

Weed & Turfgrass Science was renamed from both formerly Korean Journal of Weed Science from Volume 32 (3), 2012, and formerly Korean Journal of Turfgrass Science from Volume 25 (1), 2011 and Asian Journal of Turfgrass Science from Volume 26 (2), 2012 which were launched by The Korean Society of Weed Science and The Turfgrass Society of Korea founded in 1981 and 1987, respectively.

국내에 유입되는 열대피 (*Echinochloa colona*) 동정: DNA 바코드 중심

이정란* · 김창석 · 이인용
국립농업과학원

Discrimination of *Echinochloa colona* (L.) Link from other *Echinochloa* Species using DNA Barcode

Jeongran Lee*, Chang-Seok Kim, and In-Yong Lee
National Academy of Agricultural Science, Iseo 565-852, Korea

ABSTRACT. *Echinochloa colona* is one of the most problematic weeds in the paddy fields of the world. In recent years, this species is likely to be introduced in Korea due to global warming, the expansion of international trade including agricultural products, and increasing tourists. We tried to identify the species from Korean *Echinochloa crus-galli* and *E. oryzicola* in order to establish the control measures in case of the initial influx. For this study, *Echinochloa colona* collected from the National Plant Germplasm System, USA were examined and *E. crus-galli* and *E. oryzicola* were collected in Korea. It is, however, very difficult to identify for *Echinochloa* species using morphological characters because of numerous interspecific and intraspecific types found in nature. Thus, we barcoded the species using *rbcl*, *matK*, and ITS. All three markers identified *E. colona* very well from the others. ITS alone may be enough as a DNA barcode for *E. colona* identification, when considering cost and effectiveness. The barcode sequences were deposited to the National Center for Biotechnology Information database for public use.

Key words: DNA barcode, *Echinochloa colona*, *E. crus-galli*, *E. oryzicola*, Identification

Received on August 07, 2015; Revised on September 08, 2015; Accepted on September 10, 2015

*Corresponding author: Phone) +82-63-238-3322, Fax) +82-63-238-3838; E-mail) kongsarang@korea.kr

© 2015 The Korean Society of Weed Science and The Turfgrass Society of Korea

This is an Open-Access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution Non-Commercial License (<http://creativecommons.org/licenses/by-nc/3.0>) which permits unrestricted noncommercial use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original work is properly cited.

서 론

외부형태적으로 뚜렷한 형질이 없어 동정하기 매우 어려운 돌피속(*Echinochloa* (L.) P. Beauv.) 식물은 전 세계적으로 약 30~40여 종이 온대, 아열대, 열대에 골고루 분포하는 것으로 알려져 있다(Clayton and Renvoize, 1999). 돌피속은 소수의 형태와 서식지 등의 특징으로 주로 동정해왔으나 이런 형태적 특징은 종간, 종내 변이가 매우 심하여 많은 나라에서 본 속의 종동정에 각기 다른 동정체계를 따르고 있다(Mennan and Kaya-Altop, 2012). 따라서 돌피속의 일부 종들은 여전히 학명까지 혼동되어 사용되고 있다. 그 중 돌피(*E. crus-galli* (L.) P. Beauv), 열대피(*E. colona* (L.)

Link), 논피(*E. oryzicola* (Vasinger) Vasinger) 등은 특히 논에서 악성잡초로 알려져 있다. 이런 잡초들은 벼와 닮은 형태, 매우 빠른 발아력, 신속한 성장력, 풍부한 종자 생산력과 같은 광범위한 생태적 내성에 의해 과거 60여년 이상 악성잡초로 문제시되어 왔다(Barrett, 1983).

