**Homework-07**

问题：

1. 利用QGIS中quickmapservices和quickOSM插件，详细描述有关步骤，从OSM访问和下载doubs数据，通过选择特征获得准确的doubs，并保存为doubs\_river.geojson格式。

（1）安装QGIS 3.40版本（3.42版本后续和插件quickmapservices和quickOSM不兼容）

（2）安装插件：pleugins-manage and install pleugins下载插件

（3）加载OSM底图：安装好QuickMapServices插件后，在弹出的菜单中选择“OSM”下的“Standard”将其加载到项目中。

（4）下载Doubs数据：打开QuickOSM插件：点击菜单栏中的“矢量”→“QuickOSM”，打开QuickOSM对话框。

（5）设置查询条件：在QuickOSM对话框中选择“Quick Query”标签页。在“Key”下拉菜单中选择“waterway”，在“Value”下拉菜单中选择“river”，以筛选出河流数据。在“Extent”选项中，选择“Layer Extent”，然后选择一个覆盖Doubs河流区域的图层，

（6）运行查询：点击“Run Query”按钮，开始下载数据。下载完成后，Doubs河流的相关数据将作为临时图层加载到QGIS中。

（7）保存数据：保存为GeoJSON格式，在QGIS的图层列表中找到刚刚下载的Doubs河流数据图层，右键点击该图层，选择“另存为”。在弹出的“另存为”对话框中，选择保存格式为“GeoJSON”，指定文件名为“doubs\_river.geojson”，选择保存路径后点击“确定”，即可将数据保存为doubs\_river.geojson格式。

2. 关于生物群落数据的探索性分析，主要包括针对样地/样点的分析（Q-mode），以及针对物种/栖息地环境的分析（R-mode），请回答如下问题：

1）针对样点的分析主要是聚类分析，聚类分析是基于距离、相关系数或协方差？ 有哪几种主要聚类方法？

聚类分析基于样点间的相似程度，即样点在数据空间内距离彼此的远近，其中包括：

（1）欧几里得距离。在生态学分析中，可以使用它来处理地理因素、环境指标、生物性状等数据。

（2）弦距离。首先对原始物种丰度数据执行范数标准化，又称为弦转化，再使用弦转化后的物种数据计算欧几里得距离，即为弦距离。

（3）Hellinger距离。首先对原始物种丰度数据执行Hellinger转化，再使用转化后的物种数据计算欧几里得距离，即为Hellinger距离。

（4）Bray-curtis距离。又称Bray-curtis相异度。

1. 针对物种或环境的分析主要是排序分析，即识别物种按照特定的环境梯度变化的规律，排序是基于距离还是相关系数、协方差？如何选择排序模型（单峰或线性模型）？限制性排序与非限制性排序主要区别是什么？

排序分析基于相关系数和协方差，基于协方差矩阵分析样本间的变异，或以相关系数表征物种和环境因子之间的相关性。

通过 Detrended Correspondence Analysis (DCA) 进行梯度长度测量：

梯度较短时（梯度长度第一轴即DCA1< 3 SD）：采用线性模型 → 如 PCA, RDA

梯度较长时（梯度长度第一轴即DCA1> 4 SD）：采用单峰模型 → 如 CA, CCA

两者之间都可以用

限制性排序与非限制性排序主要区别：

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| 排序方法 | 线性模型 | 单峰模型 | 距离模型 |
| 间接排序 （非约束排序） | 主成分分析PCA | 对应分析CA 去趋势对应分析DCA | 主坐标分析PCoA 非度量多维尺度分析NMDS |
| 直接排序 （约束排序） | 冗余分析RDA | 典范对应分析CCA | 基于距离的冗余分析dbRDA |

3）对双序图/三序图的解释要看标度，当scaling=1，该图表示的意思是什么？当scaling=2，图中矢量长度和夹角分别表示的是什么？

Scaling = 1：

强调样方之间的距离 → 适合解释样方（样点）之间的关系；向量方向：表示物种变化趋势；点间距离 = 样点之间的相异性

Scaling = 2：

强调物种之间的关系；向量长度：反映物种对排序轴的贡献大小；向量夹角：小角度 = 正相关，90° = 不相关，180° = 负相关

要求：

一周内上传代码至自己的GitHub托管的homework中。