2019; 任重等, 2020), 为了保护及合理的开发西北高原特有的珍稀种质资源, 本研究利用 Illumina HiSeq 2500 测序平台, 对传统藏药细果角茴香进行转录组测序的分析, 获得不同的 SSR 位点序列分布特征、不同碱基重复的类型及分布频率, 为细果角茴香成分代谢途径的研究及分子标记的辅助育种技术奠定基础。

1 结果与分析

1.1 转录组中的 SSR 的重复单元类型

本研究对细果角茴香进行转录组测序共获得 27979 个重复序列, 总的 SSR 碱基数为 142 108 085 bp, 平均每 3.1 kb 出现 1 个 SSR 位点。对检测到的 SSR 位点统计结果可知, 细果角茴香转录组中 SSR 重复类型较多, 二至六核苷酸重复种类均出现, 但出现频率略有差异, 重复单元类型较多的主要以三核苷酸为主, 占总数的 68.34%, 其次是二核苷酸, 占总数的 25.32%, 四、五、六核苷酸重复类型数量依次减少, 分别占总数的 4.09%、1.21%、1.04% (表 1)。

表 1 细果角茴香转录组 SSR 的类型、数量以及分布频率

Table 1 Type, number and frequency of SSRs in *H. leptocarpum*

重复基元长度	重复次数	总计	比例(%)
Repeat motif	Repeat number	Total	Ratio (%)

length	5	6	7	8	9	10	11-20	>20		
二核苷酸	0	2544	1433	894	547	425	1076	165	7084	25.32
Di										
三核苷酸	8892	4453	2543	1737	398	327	747	23	19120	68.34
Tri										
四核苷酸	719	294	50	36	18	12	16	0	1145	4.09
Tetra										
五核苷酸	245	41	26	11	8	2	5	0	338	1.21
Penta										
六核苷酸	126	94	31	20	9	8	4	0	292	1.04
Hexa										
总计	9982	7426	4083	2698	980	774	1848	188	27979	100.00
Total										
比例(%)	35.68	26.54	14.59	9.64	3.50	2.77	6.60	0.67	100.00	
Ratio (%)										

1.2 转录组中 SSR 重复基元碱基组成

根据碱基互补原则，对实验数据进行统计分析可得：二、三、四、五、六核苷酸基元数依次增加，分别为 4、10、30、60 和 109 种，共计 213 种基元，各基元分布的频率如图 1 所示。其中二核苷酸出现比例最高为 AG/CT (4735, 16.92%)，三核苷酸为 AAG/CTT (7773, 27.78%)，四、五、六核苷酸中各种基元的重复频率均较低。