국내에는 그 동안 문헌 기록에 의하면 열대피와 대만피(*E. glabrescens* Munro ex Hook. f.)를 포함하는 8분류군의 돌피속 식물이 분포하는 것으로 알려져 왔으나(Lee et al., 2013) 최근에 한국, 중국, 인도, 필리핀, 미국 등의 돌피속 식물을 핵 DNA internal transcribed spacer (ITS), External transcribed spacer (ETS)와 염록체 DNA *trnL* intron, *trnL-F* intergenic spacer, *matK*의 염기서열을 이용한 연구결과와

simple sequence repeat을 이용한 분자 계통학적 분류결과, 국내에 분포하는 돌피속 식물은 돌피, 피(*E. esculenta* (A. Braun) H. Scholz), 논피, 나도논피(*E. oryzoides* (Ard.) Fritsch) 4종인 것으로 보고되었다(Lee et al., 2014b; Lee et al., 2014c).

최근에는 기후변화 및 국제무역의 확대, 특히 농산물 교역량의 증가와 여행자의 증가 등의 영향으로 의도하지 않은 병, 해충, 잡초 등이 국내로 유입되어 국내에 새로운 문제 병, 해충, 잡초가 되는 경향이 있다. 특히 잡초의 경우, 곡물의 수입에 의해 잡초종자가 혼입되어 국내에 유입되어 향만, 사일로, 곡물 수송도로 부근과 축산 농가주변에서 발견되는 경우가 있다(Oh et al., 2002). 최근에는 국제결혼과 외국 관광객의 증가에 의해 새로운 수요가 되고 있는 아열대 채소의 재배농가 주변에서도 비의도적 도입에 의해 발견될 수 있을 것으로 추정된다.

열대아시아 원산의 열대피는 세계 3대 악성잡초종의 하나로 돌피속 잡초중에 국내에 유입될 경우 지구온난화로 더욱 따뜻해진 국내 기후에 적응이 잘 될 가능성이 매우 높다(Holm et al., 1977). 열대피는 일단 정착이 되면 돌피, 논피와 더불어 국내 논에서 악성잡초가 될 가능성이 높을 뿐만 아니라, 제초제에 저항성을 갖게 될 가능성 역시 매우 높기 때문에 국내에 도입되기 전에 종을 쉽게 동정할 수 있는 방법을 제시하여 도입시 초기방제에 활용할 수 있어야 한다.

최근에 Hebert et al. (2003)에 의해 제안되어 생물다양성 협약(Convention on Biodiversity) GTI 9조 및 13조에서 권고하는 표준 종 동정 방법인 DNA 바코드는 돌피속과 같이 형태적으로 분류가 어려운 종을 비교적 짧은 시간에 객

관적으로 동정할 수 있는 강력한 대안으로 이용되고 있다. 외국원산 열대피와, 국내 논피, 돌피를 DNA 바코드하고 그 정보를 데이터베이스화 하여 열대피가 국내에 도입될 경우 빠르게 동정에 활용할 수 있도록 본 연구를 수행하였다.

재료 및 방법

식물재료, DNA 추출, PCR 증폭과 염기서열 분석

본 연구에 이용된 열대피는 미국, 인도, 이스라엘, 에티오피아, 남아프리카공화국 원산의 6종이었고, 국내에서 채집한 논피 2점, 외부형태가 다양한 돌피 4점이 포함되었다. 열대피는 미국 National Plant Germplasm System (NPGS)에서 종자를 분양받아 국립농업과학원 온실에서 파종하여 식물체를 얻었으며, 돌피와 논피는 국내에서 직접 수집하였다(Table 1). 본 연구에 이용한 식물재료의 확증표본은 국립농업과학원 식물균류표본보존센터(HCCN)에 보관하였다.

전체 게놈 DNA는 종자를 파종 후 4~5엽기에 생체를 채집하여 Genomic DNA isolation kit (NucleoGen, Germany)를 이용하여 동봉되어있는 프로토콜에 따라 추출하였으며, 추출한 DNA는 Nanodrop ND-1000을 이용하여 DNA의 농도와 순도를 측정 후 25 ng μL^{-1} 로 맞추어 PCR 증폭에 이용하였다. PCR 증폭반응과 증폭온도는 Lee et al. (2014a), 바코드 primer는 Lee et al. (2015)에 따랐다. 바코드 부위의 염기서열 분석은 GenoTech (Dajeon, Korea)에서 수행하였다.

