

## 한국산 흰명아주와 근연종의 세포분류학적 연구

정영재 · 김무열<sup>1</sup> · 이병순<sup>2\*</sup>

신경대학교 생명공학과, <sup>1</sup>전북대학교 생명과학과, <sup>2</sup>전주대학교 건강관리전공

### Cytotaxonomical Study of the *Chenopodium album* and its Related Species in Korea

Youngjae Chung, Muyeol Kim<sup>1</sup> and Byongsoon Lee<sup>2\*</sup>

Dept. of Life Science and Biotechnology, Shingyeong University, Hwaseong 445-741, Korea

<sup>1</sup>Dept. of Biological Sciences, Chonbuk National University, Jeonju 561-756, Korea

<sup>2</sup>Dept. of Health Science, Jeonju University, Jeonju 560-759, Korea

(Received 27 October 2011; Revised 6 December 2011; Accepted 13 December 2011)

**적 요:** 한국산 흰명아주(*Chenopodium album* var. *album*), 명아주(var. *centrorubrum*), 가는명아주(var. *stenophyllum*)를 대상으로 aceto-orcein에 의한 염색체 수와 모양을 조사하였고, 45S rDNA 유전자를 이용한 FISH (fluorescence *in situ* hybridization) 방법을 수행하여 세포유전학적 유연관계를 고찰하였다. 체세포 염색체 수는 흰명아주와 명아주는 모두  $2n=6x=54$ 개인 반면에 가는명아주는  $2n=4x=36$ 으로 뚜렷이 구별되었으며, 기본염색체수는  $x=9$ 개였다. 명아주속의 염색체에서 45S rDNA의 위치를 알아보기 위한 FISH 결과는 흰명아주의 경우 8개의 signal이, 가는명아주에서는 2개의 signal이 관찰되어 중간 차이를 보였으며, 모두 염색체 말단부위에서 관찰되었다. 염색체의 수와 형태, 45S rDNA를 이용한 FISH 결과는 명아주가 흰명아주에 통합되지만, 가는명아주와는 뚜렷이 구별됨을 지지해 주었다.

**주요어:** 흰명아주, 염색체, 45S rDNA, FISH

**ABSTRACT:** The purpose of this study was to analyze the interspecific relationships of *Chenopodium album* and its related taxa collected in Korea. The 18S-26S ribosomal DNA (45S rDNA) loci were detected directly on mitotic chromosomes by fluorescence *in situ* hybridization (FISH) and the chromosome numbers were examined using aceto-orcein methods. The chromosomal numbers of *Chenopodium album* var. *album* and *C. album* var. *centrorubrum* were  $2n=6x=54$ , whereas for *C. album* var. *stenophyllum*, this number was  $2n=4x=36$ . The basic chromosome number was  $x=9$ . The biotin labeled 18S-26S rDNA probe exhibited eight yellow fluorescent signals on the metaphase chromosome of *C. album* var. *album* and var. *centrorubrum* respectively, while two yellow signals of *C. album* var. *stenophyllum* were noted. All of the signals on the chromosomes were located at the terminal regions. The chromosome number and FISH findings suggest that *C. album* var. *centrorubrum* is merged into var. *album* and that it is clearly distinguished from *C. album* var. *stenophyllum*.

**Key words:** *Chenopodium album*, chromosome, 45S rDNA, FISH

명아주속(*Chenopodium* L.) 식물은 일년생 잡초식물로 약 170여종이 주로 온대나 열대지방에 광범위하게 분포하며, 한반도에는 9종 2변종이 자생한다(Chung, 2007). 이 중 *C. album* L.는 거의 모든 대륙에 광범위하게 분포하는 종으로 개체간이나 개체내의 외부 형태적 변이가 심하다

(Uotila, 1974; Kung and Chu, 1979).

