

國立交通大學

統計學研究所  
博士論文

系統演化多樣性指標之建立與統計估計

**Establishment and Statistical Estimation of  
Phylogenetic diversity indices**



研究生：邱春火

指導教授：趙蓮菊 博士

黃冠華 博士

中華民國九十九年六月

系統演化多樣性指標之建立與統計估計  
Establishment and Statistical Estimation of  
Phylogenetic diversity indices

研究生：邱春火

Student : Chun-Huo Chiu

指導教授：趙蓮菊 博士

Advisor : Dr. Anne Chao

黃冠華 博士

Dr. Guan-Hua Huang

國立交通大學  
統計學研究所  
博士論文

A Dissertation  
Submitted to Institute of Statistics  
College of Science  
National Chiao Tung University  
in partial Fulfillment of the Requirements  
for the Degree of  
Doctor of Philosophy  
in  
Statistics  
June 2010

Institute of Statistics, National Chiao Tung University  
Hsinchu, Taiwan, R.O.C.

中華民國九十九年六月

# 系統演化多樣性指標之建立與統計估計

學生：邱春火

指導教授：趙蓮菊 博士  
黃冠華 博士

國立交通大學統計學研究所 博士班

## 摘 要

隨著自然環境保育意識的抬頭，生物多樣性的保存變成生態保育的重點主題，因此各式各樣的多樣性指標因應而生，然而傳統多樣性指標只考慮物種的相對豐富度，雖然具有很好的數學性質及直觀的生態解釋意義，且已獲得廣大的應用。但隨著近幾年分子遺傳技術的突飛猛進，物種分子遺傳資訊的取得已日趨容易，因此考量物種間遺傳差異的多樣性指標在近幾年變成熱門的研究主題，然而大部分的指標都不具直觀的解釋意義且常造成矛盾的解釋現象。因此，解決此問題即為本文的研究動機。本文主要包含三個主題，

第一部份是以 Hill 數值指標為基礎，根據傳統分類方法和功能多樣性的形式，及滿足指標最基本的條件“倍增性質”(doubling property)，建立一新的系統演化多樣性指標(phylogenetic diversity index)，新的指標具有直觀的解釋意義“距離為  $T$  的有效物種數”，並且可以解決以往指標在解釋上所遇到的矛盾問題。

第二部份是透過Whittaker (1960) 對多群落多樣性的定義且滿足Jost (2007) 提出的條件下，將單一群落的系統演化多樣性指標推廣至多群落的系統演化Gamma、Alpha和Beta多樣性指標，並且透過群落分化、相似和Beta多樣性指標的正負關係，建立四種系統演化分化、相似性指標，除了可以和現有常見的分化、相似性指標做連結，同時也可修正傳統分化指標 $N_{ST}$  (Nei 1982) 的不適任問題。

第三個主題則是指標的估計，對於單一群落系統演化多樣性指標的估計，本文比較最大概似估計量、條件期望不偏估計量、摺刀法估計量和三種縮收形式 (shrinkage) 估計量，配合電腦模擬結果以評估各估計量的優劣，並以三個實例資料來介紹指標的使用。對於多群落系統演化多樣性指標的估計，本文比較最大概似估計量、條件期望不偏估計量和三種縮收形式估計量，配合電腦模擬結果以評估各估計量的優劣，並以兩個實例資料來介紹指標的使用。根據模擬結果及實例分析，對於生態高維度的資料而言，縮收形式的估計量對於指標曲線的估計有較佳的表現。

關鍵字： Hill 數值指標，系統演化多樣性指標，相似性指標，分化指標， $N_{ST}$ ，摺刀法估計量，縮收形式。

# Establishment and Statistical Estimation of Phylogenetic diversity indices

Student: Chun-Huo Chiu

Advisors: Dr. Anne Chao

Dr. Guan-Hua Huang

Institute of Statistics  
National Chiao Tung University

## ABSTRACT

With the rise of awareness of ecological conservation, conservation of biodiversity is the major topic of this issue. A lot of indices were established for conservation. The traditional indices that only considering the species relative abundance, satisfy with very good mathematical properties, have ecological interpretation of intuitive sense, and has received widely application. In recent years, the molecular genetic technology has rapid progress. Molecular genetic information has become increasingly easy to obtain, so the indices that considering the genetic differences between species become a popular issue in recent years. But most of the indices have no ecological intuitive meaning and the interpretations often contradict with the ecological phenomenon. Therefore, to solve this problem shall be the motivation of this study. This thesis contains three themes.

The first part of this thesis is the issue about the establishment of phylogenetic diversity indices, which is based on Hill numbers index and traditional classification methods. The new indices meet the most basic criterion "double nature" (doubling property) for conservation, and having an intuitive interpretation of meaning of "the effective number of species with distance  $T$ ".

The second part of this thesis is the issue about the diversity of multiple communities. According to Whittaker (1960) definition of multi-community diversity and to meet the Jost (2007) proposed criterions, I extend the phylogenetic diversity index of a single community to Gamma, Alpha and Beta diversity index of multiple communities. By the relationship between community differentiation, similarity and Beta diversity respectively, I propose four phylogenetic differentiation and similarity indices. These indices are not only the extension of the traditional differentiation and similarity indices, but also to modify the traditional differentiation index  $N_{ST}$  (Nei 1982).

The third theme is the estimation of index. For phylogenetic diversity index of one community, I proposed maximum likelihood estimator, conditional bias adjusted estimator, Jackknife estimators of first order and second order, and three estimators of shrinkage method. For phylogenetic diversity index of multi- communities, I also proposed the estimators above except Jackknife estimators of first order and second order. I evaluate the pros and cons of these estimators by computer simulations. And real data sets were used to be the guidelines of these indices. According to the results of computer and analysis of real data sets, high dimensional property of ecological data, the estimators of shrinkage method have better performance in estimation of the profile of index.

Keywords: Hill numbers, phylogenetic diversity index, similarity index, differentiation index,  $N_{ST}$ , Jackknife estimator, shrinkage method.

## 致謝詞

大學時代的登山活動，研究所時期的生態調查研究，讓我何其幸運地欣賞到台灣山林之美，也立下志願要為台灣自然生態盡一份心力。當一位自然生態學家曾經是我的志願，可以直接和野生動物互動是我難忘的經驗與期待。然而，每每看到生態學家與財團角力時，雖極力呼籲環境保育的重要，但常常是處於劣勢的一方，鮮少獲得勝利，導致保育人士雖勞心勞力卻得不到大部分人民的認可。這原因有很多也很複雜，其中一項是生態學家得不到數字力量的奧援，如何量化生態的數據，去教育民眾，讓大家瞭解生態環境的重要性，如何提供正確的數據讓決策單位做評量。這就是學統計可以為台灣山林做的事！六年前，就憑著一股熱忱及好友們的鼓勵，進入統計學領域。

很感謝交大統計所給我這個機會，而進入趙老師的師門學習更是我的福氣，這幾年來承蒙老師的教導，讓我這個從不知統計為何物的傢伙，得以一窺統計的殿堂，進而欣賞它的奧妙。而老師治學態度與身教，讓我親眼見識到什麼才是一位廢寢忘食、以身作則的學者風範。我不會忘記在星期六晚上，昏暗的清大校園內，那間在綜三館八樓燈火明亮的研究室，它會是我未來人生路上一個重要的指引。

畢業了，這段求學期間，感謝交大及清大統計所的每一位老師的細心教導，讓我對統計從陌生到熟悉，進而喜歡上它。感謝研究室的學習伙伴，志偉、尚毅、怡婷、鳳如、宗震、小馬，雪芳，交大綜一館412室的成員，秋婷、穗碧、家群、裕中，讓我無論在清大或交大的研究室都有如回家的自在。

感謝亦師亦友的曾晴賢老師，在這段期間的鼓勵，讓我對自己的決定

更加堅定，而老師對於社會弊病仗義直言，不畏懼地表現學者骨氣，對於弱勢族群的實際幫助行動，讓我瞭解一位讀書人應該要有的社會責任。

感謝那些曾經一起上山下海的生態朋友們，博子、宗以、彥廷、怡如、美汀、五木，正雄，你們曾經是我念統計的動力之一，希望未來可以獻我所學與你們一起學習。

感謝新竹的朋友，大姊，奶奶，阿奇，秀，JJ，當貴，慧瑜，建銘，姿欣，你們的噓寒問暖，讓我感覺有如家人般的親切而不孤單。

感謝女友這段期間的體諒，讓我常常在你談話的過程中，神遊到自己的統計時空裡，而你從沒有一絲不悅。

感謝大姊、大哥，二哥的寵愛，讓我從小就不用擔心家裡的大小事，可以專心在自己的學習上，沒有你們堅強的後盾，就沒有今天的我。

感謝爸爸、媽媽的寬容，讓我任性地往自己的目標前進，雖然無法說服你們放下田裡所有的工作，但希望你們能把不順心的事情看淡，快樂地過每一天。

自覺自己是一個很晚才開竅的人，而對於自己到現在，還能倘佯在校園裡享受學習的快樂，那種幸福真是無法言喻，這一切都要感謝這一路上幫助、鼓勵我的人，我愛你們。

邱春火 謹致  
于交通大學統計研究所  
2010.6.30

# 目錄

<b>第一章、緒論</b>	<b>1</b>
<b>第二章、文獻回顧</b>	<b>8</b>
2.1 符號定義	8
2.2 中性性指標文獻回顧	10
2.2.1 單一群落多樣性指標	10
2.2.2 多群落多樣性指標	13
2.3 非中性指標文獻回顧	17
2.3.1 單一群落多樣性指標	17
2.3.2 多群落多樣性指標	19
2.4 可比較性質(comparable property)	20
2.5 倍增性質(doubling property)	22
2.6 指標估計相關文獻	24
<b>第三章、系統演化多樣性指標</b>	<b>25</b>
3.1 指標建立的背後構想	25
3.2 分類多樣性指標(Taxonomic diversity index)	27
3.3 系統演化多樣性指標(Phylogenetic diversity index)	31
3.3.1 超度量(ultrametric)系統演化樹	31
3.3.2 非超度量(non-ultrametric)系統演化樹	33

3.4	與其他指標的關係	35
3.5	指標具備的性質	36
3.6	改進其他非中性指標的缺點	38
<b>第四章、系統演化多樣性指標的估計</b>		<b>40</b>
4.1	符號定義	40
4.2	抽樣方法與模型架構	41
4.3	指標估計	43
4.3.1	最大概似估計量	43
4.3.2	條件期望不偏估計量	43
4.3.3	一階摺刀法估計量	44
4.3.4	二階摺刀法估計量	44
4.3.5	最小均方誤差估計量	45
4.3.6	二階不偏估計量	47
4.3.7	最小權重均方誤差估計量	48
4.4	模擬研究與討論	50
4.5	指標應用與實例分析	57
<b>第五章、系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標</b>		<b>66</b>
5.1	超度量系統演化樹	66
5.2	非超度量系統演化樹	69



5.2.1	平均有效物種的觀點	69
5.2.2	有效支脈長度的觀點	71
5.3	系統演化相似和分化指標	76
5.3.1	系統演化的分化指標	76
5.3.2	系統演化的相似性指標	79
5.3.3	與傳統分化、相似指標的關係	80
5.4	改進 $N_{ST}$ 指標的缺點	83
<b>第六章、系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標的估計</b>		<b>85</b>
6.1	符號定義	85
6.2	抽樣方法與模型架構	88
6.3	指標估計	92
6.3.1	最大概似估計量	92
6.3.2	條件期望不偏估計量	93
6.3.3	最小均方誤差估計量	95
6.3.4	二階不偏估計量	97
6.3.5	最小權重均方誤差估計量	100
6.4	模擬研究與討論	103
6.5	指標應用與實例分析	109
<b>第七章、結論與未來方向</b>		<b>115</b>

<b>附表</b>	<b>118</b>
附表一 群落物種因近代種化事件而產生的模擬結果	118
附表二 群落物種大多屬於古老物種的模擬結果	132
附表三 以實際資料為母體模型的模擬結果	146
附表四 較少共同種類數的模擬結果	150
附表五 較多共同種類數的模擬結果	160
附表六 以實際資料為母體模型的模擬結果	170
<b>附圖</b>	<b>172</b>
附圖一 群落物種因近代種化事件而產生的模擬結果	172
附圖二 群落物種大多屬於古老物種的模擬結果	179
附圖三 以實際資料為母體模型的模擬結果	186
附圖四 較少共同種類數的模擬結果	188
附圖五 較多共同種類數的模擬結果	193
附圖六 以實際資料為母體模型的模擬結果	198
<b>參考文獻</b>	<b>199</b>
<b>附錄</b>	<b>207</b>
附錄一	207
附錄二	208
附錄三	214

## 第一章、緒論

根據考古研究，生命在地球的三十幾億年的時間，發生過六次生物大滅絕的事件，第一次物種大滅絕發生在距今 4.4 億年前的奧陶紀末期，大約有 85% 的物種滅絕。在距今約 3.65 億年前的泥盆紀後期，發生了第二次物種大滅絕，海洋生物遭到重創。第三次物種大滅絕發生在距今約 2.5 億年前二疊紀末期，是地球史上最大最嚴重的一次，估計地球上 95% 的海洋物種和幾乎 70% 的陸地物種滅絕了。第四次發生在約 2 億萬年前的三疊紀晚期，80% 的爬行動物滅絕了。第五次物種大滅絕發生在 6500 萬年前的白堊紀，也是為大家所熟知的一次，統治地球達 1.6 億年的恐龍滅絕了，災難發生過後陸地上僅剩下 12% 的物種存活下來。這前五次大滅絕的原因雖然眾說紛紜，但不外乎地殼變動頻繁、隕石撞擊或劇烈火山溶岩噴發，導致全球氣象異常，之後接連的一些連鎖反應造成物種滅絕。雖然，現今地球沒有面臨上述的自然災難，但科學家警告，地球正面臨第六次生物大滅絕，根據最新的 Science 期刊 (Butchart et al. 2010) 指出，因為人口不斷成長形成的都市建設與環境汙染因素，1970 年至今，地球上的動物數量已減少三成，珊瑚數量也減少了 40% 以上。據不少專家的意見，有大批生物物種正處在滅絕過程中，其規模完全可以等同史前劃等號。照目前每天有 40 種動物告絕的平均速度計，只需 1 萬 6 千年，現代生物區系的 90% 便會從地球上消失，完全同二疊紀大災難所毀滅的物種相當。即將到來的第六次大劫難稱為更新世大災難，而第六次物種大滅絕的主要原因，科學家一致認為是人類活動所造成，其主要原因包含四項：

- 一、 氣候變遷: 這是對於全球生態最具毀滅性且全面性的影響。最被大家熟知的即是溫室效應帶來的影響，造成全球暖化，加速南、北極冰層融化，各地氣象異常，暴雨、久旱、暴風雪、沙塵暴、強烈颶風、颱風...，幾乎變成大家熟悉的名詞，各地的災難畫面幾乎成了新聞的

家常便飯，全世界有可能正面臨一場不可逆轉的毀滅過程中。當然，台灣也不能脫離這一場災難，短短幾年內，台灣的氣象紀錄一直被翻新。最近的案例，去年莫拉克颱風，單日降雨量破紀錄的超過 2000 公釐，部份溪流流量超過 200 年的迅洪水位，造成平地河川潰堤，泥水淹沒鄰近村莊、山區土石洪流沖毀道路、淹沒村莊，重創南台灣。試想，對於高度文明的人類，全球暖化已經造成如此巨大的威脅，不難想像氣候變遷對其他區域性的生物帶來的衝擊會有多大。

二、 過度開發:自從十八世紀工業革命以來，因為人類科學的進步加上醫學的增進，使得人類壽命增長，短短一、兩百年間，全球人類人口已由不到十億增長到現在的 65 億，而延伸的需求是人類需要更多的城市居住、更多的糧食供應，為此人類需要增建更多的城市、及連接城市的道路。而隨著道路的開發，伴隨的是道路周遭自然環境的濫墾。另外，為了發展農業，需要更多的土地種植農作物，因而開墾雨林、與自然爭地，造成其他生物棲地的消失與破壞。

三、 外來種入侵:與世獨立的島嶼是物種演化的溫床，每個島嶼都有其獨特的生物相，所以達爾文 (Charles Darwin) 才能透過加拉巴哥群島中，各個島嶼不同芬雀鳥種，其嘴巴的大小形狀的差異和會游泳吃海藻的海鬚蜥等特有生物，完成他的“物競天擇”學說。然而，隨著人類運輸科技的進步，全球已經單一島嶼化，導致島嶼種化效應消失，且因為人類的無知和私心，造成各地因外來種侵略，引發另一場生態災難，本土特有物種因競爭力較弱而滅絕的例子不勝枚舉。

四、 棲地破碎化 (Habitat Fragmentation): 因為人類過度開發，除了造成生物棲地的消失之外，另一重要威脅是造成生物棲地的破碎化，導致物種個體間無法進行交流、繁衍子代，造成族群衰減，一旦遭受外力干擾即容易導致整個族群滅絕。或者因近親交配，造成族群抵抗力降低而增加滅亡的風險。

面對全球其他生物生命存亡的關頭，我們應該要有這樣的體認，人類和全世界的物種都是一樣屬於地球生態系統的一部分，生命的演化絕大部分都是為了適應環境和生物彼此之間的互動所產生的結果，人類自然也不例外。因為工業化和文藝復興之後的人類智慧，開始成為主宰地球體系的優勢物種，忘記過去演化過程中和千千萬萬生命共同演化的宿命，結果自以為凌駕一切物種，但實際上人類的地位如同建構在千萬生命頂層的金字塔，當金字塔底層開始瓦解，頂端的人類體系還能夠安穩嗎？所以從生態學的角度，人類就是地球體系的一部分，和所有的物種和環境一樣共同演化和循環。

透過這些反省和思考，我們才能夠解釋到底是人類重要還是鳥類重要？到底是人吃飽重要還是保護鳥類重要？因為從應用生態學的角度來看，人類要吃飽還得要有健康的鳥類族群，因為鳥類在食物鏈的位階和人類是相同的，鳥的食物也是人類的食物，如果鳥類吃的食物不健康，那麼人類也不可能有安全健康的環境，所以到底是鳥重要還是人重要，其實是一樣重要。所以，環境保育和生物多樣性的議題在 20 世紀後期才廣為大家重視，從 1972 年在瑞典斯德哥爾摩召開聯合國的環境會議、到 1992 年在巴西地球高峰會議簽訂的保護生物多樣性公約，1997 年在日本簽訂減緩對於地球暖化的京都議定書，1999 年簽訂蘭姆薩濕地公約（Ramsar Convention）再到 2002 年在南非召開檢討 21 世紀議程（Agenda 21）的永續發展世界會議（World Summit on Sustainable Development）等等，都是昭告世人我們已經不可能無限制的發展，不可能獨立於全世界的物種和環境而生存，目前人類的努力目標都必須要跟地球上的生命、生態和環境和平共存。2010 聯合國一月一日表示，生態專家指出由於人類活動，全球動植物物種消失的速度，是自然演替的 1000 倍。因此聯合國宣布 2010 年為『國際生物多樣性年』，以彰顯地球上生命的千姿百態。其目的旨在提升人們

的相關意識，包括生物多樣性的重要性、及多樣性消失對人類福祉造成的影響。

何為『生物多樣性』(biodiversity)？簡單來說，是指所有不同種類的生命，生活在一個地球上，其相互交替、影響，使地球生態得到平衡。最早是由昆蟲學家威爾遜 (E. O. Wilson) 於 1986 年 在第一次美國生物多樣性論壇報告中提出。而後，聯合國於 1992 年 6 月 15 日訂立 「生物多樣性公約」 (Convention on Biological Diversity, 1992)，旨在推動對生物多樣性的保護、永續利用及公平的惠益分享，並於隔年 12 月 29 日正式生效，其中對於生物多樣性的解釋更為廣泛：各種陸生、海洋和其它水生生態系統及構成系統的生物綜合體，所形成物種內、物種間及生態系統的多樣性。所以簡單的說，生物多樣性是『物種、基因和生態系統歧異度的總和』。因此，可以將多樣性分為的三個層次：基因多樣性(分子層面)、物種多樣性(生命個體層面)和生態系統多樣性(生態地景層面)。這三個層級包含了地球所有生命現象的總和且彼此相互依存，缺一不可。因此，如何量化多樣性？使得在有限資源利用下，得以保護更多的生命多樣性，變成一極迫切的議題，因此幾乎變成保育生態學研究的主流。本文主要探討“物種多樣性”這個層級，但其結果仍可應用在不同層級多樣性的研究上。

關於單一群落多樣性的討論上：

描述一個地區的物種多樣性最直接的方法就是描述該地區的物種組成及其豐富度分佈。但若要比較兩地區生物多樣性的大小，則先需量化，因此有多樣性指標的產生。如何去量化一地區的物種多樣性？Patil & Taillie (1982) 認為生物多樣性指標至少需要滿足兩個直觀條件：

A、“單調性”(monotonicity) 性質：“即當群落增加一豐富度為  $h$  的新物種，同時原群落中的某一物種的豐富度減少  $h$ ，此時新群落的生

物多樣性應該增加”。之後 Weikard et al. (2006)將此性質修正為：當群落增加一新物種且是群落中最稀有物種，此時群落的生物多樣性應該增加。

B、“轉換原理”(principle of transfer) 性質：“即當群落中某個豐富物種的個體轉變成較稀有物種的個體時，則生物多樣性應該增加”。

根據這兩個直觀的條件，物種數 (richness)、Shannon 指標 (1948) 和 Gini-Simpson 指標 (1949) 是最常被使用的生物多樣性指標。

然而，有些生態學家認為，僅以一指標值來描述群落物種多維度的特性是不客觀且具爭議性的，因為採用不同的指標可能會得到不同的結論而造成解釋上的爭議 (Hurlburt 1971)。因此提出，物種多樣性指標應該具備對豐富物種或稀有物種的不同偏好，而有不同的指標值。所以，越來越多生態學家認為，應該透過一指標曲線 (profile) 來描述群落的多樣性，而不只是單單一指標值。其中常被採用的指標曲線包含有：

Rényi (1961) 熵指標族、Tsallis 熵指標 (1988) 族和 Hill 數值指標族 (1973)，其中 Hill 數值指標族，因為具有“有效物種數”的生態直觀意義且具備“倍增性質”(doubling property) (本文將於第二章做介紹)，而最被廣為引用。

關於多群落多樣性的議題上：

當討論多個群落的多樣性時，無論保育學家或生態學家在乎的是：在不同區域 (空間) 或不同時間下，群落間物種組成的差異有多大？進而探討是什麼因素造成其差異？因此如何正確且客觀地量化群落間的差異性 (difference)、轉變 (turnover)，相似性 (similarity) 或重複性 (overlap)，變成此議題的重點。

Whittaker (1960) 首先將生物多樣性指標依由空間的概念分成三的層

次，Gamma, Alpha 和 Beta 多樣性指標。Gamma 多樣性是指整個地區的多樣性，Alpha 多樣性是描述局部地區的多樣性，而 Beta 多樣性則代表局部地區間多樣性的差異。Whittaker 以物種數為例，定義 Beta 多樣性指標為 Gamma 多樣性除以 Alpha 多樣性，因此，Beta 多樣性指標具有整體區域中「群落數」的意義。Jost (2006, 2007) 根據 Hill 數值指標的“有效物種數”的概念，結合 Whittaker (1960) 的多群落多樣性定義，在滿足 Alpha 和 Beta 多樣性需獨立等條件下，得到 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標族。透過 Beta 多樣性和群落相似度呈負相關關係，且與群落差異呈正相關關係。因此，常見的相似性指標，如 Jaccard 指標、Sorenson 指標、Horn 指標、Morisita-Horn 指標，等相似性指標，或群落分化指標 (Jost 2007; 2008 ; 2010)，都可經由 Beta 多樣性指標的轉換，再透過標準化得到。另外 Chao et al. (2008) 根據機率抽樣的概念，將 Morisita-Horn 指標，推廣至多群落的相似性議題，得到  $C_{qN}$  指標族，且和 Jost 的 Beta 多樣性指標族呈一對一映成關係。

以上所談論的指標只考慮群落的物種數和其豐富度，沒有考慮物種間的差異，即假設物種間的差異都是一樣的，這些指標通稱為“中性物種多樣性指標 (species-neutral diversity index)”，簡稱中性指標，此類指標雖然已具備完善的理論基礎且獲得廣泛的應用。但仍有生物學家提出這樣的疑慮：假設有兩群落各有三個物種，物種的豐富度都一致，其中一群落的物種是：老鷹、喜鵲、濱鵲，另一群落的物種為：喜鵲、樹鵲、藍鵲。傳統的所有指標皆會認定兩群落的多樣性一樣。但直觀上，卻會認為群落一的生物多樣性較高，因為其物種的差異較大，在生態系統上具有不同的生態區位或不同的生態功能。此類似觀點，最早是由 Pielou (1975) 提出，認為一群落的物種若涵蓋較多的屬別或科別，其多樣性應該大於只涵蓋較少屬別或科別的群落。因此生物學家普遍認為，多樣性指標若能考慮物種間的差異，應該更能反映群落生物多樣性的真義。所以，近幾年考慮物種差



異的相關指標如雨後春筍地被提出，其中包含功能多樣性 (Functional diversity, *FD*) 指標和系統演化多樣性 (Phylogenetic diversity, *PD*) 指標。*FD* 和 *PD* 的差異，主要是量測物種間差異的方法不同，*FD* 中的物種間差異，主要是透過功能性量表來量測，而 *PD* 中物種的差異，是透過分子遺傳的差異或傳統分類學上的差異來定量。這些考慮物種差異的指標，通稱為非中性指標 (non-neutral diversity index)，然而，此類大部分指標雖然表面上相較傳統指標涵蓋更多的訊息 (物種差異的訊息)，實際上卻無法應用在生態保育上，因為這些指標皆不滿足指標最基本的要求“倍增性質”，這也是本論文最主要的研究動機。因此，如何建構新的系統演化多樣性指標族，使其能夠結合傳統中性物種多樣性指標和物種間差異的資訊，並且滿足指標最基本要求“倍增性質”，此一主題為本論文主要重點之一。另外，在多群落多樣性的議題上，考慮 Alpha 多樣性和 Beta 多樣性需獨立的條件下，建構新的系統演化 Beta 多樣性指標族是本論文的另一重點。

在文中，第二章主要是相關論文的回顧，而單一群落和多群落多樣性指標的建構及指標的估計與模擬，將分別在第三至第六章節做討論，最後第七章則是本文的結論和未來的方向。

## 第二章、論文回顧

### 2.1 符號定義

- 單一群落：

$S$  群落中的物種數。

$p_i$  第  $i$  物種的相對豐富度， $i = 1, 2, \dots, S$ 。

$d_{ij}$  第  $i$  物種和第  $j$  物種的距離或差異。

- 單一群落系統演化樹：

$B$  群落物種系統演化樹中，第一次種化時間點以下所有支脈的集合。

$B_T$  在演化時間為  $[-T, 0]$  的時段內，群落物種系統演化樹所有支脈的集合。

$L_i$  群落物種系統演化樹第  $i$  支脈的長度。

$a_i$  群落物種系統演化樹中，第  $i$  支脈相對應的豐富度，本文中設定群落物種相對豐富度  $\{p_1, p_2, \dots, p_S\}$  為  $\{a_1, a_2, \dots\}$  的子集合。

- 系統演化樹層級符號：

$L$  系統演化樹的層級數目。

$T_j$  系統演化樹第  $j$  層級的高度， $j = 1, 2, \dots, L$ 。

$N_j$  系統演化樹中，第  $j$  層級的節點數， $j = 1, 2, \dots, L$ ，其中  $N_1 = S$ 。

$a_{j_i}$  系統演化樹中，第  $j$  層級的第  $i$  節點的相對豐富度， $i = 1, 2, \dots, N_j$ ， $j = 1, 2, \dots, L$ ，其中，本文定義第一層級節點的相對豐富度  $(a_{1_1}, a_{1_2}, \dots, a_{1_{N_1}})$  等同於群落物種的相對豐富度  $(p_1, p_2, \dots, p_S)$ 。

- 多群落：

$N$  區域的群落數。

$S_{tot}$   $N$  個群落的種類總數。

$w_i$  群落 $i$ 的權重，正比於群落總個體數， $i=1, 2, \dots, N$ ， $\sum_{i=1}^N w_i = 1$ 。

$S_i$  第 $i$ 群落的物種數， $i=1, 2, \dots, N$ 。

$p_{ij}$  群落 $i$ 中，第 $j$ 個物種相對豐富度， $i=1, 2, \dots, N$  且  $j=1, 2, \dots, S_{tot}$ 。

- 多群落系統演化樹：

$B_T$  在時間為  $[-T, 0]$  的時段內，混合群落的物種系統演化樹，所有支脈的集合。所以， $B_T = \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\}$ 。

$L_i$  混合群落物種系統演化樹的第 $i$ 支脈長度， $i=1, 2, \dots, \|B_T\|$ 。

$B_{iT}$  在時間為 $[-T, 0]$ 的時段內，第 $i$ 群落物種系統演化樹所有支脈的集合， $i=1, 2, \dots, N$ 。

$L_{ij}$  第 $i$ 群落物種系統演化樹的第 $j$ 支脈長度， $i=1, 2, \dots, N$  且  $j=1, 2, \dots, \|B_{iT}\|$ 。

$a_{ij}$  第 $i$ 群落的物種系統演化樹中，第 $j$ 支脈相對應的豐富度， $i=1, 2, \dots, N$  且  $j=1, 2, \dots, \|B_{iT}\|$ 。所以  $\{p_{i1}, p_{i2}, \dots, p_{iS_i}\}$  為  $\{a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{i\|B_{iT}\|}\}$  的部份集合， $i=1, 2, \dots, N$ 。

$a_i$  混合群落物種系統演化樹中，第 $i$ 支脈相對應的豐富度， $i=1, 2, \dots, \|B_T\|$ 。所以  $a_i = w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}$ ， $i=1, 2, \dots, \|B_T\|$ 。

- 系統演化樹層級符號：

- $N_{j\_k}$  物種系統演化樹第 $j$ 層級中，第 $k$ 群落的節點數。
- $L_{j\_ki}$  物種系統演化樹第 $j$ 層級中，第 $k$ 群落物種系統演化樹第 $i$ 支脈長度， $j=1,2,\dots,L$ ， $k=1,2,\dots,N$  且  $i=1,2,\dots$ 。
- $a_{j\_ki}$  物種系統演化樹第 $j$ 層級中，第 $k$ 群落物種系統演化樹第 $i$ 支脈長度的豐富度， $j=1,2,\dots,L$ ， $k=1,2,\dots,N$  且  $i=1,2,\dots$ 。

## 2.2 中性指標文獻回顧

此章節將針對被廣為引用的指標來做介紹。



### 2.2.1 單一群落多樣性指標

#### ◆ 物種數 ( richness ) : $S$

最簡單直觀的指標，只強調群落物種個數，不考慮物種的豐富與否。此指標最常使用在物種差異極大的多樣性議題上，如“群落有多少生物？”、“地球有多少物種？”，因為議題中的生物包含植物、動物、微生物等有機生命體，此時，考慮物種的豐富度是較無意義的。

#### ◆ Shannon ( 1948 ) 熵指標： $-\sum_i p_i \log p_i$

此指標早已在其他科學被廣泛應用，如：訊科學的消息理論 (information theorem) 中，定量一段訊息的資訊量、及物理熱力學中，熵 (entropy) 的研究，主要用來描述系統的混亂程度。如今也大量被應用在描述生態多樣性的議題上。另外，因為具有多層次分解 (hierarchical partition)

的性質，可應用於不同層級間關係的討論（如：地景、群落和物種的彼此關係），而漸受生態學家的重視。

◆ Gini-Simpson (1949) 指標:  $1 - \sum_i p_i^2$

可以解釋為，以取後放回的方式取樣，隨機從群落抽取兩個體，兩個體是不同物種的機率，因為具有機率抽樣的解釋意義，幾乎是最廣為熟知的指標。除了生態領域，族群遺傳研究也大量被引用。

以上三個指標，透過其定義可以得知，物種數指標不考慮物種豐富度，表示稀有或豐富物種對指標值都有相同貢獻，因此也可以視為強調稀有物種的指標。而 Gini-Simpson 指標則強調豐富物種，即指標值主要只受群落豐富物種所決定。另外，Shannon 指標則介於上述兩指標之間，不強調豐富物種或稀有物種 (Jost 2007)。因此這三個指標，其實是描述群落物種結構中不同的特性。但生態學家採用的標準，卻通常只依據對其觀點有利的指標來使用，結果常會造成相同資料卻有不同的結論。所以 Hurlbert (1971) 提出，因為生物多樣性有太多的定義而主張放棄這個名詞。然而，整合所有多樣性指標仍是生態學家努力的重點。因此，提出以指標曲線取代單一指標來描述群落多樣性的觀點，且慢慢為大家所接受。常見的指標曲線有：

◆ Rényi (1961) 熵指標:  $\frac{1}{1-q} \log \left( \sum_{i=1}^S p_i^q \right) \quad q \geq 0$

此指標為廣義的 Shannon 指標，當  $q = 1$  時，即為 Shannon 指標。因具備加成性性質，因此，在多群落多樣性中，可應用在 Gamma 多樣性的分解上 (Hoffmann 2007)。

◆ Tsallis (1988) 熵指標:  $\frac{\sum_{i=1}^S p_i^q - 1}{1-q} \quad q \geq 0$

此指標是另一廣義的 Shannon 指標，當  $q = 1$  時，即為 Shannon 指標，

$q = 2$  時，即為 Gini-Simpson 指標。因具有凹函數性質 (concavity)，在多群落的應用上，可滿足 Gamma 多樣性大於 Alpha 多樣性的條件 (Hoffmann 2007)。

◆ Hill 數值 (1973) 指標族:  ${}^qD = \left( \sum_{i=1}^S p_i^q \right)^{1/(1-q)} \quad q \geq 0$

Hill 數值指標值等同於不同的位階 (order)  $q$  下的有效物種數 (即：當 A 群落的多樣性等同於物種豐富度都一致的 B 群落時，則 A 群落的多樣性就等同於 B 群落的物種數，即當某群落物種的豐富度都一致時，則其群落的多樣性就等於群落的物種數)，因為有效物種數的概念滿足生態直觀的解釋意義，且 Routledge (1979) 的論文指出在一些條件下，Hill 數值指標是唯一值得被考慮的指標，使得 Hill 數值指標幾乎成為生態學家最常使用的指標族。且透過有效物種數的觀念，上述的指標都可以透過轉換變成 Hill 數值，如表 2.1 所示。

表 2.1 多樣性真值指標轉換

多樣性指標	指標形式	轉換形式	Hill 數值指標
物種數	$S = \sum_{i=1}^S p_i^0$	$S$	${}^{q=0}D$
Shannon 指標	$H = -\sum_{i=1}^S p_i \log p_i$	$\exp(H)$	${}^{q=1}D$
Gini-Simpson 指標	$G = 1 - \sum_{i=1}^S p_i^2$	$1/(1-G)$	${}^{q=2}D$
Renyi 指標	$H_q = \frac{1}{q-1} \left( -\ln \sum_{i=1}^S p_i^q \right)$	$\exp(H_q)$	${}^qD$
Tsallis 指標	$T_q = \frac{1}{1-q} \left( \sum_{i=1}^S p_i^q - 1 \right)$	$\left( (1-q)T_q + 1 \right)^{1/(1-q)}$	${}^qD$

上述指標族中，位階參數 (order)  $q$  的大小，代表對物種相對豐富度的偏好程度， $q$  越大越偏向豐富種， $q$  越小越偏向稀有種。當一群落的指標曲

線皆大於另一群落時，則稱該群落有較大的多樣性。然而，當兩群落指標曲線交叉時，則顯示兩群落在豐富物種和稀有物種其組成結構有較大的差異，所以可以依群落豐富或稀有物種的組成來個別分析。另外，以上指標族皆具有蕭爾凹函數（Shur-concavity）性質（Tong 1983; Marshall & Olkin 1979），因此皆滿足 Patil & Taillie (1982) 的多樣性指標條件：“單調性”（monotonicity）和“轉換原理”（principle of transfer）。然而，許多生物學家（MacArthur 1965; Whittaker 1972; Routledge 1979; Peet 1974; Jost 2007, 2008, 2009; Jost et al. 2010）認為，唯有指標滿足“倍增性質”（doubling property）才具有直觀的合理的解釋意義，強調此性質是多樣性指標的基本要求。而以上指標，只有物種數和 Hill 數值指標族滿足此性質，因此 Jost (2006) 宣揚 Hill 數值指標才是“真實多樣性”（true diversity）。



### 2.2.2 多群落多樣性指標

多群落多樣性指標可大致分為只考慮物種數的出現指標，和考慮物種豐富度訊息的豐富指標。

最被大家熟知的出現指標為，

- ◆ Jaccard (1908) 相似指標:  $\frac{S_{12}}{S_1 + S_2 - S_{12}}$ ，其中  $S_{12}$  為兩群落的共同種。

可以解釋為「共同物種數在全部物種數中所佔的比例」。

- ◆ Sørensen (1948) 相似指標:  $\frac{2S_{12}}{S_1 + S_2}$ ，其中  $S_{12}$  為兩群落的共同種。

可以解釋為「共同物種數在平均物種數中所佔的比例」。

上述兩個指標是透過物種數，根據區域物種數和平均群落物種數的差異，經標準化後得到，所以此相似性指標較強調稀有物種。其缺點在於只考慮物種

數，無法反應出群落間的物種豐富度的差異，且容易受樣本大小影響。Chao et al. (2005) 利用機率抽樣的概念，將 Jaccard 與 Sørensen 相似指標推廣至豐富指標。令  $U$  為群落一的共同種相對豐富度的加總， $V$  為群落二的共同種相對豐富度的加總，得到

◆ Jaccard 豐富指標：
$$\frac{UV}{U+V-UV}$$

可以解釋為「從兩群落各抽一個體，在有一個體是共同種的條件下，兩個體都是共同種的機率」。

◆ Sørensen 豐富指標：
$$\frac{2UV}{U+V}$$

可以解釋為「從兩群落各抽一個體，平均有一個體是共同種的條件下，兩個體都是共同種的機率」。

此兩修正的指標，其優點除了考慮群落物種的豐富之外，且可以透過統計的方法，即使小樣本亦可得到較穩健的估計量 (Chao et al. 2006)。

另外兩個常見的豐富指標：

◆ Horn (1966) 指標：
$$\frac{\ln 2 - \left[ -\sum_i \bar{p}_i \log \bar{p}_i + \frac{1}{2} \left( \sum_i p_{1i} \log p_{1i} + \sum_i p_{2i} \log p_{2i} \right) \right]}{\ln 2}$$

此指標是透過 Shannon 指標，根據區域群落和平均群落多樣性的差異，經標準化後得到，所以此相似性指標，不強調群落間豐富或稀有物種的相似程度。

◆ Morisita (1959) 指標：
$$\frac{2 \sum_{i=1}^{S_{12}} p_{1i} p_{2i}}{\sum_{i=1}^{S_1} p_{1i}^2 + \sum_{i=1}^{S_2} p_{2i}^2}$$



此指標是透過 Gini-Simpson 指標，根據區域群落和平均群落多樣性的差異，經標準化後得到，所以此相似性指標，較強調群落豐富物種的相似程度。

Whittaker (1960) 依空間概念，將多樣性分成三的層次，Gamma, Alpha 和 Beta 多樣性指標。Gamma 多樣性是指整個地區（混合群落）的多樣性，Alpha 多樣性是描述局部地區的平均多樣性，而 Beta 多樣性則代表局部地區（群落）間多樣性的差異。所以群落相似（similarity）、分化（differentiation）、重複（overlap）和歧異（heterogeneity）指標皆屬於 Beta 多樣性的範疇。

Jost (2007) 透過有效物種數觀念，根據 Whittaker 的定義，且滿足五項公設的條件下：

- I. Alpha 和 Beta 多樣性指標需獨立。
- II. Gamma, Alpha 和 Beta 多樣性指標，需有其一致的解釋意義。因此，不同區域的 Gamma, Alpha 和 Beta 多樣性可以個別比較。
- III. Alpha 多樣性是區域內各群落多樣性的平均。
- IV. Gamma 多樣性需完全由 Alpha 和 Beta 多樣性決定。
- V. Gamma 多樣性需大於 Alpha 多樣性。

得到唯一的 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標，分別為：

$${}^q D_\gamma = \left\{ \sum_{i=1}^S (w_1 p_{1i} + w_2 p_{2i} + \dots + w_N p_{Ni})^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$${}^q D_\alpha = \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i=1}^S p_{1i}^q + w_2^q \sum_{i=1}^S p_{2i}^q + \dots + w_N^q \sum_{i=1}^S p_{Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)}$$

$${}^q D_\beta = {}^q D_\gamma / {}^q D_\alpha ,$$

Jost (2007) 根據 Beta 多樣性與群落相似度呈負相關關係，且與群落差異呈正相關關係，再經由標準化後得到，

$$\text{群落相似性指標} : \frac{1/{}^q D_\beta - 1/N}{1 - 1/N}$$

$$\text{群落重複性指標} : \frac{(1/{}^q D_\beta)^{q-1} - (1/N)^{q-1}}{1 - (1/N)^{q-1}}$$

$$\text{群落異質性指標} : \frac{{}^q D_\beta - 1}{N - 1}$$

且指出上述討論的相似性指標，皆可視為相似性或重複性指標族的特例，整理如下表，

表 2.1 相似指標與 Beta 多樣性指標族的關係

	$\frac{1/{}^q D_\beta - 1/N}{1 - 1/N} (N = 2)$	$\frac{(1/{}^q D_\beta)^{q-1} - (1/N)^{q-1}}{1 - (1/N)^{q-1}} (N = 2)$
$q = 0$	Jaccard 相似指標	Sorenson 相似指標
$q = 1$		Horn 相似指標
$q = 2$	Morisita 相似指標	Morisita 相似指標

另外，Chao et al. (2008) 依抽樣機率概念，將 Morisita-Horn 指標推廣至多群落的分析上，建立  $C_{qN}$  指標族，透過 Chao et al. (2008) 的闡述，瞭解只透過單一相似性指標來描述群落間的相似程度，是極不客觀的，因為傳統的相似指標都分別只描述兩群落相似性的某個面向。因此對於多群落間相似性的描述，應該盡可能採用指標族來描述，如此才能達到客觀的要求。

## 2.3 非中性指標文獻回顧

隨著多樣性保育議題日趨受到重視，考慮物種差異的多樣性指標，在最近幾年成為一熱門的研究主題，相關指標的研究陸續被發表出來，本文將摘錄幾個代表性的指標：

### 2.3.1 單一群落多樣性指標

- ◆  $PD$  ( phylogenetic diversity ) ( Faith 1992 ) :  $\sum_{i \in B} L_i$

即群落物種系統演化樹所有支脈長度的總和。當以傳統林奈 ( Linné ) 分類來取代物種系統演化樹時，且定義各鄰近階層的距離都為1時 ( 即，同屬不同種的物種距離為一，同科不同屬的物種其差異為二，以此類推。本文接下來討論傳統林奈分類樹時，皆依此原則 )，則  $PD$  等同於，演化分類樹中各節點的總數，此多樣性的衡量方法，是由 Vane-Wright et al. ( 1991 ) 首先提出。而陸續和  $PD$  相關的研究 ( Crozier 1992, 1997 ; Warwick & Clake 1995 ) 相繼被發表，因為此指標滿足“倍增性質” ( doubling property )，具有生態直觀的解釋意義，因此成為最常用的指標之一。但生態學家對此指標最大的爭議，並不在於指標本身，而是使用它時面臨的爭議，當比較兩群落的  $PD$  時，系統演化樹根部 ( root ) 的決定，一派認為應該採用混合群落的根部為基準，另一派則認為應該依據各群落本身的根部為基準 ( Faith 2006 )。

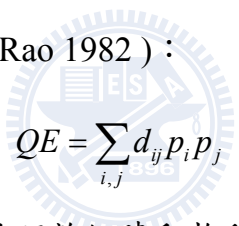
- ◆ 多樣性函數 ( diversity function ) ( Weitzman 1992, 1993, 1998 )

此指標是透過兩兩物種的距離矩陣，根據其遞迴演算條件得到，因此並沒有一個固定的數學形式，此指標的特性是不限制物種兩兩的距離需滿足何種條件，即使無法得到系統演化樹，仍可透過其遞迴演算得到其多樣性指標值。Caroline et al. ( 1998 ) 指出，對於任何距離矩陣，透過此遞迴演算，可以得到一具有超度量 ( ultrametric ) 性質的距離矩

陣。同時，當距離矩陣滿足超度量的性質，則此多樣性函數指標值等同於PD減去系統演化樹的高度。

上述兩指標，並未考慮物種豐富度的資訊，然而以生態的角度而言，考慮物種間個體的交互作用和其演化歷史，可以讓我們更瞭解各群落差異的原因 (Hubbell 2001)。有鑑於此，同時考慮物種豐富度和物種間差異的指標仍是生物學家探討的重點 (Rao 1982; Solow et al. 1993; Solow & Polasky 1994; Clarke & Warwick 1998, 2001; Izsák & Papp 1995, 2000; Webb 2000, Webb et al. 2002; Barker 2002; Helmus et al. 2007; Ricotta & Avena 2003; Ricotta 2004, 2008; Ricotta & Szeidl 2006; Weikard et al. 2006; Hardy & Senterre 2007; Hardy & Jost, 2008; Graham & Fine 2008; Allen et al. 2009; Cadotte et al. 2009; Pavoine et al. 2009)，而最常被提起的指標為，

◆  $QE$  (quadratic entropy) (Rao 1982) :


$$QE = \sum_{i,j} d_{ij} p_i p_j$$

此指標是根據兩兩物種的距離矩陣和物種相對豐富度來量測多樣性的大小，可以定義為以物種相對豐富度為權重的平均物種差異。且可以滿足直觀抽樣的解釋意義：平均從群落抽取兩個體的遺傳差異。另外，此指標具有下列幾個特性，

- A. 當不同物種的距離 ( $d_{ij}$ ) 都等於1時，則  $QE$  等同於 Gini-Simpson 指標。
- B. 當物種的相對豐富度都一樣，或只考慮物種的出現與否，則  $QE$  (Izsak & Papp 2000) 可以解釋為：平均從群落抽取兩物種的遺傳差異。
- C. 當考慮傳統分類樹且視各層級的差異都一樣時， $QE$  等同於各層級 Gini-Simpson 指標和 (Shmatani 2001)。

D. 對於任何特性的距離矩陣都仍適用。

因此，*QE* 成為非中性多樣性指標中，最被廣為應用的指標之一，且其他大部分指標 (Solow et al. 1993; Solow & Polasky 1994; Izsák & Papp 1995, 2000; Warwick & Clarke 1995; Webb 2000; Webb et al. 2002; Barker 2002; Helmus et al. 2007; Hardy & Senterre 2007; Hardy & Jost, 2008) 都可視為 *QE* 指標的修正與應用。

◆ *PE* (phylogenetic entropy) (Allen et al. 2009) :

$$H_p = -\sum_i L_i a_i \log a_i$$

此指標是根據群落物種系統演化樹的支脈長度 (branch length) 和其相對應的豐富度，來討論各支脈的熵值。因為此指標可視為 Shannon 熵指標的推廣，因此指標的值不受群落物種豐富或稀有物種影響。

◆  $I_q$  (Pavoine et al. 2009) :  $\sum_j \left( L_{j-i} \times \frac{\sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i}^q - 1}{1-q} \right) \quad q \geq 0$

此指標族是考慮群落物種系統演化樹為超度量 (ultrametric) 的情況下，結合 Tsallis (1988) 熵指標族，提出一系統演化多樣性指標族。其的最大優點是，指標值不會隨根部 (root) 選取的差異而變，且整合上述指標，當  $q=0$ ， $I_0$  等於 PD 減去物種系統演化樹的高度。當  $q=1$ ， $I_1$  等於 *PE*。當  $q=2$ ， $I_2$  等於 *QE*。因此  $I_q$  滿足上述指標的性質。

### 2.3.2 多群落多樣性指標

此領域的研究幾乎完全闕如，生態學家最常使用的指標是 Nei (1982) 根據 *QE* 提出的  $N_{ST}$  指標，

$$N_{ST} = \frac{QE_T - QE_S}{QE_T}$$

其中， $QE_T$ ：合併群落的 $QE$ ， $QE_S$ ：平均群落的 $QE$ 。

$N_{ST}$  指標可以解釋為：在合併群落內，平均物種的遺傳差異，相較於相同群落內，所增加的比率。解釋上，此指標可以被使用在群落間分化的量測上，因此， $N_{ST}$  指標最先是被應用在群落遺傳的分化研究上，但實際生態保育應用上，卻可能會出現錯誤的結論 (Hardy & Jost 2008)。因此， $N_{ST}$  指標不能作為定量群落間分化（差異）的指標。

## 2.4 可比較性質 (comparable property)

Jost (2006) 指出，多樣性指標不等同於多樣性，如同球的表面積不等於球的體積一樣，即使彼此有正向關係。而不幸的是，大部分生態學家卻有這樣的迷思。因此他極力呼應，指標應具備“可比較性” (comparable) 的性質，即相同指標在不同群落的量測值，其差異是有意義的。但大部分的指標卻沒有此性質。舉例說明，以Shannon熵指標為例，假設一群落中有100個物種且其物種的相對豐富度皆相同，因某外力干擾使1/4的物種消失，剩下了75種相對豐富度相同的物種，指標反映出來的多樣性程度應比原來的區域減少1/4，但Shannon熵指標從4.605降至4.317，從數字看來減少了0.288，約只6.3%的多樣性，為什麼會這樣？這是因為Shannon熵指標值是沒有單位且不具意義的，所以不具備“可比較性”的性質。在所有的指標中，Jost指出只有Hill數值指標符合此條件，因為Hill數值指標的單位是“有效物種”，此概念是MacArthur (1965) 首先提出，即當一群落有 $S$ 種物種且物種豐富度皆相同，多樣性指標要等同於其真實的多樣性 $S$ 。以

上例為例，原群落的Hill 數值指標值為 100，因外力導致 1/4 物種消失後的Hill數只指標值為 75，剛好減少  $25/100=25\%$  的多樣性，因此“有效物種”符合生態直觀的解釋意義，所以Jost認為，對於任何傳統中性物種指標的應用，在比較不同群落的多樣性時，都應該先轉換成“有效物種”的單位才可得到合理且具意義的結果。以Shannon熵指標為例配合表 2.1 的轉換公式，在上述例子中，原群落多樣性有  $\exp(4.605)=100$  “有效物種”，受到干擾後，群落的多樣性為  $\exp(4.317)=75$  “有效物物種”，所以得知外力干擾導致群落多樣性減少 25 “有效物種”，佔原群落多樣性的 25%，此結論符合直觀的解釋意義。

然而，非中性多樣性指標也面臨相同的問題，至今仍無得到合理的解決，導致不同群落指標值的差異不具任何意義和得不到合理的結果。因此，解決此問題亦是本論文研究的動機之一。

因為非中性指標增加物種間差異的訊息，為了讓指標具有“可比較性”的性質，本文提出“平均有效物種”和“有效支脈長度”兩種概念，並且說明此觀念滿足生態直觀的解釋意義。

## 2.5 倍增性質 (doubling property)

何謂“倍增性質”？是 Hill (1973) 首先提出：假設群落的物種被複製成另一新物種，因此兩物種的個體數一樣，假設被複製的物種形成一新群落，則混合兩群落的多樣性為原群落多樣性的兩倍。值得注意的是，Hill 提出倍增性質的條件是，兩群落物種結構要完全一樣，此條件是很強的假設，在生態應用上並不實際。Jost (2006, 2007) 修正此條件：當兩個具有相同族群量的群落，其有相同的多樣性且沒有共同種。當兩群落合併，則混合群落的多樣性應該為原個別群落多樣性的兩倍。此條件只需兩群落具有相同多樣性，且沒有共同種即可滿足倍增性，不要求兩群落的物種結構要完全一致。同理，可以適用多個群落多樣性的討論，如：N 個具有相同族群量的群落，其各群落都有相同的多樣性且彼此沒有共同種。當 N 個群落合併，則混合群落的多樣性應該為原個別群落多樣性的 N 倍。所以此性質又稱為“複製原理”(replication principle)。Jost (2006, 2007, 2009) 指出在所有的中性指標中，只有 Hill 數值指標滿足此性質，並且強調此性質為多樣性指標的基本要求。為解釋方便，將舉例說明此性質在環境保育決策和生態研究的重要性。

例一：假設一個地區有 1000 個物種，且物種豐富度都一樣，則其 Gini-Simpson 指標為 0.999，假設某建商欲執行一開發案，預估會使該地區減少 600 個物種，剩下 400 種豐富度都一樣的物種，建商要求內部相關單位評估此開發案的可行性，根據 Gini-Simpson 指標，剩下 400 物種的多樣性為 0.997，表示有  $0.997/0.999 = 0.998$  的多樣性被保留下來，因此內部單位建議此開發案可以執行。但環保團體則持有不同的意見，他們持有的理由是，一樣根據 Gini-Simpson 指標，因開發案而消失的 600 物種，其多樣性為 0.998，約原多樣性的  $0.998/0.999 = 0.999$ ，表示開發案可能喪失所有的多樣性，因此持反對意見。為什麼會有此矛盾的現象，開發案同時保有和喪失所有的多樣性？這是因為 Gini-Simpson 指標沒有滿足“倍增性質”，



所以不適用於保育多樣性的量測。相同的例子，只要將 Gini-Simpson 指標轉換成 Hill 數值，即可滿足直觀的意義。因此，原群落有多樣性為  $1/(1-0.999)=1000$ ，因開發案剩下的多樣性為  $1/(1-0.997)=400$ ，而損失的多樣性為  $1/(1-0.998)=600$  等於原有多樣性減去喪失的多樣性，此一解釋符合大家的期望。所以唯有指標滿足“倍增性質”，才能作為保育生態決策的依據。

例二：生態學家在分析一地區各個群落的相似度時，會以平均多樣性佔該地區多樣性的比率來衡量，當比值接近1時，表示各群落的物種組成幾乎完全一致。當比值很小時，則顯示各群落彼此的差異很大。假設一地區包含10個群落，各群落都包含具有相同豐富度的100物種，且各群落沒有共同種，表示各群落有很大的差異。以Gini-Simpson指標為例，平均群落多樣性佔全部地區多樣性的比例為： $0.99/0.999=0.99$ ，數據顯示，各群落幾乎沒有差異，此結論和實際的現象相違背。這是因為Gini-Simpson指標沒有滿足“倍增性質”，所以不適用於生態相似度議題的研究。相同的例子，只要將Gini-Simpson指標轉換成Hill數值，即可符合實際的現象。因此，根據Hill數值指標，平均群落多樣性佔全部地區多樣性的比例為： $[1/(1-0.99)]/[1/(1-0.999)]=0.1$ ，數據顯示，各群落的相似度達最小，此結論符合實際的現象的描述。透過上述兩個例子可以瞭解到，無論是作為環境保育決策的依據或是生態相似性議題的研究，指標滿足“倍增性”的要求是不可或缺的。本文接下來幾個章節，將以此性質作為建立非中性指標的圭臬，並且說明滿足此性質的指標，可客觀描述實際的現象。

## 2.6 指標估計相關文獻

一般生態學家對於指標的應用，無論樣本大小，幾乎都是利用樣本的最大概似估計量來求得指標值，並未考慮未觀測物種的訊息，因此當樣本數小時，常造成嚴重的偏誤。然而，在指標的估計文獻中，除了物種數的估計，針對其他指標的估計研究可說相當的匱乏。本文將列舉其中重要的文獻。