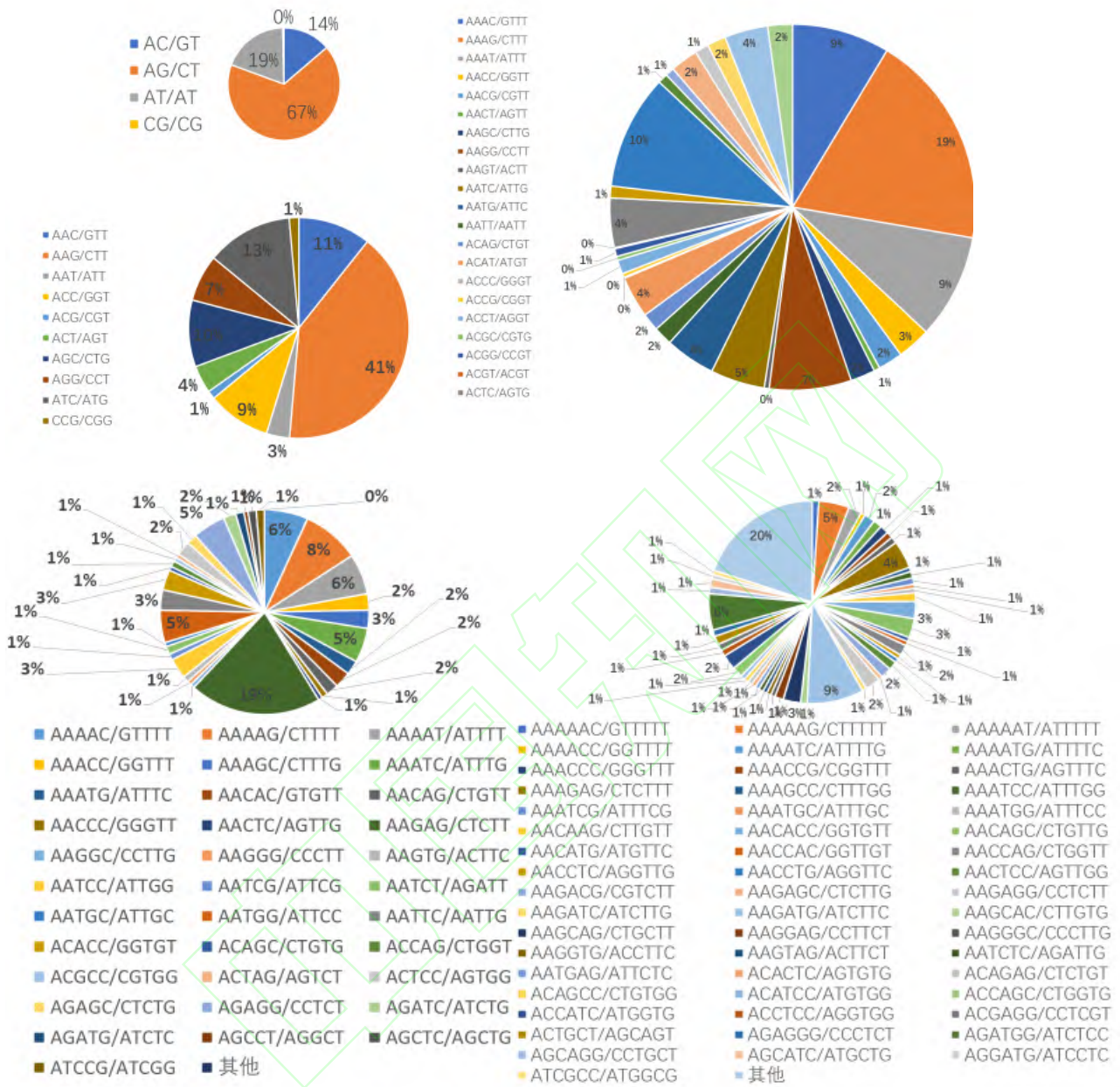


图 1 细果角茴香转录组 SSR 不同的重复类型各基元比例

注: 其他代表未列出的其余基元总称

Figure 1 Motif proportions of each types of repeat in *H. leptocarpum*

Note: Others demote all repeat motifs for being listed in the bar

1.3 转录组中 SSR 重复基元次数

不同重复类型的 SSR 重复次数如结果所示(图 2), 转录组 SSR 重复单元的重复次数主要分布在 5~32

次之间，集中出现在 5-16 次。除单核苷酸外，SSR 各重复类型均随着重复次数的增加，出现频率降低。

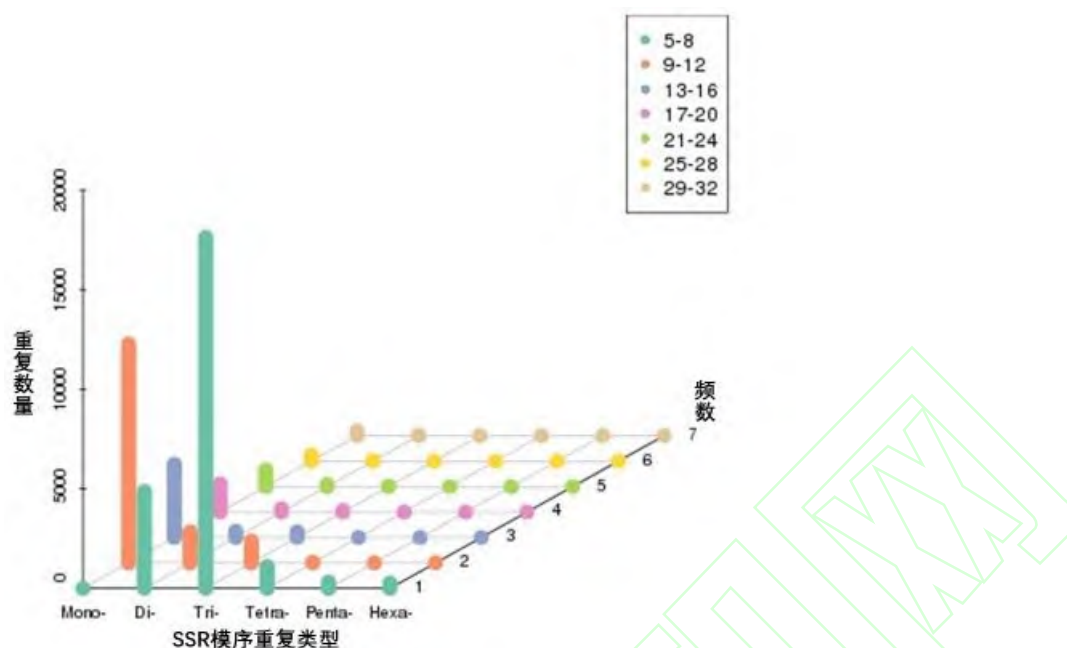


图 2 细果角茴香转录组 SSR 不同重复类型和重复次数的数量分布

Figure 2 Quantitative distribution of different motif lengths and repeats in transcriptome SSR of *H. leptocarpum*

2 讨论

经测序分析，细果角茴香转录组中在总长为 142 108 085 bp 的有效读长中发现有 45 918 个微卫星分布，平均每 3 094.8 bp 出现 1 个微卫星，其主要重复单元类型为三碱基重复，(AAG/CTT)_n 所占比例最高为(7773, 27.78%)。从现有的文章研究报道来看，大多数药用植物的 SSR 转录组重复类型，主要为二核苷酸和三核苷酸重复类型，例如在藏茵陈川西獐牙菜(刘越等, 2015)、唐古特红景天(雷淑芸等, 2014)、云南松(蔡年辉等, 2015)、多裂骆驼蓬叶片、罂粟(Şelale et al., 2013)中都是以三核苷酸重复为主，而在云南金花茶(叶鹏等, 2019)、黑果枸杞(郝广婧等, 