일반적으로, 명아주는 어린잎에 붉은 분이 돌고, 줄기가 붉게 변하고, 잎이 원변종에 비해 얇고 넓다는 점으로 흰명아주와 구분되고, 가는명아주는 명아주와 흰명아주에 비해 잎이 좁은 장타원형이고 화서는 가늘고 긴 수상화서를 가져 이들 3 분류군은 서로 구분되어 왔다. 그러나 Chung and Lee (1995)는 명아주속의 회분 특징 중 발아공 갯수의

\*Author for correspondence: bslee@jj.ac.kr

현저한 차이를 근거로 명아주(*C. album* L. var. *centrorubrum* Makino)를 흰명아주(*C. album* var. *album*)에 통합시키고, 가는명아주(*C. album* L. var. *stenophyllum* Makino)는 분리시킬 것을 제안하였으나, 과실 및 종자형태에 관한 연구에서는 명아주, 흰명아주, 가는명아주의 구분이 어렵다는 것을 지적한 바 있다(Chung and Lee, 1996). 이들 결과와 외부형태학적 특징을 종합하여 Chung (2001)은 한국산 명아주 복합체(*Chenopodium album* L. complex)를 흰명아주(var. *album*)와 가는명아주(var. *stenophyllum*)로 정리한 바 있다. 한편 *C. album*계열의 염색체 연구는  $2n=18, 36, 54$  등 염색체의 수적 변이를 보고한 바 있으며, 이 중 *C. album* s. str.의 염색체 수로  $2n=54$ 가 알려져 있다(Cole, 1962; Uotila, 1978). 그러나 우리나라에서 채집한 재료에 대한 염색체 수 연구는 아직 없다.

식물의 계통에 대한 연구로 특정 DNA 단편을 직접 세포학적으로 준비한 염색체에 분자 교잡시키는 방법은 방사선 동위원소로 표지된 RNA 또는 DNA 탐침이 이용되었다(Pardue and Gall, 1969). 그러나 biotin이나 digoxigenin으로 표지된 탐침을 사용하는 방법(Langer-Safer et al., 1982)은 탐침의 검출에 필요한 시간의 단축, 해상도의 증가와 화학적으로 안정된 혼성화 탐침을 가능하게 하였다. 상염색법이 염색체의 형태적 특징만을 제공하는데 비하여 다양한 반복 서열을 탐침으로 하는 FISH (fluorescence *in situ* hybridization) 기법은 염색체상에서 특정 유전자의 위치를 찾을 수 있으며(Flavell et al., 1986; Mukai et al., 1991, 1992; Leitch and Heslop-Harrison, 1992), 식물의 계통 분석(Schwarzacher et al., 1989; Heslop-Harrison, 1991), 염색체상에서 DNA 염기서열의 상대적인 순서를 밝히는데 널리 사용되고 있다(Leitch et al., 1994). 또한 염색체의 크기와 모양이 유사하거나 작은 염색체에서도 관찰을 가능하게 해준다(Galasso et al., 1995). rDNA 유전자는 염색체 상에 반복적으로 위치하고, 거의 모든 고등생물에서 매우 안정적으로 보존되어 있으며(Maluszynska and Heslop-Harrison, 1993), rDNA의 수에 따른 signal의 변화는 식물의 종에 따라 다양하게 나타나는데(Mukai et al., 1991; Fukui et al., 1994), 진핵생물에서 multi-gene family로 존재하며 인 형성 부위를 포함하고 있어 염색체 지도 작성에 널리 쓰이고 있다(Leitch and Heslop-Harrison, 1992; Adachi et al., 1997). 우리나라에서도 한국 특산식물인 붉노랑상사화(Lee and Kim, 2000), 보리(Goo and Kim, 2003) 등 rDNA의 염색체 위치 결정에 관한 많은 연구가 이루어지고 있다. 최근에는 5S와 45S rDNA

탐침을 이용한 bicolor FISH 기법으로 자생식물과 약용식물의 세포유전학적 연구가 진행되고 있다(Kim and Kim, 2009; Lee et al., 2010).

