

## 基于刚毛棉鼠转录组的微卫星位点筛选及特征分析\*

董浩 张乐颖 孙晓炜 冯宾 王吉吉 李琦 董青花 高强  
陈磊 梁春南 巩薇 付瑞 左琴

(中国食品药品检定研究院 国家啮齿类实验动物资源库,北京 102629)

**摘要:**目的 全面研究刚毛棉鼠转录组中微卫星特征,开发微卫星分子标记,促进该实验动物资源的开放共享。  
方法 采用 RNA-seq 测序技术对刚毛棉鼠的 5 种组织(心脏、肝、脾、肺和肾)进行转录组测序,使用 MISA 软件进行微卫星位点的检索。随机挑选 30 条预测的微卫星序列进行 PCR 验证。**结果** 基于刚毛棉鼠转录组测序获得的 216 139 条 unigenes,搜索到 114 469 个微卫星位点,这些微卫星位点分布于 69 631 个 unigenes 序列中。所有的微卫星共用 6 种重复形式,核苷酸重复类型以单核苷酸和二核苷酸为主,分别占微卫星总数的 53.32% 和 34.52%。A/T 和 AC/GT 重复单元出现频率较高,分别占刚毛棉鼠微卫星总数的 49.47% 和 24.26%。微卫星的序列长度分布为 10~617 bp,其中 10~20 bp 的微卫星数量为 83 761 条,占微卫星总数的 73.17%。随机选取 30 个微卫星序列设计引物进行 PCR 验证,结果 25 个扩增成功。**结论** 本研究通过转录组测序分析获得了刚毛棉鼠丰富的微卫星信息,为进一步研究刚毛棉鼠的微卫星分子标记、遗传质量评价和种质资源的开发利用奠定了基础。

**关键词:** 刚毛棉鼠;转录组测序;微卫星

中图分类号: Q95-3 文献标志码: A 文章编号: 1006-6179(2026)01-0001-06

DOI: 10.3969/j.issn.1006-6179.2026.01.001

## Microsatellites Screening and Characterization Analysis Based on Transcriptome Sequencing of *Sigmodon Hispidus*

Dong Hao, Zhang Leying, Sun Xiaowei, Feng Bin, Wang Jiji, Li Qi, Dong Qinghua,  
Gao Qiang, Chen Lei, Liang Chunnan, Gong Wei, Fu Rui, Zuo Qin

(National Institutes for Food and Drug Control, National Rodent Laboratory Animal Resources Center, Beijing 102629, China)

**Abstract: Objective** To study the characteristics of microsatellites in the transcriptome of *Sigmodon hispidus*, develop microsatellite molecular markers, and promote the open sharing of these animal resources. **Methods** RNA-seq sequencing technology was used to perform transcriptome sequencing and bioinformatics analysis on five tissues (heart, liver, spleen, lungs, and kidney) of *Sigmodon hispidus*. MISA software was used to search microsatellite loci. In addition, PCR validation was performed on 30 randomly selected predicted microsatellite sequences. **Results** Based on transcriptome sequencing, 216 139 unigenes were obtained for *Sigmodon hispidus*. A total of 114 469 microsatellite loci were searched, which were distributed in sequences of 69 631 unigenes. Among all microsatellite loci, there were 6 types of repeats, mainly single nucleotide (53.32%) and dinucleotide (34.52%). The frequency

收稿日期: 2024-11-13

\* 基金项目: 国家重点研发计划(2022YFF0711003); 中国食品药品检定研究院中青年发展研究基金(2023C3)。

作者简介: 董浩(1985—), 男, 副研究员, 研究方向为实验动物学研究。E-mail: tunghao@163.com。

通信作者: 付瑞(1978—), 男, 研究员, 研究方向为实验动物病毒学。E-mail: furui78@nifdc.org.cn。

左琴(1975—), 女, 副研究员, 研究方向为实验动物遗传与资源保存。E-mail: zuoqin2001@163.com。

of A/T and AC/GT repeat motifs was relatively high, accounting for 49.47% and 24.26% of the total number of microsatellites, respectively. The sequence length distribution of microsatellites ranged from 10 to 617 bp, with 83 761 microsatellites ranging from 10 to 20 bp, accounting for 73.17% of the total number of microsatellites. 30 microsatellite sequences were randomly selected for PCR validation, and 25 of them were successfully verified. **Conclusion** This study obtained rich microsatellite information from *Sigmodon hispidus* through transcriptome sequencing analysis, laying the foundation for further research on microsatellite molecular markers, genetic quality evaluation, and development and utilization of germplasm resources in *Sigmodon hispidus*.

