

미각센서를 이용한 중국산 감초와 우즈베키스탄산 광과감초의 감별

최고야, 김영화, 채성욱, 이해원, 고병섭, 이미영*

한국한의학연구원 창의연구실

Discrimination of Chinese *Glycyrrhiza uralensis* and Uzbek *Glycyrrhiza glabra* Using Taste Sensor

Goya Choi, Younghwa Kim, Sungwook Chae, Hyewon Lee, Byoungseob Ko,
Miyoung Lee*

Creative Research Team, Korea Institute of Oriental Medicine

ABSTRACT

Objectives : Genetic analysis and taste pattern were performed to identify species between *Glycyrrhiza uralensis* and *G. glabra* which are officially listed in *Korean Pharmacopoeia IX* as origin of Gamcho(gāncǎo, licorice root, *Glycyrrhizae Radix et Rhizoma*).

Methods : Genetic analysis showed that identification between two species was done by comparing base sequence of ITS(intergenic transcribed spacer) and *trnH-psbA* regions from eleven Gamchoes sold in market. There was different taste pattern using by taste sensor in *Glycyrrhiza uralensis* and *G. glabra*.

Results : Genetic analysis showed that six Gamchoes from China were identified as *Glycyrrhiza uralensis* and five Gamchoes from Uzbekistan were *G. glabra*. From the results of taste pattern, sourness and astringency of *Glycyrrhiza uralensis* from China were significantly higher than *G. glabra* from Uzbekistan, and aftertaste of astringency, aftertaste of umami, and saltiness of *Glycyrrhiza uralensis* were significantly low as compared to *G. glabra*. There is no significant difference between two species in terms of bitterness, aftertaste of bitterness, and umami.

Conclusions : Taken together, *Glycyrrhiza uralensis* from China and *G. glabra* from Uzbekistan were identified by taste sensor, and this technic could be applied to establishment of taste pattern marker for identification of different species located in various regions.

Key words : Gamcho(gāncǎo, *Glycyrrhizae Radix et Rhizoma*), *Glycyrrhiza uralensis*, *Glycyrrhiza glabra*, taste sensor, taste pattern

서론

『대한약전 제9개정』¹⁾은甘草를 콩과 식물인 감초(*Glycyrrhiza uralensis* Fischer.), 광과감초(*G. glabra* L.) 또는 창과감초(*G. inflata* Batal.)의 뿌리 및 뿌리줄기로 규정하고 있다. 현재 국내에 약용으로 유통되는甘草의 대부분은 중국산이며, 최근 들어 우즈베키스탄산도 수입량이 증가하고 있다. 식품의약품안전청에서는 『대한약전 제9개정』¹⁾과 『원색 한약재감별도감』²⁾을 통해 상기 3종의 성상 기준을

각각 제시하고 있으나,甘草는 斜切된 채 유통되는 경우가 대부분이므로, 육안으로 감별하는 것은 쉽지 않다. 따라서 자외선분광법과 박층크로마토그래피³⁾, 적외선분광법⁴⁾ 및 광학현미경하 형태조직학적 관찰⁵⁻⁷⁾ 등 여러 가지 감별 방법이 시도되어왔다.

그러나 생육환경에 따라서 분광법이나 현미경 검정으로 구별이 용이하지 않은 경우가 적지 않으므로 현재로써는 유전자 분석을 통한 감별이 가장 정확한 방법으로 정립되어 있다. 감초의 종별 유전자 분석에 관한 연구로는 ITS(intergenic

*Corresponding author : Miyoung Lee, Ph.D. Korea Institute of Oriental Medicine(KIOM), 461-24 Jeonmin-dong, Yuseong-gu, Daejeon 305-811, South Korea.

· Tel : +82-42-868-9504. · Fax : +82-42-868-9301. · E-mail : hwlee@kiom.re.kr.

· 접수 : 2011년 2월 14일 · 수정 : 2011년 3월 4일 · 채택 : 2011년 3월 10일

transcribed spacer) 등의 유전자 부위를 이용하여 감초의 종을 구별한 Kondo 등의 연구⁸⁾가 대표적이다.

