

DNA marker를 이용한 풍기 재래인삼의 주요 특성 분석

임순영* · 최홍집** · 류태석** · 권태룡*** · 최진국*** · 손재근*†

*경북대학교 농업생명과학대학, **경북농업기술원, ***경북농업기술원 풍기인삼시험장

Analysis of Major Traits for Native Ginseng (*Panax ginseng* C.A. Meyer) Collected from Poonggi Area in Korea Using DNA Marker

Soon-Young Rhim*, Hong-Jib Choi**, Tae-Seok Ryu**, Tae-Ryong Kwon***,
Jin-Kook Choi***, and Jae-Keun Sohn*†

*Department of Agronomy, Kyungpook National University, Daegu 702-701, Korea,

**Gyeongsangbuk Do Agricultural Technology Administration, Daegu 702-708, Korea,

***Poonggi Ginseng Experiment Station Gyeong Buk Provincial A.T.A., Youngju 750-871, Korea.

ABSTRACT In this study, a total of 25 lines consisting of five native ginseng collections from Poonggi area, five lines from Geumsam area and 15 varieties were analyzed and clustered for the selection of Poonggi native ginseng in Korea using DNA markers. The results indicated that the long cluster distance were observed between the collections of 331002, 331004, 331005, 331007 and 331026 from Poonggi area, and the collections of 332009, 332021, 332046, 332050 and 332066 from Geumsan area because of the sensible differences on the number of leaves per stem, stem color and petiole color. Thus, the collections from Poonggi area with specific characters consisting of one stem per plant, five leaves per stem and broad elliptic leaflet shape were finely classified using nine primers including OPD05, OPD20, OPG17, OPH05 and so on. In this study, the collection of 331007 from Poonggi area was considered as the respective collection with above characters. Thus, the nine primers such as OPD05 and so on, will be used to select the Poonggi ginseng in the future studies.

Keywords : *Panax Ginseng*, DNA fingerprinting,
RAPD marker, local varieties, Poonggi area.

국내 인삼의 품종육성은 혼계인 재래종에서 순계 선발하여 천풍(Kwon et al., 1998), 연풍(Kwon et al., 2000) 등을 육성하여 보급하고 있지만 재배면적은 크게 확대되지 못하고 있다. 지금까지 인삼은 KT & G나 농촌진흥청에서 품종개량

연구를 하기 전에는 국내 모든 경작자가 재배해 왔고, 육종보다는 재배법에 대한 연구가 활발하게 진행되어 왔다(박 등, 1983; 신 등, 1992; KT & G, 1991). 재배기술의 개선으로 인삼 특산지에 국한 되었던 인삼 생산이 오늘날에는 거의 전국적으로 확대되고 있다(목 등, 1986). 재배방법이 이처럼 발달한데 비해 품종개량 분야는 그 성과가 높지 못한 편이다(김 등, 1979; KT & G, 1991; 홍 등, 1993). 현재 까지 다양한 수집종에 대한 특성평가 결과를 토대로 우량개체를 선발하여 품종으로 등록하고 있지만 아직도 경작 농가의 80% 이상이 혼계집단 상태로 재배해오고 있으며, 나머지는 천풍, 연풍 등의 등록품종들이 재배되고 있다(김 등, 1992). 이는 지금까지 육성된 품종들의 특성이 경작자가 바라는 만큼 우수하지 못한 점도 있겠지만 오랜기간 동안 유지되어온 특산지 중심의 인삼거래, 특산지에 대한 인삼 경작자의 우월감 등에서 비롯된 결과 때문일 것이다. 또한 대표적인 지역 인삼인 금산인삼과 풍기인삼의 유전적인 차이가 무엇인지도 밝혀져 있지 않으며, 국내에서도 DNA 수준에서 인삼 수집종의 특성 등을 분류한 바(Cha et al., 2003; Kim et al., 2003) 있지만 아직까지 지역 재래종의 고유 특성과 유전적 특성의 지역적 차이 및 그들의 유전적 연관 등이 명확하게 밝혀지지 않은 상태이다. 최근 인삼의 신품종 보급과 더불어 한 지역에서 생산된 묘삼이 여러 지역으로 보급되고 있어서 인삼과 같은 지역 특산 농산물이 지리적 표시제에 등록되고 그것이 지역 고유의 특산물로 그 명성이 유지되기 위해서는 다른 지역에서 생산되는 인삼과는 유전적인 특성이 차별화되어야하고 품질이 우수해야 할 것이다. 따라서 본 연구는 풍기 재래인삼의 지역적 고유 특성을 구명하고

[†]Corresponding author: (Phone) +82-53-950-5711
(E-mail) jhsohn@knu.ac.kr < Received June 4, 2010 >

자리적 표시제 등록을 위한 자료로 활용하고자 수행하였다.

