

SSR 마커를 이용한 고려인삼 품종 판별기술 개발

방경환*[†] · 정종욱** · 김영창* · 이제완*** · 조익현* · 서아연* · 김옥태* · 현동윤* · 김동희* · 차선우*

*농촌진흥청 국립원예특작과학원 인삼특작부, **농촌진흥청 국립농업과학원 농업유전자원센터,
***산림청 국립산림과학원 대외협력과

Development of SSR Markers for Identification of Korean Ginseng (*Panax ginseng* C. A. Meyer) Cultivars

Kyong Hwan Bang*[†], Jong Wook Chung**, Young Chang Kim*, Jei Wan Lee***, Ick Hyun Jo*, A Yeon Seo*, Ok Tae Kim*, Dong Yun Hyun*, Dong Hwi Kim* and Seon Woo Cha*

*Department of Herbal Crop Research, NIHHS, RDA, Eumseong 369-873, Korea.

**National Agrobiodiversity Center, NAAS, RDA, Suwon 441-707, Korea.

***Korea Forest Research Institute, Seoul 130-712, Korea.

ABSTRACT: The principal objective of this study was to develop a discrimination method using SSR markers in Korean ginseng cultivars. Five cultivars--Chunpoong, Yunpoong, Gopoong, Sunpoong, and Kumpoong--were evaluated by nine markers out of 22 SSR markers. A total of 23 alleles were detected, ranging from 1 to 4, with an average of 2.6 alleles per locus, and an averages of gene diversity (GD) of 0.480. Nine markers were tested in order to distinguish among five Korean ginseng cultivars. Two markers out of nine SSR markers, GB-PG-065 and GB-PG-142, were selected as key markers for discrimination among Korean ginseng cultivars. Two genotypes were detected in GB-PG-065. Chunpoong and Kumpoong shared the same allele type, and Yunpoong, Gopoong, and Sunpoong shared another identical allele type. In the case of GB-PG-142, a specific allele type differentiated from those of other four cultivars was observed only in Sunpoong cultivar. Consequently, the SSR markers developed in this study may prove useful for the identification of Korean ginseng cultivars and the development of ginseng seed management systems, as well as tests to guarantee the purity of ginseng seeds.

Key Words : Korean Ginseng, Cultivar, Discrimination, Simple Sequence Repeats

서 언

식물 유전자원으로부터 개발된 품종의 구별성과 균일성 확보를 위한 과학적인 지표 마련은, 중국 등 인삼 산업 경쟁국을 상대로 우리 품종에 대한 대내·외 지적재산권을 확보하고 품종을 보호하는 측면에서 매우 중요한 일이다. 최근 선진국에서는 세계 무역기구의 지적재산권협정 (WTO/TRIPS)에 따라 개발된 신품종에 대한 육종가의 상업적 권리를 독점할 수 있는 식물품종보호제도 (PVPS; Plant Variety Protection System)의 시행을 의무화하고 있으며, 국제적으로도 국제식물신품종보호연맹 (UPOV; International Union for the Protection of New Varieties of Plants)을 설치하여 개발된 신품종에 대한 법규 및 제도 등에 대한 사항을 주관하고 있다. 우리나라에서는 국립종자원 (KOREA SEED & VARIETY SERVICE)을 중심으로 주로 품종의 형태적 특성에 근거한 구별성

(Distinctness), 균일성 (Uniformity) 및 안정성 (Stability)을 검정함으로써 식물 품종에 대한 분류 기준을 확립하고, 더 나아가 품종보호 및 종자 관리체계를 확립하기 위한 노력이 이루어지고 있다 (Moon *et al.*, 2003; Kwon *et al.*, 2005).