한편, 일본에서는 미각센서를 이용한 품질평가가 활발히 진행되고 있는데, 한약의 미각 평가⁹⁾, 녹차의 미각 평가¹⁰⁾, 한약 중 이산화황 잔류 정도에 따른 미각 변화¹¹⁾ 등이 연구된 바 있다. 이 때 사용된 미각센서는 기존의 전자혀와 달리 인간의 미뢰와 유사하게 구현된 인공 지질막으로서, 맛 물질의 농도에 따라 신맛·쓴맛·떫은맛·감칠맛·짠맛 등이 각각 인지되며 인간의 미각에 비해 최대 100배까지 정밀한 비교가 가능하다¹²⁾. 또한 분석 방법이 간편하고 시간이 적게 소요되므로 기존의 품질평가 방법들을 보완하는 용도로 편리하게 이용할 수 있다.

본 연구에서는 산지 및 기원종이 다른 한약재는 맛도 다르게 느껴질 것이라는 가정하에 미각센서를 한약재 종감별에 활용하고자 하였다. 유전자 분석을 통해 감초(*G. uralensis*) 및 광과 감초(*G. glabra*)로 동정된甘草 시료의 미각패턴을 비교한 결과 일정한 감별점을 확인할 수 있었기에 보고하고자 한다.

재료 및 방법

1. 재료

甘草는 한약재 유통업체 8개소로부터 원산지가 표기된 절편품으로 중국산 6점과 우즈베키스탄산 5점 등 11점을 구입하여 『대한약전 제9개정』의 「甘草」 성상 기준에 부합함을 확인한 뒤 사용하였다(Table 1).

Table 1. List of samples in this study

| No. | Sample | Origin | Manufactory |
|-----|-------------------------------|-------------------|-------------|
| 1 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Nei Mongol) | A |
| 2 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Nei Mongol) | A |
| 3 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Nei Mongol) | A |
| 4 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Nei Mongol) | B |
| 5 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Nei Mongol) | C |
| 6 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | China(Xinjiang) | C |
| 7 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | Uzbekistan | D |
| 8 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | Uzbekistan | E |
| 9 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | Uzbekistan | F |
| 10 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | Uzbekistan | G |
| 11 | Glycyrrhizae Radix et Rhizoma | Uzbekistan | H |

2. 방법

1) 유전자분석을 통한 기원종 확인

준비된甘草 약재를 멸균된 막자사발에 담고 액체질소를 부어가며 미세분말 상태로 마쇄한 후, Nucleospin[®] PlantII kit(MACHEREY-NAGEL GmbH & Co. KG, Germany)를 이용하여 DNA를 추출하였다.

시료의 ITS 부위를 증폭하기 위해 ITS1(5'-TCC GTA GGT GAA CCT GCG G-3')과 ITS4(5'-TCC TCC GCT

TAT TGA TAT GC-3') primer¹³⁾를, *trnH-psbA* 부위를 증폭하기 위해 *trnH-forward*(5'-ACG GGA ATT GAA CCC GCG CA-3')¹⁴⁾와 *Gly-trnHR1*(5'-CAT ATG ACT TCA CAA TGT AAA ATC-3') primer⁸⁾를 사용하였다. PCR 반응액은 2× Multiplex Pre-Mix(Solgent, Korea)에 5 ng template DNA 1 μL와 10 pmole의 primer를 각각 1 μL 혼합하여 총 20 μL로 조성하였다. PCR은 C1000 Thermal cycler(BIORAD, USA)를 이용하여 95 °C에서 2분간 pre-denaturation한 후 95 °C에서 20초간 denaturation, 55 °C에서 40초간 annealing, 72 °C에서 1분간 extension을 35회 수행하고 마지막으로 72 °C에서 5분간 반응시켰다. 증폭된 산물은 LoadingSTAR(Dynebio, Korea)를 1 μL을 넣어 혼합한 후, 1.5% agarose gel에서 전기 영동하여 젤 영상 분석장치(U:Genius, Syngene, England)로 관찰하였다. 증폭된 밴드만을 잘라내어 LaboPass™ Gel extraction kit(Cosmogenetech, Korea)를 사용하여 정제한 후, Macrogen사(Korea)에 염기서열 분석을 의뢰하였다. 염기서열 분석 결과는 NCBI GenBank의 BLAST (<http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/>) 검색을 이용하여 기존의 등록된 염기서열과 유사성을 비교하고, BioEdit ver. 7.0.5 (<http://www.mbio.ncsu.edu/BioEdit/bioedit.html>)로 염기서열 alignment를 수행하였다.