여 조사하였다(Table 1).

재료 및 방법

시험재료

본 연구에 사용한 재료는 경상북도농업기술원 풍기인 삼시험장에서 2000년 7월 중순에서 하순까지 풍기 및 금산지역을 비롯한 국내 주요 인삼 생산지로부터 수집된 재래종 인삼 종자를 약 6~7년간 재배한 후 수집종 250점에 대한 특성을 조사하고 수집종 중 식물학·분류학적 특성과 설문조사 결과 및 지역 재래종의 특성 등을 고려하여 선발한 54점과 대비 품종인 *P. quinquefolium* L. 외 4종을 이용하여 유연관계 분석 결과에서 크게 풍기와 금산지역으로 분류된 자료(임, 2009; Rhim *et al.*, 2010)를 근거로 하여 풍기지역 고유의 재래종 인삼 특성을 구명하기 위하여 지역간 가장 멀리 grouping된 풍기 수집종 5점과 금산 수집종 5점을 선발하여 UPOV 조사 기준에 따라 그 특성을 조사하고(Table 4, 국립 종자 관리소/농림부 2006), 국내외 육성 품종과의 유전적 연관 분석을 실시하였다. 천풍 등 국내외 육성 품종 15점은 KT&G로부터 어린잎을 분양받아 DNA 분석에 사용하였다(임, 2009).

풍기지역 재래종의 주요 특성 설문 조사

풍기지역에서 20년 이상 인삼을 재배해온 10농가를 대상으로 풍기 재래 인삼의 주요 형태적 특성을 조사하였다. 설문 조사 방법은 UPOV 조사 기준에 따라 경수, 장엽수, 경색, 엽병색, 소엽모양, 주름정도, 거치정도 등 7항목에 대하여 조사하였다.

수집 재래종과 기존 품종과의 유전적 연관 분석

Polymerase chain reaction

천풍을 비롯한 기존 육성 품종 15점과 선발한 지역 수집종 10점의 어린잎을 이용하여 CTAB법(Murray & Thompson, 1980)으로 DNA를 추출한 다음 PCR은 Gene Amp PCR System 2700 (Applied Biosystem)을 사용하였다. PCR에 사용된 sample의 조성은 genomic DNA 20ng/5μl이며, primer는 5pM (Bio Basic Inc. kits), dNTP 20uM과 Taq DNA polymerase 1unit를 사용하였다. 총 반응액은 50μl로 하였다. PCR 조건은 먼저 94°C에서 5분간 처리한 후 94°C에서 20초, 45°C에서 40초, 72°C에서 50초로 하여 45 cycles 반복하고, 마지막 단계에서 72°C에서 7분간 합성한 후 PCR 반응을 완료하였다. 증폭된 DNA products는 1x TAE buffer를 사용하여 1.5% agarose gel에서 전기영동(60V, 1시간 40분)하여 EtBr로 염색한 후 UV transilluminator로 그 pattern을 확인하였다.

유전적 연관 분석

50개의 random primer를 이용하여 선발한 지역 수집종 각 5점씩 10점과 기존 육성 품종 15점에 대하여 PCR을 수행하여 polymorphic band 양상을 보이는 primer를 선별하였다. Polymorphic band의 분자량과 증폭정도에 따라 개체 특이적인 pattern을 나타내는 band들을 기준으로 천풍을 비롯한 기존 육성 품종과 일부 수집종간의 유전적인 연관을 분석하였다. 이를 통해 국내 재래종에서 순계분리법으로 선발된 품종과 지역 수집종 개체간의 유전적 연관을 확인함으

Table 1. Major traits of the local ginseng cultivars originated from Poonggi area in Korea.