在物種數的估計方面，Chao (1984) 利用科西不等式原理，提出一下界估計量，因為估計量形式非常簡潔且解釋方便，所以在生態上被大量引用。另外 Chao & Lee (1992) 依據物種數和樣本涵蓋率的關係，結合變異係數的訊息，得到另一物種數估計量。並且 Chao et al. (1993) 區分樣本中的稀有物種和豐富物種，修正 Chao & Lee (1992) 的估計量，得到可應用於更廣泛生態模型的物種估計量。

Shannon 熵指標的估計是另一常被討論的議題。然而的大部分的估計量都只考慮物種數已知的情況，所以此類估計量，當樣本數少時並不適用於實際的生態應用上。Chao & Shen (2003) 所提出估計量，是唯一針對此一考量做修正的估計量。其估計量主要利用 Horvitz-Thompson 方法，並以樣本涵蓋率來修正各物種的相對豐富度，得到一穩健的 Shannon 熵指標估計量，並且已獲得生態學家的廣泛使用。另外，Chao et al. (2008) 針對其  $C_{qN}$  指標族，提出一近似不偏估計量，可應用於多群落相似性的研究上。

拜電腦科技之賜，早期發展的統計方法，如摺刀法或拔靴法，也常被使用於指標的估計應用上。然而，因為沒有固定的估計量形式，造成生態學家的使用意願降低。

### 第三章、系統演化多樣性指標

本章節將透過功能多樣性指標背後的涵義，以 Hill 數值為基礎，建立系統演化多樣性指標，並且介紹指標的特性，與其他指標的關係，及修正現有其他非中性指標的缺點。

#### 3.1 指標建立的背後構想

在建立系統演化多樣性 (phylogenetic diversity) 指標之前，我們要問：生物多樣性指標量測什麼？或者，一個群落 (或地區) 的生物多樣性指標高或低代表什麼意思？簡單的說，生物多樣性指標量測的是，該群落 (或地區) 生態環境的穩定度，或是遭受外力的抵抗能力。生物多樣性高表示該群落 (或地區) 抵抗能力強，反之，則弱。比如，一個具有豐富物種且穩定的生態系統，物種間依食物鏈的關係層層緊密結合，且相互依存、競爭。當一物種因外力破壞而被消滅或其族群量減少時，就會有其他物種取代該物種的生態區位，因此生態系統仍維持穩定狀態，而不至於因該物種的消失，而造成整個生態系統的瓦解。反之，若一個生態系統單單只靠少數物種來維繫其系統生態運作，一旦某個物種消失，極可能造成整個生態系統如骨牌效應一樣崩解。所以，如何建構生物多樣性指標，使其更客觀地反應群落 (地區) 生態系統的健全程度，是指標建構時需考量的重點。

在上一章所討論的生物多樣性的指標中，除了之前所討論的“中性物種多樣性指標”之外，功能多樣性指標 (Functional diversity index, *FD*) (Petchey & Gaston 2007) 是另一種量測生態多樣性的指標。其概念和 Faith (1992) 的 *PD* 是一致的，因為物種在生態系統所具備的功能取決於該物種是否擁有某些特定的特徵，所以 *FD* 主要是量測群落物種特徵的多樣性指標，而物種間特徵的多樣性來自於物種間遺傳的差異。因為 *PD* 指標主要

量測群落物種間遺傳差異的多樣性，所以Faith (1992) 的 *PD* 指標就是另一種型態的功能多樣性指標。生態學家普遍認為，*PD* 或 *FD* 相對傳統的中性指標更能反應群落的生態系統健全的程度，即更能真實反應群落生物多樣性 “biodiversity” 的多寡。

然而，無論 *FD* 或 *PD* 都沒有考慮物種的豐富度資訊，也許在實際保育應用上已經足夠，或在一些資料處理上有其實用性，如我們很難去量測微生物或叢聚樹種的族群量。但以統計的角度，大部份建構在物種豐富度的指標，即使小樣本都可以透統計估計的方法得到不錯的估計量。另外，以生態的角度而言，考慮物種間個體的交互作用和其演化歷史，可以讓我們瞭解群落的演化過程 (Hubbell 2001)。因此，新的系統演化多樣性指標需滿足三個主要條件，

- I. 需考量群落物種豐富度和物種間的差異 ( 差異可以是物種外在型態、特徵的差異，也可以是某片段DNA序列，相異的鹼基 ( base pair ) 個數....等等 ) 。
- II. 指標值的單位需要具備直觀的解釋意義，如此不同群落多樣性的比較才有意義。即，滿足“可比較性質”。
- III. 同時需滿足多樣性指標的最基本要求：“倍增性質” ( doubling property ) 。

接下來，本文將透過 *FD* 和 *PD* 指標的概念，配合傳統物種分類方法，推廣至一般的系統演化樹，最後建構一新的系統演化多樣性指標族。

### 3.2 分類多樣性指標 (Taxonomic diversity index)

在傳統的分類學上，物種分類樹的建構，主要是經由各物種外在形質特徵的差異所建構，舉例說明：

假設有群落有三個物種其物種豐富度為  $(p_1, p_2, p_3)$ ，其分類依據的特徵如表 3.1，且根據其特徵差異可以歸類為一科二屬三種如圖 3.1。

表 3.1 物種和特徵分類表 (\*：物種具備該特徵 空格：物種無具備該特徵)

	特徵一 (C <sub>1</sub> )	特徵二 (C <sub>2</sub> )	特徵三 (C <sub>3</sub> )	特徵四 (C <sub>4</sub> )	特徵五 (C <sub>5</sub> )	特徵六 (C <sub>6</sub> )
物種一	*	*		*		
物種二	*	*			*	
物種三			*			*
特徵豐富度	$P_1+P_2+P_3$	$P_1+P_2$	$P_3$	$P_1$	$P_2$	$P_3$

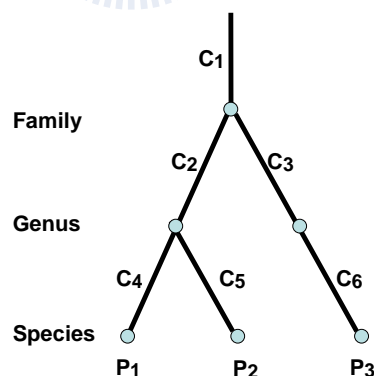
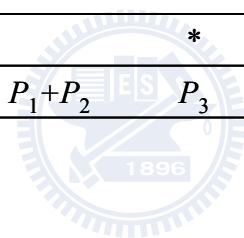


圖 3.1 與表 3.1 相對應的物種分類樹形樹。

透過圖 3.1 或表 3.1，可得到各特徵在群落的豐富度，其中特徵一到六的豐富度分別為： $(P_1 + P_2 + P_3, P_1 + P_2, P_3, P_1, P_2, P_3)$ 。

另外，在傳統林奈分類方法下，各鄰近層級的距離可以視為相同，定為 1。所以可以根據圖 3.1 將各個節點和物種特徵做相對應。得到 {種一，種

二，種三，屬一，屬二，科一}可以分別和{特徵四，特徵五，特徵六，特徵二，特徵三，特徵一)}一對一作對映。因此，群落各個特徵的豐富度≡物種各個分類節點的豐富度。因此，依據Hill數值指標的想法，可以得到位階為  $q$  的群落“有效節點數”，定義為分類多樣性 (taxonomic diversity)，記為  ${}^qPD(L)$ ，其中  $L$  為群落物種分類樹的層級數目。因此圖3.1對應的  ${}^qPD(L)$  為

$$\left[ \left( \frac{P_1 + P_2 + P_3}{3} \right)^q + \left( \frac{P_1 + P_2}{3} \right)^q + \left( \frac{P_3}{3} \right)^q + \left( \frac{P_1}{3} \right)^q + \left( \frac{P_2}{3} \right)^q + \left( \frac{P_3}{3} \right)^q \right]^{\frac{1}{1-q}}。$$

當推廣至一般形式，以數學符號表示：

給定分類層級為  $L$  的情況下，群落中每個分類層級中各節點的分布為：

$$\begin{aligned} \text{Level1: } & \{ p_1, p_2, \dots, p_S \}; \sum_i p_i = 1 \\ \text{Level2: } & \{ g_1, g_2, \dots, g_G \}; \sum_i g_i = 1 \\ \text{Level3: } & \{ f_1, f_2, \dots, f_F \}; \sum_i f_i = 1 \\ & \vdots \\ \text{LevelL: } & \{ l_1, l_2, \dots, l_K \}; \sum_i l_i = 1 \end{aligned}$$

$$\text{則 } {}^qPD(L) = \left\{ \sum_i \left( \frac{p_i}{L} \right)^q + \sum_i \left( \frac{g_i}{L} \right)^q + \dots + \sum_i \left( \frac{l_i}{L} \right)^q \right\}^{\frac{1}{1-q}}$$

其中，位階  $q$  的大小表示對稀有或豐富節點的不同偏好。

在此，雖然  ${}^qPD(L)$  的建立是根據功能多樣性指標 ( $FD$ ) 背後的生態意義所建構，但  ${}^qPD(L)$  的單位為“有效節點數”，較無直觀的解釋意義。為了使  ${}^qPD(L)$  更滿足生態研究者直觀的想法。在此，重新對分類多樣性指標做修正，使其具有直觀的解釋意義 (如：有效物種數)。為了方便解釋修正過程，先舉例說明：

考慮六個群落如圖 3.2，假設群落內的物種豐富度都一致，

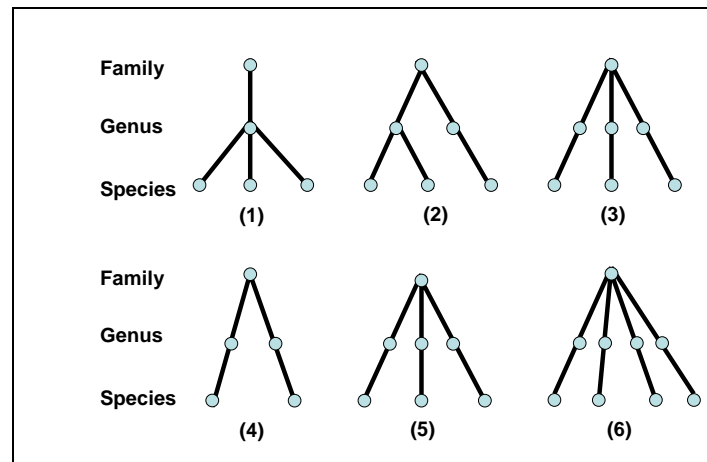


圖 3.2 六個不同分類樹結構的群落

情況一：比較群落一，群落二和群落三的多樣性，直觀上會認為多樣性的大小順序是：3, 2, 1。因為這三個群落物種數都一樣，但群落三的平均物種間的差異最大，群落二次之，群落一最小。

情況二：比較群落四，群落五和群落六的多樣性，直觀上會認為多樣性的大小順序是：六、五、四。那是因為這三個群落中的物種間的差異都一樣，但群落六的物種數最多，其次是群落五，群落四的物種數最少。

由上述的例子，可以得到兩個直觀結論：

- A、 當各群落的物種數一樣且其豐富度一致時，平均群落物種間的差異愈大者，其多樣性愈高。
- B、 當各群落物種的豐富度一致且彼此間的差異都一樣時，則物種數愈多的群落，其多樣性也愈大。

所以，當考慮物種的差異時，我們將多樣性等於“有效物種數”的概念，推廣至“物種距離（差異）為  $L$  的有效物種數”，記為  ${}^q\bar{D}(L)$ ，其中  $L$  是任意

的正整數。因此，根據 ${}^q\bar{D}(L)$ 的定義，“距離為 $L$ 的有效物種數”得到其指標形式，

$$\sum_i \left(\frac{p_i}{L}\right)^q + \sum_i \left(\frac{g_i}{L}\right)^q + \dots + \sum_i \left(\frac{l_i}{L}\right)^q = L \times \sum_i \left[ \frac{1}{L \times {}^q\bar{D}(L)} \right]^q$$

$$\Rightarrow {}^q\bar{D}(L) = \frac{\left( \sum_i \left(\frac{p_i}{L}\right)^q + \sum_i \left(\frac{g_i}{L}\right)^q + \dots + \sum_i \left(\frac{l_i}{L}\right)^q \right)^{\frac{1}{1-q}}}{L}$$

以圖 3.2 為例，在林奈分類樹，給定最高層級 $L=2$  且位階 $q=2$  的條件下，則群落一到六的多樣性分別為： $(1.5, 2.25, 3, 2, 3, 4)$ ，指標單位為“距離為 2 的有效物種數”，且其大小關係滿足上述情況一和情況二的直觀推論。

➤ 分類多樣性 ${}^q\bar{D}(L)$ 的特例：

■ 當物種在每個分類層級都是唯一，且物種的的豐富度都一樣時，則 ${}^q\bar{D}(L)$ 有最大值 $=S$ 。

■ 當群落中只有單一物種，則 ${}^q\bar{D}(L)$ 有最小值 $=1$ 。

■ 當 $L=0^+$ ， ${}^q\bar{D}(L)=\text{Hill}$  數值指標。

■ 當 $q=0$ ， ${}^0\bar{D}(L) = \frac{S+G+\dots+K}{L}$

■ 當 $q=1$ ， ${}^1\bar{D}(L) = \frac{1}{L} \times \exp\left\{-\sum_i \frac{p_i}{L} \log \frac{p_i}{L} - \sum_i \frac{g_i}{L} \log \frac{g_i}{L} + \dots - \sum_i \frac{l_i}{L} \log \frac{l_i}{L}\right\}$

■ 當 $q=2$ ， ${}^2\bar{D}(L) = \frac{1}{L} \times \frac{1}{\sum_i \left(\frac{p_i}{L}\right)^2 + \sum_i \left(\frac{g_i}{L}\right)^2 + \dots + \sum_i \left(\frac{l_i}{L}\right)^2} = \frac{L}{\sum_i p_i^2 + \sum_i g_i^2 + \dots + \sum_i l_i^2}$

$$= \frac{L}{L - \left[ (1 - \sum_i p_i^2) + (1 - \sum_i g_i^2) + \dots + (1 - \sum_i l_i^2) \right]} = \frac{L}{L - QD}$$



■ 當  $q = \infty$ ,  ${}^{\infty}\bar{D}(L) = \frac{1}{L} \times \frac{1}{\max\{\frac{l_1}{L}, \frac{l_2}{L}, \dots, \frac{l_K}{L}\}} = \frac{1}{\max\{l_1, l_2, \dots, l_K\}}$

### 3.3 系統演化多樣性指標 (Phylogenetic diversity index)

接下來將透過分類樹和一般系統演化樹的關係，將上述分類多樣性指標  ${}^q\bar{D}(L)$  推廣至系統演化多樣性指標，記為  ${}^q\bar{D}(T)$ ，以滿足現今大部分生態學家在群落物種系統演化樹資訊的應用。

#### 3.3.1 超度量 (ultrametric) 系統演化樹

因為傳統分類樹即為超度量的特例，所以本文先就群落系統演化樹具備超度量 (ultrametric) 性質做討論，何謂超度量？即，任三物種的兩兩間距離滿足： $\max\{d_{12}, d_{13}, d_{23}\} = \text{mid}\{d_{12}, d_{13}, d_{23}\}$ ，Weizman (1992) 稱滿足超度量 (ultrametric) 性質的系統演化樹是完美的分類 “perfect taxonomy”。

為了方便解說推廣過程，以簡單圖例 (圖 3.3) 來解釋，假設有一物種分類樹如圖 3.3A 和其相對應的系統演化樹 (圖 3.3B)，所以圖 3.3B 中，各支脈長度分別為  $L_1=L_2=L_{12}=1$ ,  $L_3=2$ 。因為在系統演化樹中，每個內部節點代表其各分支的最近共同祖先，而節點間的線段長度可代表其演化時間。因此，此系統演化樹可解釋為：群落在最近時間 ( $T$ ) 為 2 時 (即時間單位為  $[-2, 0]$  的時段)，群落物種演化的系統演化圖。

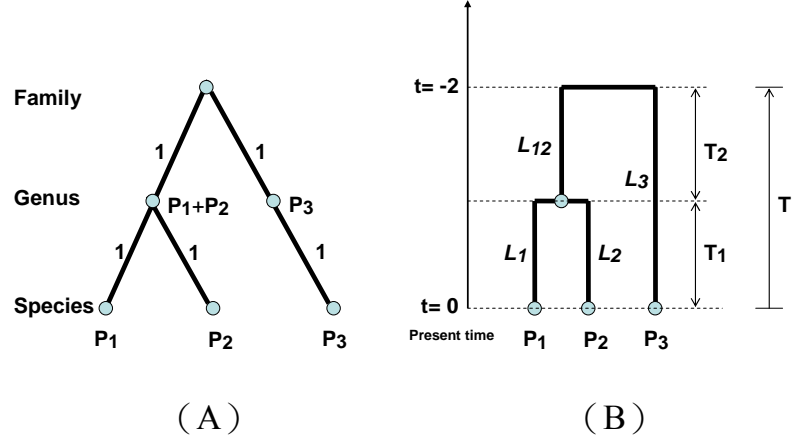


圖 3.3 相對應的分類樹 (A) 和系統演化樹 (B)

給定分類層級  $L=2$  的條件下，由之前  ${}^q\bar{D}(L)$  的定義得

$${}^q\bar{D}(L) = \frac{1}{2} \left\{ 1 \times \left[ \left( \frac{P_1}{2} \right)^q + \left( \frac{P_2}{2} \right)^q + \left( \frac{P_3}{2} \right)^q \right] + 1 \times \left[ \left( \frac{P_1+P_2}{2} \right)^q + \left( \frac{P_3}{2} \right)^q \right] \right\}^{\frac{1}{1-q}} \quad \forall q \geq 0$$

而相對應的系統演化多樣性等同於：給定  $T=2$  的條件下，

$$\begin{aligned} {}^q\bar{D}(T) &= \frac{1}{2} \left\{ 1 \times \left[ \left( \frac{P_1}{2} \right)^q + \left( \frac{P_2}{2} \right)^q + \left( \frac{P_3}{2} \right)^q \right] + 1 \times \left[ \left( \frac{P_1+P_2}{2} \right)^q + \left( \frac{P_3}{2} \right)^q \right] \right\}^{\frac{1}{1-q}} \\ &= \frac{1}{2} \left\{ 1 \times \left( \frac{P_1}{2} \right)^q + 1 \times \left( \frac{P_2}{2} \right)^q + 1 \times \left( \frac{P_1+P_2}{2} \right)^q + 2 \times \left( \frac{P_3}{2} \right)^q \right\}^{\frac{1}{1-q}} \\ &= \frac{1}{T} \left\{ L_1 \times \left( \frac{P_1}{T} \right)^q + L_2 \times \left( \frac{P_2}{T} \right)^q + L_{12} \times \left( \frac{P_1+P_2}{T} \right)^q + L_3 \times \left( \frac{P_3}{T} \right)^q \right\}^{\frac{1}{1-q}} \quad \forall q \geq 0 \end{aligned}$$

所以， ${}^q\bar{D}(T)$  的一般形式為：

$${}^q\bar{D}(T) = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

因此， ${}^q\bar{D}(T)$  可以解釋為“物種差異為  $T$  的有效物種數”。

同時，因為  $T = \sum_{i \in B_T} L_i \times a_i$ ，所以第  $i$  支脈的相對豐富度可以視為為  $a_i/T$ ，因

此， ${}^q\bar{D}(T) \times T = \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$  可以解釋為“有效支脈長度”。

另外，由圖 3.3B 的圖示，可以將  ${}^q\bar{D}(T)$  表示成：

$$\left\{ \frac{T_1}{T} \times [P_1^q + P_2^q + P_3^q] + \frac{T_2}{T} \times [(P_1 + P_2)^q + P_3^q] \right\}^{\frac{1}{1-q}} \quad \forall q \geq 0$$

這樣的表示式可以利用 Jost (2007) 的 Alpha 多樣性的定義來解釋：在  $T$  個群落中，有  $T_1$  個群落分別包含 3 個物種，其物種相對豐富度皆為  $(P_1, P_2, P_3)$ ，另有  $T_2$  個群落分別包含 2 個物種，其物種相對豐富度皆為  $(P_1 + P_2, P_3)$ ，假設各群落

都等權重，所以群落的平均多樣性為  $\frac{T_1}{T} \times [P_1^q + P_2^q + P_3^q] + \frac{T_2}{T} \times [(P_1 + P_2)^q + P_3^q]$  的函數，之後透過  $1-q$  階開根，即可轉換成有效物種數，因此  ${}^q\bar{D}(T)$  可以解釋為演

化時間  $[-T, 0]$  的“平均有效物種數” (mean diversity)。

同時，定義  ${}^qPD(T) = {}^q\bar{D}(T) \times T$ ，可以解釋群落物種在時間  $[-T, 0]$  的“有效演化歷史” (evolutionary history) 或者“有效支脈長度”。同理，在傳統分類樹下，定義  ${}^qPD(L) = {}^q\bar{D}(L) \times L$ ，解釋為在分類  $L$  層級下的“有效節點數”。

在這裡，指標  ${}^qPD(L)$  和  ${}^q\bar{D}(L)$  的參數  $L$  是隨意的正數，因為自然環境中，群落物種的演變是連續的，因此唯有透過不同時間點  $L$  的觀測，才得以一窺其演化過程。所以在系統演化樹具備超度量性質時，本文將群落演化時間視為一參數，而不像其他指標將時間點，只固定在系統演化樹根部的位

### 3.3.2 非超度量 (non-ultrametric) 系統演化樹

當系統演化樹不滿足超度量 (ultrametric) 的性質時，透過時間的解釋已無意義 (因為在系統演化樹中，各個物種並不會在同一水平軸)，因此

本文定義  $T$  為系統演化樹的高度，此時  ${}^q\bar{D}(T)$  仍等於  $\frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i (a_i / T)^q \right\}^{1/(1-q)}$ ，

其中  $\bar{T} = \sum_{i \in B_T} L_i \times a_i$ 。關於  ${}^q\bar{D}(T)$  的解釋，為方便起見，以圖 3.4 為例來說明，在此系統演化樹中，其高度為  $T$ ，當群落的  ${}^q\bar{D}(T)=D$  時，其多樣性等同於某群落的多樣性，其中該群落有  $D$  個物種，且彼此間的差異都為

$$\bar{T} = \sum_{i \in B_T} L_i \times a_i = A。$$

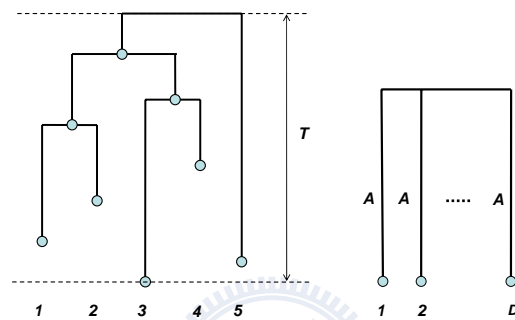


圖 3.4 具相同系統演化多樣性的兩群落系統演化圖。

然而，當比較不同群落的  ${}^q\bar{D}(T)$  時，即使給定相同的  $T$  值的條件下，各群落  $\bar{T}$  值可能不相等，因此各群落  ${}^q\bar{D}(T)$  的解釋並不一致（即單位不一致），所以  ${}^q\bar{D}(T)$  較不能用來比較群落多樣性的依據。所以建議，當系統演化樹不滿足超度量（ultrametric）的性質時，應以  $\bar{T} \times {}^q\bar{D}(T)$ （即：群落系統演化樹的有效支脈長度）為判斷的依據。

### 3.4 與其他指標的關係

#### ■ 與 Hill 數值指標的關係

當  $T = 0^+$  時， ${}^q\bar{D}(T) = \text{Hill's number}$ ，因此也可以將  ${}^q\bar{D}(T)$  視為 Hill 數值指標，考慮物種間差異資訊的推廣指標。

#### ■ 與 Faith's $PD$ 的關係

當  $q = 0$  時， ${}^0PD(T) = PD$  (Faith 1992)， ${}^0\bar{D}(T) = PD/T$ 。因此， ${}^qPD(T)$  和  ${}^q\bar{D}(T)$  可以視為 Faith (1992) 的  $PD$  考慮物種豐富度訊息後的推廣指標。

#### ■ 與 Allen et al.'s $H_p$ 的關係

當  $q$  趨近於 1 時， ${}^1\bar{D}(T) = \exp\left[-\sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{T} a_i \log a_i\right]$ ，且  $T$  為群落第一次發生種化的時間點，則  ${}^1\bar{D}(T) = \exp\{H_p/T\}$  or  $\log({}^1\bar{D}(T)) = H_p/T$ 。

#### ■ 與 Rao's $QE$ 的關係

當  $q = 2$  時， ${}^2\bar{D}(T) = \left\{\sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{T} a_i^2\right\}^{-1}$ ，且  $T$  為群落物種第一次發生種化的時間點，則  ${}^2\bar{D}(T) = \frac{T}{T - QE} = \frac{1}{1 - QE/T}$ ，其中  $QE$  中物種間的距離，在群落系統演化樹的定義，為兩物種間支脈長度的平均。

當  $q$  趨近無窮大時， ${}^\infty\bar{D}(T) = \frac{1}{\max\{a_1, a_2, \dots, a_{|B|}\}}$ ，其中  $T$  為任意正數。

因此，透過上述的關係，可以將常見的多樣性指標，轉換成具有直觀解釋意義的指標單位。

### 3.5 指標具備的性質

接下來將依系統演化樹是否具備超度量性質，來探討系統演化多樣性指標的性質。

- 適合所有系統演化樹的性質：

- ✓ “尺度不變性”( scale invariant )

因為 ${}^q\bar{D}(T)$ 代表在演化時間 $[-T, 0]$ 中，群落的平均有效物種數。

所以，無論時間的單位為何， ${}^q\bar{D}(T)$ 不受其影響。因此，所謂的“尺度不變性”是指， ${}^q\bar{D}(T)$ 不受親緣系統樹的支脈長度的尺度的變化而變。

證明：假設每個系統演化樹的支脈長度都乘於一個常數 $K$ ，則

$$\begin{aligned} {}^q\bar{D}(KT) &= \frac{1}{KT} \left\{ \sum_{i \in B_T} KL_i \left( \frac{a_i}{KT} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = {}^q\bar{D}(T) \end{aligned}$$

所以，對於任何系統演化樹， ${}^q\bar{D}(T) = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$  都滿足“尺

度不變性”的性質，其中 $\bar{T} = \sum_{i \in B} L_i \times a_i$ 。

- ✓ “倍增性質”( doubling property )

因為考慮物種間差異的訊息，這裡將中性物種多樣性的倍增性質稍做修正，即當兩群落有相同的多樣性且，群落沒有共同種，且來自不同群落的物種的差異都達最大，則混合群落的多樣性為原個別群落多樣性的兩倍。

證明：假設有兩個族群量一樣的群落，考慮在 $[-T, 0]$ 的演化時間內，群落一的系統演化樹的支脈集合為 $B_T$ 其各支脈長度為 $\{L_i; i \in B_T\}$ 且其相對應的支脈豐富度為 $\{a_i; i \in B_T\}$ 。另外，群落二的系統演化樹的支脈集合為 $M_T$ ，其各支脈長度為 $\{U_i; i \in M_T\}$ ，且其相對應的豐富度為 $\{r_i; i \in M_T\}$ 。假設兩群落具有相同 ${}^q\bar{D}(T)$ ，即

$$\sum_{i \in B_T} (L_i / \bar{T}) a_i^q = \sum_{i \in M_T} (U_i / \bar{T}) r_i^q。$$

當兩個群落的物種完全相異，則合併後群落的 ${}^q\bar{D}(T)$ 為

$$\begin{aligned} & \left\{ \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{\bar{T}} \left( \frac{a_i}{2} \right)^q + \sum_{i \in M_T} \frac{U_i}{\bar{T}} \left( \frac{r_i}{2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \{ 2^{1-q} \times \sum_{i \in B_T} (L_i / \bar{T}) a_i^q \}^{1/(1-q)} \\ &= 2 \times \{ \sum_{i \in B_T} (L_i / \bar{T}) a_i^q \}^{1/(1-q)} = 2 \times \{ \sum_{i \in M_T} (U_i / \bar{T}) r_i^q \}^{1/(1-q)} \end{aligned}$$

所以，之前的 $QE$ 和 $H_p$ 雖然不滿足此性質，但透過轉換

( ${}^2\bar{D}(T) = T / (T - QE)$ 或 ${}^1\bar{D}(T) = \exp[H_p/T]$ ) 得到 ${}^q\bar{D}(T)$ ，即可滿足此性質。值得注意的是，在這裡並沒有假設兩群落的系統演化樹的結構需要相同，或系統演化樹需要具備超度量的特性。另外，此性質並不侷限於兩群落的討論，對於 $N$ 個群落，若各群落滿足上述的條件，則合併群落的 ${}^q\bar{D}(T)$ 為任何群落 ${}^q\bar{D}(T)$ 的 $N$ 倍。

✓ “弱單調性” (weak monotonicity)

何謂“單調性”(monotonicity)? 即：當一群落增加一新物種，則群落的多樣性應增加 (Izsák & Papp 2000; Solow et al. 2003; Solow & Polasky 2004)。一般生物學家認為系統演化多樣性指標需滿足此特性。然而之前討論的指標都只強調物種的出現與否或視所有物種的豐富度都一致，並未考慮物種豐富度的差異性，因此常見

的  $QE$  並不滿足此特性 (Izsák & Papp 2000)。而考慮 Hill 數值指標族時，只有  $q = 0$  時滿足此特性。因此，Weikard et al. (2006) 認為，當考慮物種的豐富度時，“單調性” (monotonicity) 的條件需做修正，即：當群落增加一最稀有新物種時，多樣性指標應增加，稱之為“弱單調性” (weak monotonicity)。如此，對於任何  $q > 0$ ，Hill 數值指標都滿足此性質，原因在於 Hill's number 對任何  $q > 0$ ，都具有蕭爾凹函數 (Schur-concavity) 的性質 (Tong 1983)。當考慮物種的差異性時， ${}^q\bar{D}(T)$  滿足“弱單調性”的條件為，當群落增加一最稀有新物種，且與群落其他物種的差異最大時 (附錄一)。

- 只適合系統演化樹為超度量的情況
  - ✓  ${}^q\bar{D}(T) \leq {}^qD \forall q \geq 0$ ，當  $T = 0^+$  或每個物種彼此間都具有最大差異  $T$ ，此時等號成立。因為  ${}^q\bar{D}(T)$  是  ${}^qD$  的推廣，所以  ${}^q\bar{D}(T)$  可以解釋為物種彼此距離都達到最大的有效物種數。
  - ✓  ${}^q\bar{D}(T)$  隨  $T$  增加而遞減，但  ${}^qPD(T)$  未必隨  $T$  增加而遞減，這是因為  ${}^qPD(T)$  可解釋為“有效演化時間”，而非“演化時間”。

### 3.6 改進其他非中性指標的缺點

在上一章節，已經說明中性指標的“倍增性質”在保育決策和生態研究的必要性。本章節將再次舉例闡述“倍增性質”在非中性指標的重要性，並且說明指標  ${}^q\bar{D}(T)$  可以改進其他非中性指標的缺點。

因為多樣性指標的應用不外乎是為了，在有限的資源下可以保育最多的生



物多樣性，因此多樣性指標值是決策的依據。假設一個地區有 1000 個物種，其物種間遺傳差異都是 7 且物種豐富度都一樣。表示每個物種對該地區多樣性的貢獻應該都是一樣的。假設有一開發案，評估可能會使該地區 700 個物種消失，則這個開發案對當地生物多樣性的影響為何？若以 Rao's  $QE$  作為生物多樣性指標，則 1000 物種的  $QE$  值是 6.993，而 300 個物種的  $QE$  值為 6.977。因此，此數據可以得到  $6.977/6.993=0.998$ 。表示：此開發案存活下來的物種，其多樣性幾乎和原地區的多樣性一樣，所以得到的結論是：許可開發案進行。但另一派的觀點為，因開發案導致 700 物種消失的  $QE$  值為 6.99，因此得到消失物種的多樣性佔原地區多樣性的比率為  $6.99/6.993=0.999$ ，表示開發案幾乎斷送該地區全部的多樣性，所以得到的結論是：不准開發案通過。為什麼同一事件，卻有兩個極端的結論？這是因為  $QE$  不滿足“倍增性質”，造成消失 700 物種的多樣性加存活下來 300 物種的多樣性不會等同於原 1000 物種的多樣性。當  $QE$  轉換成  ${}^q\bar{D}(T)$ ，則原 1000 物種的多樣性為  $1/(1-6.993/7)=1000$  “平均有效物種”；因開發案而消失的 700 物種，其多樣性為  $1/(1-6.99/7)=700$  “平均有效物種”，而存活下來的 300 物種的多樣性為  $1/(1-6.977/7)=300$  “平均有效物種”。因此消失的多樣性佔原多樣性的  $700/1000=0.7$ ，存活下來的多樣性是原多樣性的  $300/1000=0.3$ 。這樣的結論不會得到上述的謬論，且符合我們直觀的想法，這是因為  ${}^q\bar{D}(T)$  滿足“倍增性質”。相同的問題一樣會出現在 Allen et al.'s  $H_p$  指標上，但經過轉換  ${}^1\bar{D}(T)=\exp\{H_p/T\}$ ，即可得到合理且具直觀的結果。因此，我們認為無論中性指標或非中性指標，“倍增性質”是多樣性指標最基本的要求。

## 第四章、系統演化多樣性指標的估計

對於單一群落系統演化多樣性的估計，本章節將針對系統演化樹具有超度量性質的情況來進行估計。

### 4.1 符號定義

$n$  樣本中的個體數。

$S_{obs}$  樣本中的物種數目。

$X_i$  第  $i$  物種出現在樣本中的次數， $i=1, 2, \dots, S$ 。

$f_k$  樣本中出現  $k$  次的物種數， $k=1, 2, \dots, n$ 。

$\hat{f}_0$  群落中未出現物種估計量， $\hat{f}_0 = \begin{cases} f_1^2 / (2 \times f_2) & \text{if } f_2 > 0 \\ f_1(f_1 - 1) / 2 & \text{if } f_2 = 0 \end{cases}$  (Chao 1984)。

所以， $\hat{S} = S_{obs} + \hat{f}_0$ 。

$C$  樣本涵蓋率 (sample coverage) :  $C = \sum_{i=1}^S p_i \times I(X_i > 0)$ 。

$\hat{C}$  樣本涵蓋率的估計量 :  $\hat{C} = 1 - f_1/n$  (Good 1953)。

系統演化樹層級符號：

$D_j$  樣本中，在系統演化樹第  $j$  層級的節點數。

$X_{j\_i}$  系統演化樹第  $j$  層級，樣本中第  $i$  節點出現的次數， $i=1, 2, \dots, N_j$ 。

$f_{j\_k}$  系統演化樹第  $j$  層級，樣本中出現  $k$  次的物種數， $k=1, 2, \dots, n$ 。

$\hat{f}_{j\_0}$  系統演化樹第  $j$  層級中未出現節點估計量，

$$\hat{f}_{j-0} = \begin{cases} f_{j-1}^2 / (2 \times f_{j-2}) & \text{if } f_{j-2} > 0 \\ f_{j-1}(f_{j-1} - 1) / 2 & \text{if } f_{j-2} = 0 \end{cases}, j=1, 2, \dots, L$$

所以， $\hat{N}_j = D_j + \hat{f}_{j-0}$ ， $j=1, 2, \dots, L$ 。

$C_j$  系統演化樹第  $j$  層級的樣本涵蓋率： $C_j = \sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i} \times I(X_{j-i} > 0)$ ， $j=1, 2, \dots, L$ 。

$\hat{C}_j$  系統演化樹第  $j$  層級的樣本涵蓋率估計量： $\hat{C}_j = 1 - f_{j-1} / n$ ， $j=1, 2, \dots, L$ 。

## 4.2 抽樣方法與模型架構

當系統演化具有超度量性質時，以圖 3.3B 為例，假設群落有  $L$  個層級，其中，第  $i$  層級的高度為  $T_i$ ， $i=1, 2, \dots, L$ ，且  $\sum_{i=1}^L T_i = T$ 。其中，

第一層級有  $N_1$  個節點，其相對豐富度： $\{p_1, p_2, \dots, p_{N1}\}$  其中， $\sum_i p_i = 1$ 。

第二層級有  $N_2$  個節點，其相對豐富度： $\{g_1, g_2, \dots, g_{N2}\}$  其中， $\sum_i g_i = 1$ 。

...

第  $L$  層級有  $N_L$  個節點，其相對豐富度： $\{k_1, k_2, \dots, k_{NL}\}$  其中， $\sum_i k_i = 1$ 。

因為， ${}^q \bar{D}(T) = \left( \frac{T_1}{T} \sum_i p_i^q + \frac{T_2}{T} \sum_i g_i^q + \dots + \frac{T_L}{T} \sum_i k_i^q \right)^{\frac{1}{1-q}}$ 。

所以， ${}^q \bar{D}(T)$  可以視為，有  $T$  個群落的平均多樣性 (Alpha diversity)。

令，第一層級： $\sum_i p_i^q = \theta_1(q)$ ；第二層級： $\sum_i g_i^q = \theta_2(q)$ ；...；第  $L$  層

$$\text{級: } \sum_i k_i^q = \theta_L(q) \text{ 則 } {}^q\bar{D}(T) = \left( \frac{T_1}{T} \theta_1(q) + \frac{T_2}{T} \theta_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \theta_L(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

假設採用簡單隨機抽樣，在抽樣前先固定群落的樣本抽樣數  $n$ ，而後針對該群落以取後放回（Sampling With Replacement）方式收集樣本，假設群落中每個個體被抽取的機率都是一樣，且每一抽樣行為彼此互不影響。如此各層級中，各節點所觀察到的個體數，皆為一多項分配（Multinomial distribution），即第  $j$  層級：

$$(X_{j_1}, X_{j_2}, \dots, X_{j_{N_j}}) \sim \text{Multinomial}(n, a_{j_1}, a_{j_2}, \dots, a_{j_{N_j}}), \sum_{i=1}^{N_j} a_{j_i} = 1, \quad j=1, 2, \dots, L。$$

雖然，此指標為一全新指標，但可以視為多群落的平均多樣性，因此估計的策略可以利用單一群落的估計方法來進行估計。



### 4.3 指標估計

本文針對系統演化多樣性指標曲線的估計，將介紹七種估計量。

#### 4.3.1 最大概似估計量

因為它形式簡單且具備大樣本性質，所以是一般生態學家最常才用的估計量。在本文假設的抽樣方法中，個體抽樣在各個層級都滿足多項式分佈。

因此，第  $j$  層級中第  $i$  節點相對豐富度  $a_{j_i}$  的最大概似估計量為

$$\hat{a}_{j_i} = x_{j_i} / n, \quad j=1,2,\dots,L, \quad i=1,2,\dots,N_j。$$

所以，得到  $\theta_j(q)$  的最大概似估計量為  $\hat{\theta}_j(q) = \sum_i \hat{a}_{j_i}^q, j=1,2,\dots,L。$

因此， ${}^q\bar{D}(T)$  的最大概似估計量為：

$${}^q\bar{D}(T)_{MLE} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

#### 4.3.2 條件期望不偏估計量

韓（2008）根據物種出現的條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤，提出的修正估計式。

$$\text{因為 } E[\hat{p}_i | \hat{p}_i > 0] = \frac{p_i}{1 - (1 - p_i)^n}$$

$$= p_i + \frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}, \quad i = 1, 2, \dots, S。$$

所以，物種出現的條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤為  $\frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}, i = 1, 2, \dots, S。$

則  $\tilde{p}_i = \hat{p}_i - \frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}$  (5.1)，為物種出現條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤修正式，其中

(5.1) 式右項的  $p_i$  可帶入  $\hat{C}\hat{p}_i$ 。

所以， $\sum_{i=1}^S p_i^q$  的估計量為  $\sum_{i=1}^S \hat{p}_i^q \cdot I(\hat{p}_i > 0) + \hat{f}_0 \left( \frac{1 - \hat{C}}{\hat{f}_0} \right)^q$ ，其中

$$\hat{p}_i = \hat{p}_i - k \cdot \hat{p}_i (1 - \hat{C} \hat{p}_i), \quad k \text{ 滿足 } \sum_{\hat{p}_i > 0} \hat{p}_i = \hat{C}。$$

依據方法一的估計策略，得到系統演化樹中第  $j$  層級  $\theta(q)$  的估計量為：

$$\tilde{\theta}_j(q) = \sum_{i=1}^q \hat{a}_{j-i}^q \cdot I(\hat{a}_{j-i} > 0) + \hat{f}_{j-0} \left( \frac{1 - \hat{C}_j}{\hat{f}_{j-0}} \right)^q, \quad j=1, 2, \dots, L。$$

$${}^q\bar{D}(T) \text{ 的估計量為： } {}^q\bar{D}(T)_{CBA} = \left\{ \frac{T_1}{T} \tilde{\theta}_1(q) + \frac{T_2}{T} \tilde{\theta}_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \tilde{\theta}_L(q) \right\}^{1/(1-q)}$$



### 4.3.3 一階摺刀法估計量

Quenouille (1949) 針對單一樣本所提出的摺刀法估計量能夠估計出偏差進而減少偏差，Turkey (1958) 將此方法稱之為摺刀法。

一階摺刀法： ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n [n \times {}^q\bar{D}(T)_{mle} - (n-1) \times {}^q\bar{D}(T)_{mle_i}]$ ，其中  ${}^q\bar{D}(T)_{mle}$  為

${}^q\bar{D}(T)$  的最大概似估計量， ${}^q\bar{D}(T)_{mle_i}$  為移除第  $i$  觀測值後的最大概似估計量。

### 4.3.4 二階摺刀法估計量

Quenouille (1956) 接著提出二階摺刀法，與一階摺刀法不同之處在於，每

次皆移除兩個樣本後再計算，此法可消除  $O(n^{-2})$  項之偏誤，Shucany et al. (1971) 將 Quenouille 的二階摺刀法估計量做修正，其估計量如下

$${}^q\bar{D}(T)_{JACK2} = \frac{1}{2} \left\{ n^2 \times {}^q\bar{D}(T)_{mle} - 2 \frac{(n-1)^2}{n} \left( \sum_{k=1}^n {}^q\bar{D}(T)_{mle\_k} \right) + \frac{(n-2)^2}{n(n-1)} \left[ 2 \sum_{i>j} {}^q\bar{D}(T)_{mle\_ij} \right] \right\}$$

其中， ${}^q\bar{D}(T)_{mle}$  為  ${}^q\bar{D}(T)$  的最大概似估計量。

${}^q\bar{D}(T)_{mle\_k}$  為移除第  $k$  觀測值後的  ${}^q\bar{D}(T)$  最大概似估計量，

${}^q\bar{D}(T)_{mle\_ij}$  為移除第  $i$  和第  $j$  觀測值後的  ${}^q\bar{D}(T)$  最大概似估計量。

其優點為如果估計量之偏誤只有第一項及第二項，則此修正式可以使二階摺刀法估計量為一不偏估計量，且此式可輕易推廣至更高階摺刀法。



#### 4.3.5 最小均方誤差估計量

此估計方法是 Stein (1956) 和 James & Stein (1961) 所提出，在多維度的常態變數中，當變異數已知且在均方損失函數 (square loss function) 之下，他以一縮收 (Shrinkage) 形式的估計量，得到相較樣本平均估計量風險為低的估計量，且當維度增加，其改善的程度也隨之增加。如今，此方法已大量被應用在基因的篩選檢測上。因為生態上的資料大多屬於多維度的變數，本文將採用三種不同的形式縮收估計量應用在指標的估計上。

假設群落有  $S$  物種，其相對豐富度為  $(p_1, p_2, \dots, p_S)$  利用  $A \cdot \hat{p}_i + B$  估計  $p_i$ ， $i = 1, 2, \dots, S$ 。

滿足  $E \left[ \sum_{i=1}^S A \cdot \hat{p}_i + B \right] = \sum_{i=1}^S p_i$ ，且 minimize  $E \left[ \sum_{i=1}^S (A \cdot \hat{p}_i + B - p_i)^2 \right]$  的條件下，

$$\text{得到 } A = \left(1 - \frac{\sum_{i=1}^S \text{var}\left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right)}{E\left[\sum_i \left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right)^2\right]}\right) \approx \left(1 - \frac{\sum_{i=1}^S \text{var}\left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right)}{\sum_i \left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right)^2}\right)$$

$$B = \frac{1}{\hat{S}} - A \times \frac{\bar{X}}{n} \approx (1-A) \times \frac{1}{\hat{S}}$$

因為  $S$  未知，以 Chao (1984) 的下界估計量當作  $S$  的估計量，得到：

$$\hat{S} = S_{obs} + \hat{f}_0 = \begin{cases} S_{obs} + f_1^2 / (2 \times f_2) & \text{if } f_2 > 0 \\ S_{obs} + f_1(f_1 - 1) / 2 & \text{if } f_2 = 0 \end{cases}$$

$$\text{另外，} \sum_{i=1}^S \text{var}\left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right) \approx \sum_{i=1}^S \text{var}\left(\frac{X_i}{n}\right) = \sum_{i=1}^S \frac{p_i \times (1-p_i)}{n} \quad (\because X_i \sim \text{Binomial}(n, p_i))$$

$$\text{所以，} \sum_{i=1}^S \text{var}\left(\frac{X_i}{n} - \frac{\bar{X}}{n}\right) \text{ 的估計量為：} \frac{1}{n} \sum_i \frac{X_i}{n} \left(1 - \frac{X_i}{n}\right)$$

因此， $\hat{p}_i^* = A \times \frac{X_i}{n} + B$ ，其中

$$A = \left(1 - \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^S \frac{X_i}{n} \left(1 - \frac{X_i}{n}\right)}{\frac{\hat{S}}{n} \left(\frac{1}{n} - \frac{1}{\hat{S}}\right)^2}\right)_+ \quad \text{and} \quad B = (1-A) \times \frac{1}{\hat{S}}$$

所以，得到系統演化樹中第  $j$  層級中各節點相對豐富度  $a_{j-i}$ ,  $i=1, 2, \dots, N_j$

的估計量： $\hat{a}_{j-i}^{(1)} = A_j \times \hat{a}_{j-i} + B_j$ ，其中

$$A_j = \left(1 - \frac{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{D_j} \frac{X_{j-i}}{n} \left(1 - \frac{X_{j-i}}{n}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_j} \left(\frac{X_{j-i}}{n} - \frac{1}{\hat{N}_j}\right)^2}\right)_+, \quad B_j = (1-A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_j} \quad \text{and}$$

$$\hat{N}_j = D_j + \hat{f}_{j-0} = \begin{cases} D_j + f_{j-1}^2 / (2 \times f_{j-2}) & \text{if } f_{j-2} > 0 \\ D_j + f_{j-1}(f_{j-1} - 1) / 2 & \text{if } f_{j-2} = 0 \end{cases}$$

因此，第  $j$  層級  $\theta(q)$  的估計量為：



$$\widehat{\theta}_j^{(sh1)}(q) = \sum_{i=1}^{\hat{N}_j} [\widehat{a}_{j-i}^{(1)}]^q, j=1,2,\dots,L。$$

所以， ${}^q\overline{D}(T)$ 的估計量為

$${}^q\overline{D}(T)_{SH1} = \left\{ \frac{T_1}{T} \widehat{\theta}_1^{(sh1)}(q) + \frac{T_2}{T} \widehat{\theta}_2^{(sh1)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \widehat{\theta}_L^{(sh1)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

### 4.3.6 二階不偏估計量

考慮系統演化樹中第  $j$  層級，

利用  $A_j \cdot \widehat{a}_{j-i} + B_j$  估計  $a_{j-i}$ ， $i = 1, 2, \dots, N_j$ ， $j=1,2,\dots,L$ 。

滿足  $E \left[ \sum_{i=1}^{N_j} A_j \cdot \widehat{a}_{j-i} + B_j \right] = \sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i}$  和  $E \left[ \sum_{i=1}^{N_j} (A_j \cdot \widehat{a}_{j-i} + B_j)^2 \right] = \sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i}^2$  的條件

$$\text{下，得到 } A_j = \left[ 1 - \frac{\frac{1}{n} \times \sum_{i=1}^{\hat{N}_j} \frac{X_{j-i}}{n} (1 - \frac{X_{j-i}}{n})}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_j} \left( \frac{X_{j-i}}{n} - \frac{1}{\hat{N}_j} \right)^2} \right]^{-1/2} \quad B_j = (1 - A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_j}$$

$$\text{, where } \hat{N}_j = D_j + \hat{f}_{j-0} = \begin{cases} D_j + f_{j-1}^2 / (2 \times f_{j-2}) & \text{if } f_{j-2} > 0 \\ D_j + f_{j-1}(f_{j-1} - 1) / 2 & \text{if } f_{j-2} = 0 \end{cases}$$

所以，得到系統演化樹中第  $j$  層級中各節點相對豐富度  $a_{j-i}$ ， $i=1,2,\dots,N_j$  的

估計量為  $\widehat{a}_{j-i}^{(2)} = A_j \times \frac{X_{j-i}}{n} + B_j$ ， $j = 1,2,\dots,L$ 。

因此，第  $j$  層級  $\theta(q)$  的估計量為：

$$\widehat{\theta}_j^{(sh2)}(q) = \sum_{i=1}^{\hat{N}_j} [\widehat{a}_{j-i}^{(2)}]^q, \quad j=1, 2, \dots, L。$$

所以， ${}^q\bar{D}(T)$ 的估計量為

$${}^q\bar{D}(T)_{SH2} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh2)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh2)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh2)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

### 4.3.7 最小權重均方誤差估計量

考慮系統演化樹中第  $j$  層級，利用  $a_j \cdot \hat{p}_{j-i} + b_j$  估計該層級的節點相對豐富度  $a_{j-i}$ ， $i = 1, 2, \dots, N_j$ ， $j = 1, 2, \dots, L$ 。

$$\text{滿足 } E \left[ \sum_{i=1}^{N_j} a_j \cdot \hat{a}_{j-i} + B_j \right] = \sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i} \text{ 和 minimize } E \left[ \sum_{i=1}^{N_j} a_{j-i}^w (A_j \cdot \hat{a}_{j-i} + B_j - a_{j-i})^2 \right],$$

其中  $a_{j-i}^w$  可以視為，第  $i$  節點的偏誤  $(A_j \cdot \hat{a}_{j-i} + B_j - a_{j-i})^2$  的懲罰 (penalty)。

$$\text{得到 } A_j = \left[ 1 - \frac{\frac{1}{n} \times \sum_{i=1}^{\hat{N}_j} \left[ a_{j-i}^w \times \frac{X_{j-i}}{n} \left( 1 - \frac{X_{j-i}}{n} \right) \right]}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_j} \left[ a_{j-i}^w \times \left( \frac{X_{j-i}}{n} - \frac{1}{\hat{N}_j} \right)^2 \right]} \right] \quad B_j = (1 - A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_j}$$

$$\text{其中， } \hat{N}_j = D_j + \hat{f}_{j-0} = \begin{cases} D_j + f_{j-1}^2 / (2 \times f_{j-2}) & \text{if } f_{j-2} > 0 \\ D_j + f_{j-1}(f_{j-1} - 1) / 2 & \text{if } f_{j-2} = 0 \end{cases}$$

$$\text{且， } a_{j-i}^{w_j} \text{ 等於 } \begin{cases} (\hat{C}_j \hat{a}_{j-i})^{w_j} & \text{when } i = 1, 2, \dots, D_j \\ [(1 - \hat{C}_j) / f_{j-0}]^{w_j} & \text{when } i = D_j + 1, D_j + 2, \dots, D_j + f_{j-0} \end{cases} .$$

$w_j$  的選取主要考慮兩個因素：

A、理論部份

另外，因為 Hill 數值指標

$$\left(\sum_{i=1}^S p_i^q\right)^{\frac{1}{1-q}} = (p_1^q + p_2^q + \dots + p_s^q) \times \left(\sum_{i=1}^S p_i^q\right)^{\frac{q}{1-q}} = (p_1^q + p_2^q + \dots + p_s^q) \times \text{Constant}$$

，所以第  $i$  物種對 Hill 數值指標的貢獻正比於  $p_i^q$ 。因此對於愈大的  $p_i^q$  值，則其相對應  $p_i$  的偏誤，應該要有愈大的懲罰 (penalty)。所以， $a_{j-i}^{w_j}$  應正比於  $a_{j-i}^q$ 。

B、抽樣部份：

因為指標中  $S$  (物種數) 是未知的，當抽樣樣本為小樣本時，對於  $CV$  大的母體，物種數估計量通常低估，導致母體中相對豐富度小的物種，其  $\hat{p}^q$  值嚴重低估，因此，對於稀有物種的  $p_i$  的偏誤應該要有較大的懲罰。而對於  $CV$  小的母體，則對於相對豐富度較大的物種，其偏誤通常較大，所以，對於豐富度物種  $p_i$  的偏誤應該要有較大的懲罰。所以，根據不同母體的  $CV$ ，對於  $p_i$  的偏誤，其懲罰  $a_{j-i}^{w_j}$  正比於  $a_{j-i}^{1-CV}$ ， $i=1,2,\dots,S_j$ 。

根據 A 和 B 的考量，設定  $w_j$  等於  $q+1-v_j$ ，其中  $v_j$  為第  $j$  層級的樣本變異係數

(coefficient of variation)。所以，得到系統演化樹中第  $j$  層級中各節點相對豐富度  $a_{j-i}$ ， $i=1, 2, \dots, N_j$  的估計量為  $\hat{a}_{j-i}^{(3)} = A_j \times \frac{X_{j-i}}{n} + B_j$ ， $j=1, 2, \dots, L$ 。

因此，第  $j$  層級  $\theta(q)$  的估計量為：

$$\hat{\theta}_j^{(sh3)}(q) = \sum_{i=1}^{\hat{N}_j} [\hat{a}_{j-i}^{(3)}]^q, j=1, 2, \dots, L。$$

所以， ${}^q\bar{D}(T)$  的估計量為

$${}^q\bar{D}(T)_{SH3} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh3)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh3)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh3)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

## 4.4 模擬研究與討論

### ➤ 模擬符號設定

在模擬研究中，真對每個試驗分別模擬  $R$  組資料，並且定義  $\hat{\lambda}_i$  為第  $i$  組資料所計算之估計值， $i=1,2,\dots,R$ 。模擬結果中的符號說明如下：

$\lambda$  模擬實驗的參數值。

$\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R \hat{\lambda}_i$  模擬的平均估計量，記為 Estimate。

$\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R \hat{\lambda}_i - \lambda$  模擬的平均偏誤，記為 Bias。

$\sqrt{\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R (\hat{\lambda}_i - \bar{\hat{\lambda}})^2}$  樣本標準差，記為 Sample s.e.。

$\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R \sqrt{\text{var}(\hat{\lambda}_i)}$  平均估計標準差，其中  $\text{var}(\hat{\lambda}_i)$  是估計量  $\hat{\lambda}$  在第  $i$  次模擬結果的變異數估計值，記為 Estimate s.e.。

$\sqrt{\frac{1}{R} \sum_{i=1}^R (\hat{\lambda}_i - \lambda)^2}$  平均樣本均方根誤差 (sample root mean squared error)，  
記為  
RMSE。

### ➤ 群落模式設定

群落演化分類樹結構的模擬：主要包含兩個部份，

第一部份是系統演化樹結構的設定，包含各個層級節點數的設定： $(S_1, S_2, \dots, S_L)$  和各層級高度  $(T_1, T_2, \dots, T_L)$  的設定，其中第一層級的節點數  $S_1$  等於群落的物種數。本文設定系統演化樹的層級  $L=5$ ，而根據物種演

