

266-273

12025(7)

第14卷 第3期
1994年9月生态学报
ACTA ECOLOGICA SINICAVol. 14, No. 3
Sep., 1994

芦苇生态型划分指标的主分量 及模糊聚类分析*

任东涛 张承烈[✓] 陈国仓 杨海莲

(兰州大学生物系, 兰州, 730000)

Q949.714.2

A

摘要 运用主分量分析及模糊聚类的方法首次对包括群落、形态、解剖、生理生化及遗传代谢等 65 个指标的不同生态型芦苇进行了分析。结果表明, 生物量、单株干重、株高、可溶性蛋白质含量、RNA 含量、DNase 和 RNase 活性、Kranz 结构的有无及土壤 pH 值等差异最为显著。4 种生态型芦苇中, 盐化草甸芦苇与盐化草甸-沙丘过渡带芦苇最相近, 其次为沙丘芦苇, 沼泽芦苇与其它 3 种生态型相似程度最低。
关键词: 芦苇, 生态型, 主分量分析, 模糊聚类分析。

模糊聚类

芦苇 (*Phragmites communis* Trin) 为一广生态幅的世界种, 其种群在湖泊、沼泽、林地、沙丘及岩境均有分布^[1]。在芦苇对生境的适应过程中, 个体群之间发生了分化和变异, 形成了生态学上互有差异的、异地性的类群, 它们具有稳定的形态、生理生化和生态学特征, 并且这些差异可以稳定地遗传, 产生了种内不同的生态型^[2]。近年来, 对分布于甘肃河西走廊的几种生态型芦苇进行了大量研究^[3-7]。依据各自测定的指标, 将它们大致划分为与生境相对应的盐化草甸芦苇、盐化草甸-沙丘过渡带芦苇、沙丘芦苇及沼泽芦苇 4 种生态型。研究内容涉及形态解剖、生理生化分析, 细胞学及种群特征诸方面。但对于生态型分析的指标很不系统, 对于不同生态型芦苇的划分缺乏统一的指标, 因此, 结合前人的测定数据及我们的实验结果, 用主分量分析及模糊聚类分析方法对已测定过的 65 个指标进行了分析, 试图建立一个划分芦苇种下生态型的综合性指标体系, 为其它植物生态型的研究提供参考。

1 材料与方法

实验样地位于甘肃河西走廊临泽县境内。年降水量 117mm, 年蒸发量 2338mm。光合强度及部分环境因子数据引自张承烈等(1991)^[6]; 形态、解剖数据引自陈国仓等(1991)^[4]; 生理生化数据引自任东涛等(1992)^[3]及郑学平等(1993)^[6]。

以 4 种生态型芦苇作为样品 (OTUS), 以 65 个测定指标作为变量进行 Q 分析; 主分量分析从标准化后的原始数据矩阵来计算; 然后以各个因子的负荷量作为各个指标的权重, 乘以原始数据, 经归一化求得模糊相似矩阵, 再进行聚类^[7]。数值运算用 Basic 语言编写程序, 在 IBMPC/XT 型计算机上完成。