Farmers [*] investigated	Number of stems	Number of leaves/plant	Stem color	Petiole color	Leaflet : shape	Blistering of surface	Serration of margin
A	1	5	Violet	Violet	Narrow elliptic	Weak	Strong
B	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Weak	Strong
C	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Strong	Strong
D	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Weak	Weak
E	1~2	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Medium	Strong
F	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Weak	Strong
G	1~2	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Medium	Medium
H	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Medium	Strong
I	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Weak	Weak
J	1	5	Violet	Violet	Broad elliptic	Weak	Weak

* Major traits were investigated from ten farmers who have cultivated ginseng more than 20 years at Poonggi in Korea.

Table 2. Primer selection and polymorphic band detection for 25 local cultivars collected ginseng fields in Korea.

No. of primers used	No. of primers selected	No. of bands amplified
50	9	52

Table 3. Primer sequence and no. of bands amplified for 25 local cultivars collected from ginseng fields in Korea.

Primers	Sequence (5' to 3')	% GC ^{a)}	Tm(°C) ^{b)}	No. of bands amplified
OPA04	AAT CGG GCT G	60	36	5
OPB14	TCC GCT CTG G	70	41	5
OPC08	TGG ACC GGT G	70	41	4
OPC15	GAC GGA TCA G	60	36	5
OPD05	TGA GCG GAC A	60	36	6
OPD20	ACC CGG TCA C	70	41	7
OPG17	ACG ACC GAC A	60	36	6
OPG19	GTC AGG GCA A	60	36	6
OPH05	AGT CGT CCC C	70	41	8
Total				52

^{a)}GC content %, ^{b)}Tm : Melting temperature

로서 최종적으로 타 지역 수집종과의 구별성을 통해 풍기 고유의 형태적·유전적 특성을 지닌 재래 인삼을 찾고자 수행되었다. PCR data는 Bio-Rad사의 DNA fingerprinting II software를 사용하였다.

결과 및 고찰

설문 조사에 의한 풍기지역 재래인삼의 주요 특성

풍기지역에서 약 20년 이상 재래종 인삼을 자가 채종하여 재배해 오고 있는 10농가를 대상으로 UPOV 특성 조사 기준에 따른 설문조사 결과는 Table 1과 같다. 10농가 중 8농가에서 경수는 1개라고 하였고, 장엽수는 10농가 모두 5엽으로 조사되었다. 경색은 10농가 대부분 자색계열이지만 연자색, 자색, 진자색 등 다양하게 나타났다. 소엽 모양은 9농가에서 타원형이라고 하였으며, 잎의 주름정도도 6농가에서 약간 있다고 하였다. 거치정도는 6농가에서 강하다고 조사되었고 재배 품종은 80%이상이 재래종이었으며, 나머지는 연풍, 천풍, 고풍 등을 재배하였다.

수집종과 기존 품종과의 유전적 연관 분석

DNA marker 탐색

50개의 random primer를 이용하여 polymorphism을 나타내는 9개의 primer를 screening하였고, 이들로부터 얻어진 polymorphic band 수는 총 52개였다. 이 primer들의 평균 band 수는 5.8개로 조사되었다(Table 2, 3).

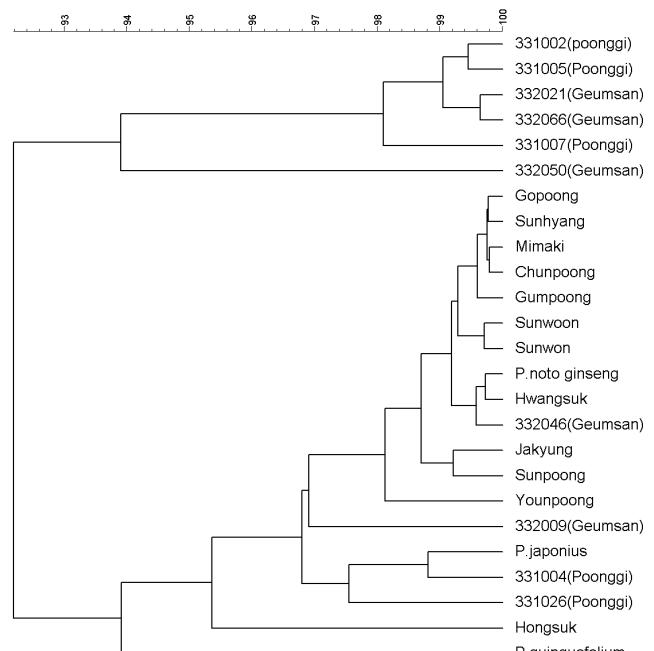


Fig. 1. The dendrogram for 25 local cultivars collected from ginseng fields in Korea by UPGMA cluster analysis of the similarity matrix.