化現象，主要探討兩種演化結構：

A、 群落的物種大多屬於近期種化而來：

系統演化樹各層級的節點數  $(N_1, N_2, N_3, N_4, N_5) = (100, 20, 10, 5, 2)$

且各層級的高度  $(T_1, T_2, T_3, T_4, T_5) = (2, 4, 8, 16, 32)$

B、 群落的物種大多屬於古老物種：

系統演化樹各層級的節點數  $(N_1, N_2, N_3, N_4, N_5) = (100, 90, 80, 70, 60)$

且各層級的高度  $(T_1, T_2, T_3, T_4, T_5) = (32, 16, 8, 4, 2)$ 。

系統演化樹中，兩兩層級間節點的關係則由電腦隨機決定，以符合生態演化的實際現象。

第二部份是：群落物種相對豐富度的結構設定，採用生態上常被使用的模型。

1、 Uniform 模型： $p_i = 1/S, i=1,2,\dots,S, CV=0$ 。

2、 Random Uniform 模型： $p_i = cu_i, i=1,2,\dots,S$ ，其中  $(u_1, u_2, \dots, u_S)$

為一組從 Uniform (0,1) 分配隨機產生樣本。

3、 Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c / (i+10), i=1,2,\dots,S, CV=0.745$ 。

4、 Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c / (i+2), i=1,2,\dots,S, CV=1.343$ 。

5、 Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c / (i+0), i=1,2,\dots,S, CV=2.253$ 。

6、 Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c / (i-0.5), i=1,2,\dots,S, CV=3.23$ 。

7、 Broken-stick 模型： $p_i = cu_i, i=1,2,\dots,S$ ，其中  $(u_1, u_2, \dots, u_S)$  為一組從期望值為 1 的指數分配 (exponential distribution) 隨機產生的樣本。

每個系統演化結構都包含這七種物種分配模型，所以共 14 種試驗。

第 15 和 16 種試驗，則以苗栗縣後龍溪和客雅溪鳥類調查資料為母體模型。

表 4.1 模擬估計量對照表

方法	模擬表示符號	${}^q\bar{D}(T)$ 估計量
最大概似法	MLE	${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$
條件期望值	CBA	${}^q\bar{D}(T)_{CBA}$
一階摺刀法	JK1	${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$
二階摺刀法	JK2	${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$
最小均方誤差	SH1	${}^q\bar{D}(T)_{SH1}$
二階不偏	SH2	${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$
最小權重均方誤差	SH3	${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$

指標族的估計：

模擬結果顯示於附圖，其中

附圖一為群落物種大都因近代種化事件產生，即系統演化樹結構為 A 的模擬結果。

附圖二為群落物種大多屬於古老物種，即系統演化樹結構為 B 的模擬結果。

附圖三是根據實例資料為母體的模擬結果。

圖中顯示各種模型下在不同的位階值 ( $0 < q < 3$ ) 下，系統演化多樣性指標的估計值 (Estimate)、偏誤 (Bias) 及樣本均方根誤差 (RMSE)。

當系統演化樹屬於結構 A，即群落中的物種大多屬於近代種化事件而產生。

就偏誤的表現：

當  $q < 1$  時，對所有的模擬模型，除了  ${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$  的偏誤有較嚴重的低估外，其他的估計量都表現的不錯。

當  $q > 1$  時，則所有的估計量大致都有不錯的表現，因此傳統生態學家常用的最大概似估計量是不錯的選擇。

就 RMSE 的表現：

當  $q < 0.5$  時，除了模型為 Uniform  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$  有較佳的表現之外。對於其他模擬模型， ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  幾乎都有較佳的表現。

當  $0.5 < q < 2$  時，估計量  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$ 、 ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$ 、 ${}^q\bar{D}(T)_{SH1}$

${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$  的表現幾乎沒有差異。另外，雖然  ${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{CBA}$  相較其他估計量有較差的表現，但隨模型 CV 值的增加，與其他估計量的差異則隨之變小。

當  $q > 2$  時，所有估計量幾乎都表現一樣。

當系統演化樹屬於結構 B，即群落中的物種大多屬於較古老物種。

就偏誤的表現：

${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$ 、 ${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  是所有模型中整體表現較佳的估計量。其中，對於 CV 值較小的模型 Uniform 和 Random Uniform， ${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$  的整體表現較佳，但對於其他 CV 值較大的模型，則  ${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$  有較好的整體表現。而其他的估計量，在不同的模型下的表現會有較大的差異，如  ${}^q\bar{D}(T)_{CBA}$  在 CV 值小的模型下，有嚴重的低估現象，但在 CV 值大的模型下，則有不錯的表現。 ${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$  在  $q$  小時，對於所有的模型都有較嚴重的偏誤。另外，對於 CV 值大的模型下，

當  $q > 2$  時，則所有的估計量都有不錯的表現。

就 RMSE 的表現：

在所有的模擬模型中，除了  ${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$ 、 ${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$ 、 ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  RMSE 的表現較穩定外，其中以  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  的整體表現最佳。上述四個估計量，在  $CV$  大的模型中，當  $q > 1$  時，則 RMSE 的表現幾乎沒有差異。其他的估計量，則受偏誤的影響，在不同的模型中有較大的表現差異。

以客雅溪和後龍溪河口鳥類調查實際資料為模型的模擬結果顯示於附圖三。在偏誤方面，當  $q$  值小時，除了  ${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$  有較大的偏誤外，其他的估計量都表現差不多。當  $q > 1$  時，則所有的估計量都有不錯的表現。在 RMSE 的表現方面，當  $0.5 < q$  時，所有的估計量都表現不錯，且幾乎沒有差異。此結果和電腦模擬系統演化樹結構為 A 的估計量表現大致一樣，這是因為兩河口的鳥類物種，因為大多屬於大都屬於水鳥，所以其系統演化較接近，因此可將這些物種視為因近代種化事件而產生的物種，符合系統演化樹結構為 A 的條件。

對於估計量標準差的估計，本文針對生態學家常使用的位階  $q = 1$  和  $q = 2$ ，在不同的樣本數 ( $n = 60, 100, 140, 180$ ) 下，模擬 200 次得到各估計量的偏誤(Bias)、均方根誤差(RMSE)、樣本標準差 (Sample s.e.)，並且利用拔靴法(重抽 200 次) 得到其平均估計標準差 (Estimate s.e.)，其模擬結果顯示於附表一至附表三。其中，

附表一為群落物種大都因近代種化事件產生，即系統演化樹結構為 A 的模擬結果。



附表二為群落物種大多屬於古老物種，即系統演化樹結構為 B 的模擬結果。

附表三是根據實例資料為母體模型的模擬結果。

結果顯示無論系統演化樹結構為何， ${}^q\bar{D}(T)_{MLE}$  都有最小的平均估計標準差，另外 ${}^q\bar{D}(T)_{JACK1}$  相較 ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  有較小的平均估計標準差。

當系統演化樹結構為 A 時，在不同模型下，所有估計量的估計標準差雖有大小之分，但都差不多。且各個估計量標準差的估計值和模擬的樣本標準差都很接近。當系統演化樹結構為 B 時，各個估計量的標準差則有明顯的差異，但隨樣本數的增加，其差異隨之減少。一般而言摺刀法估計量相較縮收 (shrinkage) 形式的估計量有較小的估計量。另外各估計標準差相較模擬的樣本標準差有較小的值，但隨樣本增加，其差異隨之降低。

另外，根據附表顯示的結果，根據不同模型下，在 Bias 和 RMSE 的表現最佳的估計量整理如下表，

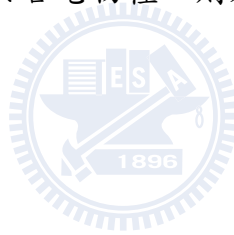
表 4.2 系統演化樹為結構 A 時：

模型	$q = 1$		$q = 2$	
	Bias	RMSE	Bias	RMSE
Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2
Random Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+10)$	JK2	JK2	SH2	SH2
$c/(i+2)$	JK2	JK2	SH2	SH2
$c/(i+0)$	JK2	JK2	SH2	SH2
$c/(i-0.5)$	SH3	JK2	SH3	SH3
Broken-Stick	SH2	SH2	SH2	SH3

表 4.3 系統演化樹為結構 B 時：

模型	$q = 1$		$q = 2$	
	Bias	RMSE	Bias	RMSE
Uniform	SH2	JK2	SH2	SH2
Random Uniform	SH3	JK2	SH2	SH2
$c/(i+10)$	SH3	JK2	SH3	SH2
$c/(i+2)$	SH3	JK2	JK2	JK1
$c/(i+0)$	SH3	JK2	JK2	MLE
$c/(i-0.5)$	SH3	JK2	JK2	MLE
Broken-Stick	SH3	JK2	SH3	JK2

由表 4.2 和表 4.3 的歸納結果得知，在 RMSE 方面  ${}^q\bar{D}(T)_{JACK2}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$  有不錯表現，但在偏誤方面，則  ${}^q\bar{D}(T)_{SH2}$  和  ${}^q\bar{D}(T)_{SH3}$  則有較佳的表現。因此考量其實用性而言，當群落物種屬於因近代種化事件而產生，則建議使用 SH2 估計量。當群落物種大多屬於古老物種，則建議使用 SH3 估計量。



#### 4.4 指標應用與實例分析

本文在此章節將利用三個實例資料，來做指標應用的介紹。其中實例二具有個體資料，因此可透過此筆資料做估計量的估計分析。

➤ 實例一：

這筆實例資料摘錄於Shimatai (2001) 的論文，這是以橡樹為優勢樹種的 28 年齡次生林，森林上層樹種的調查資料。其中包含兩個區塊，一是 CT：在 28 年中，曾經針對非橡樹樹種做疏伐作業。另一區塊 CU：在 28 年中，完全沒有人為干擾。Shimatani (2001) 將樹種依傳統林奈分類方法，歸納為四個層級（種、屬、科、亞目），並依據 *QE* 指標和傳統 Gini-Simpson 指標來評估疏伐對生物多樣性的影響。結果兩個指標得到完全相反的結果：區塊 CT 有較高的 *QE* 值，而區塊 CU 有較高的 Gini-Simpson 指標值。另外，透過網路資料庫 PHYLOMATIC (網址：<http://www.phylodiversity.net/phyloomatic>) (Webb & Donogue 2004)，得到系統演化樹 (如圖 4.1 所示)，

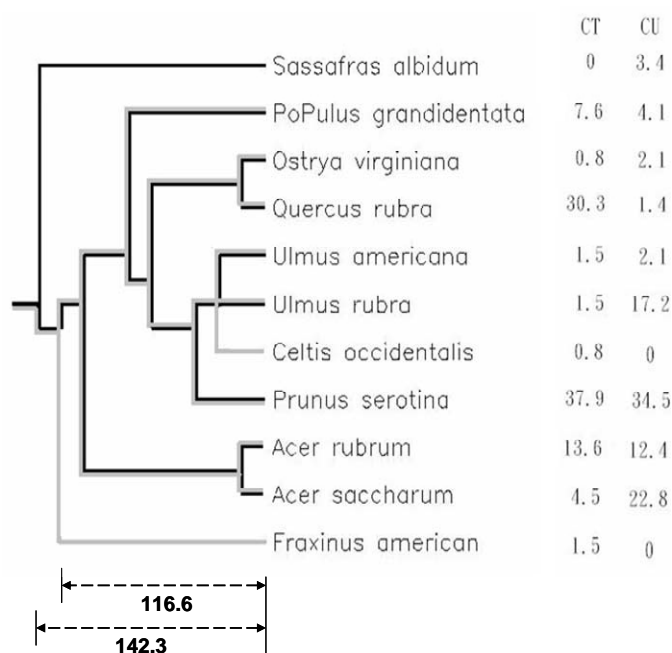


圖 4.1 區塊 CT (灰色) 和 CU (黑色) 物種的系統演化樹，圖中最後兩行為區塊物種的相對豐富度 (%)。區塊 CT 的演化時間為 116.6 單位時

間，區塊 CU 的演化時間為 142.6 單位時間。

根據  ${}^q\bar{D}(T)$  和  ${}^qPD(T)$  的定義，針對位階  $q=0, 1$  和  $2$ ，得到以時間  $T$  為橫軸的  ${}^q\bar{D}(T)$  和  ${}^qPD(T)$  曲線，由圖 4.2 可知：當  $q=0$ ，即不考慮物種的豐富度時，在不同的演化時間裡（ $0 < T < 150$ ），疏伐區塊的多樣性都較高。但當  $q=1$  或  $2$ ，即考慮物種的豐富度時，未受人為干擾區塊的多樣性，在不同的演化時間（ $0 < T < 150$ ）裡，幾乎都顯示有較高的多樣性指標值。

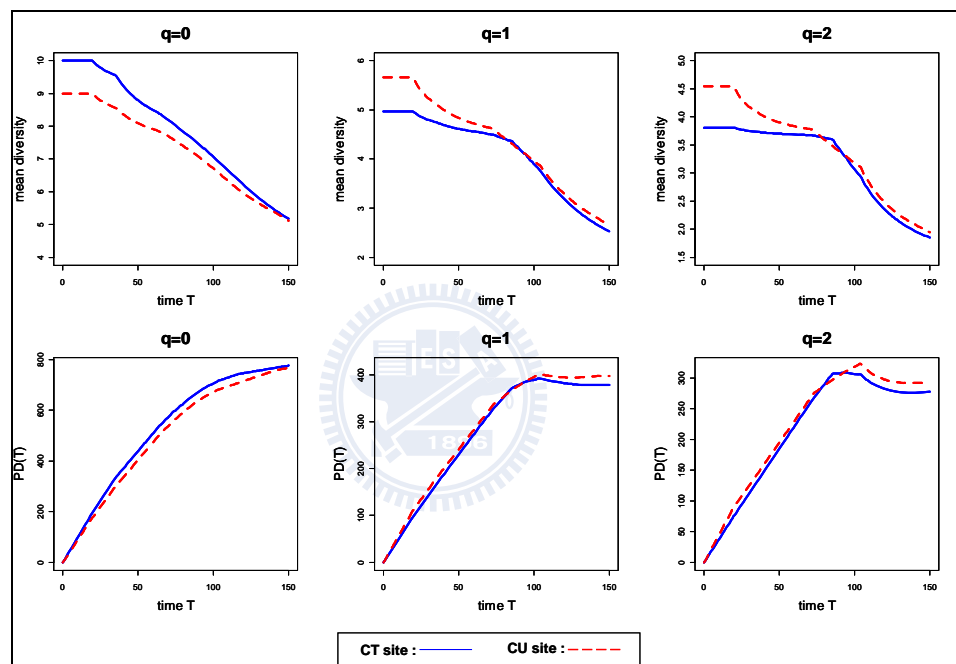


圖 4.2 演化時間在  $0 < T < 150$  的  ${}^q\bar{D}(T)$  和  ${}^qPD(T)$ 。

另外，針對位階  $q=0, 1$  和  $2$ ，比較  ${}^q\bar{D}(T=142.3)$ 、 ${}^q\bar{D}(L=4)$  和  ${}^qD$  如表 4.4 所示。

表 4.4 比較三種形式多樣性指標 ( ${}^q\bar{D}(T=142.3)$ 、 ${}^q\bar{D}(L=4)$ 和 ${}^qD$ )。

Order $q$	Site CT ( thinned site )			Site CU ( un-thinned site )		
	${}^q\bar{D}(T=142.3)$	${}^q\bar{D}(L=4)$	${}^qD$	${}^q\bar{D}(T=142.3)$	${}^q\bar{D}(L=4)$	${}^qD$
$q=0$	5.402	7.25	10	5.338	6.750	9
$q=1$	2.660	3.951	4.967	2.797	3.904	5.664
$q=2$	1.940	3.187	3.809	2.054	3.012	4.548

得到，當不考慮物種豐富度時 ( $q=0$ )， ${}^q\bar{D}(T=142.3)$ 、 ${}^0\bar{D}(L=4)$ 和 ${}^0D$ 的結果一致，疏伐可以得到更高的多樣性。當考慮物種豐富度時 ( $q=1,2$ )，則 ${}^q\bar{D}(L=4)$ 的結論與 ${}^q\bar{D}(T=142.3)$ 和 ${}^qD$ 相違背。 ${}^q\bar{D}(T=142.3)$ 和 ${}^qD$ 的結果顯示，不受人為干擾的區塊，可以擁有更健全的生態系統，而此結論亦較符合生物學家的認知。所以，傳統林業的管理經營，常會採取疏伐的方式，以增加單位面積的材積容量，然而卻不是保育生態的最佳方式。因此台灣林務單位近幾年雖然獎勵造林，但仍沿用舊有觀念，砍大樹種小樹，實乃藉保育生態之名行破壞生物多樣性之實，嚴重違反世界生態保育潮流。

➤ 實例二

此筆資料，是針對新竹、苗栗地區的三條河川（客雅溪、中港溪和後龍溪）的河口鳥類相調查資料。總計 215 種鳥種，若利用 DNA 分子資料來建構系統演化樹則需要耗費龐大資金、人力和時間，因此採用林奈傳統分類法來建構此 215 物種的分類樹，共分五個層級：215 種、117 屬、49 科、17 目、1 綱。其中，

客雅溪包含：149 種、78 屬、38 科、13 目、1 綱，

中港溪包含：136 種、80 屬、40 科、15 目、1 綱，

後龍溪包含：150 種、99 屬、46 科、16 目、1 綱。

分析不同層級下，比較三個流域鳥類多樣性的差異：

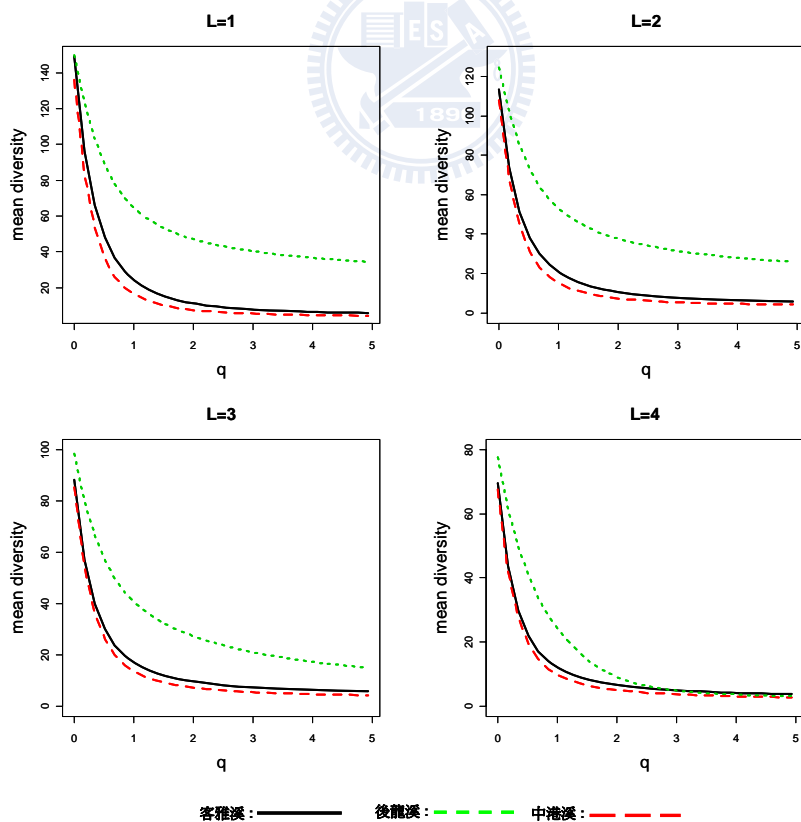


圖 4.3 客雅溪、中港溪和後龍溪河口鳥類族群，在不同層級下，多樣性的分析。

由圖 4.3 結果顯示，對於不同層級多樣性的分析，平均多樣性大致都呈現相同的結論：後龍溪 > 客雅溪 > 中港溪。雖然，中港溪域的集水面積是這三條溪中最大的河川，直覺應該具備最高的鳥類多樣性，然而觀察其出海口附近的自然環境，即不難想像其多樣性較低的原因：自然環境的破壞（垃圾焚化爐和南、北兩岸的垃圾掩埋場）及附近沒有其他濕地可供水鳥棲息、覓食。因此，人為的干擾及天然條件的欠缺，使得中港溪河口的鳥類多樣性最低。對於具有和中港溪相同人為干擾（垃圾掩埋場及焚化爐）的客雅溪，卻具有較高鳥類多樣性，可能原因是具備廣大面積的潮間帶（香山濕地），使得遷徙候鳥選擇在此度冬、休息，因而增加此地的多樣性。而後龍溪因為較無人為的干擾，加上天然條件優厚，雖然其過境水鳥種類不如客雅溪，但確有較多的原生鳥種，同時因為原生鳥種與過境水鳥的演化差異較大，使得後龍溪無論是傳統 Hill 數值指標，或考慮物種差異的分類多樣性指標，都擁有最高的鳥類多樣性。

因為此資料具有個體的資訊，所以應用至估計量的估計上，為了去除優勢物種的影響，及計算的簡便，本文只考慮出現次數小於 2000 的物種。透過各估計量的計算，得到結果如下表：

表 4.5 當  $q=1$  時，各河口鳥類多樣性指標值

	MLE	CBA	JK1	JK2	SH1	SH2	SH3
客雅溪	12.125 (0.240)	12.127 (0.242)	12.130 (0.245)	12.129 (0.247)	12.131 (0.247)	12.128 (0.244)	12.126 (0.253)
中港溪	9.860 (0.359)	9.861 (0.367)	9.866 (0.374)	9.864 (0.379)	9.864 (0.378)	9.862 (0.369)	9.866 (0.383)
後龍溪	24.432 (1.153)	24.515 (1.465)	24.698 (1.424)	24.718 (1.503)	24.946 (1.853)	24.701 (1.545)	24.922 (1.845)

表 4.6 當  $q=2$  時，各河口鳥類多樣性指標值

	MLE	CBA	JK1	JK2	SH1	SH2	SH3
客雅溪	6.572 (0.174)	6.573 (0.175)	6.572 (0.176)	6.573 (0.176)	6.574 (0.177)	6.573 (0.176)	6.573 (0.176)
中港溪	4.971 (0.418)	4.972 (0.419)	4.972 (0.435)	4.972 (0.435)	4.973 (0.457)	4.972 (0.438)	4.972 (0.438)
後龍溪	9.059 (0.228)	9.059 (0.227)	9.072 (0.229)	9.078 (0.229)	9.093 (0.232)	9.076 (0.230)	9.072 (0.230)

經由以上的結果得知，各估計量幾乎都得到一樣的估計值，且都有一致的結果，後龍溪河口的鳥類多樣性最大，其次是客雅溪，中港溪的鳥類多樣性則是這三條溪中最少的。





➤ 實例三：

此筆資料是摘錄於 Pavoine et al. (2009) 的論文，資料內容主要是在 Southern California Bight 地區,收集 rockfish 屬相關魚種的年魚獲資料，包含年份：1980-1986, 1993-1994, 1996, 1998-2007，共 20 筆資料，總計 50 種魚種，其系統演化樹如下：

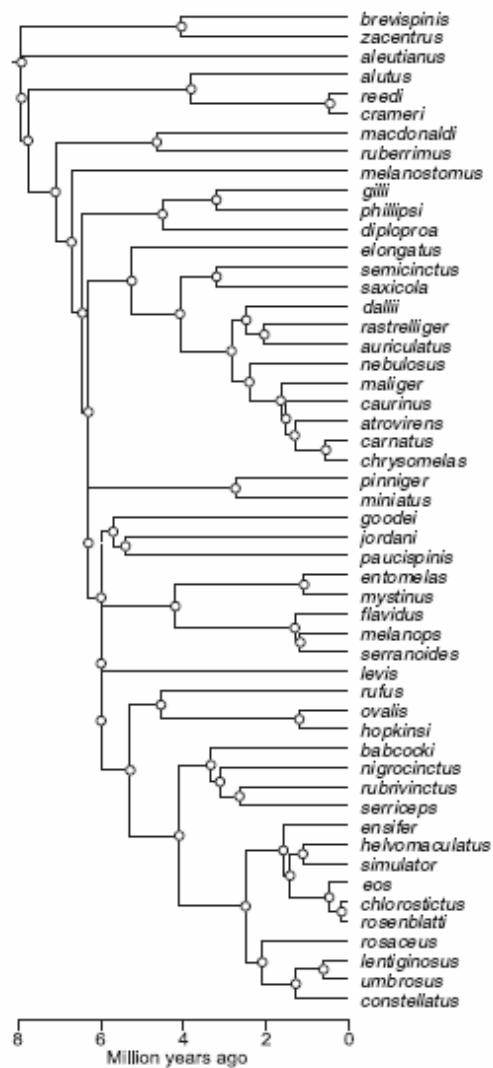


圖 4.4 摘自 Pavoine et al. (2009) 論文中的 Figure 4。

比較各年度 rockfish 魚種 Hill 數值指標和系統演化多樣性指標值，

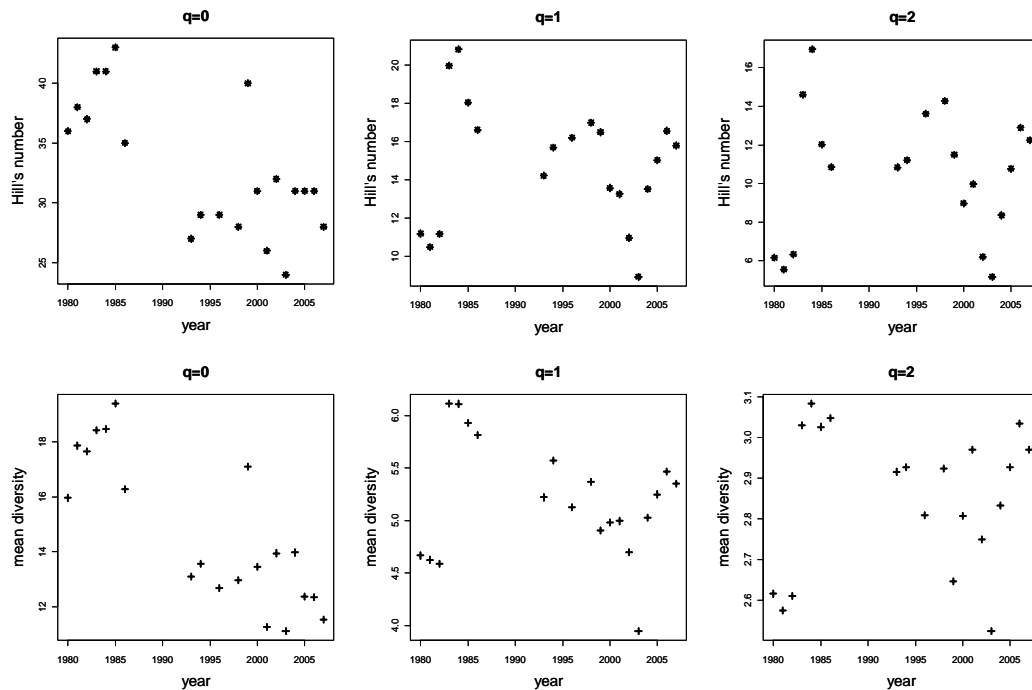


圖 4.5 各年度 rockfish 屬魚種的多樣性。

分析結果顯示，當位階  $q = 0, 1, 2$ ，無論 Hill 數值指標 或系統演化多樣性指標，都顯示從 1983 年到 2003 年，rockfish 族群多樣性有明顯逐年下降的現象。另外，當考慮物種豐富度 ( $q = 1, 2$ )，1980-1982 三個年份的魚類多樣性，在兩種指標都顯示有較低的多樣性，但  $q=0$  時，並無此現象，表示這三年的 rockfish 屬的物種種類仍不少，且是珍貴（與其他魚種差異較大）、稀有物種（相對豐富度較小）。因而造成整個族群較不均勻，而導致當位階  $q=1$  或  $2$  時，多樣性指標值較小。

另外，分析 rockfish 魚種在不同演化時間的多樣性，首先將 20 筆資料歸納為三個年代：

80 年代：1980-1986

90 年代：1993-1994, 1996, 1998-1999

21 世紀：2000-2007

得到，在演化時間為  $0 < T < 10$  百萬年的系統演化多樣性：

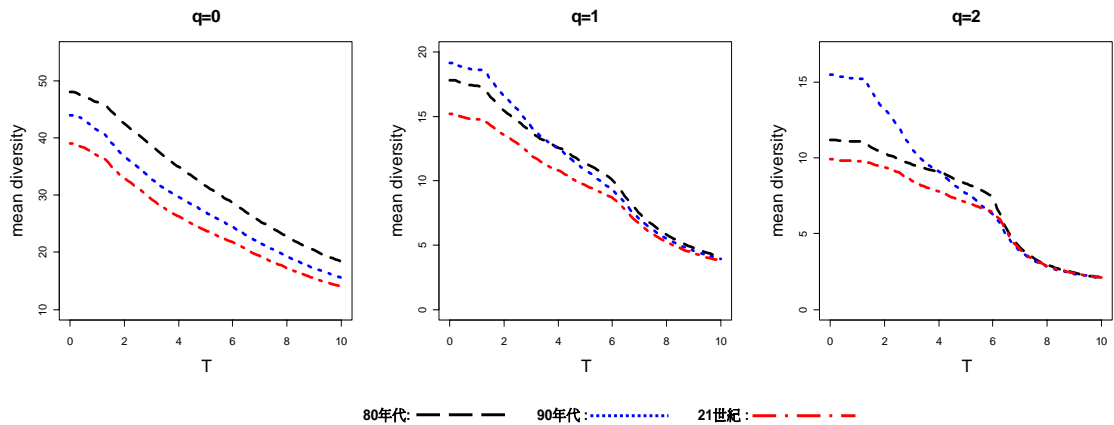


圖 4.6 演化時間在  $0 < T < 10$  百萬年的平均有效物種數。

分析結果顯示，當只考慮物種種類（位階  $q = 0$ ）時，從任何的演化時間來探討，80年代、90年代和21世紀的魚群系統演化多樣性，顯示 rockfish 族群種類，正慢慢隨時間遞減。另外當考慮物種豐富度時（位階  $q = 1, 2$ ），無論以那個演化時間點來看，21世紀 rockfish 族群的系統演化多樣性指標值都是最小的：顯示掠捕的壓力或環境的破壞，造成 rockfish 整個族群的 diversity 正慢慢銳減中。

透過上述三個實例，說明系統演化多樣性指標在實際資料的分析上，除了傳統中性指標的訊息之外，可以提供決策者另一考量的資訊，且系統演化多樣性指標確實可以反應預期的現象。

## 第五章、系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標

如何建立系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標？本文依據的條件是根據以下的描述，

A、 Whittaker ( 1960 ) 的空間概念，將多樣性分成三的層次，Gamma, Alpha 和 Beta 多樣性指標，且定義 Beta 多樣性等於 Gamma 除以 Alpha 多樣性，因此，Beta 多樣性指標具有整體區域中「有效群落數」的意義。

B、 Jost ( 2007 ) 的五項公設 ( 2.2.2 章節 p.14 )，其中最重要的公設為 Alpha 和 Beta 多樣性指標需獨立。

另外，因為考慮物種系統演化樹的訊息，本文將以超度量 ( ultrametric ) 和非超度量 ( non-ultrametric ) 兩種情況，分別做討論。

### 5.1 超度量系統演化樹

超度量系統演化樹即表示，系統演化樹的根部到現存每個物種的距離都一樣。因為區域多樣性和單一群落多樣性的差異，只是空間尺度的大小差異，所以其數學形式應該是一樣的，根據第三章單一群落的討論，得到系統演化 Gamma 多樣性為

$${}^q\bar{D}_\gamma(T) = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$
$$= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 其中}$$

$$B_T \equiv \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\}。$$

根據 Jost (2007) 分解 Gamma 多樣性的方法，可以得到具有獨立性質的 Alpha 多樣性 和 Beta 多樣性。因此，採用相同的分解方法：

當一地區  $N$  個群落完全相異且不同群落的物種間差異達最大時， ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  達最大值。

$$\begin{aligned}
 \text{所以 } {}^q\bar{D}_\gamma(T)_{\text{distinct}} &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\
 &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{T} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{T} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\
 &= {}^q\bar{D}_\alpha(T) \times {}^q\bar{D}_\beta(T)_{\text{max}} \quad (\text{因為 } B_{iT} \cap B_{jT} \text{ 為空集合, } i, j = 1, 2, \dots, N)
 \end{aligned}$$

假設：當每個群落有相同的多樣性為  ${}^q\bar{D}(T)$ ，則這個區域平均群落的多樣性  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  也等於  ${}^q\bar{D}(T)$ 。即當

$$\frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \dots = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \text{SUM1}$$

則  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  等於 SUM1。

因此，在上述的假設下，

$$\begin{aligned}
 {}^q\bar{D}_\gamma(T)_{\text{distinct}} &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{T} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{T} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\
 &= \frac{1}{T} \left\{ w_1^q \times (T \times \text{SUM1})^{1-q} + w_2^q \times (T \times \text{SUM1})^{1-q} + \dots + w_N^q \times (T \times \text{SUM1})^{1-q} \right\}^{1/(1-q)} \\
 &= \text{SUM1} \times {}^q\bar{D}_\beta(T)_{\text{max}}
 \end{aligned}$$

得到  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{\text{max}} = (w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q)^{1/(1-q)}$

因為  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  和  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  需滿足獨立的條件，表示：在各群落完全相異且不同群落的物種間差異達最大時，無論  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  為何，都不會受影響  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  值。因此得到，

$${}^q\bar{D}_\alpha(T) = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T)_{distinct}}{(w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q)^{1/(1-q)}}$$

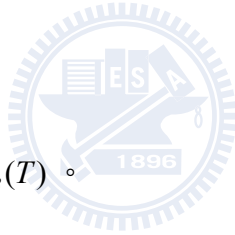
$$= \frac{1}{T} \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)}$$

所以， ${}^q\bar{D}_\beta(T) = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T)}{{}^q\bar{D}_\alpha(T)}$

同時， ${}^qPD_\gamma(T) = T \times {}^q\bar{D}_\gamma(T)$ ，

${}^qPD_\alpha(T) = T \times {}^q\bar{D}_\alpha(T)$ ，

${}^qPD_\beta(T) = \frac{{}^qPD_\gamma(T)}{{}^qPD_\alpha(T)} = {}^q\bar{D}_\beta(T)$ 。



${}^q\bar{D}_\gamma(T)$  解釋為：地區內，在演化時間  $[-T, 0]$  的平均有效物種數。

${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  解釋為：平均群落，在演化時間  $[-T, 0]$  的平均有效物種數。

${}^q\bar{D}_\beta(T)$  解釋為：在演化時間  $[-T, 0]$  的平均有效群落數。

而，傳統林奈分類樹 (taxonomic tree) 是超度量系統演化樹的特例，即以林奈分類為依據，各階層的距離都一樣，生態學家通常定義  $L_i=1, i=1, 2, \dots, \|B_L\|$ 。

則  ${}^q\bar{D}_\gamma(L) = \frac{1}{L} \left\{ \sum_{i \in B_L} \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{L} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$

$${}^q\bar{D}_\alpha(L) = \frac{1}{L} \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1L}} \left(\frac{a_{1i}}{L}\right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2L}} \left(\frac{a_{2i}}{L}\right)^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NL}} \left(\frac{a_{Ni}}{L}\right)^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)}$$

$${}^q\bar{D}_\beta(L) = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(L)}{{}^q\bar{D}_\alpha(L)}$$

同時， ${}^qPD_\gamma(L) = L \times {}^q\bar{D}_\gamma(L)$ ，

$${}^qPD_\alpha(L) = L \times {}^q\bar{D}_\alpha(L)，$$

$${}^qPD_\beta(L) = \frac{{}^qPD_\gamma(L)}{{}^qPD_\alpha(L)} = {}^q\bar{D}_\beta(L)。$$



## 5.2 非超度量系統演化樹

在非超度量的情況下，本文將依“平均有效物種”和“有效支脈長度”兩個角度來做討論。

### 5.2.1 平均有效物種的觀點

在地區(混合群落)的系統演化樹中，給定相同  $T$  (和單群落的定義一致) 的條件

下，則各群落  $\bar{T}_j = \sum_{i \in B_T} L_{ji} \times a_{ji} \quad \forall j=1,2,\dots,N$ ，

所以系統演化 Gamma 多樣性為，

$${}^q\bar{D}_\gamma(T) = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left(\frac{a_i}{T}\right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{w_1 \bar{T}_1 + w_1 \bar{T}_2 + \dots + w_1 \bar{T}_N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 其中}$$

$$B_T \equiv \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\} \text{ 且 } \bar{T} = \sum_{i \in B_T} L_i \times a_i = \sum_{i \in B_T} L_i \times (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}) \\ = w_1 \bar{T}_1 + w_2 \bar{T}_2 + \dots + w_N \bar{T}_N$$

當  $N$  個群落都完全相異且不同群落的物種間差異達最大時，則

$${}^q \bar{D}_\beta(T) \text{ 達最大值。所以 } {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{distinct} = \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ = \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ = {}^q \bar{D}_\alpha(T) \times {}^q \bar{D}_\beta(T)_{\max} \quad (\text{因為 } B_{iT} \cap B_{jT} \text{ 為空集合, } i, j=1, 2, \dots, N)$$

假設：當每個群落有相同的多樣性為  ${}^q \bar{D}(T)$ ，則這個區域平均群落  ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  的多樣性也等於是  ${}^q \bar{D}(T)$ 。

即，當

$$\frac{1}{\bar{T}_1} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}_1} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \frac{1}{\bar{T}_2} \left\{ \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}_2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \dots = \frac{1}{\bar{T}_N} \left\{ \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{\bar{T}_N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = SUM2$$

則  ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  等於  $SUM2$ 。

因此，在上述的假設下，

$${}^q \bar{D}_\gamma(T)_{distinct} = \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ = \frac{1}{\bar{T}} \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1^q}{\bar{T}^q} (\bar{T}_1 \times SUM2)^{1-q} + w_2^q \frac{\bar{T}_2^q}{\bar{T}^q} (\bar{T}_2 \times SUM2)^{1-q} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N^q}{\bar{T}^q} (\bar{T}_N \times SUM2)^{1-q} \right\}^{1/(1-q)}$$



$$= \text{SUM} 2 \times \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1}{\bar{T}} + w_2^q \frac{\bar{T}_2}{\bar{T}} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N}{\bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \text{SUM} 2 \times {}^q \bar{D}_\beta(T)_{\max}$$

$$\text{得到 } {}^q \bar{D}_\beta(T)_{\max} = \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1}{\bar{T}} + w_2^q \frac{\bar{T}_2}{\bar{T}} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N}{\bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

因為  ${}^q \bar{D}_\beta(T)$  和  ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  需滿足獨立的條件，表示：在各群落完全相異且不同群落的物種間差異達最大時，無論  ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  為何，都不會受影響  ${}^q \bar{D}_\beta(T)$  值。因此得到，

$${}^q \bar{D}_\alpha(T) = \frac{{}^q \bar{D}_\gamma(T)_{\text{distinct}}}{(w_1^q \bar{T}_1 / \bar{T} + w_2^q \bar{T}_2 / \bar{T} + \dots + w_N^q \bar{T}_N / \bar{T})^{1/(1-q)}}$$

$$= \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q}{w_1^q \bar{T}_1 / \bar{T} + w_2^q \bar{T}_2 / \bar{T} + \dots + w_N^q \bar{T}_N / \bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} a_{1i}^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} a_{2i}^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} a_{Ni}^q}{w_1^q \bar{T}_1 + w_2^q \bar{T}_2 + \dots + w_N^q \bar{T}_N} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$\text{所以， } {}^q \bar{D}_\beta(T) = \frac{{}^q \bar{D}_\gamma(T)}{{}^q \bar{D}_\alpha(T)}$$

### 5.2.2 有效支脈長度的觀點

在地區的系統演化樹中，給定相同  $T$ （和單群落的定義一致）的條件

下，則  $\bar{T}_j = \sum_{i \in B_j} L_{ji} \times a_{ji} \quad \forall j = 1, 2, \dots, N$ ，所以系統演化 Gamma 多樣性為

$${}^qPD_\gamma(T) = \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{w_1 \bar{T}_1 + w_2 \bar{T}_2 + \dots + w_N \bar{T}_N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 其中}$$

$$B_T \equiv \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\} \text{ 且 } \bar{T} = \sum_{i \in B_T} L_i \times a_i = \sum_{i \in B_T} L_i \times (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni})$$

$$= w_1 \bar{T}_1 + w_2 \bar{T}_2 + \dots + w_N \bar{T}_N$$

當  $N$  個群落都完全相異且不同群落的物種間差異達最大時，

$${}^qPD_\gamma(T)_{distinct} = \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= {}^qPD_\alpha(T) \times {}^qPD_\beta(T)_{\max} \text{ (因為 } B_{iT} \cap B_{jT} \text{ 為空集合, } i, j = 1, 2, \dots,$$

$N$ )

假設：當每個群落有相同的多樣性為  ${}^qPD(T)$ ，則這個區域平均群落的多樣性 ( ${}^qPD_\alpha(T)$ ) 也等於是  ${}^qPD(T)$ 。

$$\text{即, 當 } \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}_1} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \left\{ \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}_2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \dots = \left\{ \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{\bar{T}_N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = SUM3$$

則  ${}^qPD_\alpha(T)$  等於  $SUM3$ 。

因此，在上述的假設下，

$${}^qPD_\gamma(T)_{distinct} = \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{w_1 a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{w_2 a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$\begin{aligned}
&= \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1^q}{\bar{T}^q} (SUM3)^{1-q} + w_2^q \frac{\bar{T}_2^q}{\bar{T}^q} (SUM3)^{1-q} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N^q}{\bar{T}^q} (SUM3)^{1-q} \right\}^{1/(1-q)} \\
&= SUM3 \times \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1^q}{\bar{T}^q} + w_2^q \frac{\bar{T}_2^q}{\bar{T}^q} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N^q}{\bar{T}^q} \right\}^{1/(1-q)} \\
&= SUM3 \times {}^q PD_\beta(T)_{\max}
\end{aligned}$$

$$\text{得到 } {}^q PD_\beta(T)_{\max} = \left\{ w_1^q \frac{\bar{T}_1^q}{\bar{T}^q} + w_2^q \frac{\bar{T}_2^q}{\bar{T}^q} + \dots + w_N^q \frac{\bar{T}_N^q}{\bar{T}^q} \right\}^{1/(1-q)}$$

因為 ${}^q PD_\beta(T)$ 和 ${}^q PD_\alpha(T)$ 需滿足獨立的條件，表示在各群落完全相異且不同群落的物種間差異達最大時，無論 ${}^q PD_\alpha(T)$ 為何，都不會受影響 ${}^q PD_\beta(T)$ 值。因此得到，

$$\begin{aligned}
{}^q PD_\alpha(T) &= \frac{{}^q PD_\gamma(T)_{\text{distinct}}}{(w_1^q \bar{T}_1^q / \bar{T}^q + w_2^q \bar{T}_2^q / \bar{T}^q + \dots + w_N^q \bar{T}_N^q / \bar{T}^q)^{1/(1-q)}} \\
&= \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q}{w_1^q (\bar{T}_1 / \bar{T})^q + w_2^q (\bar{T}_2 / \bar{T})^q + \dots + w_N^q (\bar{T}_N / \bar{T})^q} \right\}^{1/(1-q)} \\
&= \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} a_{1i}^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} a_{2i}^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} a_{Ni}^q}{w_1^q \bar{T}_1^q + w_2^q \bar{T}_2^q + \dots + w_N^q \bar{T}_N^q} \right\}^{1/(1-q)}
\end{aligned}$$

$$\text{所以， } {}^q PD_\beta(T) = \frac{{}^q PD_\gamma(T)}{{}^q PD_\alpha(T)} \neq {}^q \bar{D}_\beta(T)$$

因為根據生態學家直觀的要求，認為 Alpha 多樣性需小於 Gamma 多樣性的條件。因此在此條件下，附錄二的證明可得到以下的結論：

I. 當系統演化樹具有超度量 (ultrametric) 的特性時：

對於有效支脈長度或平均有效物種的觀點都有相同的結論，

A. 群落權重不一時，只有位階  $q = 0$  和 1 滿足。

B. 群落權重一致時，對於任何位階  $q \geq 0$  都滿足。

II. 當系統演化樹為非超度量 (nonultrametric)：

A. 當以有效支脈長度的觀點時，對於任何位階  $q > 0$  都不滿足。

B. 當以平均有效物種的觀點時，其結論和 I 一致。

根據上述的結論，以平均有效物種的觀點，兩種情況可以滿足 Gamma

多樣性大於 Alpha 多樣性的條件：

➤ 當群落等權重時，無論系統演化樹是否具有超度量性質，對於任何位階  $q \geq 0$  都滿足。其數學形式如下，

當群落等權重時，即  $w_1 = w_2 = \dots = w_N = 1/N$ ，則

$$\begin{aligned} {}^q\bar{D}_\gamma(T) &= \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \left\{ \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{\bar{T}} \left( \frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \end{aligned}$$

，其中  $B_T \equiv \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\}$ 。

$$\begin{aligned}
{}^q \bar{D}_\alpha(T) &= \frac{1}{\bar{T}} \left\{ \frac{\sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{\bar{T}} \right)^q}{N} \right\}^{1/(1-q)} \\
&= \left\{ \frac{\sum_{i \in B_{1T}} \frac{L_{1i}}{\bar{T}} (a_{1i})^q + \sum_{i \in B_{2T}} \frac{L_{2i}}{\bar{T}} (a_{2i})^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} \frac{L_{Ni}}{\bar{T}} (a_{Ni})^q}{N} \right\}^{1/(1-q)} \\
{}^q \bar{D}_\beta(T) &= \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N} \right)^q}{\frac{1}{N} \left[ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} a_{1i}^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} a_{2i}^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} a_{Ni}^q \right]} \right\}^{1/(1-q)}
\end{aligned}$$

當群落不等權重時，無論系統演化樹是否具有超度量性質，位階  $q=0$  或  $1$  可以滿足指標條件。其數學形式如下，

$$\begin{aligned}
{}^1 \bar{D}_\gamma(T) &= \frac{1}{\bar{T}} \exp \left[ - \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right) \log \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{\bar{T}} \right) \right] \\
&= \exp \left[ - \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{\bar{T}} a_i \log a_i \right]
\end{aligned}$$

$${}^1 \bar{D}_\alpha(T) = \frac{1}{\bar{T}} \exp \left[ - \sum_{j=1}^N w_j \cdot \sum_{i \in B_{jT}} L_{ji} \cdot \left( \frac{a_{ji}}{\bar{T}} \right) \log \left( \frac{a_{ji}}{\bar{T}} \right) \right]$$

$$= \exp \left[ - \sum_{j=1}^N w_j \cdot \sum_{i \in B_{jT}} \frac{L_{ji}}{\bar{T}} \cdot a_{ji} \log a_{ji} \right]$$

$${}^1 \bar{D}_\beta(T) = \frac{\exp \left[ - \sum_{i \in B_T} L_i \cdot (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}) \log (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}) \right]}{\exp \left[ - \sum_{j=1}^N w_j \cdot \sum_{i \in B_{jT}} L_{ji} a_{ji} \log a_{ji} \right]}$$

### 5.3 系統演化相似和分化指標

因為討論多群落的多樣性時，群落間的差異或分化（Beta 多樣性的相關議題）是主要被探討的議題。何謂“Beta 多樣性”？Wittaker (1960) 解釋為“有效群落數”，其意義等同於，一地區中，完全相異或不可被取代的群落數目。這裡的“完全相異”或“不可取代”的群落是指，群落在該地區的生態多樣性（即維持該地區整個生態穩定的能力）的所佔的生態角色不容被取代。然而，傳統的相似性、重複性或分化指標全都建構在群落間物種組成的差異上（Beta 多樣性），雖然在生態保育或遺傳研究上已經獲得很好的應用。但這些指標沒有考慮物種間的差異，如同忽視了物種的各個演化特徵在生態功能所扮演的角色。因此，考慮物種間差異的資訊，可以讓我們更瞭解群落在整個地區生態系統的分化或相似程度，接下來將透過系統演化 Beta 多樣性指標  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  建構新的系統演化相似度和分化指標。

因為相似性或分化指標，只強調群落間物種的相對組成的差異及物種間的差異，而不需考慮群落的絕對族群量，因此本章節皆接設定各群落為等權重。

#### 5.3.1 系統演化的分化指標

本文將透過四個觀點來建立系統演化分化指標。

A、 透過  ${}^q\bar{D}(T)$  和 異質性 (heterogeneity) 的觀點：

因為 異質性  $\propto$  給定  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  後的  ${}^q\bar{D}_\gamma(T)$

當群落完全相異則  ${}^q\bar{D}_\gamma(T) = N \times {}^q\bar{D}_\alpha(T)$  ；

當群落完全相同則  ${}^q\bar{D}_\gamma(T) = {}^q\bar{D}_\alpha(T)$ ；

所以，分化指標一可以為  $\frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T) - {}^q\bar{D}_\alpha(T)}{N \times {}^q\bar{D}_\alpha(T) - {}^q\bar{D}_\alpha(T)} = \frac{{}^q\bar{D}_\beta(T) - 1}{N - 1}$

B、透過  ${}^q\bar{D}(T)$  和 均質性 (homogeneity) 的觀點：

因為 均質性  $\propto$  給定  ${}^q\bar{D}_\gamma(T)$  後的  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$ 。

當群落完全均質時，則  ${}^q\bar{D}_\alpha(T) = {}^q\bar{D}_\gamma(T)$ 。

當群落完全不均質時，則  ${}^q\bar{D}_\alpha(T) = {}^q\bar{D}_\gamma(T) / N$ 。

得到均質性指標 =  $\frac{{}^q\bar{D}_\alpha(T) - {}^q\bar{D}_\gamma(T) / N}{{}^q\bar{D}_\gamma(T) - {}^q\bar{D}_\gamma(T) / N} = \frac{1 - 1/N}{{}^q\bar{D}_\beta(T) - 1/N}$

所以，分化指標二可以為 1-均質性指標 =  $\frac{1 - 1/N}{{}^q\bar{D}_\beta(T) - 1/N}$



另外，因為系統演化多樣性指標 ( ${}^q\bar{D}(T)$ ) 為  ${}^q\lambda(T) = \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q$  的“物種距離為 T 有效物種數”函數，所以也可以透過  ${}^q\lambda(T)$  來建構指標，

C、透過  ${}^q\lambda(T)$  和 異質性 (heterogeneity) 的觀點：

$${}^q\lambda_\gamma(T) = \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q, \quad ,$$

$${}^q\lambda_\alpha(T) = \frac{1}{N} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}$$

當群落完全相異時，異質性達最大，則

$${}^q\lambda_\gamma(T) = \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q = \sum_{i \in B_T} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{NT} \right)^q + \sum_{i \in B_T} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{NT} \right)^q + \dots + \sum_{i \in B_T} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{NT} \right)^q$$

$$\begin{aligned}
&= N^{1-q} \times \frac{1}{N} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + \sum_{i \in B_T} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q + \cdots + \sum_{i \in B_T} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q \right\} \\
&= N^{1-q} \times {}^q\lambda_\alpha(T)
\end{aligned}$$

當群落完全相同時，有最小異質性，則

$$\begin{aligned}
{}^q\lambda_\gamma(T) &= \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q = \sum_{i \in B_T} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q = \sum_{i \in B_T} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q = \cdots = \sum_{i \in B_T} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q \\
&= \frac{1}{N} \left\{ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q + \cdots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q \right\} \\
&= {}^q\lambda_\alpha(T)
\end{aligned}$$

所以，分化指標三可以為  $\frac{{}^q\lambda_\gamma(T) - {}^q\lambda_\alpha(T)}{{}^q\lambda_\alpha(T)N^{1-q} - {}^q\lambda_\alpha(T)} = \frac{{}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - 1}{N^{1-q} - 1}$

D、透過  ${}^q\lambda_\gamma(T)$  和 均質性 (homogeneity) 的觀點：

因為，當群落完全均質時，則  ${}^q\lambda_\alpha(T) = {}^q\lambda_\gamma(T)$ 。

當群落完全不均質時，則  ${}^q\lambda_\alpha(T) = {}^q\lambda_\gamma(T) / N^{1-q}$ 。

得到另一均質性指標  $= \frac{{}^q\lambda_\alpha(T) - {}^q\lambda_\gamma(T) / N^{1-q}}{{}^q\lambda_\gamma(T) - {}^q\lambda_\gamma(T) / N^{1-q}} = \frac{1 / {}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - (1/N)^{1-q}}{1 - (1/N)^{1-q}}$

所以，分化指標四可以為  $1 - \frac{1 / {}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - (1/N)^{1-q}}{1 - (1/N)^{1-q}} = \frac{1 - 1 / {}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{1 - (1/N)^{1-q}}$



### 5.3.2 系統演化的相似性指標

透過四個觀點，採用上述相同的推導方法，得到系統演化相似指標。

- ✓ 透過  ${}^q\bar{D}(T)$  和異質性 (heterogeneity) 的觀點，得到

$$\text{相似性指標一} \propto 1 - \text{異質性指標} = \frac{N - {}^q\bar{D}_\beta(T)}{N - 1}$$

- ✓ 透過  ${}^q\bar{D}(T)$  和均質性 (homogeneity) 的觀點，得到

$$\text{相似性指標二} \propto \text{均質性指標} = \frac{1/{}^q\bar{D}_\beta(T) - 1/N}{1 - 1/N}$$

- ✓ 透過  ${}^q\lambda$  和異質性 (heterogeneity) 的觀點，得到

$$\text{相似性指標三為} \frac{N^{1-q} - {}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q} - 1}$$

- ✓ 透過  ${}^q\lambda(T)$  和均質性 (homogeneity) 的觀點，得到

$$\text{相似性指標四為} \frac{1/{}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - (1/N)^{1-q}}{1 - (1/N)^{1-q}}$$

總結上述的討論，經由四種觀點的推導，得到四種相似性指標

(phylogenetic similarity index; PSI) 和四種分化性指標 (phylogenetic differentiation index; PDI)。但，在這些指標中何者較佳？因為，一地區各群落間的分化 (differentiation) 或相似 (similarity) 都是抽象的概念。如，差異 (difference)、變化 (variation)、異質 (heterogeneity)、轉變 (turnover) 都包含分化 (differentiation) 的概念。而重複 (overlap)、均質 (homogeneity) 則是屬於相似 (similarity) 的概念。因此，上述的指標都是描述群落間分化或相似的不同面向。所以，不同指標的應用，可以幫助我們瞭解群落間不同的生態現象。

如：假設兩個群落，各有五個物種且其遺傳差異都是 T，其中有兩個物種

是共同種，則各相似度指標值如表 5.1。

表 5.1 各相似性指標值

系統演化的相似性指標				
Order $q$	$\frac{N^{-q}\bar{D}_\beta(T)}{N-1}$	$\frac{1/\bar{D}_\beta(T)-1/N}{1-1/N}$	$\frac{N^{1-q}-\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q}-1}$	$\frac{1/\bar{D}_\beta(T)^{1-q}-(1/N)^{1-q}}{1-(1/N)^{1-q}}$
$q=0$	0.4	0.25	0.4	0.25
$q=1$	0.484	0.32	0.4	0.4
$q=2$	0.571	0.4	0.4	0.571