본 연구는 세포유전학적인 연구가 부족한 흰명아주와 근연종을 대상으로 aceto-orcein을 이용한 염색체 연구와 45S rDNA 탐침을 이용한 FISH기법을 이용하여, 흰명아주, 명아주, 가는명아주의 분류학적 유연관계를 규명하고자 한다.

## 재료 및 방법

### 1. 재료

실험재료는 2003년 5월에서 2008년 9월 사이에 채집하여 신경대학교 실험포장에 이식 재배하여 완전히 성장한 개체를 사용하였으며, 사용된 재료의 증거표본은 신경대학교 표본관에 보관하였다(Table 1).

### 2. 방법

#### (1) 근단의 채취와 aceto-orcein염색을 통한 염색체 관찰

채집한 실험재료는 근단 채취 1~2일 전에 수분 공급을 충분히 하여 새로운 근단이 나오도록 한 후 세포분열이 왕성한 오전 10~12시에 5~10 mm 길이로 근단을 채취하였다. 염색체 관찰이 가장 좋은 중기 분열상을 얻기 위해 1-bromonaphthalene 포화 수용액(1-bromonaphthalene 2 ml/DW 250 ml)에 근단을 담가 6시간 동안 전 처리하였다. 염색체 관찰을 위해 고정된 근단을 60°C의 1N HCl용액에 2~3분 동안 연화시켰다. 증류수로 수세하고 aceto-orcein으로 염색한 후 45% acetic acid를 적당량 떨어뜨려 압착법으로 프레파라트를 제작하여 염색체를 관찰하였다.

#### (2) FISH용 슬라이드 제작과 탐침 준비

FISH 실험을 위하여 고정시킨 근단은 세포벽을 제거하기 위하여 효소혼합액(Fukui et al., 1994)에 담가 37°C의 배양기에서 30~50분 동안 처리하였다. 압착법으로 슬라이드를 제작한 후 위상차 현미경으로 관찰하여 양호한 슬라이드만을 선택하여 FISH에 이용하였다. FISH를 위한 탐침은 biotin-14-dATP nick translation 방법(Gibco BRL BioNick Labelling System)으로 표지시킨 45S rDNA를 이용하였으며, Lee and Kim(2000)의 방법을 이용하였다.

염색체와 탐침의 변성을 위하여 건조시킨 슬라이드에

**Table 1.** Collection data of *Chenopodium album* and its related species in Korea.

Taxa	Localities
<i>C. album</i> L. var. <i>album</i> 흰명아주	Gwangju. Jul. 9, 2003. MKS8021
<i>C. album</i> L. var. <i>centrorubrum</i> Makino 명아주	Maryang, Seocheon, Chungnam. Aug. 23, 2003. MKS6001
<i>C. album</i> L. var. <i>stenophyllum</i> Makino 가는명아주	Maryang, Seocheon, Chungnam. Aug. 23, 2003. MKS7051

200  $\mu$ l의 DNase-free RNase(100  $\mu$ m/ml) 용액을 떨어뜨리고 37°C에서 1시간 동안 처리한 후 실온의 2 $\times$ SSC에 5분씩 3회 수세하였다. 다음 70%, 90% 및 99% 에탄올에서 각각 5분씩 반응시킨 후 고정액에 30분 반응시켰다. 염색체 변성을 위하여 70% formamide/2 $\times$ SSC 용액에 70°C에서 2시간 처리한 후 4°C의 70% 에탄올, 95%와 99% 에탄올에 각각 5분씩 탈수하여 상온에서 건조시켰다.