유전적 연관 분석

선발된 9개의 primer에서 얻어진 PCR 결과를 이용하여 fingerprinting한 결과는 Fig. 1과 같이 크게 두 그룹으로 분류되었다. 첫 째 그룹은 풍기 수집종 331002, 331005, 331007과 금산 수집종 332021, 332050, 332066이 group

지워졌고, 두 번째 그룹은 대부분의 국내외 기준 육성 품종과 금산 수집종인 332009, 332046 및 풍기 수집종 331004, 331026이 함께 grouping되었지만 그룹 내에서 풍기지역과 금산지역 수집종은 각 지역별로 clustering되었다. 풍기 수집종 중에서 331002, 331005, 331007은 기준 육성 품종과의 유전적 연관에서 함께 grouping되지 않아 이 3개의 풍기 수집종은 국내 재래종에서 순계분리법으로 육성된 기준 육성 품종과는 유전적인 차이를 나타내 보였다. 따라서 이들 수집종은 차후 지역 고유의 신품종 육성이나 유용한 인삼 유전자원으로서의 가치를 가지며, 선발된 OPD05 등 9개의 primer는 앞으로 국내 인삼 재래종의 특성 구분에 이용될 수 있을 것으로 사료된다.

수집종과 기준 품종간의 유전적 특성

기준 품종 15점과 풍기 및 금산지역 수집종 10점에서 선발된 OPA04 등 9개의 primer 중에서 특히 일부 품종과 지역 수집종에서 특이한 band pattern을 보인 primer OPD05, OPD20, OPG17, OPH05는 Fig. 2와 같다. OPD05 primer

는 800bp정도에서 기준품종 8종과 풍기 수집종인 331002, 331005, 331007, 금산 수집종인 332009, 332046, 332050에서 특이한 band pattern을 보였다. Primer OPD20은 1100bp정도에서 연풍 등 2품종, 풍기 수집종 331007, 금산 수집종 332009에서 positive한 band 양상을 보였으며, 풍기 수집종 331002, 331004, 331005는 1000bp정도에 negative한 band가 나타났다. OPG17은 450bp정도에서 풍기 수집종 331005, 331009, 331026이 300bp에서는 331007이 positive한 band pattern을 나타내었다. OPH05는 820bp정도에서 풍기 수집종 331026과 금산 수집종 332009가 positive하게 나타난 반면, *P. quinquefolium*와 2품종과 풍기 수집종 331007, 금산 수집종 332009는 400bp정도에서 negative한 band pattern을 보였다. 이들 primer에서 반복적으로 특이한 band 양상을 보인 대표적인 것은 풍기 수집종인 331007과 금산 수집종인 332009였다. 특히 풍기 수집종인 331007은 OPD05 등 여러 primer에서 반복적으로 특이한 band 양상을 보였다.