**Key words:** *Sigmodon hispidus*; RNA-seq sequencing; microsatellite

棉鼠,属于啮齿目、仓鼠科、棉鼠属,其中刚毛棉鼠 (*Sigmodon hispidus*) 和黄腹棉鼠 (*Sigmodon fulviventer*) 常被用于动物实验<sup>[1]</sup>。棉鼠被认为是呼吸道合胞病毒 (respiratory syncytial virus, RSV) 感染的“金标准”动物模型,因为棉鼠感染 RSV 的概率比其他实验动物高 100 倍甚至以上,且 RSV 可以感染棉鼠的上呼吸道和下呼吸道,这与人类发生 RSV 感染的情况高度相似<sup>[2-3]</sup>。此外,由于棉鼠对多种呼吸道病毒具有广泛的易感性和与人类相似的发病特征,目前已有甲型流感病毒、副流感病毒、麻疹、人偏肺病毒、肠道病毒 D68 和人鼻病毒等多种病毒可以应用棉鼠作为动物感染模型<sup>[4]</sup>。

微卫星 (microsatellite), 又称简单序列重复 (simple sequence repeats, SSR), 是在几乎所有有机体基因组中广泛分布的 1~6 个碱基的重复序列,具有高水平的遗传稳定性和变异性<sup>[5]</sup>。目前微卫星作为第二代分子遗传标记,已经在种群遗传学研究中被广泛应用。现行的国家标准《实验动物 遗传质量控制》中,就提供了大鼠、小鼠、小型猪、长爪沙鼠等实验动物应用于遗传质量评估的微卫星检测方法。此外,研究者们还应用微卫星检测法对实验兔、豚鼠、裸鼯鼠、比格犬、灰仓鼠、实验用鸡、鸭和鹅的遗传质量进行了评估<sup>[5]</sup>。

刚毛棉鼠作为近年来比较热门的一种实验动物,广泛应用于 RSV 等病原的动物感染实验、疫苗研发之中,然而国内外尚未见针对刚毛棉鼠遗传质量检测方法的文献报道。本研究基于对刚毛棉鼠的转录组学研究数据,对其 unigenes 中微卫星位点的分布情况和序列特征进行了分析,以期为后续开展刚毛棉鼠的基因功能研究、实验动物种群遗传质量控制和相应检测方法的建立提供数据支持。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

**1.1.1 实验动物:** 4 只 6~8 周龄的雌性刚毛棉鼠购自斯贝福 (北京) 生物技术有限公司,生产许可证号为 SCXK (京) 2024-0001。上述刚毛棉鼠采用大鼠 IVC 笼架具单笼饲养于中国食品药品检定研究院独立的屏障级动物实验设施内,直至 8 月龄,实验动物使用许可证号为 SYXK (京) 2022-0014。本研究已通过中国食品药品检定研究院实验动物福利伦理审查,伦理审批号为中检动 (福) 第 2024 (B) 017 号。

**1.1.2 主要试剂与仪器:** RNAlater 保存液 (批号: 7E1262H5) 购自南京诺唯赞生物科技股份有限公司; 2 × Premix Ex Taq™ PCR 预混液 (批号: ANG0884A)、TaKaRa MiniBEST Universal Genomic DNA Extraction Kit Ver. 5.0 试剂盒 (批号: ANE1755A) 和 DNA marker DL2000 (批号: AO70459A) 均购自大连宝生物公司。ABI Veriti96 梯度基因扩增仪 (型号: 9902) 购自美国 ABI 公司, Bio-Rad Gel Doc XR+ 成像系统 (型号: Universal Hood II) 购自美国 Bio-Rad 公司。