이상에서 확인된 염기서열을 다음의 유전자 분류키⁸⁾에 적용하여 시료를 동정하였다.

- nrDNA의 ITS 부위의 genotype이 I-3(187번째 염기가 C, 411~413번째 염기가 TGC)이다.
- cpDNA의 *trnH-psbA* 부위의 genotype이 T-1(72번째 염기가 C, 171번째 염기가 T)이다. …… *G. uralensis*
- nrDNA의 ITS 부위의 genotype이 I-2(187번째 염기가 T, 411~413번째 염기가 CAA)이다.
- cpDNA의 *trnH-psbA* 부위의 genotype이 T-2(72번째 염기가 C, 171번째 염기가 G)이다. …… *G. glabra*
- cpDNA의 *trnH-psbA* 부위의 genotype이 T-3(72번째 염기가 T, 171번째 염기가 T)이다. …… *G. inflata*

2) 미각패턴 측정

각각의甘草 절편 50 g에 250 mL의 초순수를 가하여 15 시간 실온에 둔 뒤 탈지면으로 여과하였다. 여액 40.0 g에 1 M 염화칼륨 수용액 800 μL를 가하고 초순수를 가하여 총 80.0 g이 되도록 한 후 시료액으로 사용하였다. 보정액으로는 10 mM 염화칼륨 수용액을 사용하였다.

미각센서 기기는 SA402B(Insent, Japan)를 이용하였으며, 센서는 'foodstuff sensor' 5종(CT0, C00, AAE, CA0 및 AE1)을 장착하고, '2 step washing sample measurement' 모드에서 4회 반복 측정하였다. 측정결과는 분석 소프트웨어(Taste analysis application, Insent, Japan)를 이용하여 'Basic process' 모드에서 산출하였다.

표시 단위는 분석 소프트웨어에서 산출되는 미각정보 단위(taste information unit)로 하였다. 미각정보 단위는 Kobayashi 등¹²⁾이 제안한 단위로서, 인간이 구별할 수 있는 맛의 최소 차이를 1 단위로 정한 것이며 미각센서는 0.01 단위까지 측정이 가능하다.

3) 통계처리

결과값의 표기는 ‘평균±표준편차’로 표시하였다. 실험 군별 차이의 유의성 검증은 일원분산분석(one-way ANOVA) 및 독립표본 *t*-test를 실시하여 $P < 0.05$ 인 경우 유의한 것으로 판정하였다.

결 과

甘草 시료를 대상으로 nuclear ribosomal DNA(nrDNA)의 intergenic transcribed spacer(ITS) 부위와 chloroplast DNA(cpDNA)의 *trnH-psbA* intergenic 부위의 염기서열 분석 결과를 Kondo 등의 연구⁸⁾ 결과와 비교하여 기원종을 확인하였다. 총 11개 시료 중, 7~11번 시료는 ITS 부위에서 I-2 genotype, *trnH-psbA* 부위에서 T-2 genotype을 나

타내어 광과감초(*G. glabra*)로 확인되었으며, 1~6번 시료는 ITS 부위에서 I-3 genotype을 나타내어 감초(*G. uralensis*)로 확인되었다(Table 2, Figure 1~2).