2 结果与讨论

表 1 是 4 种生态型芦苇包括形态、解剖、生理生化、遗传代谢及环境因子等测定的原始数据。

* 国家自然科学基金资助项目。

收稿日期: 1992 12 19, 修改稿收到日期: 1993 07 04。

本系孙国钧、郑学平协助工作, 特此致谢。

表1 主分量分析原始数据表
Table 1 The primal datas of the principal component analysis

No. 序号	性状 Characters	过渡带芦苇			
		Salt meadow-sand dune transitional zone reeds	沙丘芦苇 Sand dune reeds	沼泽芦苇 Swamp reeds	盐化草甸芦苇 Salt meadow reeds
X ₁	HCO ₃ ⁻	0.0478%	0.0302%	0.03987%	0.0808%
X ₂	Cl ⁻	0.05868%	0.01375%	0.02725%	0.1208%
X ₃	SO ₄ ²⁻	0.01723%	0.0276%	0.0336%	0.0936%
X ₄	Ca ²⁺	0.044%	0.006%	0.0204%	0.0190%
X ₅	Mg ²⁺	0.0256%	0.00183%	0.00702%	0.0128%
X ₆	K ⁺	0.0150%	0.002%	0.00275%	0.0165%
X ₇	Na ⁺	0.1560%	0.0255%	0.01625%	0.2525%
X ₈	总可溶性盐 Total soluble salt	0.68%	0.0722%	0.01457%	0.792%
X ₉	土壤pH值 pH value of soil	8.48	8.16	7.94	8.61
X ₁₀	土壤含水量 Water content of soil	35.4%	18.8%	100%	48.5%
X ₁₁	大气最高温度(℃) The highest temperature of air	39.6	39.2	28.6	39.6
X ₁₂	大气最低温度(℃) The lowest temperature of air	14	25	13.3	14.5
X ₁₃	温差 Difference of temperature(℃)	25.6	14.2	15.3	25.1
X ₁₄	最高湿度 The highest humidity	50%	58%	70%	60%
X ₁₅	最低湿度 The lowest humidity	30%	38.6%	50%	33.6%
X ₁₆	湿度差 Difference of humidity	20%	19.4%	20%	26.3%
X ₁₇	株高 Height of shoot(cm)	75.1	182	310	21.1
X ₁₈	茎径 Diameter of stem(cm)	0.24	0.51	1.10	0.18
X ₁₉	叶长 Length of leaf(cm)	11.84	23.27	48.20	3.94
X ₂₀	叶宽 Width of leaf(cm)	0.84	2.07	5.1	1.01
X ₂₁	叶片数 Number of leaf	9	11	21	9
X ₂₂	花序长 Length of inflorescence(cm)	18.30	27.02	30	11.35
X ₂₃	单株鲜重 Fresh weight per shoot(g)	3.5	34.7	117.13	1.0
X ₂₄	单株干重 Dry weight per shoot(g)	1.87	17.00	39.53	0.51
X ₂₅	生物量 Biomass(gdw/m ²)	790	1175	2530	224
X ₂₆	气孔密度 Density of stomata	1.0	0.75	0.50	0.25
X ₂₇	Kranz 结构 Structure of Kranz	1	1	0.75	1
X ₂₈	叶面蜡质 Waxes on surface	0.75	1	0.25	0.5
X ₂₉	表皮细胞栓质层 Cork layer of cuticle cell	0.75	1	0.25	0.5
X ₃₀	输导组织截面积比 Ratio of section of transport tissue	7	25	10	35
X ₃₁	干鲜比 Ratio of dry weight to fresh weight	0.3522	0.4545	0.3785	0.4018
X ₃₂	RuBPase 含量 Content of RuBPase (mg/gfw)	4.49	7.57	7.67	5.14
X ₃₃	RuBPase 活性 Activity of RuBPase (μmol/mg · chl · min)	29.85	12.05	12.98	12.52
X ₃₄	PEPase 活性 Activity of PEPase (μmol/mg · chl · min)	8.495	12.23	1.210	5.106
X ₃₅	RuBP/PEPase	3.481	0.9856	10.72	2.447
X ₃₆	σ ¹³ C Value of σ ¹³ C(%)	-20.6	-20.9	-34.0	-35.6

(续表1)