在這例子中，因為兩群落的物種差異和其豐富度都一樣，其中每個群落有 2/5 的物種是共同種，所以重複（overlap）指數應為 0.4。

因此，根據表 5.1 的結果，相似指標  $\frac{N^{1-q}-\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q}-1}$  可視為系統演化重複指標（phylogenetic overlap index; POI）。



### 5.3.3 與傳統分化、相似指標的關係

$$\text{因為 } {}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N} \right)^q}{\frac{1}{N} \left[ \sum_{i \in B_{1T}} L_i a_{1i}^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_i a_{2i}^q + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_i a_{Ni}^q \right]} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$\text{當 } T=0^+ \quad {}^q\bar{D}_\beta(T) = {}^qD_\beta,$$

所以，系統演化的相似度指標和傳統相似指標的關係如表 5.2。

表 5.2 系統演化相似度指標和傳統相似指標的關係

系統演化相似性指標 (PSI)				
	$\frac{N^{-q}\bar{D}_\beta(T)}{N-1}$	$\frac{1/\bar{D}_\beta(T)-1/N}{1-1/N}$	$\frac{N^{1-q}-\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q}-1}$	$\frac{1/\bar{D}_\beta(T)^{1-q}-(1/N)^{1-q}}{1-(1/N)^{1-q}}$
$T=0^+$	$\frac{N^{-q}D_\beta}{N-1}$ (1-Turnover_rate)	$\frac{1/\bar{D}_\beta-1/N}{1-1/N}$ (Similarity)	$\frac{N^{1-q}-(D_\beta)^{1-q}}{N^{1-q}-1}$ (Overlap)	$\frac{(1/\bar{D}_\beta)^{1-q}-(1/N)^{1-q}}{1-(1/N)^{1-q}}$
$T=0^+$ $q=0$	Sorenson index	Jaccard index	Sorenson index	Jaccard index

系統演化異質性指標和傳統異質性指標的關係如表 5.3。

表 5.3 系統演化異質性指標和傳統異值性指標的關係

系統演化的分化指標 (PDI)				
	$\frac{{}^q\bar{D}_\beta(T)-1}{N-1}$	$\frac{1-1/{}^q\bar{D}_\beta(T)}{N-1}$	$\frac{{}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q}-1}{N^{1-q}-1}$	$\frac{1-1/({}^q\bar{D}_\beta(T))^{1-q}}{1-(1/N)^{1-q}}$
$T=0^+$	$\frac{{}^qD_\beta-1}{N-1}$ (Turnover_rate)	$\frac{1-1/{}^qD_\beta}{1-1/N}$ (1-Similarity)	$\frac{({}^qD_\beta)^{1-q}-1}{N^{1-q}-1}$ (1-Overlap)	$\frac{1-(1/{}^qD_\beta)^{1-q}}{1-(1/N)^{1-q}}$
$T=0^+$ $q=0$	1-Sorenson index	1-Jaccard index	1-Sorenson index	1-Jaccard index

另外，其他特例的介紹如下，

- 當  $q=0$ ， ${}^0\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i}{\frac{1}{N} [\sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni}]} \right\}$

當群落數為 2 時，

$$\frac{1/{}^0\bar{D}_\beta(T)-1/N}{1-1/N} = \frac{\sum_{i \in \{B_{1T} \cap B_{2T}\}} L_i}{\sum_{i \in B_T} L_i} \quad (\text{略似 Jaccard 指標})$$

$$\frac{N^{-q}\bar{D}_\beta(T)}{N-1} = \frac{\sum_{i \in \{B_{1T} \cap B_{2T}\}} L_i}{\frac{1}{2} \left( \sum_{i \in B_{1T}} L_i + \sum_{i \in B_{2T}} L_i \right)} \quad (\text{略似 Sorenson 指標})$$

當系統演化樹為分類樹時，則

$$\frac{1/q\bar{D}_\beta(L) - 1/N}{1 - 1/N} = \frac{\text{number of shared nodes}}{\text{number of nodes in pooled community}}$$

(Ricotta 2007)

- 當  $q=1$ ，

$${}^1\bar{D}_\beta(T) = \frac{\exp\left[-\sum_{i \in B_T} L_i \left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right)\right] \log\left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right)}{\exp\left[-\frac{1}{N} \left(\sum_{i \in B_{1T}} L_i a_{1i} \log a_{1i} + \sum_{i \in B_{2T}} L_i a_{2i} \log a_{2i} + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_i a_{Ni} \log a_{Ni}\right)\right]}$$

$$\text{且 } T=0^+ \text{ 時， } \frac{N^{1-q} - q\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q} - 1} = \frac{\ln N - \ln D_\beta}{\ln N} \quad (\text{Horn index})$$

所以，定義 phylogenetic Horn index ( PHI ) 為  $\frac{\ln N - \ln {}^1\bar{D}_\beta}{\ln N}$ 。

- 當  $q=2$ ， ${}^2\bar{D}_\beta(T) = \frac{\frac{1}{N} \left[ \sum_{i \in B_{1T}} L_i a_{1i}^2 + \sum_{i \in B_{2T}} L_i a_{2i}^2 + \dots + \sum_{i \in B_{NT}} L_i a_{Ni}^2 \right]}{\sum_{i \in B_T} L_i \left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right)^2}$

$$= \frac{T / (T - QD)}{T / [T - (QD_1 + QD_2 + \dots + QD_N) / N]}$$

$$\text{且 } T=0^+ \text{ 時， } \frac{N^{1-q} - q\bar{D}_\beta(T)^{1-q}}{N^{1-q} - 1} = \frac{1/N - 1/{}^2\bar{D}_\beta(T)}{1/N - 1}$$

$$= \frac{1/N - 1/{}^2D_\beta}{1/N - 1} \equiv C_{2N} \quad (\text{Chao et al. 2008})$$

當群落數為 2 時， $\frac{1/N - 1/2D_{\beta}}{1/N - 1} \equiv \text{Morisita index}$

所以，定義 Phylogenetic Overlap index ( POI ) 為： $\frac{N^{1-q} - q\overline{D}_{\beta}(T)^{1-q}}{N^{1-q} - 1}$

#### 5.4 改進 $N_{ST}$ 指標的缺點

之前，考慮物種差異和豐富度的分化指標，應用最廣最廣泛的是 Nei (1982) 提出的  $N_{ST}$  (Coefficient of Nucleotide Differentiation)，這是根據  $G_{ST}$  的理論背景得到。 $G_{ST}$  的定義為： $(H_T - H_S) / H_T$ ，其中  $H_T$  是合併群落的 Gini-Simpson 指標值， $H_S$  是平均群落的 Gini-Simpson 指標值。

當考慮物種間差異時，Rao's  $QE$  是 Gini-Simpson 考慮物種差異的推廣指標。Nei 根據  $G_{ST}$  的定義，定義  $N_{ST}$  為： $(QE_T - QE_S) / QE_T$ ，其中  $QE_T$  是合併群落的  $QE$  值， $QE_S$  是平均群落的  $QE$  值。然而，傳統  $G_{ST}$  應用在群落分化的研究已經受到很大的質疑 (Jost 2008)，其主要原因是  $G_{ST}$  會受  $H_S$  的影響，當  $H_S$  很大時，無論群落的差異為何， $G_{ST}$  都會趨近於 0，所以  $G_{ST}$  並不能客觀衡量群落間的分化程度。當考慮物種差異時，以  $G_{ST}$  為基礎的  $N_{ST}$  指標，仍無法客觀解釋群落分化程度。舉例說明：Case1：假設有兩群落分別有 500 個物種，其物種差異都是 7 且豐富度都一樣，當兩群落沒有共同種，因此直觀上會認為兩群落的分化程度應該達最大。Case2：假設有兩群落分別有 10 個物種，其物種差異都是 7 且豐富度都一樣，當兩群落有共同種 9 種，表示每一群落中，只有一物種是特有種，因此直觀上會認為兩群落的分化程度應該很小。然而 Case1 中， $N_{ST}$  值為 ( 6.993-6.986 )

$/6.993=0.001$ ，數值顯示兩群落幾乎完全一樣沒有分化。Case2 的  $N_{ST}$  值為  $(6.335-6.3)/6.335=0.0055$ 。若以  $N_{ST}$  值為分析群落分化的依據，則會認為 Case2 的群落分化程度大於 Case1 的群落分化程度，然而此結論卻和實際情況嚴重違背。這是因為  $N_{ST}$  和  $G_{ST}$  有相同的問題，即  $N_{ST}$  值會受  $QE_S$  (平均群落的  $QE$  值) 影響，當  $QE_S$  很大時，無論群落的分化程度如何， $QE_S$  都會很接近  $QE_T$ ，因而得到很小的  $N_{ST}$  值，導致  $N_{ST}$  嚴重低估群落的分化程度(如 Case1)。Jost (2008) 提出修正  $G_{ST}$  的指標，即  $D = G_{ST}/\max(G_{ST})$ ，得到  $D = (1-1/2\bar{D}_\beta)/(1-1/N)$ 。本文根據 Jost 的概念得到  $N_{ST}$  的修正式： $N_{ST}/\max(N_{ST})$ ，此修正式等同於  $[N/(N-1)] \times [(QE_T - QE_S)/(T - QE_S)] = (1-1/2\bar{D}_\beta(T))/(1-1/N)$ 。因此，得到 Case1 的  $N_{ST}/\max(N_{ST}) = 2(6.993-6.986)/(7-6.986) = 1$ ，表示群落完全分化。Case2： $N_{ST}/\max(N_{ST}) = 2(6.335-6.3)/(7-6.3) = 0.1$ ，表示群落幾乎沒有分化，且指標值明確說明兩群落的分化情形：因為在每個群落中，10 物種中有 1 物種是特有種，因此有 1/10 的分化程度。所以， $N_{ST}/\max(N_{ST})$  的結果較符合實際群落的分化情況，這是因為群落分化(異質性)的大小決定  $2\bar{D}_\beta(T)$  值的大小，而  $2\bar{D}_\beta(T)$  的值不會受平均群落多樣性  $2\bar{D}_\alpha(T)$  (Alpha 多樣性) 的影響。因此， $N_{ST}/\max(N_{ST}) = (1-1/2\bar{D}_\beta(T))/(1-1/N)$  能客觀地反應群落分化的真實情形。當對於任何位階  $q$ ，透過 Jost 的修正方法，可得到系統演化分化指標 (Phylogenetic Differentiation Index, PDI) 為  $[{}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - 1]/[N^{1-q} - 1]$  (附錄三)，等同於之前定義的 1-POI 指標 (Phylogenetic Overlap Index)。

## 第六章、系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標的估計

本章節將針對群落數為二，群落為等權重，且系統演化樹為超度量 (ultrametric) 的情況下來進行估計。而多群落多樣性指標的估計，亦可透過相同的估計方法進行估計。

### 6.1 符號定義

$n_i$  第  $i$  群落的樣本個體數， $i=1,2,\dots,N$ 。

$S_{obs}$  混合樣本中出現的物種數。

$D_j$  混合樣本中，系統演化樹第  $j$  層級出現的節點數。

$S_{obs\_k}$  第  $k$  群落在樣本中出現的物種數， $k=1, 2, \dots, N$ 。

$D_{j\_k}$  系統演化樹第  $j$  層級中，第  $k$  群落在樣本中出現的節點數。

$X_i$  混合樣本中，物種  $i$  被觀察到的次數， $i=1, 2, \dots, S$ 。

$X_{ki}$  第  $k$  群落的樣本中，物種  $i$  被觀察到的次數， $i=1, 2, \dots, S$ ， $k=1, 2, \dots, N$ 。

$\hat{a}_{ki} = X_{ki} / n_k$  第  $k$  群落，第  $i$  物種在樣本中出現的比率， $i=1, 2, \dots, S$ ， $k=1, 2, \dots, N$ 。

$X_{j\_ki}$  系統演化樹第  $j$  層級，第  $k$  群落的樣本中，物種  $i$  被觀察到的次數， $j=1, 2, \dots, L$ ， $k=1, 2, \dots, N$ ， $i=1, 2, \dots, N_j$ 。

$\hat{a}_{j\_ki}$   $X_{j\_ki} / n_k$ ，系統演化樹第  $j$  層級，第  $k$  群落的第  $i$  物種在樣本中出現的比率， $j=1, 2, \dots, L$ ， $k=1, 2, \dots, N$ ， $i=1, 2, \dots, N_j$ 。

$X_{j\_i}$  系統演化樹第  $j$  層級，在混合樣本中，物種  $i$  被觀察到的次數， $j=1,$

$2, \dots, L, k=1, 2, \dots, N, i=1, 2, \dots, N_j$ 。

$\hat{a}_{j_i} = w_1 \hat{a}_{j_{-1i}} + w_2 \hat{a}_{j_{-2i}} + \dots + w_N \hat{a}_{j_{-Ni}}$  系統演化樹第  $j$  層級，在混合樣本

中，第  $i$  物種的最大概似估計量， $j=1, 2, \dots, L, i=1, 2, \dots, N_j$ 。

$C_k$  第  $k$  群落的樣本涵蓋率 (sample coverage)，

$$C_k = \sum_{i=1}^s P_{ki} \times I(X_{ki} > 0)。$$

$f_i^{(k)}$  第  $k$  群落的樣本中，出現  $i$  次的物種數， $k=1, 2, \dots, N, i=1, 2, \dots, n$ 。

$\hat{C}_k = 1 - f_1^{(k)} / n_k$  第  $k$  群落的樣本涵蓋率 (sample coverage) 的估計量。

$$\hat{f}_0^{(k)} = \begin{cases} (f_1^{(k)})^2 / (2 \times f_2^{(k)}) & \text{if } f_2^{(k)} > 0 \\ f_1^{(k)}(f_1^{(k)} - 1) / 2 & \text{if } f_2^{(k)} = 0 \end{cases} \quad \text{Chao (1984) 提出的第 } k \text{ 群落未看到物}$$

種數的下界估計式， $k=1, 2, \dots, N$ 。

$C_{j_k}$  第  $k$  群落，系統演化樹第  $j$  層級的樣本涵蓋率 (sample coverage)，

$$C_{j_k} = \sum_{i \in j \text{th Segment}} a_{j_{ki}} \times I(X_{j_{ki}} > 0)。$$

$f_{j_i}^{(k)}$  系統演化樹第  $j$  層級，第  $k$  群落的樣本中，出現  $i$  次的節點數， $j=1, 2, \dots, L, k=1, 2, \dots, N, i=1, 2, \dots, n_k$ 。

$\hat{C}_{j_k} = 1 - f_{j_1}^{(k)} / n_k$  系統演化樹第  $j$  層級，第  $k$  群落的樣本涵蓋率估計式。

$$\hat{f}_{j_0}^{(k)} = \begin{cases} (f_{j_1}^{(k)})^2 / (2 \times f_{j_2}^{(k)}) & \text{if } f_{j_2}^{(k)} > 0 \\ f_{j_1}^{(k)}(f_{j_1}^{(k)} - 1) / 2 & \text{if } f_{j_2}^{(k)} = 0 \end{cases} \quad \text{系統演化樹第 } j \text{ 層級，第 } k \text{ 群落未出}$$

現節點的下界估計式， $j=1, 2, \dots, L, k=1, 2, \dots, N$ 。

$C_{combined}$  混合群落的樣本涵蓋率。

$$C_{combined} = \sum_{i=1}^S (w_1 p_{1i} + \dots + w_N p_{Ni}) I(\sum_{k=1}^N X_{ki} > 0)。$$



$\hat{C}_{combined} = 1 - w_1(f_{10}/n_1) - w_2(f_{01}/n_2)$  兩混合群落的樣本涵蓋率的估計量，其中  $f_{10}$  為只在樣本 1 出現一次的物種數， $f_{01}$  為只在樣本 2 出現一次的物種數。

$C_{j\_combined}$  系統演化樹第  $j$  層級，混合群落的樣本涵蓋率。

$$C_{j\_combined} = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} (w_1 a_{j\_1i} + \dots + w_N a_{j\_Ni}) I(\sum_{k=1}^N X_{j\_ki} > 0)。$$

$\hat{C}_{j\_combined} = 1 - w_1(f_{j\_10}/n_1) - w_2(f_{j\_01}/n_2)$  系統演化樹第  $j$  層級，兩混合群落的樣本涵蓋率的估計量。其中  $f_{j\_10}$  為系統演化樹第  $j$  層級，只在樣本 1 出現一次的節點數， $f_{j\_01}$  為系統演化樹第  $j$  層級，只在樣本 2 出現一次的節點數。

$f_{00}$  兩個樣本下，樣本 1、2 皆未觀察到的共同種，即

$$f_{00} = \sum_{i=1}^{S_{12}} I(X_{1i} > 0, X_{2i} > 0)。$$

$f_{+i}$  兩個樣本下，出現在樣本 1 且在樣本 2 中出現  $i$  次的共同種，

$$\text{即 } f_{+i} = \sum_{m=1}^{S_{12}} I(X_{1m} > 0, X_{2m} = i), j = 1, 2, \dots, n_2。$$

$f_{i+}$  兩個樣本下，出現在樣本 2 且在樣本 1 中出現  $i$  次的共同種，即

$$f_{i+} = \sum_{k=1}^{S_{12}} I(X_{k1} = i, X_{k2} > 0), j = 1, 2, \dots, n_1。$$

$f_{0\_combined}$  兩個樣本下，混合樣本中未出現的物種數，即

$$f_{0\_combined} = f_0^{(1)} + f_0^{(2)} - (f_{00} + f_{0+} + f_{+0})$$

$f_{j\_00}$  兩個樣本下，系統演化樹第  $j$  層級中，樣本 1、2 皆未觀察到的

$$\text{共同節點數，即 } f_{j\_00} = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} I(X_{j1i} > 0, X_{j2i} > 0)。$$

$f_{j\_+m}$  兩個樣本下，系統演化樹第  $j$  層級中，出現在樣本 1 且在樣本 2

$$\text{中出現 } m \text{ 次的共同節點數，即 } f_{j\_+m} = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} I(X_{j1i} > 0, X_{j2i} = m)，$$

$$m = 1, 2, \dots, n_2 \circ$$

$f_{j\_m+}$  兩個樣本下，系統演化樹第  $j$  層級中，出現在樣本 1 且在樣本 2

中出現  $m$  次的共同節點數，即  $f_{j\_m+} = \sum_{i \in j\text{th Segment}} I(X_{j1i} = m, X_{j2i} > 0)$ ，

$$m = 1, 2, \dots, n_1 \circ$$

$f_{j0\_combined}$  兩個樣本下，系統演化樹第  $j$  層級中，混合樣本中未出現的節

點數，即  $f_{j0\_combined} = f_{j\_0}^{(1)} + f_{j\_0}^{(2)} - (f_{j\_00} + f_{j\_0+} + f_{j\_+0})$ 。

$$\hat{f}_{j0\_combined} = \frac{[f_1^{(1)}]^2}{2f_2^{(1)}} + \frac{[f_1^{(2)}]^2}{2f_2^{(2)}} - \left( \frac{f_{+1}^2}{2f_{+2}} + \frac{f_{1+}^2}{2f_{2+}} + \frac{f_{11}f_{1+}f_{+1}}{4f_{+2}f_{2+}} \right) : \text{兩群落混合之下，未}$$

出現的物種數估計量 (Chao et al. 2006)。

$$\hat{f}_{j0\_combined} = \frac{[f_{j-1}^{(1)}]^2}{2f_{j-2}^{(1)}} + \frac{[f_{j-1}^{(2)}]^2}{2f_{j-2}^{(2)}} - \left( \frac{(f_{j-+1})^2}{2f_{j-+2}} + \frac{(f_{j-1+})^2}{2f_{j-2+}} + \frac{f_{j-11}f_{j-1+}f_{j-+1}}{4f_{j-+2}f_{j-2+}} \right) \text{兩群落混合}$$

之下，系統演化樹第  $j$  層級中，未出現的節點數估計量。

## 6.2 抽樣方法與模型架構

當系統演化樹具有超度量 (ultrametric) 性質時，因為

$$\begin{aligned} {}^q\bar{D}_\gamma(T) &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \left\{ \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{T} (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i} + \dots + w_N a_{Ni})^q \right\}^{1/(1-q)} \end{aligned}$$

當群落等權重時，

$${}^q\bar{D}_\gamma(T) = \left\{ \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{T} \left( \frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 其中 } B_T \equiv \{B_{1T} \cup B_{2T} \cup \dots \cup B_{NT}\}。$$

可以將系統演化 Gamma 多樣性  ${}^q\bar{D}_\gamma(T)$  視為  $T$  個虛擬地區的平均多樣性。

因此，假設群落有  $L$  個層級，其中，第  $i$  層級的高度為  $T_i$ ， $i=1, 2, \dots, L$ ，

且  $\sum_{i=1}^L T_i = T$ 。其中，

第一層級有  $N_1$  個節點，其相對豐富度為： $\{p_1, p_2, \dots, p_{N1}\}$  其中，

$$\sum_i p_i = \sum_{i \in 1st \text{ Segment}} (w_1 a_{1\_1i} + w_2 a_{1\_2i} + \dots + w_N a_{1\_Ni}) = 1。$$

第二層級有  $N_2$  個節點，其相對豐富度為： $\{g_1, g_2, \dots, g_{N2}\}$  其中，

$$\sum_i g_i = \sum_{i \in 2nd \text{ Segment}} (w_1 a_{2\_1i} + w_2 a_{2\_2i} + \dots + w_N a_{2\_Ni}) = 1。$$

...

第  $L$  層級有  $N_L$  個節點，其相對豐富度為： $\{k_1, k_2, \dots, k_{NL}\}$  其中，

$$\sum_i k_i = \sum_{i \in Lth \text{ Segment}} (w_1 a_{L\_1i} + w_2 a_{L\_2i} + \dots + w_N a_{L\_Ni}) = 1。$$

$$\text{因此， } {}^q\bar{D}_\gamma(T) = \frac{1}{T} \left\{ \sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_i}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} = \left\{ \sum_{i \in B_T} \frac{L_i}{T} \left( \frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \left( \frac{T_1}{T} \sum_i p_i^q + \frac{T_2}{T} \sum_i g_i^q + \dots + \frac{T_L}{T} \sum_i k_i^q \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

$$= \left\{ \frac{T_1}{T} \sum_{i \in 1st \text{ Segment}} (w_1 a_{1\_1i} + w_2 a_{1\_2i} + \dots + w_N a_{1\_Ni})^q + \frac{T_2}{T} \sum_{i \in 2nd \text{ Segment}} (w_1 a_{2\_1i} + w_2 a_{2\_2i} + \dots + w_N a_{2\_Ni})^q + \dots + \frac{T_L}{T} \sum_{i \in Lth \text{ Segment}} (w_1 a_{L\_1i} + w_2 a_{L\_2i} + \dots + w_N a_{L\_Ni})^q \right\}^{1/(1-q)}$$

令  $\sum_{i \in j\text{th Segment}} (w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i} + \dots + w_N a_{j-Ni})^q = \theta_j(q) \quad j=1,2,\dots,L$ 。得到

$${}^q \bar{D}_\gamma(T) = \left( \frac{T_1}{T} \theta_1(q) + \frac{T_2}{T} \theta_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \theta_L(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

$\theta_j(q)$  可以視為第  $j$  層級，區域中  $N$  個群落的 Gamma 多樣性，因此， ${}^q \bar{D}_\gamma(T)$  等同於對各個層級的 Gamma 多樣性的平均。

$$\begin{aligned} {}^q \bar{D}_\alpha(T) &= \frac{1}{T} \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} L_{Ni} \left( \frac{a_{Ni}}{T} \right)^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \left\{ \frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} \frac{L_{1i}}{T} (a_{1i})^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} \frac{L_{2i}}{T} (a_{2i})^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in B_{NT}} \frac{L_{Ni}}{T} (a_{Ni})^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)} \\ &= \left\{ \frac{\frac{T_1}{T} \sum_{i \in 1\text{st Segment}} \left( \frac{w_1^q a_{1-1i}^q + w_2^q a_{1-2i}^q + \dots + w_N^q a_{1-Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right) + \frac{T_2}{T} \sum_{i \in 2\text{nd Segment}} \left( \frac{w_1^q a_{2-1i}^q + w_2^q a_{2-2i}^q + \dots + w_N^q a_{2-Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right) + \dots + \frac{T_L}{T} \sum_{i \in L\text{th Segment}} \left( \frac{w_1^q a_{L-1i}^q + w_2^q a_{L-2i}^q + \dots + w_N^q a_{L-Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right)}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right\}^{1/(1-q)} \end{aligned}$$

令  $\sum_{i \in j\text{th Segment}} a_{j-ki}^q = \theta_{j-k}(q) \quad k=1, 2, \dots, N, \quad j=1, 2, \dots, L$ 。

因此，

$$\sum_{i \in j\text{th Segment}} \left( \frac{w_1^q a_{j-1i}^q + w_2^q a_{j-2i}^q + \dots + w_N^q a_{j-Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right) = \left( \frac{w_1^q \theta_{j-1}(q) + w_2^q \theta_{j-2}(q) + \dots + w_N^q \theta_{j-N}(q)}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right) = \bar{\theta}_j(q)$$

其中， $\bar{\theta}_j(q)$  可解釋為第  $j$  層級，群落的 Alpha 多樣性，而該層級有  $T_j$  個

虛擬地區，整個地區共有  $T$  個虛擬地區。所以  ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  即對各個虛擬地區

Alpha 多樣性的平均。得到

$${}^q\bar{D}_\alpha(T) = \left\{ \frac{T_1 \times \bar{\theta}_1(q) + T_2 \times \bar{\theta}_2(q) + \dots + T_N \times \bar{\theta}_N(q)}{T} \right\}^{1/(1-q)}$$

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T)}{{}^q\bar{D}_\alpha(T)} = \left( \frac{T \times \theta_1(q) + T_2 \times \theta_2(q) + \dots + T_L \times \theta_L(q)}{T_1 \times \bar{\theta}_1(q) + T_2 \times \bar{\theta}_2(q) + \dots + T_N \times \bar{\theta}_N(q)} \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

假設採用簡單隨機抽樣，在抽樣前先固定第  $i$  群落的樣本抽樣數  $n_i$ ， $i = 1, 2, \dots, N$ ，而後針對該群落以取後放回 (Sampling With Replacement) 方式收集樣本，假設群落中每個個體被抽取的機率都是一樣，且每一抽樣行為彼此互不影響。如此各層級中，各節點所觀察到的個體數，皆為一多項分配 (Multinomial distribution)，即

第  $j$  分層中第  $k$  群落的樣本：

$$\left( X_{j\_k1}, X_{j\_k2}, \dots, X_{j\_kN_j} \right) \sim \text{Multinomial}(n_i, a_{j\_k1}, a_{j\_k2}, \dots, a_{j\_kN_j})$$

$$, \sum_{i=1}^{N_j} a_{j\_ki} = 1, j=1, 2, \dots, L, k=1, 2, \dots, N。$$

雖然，多群落的系統演化多樣性指標為新指標族，但可以視為多個地區的平均多樣性，因此估計的策略可以利用各個層級，多群落的 Gamma 和 Alpha 多樣性的估計方法來進行估計。

### 6.3 指標估計

本文針對系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標，提出五種估計量。

#### 6.3.1 最大概似估計量

因為，個體抽樣在各個層級都滿足 Multinomial 分佈。因此，第  $j$  分層中第  $k$  群落的第  $i$  節點相對豐富度  $a_{j\_ki}$  的最大概似估計量為  $\hat{a}_{j\_ki} = x_{j\_ki} / n_k$ ， $j=1, 2, \dots, L$ ， $k=1, 2, \dots, N$ 。

所以，得到第  $j$  層級  $\theta_j(q)$  和  $\bar{\theta}_j(q)$  的最大概似估計量，分別為

$$\hat{\theta}_j(q) = \sum_{i \in \text{jth Segment}} (w_1 a_{j\_1i} + w_2 a_{j\_2i} + \dots + w_N a_{j\_Ni})^q, j=1, 2, \dots, L。$$

$$\hat{\bar{\theta}}_j(q) = \sum_{i \in \text{jth Segment}} \left( \frac{w_1^q \hat{a}_{j\_1i}^q + w_2^q \hat{a}_{j\_2i}^q + \dots + w_N^q \hat{a}_{j\_Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right), j=1, 2, \dots, L。$$

因此， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$  和  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  的最大概似估計量為：

$${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{MLE} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

$${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{MLE} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_1(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\bar{\theta}}_2(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\bar{\theta}}_L(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$$

$${}^q\bar{D}_\beta(T)_{MLE} = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T)_{MLE}}{{}^q\bar{D}_\alpha(T)_{MLE}}$$

### 6.3.2 條件期望不偏估計量

在單一群落下，韓（2008）根據物種出現的條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤，提出的修正估計式。

$$\begin{aligned} \text{因為 } E[\hat{p}_i | \hat{p}_i > 0] &= \frac{P_i}{1 - (1 - p_i)^n}, \quad i = 1, 2, \dots, S \\ &= p_i + \frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}, \quad i = 1, 2, \dots, S \end{aligned}$$

所以，物種出現的條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤為  $\frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}$ ， $i = 1, 2, \dots, S$ 。

則  $\tilde{p}_i = \hat{p}_i - \frac{p_i(1 - p_i)^n}{1 - (1 - p_i)^n}$  (6.1)，為物種出現條件下  $\hat{p}_i$  的偏誤修正式，其中(6.1)

式右項的  $p_i$  可帶入  $\hat{C}\hat{p}_i$ 。

所以， $\sum_{i=1}^S p_i^q$  的估計量為  $\sum_{i=1}^S \hat{p}_i^q \cdot I(\hat{p}_i > 0) + \hat{f}_0 \left( \frac{1 - \hat{C}}{\hat{f}_0} \right)^q$ ，其中

$$\hat{p}_i = \hat{p}_i - G \cdot \hat{p}_i (1 - \hat{C}\hat{p}_i), \quad G \text{ 滿足 } \sum_{\hat{p}_i > 0} \hat{p}_i = \hat{C}。$$

依據此估計方法，得到系統演化樹中第  $j$  層級， $\bar{\theta}_j(q)$  的估計量為：

$$\hat{\theta}_j^{(CBA)}(q) = \left[ \frac{w_1^q \sum_{i \in \text{jth Segment}} \tilde{a}_{j-1i}^q + w_2^q \sum_{i \in \text{jth Segment}} \tilde{a}_{j-2i}^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in \text{jth Segment}} \tilde{a}_{j-Ni}^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right], \quad j=1, 2, \dots, L。$$

，其中  $\sum_{i \in \text{jth Segment}} \tilde{a}_{j-ki}^q = \sum_{i \in \text{jth Segment}} \tilde{a}_{j-ki}^q \cdot I(\tilde{a}_{j-ki} > 0) + \hat{f}_{j-k0} \left( \frac{1 - \hat{C}_{j-k}}{\hat{f}_{j-k0}} \right)^q$ ， $j=1, 2, \dots, L$ ，

$$\tilde{a}_{j-ki} = \hat{a}_{j-ki} - G \cdot \hat{a}_{j-ki} (1 - \hat{C}_{j-k} \hat{a}_{j-ki}), \quad G \text{ 滿足 } \sum_{\tilde{a}_{jki} > 0} \tilde{a}_{j-ki} = \hat{C}_{j-k}。 \quad k=1, 2, \dots, N$$

因此， ${}^q\bar{D}_\alpha(T)$ 的估計量為：

$${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{CBA} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(CBA)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(CBA)}(q) + \cdots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(CBA)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

當  $N=2$ ，且群落權重分別為  $w_1, w_2$  時，

$\theta_j(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} (w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i})^q$  的估計量為，

$$\hat{\theta}_j^{(CBA)}(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} \tilde{a}_{j-i}^q \cdot I(\tilde{a}_{j-i} > 0) + \hat{f}_{j0\_combined} \left( \frac{1 - \hat{C}_{j\_combined}}{\hat{f}_{j0\_combined}} \right)^q, j=1, 2, \dots, L。其$$

中， $\tilde{a}_{j-i} = \hat{a}_{j-i} - k \left[ w_1 \hat{a}_{j-1i} (1 - \hat{C}_{j-1} \hat{a}_{j-1i})^{n_1} + w_2 \hat{a}_{j-2i} (1 - \hat{C}_{j-2} \hat{a}_{j-2i})^{n_2} \right]$ ，滿足

$\sum_{i \in j\text{th Segment}} \tilde{a}_{j-i} = \hat{C}_{j\_combined}$ ，因此可得

$$k = \frac{w_1 \frac{f_{j-10}}{n_1} + w_2 \frac{f_{j-01}}{n_2}}{\sum_{i \in j\text{th Segment}} \left[ w_1 \hat{a}_{j-1i} (1 - \hat{C}_{j-1} \hat{a}_{j-1i})^{n_1} + w_2 \hat{a}_{j-2i} (1 - \hat{C}_{j-2} \hat{a}_{j-2i})^{n_2} \right]}$$

$${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{CBA} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(CBA)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(CBA)}(q) + \cdots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(CBA)}(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}。$$

$${}^q\bar{D}_\beta(T)_{CBA} = \frac{{}^q\bar{D}_\gamma(T)_{CBA}}{{}^q\bar{D}_\alpha(T)_{CBA}}$$



### 6.3.3 最小均方誤差估計量

假設群落  $k$  有  $S_k$  物種，其相對豐富度為  $(p_{k1}, p_{k2}, \dots, p_{kS_k})$

利用  $A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k$  來估計  $p_{ki}$ ， $i = 1, 2, \dots, S_k$ ， $k=1, 2, \dots, N$ 。

滿足  $E\left[\sum_{i=1}^{S_k} A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k\right] = \sum_{i=1}^{S_k} p_{ki}$ ，且 minimize  $E\left[\sum_{i=1}^{S_k} (A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k - p_{ki})^2\right]$  的條件

下，得到

$$A_k = \frac{\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)}{E\left[\sum_{i=1}^{S_k} \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)^2\right]} \approx \frac{\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)}{\sum_{i=1}^{S_k} \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)^2}$$

$$B_k = \frac{1}{S_k} - A_k \times \frac{1}{S_k} = (1 - A_k) \times \frac{1}{S_k}$$

因為  $S_k$  未知，以 Chao (1984) 的下界估計量當作  $S_k$  的估計量，得到：

$$\hat{S}_k = S_{obs-k} + \hat{f}_0^{(k)} = \begin{cases} S_{obs-k} + (f_1^{(k)})^2 / (2 \times f_2^{(k)}) & \text{if } f_2^{(k)} > 0 \\ S_{obs-k} + f_1^{(k)}(f_1^{(k)} - 1) / 2 & \text{if } f_2^{(k)} = 0 \end{cases}$$

另外，

$$\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right) = \sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k}\right) = \sum_{i=1}^{S_k} \frac{p_{ki} \times (1 - p_{ki})}{n_k} \quad (\because X_{ki} \sim \text{Binomial}(n_k, p_{ki}))$$

所以， $\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k}\right)$  的估計量為： $\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{S_k} \frac{X_{ki}}{n_k} \left(1 - \frac{X_{ki}}{n_k}\right)$

因此， $\hat{p}_{ki} = A_k \times \frac{X_{ki}}{n_k} + B_k$ ，其中

$$A_k = \left( \frac{1 - \frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{S_k} \frac{X_{ki}}{n_k} \left(1 - \frac{X_{ki}}{n_k}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{S}_k} \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{S}_k}\right)^2} \right)_+ \quad \text{and} \quad B_k = (1 - A_k) \times \frac{1}{\hat{S}_k}$$

所以，得到系統演化樹中第  $j$  層級中，第  $k$  群落各節點相對豐富度  $a_{j-ki}$ ，

$i = 1, 2, \dots, N_j$  的估計量：  $\hat{a}_{j\_ki}^{(1)} = A_{j\_k} \times \frac{X_{j\_ki}}{n_k} + B_{j\_k}$  ，其中

$$A_{j\_k} = \left( 1 - \frac{\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j\_ki}}{n_k} (1 - \frac{X_{j\_ki}}{n_k})}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_k}} (\frac{X_{j\_ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{S}_{j\_k}})^2} \right)_+ , \quad B_{j\_k} = (1 - A_{j\_k}) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_k}} \quad \text{and} \quad \hat{N}_{j\_k} = D_{j\_k} + \hat{f}_{j\_0}^{(k)}$$

所以  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j\_ki}^q$  的估計量為  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_ki}^{(1)}]^q$  ,  $j=1, 2, \dots, L$  ,  $k=1, 2, \dots, N$  。

因此， $\bar{\theta}_j(q)$  的估計量為：

$$\hat{\bar{\theta}}_j^{(sh1)}(q) = \left[ \frac{w_1^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_1i}^{(1)}]^q + w_2^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_2i}^{(1)}]^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_Ni}^{(1)}]^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right] , j=1, 2, \dots, L .$$

因此， ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  的估計量為：

$${}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH1} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_1^{(sh1)}(q) + \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_2^{(sh1)}(q) + \dots + \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_L^{(sh1)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

當  $N=2$  ，且群落權重分別為  $w_1$  ，  $w_2$  時，

對於系統演化樹第  $j$  層級，

利用  $A_j \times (w_1 X_{j\_1i} / n_1 + w_2 X_{j\_2i} / n_2) + B_j$  來估計區域第  $i$  節點的相對豐富度

$$w_1 a_{j\_1i} + w_2 a_{j\_2i} \text{ 。$$

滿足

$$E \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [A_j \times (w_1 \frac{X_{j\_1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j\_2i}}{n_2}) + B_j] = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} (w_1 a_{j\_1i} + w_2 a_{j\_2i}) = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j\_i}$$

$$\text{且 Minimize } E \sum_{i \in j\text{th Segment}} \left[ A_j \times \left( w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2} \right) + B_j - a_{j-i} \right]^2 ,$$

得到

$$A_j = 1 - \frac{w_1^2 \times \frac{1}{n_1} \times \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j-1i}}{n_1} \left(1 - \frac{X_{j-1i}}{n_1}\right) + w_2^2 \times \frac{1}{n_2} \times \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j-2i}}{n_2} \left(1 - \frac{X_{j-2i}}{n_2}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_combined}} \left[ \left( w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2} \right)^2 \right]} - \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}}$$

$$B_j = (1 - A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}} , \text{ 其中 } \hat{N}_{j\_combined} = D_j + \hat{f}_{j\_0combined} , j=1, 2, \dots, L .$$

因此， $\theta_j(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} (w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i})^q = \sum_{i \in j\text{th Segment}} a_{j-i}^q$  的估計量為

$$\hat{\theta}_j^{(sh1)}(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} [\hat{a}_{j-i}^{(1)}]^q , \text{ 其中 } \hat{a}_{j-i}^{(1)} = A_j \times (w_1 X_{j-1i} / n_1 + w_2 X_{j-2i} / n_2) + B_j ,$$

$$j=1, 2, \dots, L .$$

$$\text{所以， } {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH1} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh1)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh1)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh1)}(q) \right)^{\frac{1}{1-q}} ,$$

$${}^q \bar{D}_\beta(T)_{SH1} = {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH1} / {}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH1} .$$

### 6.3.4 二階不偏估計量

假設群落  $k$  有  $S_k$  物種，其相對豐富度為  $(p_{k1}, p_{k2}, \dots, p_{kS})$

利用  $A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k$  來估計  $p_{ki}$ ， $i = 1, 2, \dots, S_k$ ， $k=1, 2, \dots, N$ 。

滿足  $E \left[ \sum_{i=1}^{S_k} A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k \right] = \sum_{i=1}^{S_k} p_{ki}$ ，且  $E \left[ \sum_{i=1}^{S_k} (A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k)^2 \right] = \sum_{i=1}^{S_k} p_{ki}^2$  的條件下，得

到

$$A_k = \left[ 1 - \frac{\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)}{E\left[\sum_i \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)^2\right]} \right]^{1/2} \approx \left[ 1 - \frac{\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)}{\sum_i \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right)^2} \right]^{1/2}$$

$$B_k = \frac{1}{S_k} - A_k \times \frac{1}{S_k} = (1 - A_k) \times \frac{1}{S_k}$$

因為  $S_k$  未知，以 Chao (1984) 的下界估計量當作  $S_k$  的估計量，得到：

$$\hat{S}_k = S_{obs\_k} + \hat{f}_0^{(k)} = \begin{cases} S_{obs\_k} + (f_1^{(k)})^2 / (2 \times f_2^{(k)}) & \text{if } f_2^{(k)} > 0 \\ S_{obs\_k} + f_1^{(k)}(f_1^{(k)} - 1) / 2 & \text{if } f_2^{(k)} = 0 \end{cases}$$

另外，

$$\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{S_k}\right) = \sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k}\right) = \sum_{i=1}^{S_k} \frac{p_{ki} \times (1 - p_{ki})}{n_k} \quad (\because X_{ki} \sim \text{Binomial}(n_k, p_{ki}))$$

所以， $\sum_{i=1}^{S_k} \text{var}\left(\frac{X_{ki}}{n_k}\right)$  的估計量為： $\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{D_k} \frac{X_{ki}}{n_k} \left(1 - \frac{X_{ki}}{n_k}\right)$

因此， $\hat{p}_{ki} = A_k \times \frac{X_{ki}}{n_k} + B_k$ ，其中

$$A_k = \left( 1 - \frac{\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{D_k} \frac{X_{ki}}{n_k} \left(1 - \frac{X_{ki}}{n_k}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{S}_k} \left(\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{S}_k}\right)^2} \right)_+^{1/2} \quad \text{and} \quad B_k = (1 - A_k) \times \frac{1}{\hat{S}_k}$$

所以，得到系統演化樹中第  $j$  層級中，第  $k$  群落各節點相對豐富度  $a_{j\_ki}$ ， $i=1,$

$2, \dots, N_j$  的估計量： $\hat{a}_{j\_ki}^{(2)} = A_{j\_k} \times \frac{X_{j\_ki}}{n_k} + B_{j\_k}$ ，其中

$$A_{j\_k} = \left( 1 - \frac{\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j\_ki}}{n_k} \left(1 - \frac{X_{j\_ki}}{n_k}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_k}} \left(\frac{X_{j\_ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{N}_{j\_k}}\right)^2} \right)_+^{1/2}, \quad B_{j\_k} = (1 - A_{j\_k}) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_k}} \quad \text{and} \quad \hat{N}_{j\_k} = D_{j\_k} + \hat{f}_{j\_0}^{(k)}$$

所以  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j-ki}^q$  的估計量為  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j-ki}^{(2)}]^q$  ,  $j=1, 2, \dots, L$  ,  $k=1, 2, \dots, N$  。

因此， $\bar{\theta}_j(q)$  的估計量為：

$$\hat{\theta}_j^{(sh2)}(q) = \left[ \frac{w_1^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j-1i}^{(2)}]^q + w_2^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j-2i}^{(2)}]^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j-Ni}^{(2)}]^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right], \quad j=1, 2, \dots,$$

$L$  。

因此， ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  的估計量為：

$${}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH1} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh2)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh2)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh2)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

當  $N=2$ ，且群落權重分別為  $w_1$ ， $w_2$  時，

對於系統演化樹第  $j$  層級，

利用  $A_j \times (w_1 X_{j-1i} / n_1 + w_2 X_{j-2i} / n_2) + B_j$  來估計區域第  $i$  節點的相對豐富度

$w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i}$ 。滿足，

$$E \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [A_j \times (w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2}) + B_j] = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} (w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i}) = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j-i} \text{ 且}$$

$$E \left\{ \sum_{i \in jth \text{ Segment}} \left[ A_j \times (w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2}) + B_j \right]^2 \right\} = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j-i}^2, \text{ 得到}$$

$$A_j = \left\{ 1 - \frac{w_1^2 \times \frac{1}{n_1} \times \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j-1i}}{n_1} (1 - \frac{X_{j-1i}}{n_1}) + w_2^2 \times \frac{1}{n_2} \times \sum_{i=1}^{N_j} \frac{X_{j-2i}}{n_2} (1 - \frac{X_{j-2i}}{n_2})}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_combined}} [(w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2})^2] - \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}}} \right\}_+^{1/2}$$

$$B_j = (1 - A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}}, \text{ 其中 } \hat{N}_{j\_combined} = D_j + \hat{f}_{j0\_combined}, \quad j=1, 2, \dots, L。$$

因此， $\theta_j(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} (w_1 a_{j_{-1i}} + w_2 a_{j_{-2i}})^q = \sum_{i \in j\text{th Segment}} a_{j_{-i}}^q$  的估計量為

$$\hat{\theta}_j^{(sh2)}(q) = \sum_{i \in j\text{th Segment}} [\hat{a}_{j_{-i}}^{(2)}]^q = \sum_{i \in j\text{th Segment}} [A_j \times (w_1 X_{j_{-1i}}/n_1 + w_2 X_{j_{-2i}}/n_2) + B_j]^q,$$

所以， ${}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH1} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh2)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh2)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh2)}(q) \right)^{\frac{1}{1-q}}$ ，

$${}^q \bar{D}_\beta(T)_{SH1} = {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH1} / {}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH1}。$$

### 6.3.5 最小權重均方誤差估計量

假設群落  $k$  有  $S_k$  物種，其相對豐富度為  $(p_{k1}, p_{k2}, \dots, p_{kS})$

利用  $A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k$  來估計  $p_{ki}$ ， $i = 1, 2, \dots, S_k$ ， $k = 1, 2, \dots, N$ 。

滿足  $E \left[ \sum_{i=1}^{S_k} A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k \right] = \sum_{i=1}^{S_k} p_{ki}$ ，且 Minimize  $E \left[ \sum_{i=1}^{S_k} p_{ki}^{w_{ki}} (A_k \cdot \hat{p}_{ki} + B_k - p_{ki})^2 \right]$  的

條件下，根據單一群落中最小權重均方估計量的估計方法，得到

$$A_k = \left( \frac{1 - \frac{\sum_{i=1}^{S_k} \tilde{p}_{ki}^{w_{ki}} \times \frac{X_{ki}}{n_k} (1 - \frac{X_{ki}}{n_k})}{\sum_{i=1}^{\hat{S}_k} \tilde{p}_{ki}^{w_{ki}} \times (\frac{X_{ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{S}_k})^2}} \right) \quad \text{and} \quad B_k = (1 - A_k) \times \frac{1}{\hat{S}_k}$$

其中， $\hat{S}_k = S_{obs\_k} + \hat{f}_0^{(k)} = \begin{cases} S_{obs\_k} + (f_1^{(k)})^2 / (2 \times f_2^{(k)}) & \text{if } f_2^{(k)} > 0 \\ S_{obs\_k} + f_1^{(k)}(f_1^{(k)} - 1) / 2 & \text{if } f_2^{(k)} = 0 \end{cases}$ ，且

$$\tilde{p}_{ki}^{w_{ki}} \text{ 等於 } \begin{cases} (\hat{C}_k \hat{p}_{ki})^{q+1-v_k} & \text{when } i = 1, 2, \dots, S_{obs\_k} \\ [(1 - \hat{C}_k) / \hat{f}_0^{(k)}]^{q+1-v_k} & \text{when } i = S_{obs\_k} + 1, S_{obs\_k} + 2, \dots, S_{obs\_k} + \hat{f}_0^{(k)} \end{cases}$$

， $v_k$  為第  $k$  群落樣本的變異係數(CV)。

所以，系統演化樹中第  $j$  層級中，第  $k$  群落各節點相對豐富度  $a_{j_{-ki}}$ ， $i = 1, 2, \dots$ ，

$N_j$  的估計量：  $\hat{a}_{j\_ki}^{(3)} = A_{j\_k} \times \frac{X_{j\_ki}}{n_k} + B_{j\_k}$  ，其中

$$A_{j\_k} = \left( 1 - \frac{\frac{1}{n_k} \sum_{i=1}^{N_j} \tilde{a}_{j\_ki}^{w_{jk}} \frac{X_{j\_ki}}{n_k} (1 - \frac{X_{jki}}{n_k})}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_k}} \tilde{a}_{j\_ki}^{w_{jk}} (\frac{X_{j\_ki}}{n_k} - \frac{1}{\hat{N}_{j\_k}})^2} \right)_+ , \quad B_{j\_k} = (1 - A_{j\_k}) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_k}} , \quad \hat{N}_{j\_k} = D_{j\_k} + \hat{f}_{j\_0}^{(k)}$$

所以  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j\_ki}^q$  的估計量為  $\sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_ki}^{(3)}]^q$  ,  $j=1, 2, \dots, L$  ,  $k=1, 2, \dots, N$  。

因此， $\bar{\theta}_j(q)$  的估計量為：

$$\hat{\bar{\theta}}_j^{(sh3)}(q) = \left[ \frac{w_1^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_1i}^{(3)}]^q + w_2^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_2i}^{(3)}]^q + \dots + w_N^q \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [\hat{a}_{j\_Ni}^{(3)}]^q}{w_1^q + w_2^q + \dots + w_N^q} \right] , j=1, 2, \dots, L。$$

因此， ${}^q \bar{D}_\alpha(T)$  的估計量為：

$${}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH3} = \left\{ \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_1^{(sh3)}(q) + \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_2^{(sh3)}(q) + \dots + \frac{T_1}{T} \hat{\bar{\theta}}_L^{(sh3)}(q) \right\}^{1/(1-q)}$$

當  $N=2$ ，且群落權重分別為  $w_1, w_2$  時，

對於系統演化樹第  $j$  層級，

利用  $A_j \times (w_1 X_{j\_1i} / n_1 + w_2 X_{j\_2i} / n_2) + B_j$  來估計區域第  $i$  節點的相對豐富度

$$w_1 a_{j\_1i} + w_2 a_{j\_2i} \text{ 。$$

滿足

$$E\left( \sum_{i \in jth \text{ Segment}} [A_j \times (w_1 \frac{X_{j\_1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j\_2i}}{n_2}) + B_j] \right) = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} (w_1 a_{j\_1i} + w_2 a_{j\_2i}) = \sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j\_i}$$

$$\text{且 Minimize } E\left( \sum_{i \in jth \text{ Segment}} a_{j\_i}^{w_j} \times \left[ A_j \times (w_1 \frac{X_{j\_1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j\_2i}}{n_2}) + B_j - a_{j\_i} \right]^2 \right) ,$$

得到

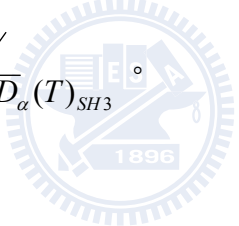
$$A_j = 1 - \frac{\frac{w_1^2}{n_1} \sum_{i=1}^{N_j} \tilde{a}_{j-i}^{w_j} \frac{X_{j-1i}}{n_1} \left(1 - \frac{X_{j-1i}}{n_1}\right) + \frac{w_2^2}{n_2} \sum_{i=1}^{N_j} \tilde{a}_{j-i}^{w_j} \frac{X_{j-2i}}{n_2} \left(1 - \frac{X_{j-2i}}{n_2}\right)}{\sum_{i=1}^{\hat{N}_{j\_combined}} \tilde{a}_{j-i}^{w_j} \left( w_1 \frac{X_{j-1i}}{n_1} + w_2 \frac{X_{j-2i}}{n_2} - \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}} \right)^2}$$

$$B_j = (1 - A_j) \times \frac{1}{\hat{N}_{j\_combined}}, \quad \text{其中 } \hat{N}_{j\_combined} = D_j + \hat{f}_{j\_0combined}, \quad j=1, 2, \dots, L。$$

因此， $\theta_j(q) = \sum_{i \in \text{jth Segment}} (w_1 a_{j-1i} + w_2 a_{j-2i})^q = \sum_{i \in \text{jth Segment}} a_{j-i}^q$  的估計量為

$$\hat{\theta}_j^{(sh3)}(q) = \sum_{i \in \text{jth Segment}} [\hat{a}_{j-i}^{(3)}]^q = \sum_{i \in \text{jth Segment}} \left( A_j \times (w_1 X_{j-1i} / n_1 + w_2 X_{j-2i} / n_2) + B_j \right)^q,$$

$$\text{所以， } {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH3} = \left( \frac{T_1}{T} \hat{\theta}_1^{(sh3)}(q) + \frac{T_2}{T} \hat{\theta}_2^{(sh3)}(q) + \dots + \frac{T_L}{T} \hat{\theta}_L^{(sh3)}(q) \right)^{\frac{1}{1-q}},$$

$${}^q \bar{D}_\beta(T)_{SH3} = {}^q \bar{D}_\gamma(T)_{SH3} / {}^q \bar{D}_\alpha(T)_{SH3}$$




## 6.4 模擬研究與討論

- 群落模式設定
- ✓ 群落的設定：群落為等權重，且群落一和群落二的物種數目相同，皆為 100。共同種數目分成兩種，分別為 20, 80。
- ✓ 混合群落物種的系統演化樹結構的設定：主要包含兩個部份，第一部份是決定系統演化樹的設定，包含各個分層節點數的設定： $(S_1, S_2, \dots, S_L)$ ，其中  $S_1$  為第一層級的節點數，等同於地區中物種的數目。其次是各分層高度 $(T_1, T_2, \dots, T_L)$ 的設定。

A、當兩群落共同種數目為 20 時，

系統演化樹各層級的節點數  $(S_1, S_2, S_3, S_4) = (180, 90, 45, 20)$  且各分層的高度 $(T_1, T_2, T_3, T_4) = (8, 4, 16, 2)$ 。

B、當兩群落共同種數目為 80 時，

系統演化樹各層級的節點數  $(S_1, S_2, S_3, S_4) = (120, 60, 30, 15)$  且各分層的高度  $(T_1, T_2, T_3, T_4) = (8, 4, 16, 2)$ 。

系統演化樹中，兩兩層級間節點的關係則由電腦隨機決定，以符合生態演化的實際現象。

- ✓ 群落物種相對豐富度的結構設定主要有五種：

1、Uniform 模型： $p_i = 1/S, i=1, 2, \dots, S, CV=0$ 。

2、Random Uniform 模型： $p_i = cu_i, i=1, 2, \dots, S$ ，其中  $(u_1, u_2, \dots, u_S)$  為一組從 Uniform(0,1) 分配隨機產生的樣本， $CV = 0.602$ 。

3、Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c/(i+2), i=1, 2, \dots, S, CV = 1.343$ 。

4、Zif-Mandelbrot 模型： $p_i = c/(i+0), i=1, 2, \dots, S, CV = 2.253$ 。

5、Broken-stick 模型： $p_i=cu_i, i=1, 2, \dots, S$ ，其中  $(u_1, u_2, \dots, u_S)$  為一組從期望值為 1 的指數分配(exponential distribution)隨機產生的樣本。

所以，依據兩種共同物種數設定，配合五種群落相對豐富度結構，共 10 種試驗。第 11 種試驗，則以新竹市客雅溪和苗栗縣後龍溪的鳥類調查資料為母體模型。

模擬結果中，估計方法與其相對應的符號如下表：

表 6.1 模擬估計量對照表

方法	模擬表示符號	多群落多樣性估計量		
最大概似法	MLE	${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{MLE}$	${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{MLE}$	${}^q\bar{D}_\beta(T)_{MLE}$
條件期望不偏	CBA	${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{CBA}$	${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{CBA}$	${}^q\bar{D}_\beta(T)_{CBA}$
最小均方誤差	SH1	${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH1}$	${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH1}$	${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH1}$
二階不偏	SH2	${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH2}$	${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH2}$	${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH2}$
最小權重均方誤差	SH3	${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH3}$	${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH3}$	${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH3}$

兩群落指標族的估計：

模擬結果顯示於附圖，其中

附圖四為群落中，少部分物種為共同物種 ( $s12=20$ ) 的模擬結果。

附圖五為群落中，大部份物種為共同物種 ( $s12=80$ ) 的模擬結果。

附圖六是以客雅溪和後龍溪河口鳥類資料為母體的模擬結果。

圖中顯示各種模型下在不同的位階值 ( $0 < q < 3$ ) 下，系統演化多樣性 Gamma、Alpha 和 Beta 指標的估計值 (Estimate) 和樣本均方根誤差 (RMSE)。