개발된 품종에 대한 구별성을 확보하기 위한 수단으로는 주로 품종이 지닌 형태적 형질을 비교 평가한 후, 품종 고유의 특정 형질을 선발하여 품종을 구분하여왔다. 그러나 형태적 형질은 그 수가 제한적이고, 대부분의 형질이 다수의 유전자가 관여하는 양적 또는 연속적 형질이며, 이들 형질의 발현이 외부 환경 조건에 의해 영향을 받기 때문에 외부 형태적 형질을 이용한 품종 구분은 제한적으로 활용될 수밖에 없다. 이러한 문제점을 보완하기 위하여, 일부 유럽국가들을 중심으로 주요 작물에 대한 품종 구별, 안정성 검정 및 자국 품종 보호의 목적으로 안정적이고 환경에 영향을 받지 않는 DNA에 근거한 분자표지자가 이용되고 있으며, 오이 (Bernet *et al.*, 2003), 대

[†]Corresponding author: (Phone) +82-43-871-5534 (E-mail) bang31@korea.kr

Received 2011 May 20 / 1st Revised 2011 June 16 / 2nd Revised 2011 June 20 / Accepted 2011 June 22

청 (Choi *et al.*, 2009), 유채 (Tommasini *et al.*, 2003), 고추 (Kwon *et al.*, 2005), 밀 (Noil *et al.*, 2008)을 대상으로 RAPD, SSR, AFLP 등의 DNA 분석기법들이 적용되어왔다.

인삼은 한 세대가 3~4년으로 하나의 품종을 만드는데 소요되는 기간이 약 30~40년이 소요될 정도로 많은 시간과 노력이 필요한 약용작물이다. 이러한 이유로 국내의 인삼 재배는 주로 지역 재래종인 자경종과 황숙종이 재배되어 왔다. 최근에는 인삼 유전자원으로부터 순계분리 육종방법을 이용하여 천풍, 연풍, 고평, 금풍, 선풍 등의 우수한 형질을 보유한 품종들이 개발되어, 이들 품종에 대한 농가의 수요가 증가함에 따라 재배면적 또한 점차 증가하고 있는 추세이다 (Kwon *et al.*, 1991, 1998, 2000, 2003).

현재 인삼 품종 개발 연구 분야의 경쟁력은 우리나라가 중국, 미국, 캐나다 등 인삼 산업경쟁국에 비해 앞서있는 실정이지만, 우수 품종에 대한 과학적인 인증 기술 개발과 체계적인 종자관리가 이루어지지 않을 경우, ① 우리 품종이 외국에 불법으로 유출, 재배되어 우리나라로 다시 역수입되어서 국내산으로 둔갑 판매되는 사례, ② 국내 종자시장에서 재래종이 신품종으로 둔갑되어 비싸게 거래되는 사례, ③ 품종 재배 시 종자 관리 소홀로 인한 종자의 순도 저하 등의 문제를 일으켜서 인삼산업 발전에 커다란 저해요소로 작용할 수 있다.

따라서 본 연구는 대내·외적으로 우리 국산 품종에 대한 지적재산권을 보호하고, 더 나아가 품종을 재배하는 생산자에게 안정적인 소득을 보장하기 위하여, SSR 마커를 이용한 고려인삼 품종을 판별할 수 있는 기술을 개발하여 과학적인 종자관리 체계의 기반을 구축하고자 수행하였다.

재료 및 방법

1. 시험재료 및 DNA 추출

본 연구에 사용된 재료는 농촌진흥청 국립원예특작과학원 인삼특작부 인삼과 시험포장에서 재배중인 천풍, 연풍, 고평, 금풍, 선풍 등 5품종을 대상으로 하였으며, 그 외 국내·외 수집종들은 다형성을 나타내는 프라이머들을 선별하기 위하여 참고적으로 활용하였다. 실험에 사용된 재료는 인삼특작부 육종전문가의 도움을 받아 지상부의 형태적 특징을 1차적으로 파악하여 품종 당 5개체씩의 샘플을 채취하였으며, 증거자료

확보를 위해 석엽표본을 제작하여 인삼특작부 Korea Medicinal Herbarium에 보관하였다 (Table 1). 인삼의 genomic DNA를 확보하기 위해서 3년생 잎을 채취하여 세척한 후 액체질소로 급냉시켜 막자사발을 이용하여 분말상태가 되도록 마쇄한 후, DNeasy Plant Mini Kit (QIAGEN, Germany)을 이용하여 제작사가 제공한 Protocol에 따라 DNA를 추출하였다. 추출된 DNA는 1% agarose gel에 λDNA와 함께 전기 영동한 후, EtBr (Ethidium Bromide)로 염색하여 UV light에서 DNA band의 밝기를 상대 비교하여 농도를 측정하였다. 농도 측정이 완료된 각각의 DNA 샘플들은 멸균된 증류수를 이용하여 최종 DNA농도를 10 ng/μl로 조정하여 SSR 분석 시 사용하였다.