2019; 虞杭等, 2018, 江苏农业科学, 46(14): 24-27)、金银花(蒋超等, 2012)、人参(Li et al., 2013)、白屈菜(Pourmazaheri et al., 2019)等植物种中则是二核苷酸重复占主导，因此主导的重复基序不会因植物生长海拔和环境而表达出差异性。在细果角茴香转录组 SSR 统计的 213 种重复类型中 (AAG/CTT)_n 所占比例最高(7773, 27.78%)、其次为(AG/CT)_n(4735, 16.92%)和(ATC/ATG)_n(2420, 8.65%)，与黑果枸杞(郝广婧等, 2019; 虞杭等, 2018, 江苏农业科学, 46(14): 24-27)的类型相似，在黑果枸杞 46 种重复

类型中(AG/CT)_n所占比例最高(1 195, 5.90%), 对比一些其他药用植物 SSR 转录组分析, 发现这两种重复基元都不是最主要的重复类型, 而出现这种重复基元的差别原因, 可能是与物种的差异性有关。例如党参(王东等, 2014)二碱基重复基元类型主要为 AG, CT 和 TC 三种, 三碱基重复基元类型主要为 AAG/TTC 和 GAA/TCC 两种。

根据文献报道, 关于罂粟科植物的转录组 SSR 研究, 例如在罂粟科植物鸦片罂粟中使用 MISA 程序检测了嵌入 CYP82Y1 基因启动子区域的 SSR, 该启动子区域被发现是诺斯卡品生物合成途径中第一个关键的酶。在白屈菜转录组 SSR 中, 发现了与苯异喹啉生物碱(BIAs)途径中的 5 个编码酶的关键基因, 以及 10 个以前在该植物中未检测到的保守的 miRNAs (Abedini et al., 2018)。因此, 通过分析细果角茴香转录组数据结果, 获取出现不同频率的 SSR 位点, 分析统计不同的基元种类及多态性, 从而可以为下一步开发 SSR 分子标记提供基础数据, 为后续的筛选奠定生物信息学基础。对特有藏药细果角茴香资源种质多样性鉴定、遗传图谱分析及分子辅助育种提供更合理、更有效的科学依据。