### 1.2 方法

**1.2.1 样品采集:** 使用 CO<sub>2</sub> 将刚毛棉鼠进行短暂麻醉,采集血液样品后,使用 CO<sub>2</sub> 将刚毛棉鼠进行安乐死。确定动物死亡后,迅速解剖取材。将黄豆大小的心脏、肝、脾、肺、肾组织放入装有 RNAlater 保护剂的无 RNA 酶的 EP 管内,用于转录组测序分析。剪取约 0.3 cm 的棉鼠尾尖组织放入无 RNA 酶的 EP 管内,用于刚毛棉鼠基因组提取。

**1.2.2 转录组测序分析:** 由于目前美国国家生物技术信息中心 (National Center for Biotechnology Information, NCBI) 数据库中尚无注释完整的刚毛棉

鼠参考基因组,因此本研究由北京诺禾致源科技股份有限公司采用 *de novo* 转录组测序技术对刚毛棉鼠不同组织的基因表达水平进行分析。(1) 样本 RNA 提取与检测。采用 Trizol 试剂对刚毛棉鼠不同组织进行总 RNA 的提取。使用 Agilent 2100 bioanalyzer 对各个样品 RNA 完整性和总量进行分析。(2) 文库构建与测序。首先通过 Oligo(dT) 磁珠富集 mRNA, 随后使用二价阳离子将得到的 mRNA 随机打断。以片段化的 mRNA 为模版, 随机寡核苷酸为引物, 在 M-MuLV 反转录酶体系中合成 cDNA 第一条链, 随后用 RNaseH 降解 RNA 链, 并以 dNTPs 为原料合成 cDNA 第二条链。纯化后的双链 cDNA 经过末端修复、加 A 尾并连接测序接头, 用 AMPure XP beads 筛选 370~420 bp 左右的 cDNA, 进行 PCR 扩增并再次使用 AMPure XP beads 纯化 PCR 产物, 最终获得文库。经质检合格的文库采用 Illumina NovaSeq 6000 平台进行测序分析。(3) 微卫星位点搜索。采用 MISA 软件 (version 1.0) 对测序数据中的 unigenes 进行微卫星位点搜索。软件参数设置采用默认参数: 单核苷酸重复的微卫星最小重复次数为 10 次, 二核苷酸重复的微卫星最小重复次数为 6 次, 三核苷酸重复的微卫星、四核苷酸重复的微卫星、五核苷酸重复的微卫星和六核苷酸重复的微卫星最少重复次数为 5 次, 复合型微卫星间隔不超过 100 bp。

**1.2.3 微卫星预测结果的验证:** 基于前文微卫星位点的搜索结果, 采用 Primer 3 (version 2.3.5) 对微卫星两侧序列设计验证引物。随机选取 30 对引物, 由生工生物工程(上海)股份有限公司进行引物合成。使用 TaKaRa MiniBEST Universal Genomic DNA Extraction Kit Ver. 5.0 试剂盒提取刚毛棉鼠尾尖样品的基因组 DNA 作为 PCR 反应的模板。

采用 PCR 扩增的方法进行微卫星验证, PCR 反应体系为 20  $\mu$ L: 刚毛棉鼠基因组模板 2.0  $\mu$ L, 2 $\times$  Premix Ex Taq<sup>TM</sup> 10.0  $\mu$ L, 上、下游引物 (10  $\mu$ mol/L) 各 0.5  $\mu$ L, ddH<sub>2</sub>O 补足 20.0  $\mu$ L。扩增程序: 95  $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 95  $^{\circ}$ C 30 s, 55  $^{\circ}$ C 30 s, 72  $^{\circ}$ C 30 s, 进行 35 个循环; 72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min。使用 1% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 产物进行检测。对部分 PCR 产物送生工生物工程(上海)股份有限公司进行测序分析。

## 2 结果

### 2.1 微卫星的位点数量及分布

应用 MISA 软件对刚毛棉鼠转录组数据中获得的 216 139 个 unigenes 序列进行检索, 共检索到 114 469 个微卫星位点, 这些微卫星位点分布在 69 631 条 unigenes 中, 发生频率 (含有微卫星的 unigenes 数量与总 unigenes 数量之比) 为 32.22%。其中, 只含有 1 个微卫星位点的 unigenes 序列有 44 499 条, 含 2 个及以上微卫星位点的 unigenes 序列有 25 132 条, 以复合型形式存在的微卫星序列有 12 529 条。