No. 序号	性状 Characters	过渡带芦苇			
		Salt meadow-sand dune transitional zone reeds	沙丘芦苇 Sand dune reeds	沼泽芦苇 Swamp reeds	盐化草甸芦苇 Salt meadow reeds
X ₃₇	GOA 活力 Protein activity of GOA (u/mg)	2058	504	1218	1470
X ₃₈	PAR 最高值 Highest value of PAR (mmol/s ⁻¹ m ²)	2.30	2	2.5	2.25
X ₃₉	最大净光合值 The highest net photosyn- thesis(mg · CO ₂ /m ² s)	12.30	8.6	18.3	8.3
X ₄₀	Tr(mmol/sm ²)	8.5	12.6	11	9
X ₄₁	Pn/Tr	1.45	0.68	1.66	0.92
X ₄₂	脂肪酸不饱和指数 Index of unsaturated fatty acid	74.225	225.895	159.129	119.012
X ₄₃	多态位点百分率 Percent of enzyme poly-state sites	29.00%	41.00%	37.50%	29.00%
X ₄₄	等位基因数 Number of iso-gene	1.28	1.39	1.17	1.39
X ₄₅	总氨基酸量(μmol/gdw) Content of total amino acid	1161.84	1207.25	1151.81	1262.34
X ₄₆	游离氨基酸(μmol/gdw) Content of free amino acid	56.30	66.32	53.99	145.64
X ₄₇	可溶性蛋白量(μg/gfw) Content of soluble protein	10458	3552	16166	6115
X ₄₈	可溶性蛋白/RNA Soluble protein/RNA	1.34	0.36	1.49	0.63
X ₄₉	RNA 含量(mg/gfw) Content of RNA	7.792	9.798	100.862	9.773
X ₅₀	DNA 含量(mg/gfw) Content of DNA	0.474	0.240	0.330	0.420
X ₅₁	RNA/DNA	16.44	40.83	32.92	23.27
X ₅₂	DNase 活性(u/gfw) Activity of DNase	100.5	68.85	100.8	79.3
X ₅₃	DNase 比活(u/mg · pr) Ratio activity of DNase	28.83	58.17	18.72	39.15
X ₅₄	H ³ -TDR 掺入 DNA 活性 Cooperation of H ³ -TDR to DNA (cpm/gfw)	33503	52419	37850	23587
X ₅₅	RNase 活性(u/gfw) Activity of RNase	93	88.8	94.8	51
X ₅₆	RNase 比活(u/mg) Ratio activity of RNase	26.67	75.00	17.58	25.51
X ₅₇	H ³ -uridine 掺入 RNA 活性 Cooperation of H ³ -uridine to RNA (cpm/gfw)	158076	133234	92082	131095
X ₅₈	25srRNA	28.3%	13.5%	29.5%	21.8%
X ₅₉	23srRNA	12.0%	12.1%	9.3%	10.9%
X ₆₀	18srRNA	15.9%	11.2%	10.7%	1.9%
X ₆₁	16srRNA	5.0%	6.0%	2.5%	0.3%
X ₆₂	5.8srRNA	0.8%	2.4%	1.3%	2.2%
X ₆₃	5srRNA	0.9%	3.3%	2.5%	4.8%
X ₆₄	4.5srRNA	1.0%	0.9%	0.8%	1.2%
X ₆₅	4srRNA	2.4%	3.8%	2.1%	6.7%

依据原始数据矩阵计算出各指标的相关系数矩阵(因数据较多,故未列出),由相关系数矩阵计算出特征向量与特征根(表2)。主分量 Y₃—Y₆₅与原变量的关系很小,故表中略去。

根据主分量的贡献率选取主分量。由表 2 可知,第一主分量(Y_1)贡献率为 80.91%。第二主分量(Y_2)贡献率为 14.10%,两者累积贡献率已达到 95.01%,其余可忽略不计。第一主分量、第二主分量方程分别为:

$$\begin{aligned}
 Y_1 = & 84.99X_1 + 83.12X_2 + 71.99X_3 + 39.17X_4 + 18.91X_5 + 13.18X_6 + 15.10X_7 \\
 & + 61.65X_8 + 154.28X_9 + 109.70X_{10} + 66.17X_{11} + 31.42X_{12} + 34.75X_{13} \\
 & + 115.65X_{14} + 76.46X_{15} + 39.16X_{16} + 351.34X_{17} + 120.07X_{18} + 52.39X_{19} \\
 & + 53.75X_{20} + 26.75X_{21} + 45.32X_{22} + 104.96X_{23} + 383.58X_{24} + 279.12X_{25} \\
 & + 116.84X_{26} + 169.65X_{27} + 109.33X_{28} + 109.33X_{29} + 32.52X_{30} + 74.70X_{31} \\
 & + 125.04X_{32} + 29.70X_{33} + 114.75X_{34} + 103.30X_{35} - 53.15X_{36} + 23.08X_{37} \\
 & + 43.09X_{38} + 24.53X_{39} + 20.01X_{40} + 23.43X_{41} + 29.05X_{42} + 66.75X_{43} \\
 & + 24.13X_{44} + 22.29X_{45} + 135.35X_{46} + 191.63X_{47} + 19.35X_{48} + 170.23X_{49} \\
 & + 65.33X_{50} + 57.16X_{51} + 167.42X_{52} + 64.37X_{53} + 72.79X_{54} + 161.81X_{55} \\
 & + 67.13X_{56} + 22.85X_{57} + 51.49X_{58} + 15.68X_{59} + 17.88X_{60} + 64.75X_{61} \\
 & + 24.65X_{62} + 49.01X_{63} + 187.96X_{64} + 67.71X_{65}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 Y_2 = & -55.59X_1 - 91.23X_2 - 52.75X_3 - 21.80X_4 - 16.39X_5 - 16.33X_6 \\
 & - 22.97X_7 - 75.32X_8 - 61.13X_9 + 7.99X_{10} - 33.29X_{11} - 11.95X_{12} \\
 & - 21.35X_{13} + 29.91X_{14} - 12.30X_{15} - 17.54X_{16} + 104.83X_{17} + 33.79X_{18} \\
 & + 16.57X_{19} + 16.28X_{20} + 0.61X_{21} - 2.46X_{22} + 61.03X_{23} + 193.18X_{24} \\
 & + 78.73X_{25} - 45.24X_{26} - 82.61X_{27} - 68.10X_{28} - 68.10X_{29} - 23.76X_{30} \\
 & - 27.16X_{31} - 20.80X_{32} - 16.17X_{33} - 84.47X_{34} + 29.30X_{35} + 15.82X_{36} \\
 & - 12.73X_{37} - 13.67X_{38} - 1.69X_{39} - 5.27X_{40} - 4.03X_{41} - 5.29X_{42} \\
 & - 16.58X_{43} - 10.22X_{44} - 8.67X_{45} - 98.52X_{46} + 0.99X_{47} - 2.15X_{48} \\
 & - 18.67X_{49} - 33.56X_{50} - 9.67X_{51} - 49.92X_{52} - 36.69X_{53} - 17.01X_{54} \\
 & - 34.52X_{55} - 30.19X_{56} - 12.49X_{57} - 10.97X_{58} - 5.09X_{59} + 0.87X_{60} \\
 & - 21.39X_{61} - 11.88X_{62} - 35.07X_{63} - 55.24X_{64} - 26.57X_{65}
 \end{aligned}$$

上述两个主分量方程的含义可解释如下:第一主分量方程可作为不同生态型芦苇群落特征、形态学与遗传代谢差异的综合性指标,其主要组成为,单株干重(383.57)、株高(351.34)、生物量(279.12)、可溶性蛋白质含量(191.63)、4.5srRNA(187.96)、RNA 含量(170.23)、Krantz 结构(169.66)、DNase 活性(167.42)、RNase 活性(161.81)、土壤 pH 值(154.28);第二主分量方程表示由于环境因子的影响而形成的不同生态型芦苇形态学特征、碳代谢及抗逆性的差异性,其主要组成有,单株干重(193.18)、株高(104.83)游离氨基酸含量(-98.52)、土壤 Cl^- 含量(91.23)、PEPase 活性(-84.46)、Krantz 结构(-82.61)、生物量(78.83)、土壤总可溶性盐量(75.32)、表皮细胞栓质层的薄厚(-68.10)、叶面腊质厚度(-68.10)。以上两个主分量集中概括了在环境条件作用下,不同生态型芦苇间的形态、遗传代谢及抗逆性方面差异性区别的主要指标。