DNA-DNA 혼성화를 위해 biotin으로 표지된 100 ng의 probe DNA, 50% formamide, 2 $\times$ SSC 및 10% dextran sulfate, 10 ng ssDNA로 조성된 탐침 혼합액은 90°C에서 10분간 변성시킨 후 급랭시켰다. 건조시킨 슬라이드에 탐침 혼합액을 20  $\mu$ l씩 적정하고 커버글라스를 덮은 후, 37°C에서 16시간 이상 반응시켰다. 혼성화 반응이 끝난 슬라이드는 40°C의 2 $\times$ SSC, 50% formamide/2 $\times$ SSC, 2 $\times$ SSC, 4 $\times$ SSC 용액에서 각각 10분씩 수세한 후, 탐침의 비특이적 결합을 막기 위해 5% BSA 완충액으로 37°C에서 5분간 blocking 하였다. biotin-14-dATP로 표지된 탐침을 확인하기 위해 FITC-avidin conjugate (Vector Lab.) 용액 100  $\mu$ l를 가한 후 37°C에서 1시간 반응시키고, 다시 40°C의 4 $\times$ SSC/Tween에 3회 10분 동안 수세하였다 (Lee and Kim, 2000). 형광 signal을 증폭시키기 위해 5%(v/v) goat serum으로 5분간 blocking 후 biotinylated anti-avidin-D(Vector Lab.)를 ml당 25  $\mu$ g을 넣고 37°C에서 1시간 동안 반응시켰다. 40°C의 4 $\times$ SSC/Tween에 10분씩 3회 세척한 후 FITC-avidin을 처리하였다. 염색방법은 PBS에 propidium iodide(PI)를 ml당 1~2  $\mu$ g 넣고 암실에서 15분 동안 염색한 후 PBS로 5분씩 2회 수세하였다. DAPI(4,6-diamidino-2-phenylindole) 1  $\mu$ g/ml와 Vectashield(Vector Lab.) 1 ml를 혼합한 후 암실에서 10분간 반응시킨 후 color CCD Camera(XC-750C, Vilber Lourmat)가 부착된 형광현미경(Axioskop, Zeiss)으로 signal을 관찰하고 사진을 촬영하였다.

### 결과 및 고찰

한국산 흰명아주(*Chenopodium album* var. *album*), 명아주(var. *centrorubrum*), 가는명아주(var. *stenophyllum*)의 세포학적 유연관계를 밝히기 위해 aceto-orcein 염색을 이용하여 염색체 수와 모양을 관찰하였다.

체세포 염색체 수는 흰명아주와 명아주는 모두  $2n = 6x = 54$ 개이며, 가는명아주는  $2n = 4x = 36$ 으로 확인되었다 (Fig. 1A-C). 따라서 명아주속의 기본염색체수는  $x = 9$ 임을 확인할 수 있었다. 이와 같은 결과는 *C. album*의 염색체가 6배체인  $2n = 54$ 임을 보고한 Cole (1962), Keener (1970), Uotila (1978), Tanaka and Tanaka (1980), Arohonka (1982), Buttler (1989), Hill (1989)의 연구 결과와도 일치하였다. 본 연구에 사용된 명아주속의 염색체 크기는 2~3.5  $\mu$ m로 나타났다. 체세포 분열조직인 근단의 중기 염색체를 Levan et al. (1964)의 분류방법에 따라 구별해 보면 오직 한 가지 형인 중부(metacentric, M) 염색체임을 보여주었다. 이와 같이 명

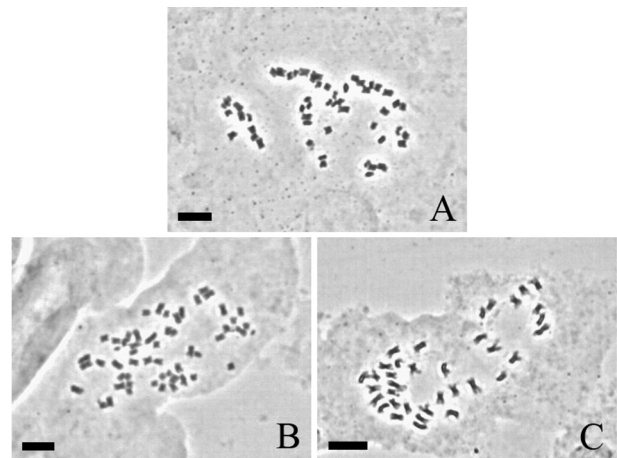


Fig. 1. Somatic metaphase chromosomes. A. *C. album* var. *centrorubrum* ( $2n = 6x = 54$ ); B. *C. album* var. *album* ( $2n = 6x = 54$ ); C. *C. album* var. *stenophyllum* ( $2n = 4x = 36$ ). Scale bar = 4  $\mu$ m.