2. SSR 분석

Ma 등 (2007)이 발표한 논문에서 polymorphic information content (PIC) 값이 높고 allele 수가 많은 22개 SSR 마커를 선별하여 분석에 사용하였다. PCR 반응을 위해서 Schuelke (2000)의 방법을 변형하여 수행하였다. 주형 DNA 20 ng, M13-tailed forward primer 0.2 μM, reverse primer 0.6 μM, 형광 M13 primer 0.5 μM, dATP, dGTP, dCTP, dTTP를 각각 200 μM, 50 mM KCl, 10 mM Tris-HCl, 1.5 mM MgCl₂, 0.25 unit *Taq* DNA polymerase를 사용하였다. 형광물질로는 6-FAM, HEX, NED를 사용하였으며, PCR 반응은 PTC-200 thermocycler (MJ Research, USA)를 이용하여 95°C에서 2분간 초기변성 후, 95°C 20초 변성, 60°C 10초 결합 및 72°C 1분 신장의 조건으로 35 cycles을 수행하였고, 마지막으로 72°C에서 10분간 최종 신장 반응을 수행하였다.

유전자형을 분석하기 위하여 PCR 산물 1.2 μl, internal size standard 500 ROX (ABI, Foster city, CA) 0.3 μl, Hi-di formamid (ABI, Foster City, CA) 9 μl를 첨가 후 ABI 3130xl Genetic Analyzer (ABI, Foster City, CA)를 이용하여 분석하였다. 자료 분석을 위하여 Genemapper 4.0 (ABI PRISM Applied Biosystems)을 이용하였다.

마커에 대한 number of allele (N_A), major allele frequency (M_{AF}), gene diversity (GD) 및 polymorphic information content (PIC)에 대한 분석은 PowerMarker (ver 3.25)를 이용하였다.

Table 1. Information of five Korean ginseng cultivars used in this study.

No.	Code	Collection region	Voucher No.
1	<i>P. ginseng</i> cv. Chunpoong	Eumsung, Chungbuk, Korea	MPS002375
2	<i>P. ginseng</i> cv. Yunpoong	Eumsung, Chungbuk, Korea	MPS002380
3	<i>P. ginseng</i> cv. Gopoong	Eumsung, Chungbuk, Korea	MPS002385
4	<i>P. ginseng</i> cv. Kumpoong	Eumsung, Chungbuk, Korea	MPS002390
5	<i>P. ginseng</i> cv. Sunpoong	Eumsung, Chungbuk, Korea	MPS002395

Table 2. Information of nine SSR markers used in this study.

Marker	Primer sequence		Repeated motif	TA(°C) [†]
	Forward	Reverse		
GB-PG-007	CAGAGCTGGTGGTCAAG	ATTCTTTTCTCCAGCGCC	(GA) ₇ (GA) ₈	52
GB-PG-026	CTGGAATCGGAAATGGGT	CAGGCGCCCCTCTAAC	(TGG) ₁₀ (TGG) ₁₀	52
GB-PG-043	AGCCAGGTGCTTGTCTCA	GTCAGACGGATTGCTGCT	(CT) ₉ (TC) ₃ (CT)(TC) ₅	52
GB-PG-060	CGACTGGAATCGGAAATG	CGCCCCTTCTCAATTCTC	(TGG) ₄	52
GB-PG-065	CCGAGCGCTACAAAGAGA	CCTTCTGCTCAATCGACG	(CGC) ₇	52
GB-PG-078	GTGACGGGTTAAGAGGGC	CTCCTTTCCTTCGCCACT	(GTT) ₂ (GAG)(GTT) ₃ (GCG) ₂ (CTT)(GCG) ₄	52
GB-PG-131	TCATGATGAGTTGGCGGT	TCTAGGCGCTTTCATGG	(CAG) ₆ (CA)(CAG) ₃	52
GB-PG-142	CTGGTGATGGAACCGACA	AGTCAGCTCGTCTCCCC	(TGG) ₃ (CAG)(TGG) ₃ (GA) ₉	52
GB-PG-177	TTTGATCCGCAACTGTCC	AATGAGAGGCCACCCGAAT	(GCA) ₄	52

[†]: Annealing temperature

Table 3. Characterization of nine SSR markers in Korean ginseng cultivars.