就偏誤而言，

最大概似估計量的表現：

無論群落共同物種的多寡， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{CBA}$  和  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{MLE}$  有明顯的低估現象，當  $q$  值小且模型  $CV$  大時，此低估現象更為嚴重。而  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{MLE}$  則隨群落共同物種數的多寡而有不同表現。當群落大部分物種為共同種時， ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{MLE}$  有高估現象，且隨  $q$  值增加而明顯。當群落只有少部分物種為共同種時，則  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{MLE}$  明顯低估，但隨位階  $q$  值增加而不明顯。

條件期望不偏估計量的表現：

無論群落共同物種的多寡， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{CBA}$  和  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{CBA}$  都有低估現象，在  $CV$  值小的模型下，會隨  $q$  增加而明顯。但在  $CV$  值大的模型下，則能改善上述的現象。 ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{CBA}$  在所有的模型下，則都有高估現象，且隨  $q$  增加而明顯。

最小均方誤差估計量的表現：

整體而言，無論群落共同物種的多寡， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH1}$  和  ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH1}$  隨  $q$  值增加而有高估的現象，但隨模型的  $CV$  值的增加而不明顯，因此在高  $CV$  值的模型下有不錯的表現。而  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH1}$  的表現，無論群落共同物種的多寡，大致上會有低估的現象，且隨  $q$  值增加而明顯，此結果造成當群落大部分物種為共同種時， ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH1}$  常會有低於 1 的值出現，造成推論上的困難。

二階不偏估計量的表現：

整體而言，無論群落共同物種的多寡， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH2}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH2}$  和

${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH2}$  在所有的模型，及任何的  $q$  值都有一致不錯的表現。只有在高  $CV$  值的模型下，當  $q$  值小時， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH2}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH2}$  有低估的現象，但此低估現象相較上述三個估計量仍算輕微。而  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH2}$  在群落只有少部分物種為共同種時，當  $q$  值小時有低估的現象。在群落大部分物種為共同種時，當  $q$  值小時則有高估的現象。

最小權重均方誤差估計量的表現：

整體而言，和二階不偏估計量的表現一致，無論群落共同物種的多寡， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH3}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH3}$  和  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH3}$  在所有的模型，及任何的  $q$  值都有一致不錯的表現。且修正  ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH2}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH2}$  在高  $CV$  值的模型下， $q$  值小時的低估現象。



就 RMSE 而言，

所有估計量 RMSE 的表現和偏誤的表現成正比，即當偏誤大時，其 RMSE 也隨之增加。所以在所有本文比較的估計量中，二階不偏估計量和最小權重均方誤差估計量是 RMSE 較小的估計量，其 RMSE 的值仍正比於偏誤的值。所以，在高  $CV$  值的模型下， $q$  值小時， ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH3}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH3}$  的 RMSE 表現比  ${}^q\bar{D}_\gamma(T)_{SH2}$ 、 ${}^q\bar{D}_\alpha(T)_{SH2}$  為佳。但在所有的模型中， ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH2}$  的 RMSE 表現大致都有較佳的表現，但與  ${}^q\bar{D}_\beta(T)_{SH3}$  的差異不大。

對於估計量標準差的估計，本文針對生態學家常使用的位階  $q=1$  和  $q=2$ ，在不同的樣本數下，模擬得到各估計量的偏誤(Bias)、均方根誤差(RMSE)、樣本標準差 (Sample s.e.)，並且利用拔靴法(重抽 200 次) 得到其平均估計標準差(Estimate s.e.)的估計值，其結果顯示於附表中，

附表四為群落中，少部分物種為共同物種 ( $s_{12}=20$ ) 的模擬結果。

附表五為群落中，大部份物種為共同物種 ( $s_{12}=80$ ) 的模擬結果。

附表六則是以客雅溪和後龍溪河口鳥類調查資料為模型 ( $s_{12}=96$ ) 的模擬結果。

另外，根據附表顯示的結果，根據不同模型下，在 Bias 和 RMSE 的表現最佳的估計量整理如下表，

表 6.2 當  $q = 1$ ， $s_{12}=20$  時：

模型	Bias			RMSE		
	Gamma	Alpha	Beta	Gamma	Alpha	Beta
Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
Random Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+2)$	SH3	SH3	SH3	SH3	SH2	SH2
$c/(i+0)$	SH3	SH3	SH2	SH3	SH3	SH2
Broken-Stick	SH2	SH2	SH3	SH2	SH2	SH2

表 6.3 當  $q = 2$ ， $s_{12}=20$  時：

模型	Bias			RMSE		
	Gamma	Alpha	Beta	Gamma	Alpha	Beta
Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
Random Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+2)$	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+0)$	SH2	SH2	SH2	SH3	SH3	SH2
Broken-Stick	SH2	SH2	SH3	SH2	SH2	SH2

表 6.4 當  $q = 1$ ， $s_{12}=80$  時：

模型	Bias			RMSE		
	Gamma	Alpha	Beta	Gamma	Alpha	Beta
Uniform	SH2	SH2	SH3	SH2	SH2	SH2
Random Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+2)$	SH2	SH3	SH3	SH2	SH2	SH2
$c/(i+0)$	SH3	SH3	SH3	SH3	SH3	SH2
Broken-Stick	SH2	SH2	SH3	SH2	SH2	SH2

表 6.5 當  $q = 2$ ， $s_{12}=80$  時：

模型	Bias			RMSE		
	Gamma	Alpha	Beta	Gamma	Alpha	Beta
Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
Random Uniform	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+2)$	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2
$c/(i+0)$	SH2	SH3	SH2	SH3	SH3	SH2
Broken-Stick	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2	SH2

由表的歸納結果得知，當  $q = 1$  時，在  $CV$  小的模型下，二階不偏估計量有較佳的表現。而在  $CV$  大的模型下，則最小權重均方誤差估計量的表現較佳。當  $q = 2$  時，整體而言，二階不偏估計量有一致較佳的表現，然而與最小權重均方誤差估計量的差異並不大。而以客雅溪和後龍溪實際資料為模型的模擬結果(附表六)顯示，當  $q = 1$  時，整體而言最小權重均方誤差估計量有較穩定的表現。當  $q = 2$  時，則二階不偏估計量有較佳的表現，此結果和電腦模擬模型結果一致。

至於估計量標準差的估計，透過模擬結果可以歸納如下，幾乎在所有的模型中，利用拔靴法得到的各個估計量標準差估計值，都小於樣本標準

差。且在樣本小時，估計量標準差的估計值和樣本標準差有明顯的差異，但隨樣本數增加，其差異也隨之變小。整體而言，各估計量的標準差估由大而小依序為：SH3, SH1, SH2, CBA, MLE，但隨樣本數增加，其差異則隨之變小。

## 6.5 指標應用與實例分析

本文將透過兩個實際資料來做指標應用的介紹，其中實例二具有個體資料，所以將透過所此筆資料可做估計量的分析。

### ➤ 實例一：

根據 Pavoine et al. (2009) 的論文中，在 Southern California Bight 地區，收集 rockfish 屬相關魚種的年魚獲資料，包含年份：1980-1986, 1993-1994, 1996, 1998-2007，共 20 筆資料，針對位階  $q = 0, 1$  和  $2$ ， $T=7.906805$  百萬年，分別得到這 20 筆資料，兩兩的  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  值，再根據彼此資料年份的差異，得到資料差異分別為  $0, 1, 2, \dots, 27$  年。透過這 20 筆資料兩兩的  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  值，對照其資料年份的差異，得到不同年份差異的  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  平均值：

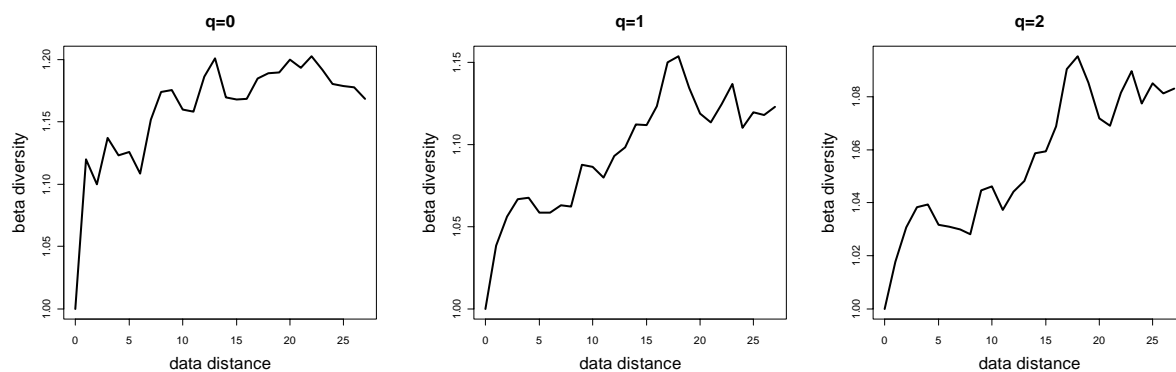


圖 6.1 在位階  $q=0, 1, 2$  下，不同時間距離的系統演化 Beta 多樣性。

結果顯示，對於不同的位階  $q$  值，rockfish 屬族群的  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  大致和年份差距成正向關係，表示年代差異愈大的族群，其  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  值也會愈大，表示族群結構的差異隨時間而增大。但是，因為此資料是在同一地區，不同年份的族群調查結果。所以，如果 rockfish 屬的魚類族群在此區域的穩定的話，我們期望  ${}^q\bar{D}_\beta(T)$  相對於不同年份的分佈，應該呈現穩定的狀態，而不是明顯的正相關關係。參考單一群落的分析結果得知， ${}^q\bar{D}(T)$  值隨著時間而慢慢遞減。顯示 Southern California Bight 地區，rockfish 屬的魚種在 1980 年~2007 年間，不同年份族群的差異，隨著時間的差異增大而增加，其原因並非外來族群移入造成的差異，而可能是因為人類的濫捕或環境破壞，使得稀有魚種消失，族群結構愈趨不均勻，造成 rockfish 屬的魚類族群多樣性的降低。另外 Pavoine et al. (2009) 在論文中，建立  $I_q$  為系統演化多樣性指標，並以加成性來定義 Beta 多樣性，即 Beta 多樣性等同於 Gamma 多樣性減去 Alpha 多樣性，其結果如表 6.6 所示。

表 6.6  $I_q$  的 Gamma、Alpha 和 Beta 指標值。

	$I_0$	$I_1$	$I_2$
Gamma	180.15	20.74	5.35
Alpha	114.36 (63%)	18.87 (91%)	5.13 (95%)
Beta	65.79 (37%)	1.87 (9%)	0.26 (5%)



此外，根據 Pavoine et al. (2009) 在論文中的資料，得到這 20 年份資料的系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標及分化指標值，結果如下表(表 6.7)。

表 6.7 系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標，及分化指標值

$T=7.906805$	$q=0$	$q=1$	$q=2$
Gamma	23.784	6.091	3.124
Alpha	14.678	5.156	2.840
Beta	1.620	1.181	1.100
$\frac{{}^q\overline{D}_p(T)^{1-q}-1}{N^{1-q}-1}$	16.10%	5.52%	3.18%

比較上述兩指標的結果，其結論是一致。但透過系統演化多樣性的指標，可以得到較直觀的解釋意義，如當  $q=0$  時，這區域在這 20 年的生物多樣性，等同於 23.784 物種，且彼此的演化距離為 7.906805 百萬年。而該地區平均每年份 rockfish 的多樣性等同於 14.678 物種，且彼此的演化距離為 7.906805 million years。因此在這 20 年中，該區域 rockfish 的族群差異為 1.62 (Beta 多樣性)。其他位階的值，都可透過相同的解釋方式去得到直觀的結論。然而，根據表 6.6 的結果，卻無法得到直觀的解釋意義，且有可能因為其 Alpha 和 Beta 多樣性的不獨立，而得到矛盾的結論。

➤ 實例二：

針對三溪鳥類調查資料，計算不同層級下 ${}^q\bar{D}_\beta(L)$ 的表現，

表 6.6 透過調查資料，直接計算不同層級下 (L=1, 2, 3, 4)，客雅溪 (KY)、中港溪 (CK) 和後龍溪 (HL) 河口鳥類族群的系統演化 Beta 多樣性 ( ${}^q\bar{D}_\beta(L)$ )。

	L=1			L=2		
	KY vs. CK	CK vs. HL	HL vs. KY	KY vs. CK	CK vs. HL	HL vs. KY
q=0	1.256	1.287	1.358	1.228	1.256	1.34
q=1	1.092	1.287	1.329	1.08	1.252	1.292
q=2	1.046	1.473	1.448	1.047	1.43	1.4

	L=3			L=4		
	KY vs. CK	CK vs. HL	HL vs. KY	KY vs. CK	CK vs. HL	HL vs. KY
q=0	1.202	1.234	1.311	1.195	1.227	1.304
q=1	1.071	1.221	1.256	1.062	1.172	1.208
q=2	1.045	1.371	1.337	1.04	1.135	1.136

之前單一群落的分析，得知三溪河口鳥類族群的多樣性大小為：後龍溪>客雅溪>中港溪。透過不同層級下兩兩河口族群的 Beta 多樣性 (表 6.6) 得知對於不同層級下，三溪的鳥類族群分佈差異大致為：客雅溪和後龍溪的差異最大，其次是中港溪和後龍溪，而客雅溪與中港溪的差異最小。推測其原因，一是地理位置關係，因為這三條溪流河口的位置，由南而北分別為客雅溪、中港溪和後龍溪，所以就地理位置而言，客雅溪和中港溪的位置較接近，且與後龍溪的距離最遠，此關係正好和 Beta 多樣性的值相吻合。另一原因，則是調查時間的差異，根據資料說明得知，客雅溪和中港溪鳥類資料的收集是同一年度，與後龍溪的調查時間不一樣，而河口鳥類大都是過境的候鳥居多，因此同一年度的候鳥因為有較高的相似度，造成客雅溪和中港溪鳥類族群幾乎一致 (q=1,2)。第三個原因，可能是自然環境的差異，後龍溪河口不像客雅溪河口被一個工業發達的城市(新竹市)

所包圍，也不像中港溪河口被人為干擾那麼嚴重（垃圾掩埋場和焚化爐），它保有較佳的自然環境與生態走廊，使得河口附近存在較多的原生鳥類，因此，後龍溪與另外兩條溪的鳥類族群，有較大程度的差異。總結，地理位置的遠近、資料收集的時間差異和本身自然環境的差異，造成這三條溪流河口鳥類族群的差異。而探討不同群落因這些因素所造成的差異，正是Wittaker 當時定義 Beta 多樣性的用意。在這個例子正好可以得到驗證。

另外，為了去除優勢物種的影響，所以只考慮出現個體小於 2000 的物種。根據資料得到各估計量的估計值及其標準差，結果顯示於下表。

表 6.7 當位階  $q=1$  時，客雅溪 (KY)、中港溪 (CK) 和後龍溪 (HL) 河口鳥類族群的系統演化 Beta 多樣性 ( ${}^q\bar{D}_\beta(L)$ ) 各估計量的估計值。

	MLE	CBA	SH1	SH2	SH3
KY vs. CK	1.160 (0.0064)	1.158 (0.0068)	1.158 (0.0068)	1.159 (0.0066)	1.158 (0.0069)
CK vs. HL	1.205 (0.0069)	1.206 (0.0073)	1.199 (0.0073)	1.202 (0.0071)	1.199 (0.0073)
HL vs. KY	1.280 (0.0085)	1.282 (0.0092)	1.275 (0.0088)	1.277 (0.0086)	1.276 (0.0090)

表 6.8 當位階  $q=2$  時，客雅溪 (KY)、中港溪 (CK) 和後龍溪 (HL) 河口鳥類族群的系統演化 Beta 多樣性 ( ${}^q\bar{D}_\beta(L)$ ) 各估計量的估計值。

	MLE	CBA	SH1	SH2	SH3
KY vs. CK	1.132 (0.0093)	1.132 (0.0092)	1.131 (0.0093)	1.131 (0.0093)	1.131 (0.0093)
CK vs. HL	1.045 (0.0044)	1.045 (0.0044)	1.043 (0.0044)	1.044 (0.0044)	1.044 (0.0044)
HL vs. KY	1.191 (0.0124)	1.191 (0.0124)	1.190 (0.0124)	1.190 (0.0124)	1.190 (0.0125)

透過估計量的估計結果（表 6.7），得知幾乎所有的估計量有相同的估計結

果，當  $q=1$  時後龍溪和客雅溪鳥類族群有較大的差異，而客雅溪和中港溪的鳥類族群差異則最小，此結論與表 6.6 的結論一致。當  $q=2$  時(表 6.8)，後龍溪和客雅溪鳥類族群仍有較大的差異，但客雅溪和中港溪的鳥類族群差異則大於後龍溪和中港溪的鳥類族群差異，此結論和表 6.6 的結論不一致。顯示在表 6.6 中，客雅溪和中港溪的鳥類族群差異最小的原因是少數優勢物種的影響。



## 第七章、結論與未來方向

本文主要的研究內容是以 Hill 數值指標為基礎，結合系統演化樹的資訊，建立一新的系統演化多樣性指標。新建立的指標具有生態直觀的解釋意義“平均物種差異為 T 的有效物種數”，且滿足指標最基本的要求“倍增性質”。並且透過簡單的轉換公式，可以將其他非中性指標值轉換成“平均物種差異為 T 的有效物種數”的單位，如此即可解決之前非中性指標在解釋上所面臨矛盾的現象。此外，本文以三個實例來介紹指標的應用性：(1) 由 Shimatani (2001) 以橡樹為主的次生林資料，系統演化多樣性指標值反應未受疏伐的森林具有較高的多樣性，這與 Shimatani 的論文結果正好相反。新指標值的結果反應在自然環境下，群落自然演替的多樣性比受人為干擾的群落多樣性還來得高，而此結論亦較符合生態學家的預期。(2) 第二個實例是以新竹、苗栗地區三個河口的鳥類資料為依據，分析結果得到，新的多樣性指標值與當地的自然環境的優劣成正比。(3) 最後實例是 Pavoine et al. (2009) 論文中南加州 rockfish 屬的魚類資料，分析結果顯示，無論傳統 Hill 數值指標或新的系統演化多樣性指標都顯示，從 1980 至 2007 年，rockfish 屬魚類多樣性隨時間而遞減，且消失的物種是那些較古老稀有的物種。

多群落系統演化多樣性指標的建立，是考慮系統演化樹的資訊下，透過 Whittaker (1972) 的定義，並且滿足 Jost (2007) 的五項公設，得到系統演化 Gamma、Alpha 和 Beta 多樣性指標族。另外透過四種觀點建立四種系統演化分化、相似性指標，除了可以和傳統的分化、相似指標做連結，並且校正  $N_{ST}$  分化指標的缺點，進而提供一可以客觀量測群落分化的指標。另外以兩個實例來對指標的應用做介紹：(1) 以 Pavoine et al. (2009)

論文中南加州 rockfish 屬的魚類資料為依據，分析結果顯示隨時間的差異增大，其群落間的差異也隨之增加，結合單一群落的分析結果，得知此差異主要是因為某些魚種的消失所造成，而非不同族群的移入所造成。(2) 第二例子是根據新竹、苗栗地區客雅溪、中港溪及後龍溪三個河口的鳥類資料，得到彼此間的系統演化 Beta 多樣性指標值，此三個指標值的大小差異可透過資料的特性、調查地點自然環境和調查時間的差異，得到合理的解釋。

對於指標的估計，根據實用性和估計量偏誤及均方根誤差的表現，本文推薦二階不偏估計量及最小權重均方誤差估計量來做指標的估計，除了可以修正傳統最大概似估計量低估的缺點外，在不同的模型下，此兩種估計量亦可得到較穩健的估計值。其中，最小權重均方誤差估計量在  $CV$  大的模型，可以得到較佳指標的估計曲線，而二階不偏估計量，則在  $CV$  大的模型有較佳的表現。另外，當群落的物種大都屬於因近代種化事件而產生時，當考慮位階  $q > 1$  的指標值時，此時最大概似估計量即可得到不錯的估計值。

雖然本文對於多群落指標的估計僅就兩群落且等權重的條件下做討論，然而對於更多群落及不等權重條件下，指標的估計仍可利用相同的方法來進行估計。此外，對於系統演化樹為非超度量性質的指標估計亦是另一重點。另一重點是，本文對於系統演化多樣性指標的估計，是在一前提的假設下進行估計，即：部份物種的系統演化樹不會受其他物種的影響，或是影響可以忽略，然而這是一理想的狀況，一般實際的應用可能並非如此，因為大部分物種的系統演化樹的建構是透過物種的 DNA 資訊，經由一些演算法(如:UPGMA, Maximun Parsimony Method, Maximun Likelihood

Method,...,等等) 得到，因此可以視系統演化樹是一估計得到的系統演化樹，因此上述的前提假設可能不成立。且每一種方法都有其優缺點，因此在建構系統演化樹的不同演算法下，系統演化多樣性指標的估計，亦是另一重要課題。

由於生物科技的進步，透過分子層面探討基因多樣性的研究，是一熱門議題。然而，並未考慮基因間的差異，透過本文的研究，以期可以考量此遺傳差異訊息，進而將新建立的指標應用至基因多樣性層面的研究，進而讓我們可以了解基因多樣性的另一面向。

群落的穩定與否，取決於該群落的生態功能是否健全，因此生態功能多樣性指標，是另一生態學家強調的議題，其定量的方法如同 *PD* 一樣。所以，透過本文建立的多樣性指標的策略，亦可將功能多樣性指標，推廣至考慮物種豐富度資訊的指標，進而讓我們對區域中群落的生態功能有更進一步的瞭解。

附表 附表一：群落物種大多屬於近代種化事件而產生的模擬結果。

表 1-1-1 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.9534$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	3.7106	-0.2428	0.1010	0.1121	0.2630
	CBA	3.7672	-0.1862	0.1081	0.1213	0.2153
	JK1	3.9010	-0.0524	0.1086	0.1203	0.1206
	JK2	3.9322	-0.0212	0.1094	0.1212	0.1114
	SH1	4.0004	0.0471	0.1049	0.1164	0.1150
	SH2	3.9432	-0.0101	0.1102	0.1204	0.1106
	SH3	3.9900	0.0367	0.1079	0.1205	0.1140
100	MLE	3.8103	-0.1431	0.0645	0.0781	0.1570
	CBA	3.8408	-0.1126	0.0683	0.0820	0.1317
	JK1	3.9403	-0.0131	0.0682	0.0817	0.0694
	JK2	3.9590	0.0057	0.0692	0.0821	0.0694
	SH1	4.0026	0.0493	0.0648	0.0795	0.0814
	SH2	3.9590	0.0056	0.0691	0.0822	0.0693
	SH3	3.9969	0.0435	0.0663	0.0826	0.0794
140	MLE	3.8495	-0.1038	0.0548	0.0626	0.1174
	CBA	3.8889	-0.0645	0.0572	0.0644	0.0862
	JK1	3.9487	-0.0047	0.0570	0.0647	0.0572
	JK2	3.9603	0.0070	0.0578	0.0649	0.0582
	SH1	3.9948	0.0415	0.0545	0.0634	0.0685
	SH2	3.9572	0.0039	0.0569	0.0651	0.0571
	SH3	3.9908	0.0375	0.0557	0.0655	0.0671
180	MLE	3.8678	-0.0855	0.0528	0.0540	0.1005
	CBA	3.9057	-0.0477	0.0533	0.0549	0.0715
	JK1	3.9469	-0.0064	0.0542	0.0555	0.0546
	JK2	3.9535	0.0001	0.0544	0.0555	0.0544
	SH1	3.9823	0.0289	0.0518	0.0546	0.0593
	SH2	3.9505	-0.0028	0.0541	0.0557	0.0542
	SH3	3.9795	0.0262	0.0531	0.0564	0.0592



表 1-1-2 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.8789$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	3.6551	-0.2238	0.1072	0.1263	0.2482
	CBA	3.7112	-0.1677	0.1102	0.1341	0.2007
	JK1	3.8361	-0.0428	0.1158	0.1349	0.1235
	JK2	3.8628	-0.0160	0.1170	0.1356	0.1181
	SH1	3.9342	0.0553	0.1099	0.1321	0.1230
	SH2	3.8719	-0.0070	0.1176	0.1357	0.1178
	SH3	3.9227	0.0438	0.1166	0.1364	0.1246
100	MLE	3.7406	-0.1383	0.0787	0.0917	0.1591
	CBA	3.7608	-0.1181	0.0802	0.0947	0.1428
	JK1	3.8625	-0.0164	0.0826	0.0957	0.0842
	JK2	3.8773	-0.0016	0.0836	0.0959	0.0836
	SH1	3.9327	0.0538	0.0811	0.0946	0.0973
	SH2	3.8799	0.0011	0.0839	0.0965	0.0839
	SH3	3.9283	0.0495	0.0832	0.0979	0.0968
140	MLE	3.7789	-0.0999	0.0670	0.0757	0.1203
	CBA	3.805	-0.0739	0.0708	0.0778	0.1023
	JK1	3.8703	-0.0085	0.0697	0.0781	0.0703
	JK2	3.8789	0.0000	0.0704	0.0782	0.0704
	SH1	3.9251	0.0463	0.0712	0.0777	0.0849
	SH2	3.8798	0.0010	0.0717	0.0787	0.0717
	SH3	3.9212	0.0423	0.0746	0.0804	0.0858
180	MLE	3.8020	-0.0769	0.0718	0.0656	0.1052
		3.838	-0.0409	0.0729	0.0681	0.0836
	JK1	3.8752	-0.0037	0.0736	0.0672	0.0737
	JK2	3.8804	0.0015	0.0737	0.0673	0.0737
	SH1	3.9201	0.0412	0.0715	0.0673	0.0825
	SH2	3.8810	0.0022	0.0733	0.0678	0.0734
	SH3	3.9158	0.0369	0.0734	0.0698	0.0822

表 1-1-3 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+10), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.815$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	3.5988	-0.2165	0.1219	0.1343	0.2485
	CBA	3.6824	-0.1326	0.1352	0.1441	0.1894
	JK1	3.7759	-0.0394	0.1320	0.1434	0.1378
	JK2	3.8020	-0.0133	0.1337	0.1440	0.1344
	SH1	3.8878	0.0725	0.1324	0.1434	0.1509
	SH2	3.8088	-0.0065	0.1370	0.1449	0.1371
	SH3	3.8662	0.0509	0.1405	0.1482	0.1494
100	MLE	3.6740	-0.1413	0.1036	0.1028	0.1752
	CBA	3.7131	-0.1019	0.1107	0.1093	0.1505
	JK1	3.7927	-0.0226	0.1087	0.1071	0.1110
	JK2	3.8083	-0.0070	0.1094	0.1074	0.1096
	SH1	3.8699	0.0546	0.1086	0.1086	0.1216
	SH2	3.8066	-0.0087	0.1119	0.1090	0.1123
	SH3	3.8468	0.0315	0.1153	0.1129	0.1195
140	MLE	3.7087	-0.1066	0.0823	0.0852	0.1347
	CBA	3.7371	0.0779	0.0859	0.0881	0.1160
	JK1	3.7982	-0.0171	0.0851	0.0878	0.0868
	JK2	3.8081	-0.0072	0.0854	0.0879	0.0857
	SH1	3.8553	0.0400	0.0854	0.0891	0.0944
	SH2	3.8031	-0.0122	0.0868	0.0891	0.0877
	SH3	3.8349	0.0196	0.0900	0.0923	0.0921
180	MLE	3.7341	-0.0812	0.0734	0.0738	0.1095
	CBA	3.7732	-0.0418	0.0761	0.0782	0.0868
	JK1	3.8067	-0.0087	0.0753	0.0756	0.0758
	JK2	3.8137	-0.0016	0.0754	0.0757	0.0755
	SH1	3.8543	0.0390	0.0768	0.0770	0.0861
	SH2	3.8088	-0.0065	0.0768	0.0766	0.0771
	SH3	3.8365	0.0212	0.0810	0.0796	0.0837

表 1-1-4 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.6636$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	3.4620	-0.2017	0.1516	0.1469	0.2523
	CBA	3.5098	-0.1538	0.1691	0.1611	0.2286
	JK1	3.6229	-0.0408	0.1632	0.1565	0.1682
	JK2	3.6444	-0.0192	0.1645	0.1569	0.1656
	SH1	3.7354	0.0718	0.1684	0.1600	0.1831
	SH2	3.6399	-0.0237	0.1699	0.1589	0.1716
	SH3	3.6995	0.0359	0.1750	0.1642	0.1786
100	MLE	3.5392	-0.1245	0.1107	0.1127	0.1666
	CBA	3.5713	-0.0923	0.1213	0.1181	0.1524
	JK1	3.6473	-0.0163	0.1162	0.1173	0.1173
	JK2	3.6607	-0.0030	0.1169	0.1174	0.1169
	SH1	3.7226	0.0590	0.1207	0.1203	0.1343
	SH2	3.6493	-0.0143	0.1189	0.1189	0.1197
	SH3	3.6930	0.0293	0.1239	0.1228	0.1273
140	MLE	3.5619	-0.1017	0.0897	0.0977	0.1356
	CBA	3.5965	-0.0671	0.0939	0.1021	0.1154
	JK1	3.6437	-0.0199	0.0928	0.1005	0.0950
	JK2	3.6530	-0.0106	0.0930	0.1006	0.0937
	SH1	3.6978	0.0342	0.0945	0.1034	0.1005
	SH2	3.6404	-0.0232	0.0933	0.1018	0.0962
	SH3	3.6715	0.0079	0.0952	0.1049	0.0956
180	MLE	3.5807	-0.0829	0.0831	0.0854	0.1174
	CBA	3.6218	-0.0418	0.0871	0.0892	0.0966
	JK1	3.6471	-0.0165	0.0855	0.0874	0.0871
	JK2	3.6538	-0.0098	0.0859	0.0874	0.0864
	SH1	3.6876	0.0239	0.0878	0.0898	0.0910
	SH2	3.6409	-0.0227	0.0865	0.0883	0.0895
	SH3	3.6646	0.0010	0.0883	0.0906	0.0884

表 1-1-5 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), CV=2.253, Rep.=200, Bootstrap=200, q=1, True=3.4995$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	3.3220	-0.1775	0.1350	0.1422	0.2230
	CBA	3.3573	-0.1422	0.1471	0.1529	0.2046
	JK1	3.4681	-0.0315	0.1459	0.1514	0.1492
	JK2	3.4881	-0.0115	0.1465	0.1516	0.1470
	SH1	3.5635	0.0639	0.1494	0.1566	0.1625
	SH2	3.4648	-0.0347	0.1464	0.1529	0.1505
	SH3	3.5400	0.0404	0.1487	0.1572	0.1541
100	MLE	3.3795	-0.1200	0.1148	0.1101	0.1661
	CBA	3.4072	-0.0923	0.1239	0.1152	0.1545
	JK1	3.4775	-0.0220	0.1203	0.1144	0.1223
	JK2	3.4900	-0.0096	0.1211	0.1144	0.1215
	SH1	3.5329	0.0334	0.1242	0.1173	0.1286
	SH2	3.4658	-0.0337	0.1210	0.1149	0.1256
	SH3	3.5255	0.0259	0.1244	0.1159	0.1270
140	MLE	3.4092	-0.0903	0.0997	0.0952	0.1346
	CBA	3.4313	-0.0682	0.1048	0.0973	0.1250
	JK1	3.4838	-0.0158	0.1033	0.0979	0.1045
	JK2	3.4919	-0.0076	0.1041	0.0979	0.1043
	SH1	3.5191	0.0196	0.1056	0.0999	0.1074
	SH2	3.4694	-0.0301	0.1035	0.0981	0.1078
	SH3	3.5149	0.0153	0.1036	0.0982	0.1047
180	MLE	3.4141	-0.0855	0.0899	0.0849	0.1241
	CBA	3.4456	-0.0539	0.0931	0.0873	0.1076
	JK1	3.4746	-0.0249	0.0925	0.0868	0.0958
	JK2	3.4810	-0.0186	0.0930	0.0868	0.0948
	SH1	3.5000	0.0004	0.0938	0.0882	0.0938
	SH2	3.4603	-0.0392	0.0923	0.0868	0.1003
	SH3	3.4985	-0.0011	0.0929	0.0867	0.0929

表 1-1-6 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型六：

$S=100, p_i \sim c/(i-0.5), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.3193$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	3.1568	-0.1625	0.1629	0.1451	0.2301
	CBA	3.1911	-0.1282	0.1793	0.1579	0.2204
	JK1	3.2891	-0.0302	0.1764	0.1540	0.1790
	JK2	3.3070	-0.0123	0.1778	0.1539	0.1782
	SH1	3.3513	0.0320	0.1850	0.1592	0.1878
	SH2	3.2673	-0.0520	0.1771	0.1542	0.1845
	SH3	3.3503	0.0310	0.1796	0.1560	0.1823
100	MLE	3.2001	-0.1193	0.1232	0.1163	0.1715
	CBA	3.2162	-0.1031	0.1296	0.1229	0.1656
	JK1	3.2893	-0.0300	0.1295	0.1206	0.1329
	JK2	3.3001	-0.0192	0.1307	0.1205	0.1321
	SH1	3.3183	-0.0010	0.1332	0.1235	0.1332
	SH2	3.2649	-0.0544	0.1288	0.1204	0.1398
	SH3	3.3326	0.0133	0.1304	0.1198	0.1311
140	MLE	3.2265	-0.0928	0.0982	0.1002	0.1351
	CBA	3.2482	-0.0711	0.1031	0.1032	0.1252
	JK1	3.2943	-0.0251	0.1019	0.1029	0.1049
	JK2	3.3015	-0.0178	0.1028	0.1028	0.1044
	SH1	3.3106	-0.0088	0.1046	0.1046	0.1050
	SH2	3.2720	-0.0473	0.1018	0.1026	0.1122
	SH3	3.3277	0.0084	0.1047	0.1012	0.1051
180	MLE	3.2408	-0.0785	0.0912	0.0888	0.1203
	CBA	3.2664	-0.0529	0.0944	0.0903	0.1082
	JK1	3.2959	-0.0234	0.0938	0.0906	0.0967
	JK2	3.3017	-0.0176	0.0943	0.0906	0.0959
	SH1	3.3057	-0.0136	0.0957	0.0919	0.0967
	SH2	3.2756	-0.0437	0.0937	0.0905	0.1034
	SH3	3.3241	0.0048	0.0968	0.0891	0.0969

表 1-1-7 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型七：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=3.8436$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	3.6326	-0.2110	0.0958	0.1134	0.2317
	CBA	3.6703	-0.1733	0.1033	0.1237	0.2018
	JK1	3.8062	-0.0374	0.1048	0.1216	0.1113
	JK2	3.8301	-0.0135	0.1060	0.1223	0.1069
	SH1	3.9161	0.0725	0.1013	0.1205	0.1245
	SH2	3.8342	-0.0094	0.1053	0.1227	0.1057
	SH3	3.9049	0.0613	0.1050	0.1252	0.1216
100	MLE	3.7113	-0.1323	0.0736	0.0805	0.1514
	CBA	3.7327	-0.1109	0.0749	0.0841	0.1338
	JK1	3.8254	-0.0182	0.0774	0.0841	0.0795
	JK2	3.8372	-0.0064	0.0774	0.0842	0.0776
	SH1	3.9043	0.0607	0.0741	0.0837	0.0958
	SH2	3.8374	-0.0062	0.0767	0.0848	0.0770
	SH3	3.8990	0.0554	0.0758	0.0869	0.0939
140	MLE	3.7496	-0.0940	0.0540	0.0650	0.1084
	CBA	3.7631	-0.0805	0.0541	0.0683	0.0970
	JK1	3.8349	-0.0087	0.0557	0.0670	0.0564
	JK2	3.8419	-0.0017	0.0559	0.0671	0.0560
	SH1	3.8967	0.0531	0.0534	0.0671	0.0753
	SH2	3.8406	-0.0030	0.0549	0.0675	0.0550
	SH3	3.8929	0.0492	0.0545	0.0696	0.0735
180	MLE	3.7648	-0.0788	0.0550	0.0564	0.0961
	CBA	3.7948	-0.0488	0.0558	0.0582	0.0741
	JK1	3.8326	-0.0111	0.0565	0.0577	0.0576
	JK2	3.8372	-0.0065	0.0568	0.0577	0.0572
	SH1	3.8838	0.0401	0.0553	0.0577	0.0684
	SH2	3.8358	-0.0079	0.0565	0.0580	0.0571
	SH3	3.8810	0.0373	0.0550	0.0594	0.0664

表 1-2-1 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.923$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	2.8322	-0.0908	0.1238	0.1243	0.1535
	CBA	2.8370	-0.0860	0.1241	0.1245	0.1509
	JK1	2.9052	-0.0178	0.1367	0.1368	0.1378
	JK2	2.9106	-0.0124	0.1381	0.1382	0.1387
	SH1	2.9495	0.0265	0.1198	0.1246	0.1227
	SH2	2.9118	-0.0112	0.1265	0.1288	0.1270
	SH3	2.9391	0.0162	0.1216	0.1272	0.1227
100	MLE	2.8739	-0.0491	0.0801	0.0932	0.0939
	CBA	2.8756	-0.0474	0.0802	0.0932	0.0931
	JK1	2.9205	-0.0025	0.0859	0.0993	0.0859
	JK2	2.9230	0.0000	0.0864	0.0998	0.0864
	SH1	2.9557	0.0327	0.0765	0.0936	0.0832
	SH2	2.9258	0.0029	0.0812	0.0956	0.0812
	SH3	2.9501	0.0271	0.0770	0.0949	0.0816
140	MLE	2.8866	-0.0364	0.0723	0.0774	0.0809
	CBA	2.8873	-0.0357	0.0723	0.0774	0.0806
	JK1	2.9206	-0.0024	0.0761	0.0812	0.0761
	JK2	2.9221	-0.0009	0.0763	0.0814	0.0763
	SH1	2.9500	0.0270	0.0715	0.0780	0.0765
	SH2	2.9250	0.0020	0.0737	0.0790	0.0737
	SH3	2.9460	0.0231	0.0724	0.0787	0.0759
180	MLE	2.8894	-0.0336	0.0718	0.0681	0.0793
	CBA	2.8897	-0.0332	0.0718	0.0681	0.0791
	JK1	2.9161	-0.0069	0.0747	0.0708	0.0750
	JK2	2.9170	-0.0060	0.0748	0.0709	0.0751
	SH1	2.9413	0.0184	0.0724	0.0689	0.0747
	SH2	2.9197	-0.0033	0.0732	0.0694	0.0733
	SH3	2.9381	0.0151	0.0730	0.0695	0.0745

表 1-2-2 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.830$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.7460	-0.0838	0.1384	0.1513	0.1618
	CBA	2.7503	-0.0796	0.1388	0.1516	0.1600
	JK1	2.8095	-0.0204	0.1531	0.1654	0.1544
	JK2	2.8137	-0.0161	0.1547	0.1668	0.1556
	SH1	2.8686	0.0387	0.1396	0.1571	0.1449
	SH2	2.8255	-0.0044	0.1451	0.1589	0.1452
	SH3	2.8576	0.0277	0.1430	0.1592	0.1456
100	MLE	2.7873	-0.0426	0.1146	0.1177	0.1222
	CBA	2.7888	-0.0411	0.1147	0.1178	0.1218
	JK1	2.8281	-0.0018	0.1221	0.1248	0.1221
	JK2	2.8301	0.0003	0.1226	0.1253	0.1226
	SH1	2.8697	0.0399	0.1175	0.1215	0.1241
	SH2	2.8374	0.0076	0.1186	0.1219	0.1189
	SH3	2.8637	0.0338	0.1188	0.1224	0.1235
140	MLE	2.8002	-0.0297	0.0962	0.0994	0.1007
	CBA	2.8008	-0.0290	0.0962	0.0994	0.1005
	JK1	2.8300	0.0001	0.1008	0.1038	0.1008
	JK2	2.8312	0.0013	0.1011	0.1041	0.1011
	SH1	2.8631	0.0332	0.0992	0.1024	0.1046
	SH2	2.8367	0.0069	0.0992	0.1022	0.0994
	SH3	2.8593	0.0294	0.1001	0.1031	0.1043
180	MLE	2.8128	-0.0171	0.0910	0.0864	0.0925
	CBA	2.8131	-0.0167	0.0910	0.0864	0.0925
	JK1	2.8366	0.0067	0.0944	0.0895	0.0947
	JK2	2.8373	0.0075	0.0946	0.0896	0.0949
	SH1	2.8634	0.0335	0.0935	0.0887	0.0993
	SH2	2.8415	0.0116	0.0932	0.0884	0.0939
	SH3	2.8609	0.0311	0.0940	0.0893	0.0990



表 1-2-3 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+10), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.8089$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.7364	-0.0725	0.1471	0.1493	0.1640
	CBA	2.7408	-0.0680	0.1476	0.1495	0.1625
	JK1	2.7988	-0.0101	0.1630	0.1634	0.1633
	JK2	2.8025	-0.0063	0.1649	0.1648	0.1650
	SH1	2.8630	0.0541	0.1489	0.1554	0.1584
	SH2	2.8155	0.0066	0.1545	0.1567	0.1547
	SH3	2.8465	0.0376	0.1551	0.1586	0.1596
100	MLE	2.7611	-0.0478	0.1233	0.1191	0.1322
	CBA	2.7627	-0.0462	0.1234	0.1192	0.1318
	JK1	2.7998	-0.0090	0.1315	0.1265	0.1319
	JK2	2.8014	-0.0074	0.1322	0.1270	0.1324
	SH1	2.8463	0.0375	0.1265	0.1234	0.1320
	SH2	2.8105	0.0017	0.1280	0.1233	0.1280
	SH3	2.8321	0.0232	0.1303	0.1259	0.1324
140	MLE	2.7740	-0.0349	0.0982	0.1012	0.1042
	CBA	2.7747	-0.0342	0.0982	0.1012	0.1040
	JK1	2.8022	-0.0067	0.1031	0.1059	0.1033
	JK2	2.8031	-0.0058	0.1034	0.1062	0.1036
	SH1	2.8385	0.0297	0.1014	0.1045	0.1057
	SH2	2.8098	0.0009	0.1012	0.1040	0.1012
	SH3	2.8273	0.0184	0.1042	0.1064	0.1058
180	MLE	2.7843	-0.0246	0.0947	0.0896	0.0978
	CBA	2.7847	-0.0242	0.0947	0.0896	0.0978
	JK1	2.8066	-0.0022	0.0985	0.0929	0.0985
	JK2	2.8073	-0.0016	0.0987	0.0930	0.0987
	SH1	2.8359	0.0270	0.0976	0.0922	0.1013
	SH2	2.8123	0.0035	0.0971	0.0916	0.0971
	SH3	2.8266	0.0178	0.1001	0.0937	0.1016

表 1-2-4 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.7239$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.6563	-0.0676	0.1582	0.1593	0.1721
	CBA	2.6603	-0.0636	0.1587	0.1595	0.1709
	JK1	2.7104	-0.0135	0.1743	0.1740	0.1748
	JK2	2.7125	-0.0114	0.1761	0.1754	0.1765
	SH1	2.7833	0.0594	0.1648	0.1679	0.1752
	SH2	2.7308	0.0069	0.1669	0.1676	0.1670
	SH3	2.7573	0.0334	0.1697	0.1710	0.1730
100	MLE	2.6904	-0.0335	0.1286	0.1240	0.1329
	CBA	2.6918	-0.0321	0.1288	0.1241	0.1327
	JK1	2.7246	0.0007	0.1369	0.1315	0.1369
	JK2	2.7255	0.0016	0.1375	0.1320	0.1375
	SH1	2.7742	0.0503	0.1342	0.1295	0.1433
	SH2	2.7365	0.0127	0.1335	0.1285	0.1341
	SH3	2.7553	0.0314	0.1366	0.1314	0.1401
140	MLE	2.6894	-0.0345	0.1015	0.1101	0.1072
	CBA	2.6900	-0.0338	0.1015	0.1101	0.1070
	JK1	2.7136	-0.0103	0.1063	0.1150	0.1068
	JK2	2.7141	-0.0098	0.1066	0.1152	0.1070
	SH1	2.7515	0.0277	0.1057	0.1145	0.1093
	SH2	2.7224	-0.0015	0.1044	0.1132	0.1044
	SH3	2.7366	0.0127	0.1066	0.1158	0.1074
180	MLE	2.6998	-0.0241	0.0963	0.0962	0.0993
	CBA	2.7002	-0.0237	0.0964	0.0962	0.0993
	JK1	2.7189	-0.0049	0.1000	0.0997	0.1001
	JK2	2.7193	-0.0046	0.1002	0.0998	0.1003
	SH1	2.7492	0.0253	0.0998	0.0995	0.1030
	SH2	2.7257	0.0018	0.0987	0.0984	0.0987
	SH3	2.7368	0.0129	0.1007	0.1003	0.1015

表 1-2-5 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.7074$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.6461	-0.0613	0.1251	0.1368	0.1393
	CBA	2.6496	-0.0578	0.1254	0.1370	0.1381
	JK1	2.7017	-0.0057	0.1378	0.1494	0.1379
	JK2	2.7035	-0.0039	0.1391	0.1506	0.1391
	SH1	2.7650	0.0576	0.1262	0.1431	0.1387
	SH2	2.7144	0.0070	0.1286	0.1428	0.1288
	SH3	2.7433	0.0359	0.1287	0.1455	0.1336
100	MLE	2.6691	-0.0383	0.1075	0.1025	0.1142
	CBA	2.6704	-0.0370	0.1077	0.1025	0.1138
	JK1	2.7036	-0.0038	0.1141	0.1084	0.1142
	JK2	2.7042	-0.0032	0.1145	0.1088	0.1145
	SH1	2.7471	0.0397	0.1097	0.1059	0.1167
	SH2	2.7124	0.0050	0.1102	0.1054	0.1104
	SH3	2.7335	0.0261	0.1108	0.1070	0.1138
140	MLE	2.6775	-0.0299	0.0893	0.0873	0.0941
	CBA	2.6782	-0.0292	0.0893	0.0873	0.0940
	JK1	2.7024	-0.0050	0.0933	0.0911	0.0935
	JK2	2.7027	-0.0047	0.0935	0.0912	0.0936
	SH1	2.7364	0.0290	0.0916	0.0898	0.0961
	SH2	2.7095	0.0021	0.0916	0.0893	0.0916
	SH3	2.7261	0.0187	0.0922	0.0903	0.0941
180	MLE	2.6718	-0.0356	0.0772	0.0780	0.0850
	CBA	2.6721	-0.0353	0.0772	0.0780	0.0849
	JK1	2.6908	-0.0166	0.0798	0.0807	0.0816
	JK2	2.6910	-0.0164	0.0799	0.0808	0.0816
	SH1	2.7182	0.0108	0.0786	0.0800	0.0793
	SH2	2.6965	-0.0109	0.0786	0.0795	0.0793
	SH3	2.7099	0.0025	0.0790	0.0804	0.0790

表 1-2-6 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型六：

$S=100, p_i \sim c/(i-0.5), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.6483$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.5887	-0.0596	0.1093	0.1214	0.1245
	CBA	2.5921	-0.0562	0.1096	0.1215	0.1232
	JK1	2.6414	-0.0069	0.1181	0.1320	0.1184
	JK2	2.6427	-0.0056	0.1188	0.1329	0.1189
	SH1	2.6874	0.0390	0.1160	0.1253	0.1224
	SH2	2.6454	-0.0029	0.1142	0.1251	0.1143
	SH3	2.6722	0.0239	0.1135	0.1262	0.1160
100	MLE	2.6031	-0.0452	0.0826	0.0882	0.0941
	CBA	2.6044	-0.0439	0.0827	0.0882	0.0936
	JK1	2.6354	-0.0129	0.0865	0.0928	0.0875
	JK2	2.6359	-0.0125	0.0867	0.0930	0.0876
	SH1	2.6636	0.0153	0.0847	0.0902	0.0860
	SH2	2.6372	-0.0111	0.0836	0.0898	0.0844
	SH3	2.6566	0.0083	0.0831	0.0901	0.0835
140	MLE	2.6125	-0.0358	0.0658	0.0737	0.0749
	CBA	2.6132	-0.0352	0.0658	0.0737	0.0746
	JK1	2.6357	-0.0126	0.0681	0.0764	0.0692
	JK2	2.6360	-0.0123	0.0681	0.0765	0.0692
	SH1	2.6576	0.0093	0.0676	0.0749	0.0683
	SH2	2.6379	-0.0104	0.0669	0.0746	0.0677
	SH3	2.6533	0.0050	0.0666	0.0746	0.0668
180	MLE	2.6177	-0.0306	0.0577	0.0640	0.0653
	CBA	2.6181	-0.0303	0.0577	0.0640	0.0652
	JK1	2.6358	-0.0125	0.0592	0.0658	0.0605
	JK2	2.6360	-0.0123	0.0593	0.0659	0.0605
	SH1	2.6527	0.0044	0.0595	0.0649	0.0596
	SH2	2.6373	-0.0110	0.0588	0.0647	0.0598
	SH3	2.6495	0.0012	0.0585	0.0646	0.0586

表 1-2-7 系統演化樹為結構 A，物種相對豐富度為模型七：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=2.9309$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	2.8534	-0.0776	0.0806	0.1083	0.1119
	CBA	2.8576	-0.0734	0.0808	0.1084	0.1092
	JK1	2.9291	-0.0019	0.0896	0.1194	0.0897
	JK2	2.9345	0.0036	0.0907	0.1206	0.0908
	SH1	2.9673	0.0363	0.0745	0.1069	0.0829
	SH2	2.9309	0.0000	0.0814	0.1114	0.0814
	SH3	2.9538	0.0228	0.0748	0.1081	0.0782
100	MLE	2.8795	-0.0515	0.0607	0.0741	0.0796
	CBA	2.8808	-0.0501	0.0607	0.0741	0.0787
	JK1	2.9268	-0.0041	0.0647	0.0790	0.0648
	JK2	2.9291	-0.0018	0.0650	0.0794	0.0650
	SH1	2.9589	0.0280	0.0585	0.0733	0.0648
	SH2	2.9293	-0.0017	0.0615	0.0754	0.0615
	SH3	2.9487	0.0178	0.0562	0.0724	0.0589
140	MLE	2.8937	-0.0373	0.0485	0.0599	0.0612
	CBA	2.8943	-0.0366	0.0485	0.0599	0.0608
	JK1	2.9282	-0.0027	0.0510	0.0628	0.0511
	JK2	2.9295	-0.0014	0.0511	0.0630	0.0512
	SH1	2.9545	0.0235	0.0471	0.0596	0.0527
	SH2	2.9304	-0.0006	0.0493	0.0607	0.0493
	SH3	2.9462	0.0153	0.0454	0.0582	0.0479
180	MLE	2.8945	-0.0365	0.0500	0.0531	0.0619
	CBA	2.8948	-0.0361	0.0500	0.0531	0.0617
	JK1	2.9214	-0.0095	0.0520	0.0552	0.0528
	JK2	2.9223	-0.0087	0.0521	0.0552	0.0528
	SH1	2.9447	0.0138	0.0494	0.0534	0.0513
	SH2	2.9236	-0.0073	0.0507	0.0539	0.0512
	SH3	2.9378	0.0069	0.0470	0.0520	0.0475

附表二 群落物種大多屬於古老物種的模擬結果。

表 2-1-1 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=88.365$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	39.4093	-48.9558	2.8937	2.2296	49.0413
	CBA	80.7767	-7.5884	22.2030	5.7112	23.4639
	JK1	63.9142	-24.4509	6.6716	3.9790	25.3447
	JK2	78.6239	-9.7411	10.3641	4.9996	14.2233
	SH1	92.7815	4.4164	23.7503	7.1820	24.1574
	SH2	87.6261	-0.7390	19.3399	5.5737	19.3541
	SH3	90.1729	1.8079	23.2428	6.7500	23.3130
100	MLE	52.6147	-35.7504	2.9150	2.5216	35.8690
	CBA	74.3431	-14.0220	9.7416	4.8924	17.0738
	JK1	77.8729	-10.4922	5.9103	4.1437	12.0423
	JK2	88.6266	0.2615	8.2174	4.9050	8.2216
	SH1	90.5191	2.1540	12.0094	6.4691	12.2011
	SH2	87.0710	-1.2941	10.1455	5.1799	10.2277
	SH3	87.5976	-0.7675	11.0568	6.2701	11.0834
140	MLE	61.1236	-27.2415	2.9581	2.5850	27.4017
	CBA	73.5005	-14.8646	5.8362	4.3322	15.9692
	JK1	84.3965	-3.9685	5.2204	3.9605	6.5576
	JK2	91.2334	2.8683	6.4022	4.4722	7.0154
	SH1	90.6802	2.3151	7.7954	5.6710	8.1319
	SH2	87.7219	-0.6432	6.6215	4.6727	6.6527
	SH3	88.1175	-0.2476	7.2583	5.6864	7.2626
180	MLE	66.0722	-22.2929	2.6512	2.5567	22.4500
	CBA	73.6538	-14.7113	4.8076	4.0943	15.4769
	JK1	86.2327	-2.1323	4.3474	3.6915	4.8422
	JK2	90.2385	1.8734	5.2001	4.0177	5.5272
	SH1	90.5965	2.2314	6.9837	4.9614	7.3315
	SH2	87.5487	-0.8164	5.6994	4.1910	5.7576
	SH3	88.4803	0.1152	6.6295	5.1149	6.6305

表 2-1-2 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=74.2715$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	35.6915	-38.5800	2.9273	2.1351	38.6909
	CBA	63.6491	-10.6224	15.2042	5.0285	18.5474
	JK1	55.6314	-18.6401	6.2933	3.6649	19.6738
	JK2	66.3337	-7.9378	9.1697	4.4743	12.1281
	SH1	75.4687	1.1972	16.8172	6.2895	16.8597
	SH2	70.2344	-4.0371	13.5112	4.8809	14.1014
	SH3	72.6616	-1.6100	16.3633	5.9611	16.4423
100	MLE	46.6372	-27.6343	2.9978	2.3888	27.7965
	CBA	61.8895	-12.3821	8.3009	4.4203	14.9071
	JK1	66.3312	-7.9403	5.6480	3.7509	9.7441
	JK2	73.6477	-0.6239	7.4324	4.3064	7.4586
	SH1	77.0806	2.8091	10.6142	5.5781	10.9796
	SH2	72.2673	-2.0042	8.5819	4.5195	8.8128
	SH3	73.8615	-0.4100	9.9143	5.5066	9.9227
140	MLE	53.0213	-21.2503	2.9311	2.4063	21.4515
	CBA	62.2560	-12.0155	5.2604	4.1935	13.1166
	JK1	70.5020	-3.7696	4.8432	3.5126	6.1373
	JK2	75.0591	0.7876	5.6986	3.8544	5.7528
	SH1	78.1161	3.8446	7.1858	4.8374	8.1497
	SH2	73.2844	-0.9871	5.9056	4.0235	5.9875
	SH3	75.1522	0.8807	6.9961	4.9229	7.0514
180	MLE	56.8052	-17.4663	2.5316	2.3663	17.6488
	CBA	62.6142	-11.6573	4.5689	4.2143	12.5206
	JK1	71.8644	-2.4071	3.8038	3.2559	4.5015
	JK2	74.6405	0.3689	4.2575	3.4620	4.2735
	SH1	78.3252	4.0537	5.5108	4.2831	6.8411
	SH2	73.3151	-0.9564	4.4620	3.6397	4.5633
	SH3	75.6127	1.3412	5.5255	4.4693	5.6860