아주속의 염색체 크기와 형태적 특징은 모양이 작고 일정하여 큰 차이를 보이지 않아 핵형연구의 한계가 있었으며, ideogram을 작성하기가 어려웠다. 그러나 체세포 염색체 수의 경우에는 명아주가 흰명아주와 염색체수가 같고 가는명아주와는 뚜렷이 다른 결과를 보여주어 명아주를 흰명아주에 포함시키고 가는명아주는 별도의 분류군으로 정리하였던 화분학적 연구(Chung and Lee, 1995)와 외부형태의 결과(Chung, 2001, 2007)를 지지하였다.

식물의 계통 구조의 비교 연구를 위해 일반적으로 사용하고 있는 45S rDNA를 탐침으로 한 FISH를 수행한 결과 흰명아주는  $2n = 6x = 54$ 개의 염색체에 혼성화된 signal 수는 모두 8개로 강한 signal 4개와 약한 signal 4개가 관찰되었다 (Fig. 2A). 반면에 가는명아주는  $2n = 4x = 36$ 개의 염색체에 혼성화된 signal 수는 모두 2개로 작지만 뚜렷하게 관찰되었다 (Fig. 2B). 이처럼 흰명아주와 가는명아주에서 45S rDNA의 signal의 수와 크기에서는 중간 차이를 보였으나, 45S rDNA

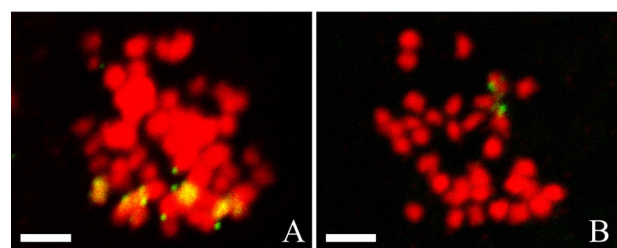


Fig. 2. Fluorescence in situ hybridization of *C. album* var. *album* and *C. album* var. *stenophyllum* with 45S rDNA probe (yellow-green). A. Eight rDNA sites were determined in *C. album* var. *album*. ( $2n = 6x = 54$ ). Four strong fluorescence signals and four relatively small signals were found at the termini of the chromosome; B. Two rDNA sites of *C. album* var. *stenophyllum* ( $2n = 4x = 36$ ). Scale bar = 6  $\mu$ m.

의 위치는 모두 염색체 말단부위에서 관찰되었다. 흰명아주에서 관찰된 서로 다른 크기의 signal과 가는명아주의 염색체에 혼성화된 signal을 볼 때 각각의 수와 크기의 변화는 rDNA의 multicopies가 서로 다음을 보여주는 것으로, rDNA의 수에 따른 signal의 변화는 식물의 종에 따라 다양하게 나타나는 것으로 보고된 바 있다(Flavell et al., 1986; Mukai et al., 1991; Adachi et al., 1997; Kim and Kim, 2009; Lee et al., 2010). 특히 다배체 식물의 유전체 분화에서 rDNA의 위치와 수, 혼성화된 signal의 강도의 차이는 계통학적인 중요한 특징이 되며, 유전자지도 작성에 유용하게 이용된다(Fukui et al., 1994; Lee and Kim, 2000; Goo and Kim, 2003; Lee et al., 2005; Sultana et al., 2010). 따라서 세포학적 결과와 마찬가지로 우리나라 명아주속의 45S rDNA 유전자의 FISH의 결과 흰명아주와 근연종인 가는명아주 사이에 45S rDNA의 signal의 수와 크기가 뚜렷이 구별되는 것을 확인할 수 있었다. 본 연구결과는 흰명아주와 근연종들의 유연관계를 파악하는데 염색체 수와 형태 그리고 45S rDNA의 signal 수와 크기에 따른 중간에 차이가 있음을 보여주었으며, 한국산 명아주속의 분자세포유전학적인 접근으로는 처음으로 시도된 것으로 명아주속의 다른 종들의 유연관계를 분석하기 위한 세포분류학적 자료로 이용될 수 있을 것이다.