Marker	Number of alleles	M _{AF} [‡]	H _O [‡]	Gene diversity	PIC [§]
GB-PG-007	2	0.50	1.00	0.50	0.38
GB-PG-026	4	0.70	0.60	0.48	0.45
GB-PG-043	3	0.60	0.80	0.54	0.47
GB-PG-060	2	0.50	1.00	0.50	0.38
GB-PG-065	4	0.30	1.00	0.74	0.69
GB-PG-078	1	1.00	0.00	0.00	0.00
GB-PG-131	2	0.50	1.00	0.50	0.38
GB-PG-142	3	0.50	1.00	0.58	0.49
GB-PG-177	2	0.60	0.80	0.48	0.36
Mean	2.6	0.578	0.800	0.480	0.399

[‡]: Major allele frequency

[‡]: Observed heterozygosity

[§]: Polymorphic information content

3. 유전자형 분석

GB-PG-065와 GB-PG-142의 두 종의 마커는 한쪽 프라이머에 6-FAM으로 형광 표지한 후, 위와 같은 방법으로 PCR을 수행하였다. PCR 산물은 자동염기서열 분석기인 ABI 3730 Genetic Analyzer (Applied Biosystems)를 이용하여 분리한 후, 유전자형 분석은 Genemapper 4.0 (ABI PRISM Applied Biosystems)을 이용하였다.

결과 및 고찰

Ma 등 (2007)은 고려인삼 품종 및 수집종을 대상으로 이들 간에 다형성을 나타내는 22종의 SSR 마커를 선발하여 유전적 특성을 분석하였다. 그 결과 총 111개의 대립유전자가 관찰되었으며 평균 대립유전자수는 4.5개 이었다고 보고하였다.

본 실험에서는 위에서 보고된 22개의 마커 중 다형성과 재현성이 좋은 9개의 마커 (GB-PGM-007, GB-PGM-026, GB-PGM-043, GB-PGM-060, GB-PGM-065, GB-PGM-078, GB-

PGM-131, GB-PGM-142, GB-PGM-177)를 선발하여 천풍, 연풍, 고품, 선풍 및 금풍의 고려인삼 5품종을 대상으로 유전자형을 분석하였다 (Table 2). 그 결과 총 23개의 대립유전자가 관찰되었는데, 대립유전자수의 범위는 1개 (GB-PGM-078)에서 4개 (GB-PGM-065)로 나타났으며 평균 대립유전자수는 2.6개 이었고, 평균 Gene diversity는 0.480이었다 (Table 3). 한편 Park 등 (2009)은 5개의 다형성 SSR 마커를 선발하여 국내 재배종에 대한 유전적 다양성을 분석 하였는데, 그 결과 평균 대립유전자 수는 3.45 개였으며, 평균 Gene diversity는 0.367로 보고하여 본 연구에 활용한 SSR 마커가 조금 더 높은 다양성을 보이는 것으로 나타났다. 식물 자원의 변이를 탐색하기 위하여 SSR 마커가 RAPD 등 다른 DNA 표지기술에 비하여 보다 효율적으로 유전적 다양성을 탐색하기에 적합하였다는 보고와 같이 (Olufowote *et al.*, 1997; Ji *et al.*, 1998; Kwon *et al.*, 2000; Chung *et al.*, 2009), 인삼 품종, 재배종 등에 대한 변이 분석에 SSR 마커가 더 효율적으로 활용 될 수 있을 것으로 생각된다.

Table 4. Genotype information of five Korean ginseng cultivars by nine SSR markers.