表2 特征向量与特征根
Table 2 Characteristic vector and root

指标序号 No. of indexes	主分量 The principal component		指标序号 No. of indexes	主分量 The principal component	
	Y_1	Y_2		Y_1	Y_2
X_1	84.9868	-55.5913	X_{34}	114.7506	-84.4645
X_2	83.1182	-91.2287	X_{35}	103.3022	29.2992
X_3	71.9945	-52.7469	X_{36}	-53.1465	15.8167
X_4	39.1675	-21.8006	X_{37}	23.0755	-12.7278
X_5	18.9070	-16.3909	X_{38}	43.0859	-13.6696
X_6	13.1753	-16.3256	X_{39}	24.5342	-1.6981
X_7	15.3995	-22.9697	X_{40}	20.0068	-5.2654
X_8	61.6489	-75.3148	X_{41}	23.0433	-4.0258
X_9	154.2819	-61.1252	X_{42}	29.0496	-5.2836
X_{10}	109.7027	7.9872	X_{43}	66.7491	-16.5780
X_{11}	66.1733	-33.2956	X_{44}	24.1296	-10.2189
X_{12}	31.4219	-11.9474	X_{45}	22.2943	-8.6659
X_{13}	34.7513	-21.3482	X_{46}	135.3483	-98.5209
X_{14}	115.6472	-29.9051	X_{47}	191.6246	0.9893
X_{15}	74.4591	-12.2994	X_{48}	19.3522	-2.1494
X_{16}	39.1590	-17.5415	X_{49}	170.2281	-18.6652
X_{17}	351.3420	104.8329	X_{50}	65.3312	-33.5608
X_{18}	120.0681	33.7939	X_{51}	57.1599	-9.6687
X_{19}	52.3847	16.5721	X_{52}	167.4170	-49.9202
X_{20}	53.7523	16.2767	X_{53}	64.3742	-36.6867
X_{21}	26.7483	0.6118	X_{54}	72.7939	-17.0097
X_{22}	45.3154	-2.4616	X_{55}	161.8052	-34.5193
X_{23}	104.9634	61.0277	X_{56}	67.1287	-30.1907
X_{24}	383.5763	193.1765	X_{57}	22.8479	-12.4936
X_{25}	279.1237	78.7321	X_{58}	51.4881	-10.9707
X_{26}	116.8406	-45.2425	X_{59}	15.6770	-5.0935
X_{27}	169.6504	-82.6073	X_{60}	17.8757	0.8654
X_{28}	109.3276	-68.1001	X_{61}	64.7456	-21.3922
X_{29}	109.3276	-68.1002	X_{62}	24.6506	-11.8746
X_{30}	32.5231	-23.7616	X_{63}	49.0082	-35.0669
X_{31}	74.7015	-27.1575	X_{64}	187.9564	-55.2443
X_{32}	125.0389	-20.8036	X_{65}	67.7134	-26.5667
X_{33}	29.6984	-16.1653			
			贡献率		
			Rate of contribution	80.91%	14.10%
			累积贡献率		
			Accumulation of contributed rate		95.01%
			特征根		
			Characteristic root	808316.8	140847.7

两个主分量都以株高、植株干重为主要组分,说明以芦苇在稳定差异的环境下的形态学、群落外貌特征能直观地作为种下生态型划分的基础指标^[8]。这种外观形态的差异是作为生态型研究的前提,使进一步的研究更为必要。可溶性蛋白质包括多种酶类,而酶类又是基因的产物,同时又对植物体内的各种代谢具有调节作用^[9]。RNA在蛋白质的合成中起信息载体场所及氨基酸转运工具等作用,RNA的种类及各组分相对含量的差异性,使基因的表达结果产生差异^[10]。RNA对于植物形态建成及逆境适应显得更为直接(主分量 Y_1)。由此推断其差异性是导致芦苇生态型形成和生态型代谢分异的内因之一。由于土壤中可溶性盐的影响,使芦苇长期生存于盐渍、干旱胁迫的生境中,适应于逆境产生一定的抗逆性,集中表现在游离氨基酸的量