바코드 구간 염기서열 분석 및 계통수 작성

분석된 염기서열은 Lasergen 8.1.5 (CodonCode Corp,

Table 1. The plant list and NCBI GenBank numbers deposited in this study.

Species	Passport	Origin	NCBI GenBank No.		
			ITS	<i>matK</i>	<i>rbcl</i>
<i>E. colona</i>	PI292598	Israel	KR706351	KT365299	KT365292
<i>E. colona</i>	PI331385	Ethiopia	KR706352	KT365300	KT365293
<i>E. colona</i>	PI364794	South Africa	KR706353	KT365301	KT365294
<i>E. colona</i>	PI463640	India	KR706354	KT365302	KT365295
<i>E. colona</i>	PI463829	India	KR706355	KT365303	KT365296
<i>E. colona</i>	PI491424	USA	KR706356	KT365304	KT365297
<i>E. oryzicola</i>	E46	Korea	KC164280	KT365309	KT365290
<i>E. oryzicola</i>	E55	Korea	KF010187	KT365310	KT365291
<i>E. crus-galli</i> var. <i>echinata</i>	PB-159	Korea	KF163624	KF163726	KF163507
<i>E. crus-galli</i> var. <i>crus-galli</i>	PB-170	Korea	KF163621	KF163722	KF163504
<i>E. crus-galli</i> var. <i>crus-galli</i>	PB-187	Korea	KF163622	KF163723	KF163505
<i>E. crus-galli</i> var. <i>echinata</i>	PB-240	Korea	KF163625	KF163724	KF163506

Dedham, MA, USA)를 이용하여 contig를 작성하고, contig 들은 Clustal W를 이용하여 정렬한 후 육안 편집을 거쳤다. 종간 염기서열 차이는 육안으로 확인하였으며 MEGA 6.06 프로그램으로 Kimura-2-parameter distance model을 적용하여 Neighbor-joining 계통수를 작성하여 종을 구별하였다 (Saitou and Nei, 1987; Tamura et al., 2013). 바코드 염기서열은 미국의 국립생물공학정보센터(National Center for Biotechnology Information)에 제출하여 GenBank 번호를 부여받았다.

결과 및 고찰

열대피의 형태적 특징

문헌에 의하면 열대피는 총상화서(raceme)에 달린 소수가 가지런하게 4줄로 배열되어있으며 소화경의 길이가 0.7-2(4) cm로 2차 소화경은 없고, 소수의 길이는 2-3 mm로 돌피속의 돌피, 논피, 피 등에 비하여 작은 것으로 기록되어 있다(Chen and Peterson, 2006; Michael, 2007). 그러나 이러한 형태적 특징은 종간, 종내 잡종에 의해 중간 타입이 많이 관찰되어 외부 형태적 형질에 기초하여 종을 동정하는 데는 어려움이 많기 때문에 객관적인 동정법이 필요한 현실이다. 실제로 인천항, 전남 곡성의 열대작물 재배농가 주변에서 외부 형태적 특징이 모호하여 열대피로 의심되는 종들을 채집하였으나 DNA 바코드결과 돌피와 같은 종으로 동정되었다(data not shown, provided upon request).

DNA 염기서열 분석과 변이

각 마커별 바코드 염기서열의 NCBI GenBank에 제출하여 부여받은 번호는 Table 1과 같으며 GenBank 번호로 분석된 염기서열은 검색 가능하다. 전 분류군의 분석된 구간의 길이는 전 종에서 *rbcL*과 *matK*는 염기서열이 각각 1096 bp와 1020 bp로 같은 길이로 분석되었으나, ITS는 열대피는 585 bp로, 돌피와 논피는 588 bp로 분석되었다.