Primer	GB-PG-007	GB-PG-026	GB-PG-043	GB-PG-060	GB-PG-065	GB-PG-078	GB-PG-131	GB-PG-142	GB-PG-177
Chunpoong					150, 184			162, 174	
Yunpoong					184			162, 174	
Gopoong	117 [†] , 232	127, 133, 137, 188, 191	185	179	184	267	204, 207	162, 174	283, 287
Sunpoong					184			166, 174	
Kumpoong					150, 184			162, 174	

[†]: Allele size of Korean ginseng cultivars which were detected by nine SSR markers

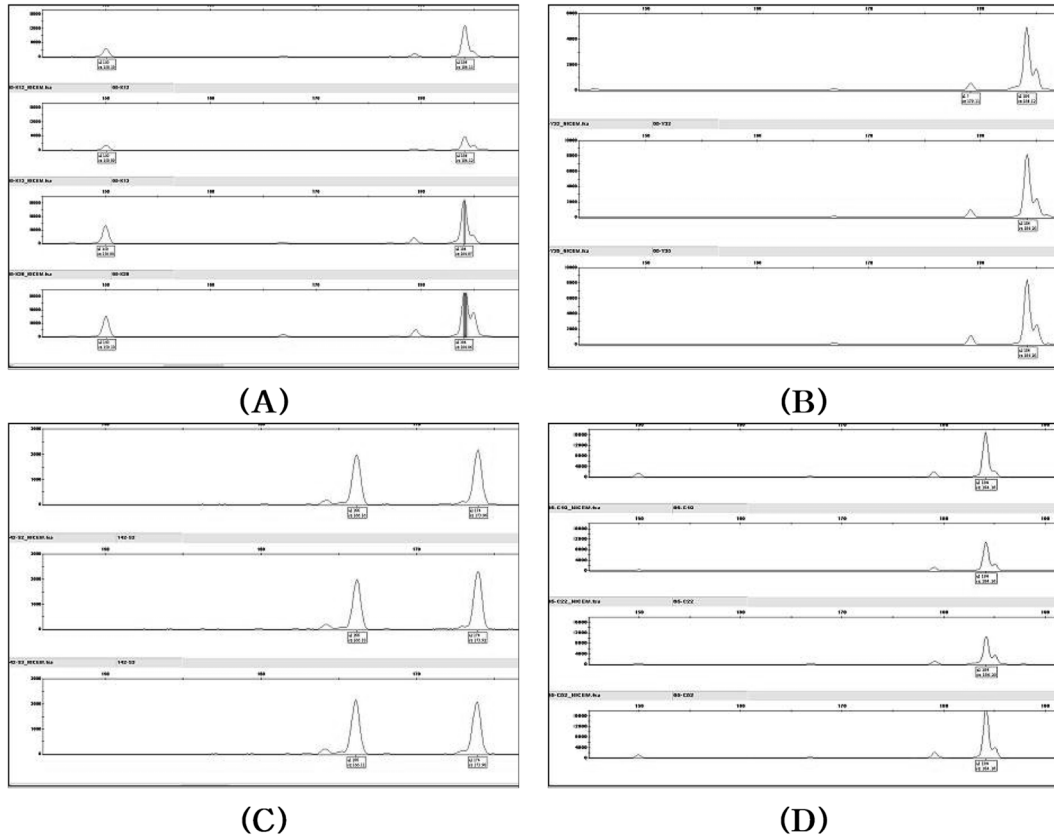


Fig. 1. Two SSR markers, GB-PG-065(A and B) and GB-PG-142(C and D), were amplified using the FAM-labeled primers, and PCR products were analyzed using the automatic sequencer. Chromatograms indicate specific allele types which were differentiated from five Korean ginseng cultivars.

SSR 마커를 이용하여 천풍 등 5품종을 판별하기 위하여 9종의 형광표지 마커 (GB-PGM-007, GB-PGM-009, GB-PGM-026, GB-PGM-043, GB-PGM-060, GB-PGM-065, GB-PGM-078, GB-PGM-114, GB-PGM-177)를 이용하여 자동 염기서열 분석기 (ABI-3730)로 분석한 결과, 이 중 GB-PGM-065와 GB-PGM-142의 두 종의 마커 조합에서 품종 특이적인 allele이 관찰되었다 (Table 4).

두 종의 마커 조합 중 GB-PGM-065 마커를 이용한 유전양상은 천풍과 금풍의 allele이 동일했으며 (Fig. 1A), 연풍, 고평 및 선풍이 동일한 allele을 나타내어 5품종을 두 그룹으로 구분할 수 있었다 (Fig. 1B). GB-PGM-142 마커를 이용한 유전자형은 선풍에서만 다른 4품종들과 구분되는 특이적인 allele이 관찰되어 향후 선풍을 구분하는 DNA 마커로 활용될 수 있을 것으로 판단된다 (Fig. 1C and 1D).