Table 2. Characteristics of ITS regions and chloroplast(*trnH-psbA*) genes used in this study

| No. | Origin | ITS genotype | <i>trnH-psbA</i> genotype | Result |
|-----|--------------------|--------------|---------------------------|------------------------------|
| 1 | China(Nei Mongol) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 2 | China(Nei Mongol) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 3 | China(Nei Mongol) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 4 | China(Nei Mongol) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 5 | China(Nei Mongol) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 6 | China(Xinjiang) | I-3 | T-1 | <i>Glycyrrhiza uralensis</i> |
| 7 | Uzbekistan | I-2 | T-2 | <i>Glycyrrhiza glabra</i> |
| 8 | Uzbekistan | I-2 | T-2 | <i>Glycyrrhiza glabra</i> |
| 9 | Uzbekistan | I-2 | T-2 | <i>Glycyrrhiza glabra</i> |
| 10 | Uzbekistan | I-2 | T-2 | <i>Glycyrrhiza glabra</i> |
| 11 | Uzbekistan | I-2 | T-2 | <i>Glycyrrhiza glabra</i> |

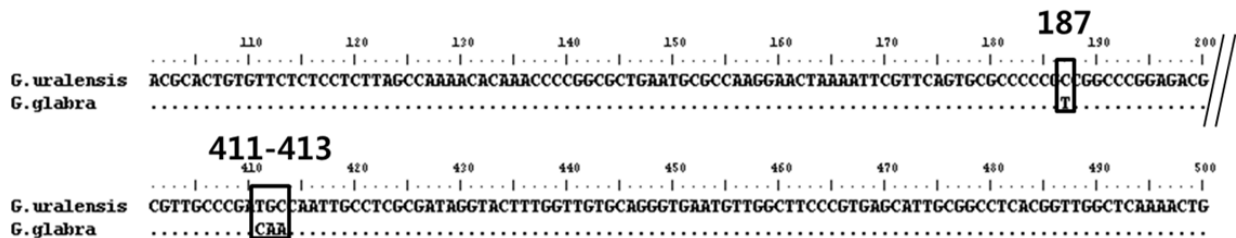


Figure 1. Nucleotide sequence comparisons of *G. uralensis* and *G. glabra* amplified using ITS1/ITS4 regions.

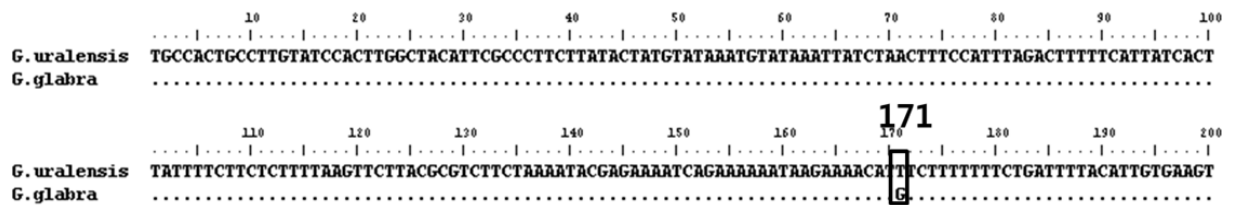


Figure 2. Nucleotide sequence comparisons of *G. uralensis* and *G. glabra* amplified using *trnH-psbA* regions.