表 2-1-3 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+10), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=73.1812$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	35.0669	-38.1143	3.3087	2.1566	38.2577
	CBA	64.1908	-8.9904	18.7054	5.0215	20.7537
	JK1	54.5152	-18.6661	7.0002	3.6705	19.9355
	JK2	65.0371	-8.1442	10.1227	4.4632	12.9922
	SH1	76.4863	3.3051	20.4230	6.3080	20.6887
	SH2	69.3228	-3.8584	15.7269	4.8894	16.1933
	SH3	73.0071	-0.1741	20.2383	6.0150	20.2391
100	MLE	44.8669	-28.3143	3.2692	2.4480	28.5024
	CBA	62.8057	-10.3755	9.6506	4.3540	14.1698
	JK1	63.7630	-9.4182	6.0293	3.7791	11.1828
	JK2	71.3758	-1.8054	7.8487	4.3012	8.0536
	SH1	79.1225	5.9413	11.7701	5.5523	13.1846
	SH2	70.6679	-2.5134	8.9601	4.5315	9.3059
	SH3	74.3741	1.1928	11.1809	5.5390	11.2443
140	MLE	51.4035	-21.7778	2.8872	2.5176	21.9683
	CBA	62.7237	-10.4575	5.9603	4.0592	12.0368
	JK1	68.7365	-4.4447	4.7073	3.6299	6.4741
	JK2	73.9931	0.8118	5.5467	3.9649	5.6058
	SH1	79.9789	6.7977	7.4211	4.9471	10.0639
	SH2	71.8063	-1.3749	5.8025	4.1614	5.9632
	SH3	74.9758	1.7946	7.3943	5.0740	7.6089
180	MLE	55.3342	-17.8470	3.0821	2.4827	18.1112
	CBA	62.7254	-10.4558	4.5409	4.0137	11.3993
	JK1	70.6006	-2.5806	4.5876	3.3938	5.2636
	JK2	74.0704	0.8892	5.1255	3.6134	5.2020
	SH1	79.1706	5.9894	6.1878	4.4801	8.6117
	SH2	71.6771	-1.5041	5.3993	3.8112	5.6049
	SH3	74.4870	1.3058	6.3912	4.6607	6.5232



表 2-1-4 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=55.6104$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	28.5236	-27.0868	3.6952	2.0794	27.3376
	CBA	49.6477	-5.9627	14.9558	4.3018	16.1006
	JK1	42.1190	-13.4913	6.9077	3.2760	15.1569
	JK2	48.9735	-6.6369	9.1515	3.7980	11.3048
	SH1	60.2777	4.6673	16.2295	5.1384	16.8872
	SH2	50.0421	-5.5683	12.1641	4.0631	13.3781
	SH3	55.9024	0.2920	15.2907	5.0046	15.2935
100	MLE	35.3659	-20.2444	3.4713	2.3862	20.5399
	CBA	49.3741	-6.2362	7.9571	3.7770	10.1097
	JK1	48.4556	-7.1548	5.7050	3.4189	9.1508
	JK2	53.7562	-1.8542	6.9602	3.7512	7.2029
	SH1	60.4744	4.8640	9.7726	4.7037	10.9162
	SH2	50.7910	-4.8194	7.4402	3.8880	8.8647
	SH3	55.9418	0.3314	9.8733	4.6183	9.8788
140	MLE	39.7268	-15.8835	3.2802	2.4645	16.2187
	CBA	49.1922	-6.4181	5.7673	3.5770	8.6287
	JK1	51.7016	-3.9088	5.0083	3.3304	6.3531
	JK2	55.6093	-0.0011	5.7930	3.5469	5.7930
	SH1	59.7505	4.1401	7.4291	4.3401	8.5048
	SH2	51.5975	-4.0129	5.7610	3.6288	7.0209
	SH3	55.2212	-0.3892	7.1256	4.1925	7.1362
180	MLE	42.5429	-13.0675	3.3522	2.4526	13.4906
	CBA	49.3022	-6.3082	4.8344	3.5190	7.9476
	JK1	53.2515	-2.3589	4.6737	3.1728	5.2353
	JK2	56.0863	0.4759	5.1452	3.3187	5.1671
	SH1	58.9432	3.3328	6.5936	4.0061	7.3881
	SH2	52.0644	-3.5460	5.2944	3.3822	6.3722
	SH3	54.7649	-0.8455	6.1839	3.8219	6.2414

表 2-1-5 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=37.6467$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	20.4510	-17.1958	3.7071	1.9645	17.5908
	CBA	33.5170	-4.1298	10.9056	3.6121	11.6613
	JK1	28.5571	-9.0897	6.1759	2.8113	10.9893
	JK2	32.4347	-5.2120	7.6769	3.0989	9.2790
	SH1	37.1187	-0.5280	12.0348	3.9439	12.0464
	SH2	29.9963	-7.6504	8.5193	3.1842	11.4502
	SH3	36.7756	-0.8711	13.0359	3.7564	13.0650
100	MLE	24.6340	-13.0128	3.2370	2.2096	13.4093
	CBA	33.6424	-4.0044	6.6042	3.1894	7.7234
	JK1	32.4067	-5.2400	4.9520	2.9368	7.2097
	JK2	35.5178	-2.1290	5.8263	3.1224	6.2031
	SH1	36.2277	-1.4190	6.8854	3.6542	7.0302
	SH2	31.0347	-6.6121	5.1995	3.0414	8.4116
	SH3	37.3522	-0.2945	7.9869	3.3262	7.9924
140	MLE	27.4820	-10.1647	3.0341	2.2766	10.6079
	CBA	34.3420	-3.3047	4.6686	2.9938	5.7199
	JK1	34.8104	-2.8364	4.3035	2.9007	5.1541
	JK2	37.3513	-0.2954	4.8070	3.0264	4.8160
	SH1	36.5717	-1.0751	5.0995	3.3780	5.2116
	SH2	32.4527	-5.1940	4.1512	2.8847	6.6491
	SH3	38.3384	0.6916	5.5520	3.0225	5.5949
180	MLE	29.2210	-8.4258	3.1927	2.2539	9.0104
	CBA	34.0292	-3.6175	4.4130	2.8747	5.7062
	JK1	35.8072	-1.8395	4.2699	2.7779	4.6493
	JK2	37.6926	0.0458	4.6505	2.8646	4.6508
	SH1	36.3489	-1.2978	4.9771	3.1301	5.1435
	SH2	33.0932	-4.5535	4.1609	2.7258	6.1683
	SH3	37.5352	-0.1115	4.8757	2.7875	4.8770

表 2-1-6 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型六：

$S=100, p_i \sim c/(i-0.5), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=25.7654$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	14.7885	-10.9769	3.1546	1.7879	11.4212
	CBA	23.4421	-2.3233	7.5686	3.0299	7.9172
	JK1	19.8527	-5.9127	4.8682	2.4080	7.6590
	JK2	22.2235	-3.5419	5.8088	2.5822	6.8034
	SH1	22.7587	-3.0067	7.2752	3.0106	7.8720
	SH2	19.1084	-6.6570	5.4082	2.4886	8.5769
	SH3	25.0588	-0.7065	8.6953	2.7857	8.7240
100	MLE	17.3434	-8.4220	2.6522	1.9347	8.8297
	CBA	23.4090	-2.3564	4.6609	2.6769	5.2227
	JK1	22.1683	-3.5971	3.8449	2.4579	5.2652
	JK2	24.1103	-1.6551	4.4045	2.5713	4.7052
	SH1	22.5031	-3.2623	4.1695	2.7179	5.2941
	SH2	20.1123	-5.6531	3.4464	2.3564	6.6208
	SH3	27.2481	1.4827	6.8358	2.5113	6.9948
140	MLE	19.0652	-6.7001	2.5784	1.9443	7.1792
	CBA	23.6502	-2.1152	4.0660	2.4417	4.5833
	JK1	23.5745	-2.1909	3.5520	2.3885	4.1733
	JK2	25.1640	-0.6013	3.9699	2.4664	4.0152
	SH1	23.0262	-2.7392	3.7042	2.5078	4.6070
	SH2	21.1853	-4.5800	3.1686	2.2413	5.5693
	SH3	28.5239	2.7585	5.5725	2.3387	6.2179
180	MLE	20.3254	-5.4400	2.5881	1.9058	6.0242
	CBA	23.9187	-1.8467	3.5778	2.2906	4.0263
	JK1	24.4964	-1.2689	3.3873	2.2805	3.6171
	JK2	25.7843	0.0189	3.6896	2.3345	3.6896
	SH1	23.5668	-2.1986	3.5128	2.3411	4.1441
	SH2	22.0551	-3.7103	3.0753	2.1324	4.8191
	SH3	28.7877	3.0224	4.6867	2.1997	5.5767

表 2-1-7 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型七：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1, \text{True}=59.2193$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	30.7958	-28.4235	2.7477	2.0587	28.5560
	CBA	51.2691	-7.9502	12.6368	4.6385	14.9296
	JK1	45.8546	-13.3648	5.4008	3.3328	14.4148
	JK2	53.1907	-6.0286	7.3953	3.9129	9.5412
	SH1	62.9651	3.7458	14.3242	5.3696	14.8058
	SH2	55.0366	-4.1827	10.1858	4.1985	11.0111
	SH3	59.2290	0.0097	14.0107	5.1909	14.0107
100	MLE	38.1442	-21.0751	3.0103	2.2446	21.2890
	CBA	49.4965	-9.7228	6.5333	4.1453	11.7140
	JK1	51.9004	-7.3189	5.0717	3.2885	8.9044
	JK2	56.7087	-2.5106	6.1916	3.6340	6.6812
	SH1	62.8649	3.6456	8.3902	4.6493	9.1480
	SH2	55.2608	-3.9585	6.7978	3.8162	7.8664
	SH3	58.5101	-0.7092	8.3553	4.6713	8.3853
140	MLE	42.7712	-16.4481	2.9466	2.2673	16.7099
	CBA	50.7368	-8.4825	5.0452	4.0588	9.8695
	JK1	55.0224	-4.1969	4.4576	3.1066	6.1225
	JK2	58.3758	-0.8435	5.0975	3.3164	5.1668
	SH1	63.9939	4.7746	6.8580	4.1672	8.3564
	SH2	56.5904	-2.6289	5.4289	3.4850	6.0319
	SH3	59.8332	0.6139	6.7972	4.2414	6.8249
180	MLE	45.4067	-13.8126	2.7315	2.2631	14.0801
	CBA	51.3795	-7.8398	3.9580	3.9654	8.7823
	JK1	56.1835	-3.0358	3.7908	2.9509	4.8566
	JK2	58.6339	-0.5854	4.1382	3.0837	4.1794
	SH1	63.8144	4.5951	5.6533	3.8378	7.2852
	SH2	56.8064	-2.4129	4.5398	3.2352	5.1412
	SH3	59.8278	0.6085	5.8103	3.8962	5.8420

表 2-2-1 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=83.5129$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	35.3046	-48.2083	3.1507	2.4317	48.3111
	CBA	63.8353	-19.6777	15.0980	3.8198	24.8024
	JK1	55.1340	-28.3789	6.8110	4.2848	29.1848
	JK2	66.3472	-17.1657	9.9488	5.3405	19.8404
	SH1	88.8368	5.3239	20.4186	6.0688	21.1012
	SH2	79.9139	-3.5991	16.1812	5.4739	16.5766
	SH3	74.2987	-9.2142	15.0929	5.7669	17.6832
100	MLE	46.0483	-37.4646	3.0406	2.7614	37.5878
	CBA	59.5595	-23.9534	6.8057	3.5754	24.9015
	JK1	66.4055	-17.1075	5.8181	4.5359	18.0698
	JK2	75.5084	-8.0045	7.7033	5.3895	11.1091
	SH1	87.7980	4.2851	10.7289	5.6722	11.5530
	SH2	81.3099	-2.2031	9.1438	5.5780	9.4055
	SH3	76.6124	-6.9005	9.0685	6.0334	11.3954
140	MLE	52.9911	-30.5218	3.1754	2.8735	30.6865
	CBA	60.0332	-23.4797	4.4955	3.3441	23.9062
	JK1	72.3134	-11.1995	5.5608	4.4747	12.5040
	JK2	79.4790	-4.0339	6.9005	5.1445	7.9931
	SH1	87.9516	4.4386	6.8998	5.2082	8.2042
	SH2	82.2758	-1.2372	6.6045	5.3370	6.7194
	SH3	78.4696	-5.0433	7.0849	5.8977	8.6966
180	MLE	57.1967	-26.3162	2.8174	2.8469	26.4666
	CBA	61.1405	-22.3725	3.5982	3.1213	22.6600
	JK1	74.7379	-8.7750	4.5841	4.2338	9.9002
	JK2	80.2346	-3.2783	5.4148	4.7421	6.3299
	SH1	87.6675	4.1546	6.0680	4.7811	7.3540
	SH2	81.8622	-1.6508	5.3453	4.9072	5.5944
	SH3	79.6390	-3.8739	6.0259	5.5278	7.1637

表 2-2-2 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=65.3754$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	31.9094	-33.4660	2.9013	2.3434	33.5916
	CBA	50.4474	-14.9281	11.1582	3.3814	18.6374
	JK1	47.9842	-17.3912	5.9869	4.0222	18.3928
	JK2	56.1474	-9.2280	8.4086	4.9222	12.4844
	SH1	73.4131	8.0376	16.2241	5.3975	18.1059
	SH2	64.4306	-0.9449	12.1530	4.9621	12.1896
	SH3	60.9480	-4.4274	11.7643	5.2688	12.5698
100	MLE	39.8990	-25.4764	3.2303	2.6423	25.6804
	CBA	48.6060	-16.7694	5.6514	3.1989	17.6961
	JK1	55.0623	-10.3131	5.8078	4.1801	11.8360
	JK2	60.9012	-4.4742	7.3380	4.8500	8.5945
	SH1	74.4149	9.0395	8.7761	5.1241	12.5989
	SH2	65.2377	-0.1377	8.1270	5.0140	8.1282
	SH3	62.9113	-2.4642	8.6344	5.4340	8.9792
140	MLE	45.2949	-20.0806	3.1212	2.6865	20.3217
	CBA	49.8528	-15.5227	4.0566	2.9913	16.0440
	JK1	59.3147	-6.0607	5.1158	4.0202	7.9312
	JK2	63.7332	-1.6422	6.0667	4.5168	6.2851
	SH1	74.5185	9.1431	6.6132	4.7341	11.2841
	SH2	66.2706	0.8951	6.3464	4.6709	6.4092
	SH3	64.7366	-0.6389	6.9481	5.1898	6.9774
180	MLE	48.0098	-17.3656	2.7212	2.6385	17.5775
	CBA	50.6611	-14.7143	3.0830	2.8056	15.0338
	JK1	60.2754	-5.1001	4.1731	3.7649	6.5898
	JK2	63.4765	-1.8989	4.7517	4.1263	5.1171
	SH1	73.6438	8.2684	4.8498	4.3746	9.5857
	SH2	65.1624	-0.2130	4.9930	4.2288	4.9976
	SH3	64.8691	-0.5063	5.4205	4.8045	5.4441

表 2-2-3 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+10), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=59.3195$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	30.5902	-28.7293	3.6679	2.3823	28.9625
	CBA	47.9204	-11.3991	12.4341	3.3772	16.8686
	JK1	45.3816	-13.9379	7.4110	4.0452	15.7857
	JK2	52.6038	-6.7157	10.2623	4.9170	12.2644
	SH1	71.6266	12.3071	17.0550	5.4154	21.0319
	SH2	60.8743	1.5548	13.9365	5.0022	14.0229
	SH3	57.6202	-1.6993	14.0705	5.3455	14.1728
100	MLE	37.6432	-21.6763	3.4702	2.7346	21.9523
	CBA	45.9119	-13.4076	6.0657	3.2522	14.7159
	JK1	51.0912	-8.2283	6.0883	4.2676	10.2359
	JK2	55.9305	-3.3891	7.5608	4.9116	8.2856
	SH1	72.3544	13.0349	9.8149	5.2710	16.3169
	SH2	60.0416	0.7221	8.7037	5.1063	8.7336
	SH3	58.3832	-0.9363	9.1563	5.5483	9.2040
140	MLE	42.3498	-16.9697	3.1984	2.8609	17.2684
	CBA	46.9373	-12.3822	4.0435	3.1568	13.0257
	JK1	54.5224	-4.7971	5.1503	4.2179	7.0383
	JK2	58.0441	-1.2755	6.0398	4.7001	6.1730
	SH1	72.2112	12.8917	6.6371	5.1539	14.4999
	SH2	60.4794	1.1599	6.5530	4.8538	6.6548
	SH3	59.1262	-0.1933	7.2067	5.4096	7.2093
180	MLE	45.1593	-14.1602	3.4513	2.8476	14.5747
	CBA	47.8310	-11.4885	4.0060	3.0317	12.1669
	JK1	55.9542	-3.3653	5.1921	4.0115	6.1874
	JK2	58.5596	-0.7599	5.8501	4.3685	5.8993
	SH1	70.8102	11.4907	6.6181	4.9110	13.2603
	SH2	60.1058	0.7863	6.1433	4.4605	6.1935
	SH3	59.2156	-0.1039	7.0000	5.0800	7.0007

表 2-2-4 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=34.5589$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	22.9710	-11.5879	4.0975	2.3268	12.2910
	CBA	30.9366	-3.6223	8.9446	2.8917	9.6502
	JK1	31.0250	-3.5340	7.2768	3.6803	8.0895
	JK2	33.8318	-0.7271	9.1050	4.2752	9.1340
	SH1	49.3632	14.8042	14.3872	4.7656	20.6435
	SH2	37.7867	3.2278	11.1840	4.3838	11.6405
	SH3	36.7748	2.2159	11.1189	4.6363	11.3375
100	MLE	26.3103	-8.2487	3.8350	2.6852	9.0966
	CBA	29.7327	-4.8262	5.1394	2.9690	7.0502
	JK1	32.5297	-2.0292	5.8668	3.8479	6.2078
	JK2	33.9453	-0.6137	6.6492	4.2220	6.6774
	SH1	45.0505	10.4915	9.5432	5.0746	14.1825
	SH2	35.7143	1.1553	7.0723	4.3423	7.1660
	SH3	34.9442	0.3853	7.2976	4.5622	7.3078
140	MLE	28.4500	-6.1090	3.4024	2.7638	6.9926
	CBA	30.3334	-4.2255	3.9786	2.9266	5.8038
	JK1	33.6112	-0.9478	4.7994	3.7283	4.8920
	JK2	34.5008	-0.0582	5.2113	3.9756	5.2116
	SH1	42.9822	8.4233	7.1414	4.8867	11.0432
	SH2	35.6149	1.0559	5.3807	4.0341	5.4833
	SH3	34.7299	0.1710	5.4323	4.1993	5.4350
180	MLE	29.7323	-4.8266	3.7358	2.7493	6.1035
	CBA	30.8951	-3.6638	4.0796	2.8529	5.4833
	JK1	34.1239	-0.4351	4.9855	3.5521	5.0044
	JK2	34.7411	0.1822	5.2855	3.7239	5.2886
	SH1	41.5391	6.9802	6.8784	4.5423	9.7998
	SH2	35.5509	0.9919	5.3725	3.7526	5.4633
	SH3	34.6948	0.1359	5.4046	3.8847	5.4063



表 2-2-5 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=16.3018$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e	RMSE
60	MLE	13.7550	-2.5469	3.6248	2.1205	4.4301
	CBA	15.8266	-0.4752	5.2851	2.3592	5.3064
	JK1	16.1987	-0.1031	5.3060	2.9805	5.3070
	JK2	16.5220	0.2201	5.8375	3.2379	5.8417
	SH1	22.7972	6.4954	9.4041	4.0100	11.4293
	SH2	18.0488	1.7469	6.4225	3.3490	6.6558
	SH3	18.0305	1.7287	6.6158	3.3778	6.8380
100	MLE	14.6083	-1.6935	2.7012	2.2431	3.1882
	CBA	15.4348	-0.8670	3.0555	2.3526	3.1761
	JK1	16.1147	-0.1872	3.4275	2.8388	3.4326
	JK2	16.1914	-0.1104	3.5378	2.9441	3.5395
	SH1	19.7517	3.4498	4.8253	3.7200	5.9317
	SH2	17.0534	0.7515	3.7028	3.0166	3.7783
	SH3	17.0074	0.7056	3.5396	2.9196	3.6092
140	MLE	15.2181	-1.0837	2.4375	2.1800	2.6676
	CBA	15.6996	-0.6022	2.5997	2.2418	2.6685
	JK1	16.3563	0.0545	2.9292	2.6127	2.9297
	JK2	16.3925	0.0907	2.9830	2.6667	2.9843
	SH1	18.9503	2.6484	3.7815	3.2576	4.6167
	SH2	17.0122	0.7104	3.0789	2.7186	3.1598
	SH3	16.9462	0.6444	2.8892	2.6102	2.9601
180	MLE	15.5363	-0.7656	2.6660	2.0915	2.7737
	CBA	15.8316	-0.4702	2.7807	2.1308	2.8202
	JK1	16.4533	0.1515	3.0940	2.4226	3.0977
	JK2	16.4753	0.1735	3.1309	2.4544	3.1357
	SH1	18.4776	2.1757	3.7797	2.9061	4.3612
	SH2	16.9613	0.6595	3.2011	2.4932	3.2683
	SH3	16.8201	0.5183	3.0452	2.3989	3.0890

表 2-2-6 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型六：

$S=100, p_i \sim c/(i-0.5), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True}=8.7313$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	8.3165	-0.4149	2.4813	1.6887	2.5158
	CBA	8.9135	0.1821	3.0018	1.7905	3.0074
	JK1	8.9096	0.1783	3.1340	2.1297	3.1390
	JK2	8.8738	0.1425	3.2286	2.2012	3.2318
	SH1	11.1701	2.4388	4.7698	2.8377	5.3571
	SH2	9.6625	0.9312	3.5333	2.3115	3.6540
	SH3	10.1265	1.3952	3.6240	2.2250	3.8832
100	MLE	8.3756	-0.3558	1.5440	1.5650	1.5845
	CBA	8.6074	-0.1239	1.6369	1.6051	1.6416
	JK1	8.6557	-0.0756	1.7172	1.7854	1.7189
	JK2	8.6281	-0.1032	1.7132	1.7954	1.7163
	SH1	9.8358	1.1045	2.1411	2.1973	2.4092
	SH2	9.0806	0.3493	1.8283	1.8741	1.8613
	SH3	9.6903	0.9590	1.9071	1.7797	2.1346
140	MLE	8.5464	-0.1849	1.4132	1.4234	1.4253
	CBA	8.6821	-0.0492	1.4665	1.4449	1.4673
	JK1	8.7445	0.0132	1.5271	1.5619	1.5271
	JK2	8.7288	-0.0025	1.5243	1.5643	1.5243
	SH1	9.5883	0.8570	1.7975	1.8267	1.9914
	SH2	9.0542	0.3229	1.5983	1.6196	1.6306
	SH3	9.5560	0.8247	1.5816	1.5484	1.7837
180	MLE	8.7350	0.0036	1.4978	1.3225	1.4978
	CBA	8.8247	0.0933	1.5346	1.3357	1.5375
	JK1	8.8964	0.1651	1.5986	1.4226	1.6071
	JK2	8.8864	0.1551	1.5973	1.4236	1.6048
	SH1	9.5698	0.8385	1.8177	1.6124	2.0018
	SH2	9.1439	0.4126	1.6529	1.4639	1.7036
	SH3	9.5850	0.8537	1.6336	1.4084	1.8432

表 2-2-7 系統演化樹為結構 B，物種相對豐富度為模型七：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2, \text{True} = 48.7429$

n	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE
60	MLE	27.3629	-21.3800	3.4726	2.2886	21.6602
	CBA	38.6628	-10.0801	8.8080	3.0259	13.3862
	JK1	39.0284	-9.7145	6.6103	3.7723	11.7502
	JK2	44.0416	-4.7014	8.6978	4.4944	9.8871
	SH1	59.5860	10.8431	13.1854	4.8728	17.0712
	SH2	49.5182	0.7753	10.8633	4.5502	10.8909
	SH3	47.2866	-1.4563	10.5044	4.8146	10.6048
100	MLE	33.7169	-15.0261	3.4596	2.5433	15.4192
	CBA	38.9811	-9.7619	5.2086	2.9165	11.0645
	JK1	44.3881	-4.3548	5.7822	3.8589	7.2386
	JK2	47.7998	-0.9432	6.9364	4.3686	7.0002
	SH1	60.5635	11.8205	8.7009	4.7545	14.6776
	SH2	50.5836	1.8407	7.6483	4.5115	7.8666
	SH3	49.0974	0.3544	7.7928	4.8731	7.8008
140	MLE	36.5932	-12.1497	3.4810	2.5850	12.6385
	CBA	39.3652	-9.3777	4.2603	2.7764	10.3001
	JK1	45.5751	-3.1679	5.2874	3.6782	6.1638
	JK2	47.8090	-0.9339	5.9827	4.0246	6.0552
	SH1	58.7204	9.9775	7.3211	4.5177	12.3753
	SH2	49.4010	0.6581	6.3093	4.1184	6.3436
	SH3	48.6440	-0.0990	7.0166	4.5370	7.0173
180	MLE	38.6937	-10.0492	3.2446	2.5981	10.5600
	CBA	40.3669	-8.3761	3.5655	2.7136	9.1034
	JK1	46.5040	-2.2390	4.6429	3.5349	5.1546
	JK2	48.1034	-0.6396	5.0929	3.7879	5.1329
	SH1	57.5235	8.7805	5.9598	4.3443	10.6121
	SH2	49.1355	0.3926	5.2351	3.8397	5.2498
	SH3	48.6531	-0.0899	5.9135	4.2654	5.9142

附表三 以實際資料為母體模型的模擬結果

表 3-1 後龍溪溪口鳥類資料:

$S=150, CV=1.483, Rep.=200, Bootstrap=200, q=1, True=24.2078$

	方法	Estimate	Bias	Sample		Estimated	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample		Estimated	RMSE
				s.e.	s.e.						s.e.	s.e.		
n=100	MLE	18.1968	-6.0110	1.3407	1.0585	6.1587	n=220	MLE	20.9193	-3.2885	1.1503	0.9423	3.4839	
	CBA	20.6059	-3.6019	2.4774	1.579	4.3716		CBA	23.1376	-1.0702	1.5183	1.2743	1.8576	
	JK1	22.1924	-2.0155	1.8985	1.3618	2.7688		JK1	23.5086	-0.6993	1.3973	1.0880	1.5625	
	JK2	23.3252	-0.8827	2.1320	1.4270	2.3075		JK2	23.9736	-0.2342	1.4575	1.1001	1.4762	
	SH1	25.5721	1.3643	2.7357	1.6682	3.0570		SH1	25.5989	1.3911	1.7219	1.2424	2.2136	
	SH2	22.9953	-1.2125	2.2068	1.4434	2.5179		SH2	23.6568	-0.5510	1.4601	1.1116	1.5606	
	SH3	24.5868	0.3790	2.6786	1.6609	2.7053		SH3	24.9345	0.7267	1.6890	1.2297	1.8387	
n=140	MLE	19.6613	-4.5465	1.3507	1.0323	4.7429	n=260	MLE	21.1883	-3.0195	1.0120	0.8960	3.1846	
	CBA	21.8507	-2.3571	2.0836	1.4229	3.1460		CBA	23.2919	-0.9159	1.3882	1.1295	1.6631	
	JK1	23.1053	-1.1026	1.7950	1.2645	2.1066		JK1	23.4732	-0.7346	1.2041	1.0148	1.4105	
	JK2	23.9114	-0.2964	1.9436	1.3005	1.9661		JK2	23.8389	-0.3689	1.2528	1.0210	1.3059	
	SH1	25.9067	1.6989	2.3399	1.4993	2.8916		SH1	25.3003	1.0924	1.4891	1.1404	1.8469	
	SH2	23.5160	-0.6918	1.9237	1.3149	2.0443		SH2	23.5537	-0.6541	1.2677	1.0305	1.4265	
	SH3	24.9983	0.7904	2.2816	1.4923	2.4146		SH3	24.7169	0.5090	1.4669	1.1265	1.5527	
n=180	MLE	20.4214	-3.7864	1.2019	0.9842	3.9726	n=300	MLE	21.5455	-2.6624	0.9216	0.8622	2.8174	
	CBA	22.9889	-1.2189	1.6027	1.2448	2.0135		CBA	23.4257	-0.7821	1.1047	1.0623	1.3515	
	JK1	23.3841	-0.8237	1.5344	1.1650	1.7415		JK1	23.6211	-0.5867	1.0784	0.9634	1.2277	
	JK2	23.9845	-0.2234	1.6397	1.1848	1.6548		JK2	23.9306	-0.2773	1.1076	0.9677	1.1418	
	SH1	25.7534	1.5456	1.9637	1.3484	2.4990		SH1	25.2688	1.0609	1.2584	1.0724	1.6459	
	SH2	23.6047	-0.6032	1.6294	1.1959	1.7374		SH2	23.6640	-0.5439	1.0991	0.9757	1.2263	
	SH3	24.9924	0.7846	1.9073	1.3382	2.0624		SH3	24.7507	0.5429	1.2257	1.0567	1.3406	

表 3-2 後龍溪溪口鳥類資料:

$S=150$ ,  $CV=1.483$ ,  $Rep.=200$ ,  $Bootstrap=200$ ,  $q=2$ ,  $True = 9.0592$

	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE
				s.e.	s.e					s.e.	s.e	
n=100	MLE	8.4607	-0.5985	0.8597	0.7503	1.0475	MLE	8.7685	-0.2907	0.6886	0.5838	0.7475
	CBA	8.6320	-0.4272	0.9039	0.7646	0.9998	CBA	8.8035	-0.2557	0.6942	0.5862	0.7398
	JK1	8.8889	-0.1703	0.9666	0.8410	0.9814	JK1	8.9891	-0.0701	0.7289	0.6181	0.7323
	JK2	8.9564	-0.1028	0.9827	0.8537	0.9881	n=220 JK2	9.0102	-0.0490	0.7328	0.6211	0.7344
	SH1	9.6792	0.6200	1.1436	0.9671	1.3008	SH1	9.3795	0.3203	0.7926	0.6688	0.8549
	SH2	9.1599	0.1007	1.0209	0.8800	1.0259	SH2	9.0934	0.0342	0.7441	0.6297	0.7449
	SH3	9.2393	0.1801	1.0228	0.8813	1.0385	SH3	9.1462	0.0870	0.7428	0.6307	0.7478
n=140	MLE	8.7220	-0.3372	0.8082	0.6871	0.8757	MLE	8.7180	-0.3412	0.5569	0.5388	0.6532
	CBA	8.8135	-0.2457	0.8288	0.6943	0.8644	CBA	8.7418	-0.3174	0.5608	0.5403	0.6444
	JK1	9.0565	-0.0027	0.8818	0.7493	0.8818	JK1	8.9036	-0.1556	0.5844	0.5654	0.6047
	JK2	9.0997	0.0405	0.8907	0.7565	0.8916	n=260 JK2	8.9192	-0.1400	0.5866	0.5675	0.6031
	SH1	9.6627	0.6035	1.0027	0.8388	1.1703	SH1	9.2294	0.1702	0.6280	0.6050	0.6507
	SH2	9.2406	0.1814	0.9141	0.7732	0.9319	SH2	8.9871	-0.0721	0.5941	0.5741	0.5984
	SH3	9.3067	0.2475	0.9128	0.7744	0.9458	SH3	9.0344	-0.0248	0.5965	0.5753	0.5970
n=180	MLE	8.7834	-0.2758	0.6761	0.6249	0.7302	MLE	8.8413	-0.2179	0.4964	0.5068	0.5421
	CBA	8.8380	-0.2212	0.6874	0.6288	0.7221	CBA	8.8595	-0.1997	0.4988	0.5079	0.5373
	JK1	9.0511	-0.0081	0.7240	0.6694	0.7241	JK1	9.0088	-0.0505	0.5183	0.5290	0.5208
	JK2	9.0805	0.0213	0.7290	0.6738	0.7293	n=300 JK2	9.0213	-0.0379	0.5199	0.5305	0.5213
	SH1	9.5301	0.4709	0.8027	0.7347	0.9306	SH1	9.2991	0.2398	0.5523	0.5618	0.6022
	SH2	9.1856	0.1264	0.7432	0.6853	0.7539	SH2	9.0803	0.0211	0.5254	0.5358	0.5258
	SH3	9.2492	0.1900	0.7465	0.6864	0.7703	SH3	9.1237	0.0645	0.5262	0.5368	0.5301

表 3-3 客雅溪溪口鳥類資料:

$S=149$ ,  $CV=3.53$ ,  $Rep.=200$ ,  $Bootstrap=200$ ,  $q=1$ ,  $True=12.0238$

	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE
				s.e.	s.e					s.e.	s.e	
n=100	MLE	10.1070	-1.9168	0.9267	0.7186	2.1291	MLE	10.9267	-1.0971	0.6778	0.5871	1.2895
	CBA	10.7248	-1.299	1.2038	0.8621	1.7710	CBA	11.5947	-0.4291	0.7923	0.6477	0.9010
	JK1	11.4161	-0.6077	1.1576	0.8322	1.3074	JK1	11.7422	-0.2816	0.7661	0.6397	0.8162
	JK2	11.7429	-0.2808	1.2340	0.8462	1.2656	n=220 JK2	11.8810	-0.1428	0.7889	0.6421	0.8017
	SH1	12.1546	0.1308	1.4090	0.9734	1.4150	SH1	11.9891	-0.0347	0.8652	0.6952	0.8659
	SH2	11.2333	-0.7905	1.1894	0.8577	1.4281	SH2	11.4937	-0.5301	0.7751	0.6423	0.9390
	SH3	12.0298	0.0060	1.3762	0.9325	1.3762	SH3	11.9916	-0.0322	0.8392	0.6647	0.8399
n=140	MLE	10.5798	-1.4440	0.8024	0.6628	1.6519	MLE	11.0749	-0.9489	0.6119	0.5588	1.1291
	CBA	11.0688	-0.955	0.9772	0.6838	1.3663	CBA	11.6327	-0.3911	0.7178	0.6034	0.8174
	JK1	11.6752	-0.3486	0.9515	0.7460	1.0134	JK1	11.8001	-0.2237	0.6855	0.6019	0.7211
	JK2	11.9125	-0.1113	0.9913	0.7531	0.9975	n=260 JK2	11.9087	-0.1151	0.7023	0.6022	0.7116
	SH1	12.1807	0.1569	1.1165	0.8454	1.1275	SH1	11.9874	-0.0364	0.7586	0.6446	0.7594
	SH2	11.4478	-0.5759	0.9667	0.7588	1.1253	SH2	11.5592	-0.4646	0.6869	0.6021	0.8292
	SH3	12.1212	0.0974	1.1008	0.8086	1.1051	SH3	11.9968	-0.0270	0.7260	0.6172	0.7265
n=180	MLE	10.7512	-1.2726	0.6679	0.6179	1.4372	MLE	11.1402	-0.8836	0.6165	0.5285	1.0774
	CBA	11.2728	-0.7510	0.8271	0.6519	1.1171	CBA	11.4651	-0.5587	0.6657	0.5369	0.8690
	JK1	11.6830	-0.3408	0.7778	0.6822	0.8491	JK1	11.8013	-0.2225	0.6823	0.5656	0.7176
	JK2	11.8645	-0.1592	0.8066	0.6859	0.8222	n=300 JK2	11.9036	-0.1202	0.6946	0.5663	0.7049
	SH1	12.0391	0.0153	0.8951	0.7547	0.8952	SH1	11.9855	-0.0383	0.7397	0.6017	0.7407
	SH2	11.4430	-0.5808	0.7844	0.6884	0.9760	SH2	11.5884	-0.4353	0.6791	0.5653	0.8067
	SH3	12.0226	-0.0012	0.8882	0.7222	0.8882	SH3	12.0190	-0.0047	0.7468	0.5787	0.7468

表 3-4 客雅溪河口鳥類資料:

$S=149, CV=3.53, Rep.=200, Bootstrap=200, q=2, True=6.5727$

	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE
				s.e.	s.e					s.e.	s.e	
n=100	MLE	6.2809	-0.2918	0.6532	0.5858	0.7154	MLE	6.4075	-0.1652	0.4922	0.4489	0.5192
	CBA	6.3284	-0.2443	0.6632	0.5898	0.7068	CBA	6.4178	-0.1549	0.4942	0.4497	0.5179
	JK1	6.5029	-0.0697	0.7290	0.6517	0.7323	JK1	6.5096	-0.0631	0.5197	0.4736	0.5235
	JK2	6.5058	-0.0668	0.7361	0.6580	0.7391	n=220 JK2	6.5098	-0.0629	0.5209	0.4747	0.5246
	SH1	6.9970	0.4244	0.8111	0.7199	0.9154	SH1	6.7349	0.1622	0.5463	0.4974	0.5698
	SH2	6.6399	0.0672	0.7341	0.6565	0.7371	SH2	6.5709	-0.0018	0.5193	0.4734	0.5193
	SH3	6.7066	0.1339	0.7639	0.6917	0.7756	SH3	6.6013	0.0286	0.5307	0.4850	0.5315
n=140	MLE	6.4271	-0.1456	0.5642	0.5261	0.5826	MLE	6.4443	-0.1284	0.4507	0.4198	0.4686
	CBA	6.4528	-0.1199	0.5688	0.5282	0.5813	CBA	6.4515	-0.1212	0.4519	0.4203	0.4678
	JK1	6.5937	0.0211	0.6142	0.5708	0.6145	JK1	6.5317	-0.0410	0.4730	0.4396	0.4748
	JK2	6.5952	0.0225	0.6178	0.5740	0.6182	n=260 JK2	6.5318	-0.0408	0.4739	0.4403	0.4756
	SH1	6.9545	0.3818	0.6645	0.6151	0.7664	SH1	6.7231	0.1505	0.4935	0.4584	0.5159
	SH2	6.6908	0.1181	0.6151	0.5719	0.6263	SH2	6.5835	0.0108	0.4722	0.4393	0.4723
	SH3	6.7434	0.1708	0.6379	0.5955	0.6604	SH3	6.6096	0.0370	0.4812	0.4483	0.4826
n=180	MLE	6.4320	-0.1407	0.4865	0.4836	0.5065	MLE	6.4976	-0.0751	0.4063	0.3895	0.4132
	CBA	6.4478	-0.1248	0.4890	0.4847	0.5047	CBA	6.5036	-0.0691	0.4071	0.3898	0.4130
	JK1	6.5598	-0.0129	0.5207	0.5160	0.5209	JK1	6.5755	0.0029	0.4237	0.4057	0.4237
	JK2	6.5603	-0.0124	0.5226	0.5178	0.5228	n=300 JK2	6.5757	0.0030	0.4242	0.4062	0.4243
	SH1	6.8382	0.2656	0.5535	0.5476	0.6139	SH1	6.7426	0.1699	0.4398	0.4208	0.4715
	SH2	6.6348	0.0621	0.5202	0.5161	0.5239	SH2	6.6199	0.0472	0.4231	0.4052	0.4257
	SH3	6.6783	0.1056	0.5363	0.5324	0.5466	SH3	6.6465	0.0738	0.4308	0.4129	0.4371

### 附表四 較少共同種類數的模擬結果

表 4-1-1  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 58.057													
方法	Estimate	Bias	Sample		Estimated	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample. Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e.						s.e.	s.e.		
n=60	MLE	39.770	-18.287	1.938	1.725	18.389	n=140	MLE	48.988	-9.068	1.464	1.599	9.186
	CBA	53.808	-4.249	5.262	2.938	6.763		CBA	52.101	-5.956	2.304	2.195	6.386
	SH1	63.043	4.986	5.916	3.632	7.737		SH1	60.255	2.198	2.620	2.716	3.420
	SH2	58.114	0.057	4.652	2.907	4.652		SH2	57.382	-0.675	2.269	2.314	2.367
	SH3	61.125	3.068	5.958	3.726	6.702		SH3	58.675	0.618	2.683	2.848	2.753
Alpha = 46.282													
n=60	MLE	27.429	-18.853	1.266	1.166	18.895	n=140	MLE	36.498	-9.784	1.166	1.178	9.861
	CBA	40.569	-5.712	3.969	2.042	6.956		CBA	40.052	-6.230	2.042	1.637	6.479
	SH1	49.260	2.979	4.790	2.736	5.641		SH1	48.641	2.359	2.736	2.264	3.390
	SH2	45.407	-0.875	3.741	2.207	3.842		SH2	45.791	-0.491	2.207	1.898	2.156
	SH3	47.543	1.262	4.622	2.686	4.791		SH3	47.297	1.015	2.686	2.305	2.672
n=100	MLE	33.389	-12.893	1.371	1.180	12.966	n=180	MLE	38.756	-7.526	1.028	1.147	7.596
	CBA	40.163	-6.118	2.622	1.815	6.657		CBA	40.874	-5.408	1.347	1.485	5.573
	SH1	49.414	3.132	3.464	2.489	4.670		SH1	48.787	2.505	1.928	2.067	3.161
	SH2	46.015	-0.266	2.859	2.045	2.872		SH2	46.221	-0.061	1.604	1.751	1.605
	SH3	47.808	1.526	3.441	2.491	3.764		SH3	47.634	1.352	1.983	2.133	2.400
Beta = 1.254													
n=60	MLE	1.450	0.196	0.048	0.048	0.202	n=140	MLE	1.343	0.088	0.025	0.035	0.092
	CBA	1.331	0.077	0.112	0.081	0.136		CBA	1.302	0.047	0.048	0.053	0.068
	SH1	1.284	0.030	0.102	0.079	0.107		SH1	1.240	-0.014	0.045	0.053	0.047
	SH2	1.283	0.028	0.080	0.067	0.084		SH2	1.254	0.000	0.038	0.045	0.038
	SH3	1.290	0.035	0.103	0.084	0.109		SH3	1.242	-0.013	0.046	0.057	0.047
n=100	MLE	1.377	0.122	0.033	0.041	0.127	n=180	MLE	1.318	0.064	0.021	0.031	0.067
	CBA	1.301	0.047	0.076	0.064	0.089		CBA	1.297	0.043	0.032	0.045	0.054
	SH1	1.238	-0.017	0.070	0.063	0.072		SH1	1.239	-0.015	0.032	0.045	0.036
	SH2	1.252	-0.002	0.058	0.053	0.058		SH2	1.253	-0.002	0.028	0.039	0.028
	SH3	1.242	-0.012	0.072	0.067	0.073		SH3	1.239	-0.015	0.035	0.049	0.038



表 4-1-2  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif.}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 54.356							Gamma = 54.356						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	38.374	-15.982	2.030	1.690	16.110	n=140	MLE	46.495	-7.861	1.408	1.554	7.986
	CBA	48.868	-5.488	4.901	2.783	7.358		CBA	49.440	-4.916	2.040	2.023	5.322
	SH1	57.793	3.437	5.532	3.487	6.512		SH1	57.407	3.051	2.559	2.552	3.982
	SH2	53.415	-0.941	4.468	2.795	4.566		SH2	54.088	-0.268	2.136	2.195	2.153
	SH3	55.907	1.551	5.597	3.603	5.808		SH3	55.765	1.409	2.697	2.700	3.043
n=100	MLE	43.506	-10.850	1.590	1.623	10.966	n=180	MLE	48.131	-6.225	1.153	1.463	6.331
	CBA	48.488	-5.868	2.543	2.309	6.395		CBA	49.899	-4.457	1.477	1.793	4.695
	SH1	57.064	2.708	2.943	2.924	3.999		SH1	57.059	2.703	1.739	2.260	3.214
	SH2	53.405	-0.951	2.508	2.449	2.682		SH2	54.141	-0.215	1.526	1.976	1.541
	SH3	55.208	0.852	3.066	3.074	3.182		SH3	55.634	1.278	1.876	2.407	2.270
Alpha = 41.651													
n=60	MLE	25.975	-15.676	1.435	1.143	15.741	n=140	MLE	33.623	-8.028	1.146	1.126	8.110
	CBA	36.081	-5.571	4.152	1.918	6.947		CBA	36.546	-5.106	1.651	1.485	5.366
	SH1	44.159	2.508	5.056	2.587	5.643		SH1	44.338	2.687	2.319	2.058	3.549
	SH2	40.632	-1.019	4.008	2.091	4.135		SH2	41.395	-0.256	1.917	1.742	1.934
	SH3	42.468	0.817	4.944	2.555	5.011		SH3	42.893	1.242	2.384	2.109	2.688
n=100	MLE	30.805	-10.846	1.268	1.145	10.920	n=180	MLE	35.316	-6.336	0.927	1.103	6.403
	CBA	35.619	-6.032	2.041	1.648	6.368		CBA	37.072	-4.579	1.065	1.357	4.701
	SH1	43.837	2.186	2.737	2.270	3.503		SH1	44.174	2.523	1.422	1.880	2.896
	SH2	40.732	-0.919	2.272	1.891	2.451		SH2	41.517	-0.134	1.250	1.616	1.258
	SH3	42.224	0.573	2.675	2.299	2.736		SH3	42.928	1.277	1.448	1.948	1.930
Beta = 1.305													
n=60	MLE	1.478	0.173	0.047	0.049	0.179	n=140	MLE	1.383	0.078	0.027	0.036	0.083
	CBA	1.361	0.056	0.115	0.078	0.128		CBA	1.354	0.049	0.041	0.050	0.063
	SH1	1.316	0.011	0.107	0.078	0.107		SH1	1.296	-0.009	0.041	0.051	0.042
	SH2	1.319	0.014	0.085	0.066	0.086		SH2	1.307	0.002	0.035	0.045	0.035
	SH3	1.323	0.018	0.111	0.082	0.112		SH3	1.301	-0.004	0.045	0.056	0.045
n=100	MLE	1.413	0.108	0.037	0.042	0.114	n=180	MLE	1.363	0.058	0.023	0.033	0.063
	CBA	1.363	0.058	0.058	0.060	0.082		CBA	1.346	0.041	0.029	0.043	0.050
	SH1	1.304	-0.001	0.055	0.061	0.055		SH1	1.292	-0.013	0.029	0.044	0.032
	SH2	1.313	0.008	0.049	0.053	0.050		SH2	1.304	-0.001	0.026	0.039	0.026
	SH3	1.309	0.004	0.059	0.066	0.059		SH3	1.296	-0.009	0.032	0.049	0.033

表 4-1-3  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 36.586							Gamma = 36.586						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.					s.e.	s.e.			
n=60	MLE	26.547	-10.039	2.044	1.671	10.245	n=140	MLE	31.239	-5.348	1.657	1.595	5.599
	CBA	35.687	-0.899	4.640	2.323	4.726		CBA	34.566	-2.020	2.166	1.905	2.962
	SH1	39.204	2.618	4.768	2.792	5.440		SH1	37.437	0.850	2.391	2.278	2.538
	SH2	33.851	-2.735	3.542	2.313	4.475		SH2	34.641	-1.945	2.056	1.968	2.830
	SH3	38.090	1.503	5.072	2.762	5.290		SH3	36.775	0.188	2.293	2.180	2.301
Alpha = 32.150													
n=60	MLE	29.605	-6.982	2.049	1.620	7.276	n=180	MLE	32.412	-4.175	1.631	1.557	4.482
	CBA	34.804	-1.782	3.292	2.061	3.743		CBA	34.675	-1.912	1.896	1.783	2.693
	SH1	38.034	1.447	3.490	2.479	3.779		SH1	37.332	0.745	2.108	2.125	2.236
	SH2	34.319	-2.267	2.827	2.100	3.624		SH2	35.077	-1.509	1.886	1.862	2.416
	SH3	37.149	0.562	3.353	2.412	3.400		SH3	36.776	0.189	1.983	2.024	1.992
Alpha = 32.150													
n=60	MLE	20.604	-11.546	1.420	1.091	11.633	n=140	MLE	25.884	-6.267	1.212	1.104	6.383
	CBA	28.399	-3.751	3.615	1.582	5.209		CBA	28.956	-3.194	1.667	1.344	3.603
	SH1	35.061	2.910	4.441	2.150	5.309		SH1	34.332	2.181	2.198	1.846	3.097
	SH2	29.982	-2.168	3.292	1.771	3.942		SH2	30.803	-1.347	1.785	1.560	2.236
	SH3	33.187	1.037	4.473	2.144	4.592		SH3	32.658	0.508	2.135	1.833	2.194
Alpha = 32.150													
n=100	MLE	23.943	-8.207	1.453	1.098	8.335	n=180	MLE	27.164	-4.987	1.247	1.085	5.140
	CBA	28.659	-3.491	2.523	1.441	4.308		CBA	29.363	-2.787	1.511	1.266	3.170
	SH1	34.774	2.624	3.227	1.981	4.159		SH1	34.142	1.992	1.991	1.729	2.816
	SH2	30.470	-1.680	2.486	1.653	3.000		SH2	31.140	-1.011	1.666	1.471	1.949
	SH3	32.930	0.779	3.105	1.978	3.202		SH3	32.656	0.506	1.913	1.715	1.979
Beta = 1.138													
n=60	MLE	1.288	0.150	0.043	0.050	0.156	n=140	MLE	1.207	0.069	0.021	0.035	0.072
	CBA	1.259	0.121	0.083	0.072	0.146		CBA	1.194	0.056	0.037	0.048	0.067
	SH1	1.121	-0.017	0.067	0.071	0.069		SH1	1.091	-0.047	0.031	0.045	0.056
	SH2	1.131	-0.007	0.053	0.060	0.053		SH2	1.125	-0.013	0.025	0.039	0.028
	SH3	1.150	0.012	0.070	0.072	0.071		SH3	1.127	-0.011	0.031	0.046	0.033
Beta = 1.138													
n=100	MLE	1.236	0.098	0.030	0.040	0.103	n=180	MLE	1.193	0.055	0.019	0.030	0.058
	CBA	1.215	0.077	0.059	0.058	0.097		CBA	1.181	0.043	0.029	0.041	0.052
	SH1	1.095	-0.043	0.048	0.055	0.064		SH1	1.094	-0.044	0.027	0.038	0.052
	SH2	1.127	-0.011	0.038	0.047	0.040		SH2	1.127	-0.011	0.022	0.034	0.025
	SH3	1.130	-0.008	0.050	0.055	0.050		SH3	1.127	-0.011	0.027	0.039	0.029

表 4-1-4  $s_{12}=20$ ，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma =27.152													
方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	
n=60	MLE	20.451	-6.701	2.183	1.599	7.048	n=140	MLE	23.251	-3.902	1.652	1.494	4.237
	CBA	26.438	-0.714	4.009	2.019	4.072		CBA	25.846	-1.306	1.975	1.700	2.368
	SH1	27.096	-0.057	3.906	2.391	3.907		SH1	26.426	-0.727	2.113	1.946	2.234
	SH2	24.096	-3.056	3.109	2.028	4.360		SH2	24.947	-2.205	1.893	1.729	2.906
	SH3	27.602	0.450	4.126	2.254	4.150		SH3	27.846	0.694	2.245	1.804	2.350
<hr/>													
n=100	MLE	22.157	-4.995	1.794	1.563	5.308	n=180	MLE	23.919	-3.233	1.645	1.470	3.628
	CBA	26.108	-1.044	2.535	1.845	2.742		CBA	25.853	-1.300	1.817	1.628	2.234
	SH1	26.537	-0.615	2.582	2.145	2.654		SH1	26.429	-0.723	1.980	1.848	2.107
	SH2	24.521	-2.631	2.207	1.871	3.434		SH2	25.251	-1.901	1.819	1.665	2.631
	SH3	27.749	0.596	2.666	1.994	2.732		SH3	27.940	0.788	2.038	1.711	2.185
<hr/>													
Alpha = 24.608													
n=60	MLE	16.520	-8.088	1.555	1.079	8.236	n=140	MLE	20.009	-4.600	1.288	1.082	4.777
	CBA	21.790	-2.819	3.041	1.402	4.147		CBA	22.327	-2.281	1.513	1.236	2.737
	SH1	25.361	0.753	3.701	1.888	3.777		SH1	24.675	0.067	1.904	1.630	1.905
	SH2	21.675	-2.934	2.822	1.578	4.070		SH2	22.570	-2.038	1.626	1.394	2.607
	SH3	24.299	-0.310	3.584	1.828	3.597		SH3	24.451	-0.157	1.771	1.531	1.777
<hr/>													
n=100	MLE	18.693	-5.915	1.396	1.103	6.078	n=180	MLE	20.803	-3.805	1.299	1.078	4.021
	CBA	22.144	-2.465	2.020	1.317	3.187		CBA	22.496	-2.113	1.428	1.195	2.550
	SH1	24.912	0.303	2.490	1.767	2.508		SH1	24.485	-0.124	1.764	1.554	1.768
	SH2	22.166	-2.443	2.001	1.496	3.157		SH2	22.801	-1.807	1.550	1.343	2.381
	SH3	24.551	-0.057	2.426	1.676	2.427		SH3	24.369	-0.239	1.611	1.449	1.628
<hr/>													
Beta = 1.103													
n=60	MLE	1.237	0.134	0.037	0.047	0.138	n=140	MLE	1.162	0.058	0.020	0.032	0.062
	CBA	1.214	0.110	0.082	0.066	0.138		CBA	1.157	0.054	0.033	0.044	0.063
	SH1	1.070	-0.034	0.052	0.060	0.062		SH1	1.071	-0.032	0.023	0.037	0.040
	SH2	1.113	0.009	0.042	0.051	0.043		SH2	1.105	0.002	0.020	0.033	0.020
	SH3	1.138	0.035	0.078	0.058	0.085		SH3	1.139	0.036	0.042	0.037	0.055
<hr/>													
n=100	MLE	1.185	0.082	0.023	0.037	0.085	n=180	MLE	1.149	0.046	0.016	0.027	0.049
	CBA	1.179	0.076	0.048	0.052	0.090		CBA	1.149	0.046	0.024	0.037	0.051
	SH1	1.066	-0.037	0.032	0.044	0.049		SH1	1.079	-0.024	0.018	0.031	0.030
	SH2	1.107	0.003	0.025	0.039	0.026		SH2	1.107	0.004	0.016	0.028	0.017
	SH3	1.132	0.029	0.055	0.044	0.062		SH3	1.146	0.043	0.032	0.032	0.053