선발된 2종의 마커는 품종 당 10샘플씩을 대상으로 반복실험을 통하여 실험결과의 재현성을 확인하였으며, 특히 선풍 품종이 다른 품종과 섞여있을 경우에 GB-PGM-142 마커를 이용하여 구분할 수 있는지의 여부를 알아보기 위하여, 품종 당 4개 샘플을 임의로 선정하여 블라인드 테스트를 수행한 결과 선풍을 다른 품종과 구분할 수 있었다.

DNA 마커를 이용한 인삼 유전분석은 주로 종이 다른 고려인삼, 미국삼, 삼칠삼, 죽절삼 등을 대상으로 이들을 구분하기 위하여, ITS (Internal transcribed spacer), 5.8S ribosomal DNA을 대상으로 염기서열 분석 또는 특정 제한효소 처리에 의한 PCR-RFLP 방법이 이용되어왔다 (Wen and Zimmer, 1996; Ngan *et al.*, 1999; Zhu *et al.*, 2008). 인삼 품종이 개발된 2000년대 초반부터 인삼의 품종을 구분하기 위한 연구가 꾸준히 진행되어, 천풍 등 일부 품종을 구별할 수 있는 DNA 마커가 개발되었다고 보고되고 있으나 아직까지 SSR 마커를 이용한 인삼 품종 판별 결과는 없는 실정이다 (Ahn *et al.*, 2009; Jo *et al.*, 2009; Wang *et al.*, 2010).

결론적으로 2개의 SSR 마커 (GB-PG-065, GB-PG-142)를 이용하여 인삼 5품종을 세 가지의 유전자형으로 구분할 수 있었으며, 특히 선풍은 다른 품종과 판별이 가능하였다. 본 연구 결과로부터 선발된 선풍 특이적인 SSR 마커는 품종 육성 단계에서부터 이형주를 제거하는 용도로 활용하여, 유전적으로 선풍 종자의 순도를 향상시킬 수 있어 농가의 안정적인 소득 보장에도 기여할 수 있을 것으로 판단되어진다. 향후에도 구별성과 재현성이 높은 SSR 등의 DNA 마커를 지속적으로 개발하여 과학적인 종자관리 체계를 구축한다면, 수입개방화 시대를 맞이하여 인삼 산업경쟁국을 대상으로 우리나라 육성 품종에 대한 지적재산권을 선점하고, 인삼 품종 등록 시 품종 보증의 표지인자로 활용할 수 있어 우리나라 고려인삼의 원료 표준화에 중요한 시발점이 될 수 있을 것으로 생각된다.

감사의 글

본 연구는 농촌진흥청 바이오그린21사업 (과제번호 20070501034007)의 지원에 의해 이루어진 것으로 이에 감사를 드립니다.