(其中尤以脯氨酸含量与芦苇生态型的干旱、盐渍胁迫适应表现出正相关性⁽³⁾)及叶面腊质、表皮细胞栓质层的厚薄上,根据这些指标能揭示不同生态型的逆境适应能力。Kranz 结构的存在与否,PEPase 含量及活性高低至少提供了碳代谢途径研究的可能性⁽⁴⁾(主分量 Y_2)。

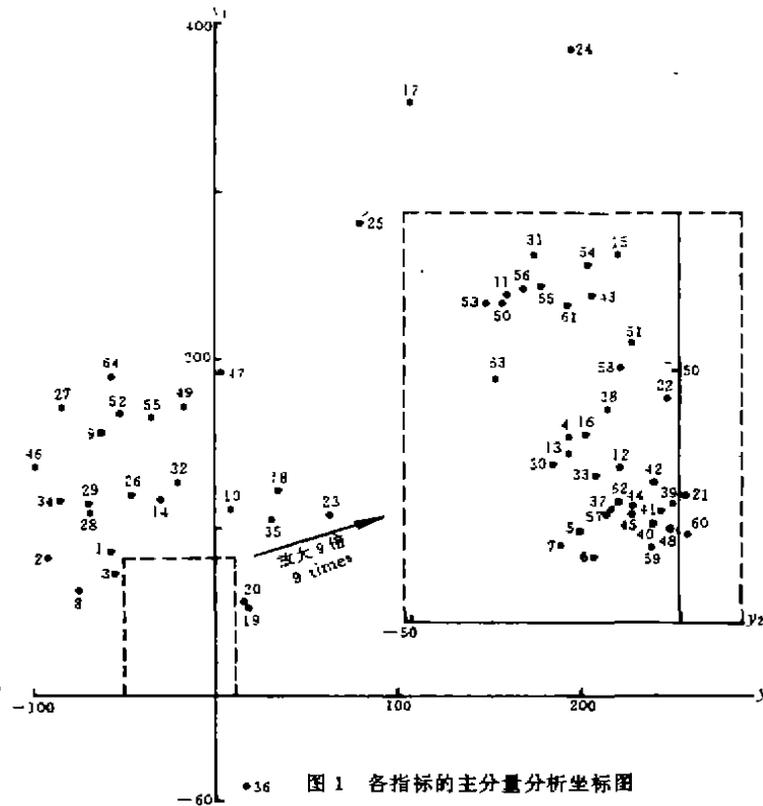


图 1 各指标的主分量分析坐标图
Fig. 1 PCA plots of different indexes

从上面结果可知,划分芦苇生态型的综合指标体系包括形态、生态、遗传代谢及抗逆性生理等 4 个方面的分析,与生态型的定义⁽²⁾完全相符。证明了陈庆诚等(1961)在未测定生理及遗传代谢指标的情况下,将芦苇作种下生态型划分是合理的⁽⁴⁾。对芦苇生态型所作的进一步研究也更有意义⁽³⁻⁶⁾。

主分量分析之所以能如此简洁地将不同生态型区别开来,是因为所测定的各种指标都是带有一定程度的生物学信息。上述两个主分量包含了所带信息的 95.01%,基本上概括了 65 种指标的内容。

计算各指标的主分量坐标,画出主分量坐标图(图 1)。由图可知,单株干重(X_{24})、株高(X_{17})生物量及 $\delta^{13}\text{C}$ 值(X_{36})远离其它指标,环境因子与形态解剖、生理生化、遗传代谢指标结合紧密,证明环境因子首先影响到植物体内代谢,进而形成植株及群落特征有很大差异的芦苇生态型。 $\delta^{13}\text{C}$ 值与其它代谢指标距离较远直接说明了芦苇生态型间存在碳代谢途径的明显变异⁽⁶⁾。

将各指标在主分量分析中的负荷量作为各自的权重,乘以原始数据,经归一化后计算 4 个样品的相似系数⁽⁷⁾,得到模糊相似矩阵如下:

$$\begin{bmatrix} 1 & 0.8224 & 0.7825 & 0.8518 \\ & 1 & 0.8155 & 0.8060 \\ & & 1 & 0.7525 \\ & & & 1 \end{bmatrix}$$