表 4-1-5  $s_{12}=20$ ，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 51.620												
方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	
n=60 MLE	37.086	-14.534	2.042	1.655	14.677	n=140 MLE	44.482	-7.138	1.363	1.476	7.267	
CBA	46.338	-5.282	4.625	2.614	7.021	CBA	47.145	-4.475	2.044	1.894	4.919	
SH1	55.529	3.909	5.393	3.399	6.660	SH1	55.186	3.566	2.613	2.476	4.421	
SH2	50.768	-0.851	4.155	2.701	4.241	SH2	51.477	-0.143	2.081	2.089	2.086	
SH3	54.048	2.428	5.424	3.580	5.943	SH3	54.011	2.391	2.885	2.680	3.747	
n=100 MLE	41.933	-9.687	1.625	1.560	9.822	n=180 MLE	45.821	-5.799	1.317	1.393	5.946	
CBA	46.037	-5.583	2.647	2.154	6.178	CBA	47.752	-3.868	1.721	1.682	4.233	
SH1	54.768	3.148	3.133	2.818	4.442	SH1	54.967	3.347	2.232	2.198	4.023	
SH2	50.813	-0.807	2.532	2.333	2.658	SH2	51.538	-0.082	1.816	1.881	1.818	
SH3	53.328	1.708	3.268	3.027	3.688	SH3	54.021	2.401	2.469	2.398	3.444	
Alpha = 37.636												
n=60 MLE	24.152	-13.484	1.444	1.125	13.561	n=140 MLE	30.732	-6.904	1.232	1.084	7.013	
CBA	32.171	-5.464	3.408	1.770	6.440	CBA	33.328	-4.307	1.672	1.379	4.621	
SH1	39.946	2.310	4.211	2.421	4.803	SH1	40.644	3.008	2.363	1.933	3.825	
SH2	36.153	-1.482	3.429	1.965	3.735	SH2	37.294	-0.342	1.956	1.633	1.986	
SH3	38.279	0.643	4.119	2.419	4.169	SH3	39.291	1.655	2.509	2.008	3.005	
n=100 MLE	28.432	-9.204	1.293	1.113	9.294	n=180 MLE	32.006	-5.629	1.074	1.061	5.731	
CBA	32.526	-5.110	2.059	1.531	5.509	CBA	33.826	-3.810	1.338	1.268	4.038	
SH1	40.358	2.722	2.830	2.133	3.926	SH1	40.506	2.870	1.878	1.781	3.430	
SH2	36.803	-0.833	2.286	1.782	2.433	SH2	37.364	-0.272	1.555	1.522	1.578	
SH3	38.806	1.170	2.829	2.188	3.062	SH3	39.305	1.669	1.973	1.872	2.584	
Beta = 1.372												
n=60 MLE	1.537	0.165	0.045	0.048	0.171	n=140 MLE	1.448	0.077	0.033	0.037	0.083	
CBA	1.445	0.073	0.101	0.075	0.125	CBA	1.416	0.044	0.051	0.049	0.068	
SH1	1.395	0.023	0.097	0.077	0.100	SH1	1.359	-0.012	0.050	0.051	0.052	
SH2	1.408	0.036	0.075	0.065	0.084	SH2	1.382	0.010	0.043	0.045	0.044	
SH3	1.417	0.045	0.099	0.082	0.109	SH3	1.377	0.005	0.056	0.057	0.057	
n=100 MLE	1.476	0.104	0.037	0.042	0.110	n=180 MLE	1.432	0.061	0.026	0.033	0.066	
CBA	1.418	0.046	0.070	0.059	0.084	CBA	1.412	0.041	0.034	0.043	0.053	
SH1	1.360	-0.012	0.068	0.061	0.069	SH1	1.358	-0.014	0.036	0.045	0.038	
SH2	1.383	0.011	0.054	0.053	0.055	SH2	1.380	0.008	0.031	0.040	0.032	
SH3	1.377	0.006	0.073	0.066	0.073	SH3	1.375	0.004	0.040	0.050	0.040	

表 4-2-1  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 41.231												
方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	
n=60 MLE	31.065	-10.166	2.184	1.878	10.398	n=140 MLE	36.311	-4.921	1.746	1.740	5.221	
CBA	34.696	-6.536	3.143	2.206	7.252	CBA	36.895	-4.336	1.891	1.877	4.731	
SH1	46.156	4.925	3.925	3.044	6.298	SH1	44.663	3.432	2.342	2.543	4.155	
SH2	41.140	-0.092	3.755	2.897	3.756	SH2	41.442	0.211	2.244	2.365	2.254	
SH3	41.818	0.586	4.405	3.258	4.444	SH3	41.890	0.659	2.522	2.715	2.607	
<hr/>												
n=100 MLE	34.455	-6.777	1.829	1.809	7.019	n=180 MLE	36.900	-4.332	1.412	1.648	4.556	
CBA	35.837	-5.395	2.082	2.020	5.783	CBA	37.218	-4.013	1.463	1.742	4.271	
SH1	45.128	3.897	2.699	2.767	4.740	SH1	43.627	2.396	1.850	2.323	3.027	
SH2	41.195	-0.037	2.607	2.593	2.607	SH2	40.937	-0.294	1.736	2.152	1.761	
SH3	41.616	0.384	3.040	2.951	3.064	SH3	41.331	0.099	2.023	2.472	2.026	
<hr/>												
Alpha = 35.885												
n=60 MLE	22.826	-13.059	1.435	1.270	13.138	n=140 MLE	28.901	-6.984	1.282	1.267	7.101	
CBA	27.495	-8.390	2.417	1.521	8.732	CBA	29.831	-6.054	1.372	1.369	6.208	
SH1	39.619	3.734	3.596	2.355	5.184	SH1	39.478	3.593	1.948	2.079	4.087	
SH2	35.152	-0.733	3.295	2.252	3.376	SH2	35.933	0.048	1.936	1.986	1.937	
SH3	35.026	-0.859	3.529	2.444	3.632	SH3	36.472	0.587	2.170	2.231	2.248	
<hr/>												
n=100 MLE	26.724	-9.161	1.322	1.275	9.256	n=180 MLE	29.925	-5.960	1.087	1.231	6.058	
CBA	28.717	-7.168	1.590	1.428	7.343	CBA	30.344	-5.541	1.111	1.296	5.651	
SH1	39.716	3.831	2.412	2.188	4.527	SH1	38.637	2.752	1.524	1.934	3.146	
SH2	35.710	-0.175	2.347	2.111	2.353	SH2	35.538	-0.348	1.533	1.841	1.572	
SH3	35.968	0.083	2.547	2.326	2.548	SH3	36.121	0.236	1.816	2.084	1.831	
<hr/>												
Beta = 1.149												
n=60 MLE	1.361	0.212	0.057	0.072	0.220	n=140 MLE	1.257	0.108	0.034	0.053	0.113	
CBA	1.265	0.116	0.092	0.086	0.148	CBA	1.237	0.088	0.042	0.059	0.098	
SH1	1.168	0.019	0.080	0.085	0.083	SH1	1.132	-0.017	0.036	0.058	0.040	
SH2	1.173	0.024	0.073	0.086	0.077	SH2	1.154	0.005	0.036	0.060	0.037	
SH3	1.197	0.048	0.093	0.102	0.105	SH3	1.149	0.000	0.046	0.072	0.046	
<hr/>												
n=100 MLE	1.290	0.141	0.044	0.061	0.147	n=180 MLE	1.233	0.084	0.030	0.048	0.090	
CBA	1.249	0.100	0.054	0.069	0.114	CBA	1.227	0.078	0.031	0.051	0.084	
SH1	1.138	-0.011	0.053	0.068	0.055	SH1	1.129	-0.020	0.030	0.051	0.036	
SH2	1.155	0.006	0.050	0.070	0.050	SH2	1.152	0.003	0.032	0.053	0.032	
SH3	1.158	0.009	0.061	0.084	0.062	SH3	1.145	-0.004	0.037	0.063	0.038	

表 4-2-2  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif.}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 37.983							Gamma = 37.983						
方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE		
n=60 MLE	29.353	-8.629	2.191	1.896	8.903	n=140 MLE	33.731	-4.252	1.716	1.745	4.585		
CBA	32.075	-5.908	3.072	2.170	6.659	CBA	34.258	-3.725	1.796	1.852	4.135		
SH1	43.216	5.234	3.962	3.075	6.564	SH1	41.348	3.365	2.385	2.555	4.125		
SH2	38.250	0.268	3.701	2.875	3.711	SH2	38.148	0.165	2.197	2.327	2.203		
SH3	38.456	0.473	4.185	3.234	4.212	SH3	38.482	0.500	2.415	2.632	2.466		
n=100 MLE	32.058	-5.924	1.769	1.840	6.183	n=180 MLE	34.468	-3.514	1.675	1.685	3.893		
CBA	33.185	-4.798	1.968	2.015	5.186	CBA	34.713	-3.270	1.737	1.761	3.703		
SH1	41.791	3.808	2.668	2.818	4.650	SH1	40.651	2.668	2.205	2.380	3.462		
SH2	37.874	-0.109	2.477	2.601	2.480	SH2	37.974	-0.009	2.041	2.161	2.041		
SH3	38.287	0.305	2.813	2.946	2.829	SH3	38.263	0.280	2.258	2.424	2.275		
Alpha = 30.237													
n=60 MLE	20.460	-9.777	1.581	1.232	9.904	n=140 MLE	25.011	-5.226	1.318	1.219	5.390		
CBA	23.740	-6.497	2.358	1.421	6.912	CBA	25.661	-4.576	1.386	1.290	4.781		
SH1	34.500	4.263	3.621	2.223	5.593	SH1	33.634	3.397	2.066	1.982	3.976		
SH2	30.020	-0.217	3.305	2.099	3.313	SH2	30.183	-0.054	1.924	1.826	1.925		
SH3	29.987	-0.250	3.447	2.282	3.456	SH3	30.597	0.360	2.245	2.032	2.274		
n=100 MLE	23.386	-6.852	1.364	1.258	6.986	n=180 MLE	26.046	-4.191	1.235	1.200	4.370		
CBA	24.734	-5.503	1.577	1.376	5.724	CBA	26.392	-3.845	1.264	1.246	4.047		
SH1	34.141	3.904	2.460	2.150	4.615	SH1	33.309	3.072	1.822	1.885	3.572		
SH2	30.085	-0.152	2.242	2.005	2.248	SH2	30.267	0.030	1.678	1.715	1.679		
SH3	30.500	0.263	2.547	2.209	2.561	SH3	30.743	0.506	1.870	1.918	1.937		
Beta = 1.256													
n=60 MLE	1.436	0.180	0.063	0.076	0.191	n=140 MLE	1.350	0.093	0.048	0.059	0.105		
CBA	1.355	0.098	0.092	0.088	0.135	CBA	1.336	0.080	0.050	0.064	0.094		
SH1	1.257	0.001	0.082	0.089	0.082	SH1	1.231	-0.026	0.051	0.065	0.057		
SH2	1.278	0.022	0.079	0.090	0.082	SH2	1.265	0.009	0.053	0.067	0.054		
SH3	1.287	0.031	0.096	0.107	0.101	SH3	1.260	0.004	0.067	0.079	0.067		
n=100 MLE	1.372	0.116	0.049	0.067	0.126	n=180 MLE	1.324	0.068	0.038	0.054	0.078		
CBA	1.343	0.087	0.058	0.074	0.105	CBA	1.316	0.060	0.040	0.057	0.072		
SH1	1.226	-0.030	0.057	0.075	0.065	SH1	1.221	-0.035	0.041	0.059	0.054		
SH2	1.261	0.005	0.057	0.077	0.057	SH2	1.255	-0.001	0.041	0.059	0.041		
SH3	1.258	0.002	0.072	0.091	0.072	SH3	1.246	-0.010	0.050	0.070	0.051		

表 4-2-3  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 21.493							Gamma = 21.493						
方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample s.e.	Estimated s.e.	RMSE		
n=60	MLE	18.527	-2.966	2.237	1.738	3.715	n=140	MLE	20.177	-1.316	1.693	1.616	2.144
	CBA	19.966	-1.527	2.690	1.891	3.093		CBA	20.464	-1.029	1.776	1.684	2.053
	SH1	24.903	3.410	3.806	2.707	5.110		SH1	23.174	1.681	2.227	2.236	2.791
	SH2	21.725	0.232	3.080	2.306	3.089		SH2	21.666	0.173	1.964	1.944	1.971
	SH3	22.005	0.512	3.159	2.421	3.200		SH3	21.728	0.235	1.966	1.986	1.980
<hr/>													
n=100	MLE	19.683	-1.810	1.785	1.699	2.542	n=180	MLE	20.525	-0.968	1.356	1.534	1.666
	CBA	20.275	-1.218	1.944	1.807	2.294		CBA	20.671	-0.822	1.392	1.582	1.616
	SH1	23.781	2.288	2.553	2.480	3.428		SH1	22.895	1.402	1.679	2.038	2.187
	SH2	21.718	0.225	2.177	2.125	2.188		SH2	21.703	0.210	1.518	1.796	1.533
	SH3	21.809	0.316	2.197	2.194	2.220		SH3	21.742	0.249	1.524	1.827	1.544
<hr/>													
Alpha = 20.927													
n=60	MLE	15.755	-5.172	1.644	1.217	5.427	n=140	MLE	18.440	-2.488	1.365	1.215	2.838
	CBA	17.491	-3.436	2.108	1.329	4.031		CBA	18.825	-2.102	1.437	1.260	2.546
	SH1	25.301	4.374	3.539	2.154	5.626		SH1	23.656	2.729	2.164	1.959	3.483
	SH2	20.991	0.064	2.939	1.904	2.940		SH2	21.083	0.156	1.801	1.670	1.808
	SH3	21.172	0.245	2.990	2.037	3.000		SH3	21.144	0.217	1.857	1.775	1.870
<hr/>													
n=100	MLE	17.605	-3.322	1.481	1.233	3.637	n=180	MLE	18.991	-1.936	1.163	1.191	2.258
	CBA	18.340	-2.587	1.615	1.305	3.050		CBA	19.211	-1.716	1.199	1.222	2.094
	SH1	24.486	3.559	2.648	2.090	4.436		SH1	23.202	2.275	1.693	1.843	2.835
	SH2	21.148	0.221	2.145	1.797	2.156		SH2	21.111	0.184	1.442	1.569	1.453
	SH3	21.211	0.284	2.239	1.921	2.257		SH3	21.118	0.191	1.463	1.658	1.476
<hr/>													
Beta = 1.027													
n=60	MLE	1.175	0.148	0.048	0.070	0.155	n=140	MLE	1.094	0.067	0.024	0.046	0.071
	CBA	1.141	0.114	0.069	0.079	0.133		CBA	1.087	0.060	0.028	0.050	0.066
	SH1	0.984	-0.043	0.058	0.081	0.072		SH1	0.980	-0.047	0.025	0.050	0.054
	SH2	1.036	0.009	0.049	0.076	0.050		SH2	1.027	0.000	0.024	0.048	0.024
	SH3	1.041	0.013	0.060	0.084	0.061		SH3	1.028	0.001	0.024	0.052	0.025
<hr/>													
n=100	MLE	1.118	0.091	0.032	0.055	0.096	n=180	MLE	1.081	0.054	0.018	0.040	0.056
	CBA	1.105	0.078	0.037	0.061	0.087		CBA	1.076	0.049	0.020	0.043	0.053
	SH1	0.972	-0.055	0.034	0.061	0.065		SH1	0.987	-0.040	0.018	0.043	0.044
	SH2	1.028	0.001	0.033	0.058	0.033		SH2	1.028	0.001	0.018	0.041	0.018
	SH3	1.029	0.002	0.039	0.063	0.039		SH3	1.030	0.003	0.020	0.044	0.020

表 4-2-4  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma =13.498							Gamma =13.498						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	12.458	-1.040	1.981	1.616	2.237	n=140	MLE	13.008	-0.490	1.369	1.409	1.454
	CBA	12.973	-0.525	2.283	1.704	2.343		CBA	13.101	-0.397	1.391	1.442	1.446
	SH1	15.226	1.728	2.940	2.316	3.410		SH1	14.200	0.702	1.638	1.780	1.782
	SH2	13.804	0.306	2.447	1.975	2.466		SH2	13.596	0.098	1.501	1.594	1.505
	SH3	14.050	0.552	2.399	1.972	2.461		SH3	13.756	0.258	1.422	1.577	1.445
n=100	MLE	12.736	-0.762	1.542	1.496	1.720	n=180	MLE	13.123	-0.375	1.237	1.356	1.293
	CBA	12.917	-0.581	1.621	1.547	1.722		CBA	13.169	-0.328	1.257	1.379	1.299
	SH1	14.372	0.874	1.965	1.992	2.150		SH1	14.053	0.556	1.424	1.659	1.528
	SH2	13.539	0.041	1.749	1.745	1.749		SH2	13.583	0.085	1.329	1.506	1.332
	SH3	13.724	0.227	1.701	1.738	1.716		SH3	13.720	0.222	1.283	1.489	1.302
Alpha =13.346													
n=60	MLE	11.227	-2.119	1.591	1.190	2.650	n=140	MLE	12.321	-1.025	1.228	1.147	1.600
	CBA	11.999	-1.347	1.867	1.257	2.302		CBA	12.482	-0.864	1.259	1.172	1.527
	SH1	16.088	2.742	3.123	2.024	4.156		SH1	14.560	1.214	1.713	1.700	2.100
	SH2	13.610	0.263	2.368	1.676	2.383		SH2	13.419	0.073	1.468	1.434	1.470
	SH3	13.725	0.379	2.314	1.724	2.345		SH3	13.377	0.031	1.417	1.438	1.417
n=100	MLE	11.905	-1.441	1.343	1.161	1.970	n=180	MLE	12.571	-0.775	1.137	1.119	1.376
	CBA	12.215	-1.131	1.416	1.201	1.812		CBA	12.666	-0.680	1.155	1.137	1.341
	SH1	14.939	1.593	2.091	1.836	2.628		SH1	14.344	0.998	1.485	1.584	1.789
	SH2	13.388	0.042	1.712	1.527	1.712		SH2	13.443	0.097	1.309	1.356	1.312
	SH3	13.372	0.026	1.680	1.556	1.680		SH3	13.396	0.050	1.287	1.352	1.288
Beta = 1.027													
n=60	MLE	1.107	0.096	0.041	0.061	0.105	n=140	MLE	1.055	0.044	0.017	0.038	0.047
	CBA	1.079	0.068	0.057	0.068	0.089		CBA	1.049	0.038	0.020	0.042	0.043
	SH1	0.948	-0.064	0.043	0.067	0.077		SH1	0.976	-0.036	0.018	0.040	0.040
	SH2	1.014	0.003	0.039	0.062	0.039		SH2	1.013	0.002	0.017	0.039	0.017
	SH3	1.024	0.013	0.042	0.063	0.044		SH3	1.029	0.017	0.018	0.038	0.025
n=100	MLE	1.069	0.058	0.023	0.047	0.062	n=180	MLE	1.044	0.032	0.012	0.033	0.034
	CBA	1.057	0.045	0.029	0.051	0.054		CBA	1.039	0.028	0.015	0.036	0.032
	SH1	0.963	-0.049	0.023	0.049	0.054		SH1	0.980	-0.031	0.012	0.034	0.034
	SH2	1.011	0.000	0.022	0.047	0.022		SH2	1.010	-0.001	0.012	0.033	0.012
	SH3	1.027	0.015	0.022	0.047	0.027		SH3	1.024	0.013	0.012	0.032	0.018



表 4-2-5  $s_1=20$ ，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 37.191							Gamma = 37.191						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	28.605	-8.586	2.286	1.920	8.885	n=140	MLE	33.573	-3.618	1.826	1.766	4.052
	CBA	31.074	-6.117	3.128	2.171	6.870		CBA	34.040	-3.151	1.850	1.868	3.654
	SH1	42.200	5.009	4.101	3.114	6.474		SH1	41.419	4.228	2.520	2.592	4.921
	SH2	37.008	-0.183	3.813	2.896	3.818		SH2	37.946	0.755	2.339	2.347	2.458
	SH3	37.113	-0.078	4.340	3.275	4.341		SH3	38.318	1.127	2.737	2.678	2.959
n=100	MLE	31.517	-5.674	2.072	1.838	6.041	n=180	MLE	33.849	-3.342	1.565	1.700	3.690
	CBA	32.434	-4.757	2.319	1.986	5.292		CBA	34.128	-3.063	1.616	1.769	3.463
	SH1	41.283	4.092	3.086	2.807	5.125		SH1	40.069	2.878	2.086	2.409	3.554
	SH2	37.128	-0.063	2.890	2.573	2.890		SH2	37.211	0.020	1.899	2.175	1.899
	SH3	37.399	0.208	3.332	2.910	3.338		SH3	37.453	0.262	2.174	2.484	2.189
Alpha = 27.663													
n=60	MLE	19.195	-8.468	1.659	1.290	8.629	n=140	MLE	23.625	-4.038	1.439	1.289	4.287
	CBA	22.034	-5.629	2.371	1.461	6.108		CBA	24.193	-3.470	1.527	1.354	3.791
	SH1	32.525	4.862	3.799	2.333	6.170		SH1	31.866	4.202	2.362	2.119	4.820
	SH2	27.562	-0.101	3.375	2.155	3.377		SH2	28.204	0.541	2.055	1.891	2.125
	SH3	27.532	-0.132	3.769	2.328	3.771		SH3	28.349	0.686	2.306	2.082	2.406
n=100	MLE	21.822	-5.841	1.733	1.296	6.093	n=180	MLE	24.203	-3.460	1.362	1.281	3.719
	CBA	22.963	-4.700	1.933	1.396	5.082		CBA	24.504	-3.159	1.392	1.323	3.452
	SH1	31.883	4.219	3.137	2.216	5.258		SH1	30.875	3.211	2.050	2.029	3.810
	SH2	27.615	-0.048	2.792	2.021	2.793		SH2	27.800	0.137	1.809	1.795	1.814
	SH3	27.699	0.036	3.048	2.206	3.048		SH3	27.955	0.291	1.932	1.988	1.954
Beta = 1.344													
n=60	MLE	1.493	0.148	0.070	0.074	0.164	n=140	MLE	1.422	0.078	0.048	0.058	0.092
	CBA	1.415	0.071	0.106	0.086	0.128		CBA	1.409	0.064	0.051	0.063	0.082
	SH1	1.303	-0.041	0.091	0.089	0.100		SH1	1.302	-0.042	0.055	0.067	0.069
	SH2	1.349	0.004	0.090	0.088	0.090		SH2	1.348	0.003	0.054	0.067	0.054
	SH3	1.356	0.011	0.109	0.101	0.109		SH3	1.354	0.010	0.059	0.076	0.060
n=100	MLE	1.447	0.102	0.057	0.065	0.117	n=180	MLE	1.400	0.055	0.042	0.054	0.070
	CBA	1.415	0.071	0.065	0.072	0.096		CBA	1.394	0.050	0.044	0.057	0.066
	SH1	1.299	-0.045	0.069	0.075	0.082		SH1	1.300	-0.045	0.047	0.061	0.065
	SH2	1.349	0.005	0.068	0.075	0.068		SH2	1.340	-0.004	0.047	0.060	0.047
	SH3	1.355	0.011	0.077	0.086	0.078		SH3	1.342	-0.003	0.052	0.069	0.052

附表五 較多共同種類數的模擬結果

表 5-1-1  $s12=80$ ，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 38.373													
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated			RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated			
			s.e.	s.e.	s.e.					s.e.	s.e.	s.e.	
n=60	MLE	29.795	-8.578	1.236	1.291	8.666	n=140	MLE	34.420	-3.953	0.969	0.9813	4.070
	CBA	34.812	-3.561	3.659	1.982	5.106		CBA	35.710	-2.663	1.184	1.1653	2.914
	SH1	40.458	2.085	4.070	2.388	4.573		SH1	40.286	1.913	1.433	1.3826	2.390
	SH2	37.738	-0.635	2.992	1.947	3.059		SH2	38.595	0.222	1.237	1.2237	1.257
	SH3	39.760	1.387	4.081	2.488	4.310		SH3	39.914	1.541	1.514	1.5073	2.160
Alpha = 35.960													
n=60	MLE	23.326	-12.633	1.014	0.980	12.674	n=140	MLE	29.598	-6.362	0.860	0.8512	6.419
	CBA	32.051	-3.908	3.189	1.544	5.044		CBA	31.904	-4.056	1.134	0.9934	4.212
	SH1	38.651	2.691	4.012	2.086	4.831		SH1	37.838	1.878	1.524	1.3386	2.419
	SH2	35.981	0.021	3.136	1.712	3.136		SH2	35.978	0.019	1.330	1.1780	1.330
	SH3	37.644	1.685	3.938	2.082	4.283		SH3	37.182	1.222	1.601	1.4181	2.014
Beta = 1.067													
n=60	MLE	1.278	0.211	0.038	0.048	0.214	n=140	MLE	1.163	0.096	0.019	0.0259	0.098
	CBA	1.093	0.026	0.129	0.080	0.132		CBA	1.120	0.053	0.033	0.0353	0.062
	SH1	1.054	-0.013	0.117	0.078	0.118		SH1	1.065	-0.002	0.034	0.0353	0.034
	SH2	1.054	-0.013	0.096	0.066	0.097		SH2	1.073	0.006	0.028	0.0308	0.029
	SH3	1.063	-0.004	0.116	0.081	0.116		SH3	1.074	0.007	0.036	0.0388	0.037
n=100	MLE	1.199	0.132	0.028	0.0334	0.135	n=180	MLE	1.143	0.076	0.016	0.0214	0.078
	CBA	1.114	0.047	0.057	0.0510	0.074		CBA	1.121	0.054	0.023	0.0266	0.059
	SH1	1.060	-0.007	0.056	0.0495	0.056		SH1	1.071	0.004	0.025	0.0273	0.025
	SH2	1.066	-0.002	0.045	0.0416	0.045		SH2	1.077	0.010	0.021	0.0245	0.024
	SH3	1.071	0.004	0.058	0.0532	0.058		SH3	1.079	0.012	0.027	0.0306	0.030

表 5-1-2  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{random unif.}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 38.134													
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	29.885	-8.249	1.464	1.316	8.378	n=140	MLE	34.367	-3.767	0.928	0.9543	3.879
	CBA	33.781	-4.353	3.523	1.955	5.600		CBA	35.601	-2.533	1.231	1.1074	2.816
	SH1	39.520	1.386	3.865	2.379	4.106		SH1	40.105	1.971	1.418	1.2986	2.428
	SH2	37.102	-1.032	2.990	1.951	3.163		SH2	38.250	0.116	1.220	1.1697	1.226
	SH3	38.566	0.432	3.801	2.490	3.826		SH3	39.388	1.254	1.520	1.4089	1.970
<hr/>													
n=100	MLE	32.802	-5.332	1.101	1.1007	5.445	n=180	MLE	35.114	-3.020	0.873	0.8526	3.144
	CBA	34.767	-3.367	1.686	1.3978	3.766		CBA	35.963	-2.171	1.046	0.9401	2.410
	SH1	39.847	1.713	1.832	1.6454	2.508		SH1	39.952	1.818	1.251	1.1025	2.207
	SH2	37.832	-0.302	1.544	1.4389	1.574		SH2	38.250	0.116	1.106	1.0073	1.112
	SH3	39.031	0.897	1.966	1.7688	2.161		SH3	39.328	1.194	1.410	1.1959	1.848
<hr/>													
Alpha = 34.785													
n=60	MLE	22.880	-11.905	1.195	1.000	11.965	n=140	MLE	28.825	-5.960	0.981	0.8645	6.040
	CBA	30.099	-4.685	2.960	1.547	5.542		CBA	30.939	-3.846	1.264	0.9888	4.048
	SH1	36.676	1.891	3.689	2.101	4.145		SH1	36.971	2.186	1.666	1.3434	2.749
	SH2	33.944	-0.841	2.897	1.722	3.016		SH2	34.724	-0.061	1.471	1.1801	1.473
	SH3	35.486	0.701	3.654	2.099	3.720		SH3	36.050	1.265	1.728	1.4252	2.141
<hr/>													
n=100	MLE	26.804	-7.981	0.988	0.9408	8.042	n=180	MLE	29.958	-4.826	0.846	0.7935	4.900
	CBA	30.368	-4.417	1.499	1.1793	4.664		CBA	31.341	-3.443	0.937	0.8608	3.569
	SH1	36.876	2.092	1.988	1.6267	2.885		SH1	36.882	2.097	1.302	1.1440	2.468
	SH2	34.472	-0.313	1.648	1.3947	1.678		SH2	34.757	-0.028	1.145	1.0204	1.145
	SH3	35.843	1.058	2.007	1.6935	2.269		SH3	36.103	1.318	1.431	1.2216	1.946
<hr/>													
Beta = 1.096													
n=60	MLE	1.307	0.211	0.038	0.049	0.214	n=140	MLE	1.193	0.097	0.025	0.0275	0.100
	CBA	1.128	0.032	0.119	0.081	0.123		CBA	1.152	0.055	0.038	0.0364	0.067
	SH1	1.083	-0.013	0.109	0.080	0.110		SH1	1.086	-0.010	0.038	0.0373	0.040
	SH2	1.097	0.000	0.084	0.067	0.084		SH2	1.102	0.006	0.032	0.0326	0.033
	SH3	1.093	-0.004	0.108	0.083	0.108		SH3	1.094	-0.002	0.041	0.0411	0.041
<hr/>													
n=100	MLE	1.224	0.128	0.029	0.0347	0.131	n=180	MLE	1.172	0.076	0.020	0.0229	0.079
	CBA	1.147	0.050	0.061	0.0514	0.079		CBA	1.148	0.052	0.026	0.0281	0.058
	SH1	1.083	-0.014	0.059	0.0509	0.061		SH1	1.084	-0.013	0.029	0.0296	0.032
	SH2	1.099	0.002	0.044	0.0430	0.044		SH2	1.101	0.005	0.024	0.0264	0.024
	SH3	1.091	-0.005	0.060	0.0548	0.060		SH3	1.090	-0.006	0.033	0.0329	0.033

表 5-1-3  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 27.299							Gamma = 27.299						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e						s.e.	s.e		
n=60	MLE	21.669	-5.630	1.613	1.235	5.857	n=140	MLE	24.541	-2.758	1.077	1.021	2.961
	CBA	26.147	-1.151	3.109	1.613	3.315		CBA	26.251	-1.048	1.382	1.139	1.734
	SH1	29.371	2.072	3.253	1.946	3.857		SH1	28.549	1.250	1.530	1.325	1.976
	SH2	26.203	-1.096	2.554	1.646	2.779		SH2	26.757	-0.542	1.309	1.182	1.417
	SH3	28.401	1.102	3.285	1.986	3.465		SH3	27.855	0.556	1.520	1.304	1.618
n=100	MLE	23.689	-3.610	1.259	1.127	3.823	n=180	MLE	25.035	-2.264	1.017	0.942	2.482
	CBA	26.419	-0.880	1.852	1.331	2.050		CBA	26.210	-1.089	1.148	1.013	1.582
	SH1	29.134	1.836	2.072	1.572	2.768		SH1	28.216	0.917	1.351	1.162	1.633
	SH2	26.767	-0.532	1.699	1.371	1.781		SH2	26.769	-0.530	1.190	1.056	1.302
	SH3	28.325	1.026	2.122	1.567	2.358		SH3	27.633	0.334	1.326	1.138	1.368
Alpha = 26.867													
n=60	MLE	18.167	-8.700	1.285	0.932	8.794	n=140	MLE	22.253	-4.614	0.947	0.857	4.711
	CBA	23.427	-3.440	2.667	1.267	4.353		CBA	24.382	-2.485	1.226	0.944	2.771
	SH1	28.666	1.799	3.262	1.725	3.726		SH1	28.592	1.724	1.642	1.267	2.381
	SH2	25.060	-1.808	2.610	1.446	3.175		SH2	25.960	-0.907	1.342	1.100	1.620
	SH3	27.345	0.477	3.204	1.741	3.239		SH3	27.427	0.559	1.643	1.270	1.736
n=100	MLE	20.906	-5.961	1.054	0.908	6.054	n=180	MLE	23.065	-3.802	0.898	0.805	3.907
	CBA	24.174	-2.694	1.693	1.062	3.181		CBA	24.632	-2.235	1.087	0.857	2.485
	SH1	29.034	2.167	2.277	1.451	3.143		SH1	28.335	1.468	1.485	1.122	2.088
	SH2	25.838	-1.029	1.778	1.247	2.054		SH2	26.077	-0.790	1.233	0.987	1.465
	SH3	27.766	0.899	2.346	1.472	2.512		SH3	27.322	0.455	1.463	1.116	1.532
Beta = 1.016													
n=60	MLE	1.193	0.177	0.035	0.045	0.180	n=140	MLE	1.103	0.087	0.015	0.022	0.088
	CBA	1.119	0.103	0.092	0.069	0.138		CBA	1.077	0.061	0.035	0.032	0.070
	SH1	1.028	0.012	0.075	0.065	0.076		SH1	0.999	-0.017	0.028	0.029	0.033
	SH2	1.048	0.032	0.056	0.055	0.064		SH2	1.031	0.015	0.021	0.025	0.026
	SH3	1.042	0.026	0.081	0.067	0.085		SH3	1.016	0.000	0.032	0.030	0.032
n=100	MLE	1.133	0.117	0.022	0.030	0.119	n=180	MLE	1.085	0.069	0.011	0.018	0.070
	CBA	1.094	0.078	0.051	0.045	0.093		CBA	1.064	0.048	0.026	0.025	0.055
	SH1	1.005	-0.011	0.041	0.040	0.043		SH1	0.996	-0.020	0.022	0.023	0.029
	SH2	1.037	0.021	0.031	0.035	0.037		SH2	1.027	0.011	0.016	0.020	0.020
	SH3	1.022	0.006	0.045	0.042	0.046		SH3	1.012	-0.004	0.024	0.023	0.025

表 5-1-4  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 20.692							Gamma = 20.692						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e.						s.e.	s.e.		
n=60	MLE	16.742	-3.950	1.771	1.278	4.328	n=140	MLE	18.621	-2.070	1.177	1.068	2.381
	CBA	20.230	-0.462	2.737	1.531	2.776		CBA	19.950	-0.742	1.374	1.153	1.562
	SH1	21.064	0.372	2.916	1.795	2.939		SH1	20.577	-0.115	1.438	1.262	1.443
	SH2	19.117	-1.575	2.391	1.556	2.863		SH2	19.665	-1.027	1.311	1.167	1.666
	SH3	20.891	0.199	2.941	1.691	2.947		SH3	20.836	0.144	1.371	1.173	1.379
n=100	MLE	18.010	-2.682	1.497	1.164	3.071	n=180	MLE	19.091	-1.600	1.160	0.980	1.977
	CBA	19.860	-0.831	1.998	1.293	2.164		CBA	19.999	-0.692	1.303	1.038	1.476
	SH1	20.666	-0.026	2.038	1.457	2.038		SH1	20.622	-0.070	1.351	1.122	1.353
	SH2	19.442	-1.250	1.781	1.316	2.176		SH2	19.901	-0.791	1.258	1.052	1.486
	SH3	20.815	0.123	1.999	1.351	2.003		SH3	20.834	0.143	1.306	1.047	1.314
Alpha = 20.471													
n=60	MLE	14.330	-6.142	1.398	0.951	6.299	n=140	MLE	17.037	-3.434	1.047	0.888	3.590
	CBA	18.459	-2.012	2.477	1.175	3.191		CBA	18.787	-1.684	1.195	0.949	2.065
	SH1	21.051	0.580	3.040	1.563	3.095		SH1	20.432	-0.040	1.493	1.183	1.493
	SH2	18.202	-2.269	2.365	1.325	3.278		SH2	18.893	-1.578	1.287	1.048	2.037
	SH3	20.327	-0.144	2.945	1.500	2.949		SH3	20.370	-0.101	1.378	1.090	1.382
n=100	MLE	16.085	-4.386	1.285	0.928	4.571	n=180	MLE	17.703	-2.768	1.049	0.834	2.961
	CBA	18.519	-1.952	1.847	1.034	2.687		CBA	18.987	-1.485	1.168	0.873	1.889
	SH1	20.553	0.082	2.237	1.340	2.238		SH1	20.445	-0.026	1.396	1.060	1.397
	SH2	18.573	-1.898	1.822	1.162	2.631		SH2	19.187	-1.284	1.234	0.954	1.781
	SH3	20.215	-0.256	2.131	1.250	2.146		SH3	20.404	-0.067	1.289	0.977	1.291
Beta = 1.011													
n=60	MLE	1.168	0.157	0.035	0.042	0.161	n=140	MLE	1.093	0.082	0.014	0.021	0.083
	CBA	1.100	0.089	0.095	0.063	0.130		CBA	1.062	0.052	0.040	0.033	0.065
	SH1	1.003	-0.007	0.058	0.053	0.058		SH1	1.008	-0.003	0.023	0.024	0.023
	SH2	1.052	0.041	0.046	0.046	0.062		SH2	1.041	0.030	0.018	0.022	0.035
	SH3	1.032	0.021	0.080	0.053	0.083		SH3	1.024	0.013	0.036	0.026	0.038
n=100	MLE	1.120	0.109	0.021	0.028	0.111	n=180	MLE	1.078	0.068	0.012	0.017	0.069
	CBA	1.074	0.063	0.060	0.043	0.087		CBA	1.054	0.043	0.031	0.026	0.053
	SH1	1.007	-0.004	0.032	0.033	0.032		SH1	1.009	-0.002	0.018	0.019	0.018
	SH2	1.048	0.037	0.025	0.029	0.044		SH2	1.037	0.027	0.015	0.018	0.030
	SH3	1.032	0.021	0.048	0.034	0.052		SH3	1.022	0.011	0.029	0.021	0.031

表 5-1-5  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=1$

Gamma = 34.820							Gamma = 34.820						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	27.483	-7.337	1.423	1.299	7.474	n=140	MLE	31.417	-3.403	1.098	0.999	3.576
	CBA	31.131	-3.689	3.076	1.843	4.803		CBA	32.510	-2.310	1.310	1.142	2.656
	SH1	36.837	2.017	3.226	2.304	3.804		SH1	36.762	1.942	1.538	1.374	2.477
	SH2	33.894	-0.926	2.456	1.893	2.624		SH2	34.685	-0.135	1.348	1.215	1.354
	SH3	35.660	0.840	3.178	2.426	3.287		SH3	35.790	0.970	1.667	1.472	1.929
n=100	MLE	30.254	-4.566	1.246	1.131	4.733	n=180	MLE	32.116	-2.704	0.897	0.914	2.849
	CBA	31.871	-2.949	1.854	1.384	3.483		CBA	32.898	-1.922	1.022	0.996	2.177
	SH1	36.970	2.150	2.031	1.680	2.958		SH1	36.544	1.724	1.175	1.184	2.086
	SH2	34.585	-0.235	1.684	1.456	1.700		SH2	34.740	-0.080	1.049	1.067	1.052
	SH3	35.905	1.085	2.180	1.795	2.435		SH3	35.686	0.866	1.286	1.259	1.551
Alpha = 29.718													
n=60	MLE	20.304	-9.414	1.126	0.968	9.481	n=140	MLE	24.838	-4.880	0.992	0.845	4.980
	CBA	25.763	-3.955	2.307	1.369	4.579		CBA	26.719	-2.999	1.247	0.935	3.247
	SH1	31.623	1.906	2.970	1.874	3.529		SH1	31.873	2.155	1.749	1.277	2.775
	SH2	28.573	-1.145	2.371	1.566	2.633		SH2	29.289	-0.429	1.474	1.114	1.535
	SH3	30.298	0.580	2.886	1.897	2.944		SH3	30.737	1.020	1.843	1.334	2.106
n=100	MLE	23.349	-6.369	1.061	0.913	6.457	n=180	MLE	25.808	-3.909	0.861	0.786	4.003
	CBA	26.334	-3.384	1.567	1.087	3.729		CBA	27.069	-2.648	0.979	0.838	2.824
	SH1	32.085	2.367	2.180	1.506	3.218		SH1	31.660	1.942	1.374	1.122	2.379
	SH2	29.188	-0.530	1.764	1.297	1.842		SH2	29.395	-0.323	1.166	0.989	1.210
	SH3	30.838	1.120	2.222	1.563	2.488		SH3	30.640	0.922	1.435	1.172	1.706
Beta = 1.172													
n=60	MLE	1.355	0.183	0.044	0.051	0.188	n=140	MLE	1.265	0.094	0.030	0.030	0.098
	CBA	1.213	0.041	0.115	0.075	0.122		CBA	1.218	0.046	0.044	0.038	0.064
	SH1	1.170	-0.002	0.098	0.075	0.098		SH1	1.155	-0.017	0.044	0.039	0.047
	SH2	1.190	0.018	0.077	0.064	0.079		SH2	1.185	0.014	0.038	0.034	0.040
	SH3	1.182	0.010	0.098	0.078	0.099		SH3	1.166	-0.006	0.047	0.042	0.048
n=100	MLE	1.297	0.125	0.037	0.037	0.130	n=180	MLE	1.245	0.073	0.025	0.025	0.077
	CBA	1.212	0.041	0.071	0.052	0.082		CBA	1.216	0.044	0.033	0.030	0.055
	SH1	1.155	-0.017	0.064	0.050	0.066		SH1	1.155	-0.016	0.036	0.031	0.039
	SH2	1.187	0.015	0.050	0.044	0.053		SH2	1.183	0.011	0.031	0.028	0.033
	SH3	1.167	-0.005	0.065	0.054	0.065		SH3	1.166	-0.006	0.037	0.034	0.038

表 5-2-1  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型一：

$S=100, p_i \sim 1/S, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 26.406							Gamma = 26.406						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e						s.e.	s.e		
n=60	MLE	21.989	-4.417	1.347	1.372	4.618	n=140	MLE	24.197	-2.209	1.017	1.063	2.432
	CBA	23.047	-3.359	1.730	1.501	3.779		CBA	24.380	-2.026	1.020	1.086	2.269
	SH1	28.950	2.544	2.097	2.008	3.297		SH1	27.864	1.458	1.298	1.348	1.952
	SH2	26.322	-0.084	1.924	1.874	1.926		SH2	26.358	-0.048	1.211	1.249	1.212
	SH3	27.214	0.808	2.245	2.141	2.386		SH3	26.990	0.584	1.400	1.424	1.517
Alpha = 25.528													
n=60	MLE	18.316	-7.211	1.123	1.054	7.298	n=140	MLE	21.736	-3.792	0.930	0.933	3.904
	CBA	20.618	-4.909	1.546	1.183	5.147		CBA	22.116	-3.412	0.961	0.954	3.545
	SH1	28.634	3.107	2.405	1.793	3.929		SH1	27.602	2.075	1.331	1.333	2.465
	SH2	25.515	-0.012	2.174	1.702	2.174		SH2	25.434	-0.094	1.264	1.234	1.267
	SH3	26.010	0.482	2.488	1.859	2.535		SH3	26.046	0.518	1.460	1.400	1.549
n=100	MLE	20.700	-4.827	0.982	0.995	4.926	n=180	MLE	22.539	-2.988	0.841	0.855	3.104
	CBA	21.599	-3.929	1.100	1.040	4.080		CBA	22.710	-2.817	0.855	0.866	2.944
	SH1	28.265	2.737	1.584	1.515	3.162		SH1	27.366	1.838	1.138	1.159	2.162
	SH2	25.666	0.138	1.508	1.423	1.515		SH2	25.538	0.010	1.079	1.076	1.079
	SH3	26.298	0.770	1.809	1.604	1.966		SH3	26.186	0.659	1.301	1.225	1.458
Beta = 1.034													
n=60	MLE	1.201	0.167	0.045	0.065	0.173	n=140	MLE	1.113	0.079	0.023	0.034	0.082
	CBA	1.120	0.086	0.070	0.074	0.110		CBA	1.103	0.068	0.025	0.035	0.073
	SH1	1.014	-0.021	0.059	0.071	0.062		SH1	1.010	-0.025	0.025	0.035	0.035
	SH2	1.034	0.000	0.053	0.073	0.053		SH2	1.037	0.002	0.025	0.036	0.025
	SH3	1.050	0.015	0.066	0.085	0.068		SH3	1.037	0.003	0.033	0.043	0.033
n=100	MLE	1.142	0.107	0.031	0.044	0.112	n=180	MLE	1.099	0.064	0.019	0.028	0.067
	CBA	1.113	0.079	0.036	0.047	0.087		CBA	1.094	0.060	0.020	0.029	0.063
	SH1	1.009	-0.026	0.033	0.046	0.042		SH1	1.014	-0.020	0.019	0.029	0.028
	SH2	1.035	0.000	0.033	0.048	0.033		SH2	1.038	0.004	0.020	0.030	0.020
	SH3	1.042	0.007	0.043	0.057	0.044		SH3	1.037	0.002	0.026	0.035	0.026

表 5-2-2  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型二：

$S=100, p_i \sim \text{Random unif.}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 26.748							Gamma = 26.748						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	22.207	-4.540	1.588	1.418	4.810	n=140	MLE	24.697	-2.051	1.154	1.089	2.353
	CBA	22.991	-3.757	1.968	1.547	4.241		CBA	24.882	-1.865	1.190	1.110	2.213
	SH1	29.206	2.458	2.356	2.073	3.405		SH1	28.606	1.858	1.469	1.377	2.369
	SH2	26.685	-0.063	2.241	1.948	2.241		SH2	26.969	0.221	1.382	1.282	1.399
	SH3	27.114	0.366	2.515	2.203	2.542		SH3	27.359	0.611	1.564	1.443	1.679
n=100	MLE	23.849	-2.899	1.225	1.219	3.148	n=180	MLE	24.986	-1.762	1.100	1.007	2.077
	CBA	24.183	-2.564	1.314	1.268	2.882		CBA	25.100	-1.647	1.127	1.018	1.996
	SH1	28.862	2.114	1.622	1.628	2.664		SH1	28.140	1.392	1.350	1.228	1.939
	SH2	26.887	0.139	1.557	1.514	1.563		SH2	26.764	0.016	1.266	1.146	1.266
	SH3	27.305	0.557	1.845	1.721	1.927		SH3	27.101	0.353	1.464	1.276	1.506
Alpha = 25.065													
n=60	MLE	18.007	-7.058	1.310	1.070	7.178	n=140	MLE	21.564	-3.500	1.087	0.944	3.665
	CBA	20.096	-4.968	1.700	1.194	5.251		CBA	21.936	-3.129	1.133	0.963	3.327
	SH1	28.103	3.038	2.518	1.819	3.946		SH1	27.644	2.580	1.589	1.354	3.030
	SH2	24.929	-0.135	2.425	1.721	2.429		SH2	25.280	0.216	1.503	1.248	1.518
	SH3	25.180	0.115	2.571	1.878	2.574		SH3	25.775	0.710	1.684	1.409	1.828
n=100	MLE	20.437	-4.628	1.061	1.014	4.748	n=180	MLE	22.132	-2.933	1.010	0.883	3.102
	CBA	21.243	-3.822	1.144	1.056	3.990		CBA	22.324	-2.740	1.024	0.892	2.926
	SH1	28.050	2.985	1.634	1.550	3.403		SH1	27.139	2.074	1.381	1.207	2.492
	SH2	25.320	0.256	1.602	1.448	1.622		SH2	25.081	0.016	1.302	1.106	1.302
	SH3	25.799	0.735	1.793	1.625	1.938		SH3	25.596	0.531	1.507	1.248	1.598
Beta = 1.067													
n=60	MLE	1.234	0.167	0.049	0.067	0.174	n=140	MLE	1.146	0.079	0.031	0.037	0.085
	CBA	1.146	0.079	0.072	0.076	0.107		CBA	1.135	0.068	0.032	0.038	0.075
	SH1	1.042	-0.025	0.059	0.074	0.064		SH1	1.036	-0.032	0.032	0.038	0.045
	SH2	1.073	0.006	0.054	0.075	0.055		SH2	1.068	0.001	0.033	0.039	0.033
	SH3	1.080	0.013	0.066	0.088	0.067		SH3	1.063	-0.004	0.040	0.046	0.040
n=100	MLE	1.167	0.100	0.034	0.046	0.106	n=180	MLE	1.129	0.062	0.025	0.031	0.067
	CBA	1.139	0.072	0.039	0.049	0.082		CBA	1.125	0.058	0.025	0.031	0.063
	SH1	1.030	-0.037	0.037	0.048	0.053		SH1	1.037	-0.030	0.025	0.031	0.039
	SH2	1.063	-0.004	0.037	0.050	0.038		SH2	1.068	0.001	0.027	0.032	0.027
	SH3	1.059	-0.008	0.046	0.059	0.046		SH3	1.060	-0.008	0.031	0.037	0.032



表 5-2-3  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型三：

$S=100, p_i \sim c/(i+2), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 17.774							Gamma = 17.774						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e						s.e.	s.e		
n=60	MLE	15.661	-2.113	1.457	1.289	2.566	n=140	MLE	16.820	-0.953	1.007	1.025	1.386
	CBA	16.386	-1.388	1.713	1.371	2.205		CBA	16.945	-0.829	1.027	1.041	1.319
	SH1	19.912	2.139	2.252	1.863	3.105		SH1	18.827	1.053	1.252	1.259	1.636
	SH2	17.845	0.071	1.893	1.633	1.895		SH2	17.828	0.054	1.134	1.148	1.135
	SH3	18.241	0.467	2.109	1.812	2.160		SH3	17.993	0.219	1.203	1.219	1.223
<hr/>													
n=100	MLE	16.520	-1.254	1.219	1.146	1.749	n=180	MLE	16.966	-0.808	0.958	0.928	1.253
	CBA	16.825	-0.949	1.308	1.182	1.616		CBA	17.032	-0.742	0.963	0.936	1.216
	SH1	19.281	1.507	1.637	1.496	2.225		SH1	18.538	0.764	1.140	1.095	1.373
	SH2	17.912	0.138	1.438	1.336	1.445		SH2	17.754	-0.020	1.051	1.014	1.051
	SH3	18.157	0.384	1.578	1.446	1.624		SH3	17.888	0.114	1.109	1.065	1.115
<hr/>													
Alpha = 17.751													
n=60	MLE	13.873	-3.878	1.205	1.008	4.061	n=140	MLE	15.871	-1.880	0.921	0.902	2.093
	CBA	14.941	-2.810	1.468	1.075	3.170		CBA	16.088	-1.664	0.946	0.913	1.914
	SH1	20.768	3.017	2.350	1.676	3.824		SH1	19.573	1.822	1.352	1.270	2.269
	SH2	17.710	-0.041	1.974	1.497	1.975		SH2	17.766	0.015	1.161	1.112	1.161
	SH3	18.107	0.356	2.134	1.645	2.163		SH3	18.020	0.268	1.273	1.216	1.301
<hr/>													
n=100	MLE	15.312	-2.439	1.050	0.965	2.656	n=180	MLE	16.230	-1.521	0.892	0.833	1.763
	CBA	15.764	-1.987	1.136	0.989	2.289		CBA	16.360	-1.391	0.911	0.838	1.663
	SH1	20.246	2.494	1.731	1.461	3.036		SH1	19.199	1.448	1.227	1.110	1.898
	SH2	17.887	0.136	1.447	1.273	1.454		SH2	17.737	-0.015	1.071	0.985	1.071
	SH3	18.251	0.500	1.672	1.409	1.745		SH3	17.961	0.210	1.173	1.067	1.191
<hr/>													
Beta = 1.001													
n=60	MLE	1.129	0.128	0.044	0.060	0.135	n=140	MLE	1.060	0.059	0.017	0.029	0.061
	CBA	1.098	0.096	0.059	0.067	0.113		CBA	1.053	0.052	0.020	0.031	0.056
	SH1	0.960	-0.041	0.051	0.067	0.065		SH1	0.962	-0.039	0.019	0.031	0.043
	SH2	1.009	0.008	0.047	0.065	0.048		SH2	1.004	0.002	0.018	0.030	0.018
	SH3	1.009	0.008	0.061	0.075	0.061		SH3	0.999	-0.002	0.021	0.033	0.021
<hr/>													
n=100	MLE	1.079	0.077	0.024	0.039	0.081	n=180	MLE	1.045	0.044	0.013	0.022	0.046
	CBA	1.067	0.066	0.028	0.041	0.072		CBA	1.041	0.040	0.013	0.023	0.042
	SH1	0.953	-0.049	0.026	0.041	0.055		SH1	0.966	-0.035	0.013	0.023	0.038
	SH2	1.002	0.000	0.025	0.040	0.025		SH2	1.001	0.000	0.013	0.023	0.013
	SH3	0.996	-0.006	0.029	0.045	0.030		SH3	0.996	-0.005	0.014	0.025	0.015

表 5-2-4  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型四：

$S=100, p_i \sim c/(i+0), \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 11.091							Gamma = 11.091						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		
			s.e.	s.e.				s.e.	s.e.				
n=60	MLE	10.464	-0.627	1.606	1.272	1.724	n=140	MLE	10.709	-0.382	1.055	0.988	1.122
	CBA	10.703	-0.388	1.711	1.315	1.754		CBA	10.735	-0.355	1.079	0.995	1.136
	SH1	12.322	1.231	2.229	1.713	2.547		SH1	11.491	0.400	1.218	1.138	1.283
	SH2	11.379	0.288	1.917	1.500	1.938		SH2	11.096	0.006	1.136	1.062	1.136
	SH3	11.427	0.337	1.936	1.526	1.965		SH3	11.098	0.007	1.122	1.061	1.122
<hr/>													
n=100	MLE	10.730	-0.361	1.271	1.115	1.322	n=180	MLE	10.888	-0.203	0.958	0.897	0.979
	CBA	10.784	-0.307	1.313	1.130	1.348		CBA	10.892	-0.199	0.963	0.901	0.984
	SH1	11.853	0.762	1.561	1.354	1.737		SH1	11.511	0.420	1.075	1.004	1.154
	SH2	11.285	0.194	1.415	1.235	1.428		SH2	11.197	0.106	1.016	0.951	1.022
	SH3	11.283	0.193	1.412	1.238	1.425		SH3	11.187	0.097	1.007	0.949	1.012
<hr/>													
Alpha = 11.086													
n=60	MLE	9.692	-1.394	1.384	1.002	1.965	n=140	MLE	10.356	-0.730	1.006	0.881	1.243
	CBA	10.155	-0.931	1.535	1.039	1.795		CBA	10.447	-0.638	1.021	0.886	1.204
	SH1	13.095	2.009	2.436	1.597	3.158		SH1	11.877	0.792	1.324	1.140	1.543
	SH2	11.386	0.300	1.938	1.344	1.961		SH2	11.106	0.021	1.164	1.012	1.164
	SH3	11.442	0.356	1.989	1.397	2.021		SH3	11.075	-0.011	1.147	1.016	1.147
<hr/>													
n=100	MLE	10.212	-0.873	1.162	0.954	1.454	n=180	MLE	10.588	-0.498	0.910	0.816	1.037
	CBA	10.395	-0.691	1.221	0.967	1.403		CBA	10.638	-0.448	0.919	0.819	1.022
	SH1	12.351	1.265	1.703	1.339	2.122		SH1	11.804	0.718	1.135	1.007	1.343
	SH2	11.267	0.181	1.432	1.154	1.443		SH2	11.189	0.103	1.021	0.912	1.027
	SH3	11.239	0.153	1.457	1.172	1.465		SH3	11.153	0.068	1.008	0.913	1.010
<hr/>													
Beta = 1.000													
n=60	MLE	1.079	0.078	0.031	0.052	0.084	n=140	MLE	1.034	0.034	0.013	0.023	0.036
	CBA	1.053	0.053	0.041	0.057	0.067		CBA	1.027	0.027	0.018	0.025	0.032
	SH1	0.943	-0.058	0.034	0.056	0.067		SH1	0.968	-0.032	0.015	0.024	0.035
	SH2	1.000	0.000	0.031	0.053	0.031		SH2	0.999	-0.001	0.014	0.023	0.014
	SH3	1.000	0.000	0.031	0.051	0.031		SH3	1.002	0.002	0.014	0.021	0.014
<hr/>													
n=100	MLE	1.050	0.050	0.023	0.033	0.055	n=180	MLE	1.028	0.028	0.010	0.018	0.030
	CBA	1.037	0.037	0.029	0.036	0.047		CBA	1.024	0.023	0.013	0.020	0.027
	SH1	0.961	-0.040	0.025	0.034	0.047		SH1	0.975	-0.025	0.011	0.019	0.027
	SH2	1.002	0.002	0.024	0.033	0.024		SH2	1.001	0.000	0.010	0.018	0.010
	SH3	1.005	0.004	0.023	0.031	0.023		SH3	1.003	0.003	0.010	0.017	0.010

表 5-2-5  $s_1=80$ ，物種相對豐富度為模型五：

$S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, \text{Rep.}=200, \text{Bootstrap}=200, q=2$

