**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。

第一步：在QGIS中下载quickmapservices和quickOSM插件

插件-管理并安装插件-搜索quickmapservices和quickOSM并下载

第二步：加载OSM Standard地图

Web-QuickMapServices-OSM-OSM Standard

第三步：将图层定位到法国东部与瑞士交界区域

在地图中找到法国东部和瑞士交界区域

第四步：下载doubs数据

矢量-QuickOSM- QuickOSM-快速查询-关键词1：waterway-值1：river-关键词2：name-值2：Le Doubs-画布范围-运行查询

第五步：保存为doubs\_river.geojson格式

在图层里面选择加载出来的doubs线数据-选中图册右键导出-要素另存为-格式选择geojson-选择存储位置-OK

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？

比较样点间的相似性或相异性，采用的聚类分析是基于计算距离的方法。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。

2）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？

针对物种或环境的排序分析是基于相关系数/协方差。

若DCA1的Axis Lengths>4.0，选CCA（Canonical Correspondence Analysis， 基于单峰模型，典范对应分析）：如果在3.0-4.0之间，选RDA（redundancy analysis，基于线性模型，冗余分析）和CCA均可；如果小于3.0，RDA的结果会更合理。

限制性排序：也称为约束性排序，在排序过程中加入了对环境因子的约束条件，即强制排序结果与预先指定的环境变量相关联。它可以直接分析物种与特定环境因子之间的关系，能够明确地展示环境因子对物种分布的影响。典型对应分析（CCA）和冗余分析（RDA）是常见的限制性排序方法。

非限制性排序：不考虑环境因子的约束，仅根据物种数据本身的结构进行排序，主要用于揭示物种之间的内在关系和群落的结构特征。主成分分析（PCA）和对应分析（CA）等属于非限制性排序方法。

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：当标度 scaling = 1 时，双序图或三序图展示样方之间的欧氏距离，图中的距离或位置直接反映了数据在原始空间中的相对关系，没有经过任何转换或调整。关注的是对象之间的关系。

scaling = 2：当 scaling = 2 时，图中矢量长度表示变量与排序轴的相关性大小，矢量越长，说明该变量与排序轴所代表的综合变量之间的相关性越强。矢量之间的夹角表示变量之间的相关性，锐角表示正相关，钝角表示负相关，直角表示不相关。通过这种方式，可以直观地看出不同变量在排序空间中的相互关系以及它们对排序结果的影响程度。关注的是变量之间的关系。

要求：

一周内上传代码至自己的GitHub托管的homework中。