3 材料与方法

3.1 供试材料

2018 年 7 月在青海省大通县大坂山(37°18'42"N, 101°25'17"E), 经中国科学院西北高原生物研究所梅丽娟研究员鉴定为细果角茴香 *Hypecoum leptocarpum* Hook. f. et Thoms. 的新鲜植株, 标本号: HNWP-0333370, 馆藏: 青藏高原生物标本馆。分别采集 3 株新鲜植株, 用纯水清洗植株地下根部泥土, 并对地上部分喷洒酒精, 稍作灭菌处理后立即放入冻存管中, 进行标记后放入液氮中冷冻保存, 带回实验室后保存于 -80℃ 冰箱中。

3.2 RNA 的提取

采用植物总 RNA 提取试剂盒(DP432, 北京天根生化科技有限公司)分别提取三个重复植物的总 RNA, 操作步骤按试剂盒说明书进行。

3.3 RNA 文库的构建

采用带有 Oligo(dT)的磁珠富集真核生物 mRNA，随后加入 fragmentation buffer 将 mRNA 打断成短片段，以 mRNA 为模板，用六碱基随机引物(Random hexamers)合成一链 cDNA，然后加入缓冲液、dNTPs、DNA polymerase I 和 RNase H 合成二链 cDNA，再用 AMPure XP beads 纯化双链 cDNA。纯化得到的双链 cDNA 先进行末端修复、加 A 尾并连接测序接头，再用 AMPure XP beads 进行片段大小选择。最后进行 PCR 扩增，并用 AMPure XP beads 纯化 PCR 产物，得到最终的文库。文库构建完成后，先使用 Qubit 2.0 进行初步定量，稀释文库至 1.5 ng/μL，随后使用 Agilent 2100 对文库的 insert size 进行检测，insert size 符合预期后，使用 Q-PCR 方法对文库的有效浓度进行准确定量(文库有效浓度>2nmol/L)，以保证文库质量。库检合格后，进行 Illumina HiSeq 测序(李彦等, 2018)。

3.4 转录组 SSR 位点的筛选

使用软件 MISA(MicroSatellite identification tool, <http://pgrc.ipkgatersleben.de/misa/>) (Beier et al., 2017)对其进行 SSR 位点检索,SSR 重复类型与最少重复次数设定如下：单核苷酸(10 次)、双核苷酸(6 次)、三核苷酸(5 次)、四核苷酸(5 次)、五核苷酸(5 次)和六核苷酸(5 次)。用 SSR 出现频率及其分布的平均距离、重复类型、基元组成等分析细果茴香 SSR 的分布特征，其中出现频率=搜索到的 SSR 数量/总 Unigene 序列数量；SSR 分布的平均距离=总 Unigene 长度/搜索到的 SSR 数量(蔡年辉等, 2015)。

作者贡献

张晶和文怀秀是本研究的实验设计和实验研究的执行人，并且完成数据分析，论文初稿的写作；王卫东参与野外植物样本的采集；邵赟、梅丽娟及陶燕铎是项目的构思者及负责人，指导实验设计，数据分析，论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由基金项目为青海省应用基础研究项目(No.2018-ZJ-745)和中国科学院“西部青年学者”A 类项目(2017)共同资助。

参考文献

Abedini D., Monfared S.R., and Abbasi A., 2018, The effects of promoter variations of the N-Methylcanadine 1-Hydroxylase

(CYP82Y1) gene on the noscapine production in opium poppy, *Scientific Reports*, 8(1): 1-11

Beier S., Thiel T., Muench T., Scholz U., and Mascher M., 2017, MISA—web: a web server for microsatellite prediction, *Bioinformatics*, 33(16): 2583

Cai N.H., Xu Y.L., Xu Y., Deng L.L., Zhou L., Wang D.W., He C.Z., and Duan A.A., 2015, The distribution and characteristics of SSR in transcriptome of *Pinus yunnanensis*, *Yunnan Daxue Xuebao (Journal of Yunnan University)*, 37(5): 770-778 (蔡年辉, 许玉兰, 徐杨, 邓丽丽, 周丽, 王大玮, 何承忠, 段安安, 2015, 云南松转录组 SSR 的分布及其序列特征, 云南大学学报 (自然科学版), 37(5): 770-778)