## 인용문헌

- Adachi, J., K. Watanabe, K. Fukui, N. Ohmido and K. Kosuge. 1997. Chromosomal location and reorganization of the 45S and 5S rDNA in the *Brachyscome lineariloba* Complex (Asteraceae). *J. Plant Res.* 110: 371-377.
- Arohonka, T. 1982. Chromosome counts of vascular plants of the island Seili in Nauvo, SW Finland. *Turun Yliopiston Biologin-Laikoksen Julkaisuja* 3: 1-12 (in Finnish).
- Buttler, K. P. 1989. Chromosomenahlen von Gegsspflanzen aus Hessen 4. Folge. *Hess. Florist. Briefe* 38: 11-14.
- Cole, M. J. 1962. Interspecific relationships and intraspecific variation of *Chenopodium album* L. in Britain. II. The chromosome numbers of *C. album* L. and other species. *Watsonia* 5: 117-122.
- Chung, Y. 2001. Taxonomic delimitation of *Chenopodium album* L. Complex (Chenopodiaceae) in Korea. *Korean J. Weed. Sci.* 21: 218-228 (in Korean).
- Chung, Y. 2007. *Chenopodium*. In *The Genera of Vascular Plants of Korea*. Flora of Korea Editorial Committee (eds.), Academy Publishing Co., Seoul. Pp. 296-298.
- Chung, Y. and S. Lee. 1995. Pollen morphology of some Korean Chenopodiaceae. *Korean J. Pl. Taxon.* 25: 255-276 (in Korean).
- Chung, Y. and S. Lee. 1996. Taxonomic studies of Korean *Chenopodium* L. (Chenopodiaceae) based on fruit and seed morphology. *Korean J. Pl. Taxon.* 26: 105-123 (in Korean).
- Flavell, R. B., M. O'Dell, W. F. Thompson, M. Vincentz, R. Sardana and R. F. Barker. 1986. The differential expression of ribosomal RNA genes. *Phil. Trans. R. Soc. Lond, B.* 314: 385-397.
- Fukui, K., N. Ohmido and G. S. Khush, 1994. Variability in rDNA loci in the genus *Oryza* detected through fluorescence *in situ* hybridization. *Theor. Appl. Genet.* 87: 893-899.
- Galasso, I., T. Schmidt, D. Pignone and J. S. Heslop-Harrison. 1995. The molecular cytogenetics of *Vigna unguiculata* (L.) Walp: the physical organization and characterization of 18S-5.8S-25S rRNA genes, 5S rRNA genes, telomere-like sequences and a family of centromeric repetitive DNA sequences. *Theor. Appl. Genet.* 91: 928-953.
- Goo, H. J. and N. S. Kim. 2003. Physical mapping of the rDNA loci in *Hordeum* species. *Korean J. Genetics* 25: 189-197.
- Heslop-Harrison, J. S. 1991. The molecular cytogenetics of plants. *J. Cell Sci.* 100: 15-21.
- Heslop-Harrison, J. S., A. R. Leitch and T. Schwarzacher. 1993. The physical organization of interphase nuclei. In *The Chromosome*. J. S. Heslop-Harrison and R. B. Flavell (eds.), Oxford, UK. Pp. 221-232.
- Hill, L. M. 1989. IOPB chromosome data 1. *Int. Organ. Pl. Biosyst. Newslett. (Zrich)* 13: 17-19.
- Keener, C. S. 1970. Documented plant chromosome numbers. 70: 1. *Sida* 3: 533-536.
- Kim, S. Y. and C. S. Kim. 2009. Cytogenetic study of *Maackia amurensis* Rupr. & Maxim. and *M. fauriei* (Levl.) Takeda using karyotyping analysis and the FISH technique. *Korean J. Pl. Taxon* 39: 193-198 (in Korean).
- Kung, H.-W. and G.-L. Chu. 1979. *Chenopodium*. In *Flora Reipublicae Popularis Sinicae*. Tomus 25. H.-W. Kung and C.-P. Tsien (eds.), Institutum Botanicum Academiae Sinicae, Universitas Normalis Kansuensis. Pp. 76-98 (in Chinese).
- Langer-Safer, P. R., M. Levine and D. C. Ward. 1982. Immunological method for mapping genes on *Drosophila* polytene chromosomes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 79: 4381-4385.
- Lee, B. S. and M. Y. Kim. 2000. Chromosomal localization of rDNA genes in the Korean endemic *Lycoris flavescens* M. Kim et S. Lee and its related species (Amaryllidaceae). *Korean J. Genetics* 22: 11-17.
- Lee, B. S., M. Y. Kim, R. R. -C. Wang and B. L. Waldron, 2005. Relationships among 3 *Kochia* species based on PCR-generated molecular sequences and molecular cytogenetics. *Genome* 48: 1104-1115.
- Lee S. H., H. W. Choi, J. S. Sung and J. W. Bang. 2010. Inter-genomic relationships among three medicinal herbs: *Cnidium officinale*, *Ligusticum chuanxiong* and *Angelica polymorpha*. *Genes & Genomics* 32: 95-101.
- Leitch, I. J. and J. S. Heslop-Harrison. 1992. Physical mapping of the 18S-5.8S-26S rRNA gene in barley by *in situ* hybridization.