고등식물의 표준 바코드 구간인 엽록체 DNA의 *rbcL* 유전자로 분석한 결과 열대피와 국내 돌피, 논피와는 분석된 염기서열 1096 bp 중에 744번째 염기서열 A가 T로, 774번째

염기서열 T가 C로, 858번째 염기서열 A가 T로, 984번째 염기서열 T가 C로의 치환이 발견되어 0.36%의 치환이 있었다. 또한, 137번째 염기서열 A가 T로 치환된 논피 특이 염기서열이 발견되었다(Table 2).

*rbcL*과 마찬가지로 표준바코드 구간이며 모계 유전하는 유전자부위인 *matK*에서는 33번째 염기서열 C가 T로, 348번째 염기서열 A가 T로, 362번째 염기서열 T가 C로 치환되어 열대피 특이 치환은 0.29%로 나타났다(Table 2). 특히 *matK*에서 논피는 435번째 염기서열 A가 G로, 774번째 염기서열 A가 T로, 1012번째 염기서열 C가 T로 치환되어 논피를 돌피로부터 구분해 낼 수 있었으며, 253번째 염기서열 T에서 G로의 치환은 돌피에서만 관찰되어 돌피 특이 염기서열로 구분되었다. 이는 *rbcL*과 *matK* 조합은 바코드 갭이 매우 낮아 적절하게 종을 동정하기 어려운 문제점이 있다는 Lahaye et al. (2008)의 보고와 달리 돌피속은 고등식물의 표준마커만으로도 충분히 종을 동정할 수 있어서, *matK*는 분류군에 따라 바코드에 이용하는 것을 고려해야 한다는 Kress and Erickson (2007)과 Lee et al. (2015)등의 보고와 같은 결과를 얻었다. 모계에서 유래한 cpDNA의 *rbcL*과 *matK* 유전자의 염기서열을 이용하여 분석하였을 때 돌피와 논피가 구분되었던 특이점은 아마도 잡종의 경우 모계종으로 동정이 될 수 있다는 보고와 일치하는 것으로 생각된다(Chase and Fay, 2009). 국내의 돌피, 논피와 달리 열대피는 종내 변이도 0.06% 발견되었다.

양친유래 마커 즉, 핵 DNA 유전자의 경우 다수의 카피로 존재하거나 종중 클로닝을 해야 하는 번거로움이 있기 때문에 표준 마커로서 이용이 어려운 단점이 있음에도 불구하고, *rbcL* + *matK*가 분류군에 따라 종 식별력이 떨어질 수 있기 때문에 핵 DNA의 ITS 구간은 표준바코드 부위와 함께 바코드분석에 이용되면 보완이 될 것이라는 많은 주장이 있다(Chase and Fay, 2009; Chen et al., 2010; China Plant BOL Group, 2011; Kress and Erickson, 2007). 5.8S를 포함하는 ITS는 전체 길이가 *rbcL*이나 *matK*에 비하여 매우 짧기 때문에 단 한번의 PCR로 전체 길이를 증폭할 수 있는 장점이 있어 바코드의 효율성을 고려하기 위하여 본 분석에 포함시켰다. 본 분석에 이용된 ITS 구간은 2개의

Table 2. Characters identifying *Echinochloa colona* from *E. crus-galii* and *E. oryzicola*.

	<i>rbcL</i> (0.36%)*	<i>matK</i> (0.29%)	ITS (3.2%)																			
	744** 774 858 984	33 348 362	27 45 63 82 85 87 88 91 92 173 181 375 396 401 402 403 436 481 521 539 542 576																			
<i>E. colona</i>	T C C C	T T C	T C C - A G A A A T T A A T - - C C C A T T																			
<i>E. crus-galii</i>	A T G A	C A T	C T T T C A G G G C G C C G T A T A T T A C																			
<i>E. oryzicola</i>	A T G A	C A T	C T T T C A G G G C G C C G T A T A T T A C																			

*percentage of *E. colona*-specific nucleotide substitution.