### 2.2 微卫星核苷酸重复类型分析

通过对刚毛棉鼠的转录组数据进行微卫星位点检索, 发现共存在 6 种核苷酸重复类型的微卫星, 其中单核苷酸重复在总微卫星中出现频率最高, 为 53.33% (61 043/114 469); 其次是二核苷酸重复, 占微卫星总数的 34.52% (39 513/114 469); 三核苷酸重复、四核苷酸重复、五核苷酸重复和六核苷酸重复的含量相对较少, 依次为 5.93% (6 793/114 469)、5.49% (6 285/114 469)、0.53% (604/114 469) 和 0.20% (231/114 469)。

### 2.3 微卫星重复单元类型分析

从重复单元类型分析, 刚毛棉鼠的微卫星位点共发现了 132 种不同类型的重复单元 (考虑序列互补), 其中单核苷酸重复微卫星的重复单元有 2 种 (A/T 为含量最多的重复单元类型); 二核苷酸重复微卫星的重复单元有 4 种 (AC/GT 为含量最多的重复单元类型); 三核苷酸重复微卫星的重复单元有 10 种 (AGG/CCT 为含量最多的重复单元类型); 四核苷酸重复微卫星的重复单元有 28 种 (AAAC/GTTT 为含量最多的重复单元类型); 五核苷酸重复微卫星的重复单元有 45 种 (AAAAC/GTTTT 为含量最多的重复单元类型); 六核苷酸重复微卫星的重复单元有 43 种 (AACCCT/AGGGTT 为含量最多的重复单元类型)。在所有类型的重复单元中, A/T 和 AC/GT 重复单元出现频率最高, 分别占刚毛棉鼠微卫星总数的 49.47% 和 24.26%。

### 2.4 微卫星单元重复次数分析

刚毛棉鼠转录组中搜索的微卫星位点各种重复单元的重复次数各不相同, 重复次数主要集中在 5~25 次, 所占比例为 95.34% (109 132/114 469)。其

中单核苷酸重复微卫星中重复次数最多的是 10 次重复,所占比例为 25.94% (15 837/61 043);二核苷酸重复微卫星中重复次数最多的是 6 次重复,所占比例为 25.54% (10 090/39 513);三核苷酸重复微卫星中重复次数最多的是 5 次重复,所占比例为 (3 314/6 793);四核苷酸重复微卫星中重复次数最多的是 5 次重复,所占比例为 42.96% (2 700/6 285);五核苷酸和六核苷酸重复微卫星中重复次数最多的均为 5 次重复,占比分别为 63.25% (382/604) 和 50.65% (117/231)。

## 2.5 微卫星序列长度分析

在刚毛棉鼠的转录组数据中,微卫星序列长度范围为 10~617 bp,其中 10~20 bp 的微卫星数量最多,为 83 761 条,占微卫星总数的 73.17%;长度大于 20 bp 的微卫星数量为 30 708 条,仅占微卫星总

数的 26.83%。

## 2.6 微卫星预测结果的验证

为了对微卫星的预测结果进行验证,在北京诺禾致源科技股份有限公司提供的微卫星引物设计数据文件中随机挑选了 30 对验证微卫星的扩增引物进行合成。这 30 个微卫星中单核苷酸重复的微卫星为 15 个,二核苷酸重复的微卫星为 13 个,四核苷酸重复的微卫星为 2 个(表 1)。上述微卫星的 PCR 扩增结果如图 1 所示,30 个验证的微卫星中成功扩增出 25 个。另外有 2 个微卫星位点(17#和 20#)需要进一步优化反应程序,减少非特异性扩增;3 个微卫星位点(13#、21#和 30#)未扩增出目的条带。23#和 29#两个微卫星位点的 PCR 产物大小与预测产物大小偏差较大,经过一代测序验证 PCR 产物中含有相应的微卫星序列。