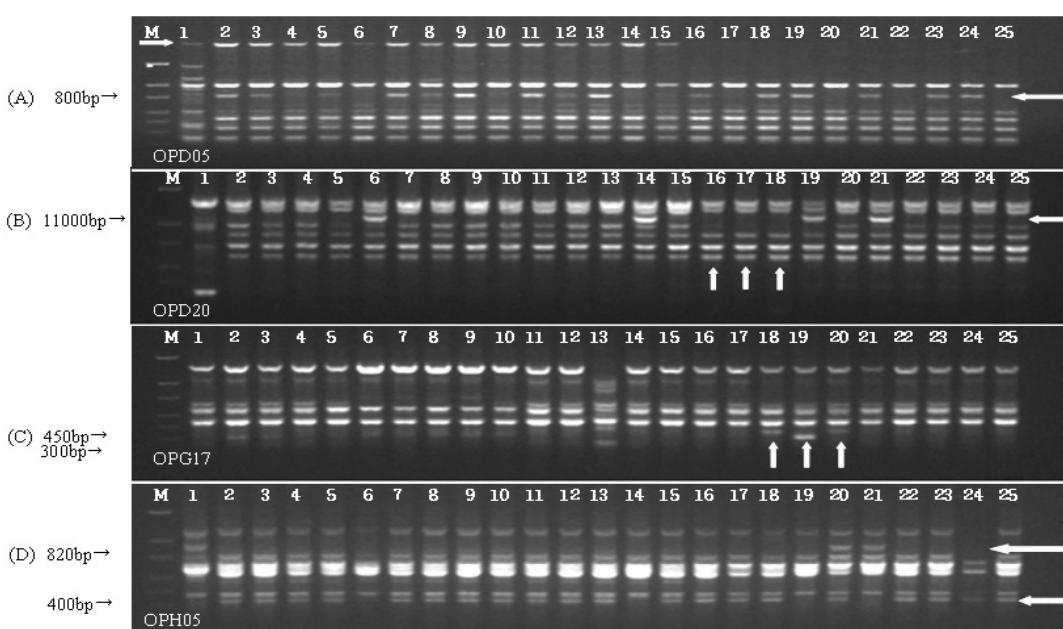


Fig. 2. Line specific PCR band patterns generated by OPD05(A), OPD20(B), OPG17(C) and OPH05(D) to identify genetic differences for 25 local cultivars collected from ginseng fields in Korea. Arrows indicate the genotype-specific amplified DNA fragments and the molecular weight. (M : Size marker, Variety : 1-15, Local of variety of Poonggi : 16-20, Local variety of Geumsan : 21-25).

M : Size marker	6 : Hongsuk	12 : Gumpoong	18 : 331005	24 : 332050
1 : <i>P. quinquefolium</i>	7 : Sunpoong	13 : Sunwoon	19 : 331007	25 : 332066
2 : <i>P. japonicum</i>	8 : Gopoong	14 : Younpoong	20 : 331026	
3 : <i>P. noto</i> ginseng	9 : Sunhyang	15 : Sunwon	21 : 332009	
4 : Hwangsuk	10 : Mimaki	16 : 331002	22 : 332021	
5 : Jakyung	11 : Chunpoong	17 : 331004	23 : 332046	

Table 4. Major morphological traits for 10 local cultivars collected from ginseng fields in Korea.

Accession no. Location area	Number of stems/plant	Number of leaves/plant	Stem color ^(a)	Petiole color ^(b)	Leaflet shape ^(c)	Blistering of surface	Serration of margin
331002 Poonggi	1	5	4	5	1	strong	absent or very weak
331004 Poonggi	2	5	1	1	1	strong	absent or very weak
331005 Poonggi	1	5	3	3	1	weak	absent or very weak
331007 Poonggi	1	5	2	3	1	medium	absent or very weak
331026 Poonggi	1	5	4	4	1	weak	absent or very weak
332009 Geumsan	2	6	2	3	1	weak	absent or very weak
332021 Geumsan	1	4	4	3	3	medium	medium
332046 Geumsan	1	5	1	3	2	medium	medium
332050 Geumsan	2	6	2	3	3	strong	strong
332066 Geumsan	1	6	3	4	3	strong	strong

(a) 1(green), 2(basal part : violet), 3(light violet), 4(violet), 5(dark violet).

(b) 1(green), 2(basal part : violet), 3(light violet), 4(violet), 5(dark violet).

(c) 1(broad elliptic), 2(short narrow elliptic), 3(long narrow elliptic).