**indicate the nucleotide numbers sequenced using each barcode marker.

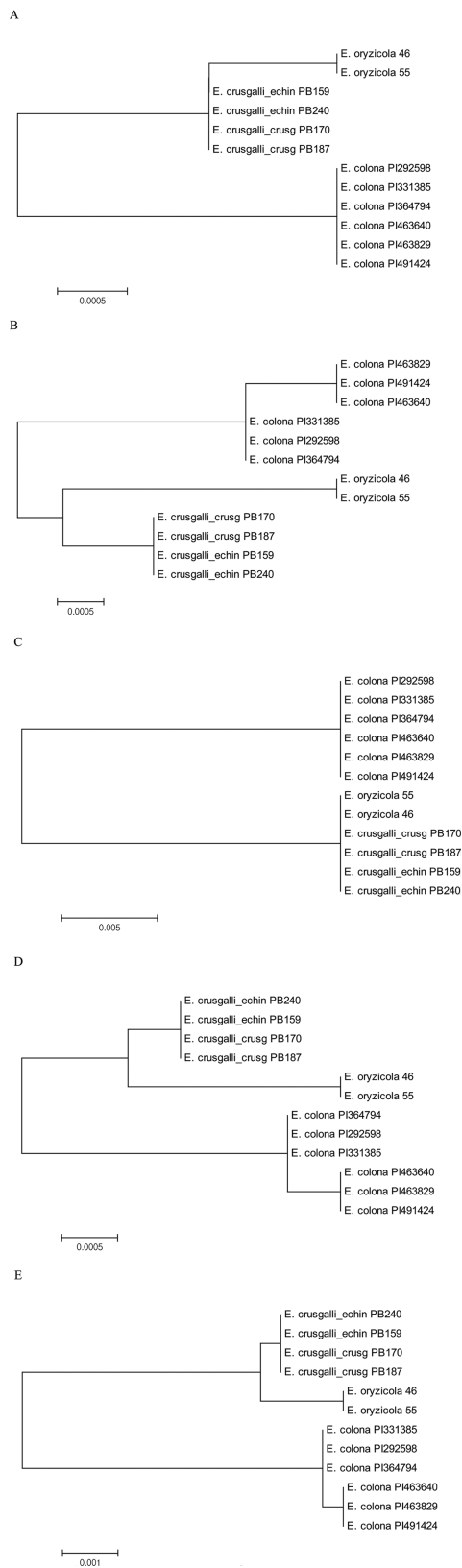


Fig. 1. Neighbor-joining dendrograms derived from *rbcL* (A), *matK* (B), ITS (C), *rbcL* + *matK* (D) and *rbcL* + *matK* + ITS (E) sequences. *Echinochloa colona* species are well separated from the other species of *Echinochloa* in all dendrograms.

primer에 의해 간단하게 PCR 증폭과 염기서열 분석이 가능하였으며 분석된 구간은 ITS1, 5.8S ribosomal DNA와 ITS2가 포함되었다. 분석된 ITS1 구간은 207 bp이었으며 1개의 삽입 또는 결실부위와 10 bp의 염기서열 치환이 조사되었다. 163 bp의 5.8S ribosomal DNA 구간은 전 분류군에서 100% 동일한 염기서열이 보존되어있었다. 염기서열 변이가 가장 높은 것으로 알려진 ITS2 구간에서는 2 bp의 삽입 또는 결실부위가 발견되었고, 9 bp의 염기서열 치환이 조사되었다. 그러므로 ITS 구간 전체에서 열대피는 국내의 돌피, 논피와 비교하였을 때 3 bp의 삽입 또는 결실부위와 19 bp의 염기서열 치환이 조사되어 분석된 589 bp의 3.2%의 염기서열 치환율을 나타냈다(Table 2). 논피 또는 돌피 특이 염기서열은 발견되지 않았다.