由于相似数是对称的,将矩阵左下方数据省去。根据模糊相似矩阵,选取 λ 水平截集对样品集进行分类,当 $\lambda=0.85$ 时盐化草甸芦苇与盐化草甸-沙丘过渡带芦苇归为一类;当 $\lambda=0.82$ 时,盐化草甸芦苇、盐化草甸-沙丘过渡带芦苇、沙丘芦苇3者归为一类;当 $\lambda=0.81$ 时,4种生态类型全归为一类。由此可知,盐化草甸芦苇与过渡芦苇相似程度最高,此两种生态型均属于 C_3 - C_4 中间类型^[4]。其它类型适应于各自生境产生的形态、生理生化及遗传代谢特征的相似性为沙丘芦苇类型和沼泽芦苇类型。

大量研究表明,河西走廊地区不同生境中芦苇的差异是限于种内的^[3-5]。因而有理由将分布于河西地区的芦苇划分为种下生态型。

以上建立的指标体系的分析说明,研究种下生态型,可以结合彼此生境,从形态及群落外貌入手,进而分析其生理生化代谢的异同,然后再进行遗传代谢特异性的研究,就能从生态型的定义出发^[2],得出生态型形成的原因。

参 考 文 献

- 1 Haslam S M. Stem types of phragmites communis trin. *Ann. Bot.* 1969a, 33, 127—131
- 2 Turesson G. The genotypical response of the plant species to the habitat. *Hereditas.* 1922, 3, 211—350
- 3 任东涛,张承烈.河西走廊不同生态型芦苇可溶性蛋白质、总氨基酸和游离氨基酸分析. *植物学报*, 1992, 34(9), 698—704
- 4 陈国仓,张承烈.不同生境芦苇形态特征和茎秆解剖结构的比较研究. *兰州大学学报(自然版)*, 1991, 27(1), 91—98
- 5 张承烈,陈国仓.河西走廊不同生态型芦苇的气体交换特点研究. *生态学报*, 1991, 11(3), 250—255
- 6 郑学平,张承烈,陈国仓.河西走廊芦苇的光合碳同化途径对生境条件的适应. *植物生态学与地植物学学报*, 1993, 17(1), 1—8
- 7 汪培庄,韩立岩.应用模糊数学.北京:北京经济学院出版社,1989,128—135
- 8 陈庆诚,张国梁.疏勒河中、下游植物优势种生态——形态解剖特性的初步研究. *兰州大学学报(自然版)*, 1961, (3), 61—69
- 9 韩贻仁.分子细胞生物学,北京:高等教育出版社,1988,322—323
- 10 祁国荣,王德宝.核酸结构、功能与合成.北京:科学出版社,1987,189—221

PRINCIPAL COMPONENT ANALYSIS AND FUZZY CLUSTER
ANALYSIS FOR DIFFERENT ECOTYPES OF REED
(*PHRAGMITES COMMUNIS* TRIN.)
BASED ON THEIR INDEXES

Ren Dongtao Zhang Chenglie Chen Guocang Yang Hailian
(Dept. of Biology, Lanzhou University, Lanzhou 730000)

Sixty five indexes on community, morphology, dissection, physiology, biochemistry, genetics, metabolism and others were selected for the first time to make the principal component analysis and the fuzzy cluster analysis for different ecotypes of reed (*Phragmites communis* Trin.). The results showed that for the ecotypes of reed studied there were the most significant differences in the indexes, such as biomass, dry weight per shoot, shoot height, levels of soluble protein and RNA, activities of DNase and RNase, with or without Kranz structure, and soil pH value. Among 4 ecotypes of reed studied, the reed in salt meadow was most similar to the reed in a transitional zone from salt meadow to sand dune, was less similar to the reed in sand dunes, and was least similar to the reed in swamp.

Key words: *Phragmites communis* Trin. ecotype, principal component analysis, fuzzy cluster analysis.