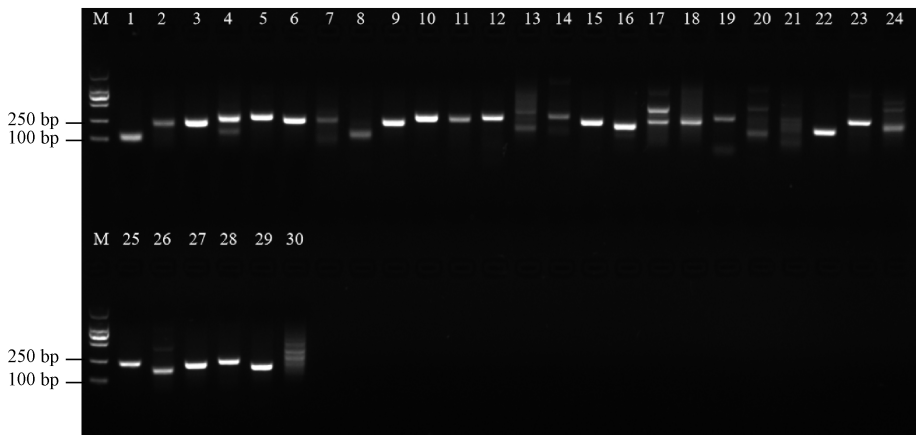
表 1 进行验证的 30 个微卫星位点的相关信息

Table 1 Information on 30 microsatellites for verification

序列	微卫星类型	引物序列(5'→3')	预测产物长度/bp	是否扩增成功
1	(TG)6	F: AGCTACCCCTGAACCGTAT R: GACAGCCCAGGTTTCATTCCA	118	是
2	(GT)22	F: CTGTGGAAGGAGGCAGGAAG R: TCGTTCTTCATGTTGCCAGGA	220	是
3	(A)11	F: GCCCTGAGTTACTTTCCAAGC R: GGCCTTGATGTCACAACCCT	232	是
4	(A)15	F: CAAGTTGAGGCAGGACCCAT R: GCACTGTAATCCCAGCCACT	270	是
5	(T)12	F: CCAGGCTAACCCCTTGACCAG R: GCTTCTCCCTCCCAAATGCT	278	是
6	(A)10	F: AGCATTGGGAGGGAGAAGC R: AGCTGTCTTCTGTGCGTCAA	241	是
7	(T)10	F: TTATTGGGAAGGGCAGGGA R: AAGAAAAGGCTGCTGGAGTG	241	是
8	(CA)20	F: CAGGTGAGCAAGCTCGAGAA R: GAGGTGCATGGCTGTTTTGG	116	是
9	(T)24	F: AGCCTGGTGCATGCATATGA R: ACAGGACAGGTGTGCAAACA	223	是
10	(GT)7	F: CAGAGTCATGCTTTCTCCGGA R: CAACACTTGCTCTCCTCTCTCA	272	是
11	(AC)20	F: GCTTGCTGGGAGAATAGCT R: TTCTCTGCTGTGTTGCACC	253	是
12	(ACAA)7	F: TTCTTTGGCTGACGTGAGG R: TCCACATTGCCTCTCTTGC	272	是
13	(TG)20	F: ACTGAAATCTCCATCAAGCCCT R: CCCACATCACACATGCACAC	263	否
14	(TG)10	F: GAGCTTTTGGGGACACACT R: GCATGATGGGAGGAGAGAACC	279	是
15	(ATAC)11	F: TGCCCCAGCATCACATTCAT R: GATGTGCCCTTGCAAGCTCTG	222	是
16	(T)10	F: AGCTGAAGGTGCTGGAGATG R: CACATGTTCTTCCCTCCCC	193	是