甘草 시료의 미각패턴을 비교한 결과, 대체로 모든 시료에서 짠맛(saltiness)과 감칠맛의 후미(richness)가 높고 신맛(sourness)이 낮은 유사한 패턴을 나타냈다(Figure 3). 그러나 감초와 광과감초로 나누어 비교한 결과 신맛(sourness), 떫은맛(astringency), 떫은맛의 후미(aftertaste-A), 감칠맛의 후미(richness) 및 짠맛(saltiness)에서 각 종간에 유의한 차이를 보였다($P < 0.05$). 특히 신맛에서 감초는 -3.47 ± 0.70 단위인데 비해 광과감초는 -6.14 ± 0.81 단위로 가장 큰 차이를 보였으며($P = 0.0004$), 짠맛의 경우 감초는 18.87 ± 1.49 단위인데 비해 광과감초는 21.73 ± 1.10 단위($P = 0.0053$), 감칠맛의 후미는 감초가 10.11 ± 1.04 단위인데 비해 광과감초가 12.11 ± 0.80 단위($P = 0.0058$)로 뚜렷한 차이를 보였다(Figure 4). 감칠맛의 후미와 짠맛의 합산값은 감초가 27.65~31.11 단위, 광과감초가 31.45~35.43 단위로 더욱 유의한 차이를 보였으므로($P = 0.0004$), 이 합산값과 신맛을 각각 축으로 하였을 때 합산값 약 31.3 단위와 신맛 약 -4.9 단위를 기준으로 감초와 광과감초가 명확하게 클러스터링되는 것을 확인할 수 있다(Figure 5).

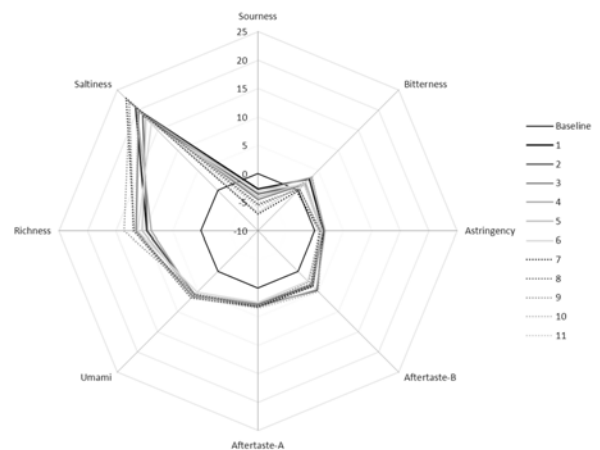


Figure 3. Taste patterns of samples. Aftertaste-B is aftertaste of bitterness. Aftertaste-A is aftertaste of astringency. Richness is aftertaste of umami. The unit is 'taste information unit' suggested by Kobayashi *et al.*(2010).

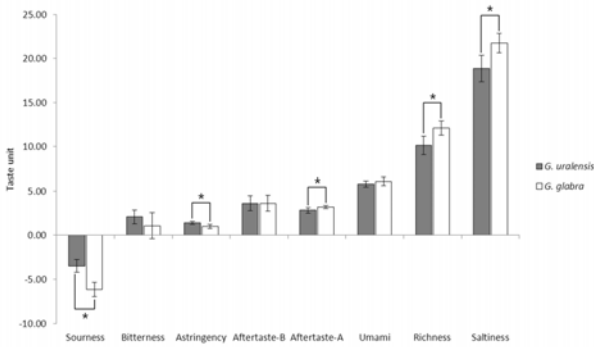


Figure 4. Taste difference among *G. uralensis* and *G. glabra*. The bar graphs show tastes respectively. Each bar represents the mean (\pm SD, n=5~6) taste difference. *, $P < 0.05$, tested by student *t*-test. Aftertaste-B is aftertaste of bitterness, Aftertaste-A is aftertaste of astringency, Richness is aftertaste of umami. The unit is 'taste information unit' suggested by Kobayashi *et al.*(2010).

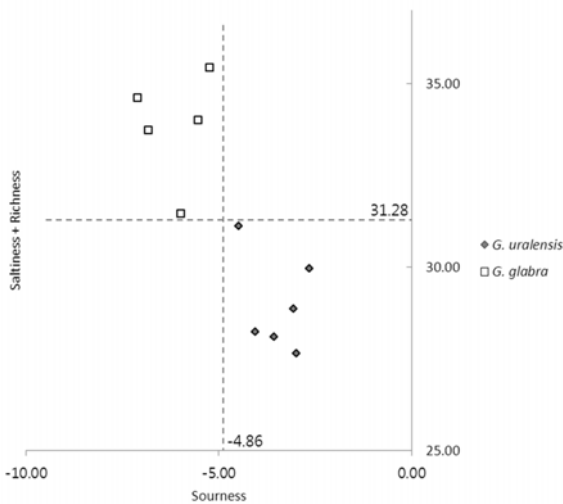


Figure 5. Taste clustering of *G. uralensis* and *G. glabra*. The unit is 'taste information unit' suggested by Kobayashi *et al.*(2010).