풍기 재래인삼의 형태적·유전적 특성

풍기 재래인삼의 주요 형태적·유전적 특성을 구명하기 위하여 수집종 58점에 대한 유전 분석에서 크게 풍기와 금산지역으로 구분되어진 결과(임, 2009; Rhim *et al.*, 2010)를 근거로 하여 지역간에 가장 멀리 떨어져 grouping된 풍기 수집종 331002, 331004, 331005, 331007 및 331026과 금산지역 수집종 332009, 332021, 332046, 332050 및 332066 등 총 10점을 선발하여 이들 지역 수집종간의 형태적 특성 및 유전적인 연관관계를 통해 풍기재래 인삼을 확인하였다.(Table 4, Fig. 3). 형태적인 특성에서 풍기지역 수집종의 경수는 1~2개로 금산지역과 비슷하지만 장엽수는 모두 5엽, 소엽 모양은 타원형, 경색과 엽병색은 대부분 자색계열로 연자색, 자색, 진자색 등 다양하게 나타나 금산지역과 서로 차이를 보였다. 잎의 주름정도는 다양하였지만 거치정도에서는 5개체 모두 없거나 약간 있는 것으로 나타났다. 반면 금산 수집종의 장엽수는 4~6엽 범위이고, 소엽 모양도 타원형에서 장타원형까지 다양하였다. 잎의 주름정도나 거치정도는 중간 또는 강한 것으로 나타났다. 이 10개의 수집종을 대상으로 대비 품종인 천풍과 함께 다시 유전적 유사정도를 확인한 결과는 Fig. 3과 같다. 금산지역 수집종인 332009, 332021, 332046, 332050 및 332066은 풍기

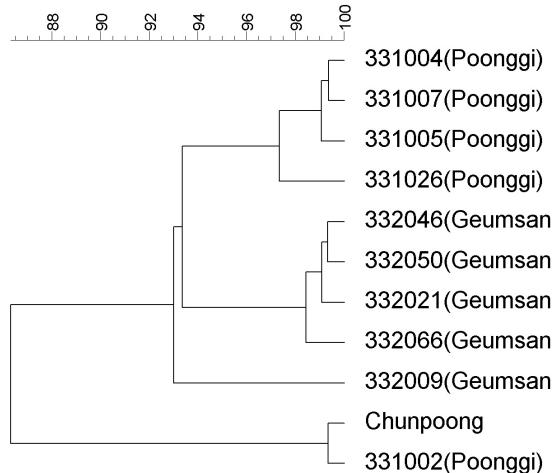


Fig. 3. The dendrogram for 10 local cultivars collected from ginseng fields in Korea by UPGMA cluster analysis of the similarity matrix.

수집종과 구분되어 함께 grouping되었고, 풍기 수집종 중 331004, 331007, 331005 및 331026은 함께 group되어진 반면 331002는 대비 품종인 천풍과 99.5%에서 함께 group 지워졌다. 이 5점의 풍기 수집종의 형태적 특성을 근거로 풍기 재래인삼(6년 근)의 특성을 조사한 바, 줄기는 1개이

고, 장엽수는 5개, 소엽모양은 타원형인 것으로 나타났다. 그러나 줄기색과 엽병색은 연자색에서 자색, 진자색 등 다양하였다. 이는 농가 조사에서 풍기 재래종은 경수는 대체로 1개이고, 장엽수 5개, 경색이나 엽병색은 대부분 자색계열을 나타낸다는 것과 일치하였다. 따라서 풍기지역 수집종 중 경수 1개, 장엽수 5개, 소엽 모양은 타원형, 경색과 엽병색이 자색계열인 특성을 지닌 풍기 재래인삼은 수집종 중에서도 331007이 대표적이었다. 특히 풍기 수집종인 331007은 경수나 장엽수 등 농가 설문 조사 결과와 대부분의 특성들이 거의 일치하므로 풍기지역 고유의 특성을 지닌 풍기재래종 인삼으로 추측된다. 앞으로 이 331007은 풍기지역 인삼을 대표하는 신품종개량에 유전자원으로 직접 활용될 수 있을 뿐 아니라 풍기인삼의 지리적 표시제 등록에 매우 유익하게 활용될 수 있을 것으로 보인다.

적 요

국내 수집 재래종 인삼과 기존육성품종과의 유전적 연관을 통해 풍기지역 고유의 재래인삼 특성을 구명하고 지리적 표시제 및 신품종 육성을 위한 자료로 활용하기 위하여 수행한 결과는 다음과 같다. 유전적 연관 분석에서 가장 먼 것으로 분류된 풍기지역 수집종 331002 등 5점과 금산지역 수집종 332009 등 5점간의 형태적 특성을 비교한바 풍기 재래종 인삼의 경수는 1~2개로 금산지역 수집종과 차이가 없었으나, 장엽수, 경색, 엽병색, 소엽 모양에서는 금산지역 수집종과 차이를 보였다. 즉 풍기 재래종은 장엽수가 5개이고 소엽 모양이 타원형이며, 경색과 엽병색이 자색, 연자색, 진자색 등 다양한 것이 특징적이었다. 특히 유전적 연관에서 풍기지역 수집종 중 331002, 331005, 331007 및 331026은 함께 grouping 되었지만 331002는 대비 품종인 천풍과 99.5%에서 함께 group지어져 있었다. 특히 331002 등 이 3개의 풍기 수집종은 기존 품종과 유전적 차이를 나타내보였다. 이를 통해 풍기 수집종 331002, 331005, 331007은 국내 재래종에서 순계분리법으로 선발된 기존육성품종과는 유전적 차이가 있음을 알 수 있었다. 특히 331007은 농가 조사에서 나타난 주요 특성을 모두 갖추고 있어 풍기 재래인삼의 고유 특성을 가진 것으로 추측 되었다.