续表 1

序列	微卫星类型	引物序列(5'→3')	预测产物长度/bp	是否扩增成功
17	(T) 15	F: AGATGTACACCACCAGCTGCC R: AGGACAGATGGGCTTCTGGA	239	需要优化
18	(T) 14	F: ACTGAAAACCCGAGGTTGCA R: AGGGCTGGATAGATGGCTCA	238	是
19	(GT) 12	F: CTCAGGTTGTTGGCAGCAAG R: GGGGATCCAACACCCTCTTG	266	是
20	(T) 15	F: ACTAAAGAGAGCCACGTGCC R: TCTAGTACCCTCTTCTGTATACTGT	146	需要优化
21	(GA) 6	F: TTTCAGCACTCAGGAAGCCC R: CTCTGTCTCCCAAGTCTGG	278	否
22	(T) 11	F: CAGTGGGGCACAAGATCCTT R: CCCTTGGGCTATGTGGTCTG	172	是
23	(AC) 7	F: ACCGCAGAGAGACACAGAGA R: CAGCTGCACTTCCTGAAGGA	180	是
24	(A) 17	F: GAGTGAGTTCCAGGACAGCC R: AACGAAAGAACCCACAGGCA	209	否
25	(C) 10	F: TCCTCCTTGGCTTGGGTTTC R: CCTCCACTCCTACCCAAGGT	227	是
26	(GT) 6	F: ATAGAGCCGCTGTGGAGTTG R: TTATTTGGGAGCTGGGTGGC	167	是
27	(TG) 11	F: TGCTTGAGGGTGACAGCATT R: GGAAGACAGCCCAGTGTGA	209	是
28	(A) 16	F: TTGGCCATCAGTGAAGTGGAC R: GCTTACCAGCCTGAGATCC	236	是
29	(CA) 7	F: TCAGCATTTCCACCTTGGGT R: GCTACAAGTTGAGGCCAGC	269	是
30	(T) 16	F: GAGTTCAAGGCCAGCTAGGG R: ATCTGGCACCCCTTACACAGC	121	否



注:泳道 1~30. 分别是使用 30 对微卫星验证引物的 PCR 扩增产物;M. DL2000 分子量标准。

Note. Lane 1~30. PCR products using 30 pairs of microsatellite validation primers. M. DL2000 DNA marker.

图 1 30 个微卫星位点的 PCR 验证结果

Fig. 1 PCR validation results of 30 microsatellites

### 3 讨论

随着转录组测序技术的快速发展,微卫星标记的开发更为简单和高效。相比传统的基因组微卫星(genomic simple sequence repeats, G-SSR),来自于

转录组测序数据的微卫星(expressed sequence tags derived simple sequence repeats, EST-SSR)可以直接定位到相关的功能基因上,具有高度多态性、共显性遗传及物种间转移性好的特点<sup>[6]</sup>。目前已经有大量基于转录组测序技术对不同物种的微卫星位点进行筛选和序列特征分析的研究报道<sup>[7-8]</sup>。

本研究中,基于刚毛棉鼠的转录组数据,检索出 114 469 个微卫星位点,其出现频率为 32.22%。前期研究中,通过转录组数据预测不同物种的微卫星位点时发现,微卫星出现频率差异较大,如芍药种子中微卫星出现频率为 14.94%,灰茶尺蠖 (*Ectopis grisescens*) 的微卫星出现频率为 27.59%,巴氏新小绥螨 (*Neoseiulus barkeri*) 的微卫星发生频率为 8.11%<sup>[9-11]</sup>。在不同物种的转录组数据中微卫星位点的含量差异,一方面与物种差异有关,另一方面与转录组测序中测序质量和微卫星位点检索标准等因素相关<sup>[12]</sup>。

在刚毛棉鼠的转录组数据中,微卫星位点的核苷酸重复类型丰富,从单核苷酸重复到六核苷酸重复均有发现,其中以单核苷酸重复和二核苷酸重复为主。有研究认为,物种基因组中微卫星核苷酸重复类型的比例与物种进化水平存在一定关联。基因组内存在大量低级核苷酸重复类型(一至三核苷酸重复)可能预示着该物种的进化水平比较高,而高级核苷酸重复类型(四至六核苷酸重复)大量存在的物种往往具有较短的进化时间或较低的变异频率<sup>[13]</sup>。刚毛棉鼠中丰富的低级核苷酸重复类型微卫星的存在,预示着其基因可能有着较高的变异频率和较为久远的进化历史。

研究表明,多态性较高的微卫星位点通常为长度  $\geq 20$  bp 的低级核苷酸重复类型的微卫星序列<sup>[14]</sup>。在刚毛棉鼠转录组中筛选到的长度  $>20$  bp 的微卫星位点有 30 708 个,占筛选到的微卫星位点总数的 26.83%,其中低级核苷酸重复类型的微卫星位点有 26 288 个,这部分微卫星位点可能在筛选分子遗传标记方面具有较高的应用价值。此外,通过使用随机挑选的 30 对引物对检索的微卫星位点进行验证,超过 83.33% 的扩增产物长度与目的片段预期长度相符。值得注意的是,由于使用的棉鼠样本数量有限,本研究并没有逐一验证上述微卫星位点在不同棉鼠个体中的遗传变异情况,因此无法确定这 25 个微卫星位点是否适用于棉鼠种群遗传质量评价。在未来的研究中,我们将继续开展相关的验证工作,以期能够基于微卫星位点的变异,建立适用于棉鼠种群遗传质量监测的评价方法。