- Genome 35: 1013-1018.
- Leitch, I. J., A. R. Leitch and J. S. Heslop-Harrison. 1994. Physical mapping of plant DNA sequences by simultaneous *in situ* hybridization of two differently labelled fluorescent probes. Genome 34: 329-333.
- Levan, A., K. Fredga and A. A. Sandberg. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. Hereditas 52: 201-220.
- Maluszynska, J. and J. S. Heslop-Harrison. 1993. Physical mapping of rDNA in *Brassica* species. Genome 36: 774-781.
- Mukai, Y., T. R. Endo and B. S. Gill. 1991. Physical mapping of the 18S-26S rRNA multigene family in common wheat: Identification of a new locus. Chromosoma 100: 71-78.
- Mukai, Y., B. Friebe and B. S. Gill. 1992. Comparison of C-banding patterns and *in situ* hybridization sites using highly repetitive and total genomic rye DNA probes of 'Imperial' rye chromosomes added to 'Chinese Spring' wheat. Jpn. J. Genet. 67: 71-83.
- Pardue, M. L. and J. D. Gall. 1969. Molecular hybridization of radioactive RNA to the DNA of cytological preparations. Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A. 64: 600-604.
- Schwarzacher, T., A. R. Leitch, M. D. Bennett and J. S. Heslop-Harrison. 1989. *In situ* localization of parental genomes in a wide hybrid. Ann. Bot. 64: 315-324.
- Schwarzacher, T. and J. S. Heslop-Harrison, 1991. *In situ* hybridization to plant telomeres using synthetic oligomers. Genome 34: 317-323.
- Sultana S, S. H. Lee, J. W. Bang and H. W. Choi. 2010. Physical mapping of rRNA gene loci and inter-specific relationships in wild *Lilium* distributed in Korea. J. Plant. Biol. 53: 433-443.
- Tanaka, R. and A. Tanaka. 1980. Karyomorphological studies on halophytic plants. I. Some taxa of *Chenopodium*. Cytologia 45: 257-269.
- Uotila, P. 1974. Pollen morphology in European species of *Chenopodium* sect. *Chenopodium*, with special reference to *C. album* and *C. suecicum*. Ann. Bot. Fennici 11: 44-58.
- Uotila, P. 1978. Variation, distribution and taxonomy of *Chenopodium suecicum* and *C. album* in N. Europe. Acta. Bot. Fenn. 108: 1-36.