고찰

甘草는 『東醫寶鑑』에 수재된 처방 중 가장 많이 응용된 한약재로서¹⁵⁾, '약방의 감초'라는 속담이 있듯이 한약에서 중요한 위치를 점하고 있다.甘草의 기원종 규정에 있어서 우리나라의 『대한약전 제9개정』¹⁾ 및 중국의 『中華人民共和國藥典 2010年版』¹⁶⁾에서는 콩과 식물인 감초(*Glycyrrhiza uralensis* Fischer.), 광과감초(*G. glabra* L.) 또는 창과감초(*G. inflata* Batal.)의 뿌리 및 뿌리줄기로 규정하고 있으며, 일본의 『第十五改正日本藥局方』¹⁷⁾에서는 감초 또는 광과감초의 뿌리와 기는줄기로 규정하고 있다. 즉, 우리나라와 중국은 감초, 광과감초 및 창과감초를 감초의 기원종으로 인정하고 있는 반면 일본은 창과감초를 제외한 2종만을 인정하고 있다. 이와 같이 한 가지 한약재의 기원종이 여러 종일 경우에는 일정 수준의 품질 유지 및 위변조품의 혼입을 막기 위해 감별기준이 제시되어야 한다. 이에 따라 식품의약품안전청에서는 『대한약전 제9개정』¹⁾과 『원색 한약재감별도감』²⁾ 및 『한약재 관능검사지침』¹⁸⁾을 통해 성상 기준을 각각 제시하고 있으나, 전형일 때의 형태를 기준으로 설명하고 있어 대부

분의甘草가斜切된 채 유통되는 현실에 적용하는 것은 어려움이 많다. 이렇게 육안감별이 쉽지 않음에 따라 광학현미경을 이용한 형태조직학적 관찰이 연구된 바 있으나, 섬유성의 정도를 제외한 형태학적 구조가 대체로 유사하고⁶⁾, 분말 상태에서는 감별이 힘들다고 보고되었다⁵⁾. 또한 생육환경이나 등급에 따라 형태적·성분학적 특성은 달라질 수 있다는 점이 문제시된다. 따라서 현재로서는 생육 환경에 영향을 받지 않는 유전자 분석을 통한 감별이 주로 이용되고 있다.

甘草의 유전자 감별에 있어서 Kondo 등은 *Glycyrrhiza uralensis*, *G. glabra* 및 *G. inflata* 등 3종甘草의 잎과 열매 형태 등 식물형태학적 비교를 통해 종이 확인된 205점의 시료를 대상으로 4개의 유전적 부위(ITS, *rbcL*, *matK*, *trnH-psbA*)의 염기서열 비교를 통해 감별기준을 제시한 바 있다⁸⁾.

현재 국내에 한약재로 유통되고 있는甘草는 대부분 수입산인데, 이는甘草의 생육 환경이 우리나라와 적합하지 않기 때문에 여겨진다. 감초는 해발 400~2,700 m에서, 광과감초는 500~1,300 m에서, 창과감초는 약 1,100 m 고지에서 자라며, 감초는 중국 북부와 서부 및 중앙아시아 등 넓은 지역에 분포하는 반면 광과감초와 창과감초는 주로 중앙아시아 지역에 분포하고 있다¹⁹⁾. 수입산甘草 중 가장 큰 비중을 차지하는 것은 중국산이며, 근래에 우즈베키스탄으로부터의 수입량도 증가하고 있다.