综上所述,基于刚毛棉鼠的转录组数据成功挖掘到大量微卫星位点数据,并对其分布情况、重复核苷酸类型、重复单元类型、单元重复次数等特征进行了分析,通过 PCR 方法也初步验证了筛选数据的准

确性。本研究丰富了刚毛棉鼠的基因组学信息数据,为促进刚毛棉鼠种质资源的开放共享,以及未来开发该物种的微卫星标记、进行种质资源鉴定和群体遗传多样性分析等研究提供了参考数据。

## 参考文献

- [1] 富群华. 棉鼠的生物学特性及应用[J]. 上海实验动物科学, 1998(1):57-59.
- [2] PRINCE G A, JENSON A B, HORSWOOD R L, et al. The pathogenesis of respiratory syncytial virus infection in cotton rats[J]. Am J Pathol, 1978, 93(3):771-791.
- [3] GRIEVES J L, YIN Z, DURBIN R K, et al. Acute and chronic airway disease after human respiratory syncytial virus infection in cotton rats (*Sigmodon hispidus*) [J]. Comp Med, 2015, 65(4):315-326.
- [4] STRICKLAND B A, RAJAGOPALA S V, KAMALI A, et al. Species-specific transcriptomic changes upon respiratory syncytial virus infection in cotton rats [J]. Sci Rep, 2022, 12(1):16579.
- [5] 杜小燕, 霍学云, 陈振文. 实验动物遗传质量监测技术研究进展与应用[J]. 实验动物科学, 2021, 38(4):1-5.
- [6] 吴明钰, 姜波, 何京, 等. 基于焦河蓝蛤全长转录组的 SSR 位点筛选及特征分析[J]. 海洋渔业, 2024, 46(3):316-324.
- [7] 孙利娜, 林茂, 黄旭光, 等. 伊丽莎白安格斯三角梅转录组的 SSR、SNP 和 InDel 特征分析[J]. 南方农业学报, 2024, 55(3):745-753.
- [8] 葛锐, 强壮, 聂竹兰, 等. 基于高通量转录组测序的斑重唇鱼 SSR 分布及序列特征分析[J]. 南方农业学报, 2023, 54(3):806-814.
- [9] 穆赢通, 路景诗, 贾俊英, 等. 芍药种子转录组 SSR 特点分析[J]. 种子, 2023, 42(11):49-53;67.
- [10] 王定锋, 李良德, 李慧玲, 等. 基于转录组数据高通量发掘灰茶尺蠖微卫星标记[J]. 茶叶学报, 2021, 62(4):191-197.
- [11] 刘辉, 李霞, 乌恩, 等. 巴氏新小绥螨转录组 SSR 位点分析及开发[J]. 南方农业学报, 2024, 55(3):689-698.
- [12] VARSHNEY R K, GRANER A, SORRELLS M E. Genic microsatellite markers in plants: features and applications[J]. Trends Biotechnol, 2005, 23(1):48-55.
- [13] 高亚梅, 韩毅强, 汤辉, 等. 根瘤菌基因组内简单重复序列的分析[J]. 中国农业科学, 2008, 41(10):2992-2998.
- [14] 王彬彬, 高妍夏, 郭欣慰, 等. 基于高通量测序的北柴胡根转录组 SSR 位点信息分析[J]. 西北农业学报, 2024, 33(4):707-717.

## [引用本文]

- 董浩, 张乐颖, 孙晓炜, 等. 基于刚毛棉鼠转录组的微卫星位点筛选及特征分析[J]. 实验动物科学, 2026, 43(1):1-6.  
DONG H, ZHANG L Y, SUN X W, et al. Microsatellites screening and characterization analysis based on transcriptome sequencing of *Sigmodon hispidus* [J]. Lab Anim Sci, 2026, 43(1):1-6.  
DOI:10.3969/j.issn.1006-6179.2026.01.001.