Neighbor-joining 계통수에 의한 종 동정

고등식물 표준 바코드 마커와 ITS 염기서열을 이용하여 종간 pairwise sequence divergence를 산출하였으며 이를 기초로 Neighbor-joining (NJ) 계통수를 작성하였다(Fig. 1). 본 연구에 이용된 세 마커는 모두 열대피와 국내의 논피, 돌피를 구분할 수 있는 바코드 갭(평균 1.36%)을 갖는 것으로 나타났다. *rbcL*, *matK*, ITS의 단일 NJ 계통수와 이들 조합의 계통수 모두 열대피를 국내의 논피, 돌피와 구분하는데 성공하였다.

열대피는 DNA 바코드로 빠른 시간 내에 정확하게 종 동정이 가능하기 때문에 국내에서 열대피로 의심되는 생태형이 발견될 경우, 바코드를 활용하면 정확한 종동정을 할 수 있다. 특히 비교적 긴 구간을 분석해야하는 cpDNA의 *rbcL*과 *matK* 이외에 비교적 짧은 부위인 핵 DNA의 ITS만으로도 열대피의 정확한 동정이 가능하다. 그러므로 열대피로 의심되는 생태형을 발견할 경우 ITS 부위를 단독으로 이용하면 쉽고 빠르고 낮은 비용으로 정확하게 동정할 수 있을 것으로 생각한다.

농사에 있어서 잡초의 오동정은 정확한 방제법을 놓칠 수 있기 때문에 잡초관리에 있어서 정확한 종 동정은 중요한 이슈가 되고 있다(Mennan and Kaya-Alttop, 2012). 종에 따라 어떤 종들은 특히 정확한 동정이 필요할 수 있다. 예를 들면, 캐나다 온타리오 남서부지방에 자생하는 3종의 비름속(*Amaranthus* L.) 잡초 중 *A. retroflexus* L.와 *A. powellii* S. Wats는 atrazine 저항성이지만 *A. hybridus* L.는 감수성이었다(Warwick and Weaver, 1980). 이런 경우 각 종에 따라 다른 관리법이 필요하므로 정확한 종동정은 농업적으로 매우 중요하다. 특히 피속 잡초는 연속변이를 포함하는 형태적 특징들 때문에 정확한 종동정이 매우 어려운 실정이다. 그러므로 DNA 바코드를 이용한 동정은 매우 유용한 대안이 될 수 있다.

요 약

열대피와 같은 논농사지역의 악성잡초는 국내에 유입될 경우 문제 잡초로 정착될 가능성이 높기 때문에 유입되는 초기에 방제가 될수 있도록 정확한 동정이 되어야한다. 그러나 피속 잡초는 형태적으로 연속변이가 많이 존재하여 종간 구별이 매우 어려운 잡초이다. 본 연구는 미국 NPGS에서 분양받은 열대피와 국내에서 채집한 돌피와 논피를 고등식물 표준바코드 마커 *rbcL*과 *matK*를 이용하여 바코드하고, 추가적으로 핵 DNA ITS 부위를 바코드하여 표준 바코드 구간과 ITS 구간의 열대피를 동정할 수 있는 능력과 바코드 활용성을 비교하였다. 바코드 결과, *rbcL*은 0.36%, *matK*는 0.29%, ITS는 3.2%의 열대피 특이 염기서열이 조사되었고 Neighbor-joining 계통수에서 종별 유집이 뚜렷하게 나타나 표준바코드 마커와 ITS 모두 쉽고 간편하게 열대피를 국내의 돌피, 논피와 동정할 수 있었다. 특히 ITS는 분석구간은 짧지만 열대피를 국내의 논피, 돌피와 정확하게 구분해낼 수 있어서 ITS 단독으로 국내에 유입되는 열대피 동정에 활용할 수 있을 것으로 생각한다.

주요어: 열대피, 논피, 돌피, DNA 바코드, 동정

Acknowledgment

This research was supported by a project from the Cooperative Research Program for Agricultural Science & Technology Development (Project No. PJ009962) of the RDA.