Fen X.Q., 2019, Hybridization area composition and Interspecies introgression *Glycyrrhiza* L. revealed by transcriptome microsatellite markers, Shihezi University, pp.8 (分辛倩, 2019, 基于转录组 SSR 分子标记的甘草属植物杂交区组成及种间基因渐渗研究, 石河子大学, pp.8)

Gong J., Gao A., Jia X., Wang C.C., Li N., Chen Y.D., Wang M., Zheng H., and Ni S.F., 2011, An overview of pharmaceutical research on *Hypocoum* L. of Tibetan medicine, *Anhui Nongye Kexue (Journal of Anhui Agricultural Sciences)*, 39(14): 8374-8375 (巩江, 高昂, 贾旭, 王聪聪, 李娜, 陈晔丹, 王明, 郑辉, 倪士峰, 2011, 藏药角茴香属植物药学研究概况, 安徽农业科学, 39(14):8374-8375)

Hao G.J., Qi Y.Y., Zhang D.F., and Zhu C.Y., 2019, Analysis of SSR distribution characteristics and Primer design of *Lycium ruthenicum* Murr. based on transcriptome, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)* 17(13): 4342-4350 (郝广婧, 祁银燕, 张得芳, 朱春云, 2019, 基于转录组的黑果枸杞 SSR 分布特征分析及引物设计, 分子植物育种, 17(13): 4342-4350)

Jiang C., Yuan Y., Liu G.M., Huang L.Q., Wang X.M., Yu J., and Chen M., 2012, EST-SSR identification of *Lonicera japonica* Thunb., *Yaoxue Xuebao (Acta Pharmaceutica Sinica)* 47(6): 803-810 (蒋超, 袁媛, 刘贵明, 黄璐琦, 王绪敏, 于军, 陈敏, 2012, 基于 EST-SSR 的金银花分子鉴别方法研究, 药学学报, 47(6): 803-810)

Lei S.Y., Gao Q.B., Fu P.C., Yang H.L., Chen S.L., and Zhang Q.F., 2014, Analysis on microsatellites in *Rhodiola algida* based on solexa sequencing, *Zhiwu Yanjiu (Bulletin of Botanical Research)*, 34(6): 829-834 (雷淑芸, 高庆波, 付鹏程, 杨慧玲, 陈世

- 龙, 张发起, 2014, 基于 Solexa 高通量测序的唐古特红景天(*Rhodiola algida*)微卫星信息分析, 植物研究, 34(6): 829-834)
- Li C.F., Zhu Y.J., Guo X., Sun C., Luo H.M., Song J.Y., Li Y., Wang L. Z., Qian J., and Chen S.L., 2013, Transcriptome analysis reveals ginsenosides biosynthetic genes, microRNAs and simple sequence repeats in *Panax ginseng* C. A. Meyer, BMC Genomics, 14: 245
- Li Y., Gengji Z.M., Jia L.K., Wang Z.H., Chen S.L., and Gao Q.B., 2018, Analysis of SSR Information in Transcriptome Sequences of *Saxifraga sinomontana*, Zhiwu Yanjiu (Bulletin of Botanical Research), 38(6): 939-947 (李彦, 更吉卓玛, 贾留坤, 王智华, 陈世龙, 高庆波, 2018, 山地虎耳草转录组 SSR 信息分析, 植物研究, 38(6): 939-947)
- Liu X.Y., Wei Y.K., and Li G.B., 2019, Development and characterization of microsatellite markers for the East Asia *Salvia* group using transcriptome sequencing, Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding), 17(22): 7445-7452 (刘欣雨, 魏宇昆, 李桂彬, 2019, 丹参转录组的微卫星位点(SSR)特征及属内通用引物的开发, 分子植物育种, 17(22): 7445-7452)
- Liu Y., Yue C.J., Wang Y., Ma J.Q., Sun H.B., Luo M., Ma P.J., Zhang L.X., Ma X., Chen C.C., Li H., and Tang L., 2015, Data mining of simple sequence repeats in transcriptome sequences of Tibetan medicinal plant *Zangyinchen Swertia mussotii*, Zhongguo Zhongyao Zazhi (China Journal of Chinese Materia Medica), 40(11): 2068-2076 (刘越, 岳春江, 王翊, 马加强, 孙洪波, 罗敏, 马鹏举, 张琳霞, 马徐, 陈川川, 李华, 唐丽, 2015, 藏茵陈川西獐牙菜转录组 SSR 信息分析, 中国中药杂志, 40(11): 2068-2076)
- Pourmazaheri H., Soorni A., Kohnerouz B.B., Dehaghi N.K., Kalantar E., Omid M., and Naghavi M.R., 2019, Comparative analysis of the root and leaf transcriptomes in *Chelidonium majus* L, PloS One, 14(4): e0215165
- Ren Z., Wang G. B., Yang X. M., G. Q. R., Fan X. J., and Ren G., 2020, Genetic diversity of Chinese wolfberry (*Lycium ruthenicum* L.) based on SSR molecular markers, Jingjilin Yanjiu (Non-wood Forest Research), 38(3): 95-103 (任重, 汪贵斌, 杨晓明, 郭起荣, 范雪娇, 任钢, 2020, 基于 SSR 分子标记的枸杞遗传多样性研究, 经济林研究, 38(3): 95-103)
- Şelale H., Çelik I., Gültekin V., Allmer J., DoGanlar S., and Frary A., 2013, Development of EST - SSR markers for diversity and breeding studies in opium poppy, Plant Breeding, 132(3): 344-351