유전자 분석 이외에甘草의산지 및 종감별 방법을 모색하는 과정에서, 일본 학계에서 미각센서를 이용한 식품 및 한약의 품질평가 연구가 이루어지는 것⁹⁻¹¹⁾에 착안하여 미각센서를 이용한甘草의산지 및 종감별 가능성을 타진하였다. 즉, 기원종이 다른 한약재는 맛도 다르게 느껴질 것이라는 데 착안하여, 이를 미각센서로 측정·비교함으로써 감별점을 확인하고자 하였다.

시중에 유통되는甘草 11점을 구입하여 먼저 유전자 분석을 통해 동정한 결과, 중국산甘草 6점은 모두 감초(*G. uralensis*)였으며, 우즈베키스탄산甘草 5점은 모두 광과감초(*G. glabra*)로 확인되었다(Table 2). 이를 실온침출하여 미각센서로 측정된 결과, 전체적으로 유사한 미각패턴을 보인 가운데 신맛, 짠맛, 짠맛의 후미, 감칠맛의 후미 및 짠맛에서 감초 그룹과 광과감초 그룹이 유의한 차이를 보였다(Figure 4). 신맛과 짠맛은 감초가 더 높은 반면에 짠맛의 후미, 감칠맛의 후미 및 짠맛은 광과감초가 더 높게 나타났다. '후미(後味)'란 음식물을 삼킨 뒤에도 혀에 남아 있는 맛으로서, 미각수용체에 대한 결합이 오래 지속되는 물질의 맛이며 쓴맛, 짠맛 및 감칠맛에서 후미가 존재한다.

감칠맛의 후미, 짠맛, 그리고 신맛을 각각 축으로 하여 나누었을 때 감초와 광과감초가 구분되는 것을 확인할 수 있었으며, 특히 신맛을 가로축으로 하고 감칠맛의 후미와 짠맛의 합산치를 세로축으로 하였을 때 좌표 약 (-4.9, 31.3)를 기준으로 figure 5와 같이 뚜렷한 클러스터링을 보였다. 즉, 감초는 신맛이 약 -4.5 단위 이상이고 감칠맛의 후미와 짠맛의 합산치가 약 31.1 단위 이하였으며, 광과감초는 신맛이 약 -5.2 단위 이하이고 감칠맛의 후미와 짠맛의 합산치가 약 31.4 단위 이상이었다. 이를 통해 감초와 광과감초를 구별할 수 있었다.

일반적으로 신맛은 유기산 등 산성물질의 맛이며, 짠맛은

염화나트륨 등 염류의 맛이고, 감칠맛은 글루탐산 등 아미노산의 맛이다. 따라서 향후 감초와 광과감초의 수용성 성분 중 산성물질, 염류, 아미노산 등의 조성을 비교함으로써 성분학적인 감별기를 찾을 수 있을 것이다. 또한, 향후 맛 평가 패널을 활용하여 실제 관능상의 맛과 미각센서로 측정된 미각패턴을 비교할 필요가 있다. 아울러 본 연구에서는 중국산 감초와 우즈베키스탄산 광과감초만을 비교하였다는 한계점이 있으므로 향후 동일한 산지에서 생산된 감초, 광과감초 및 창과감초의 비교연구 또는 동일한 기원종의 여러 산지별 비교연구가 진행되어야 할 것이다.

결론

공정서에서 복수의 기원종이 인정되고 있는 감초의 감별을 위해 시중에서 유통중인 감초 11점을 구입하여 유전자 분석과 미각패턴 측정을 한 결과는 다음과 같다.

1. 유전자 분석 결과, 원산지가 중국인 감초 6점은 모두 감초 (*Glycyrrhiza uralensis*)였고, 원산지가 우즈베키스탄인 감초 5점은 모두 광과감초(*G. glabra*)였다.
2. 미각패턴 분석 결과, 중국산 감초는 우즈베키스탄산 광과감초에 비해 신맛과 떫은맛이 유의하게 높게 나타났으며, 떫은맛의 후미, 감칠맛의 후미 및 짠맛은 유의하게 낮았다. 쓴맛, 쓴맛의 후미 및 감칠맛은 두 종간에 유의한 차이가 없었다.
3. 이 연구를 통해 중국산 감초와 우즈베키스탄산 광과감초를 미각센서로 감별할 수 있으며, 향후 다양한 산지의 시료를 확보하여 추가로 연구함으로써 미각패턴 감별기를 정리할 수 있을 것으로 사료된다.