본 연구를 통해 풍기지역 재래 인삼의 주요 형태적 특성을 확인하였고, 유전적인 면에서도 타 지역 수집종과 기존 육성품종과도 구분되어짐을 확인하였다. 더불어 선발된 OPD05 등 9개의 prime는 경수 1개, 장엽수 5개, 소엽 모양은 타원형, 경색과 엽병색이 자색계열인 특성을 지닌 풍기

재래인삼을 구분하는데 유용하게 활용될 수 있어서 인삼 유전자원의 특성 구분 및 품종개량에 유익하게 활용될 수 있을 것으로 사료된다.

인용문헌

- Cha, S. K., Y. C. Kim, J. E. Choi, J. S. Choi and K. K. Kang. 2003. Genetic variation in among cultivated field populations of Korean ginseng(*Panax ginseng* C. A. Meyer) using RAPD. Korean J. Plant. Res. 16(3) : 251-256.
- Kim, J. H., J. A. Yuk, S. K. Cha, H. H. Kim, B. J. Sung, S. I. Kim and J. E. Choi. 2003. Genetic variation in pure line of *Panax ginseng* based on by RAPD analysis. Korean J. Medicinal Crop Sci. 11(2) : 102-108.
- Kwon, W. S., C. M. Chung, Y. T. Kim, M. G. Lee and K. T. Choi. 1998. Breeding process and characteristics of KG101, a superior line of *Panax ginseng* C. A. Meyer. Korea J. Ginseng Sci. 22 : 11-17.
- Kwon, W. S., J. H. Lee, C. S. Park and D. C. Yang. 2003. Breeding process and characteristics of Gopoong, a new variety of *Panax ginseng* C.A. Meyer. J. Ginseng Res. 27(2) : 86-91.
- Murray, M. G. and W. F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res. 8 : 4321-4325.
- Rhim, S. Y., J. K. Sohn, T. S. Ryu, J. K. Choi, T. R. Kwon, and H. J. Choi. 2010 Analysis for the major traits and genetic similarity of native ginseng (*Panax ginseng* C.A. Meyer) collections in Korea. Korean J. Breed. (Submitted).
- 김요태, 김종만, 이성식. 1979. 이식 방법에 따른 생장 특성 비교시험. 고려인삼연구소. 인삼연구보고서(재배 분야). pp. 473-484.
- 김요태, 정찬문, 권우생, 이장호, 정열영, 강제용, 최광태. 1992. 인삼 신품종 육성 연구. 한국인삼연초연구소. 인삼연구보고서(재배 분야). pp. 5-61.
- 목성균, 이성식, 천성기, 신동양. 1986. 인삼포 전국 확대를 위한 최적 환경 조성 연구. 한국인삼연초연구소. 인삼연구보고서(재배 분야). p. 700.
- 박훈, 이명구, 변정수, 이종률. 1983. 논삼 재배 연구. 한국인삼연초연구소. 인삼연구보고서(재배분야). pp. 142-158.
- 신동양, 목성균, 천성기, 이태수. 1992. 인삼의 생산비 절감 및 재배기술연구. 한국인삼연초연구소. 인삼연구보고서(재배분야). pp. 256-259.
- 임순영. 2009. 국내 인삼(*Panax ginseng* C. A. Meyer) 수집 자원의 주요 특성 및 유연관계 분석. 경북대학교 박사학위 논문. pp. 20-26, 부록 1, 2.
- 한국담배인삼공사. 1991. 표준 인삼경작 방법.