- Slaninová I., Pěňčíková K., Urbanová J., Slanina J., and Táborská E, 2014, Antitumour activities of sanguinarine and related alkaloids, *Phytochem. Rev.*, 13(1): 51-68
- Wang D., Cao L.Y., and Gao J.P., 2014, Data mining of simple sequence repeats in *Codonopsis pilosula* transcriptome, *Zhongcaoyao* (Chinese Traditional and Herbal Drugs), 45(16): 2390-2394 (王东, 曹玲亚, 高建平, 2014, 党参转录组中 SSR 位点信息分析, *中草药*, 45(16): 2390-2394)
- Wang H.B., Jiang J.F., Chen S.M., Qi X.Y., Peng H., Li P.R., Song A.P., Guan Z.Y., Fang W.M., Liao Y., and Chen F.D., 2013, Next-generation sequencing of the *Chrysanthemum nankingense* (Asteraceae) transcriptome permits large-scale unigene assembly and SSR marker discovery, *PLoS ONE*, 8(4): 1
- Ye P., Li X. H., Tang J. R., Li B., Zhang G. L., Liu C., Lei H., and Xin P.Y., 2019, Distribution and characteristics of SSR in transcriptome of *Camellia fascicularis*, *Zhongnan Linye Keji Daxue Xuebao* (Journal of Central South University of Forestry & Technology), 39(9): 86-91 (叶鹏, 李显煌, 唐军荣, 李斌, 张贵良, 刘成, 雷瀚, 辛培尧, 2019, 云南金花茶转录组 SSR 的分布及其序列特征, *中南林业科技大学学报*, 39(9): 86-91)
- Zhang H., Wang F., Bai J., Dong Q., Tong X.X., Yuan Y., and Guo J.L., 2019, SSR loci information analysis in transcriptome of *Cordyceps sinensis*, *Zhongguo Zhongyao Zazhi* (China Journal of Chinese Materia Medica), 44(21): 4605-4611 (张涵, 王芳, 白静, 董强, 童锌芯, 袁媛, 国锦琳, 2019, 冬虫夏草转录组 SSR 位点信息分析研究, *中国中药杂志*, 44(21): 4605-4611)
- Zou L.Q., Kuang X.J., Li Y., and Sun C., 2016, Advance in transcriptomic studies of ginseng species, *Zhongguo Zhongyao Zazhi* (China Journal of Chinese Materia Medica), 41(22): 4138-4143 (邹丽秋, 匡雪君, 李滢, 孙超, 2016, 人参属药用植物转录组研究进展, *中国中药杂志*, 41(22): 4138-4143)