감사의 글

이 연구는 한국한의학연구원 「미각센서를 이용한 한약 표준화 및 오미연구」 사업(K10120)에 의해 수행되었으며, 이에 감사드립니다.

참고문헌

1. 식품의약품안전청. 대한약전 제9개정. 2007 : 903.
2. 식품의약품안전청. 원색 한약재감별도감. 2009 : 17-9, 530-1.
3. 楊光興, 劉力, 劉偉新. 新疆5種甘草紫外光譜, 薄層層析及其薄層掃描的鑑別研究. 新疆中醫藥. 1997 ; 15(1) : 33-4.
4. 田進國, 任健, 婁紅祥, 高彥慧, 傅密寧, 傅克治. 四種甘草的紅外光譜鑑別. 中藥材. 1997 ; 20(4) : 175-6.
5. 김재욱, 길기정, 이영중. 감초 분말의 현미조직에 관한 연구. 대한본초학회지. 2003 ; 18(4) : 101-7.
6. 이영중, 조진희. 감초의 형태 감별에 관한 연구. 대한본초학회지. 2004 ; 19(3) : 47-52.
7. 劉寶玲, 王英華, 劉曉芳. 栽培甘草與野生甘草的形態組織學

- 研究. 中國藥事. 2005 ; 19(7) : 431-2.
8. Kondo K, Shiba M, Yamaji H, Morota T, Zhengmin C, Huixia P, Shoyama Y. Species identification of licorice using nrDNA and cpDNA genetic markers. Biol Pharm Bull. 2007 ; 30(8) : 1497-502.
 9. Anjiki N, Kawahara N, Goda Y. Evaluation of the Taste of Kampo Formulae by Taste-Sensing System (1). Natural Medicines. 2005 ; 59(4) : 164-70.
 10. Hayashi N, Chen R, Ikezaki H, Yamaguchi S, Maruyama D, Yamaguchi Y, Ujihara T, Kohata K. Techniques for Universal Evaluation of Astringency of Green Tea Infusion by the Use of a Taste Sensor System. Biosci Biotechnol Biochem. 2006 ; 70(3) : 626-31.
 11. Kawahara N, Anjiki N, Hosoe J, Kim IH, Ikezaki H, Mikage M, Goda Y. Studies on Relationship between Taste and Content of Sulfur Dioxide in Crude Drugs Obtained from the Japanese Market. Pharm Regul Sci. 2009 ; 40(3) : 129-35.
 12. Kobayashi Y, Habara M, Ikezaki H, Chen R, Naito Y, Toko K. Advanced Taste Sensors Based on Artificial Lipids with Global Selectivity to Basic Taste Qualities and High Correlation to Sensory Scores. Sensors. 2010 ; 10 : 3411-43.
 13. White TJ, Bruns T, Lee S, Taylor T. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In : Innis MA, Gelfand DH, Shinsky JJ, White TJ, eds. In PCR Protocols : A guide to methods and applications. San Diego : Academic Press. 1990 : 315-22.
 14. Demesure B, Sodji N, Petit RJ. A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants. Mol Ecol. 1995 ; 4(1) : 129-31.
 15. 주영승. 운곡본초학 총론. 서울 : 서림재. 2002 : 377.
 16. 國家藥典委員會. 中華人民共和國藥典. 北京 : 中國醫藥科技出版社. 2010 : 80.
 17. 厚生労働省. 第十五改正日本薬局方. 2006 : 1197.
 18. 식품의약품안전청. 한약재 관능검사지침 I. 2006 : 17.
 19. Wu ZY, Raven PH, Hong DY, eds. Flora of China. Vol. 10 (Fabaceae). Beijing : Science Press, St. Louis : Missouri Botanical Garden Press. 2010 : 509-10.