References

- Barrett, S.C.H. 1983. Crop mimicry in weeds. *Econ. Bot.* 37:255-282.
- Chase, M.W. and Fay, M.F. 2009. Barcoding of plants and fungi. *Sci.* 325:682-683.
- Chen, S. and Peterson, P.M. 2006. Poaceae (Gramineae). Vol. 22, Poaceae (Gramineae), pp. 515-518. In: Wu et al. (Eds.). *Flora of China*. Science Press, Beijing, China and Missouri Botanical Garden Press St. Louis, USA.
- Chen, S., Yao, H., Han, J., Liu, C., Song, J., et al. 2010. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. *PLoS ONE* 5:e8613(8611-8618).
- China Plant BOL Group. 2011. Comparative analysis of a large dataset indicates that internal transcribed spacer (ITS) should be incorporated into the core barcode for seed plants. *P. Natl. Acad. Sci. USA.* 108:19641-19646.
- Clayton, W.D. and Renvoize, S.A. 1999. *Genera graminum, grasses of the world*. London: Royal Botanic Gardens, Kew. pp. 280-281.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L. and Waard, J.R.d. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *P. R. Soc. London, Series B.* 270:313-321.
- Holm, L.G., Plucknett, D.L., Pancho, J.V. and Herberger, J.P. 1977. *The world's worst weeds: Distribution and biology*. The University Press of Hawaii, Honolulu, USA. pp. 32-46.
- Kress, W.J. and Erickson, D.L. 2007. A two-locus global DNA barcode for land plants: the coding *rbcL* gene complements the non-coding *trnH-psbA* spacer region. *PLoS ONE* 2:e508.
- Lahaye, R., Bank, M.v.d., Bogarin, D., Warner, J., Pupulin, F., et al. 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *P. Natl. Acad. Sci. USA.* 105:2923-2928.
- Lee, J., Kim, C.S. and Lee, I.Y. 2015. Molecular identification of Pooideae, Poaceae in Korea. *Weed Turf. Sci.* 4:18-25. (In Korean)
- Lee, J., Kim, C.S. and Lee, I.Y. 2014a. Evaluating the discriminatory power of DNA barcodes in Panicoideae, Poaceae. *J. Agric. Sci. Technol. B* 4:533-544.
- Lee, J., Kim, C.S. and Lee, I.Y. 2014b. Taxonomic review of the genus *Echinochloa* in Korea (I): inferred from sequences of cpDNA and nrDNA. *Weed Turf. Sci.* 3:183-189.
- Lee, J., Kim, C.S. and Lee, I.Y. 2014c. Taxonomic review of the genus *Echinochloa* in Korea (II): inferred from simple sequence repeats. *Weed Turf. Sci.* 3:190-195.
- Lee, J., Kim, C.S. and Lee, I.Y. 2013. Identification of *Echinochloa oryzicola* (Vasinger) Vasinger and *E. oryzoides* (Ard.) Fritsch in Korea. *Kor. J. Pla. Tax.* 43:56-62. (In Korean)
- Mennan, H. and Kaya-Altop, E. 2012. Molecular techniques for discrimination of late watergrass (*Echinochloa oryzicola*) and early watergrass (*Echinochloa oryzoides*) species in Turkish rice production. *Weed Sci.* 60:525-530.
- Michael, P.W. 2007. *Echinochloa* P. Beauv. Vol. 25, Magnoliophyta: Commelinidae (in part): Poaceae, part 2. pp. 390-403. In: Barkworth et al. (Eds.). *Flora of North America, North of Mexico*. Oxford University Press, New York, USA.
- Oh, S.M., Kim, C.S., Moon, B.C. and Lee, I.Y. 2002. Inflow information and habitat current status of exotic weeds in Korea. *Kor. J. Weed Sci.* 22:280-295. (In Korean)
- Saitou, N. and Nei, M. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4:406-425.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S. 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30:2725-2729.
- Warwick, S.I. and Weaver, S.E. 1980. Atrazine resistance in *Amaranthus retroflexus* (redroot pigweed) and *Amaranthus powellii* (green pigweed) from southern Ontario. *Can. J. Plant Sci.* 60:1485-1488.