LITERATURE CITED

- Ahn CH, Kim BB, Yoon ES and Choi YE. (2009). Development of microsatellite markers to distinguish South Korean and Chinese ginseng. *Journal of Korean Forest Society*. 98:568-575.
- Bernet GP, Bramardi S, Calvache D, Caebonell EA and Asins MJ. (2003). Applicability of molecular markers in the context of protection of new varieties of cucumber. *Plant Breeding*. 122:146-152.
- Choi JS, Huh MK and Sung JS. (2009). Seed purity test and evaluation in *Isatis tinctoria* var. *yezoensis* (Ohwi) using AFLP markers. *Korean Journal of Medicinal Crop Science*. 17:198-203.
- Chung JW, Lee GA, Lee SS, Bang KH, Park CB and Park YJ. (2009). Cultivar discrimination of Korean and Chinese boxthorn (*Lycium chinense* Mill. and *Lycium barbarum* L.) using SSR markers. *Korean Journal of Medicinal Crop Science*. 17:445-451.
- Ji HS, Koh HJ, Park SU and McCouch SR. (1998). Varietal identification in japonica rice using microsatellite DNA markers. *Korean Journal of Breeding Science*. 30:350-360.
- Jo BH, Suh DS, Cho EM, Kim JK, Ryu GH and Chung KW. (2009). Characterization of polymorphic microsatellite loci in cultivated and wild *Panax ginseng*. *Genes and Genomics*. 31:119-127.
- Kwon SJ, Ahn SN, Suh JP, Hong HC, Kim YK, Hwang HG, Moon HP and Choi HC. (2000). Genetic diversity of Korean native rice varieties. *Korean Journal of Breeding Science*. 32:186-193.
- Kwon WS, Chung CM, Kim YT and Choi KT. (1991). Comparisons of growth, crude saponin, ginsenosides, and anthocyanins in superior lines of *Panax ginseng* C. A. Meyer. *Korean Journal of Breeding Science*. 23:219-228.
- Kwon WS, Chung CM, Kim YT, Lee MG and Choi KT. (1998). Breeding process and characteristics of KG101, a superior line of *Panax ginseng* C. A. Meyer. *Journal of Ginseng Research*. 22:11-17.
- Kwon WS, Lee MG and Choi KT. (2000). Breeding process and characteristics of Yunpoong, a new variety of *Panax ginseng* C. A. Meyer. *Journal of Ginseng Research*. 24:1-7.
- Kwon WS, Lee JH, Park CS and Yang DC. (2003). Breeding process and characteristics of Gopoong, a new variety of *Panax ginseng* C. A. Meyer. *Journal of Ginseng Research*. 27:86-91.
- Kwon YS, Lee JM, Yi GB, Yi SI, Kim KM, Soh EH, Bae KM, Park EK, Song IH and Kim BD. (2005). Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annum* L.) varieties. *Molecules and Cells*. 19:428-435.
- Ma KH, Dixit A, Kim YC, Lee DY, Kim TS, Cho EG and Park YJ. (2007). Development and characterization of new microsatellite markers for ginseng (*Panax ginseng* C. A. Meyer). *Conserved Genetics*. 8:1507-1509.
- Moon JY, Yi SI, Park DY, Song IH, Park HY and Kwon YS. (2003). Application of amplified fragment length polymorphism (AFLP) analysis for DUS test in pepper cultivar. *Korean Journal of Breeding Science*. 35:306-312.
- Ngan F, Shaw P, But P and Wang J. (1999). Molecular authentication of *Panax* species. *Phytochemistry*. 50:787-791.
- Noil E, Teriaca MS, Sanguinetti MC and Conti S. (2008). Utilization of SSR and AFLP markers for the assessment of distinctness in durum wheat. *Molecular Breeding*. 22:301-313.
- Olufowote, JO, Xu Y, Chen X, Park WD, Beachell HM, Dilday RH, Goto M and McCouch SR. (1997). Comparative evaluation of within cultivar variation of rice (*Oryza sativa* L.) using microsatellite and RFLP markers. *Genome*. 40:370-378.
- Park SW, Hyun YS and Chung KW. (2009). Genetic

- polymorphism of microsatellite in *Panax ginseng* C. A. Meyer. Journal of Ginseng Research. 33:199-205.
- Schuelke M.** (2000). An economic method for the fluorescent labeling of PCR products. Nature Biotechnology. 18:233-234.
- Tommasini L, Batley J, Arnold GM, Cooke RJ, Donini P, Lee D, Law JR, Lowe C, Moule C, Trick M and Edwards KJ.** (2003). The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (*Brassica napus* L.) varieties. Theoretical and Applied Genetics. 106:1091-1101.
- Wang H, Sun H, Kwon WS, Jin H and Yang DC.** (2010). A PCR-based SNP marker for specific authentication of Korean ginseng (*Panax ginseng*) cultivar "Chunpoong". Molecular Biology Reports. 37:1053-1057.
- Wen J and Zimmer EA.** (1996). Phylogeny and biogeography of *Panax* L. (the ginseng genus, *Araliaceae*): inferences from ITS sequences of nuclear ribosomal DNA. Molecular Phylogenetics and Evolution. 6:167-177.
- Zhu S, Fushimi H and Komatsu K.** (2008). Development of a DNA microarray for authentication of ginseng drugs based on 18S rRNA gene sequence. Journal of Agricultural and Food Chemistry. 56:3953-3959.