Gamma = 24.544							Gamma = 24.544						
方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE	
			s.e.	s.e.						s.e.	s.e.		
n=60	MLE	20.640	-3.904	1.391	1.357	4.144	n=140	MLE	22.787	-1.758	1.123	1.057	2.086
	CBA	21.315	-3.229	1.708	1.465	3.653		CBA	22.908	-1.636	1.133	1.077	1.990
	SH1	27.281	2.737	2.090	2.007	3.443		SH1	26.319	1.775	1.442	1.341	2.287
	SH2	24.530	-0.015	1.936	1.833	1.936		SH2	24.693	0.149	1.322	1.229	1.331
	SH3	25.051	0.507	2.266	2.085	2.322		SH3	24.966	0.421	1.501	1.386	1.559
Alpha = 21.115													
n=60	MLE	15.924	-5.191	1.229	1.064	5.334	n=140	MLE	18.539	-2.575	1.087	0.941	2.795
	CBA	17.368	-3.747	1.505	1.155	4.038		CBA	18.812	-2.303	1.134	0.954	2.567
	SH1	24.413	3.299	2.371	1.786	4.062		SH1	23.442	2.327	1.635	1.345	2.844
	SH2	21.189	0.075	2.169	1.646	2.170		SH2	21.206	0.092	1.429	1.198	1.432
	SH3	21.437	0.322	2.404	1.805	2.425		SH3	21.596	0.482	1.671	1.347	1.739
Alpha = 21.115													
n=100	MLE	17.730	-3.385	1.130	1.013	3.568	n=180	MLE	19.053	-2.062	0.966	0.895	2.277
	CBA	18.299	-2.816	1.223	1.043	3.070		CBA	19.180	-1.934	0.980	0.902	2.168
	SH1	24.044	2.930	1.861	1.548	3.471		SH1	23.041	1.927	1.358	1.216	2.358
	SH2	21.311	0.196	1.642	1.388	1.654		SH2	21.184	0.070	1.199	1.088	1.201
	SH3	21.740	0.625	1.857	1.556	1.959		SH3	21.489	0.375	1.362	1.215	1.413
Beta = 1.162													
n=60	MLE	1.299	0.136	0.063	0.072	0.150	n=140	MLE	1.231	0.068	0.045	0.044	0.082
	CBA	1.231	0.069	0.090	0.079	0.113		CBA	1.219	0.057	0.045	0.045	0.073
	SH1	1.122	-0.040	0.075	0.081	0.085		SH1	1.125	-0.038	0.049	0.048	0.062
	SH2	1.163	0.000	0.076	0.082	0.076		SH2	1.166	0.004	0.049	0.048	0.049
	SH3	1.174	0.012	0.087	0.093	0.088		SH3	1.159	-0.004	0.056	0.053	0.056
Beta = 1.162													
n=100	MLE	1.252	0.090	0.053	0.054	0.104	n=180	MLE	1.214	0.051	0.036	0.039	0.063
	CBA	1.223	0.060	0.057	0.057	0.083		CBA	1.210	0.047	0.037	0.039	0.060
	SH1	1.118	-0.045	0.058	0.059	0.073		SH1	1.127	-0.036	0.040	0.042	0.053
	SH2	1.165	0.002	0.059	0.059	0.059		SH2	1.163	0.000	0.039	0.041	0.039
	SH3	1.158	-0.004	0.064	0.067	0.064		SH3	1.157	-0.005	0.042	0.046	0.043

## 附表六 以實際資料為母體模型的模擬結果

表 6-1 以客雅溪和後龍溪河口鳥類調查資料為模型：

s12=96 , Rep.=200, Bootstrap=200, q=1

Gamma = 20.8112														
	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated			方法	Estimate	Bias	Sample Estimated			RMSE	
				s.e.	s.e.	RMSE				s.e.	s.e.	RMSE		
n=100	MLE	17.7016	-3.1097	1.0110	0.8363	3.2699	n=200	MLE	18.8756	-1.9356	0.8204	0.7145	2.1023	
	CBA	19.9905	-0.8208	1.6661	1.0025	1.8573		CBA	19.9584	-0.8528	1.0510	0.7683	1.3535	
	SH1	21.1895	0.3783	1.6541	1.1217	1.6968		SH1	20.8222	0.0110	1.0595	0.8342	1.0595	
	SH2	19.6347	-1.1766	1.3550	0.9842	1.7945		SH2	19.9240	-0.8873	0.9440	0.7733	1.2955	
	SH3	20.7741	-0.0371	1.6641	1.0791	1.6645		SH3	20.6892	-0.1220	1.0959	0.7993	1.1027	
Alpha = 17.222														
n=100	MLE	13.6629	-3.5591	0.6969	0.6233	3.6267	n=200	MLE	15.0094	-2.2126	0.6541	0.5455	2.3073	
	CBA	15.5597	-1.6623	1.0596	0.7171	1.9713		CBA	15.9104	-1.3116	0.7852	0.5731	1.5287	
	SH1	17.7914	0.5693	1.3074	0.9064	1.4259		SH1	17.5953	0.3733	0.9350	0.6894	1.0068	
	SH2	16.2022	-1.0199	1.0474	0.7920	1.4619		SH2	16.4971	-0.7250	0.8079	0.6249	1.0855	
	SH3	17.3692	0.1471	1.3081	0.8862	1.3163		SH3	17.3808	0.1588	0.9309	0.6688	0.9444	
n=150	MLE	14.3968	-2.8252	0.6457	0.5769	2.8981	n=250	MLE	15.2951	-1.9269	0.6386	0.5133	2.0300	
	CBA	15.6161	-1.6059	0.8674	0.6196	1.8252		CBA	16.0358	-1.1862	0.7009	0.5291	1.3778	
	SH1	17.5716	0.3495	1.0657	0.7637	1.1215		SH1	17.5451	0.3230	0.8325	0.6238	0.8929	
	SH2	16.2666	-0.9555	0.8781	0.6819	1.2977		SH2	16.5710	-0.6511	0.7442	0.5725	0.9888	
	SH3	17.2743	0.0522	1.0459	0.7443	1.0473		SH3	17.4014	0.1794	0.8169	0.6062	0.8363	
Beta = 1.2084														
n=100	MLE	1.2957	0.0873	0.0376	0.0365	0.0951	n=200	MLE	1.2578	0.0494	0.0252	0.0252	0.0555	
	CBA	1.2850	0.0766	0.0660	0.0469	0.1012		CBA	1.2548	0.0464	0.0369	0.0300	0.0593	
	SH1	1.1917	-0.0167	0.0516	0.0425	0.0542		SH1	1.1838	-0.0246	0.0271	0.0273	0.0366	
	SH2	1.2123	0.0039	0.0441	0.0393	0.0443		SH2	1.2081	-0.0003	0.0253	0.0259	0.0253	
	SH3	1.1971	-0.0113	0.0599	0.0435	0.0610		SH3	1.1908	-0.0176	0.0303	0.0278	0.0351	
n=150	MLE	1.2729	0.0645	0.0281	0.0294	0.0703	n=250	MLE	1.2548	0.0464	0.0237	0.0222	0.0521	
	CBA	1.2664	0.0580	0.0454	0.0353	0.0736		CBA	1.2451	0.0367	0.0404	0.0262	0.0546	
	SH1	1.1849	-0.0235	0.0360	0.0325	0.0430		SH1	1.1849	-0.0235	0.0292	0.0239	0.0374	
	SH2	1.2100	0.0016	0.0314	0.0306	0.0314		SH2	1.2097	0.0013	0.0263	0.0228	0.0264	
	SH3	1.1904	-0.0180	0.0397	0.0331	0.0436		SH3	1.1888	-0.0196	0.0324	0.0245	0.0379	

表 6-2 以客雅溪和後龍溪河口鳥類調查資料為模型：

$s12=96$ ,  $Rep.=200$ ,  $Bootstrap=200$ ,  $q=2$

Gamma = 8.6518							Gamma = 8.6518						
	方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE		方法	Estimate	Bias	Sample Estimated		RMSE
				s.e.	s.e						s.e.	s.e	
n=100	MLE	8.2817	-0.3701	0.6087	0.5527	0.7124	n=200	MLE	8.4784	-0.1734	0.4252	0.4134	0.4592
	CBA	8.3634	-0.2884	0.6120	0.5596	0.6765		CBA	8.4928	-0.1590	0.4266	0.4151	0.4553
	SH1	8.8856	0.2338	0.7049	0.6357	0.7426		SH1	8.7933	0.1415	0.4594	0.4457	0.4807
	SH2	8.5892	-0.0626	0.6584	0.5960	0.6613		SH2	8.6371	-0.0147	0.4426	0.4298	0.4428
	SH3	8.6112	-0.0406	0.6686	0.6105	0.6699		SH3	8.6512	-0.0006	0.4487	0.4353	0.4487
<hr/>													
n=150	MLE	8.4694	-0.1824	0.5005	0.4767	0.5328	n=250	MLE	8.4845	-0.1673	0.4470	0.3799	0.4773
	CBA	8.4970	-0.1548	0.5053	0.4792	0.5285		CBA	8.4887	-0.1631	0.4460	0.3810	0.4749
	SH1	8.8897	0.2379	0.5538	0.5261	0.6028		SH1	8.7367	0.0849	0.4758	0.4038	0.4833
	SH2	8.6819	0.0301	0.5277	0.5020	0.5286		SH2	8.6114	-0.0404	0.4615	0.3920	0.4633
	SH3	8.6989	0.0471	0.5389	0.5104	0.5410		SH3	8.6198	-0.0320	0.4675	0.3959	0.4686
<hr/>													
Alpha = 7.6182													
n=100	MLE	7.0882	-0.5300	0.5280	0.4759	0.7482	n=200	MLE	7.3802	-0.2380	0.3957	0.3711	0.4617
	CBA	7.1527	-0.4655	0.5408	0.4796	0.7136		CBA	7.3879	-0.2303	0.3964	0.3713	0.4584
	SH1	7.9523	0.3342	0.6685	0.5931	0.7473		SH1	7.8527	0.2345	0.4520	0.4206	0.5092
	SH2	7.5510	-0.0672	0.6051	0.5409	0.6088		SH2	7.6242	0.0061	0.4247	0.3971	0.4247
	SH3	7.6207	0.0025	0.6199	0.5593	0.6199		SH3	7.6691	0.0510	0.4320	0.4048	0.4350
<hr/>													
n=150	MLE	7.3380	-0.2802	0.4428	0.4234	0.5240	n=250	MLE	7.4171	-0.2011	0.4224	0.3422	0.4678
	CBA	7.3603	-0.2579	0.4468	0.4240	0.5159		CBA	7.4177	-0.2005	0.4229	0.3422	0.4680
	SH1	7.9605	0.3424	0.5248	0.4970	0.6266		SH1	7.7995	0.1813	0.4697	0.3792	0.5035
	SH2	7.6632	0.0450	0.4861	0.4627	0.4882		SH2	7.6132	-0.0049	0.4466	0.3614	0.4467
	SH3	7.7239	0.1057	0.5030	0.4743	0.5140		SH3	7.6496	0.0314	0.4548	0.3670	0.4559
<hr/>													
Beta = 1.1357													
n=100	MLE	1.1689	0.0332	0.0299	0.0358	0.0447	n=200	MLE	1.1492	0.0136	0.0238	0.0233	0.0274
	CBA	1.1699	0.0342	0.0324	0.0370	0.0471		CBA	1.1500	0.0143	0.0235	0.0237	0.0275
	SH1	1.1182	-0.0174	0.0322	0.0376	0.0366		SH1	1.1204	-0.0153	0.0247	0.0241	0.0291
	SH2	1.1382	0.0025	0.0309	0.0369	0.0310		SH2	1.1334	-0.0023	0.0242	0.0238	0.0243
	SH3	1.1307	-0.0050	0.0307	0.0361	0.0311		SH3	1.1286	-0.0071	0.0237	0.0235	0.0248
<hr/>													
n=150	MLE	1.1546	0.0189	0.0269	0.0274	0.0328	n=250	MLE	1.1445	0.0088	0.0237	0.0206	0.0253
	CBA	1.1548	0.0192	0.0273	0.0280	0.0333		CBA	1.1449	0.0092	0.0236	0.0208	0.0254
	SH1	1.1173	-0.0184	0.0279	0.0285	0.0334		SH1	1.1208	-0.0149	0.0246	0.0212	0.0287
	SH2	1.1334	-0.0022	0.0274	0.0280	0.0275		SH2	1.1317	-0.0040	0.0242	0.0209	0.0245
	SH3	1.1268	-0.0089	0.0270	0.0277	0.0284		SH3	1.1274	-0.0082	0.0238	0.0207	0.0251

# 附圖

## 附圖一 群落物種屬於因近代種化事件而產生的模擬結果

模型一：  $S=100, p_i \sim 1/S, CV=0, n=100, \text{rep.}=200$

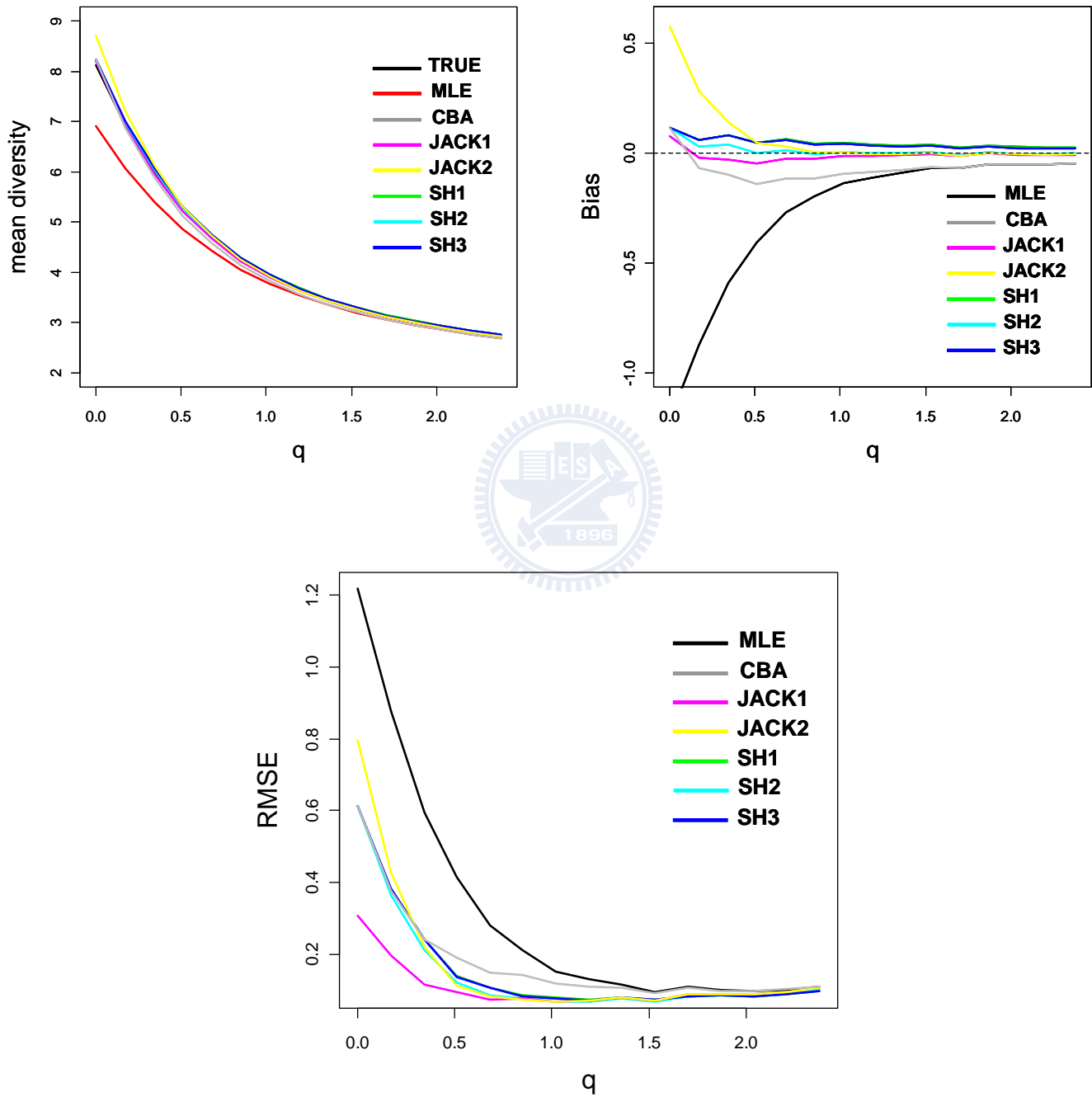


圖 1-1

模型二：  $S=100$ ,  $p_i \sim \text{random uniform}$ ,  $CV=0.68$ ,  $n=100$ ,  $\text{rep.}=200$

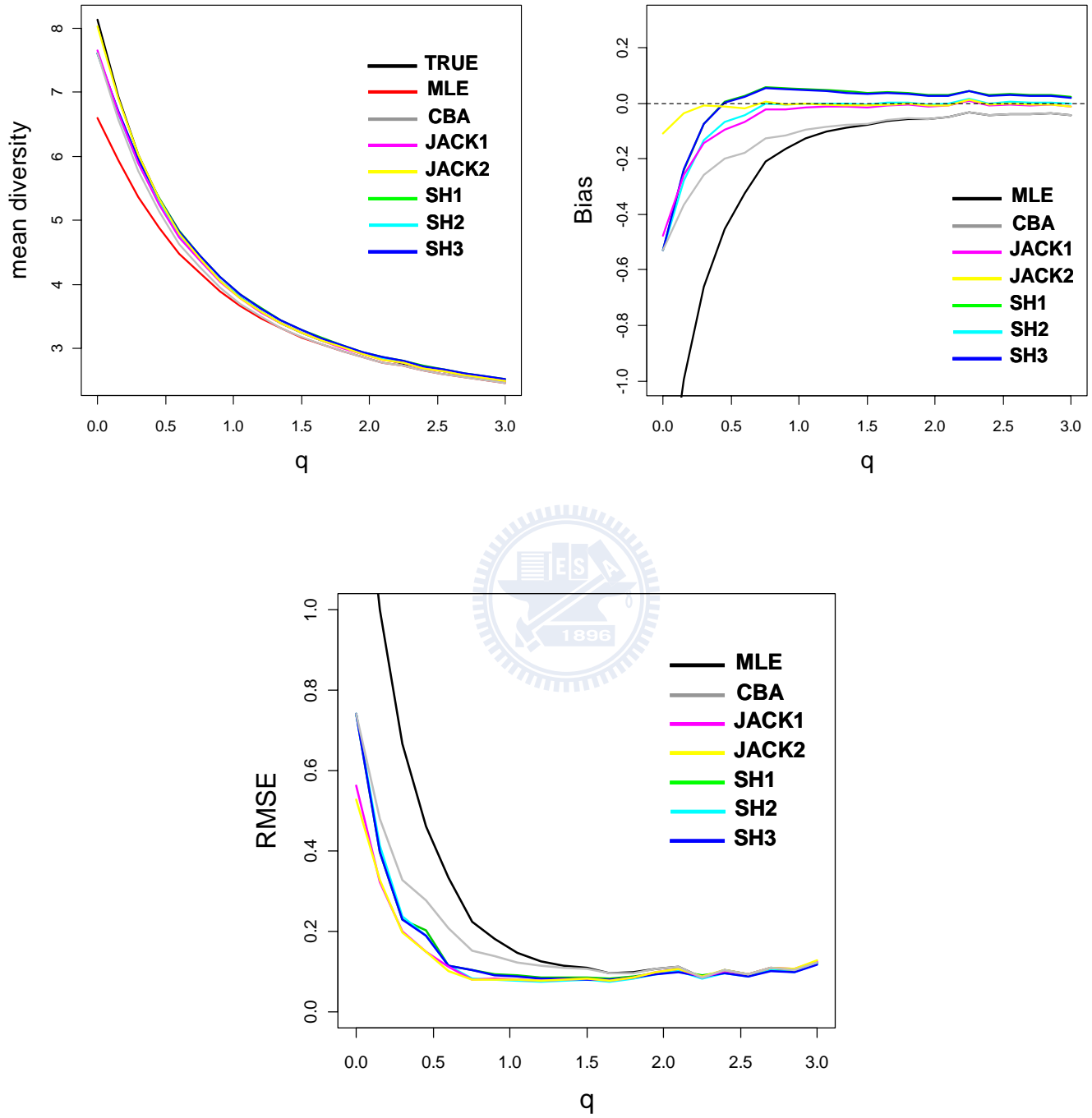


圖 1-2

模型三：  $S=100, p_i \sim c/(i+10), CV=0.745, n=100, \text{rep.}=200$

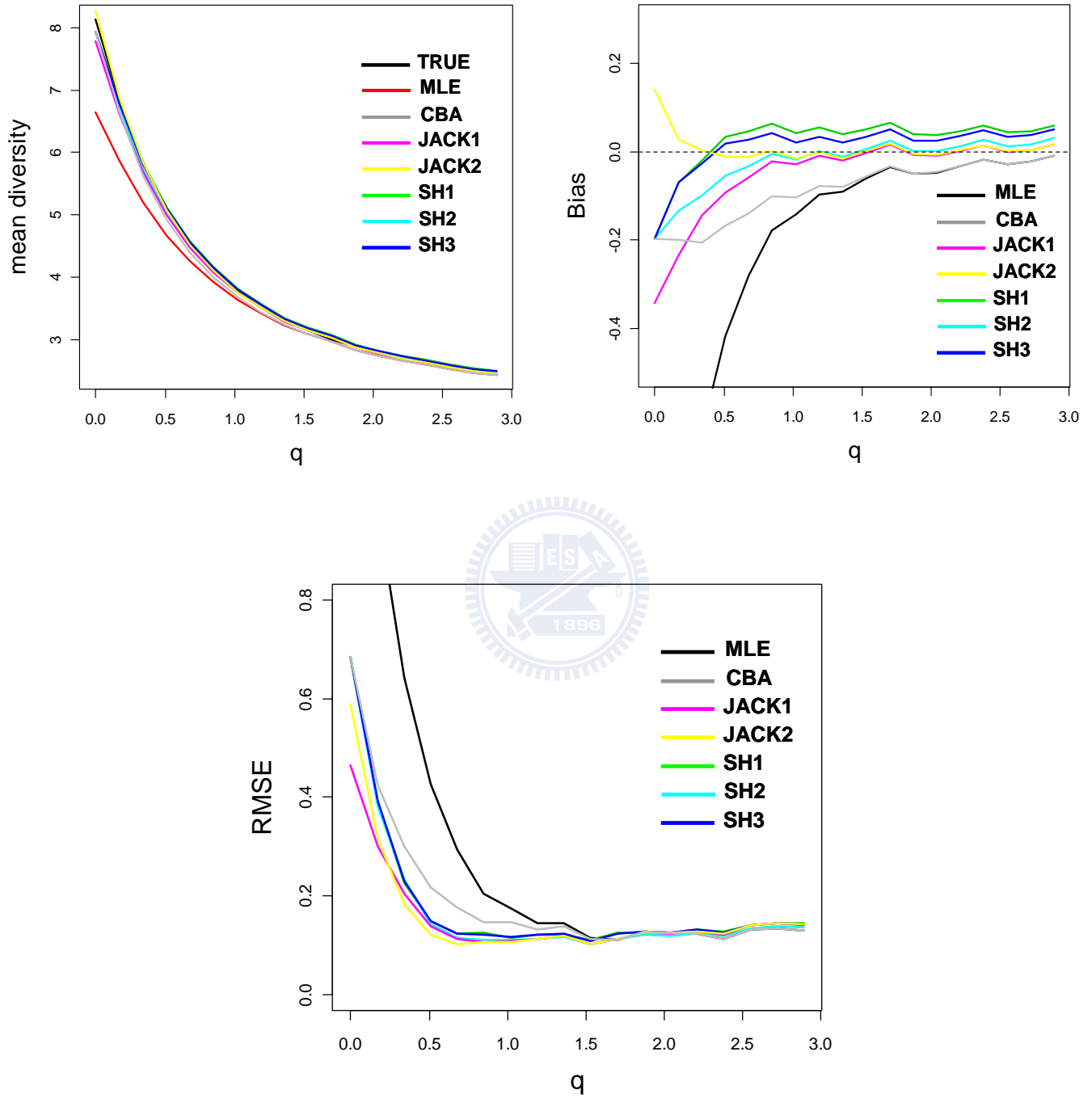


圖 1-3



模型四：  $S=100, p_i \sim c/(i+2), CV=1.343, n=100, \text{rep.}=200$

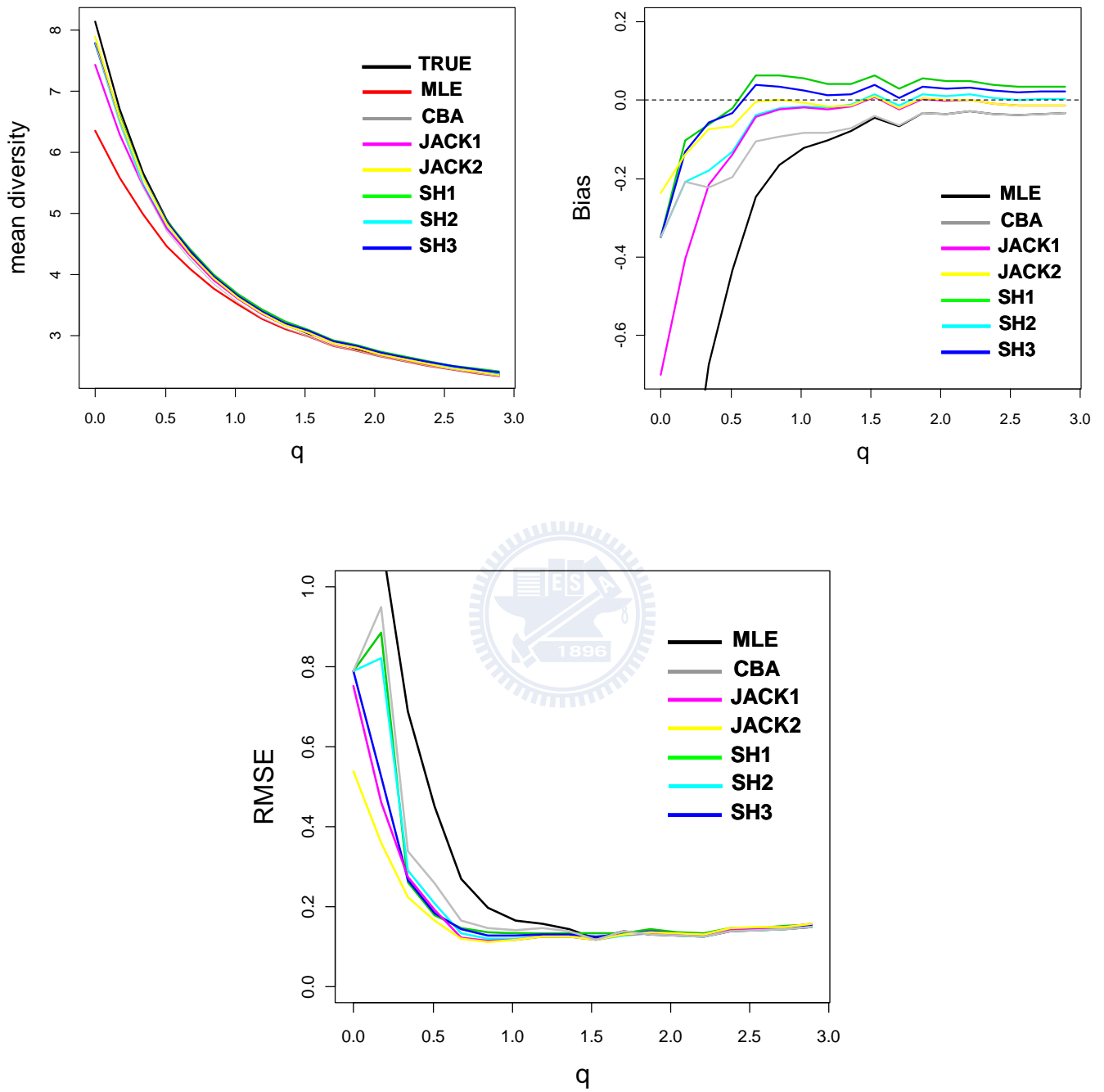


圖 1-4

模型五： $S=100, p_i \sim c/(i+0), CV=2.253, n=100, \text{rep.}=200$

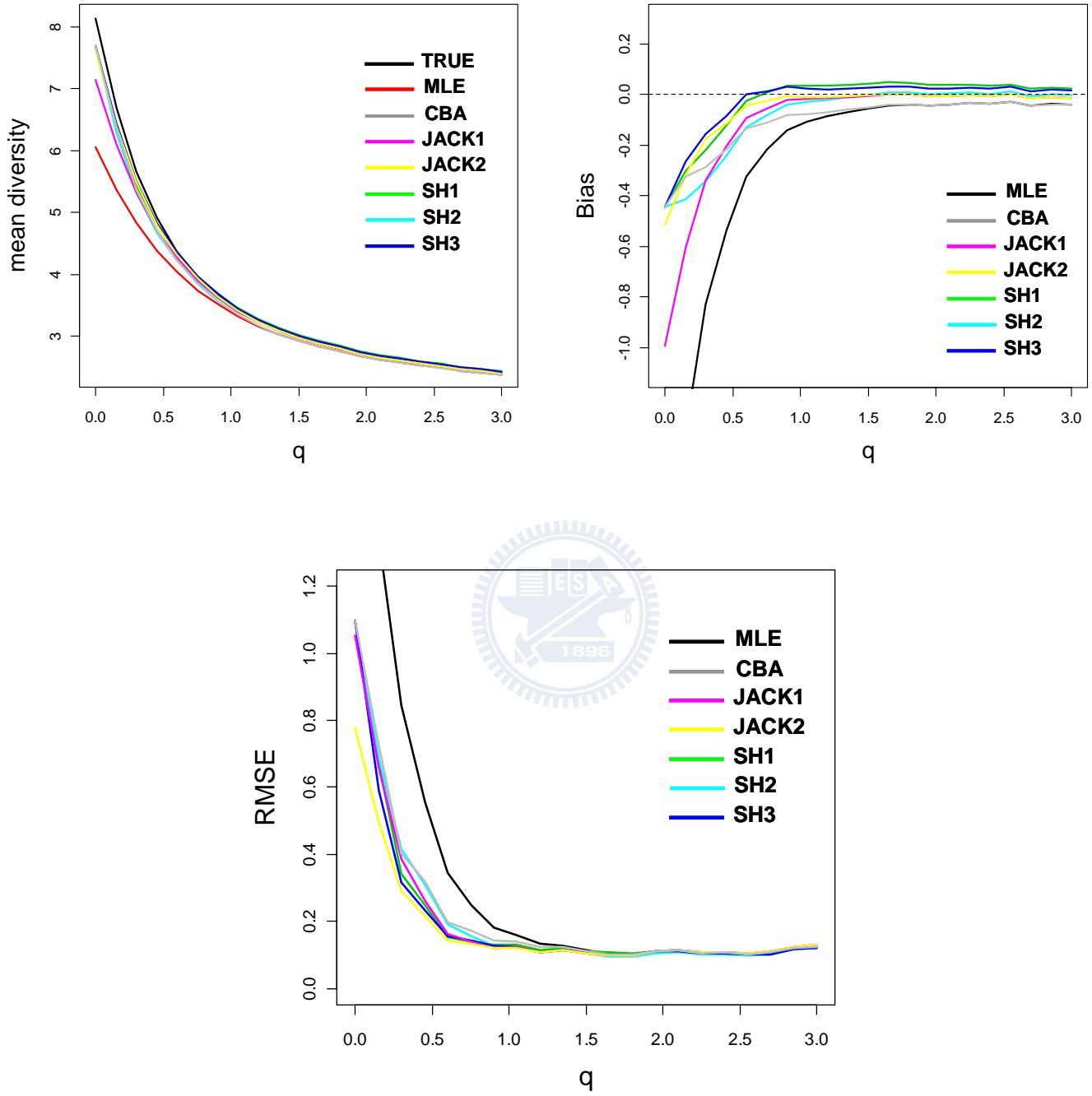


圖 1-5

模型六：  $S=100, p_i \sim c/(i-0.5), CV=3.23, n=100, \text{rep.}=200$

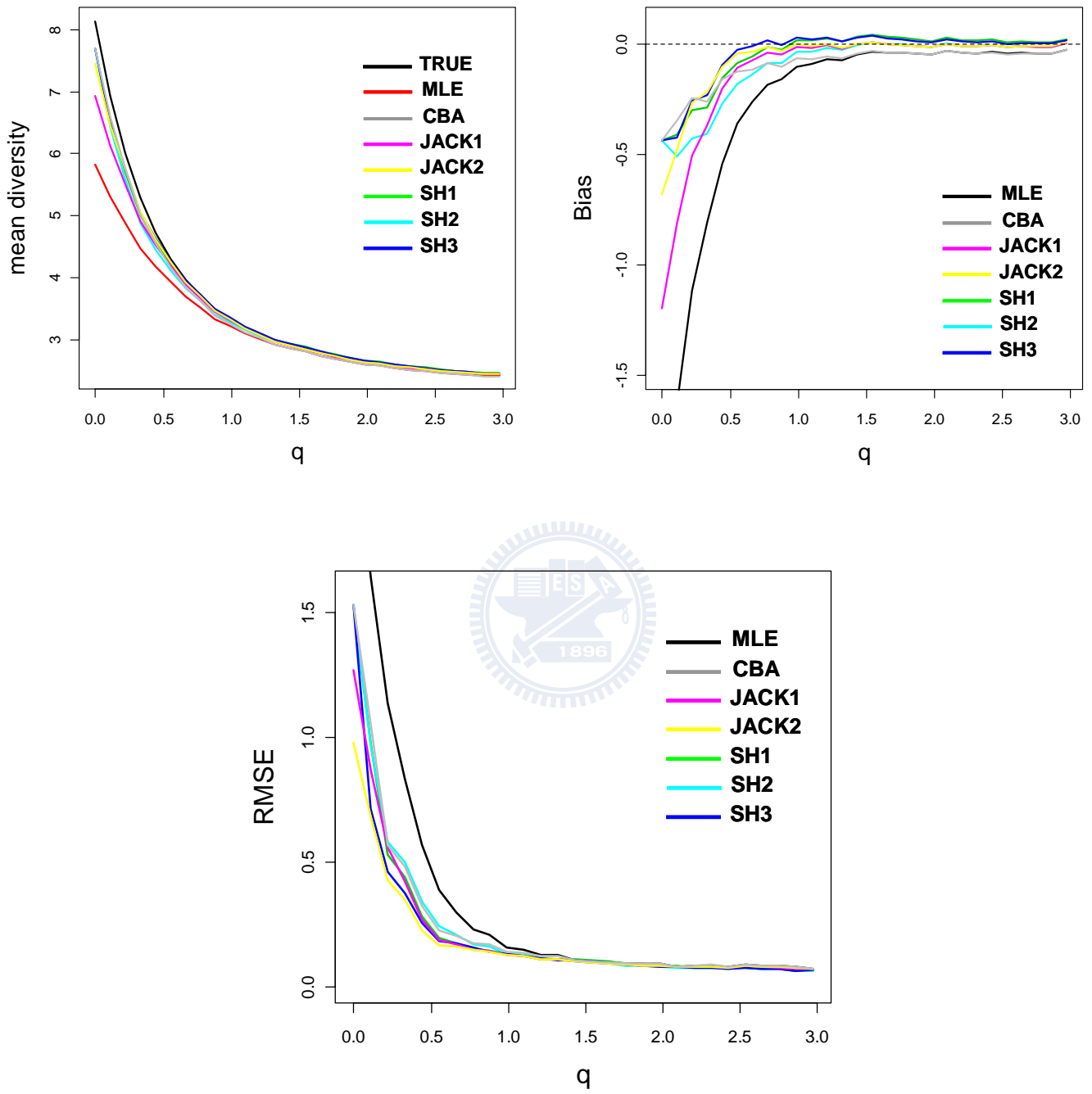


圖 1-6

模型七：  $S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, CV=0.94, n=100, \text{rep.}=200$

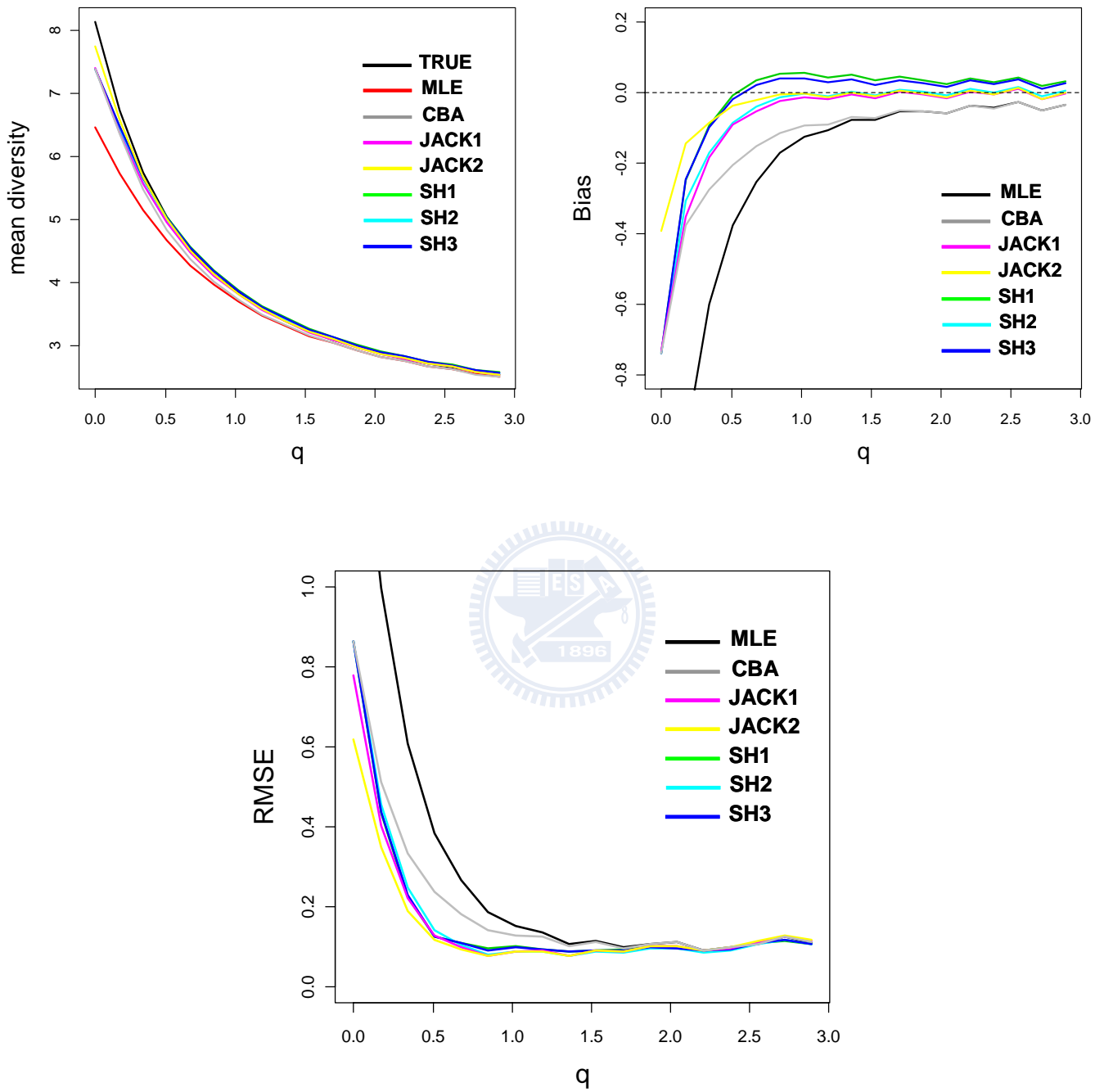


圖 1-7

附圖二 群落物種大多屬於古老物種的模擬結果：

模型一： $S=100, p_i \sim 1/S, CV=0, n=100, \text{rep.}=200$

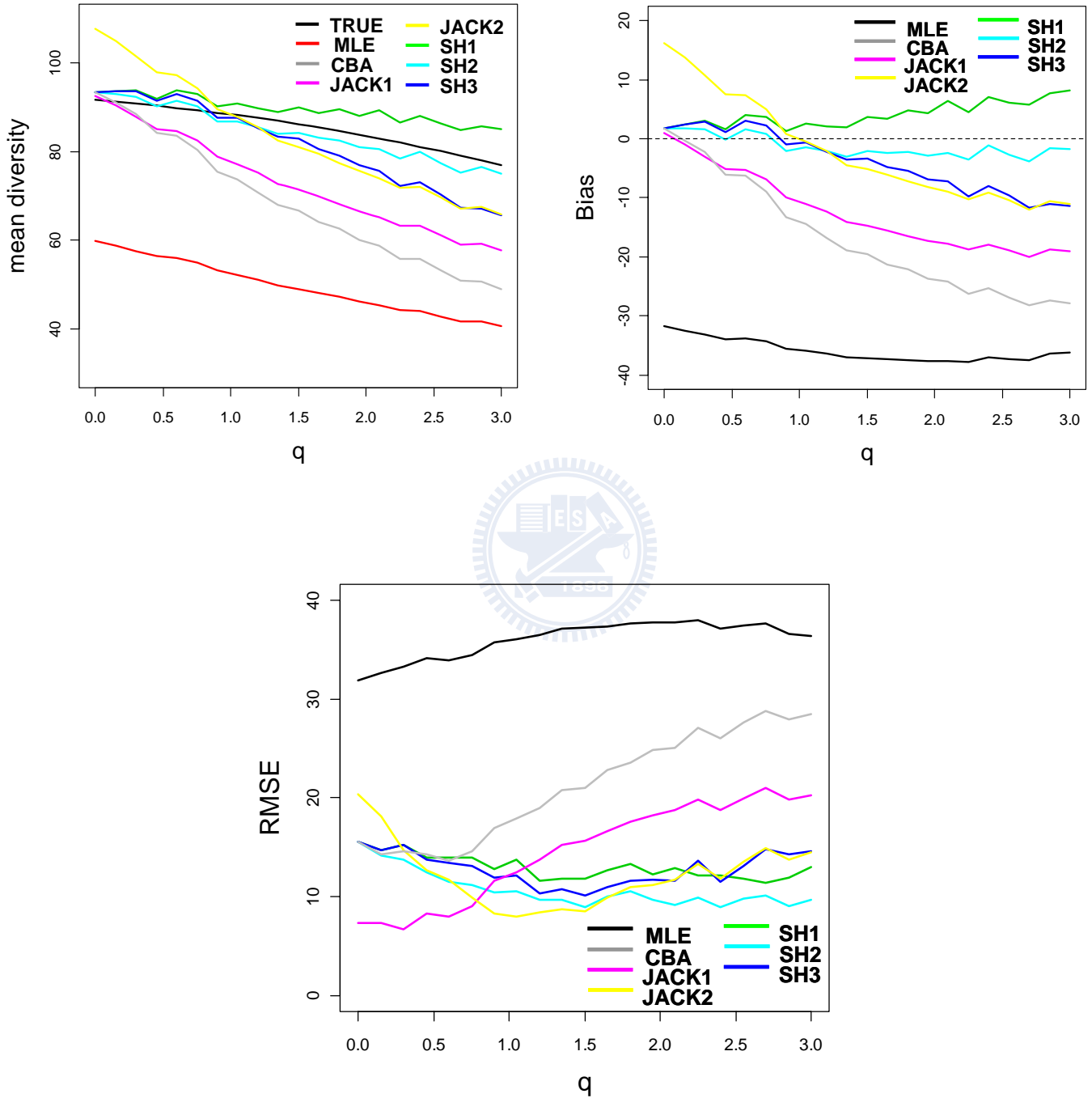


圖 2-1

模型二：  $S=100, p_i \sim \text{random uniform}, CV=0.44, n=100, \text{rep.}=200$

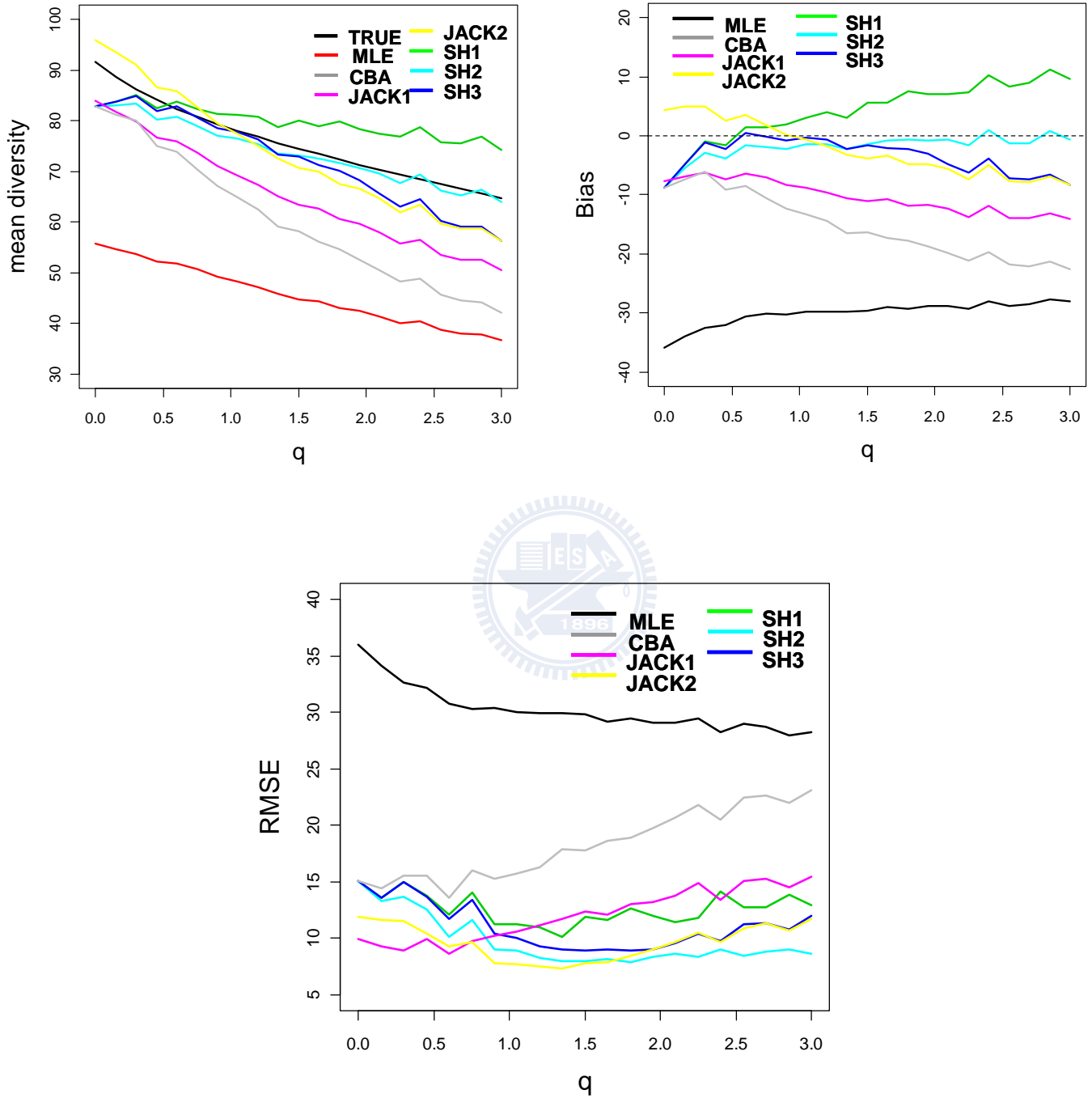


圖 2-2

模型三：  $S=100, p_i \sim c/(i+10), CV=0.745, n=100, \text{rep.}=200$

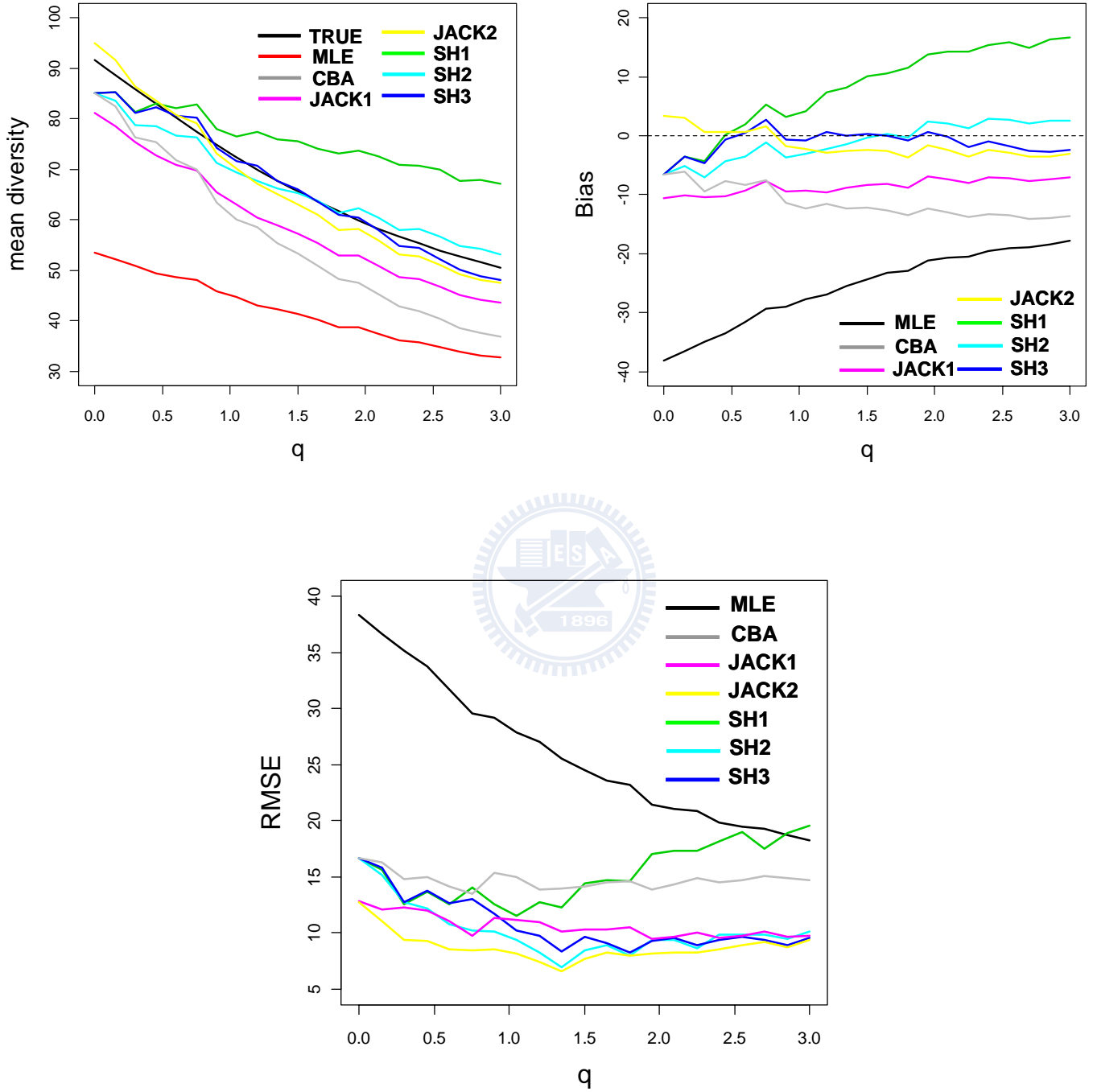


圖 2-3

模型四：  $S=100, p_i \sim c/(i+2), CV=1.343, n=100, \text{rep.}=200$

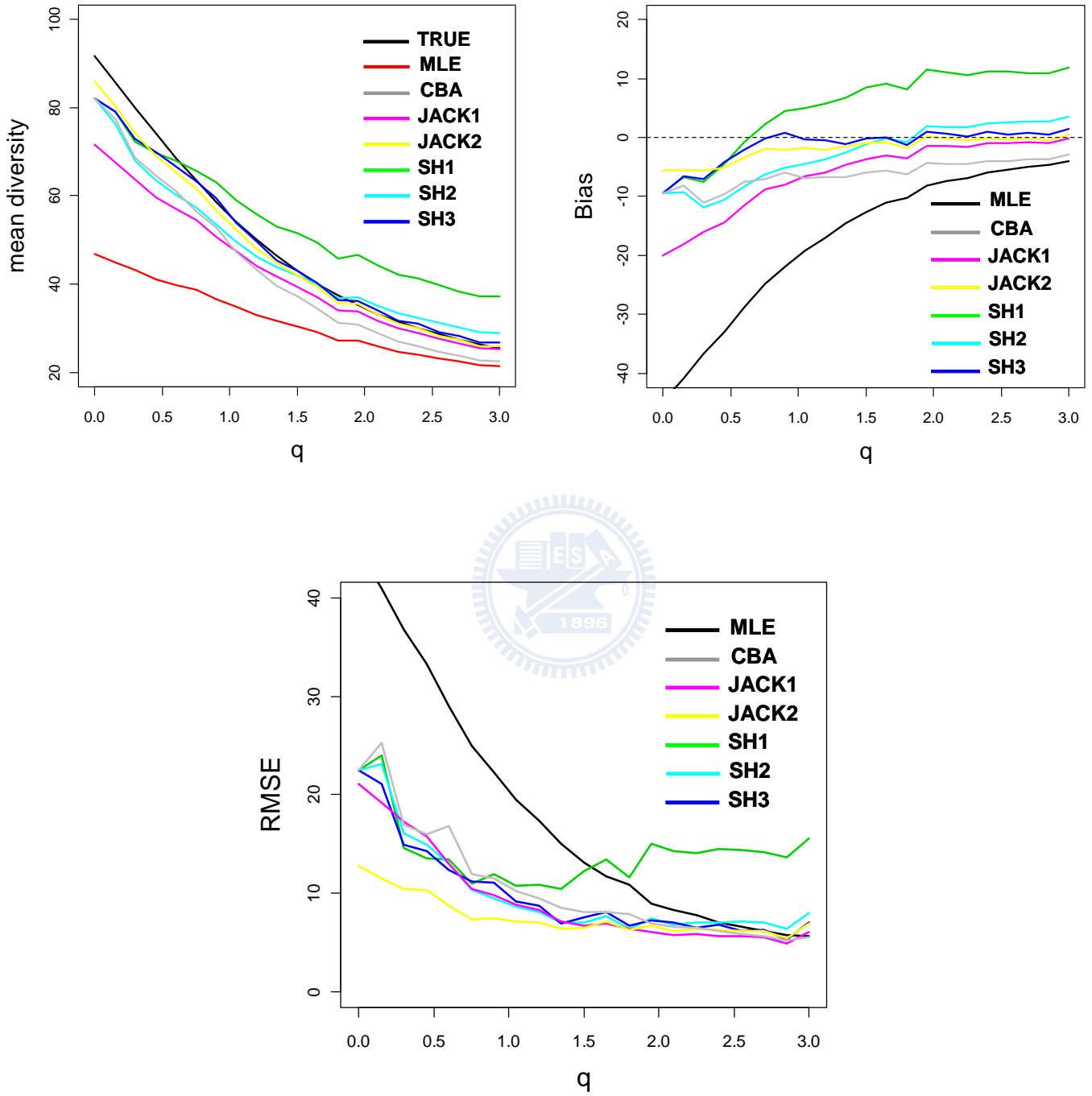


圖 2-4



模型五： $S=100, p_i \sim c/(i+0), CV=2.253, n=100, rep.=200$

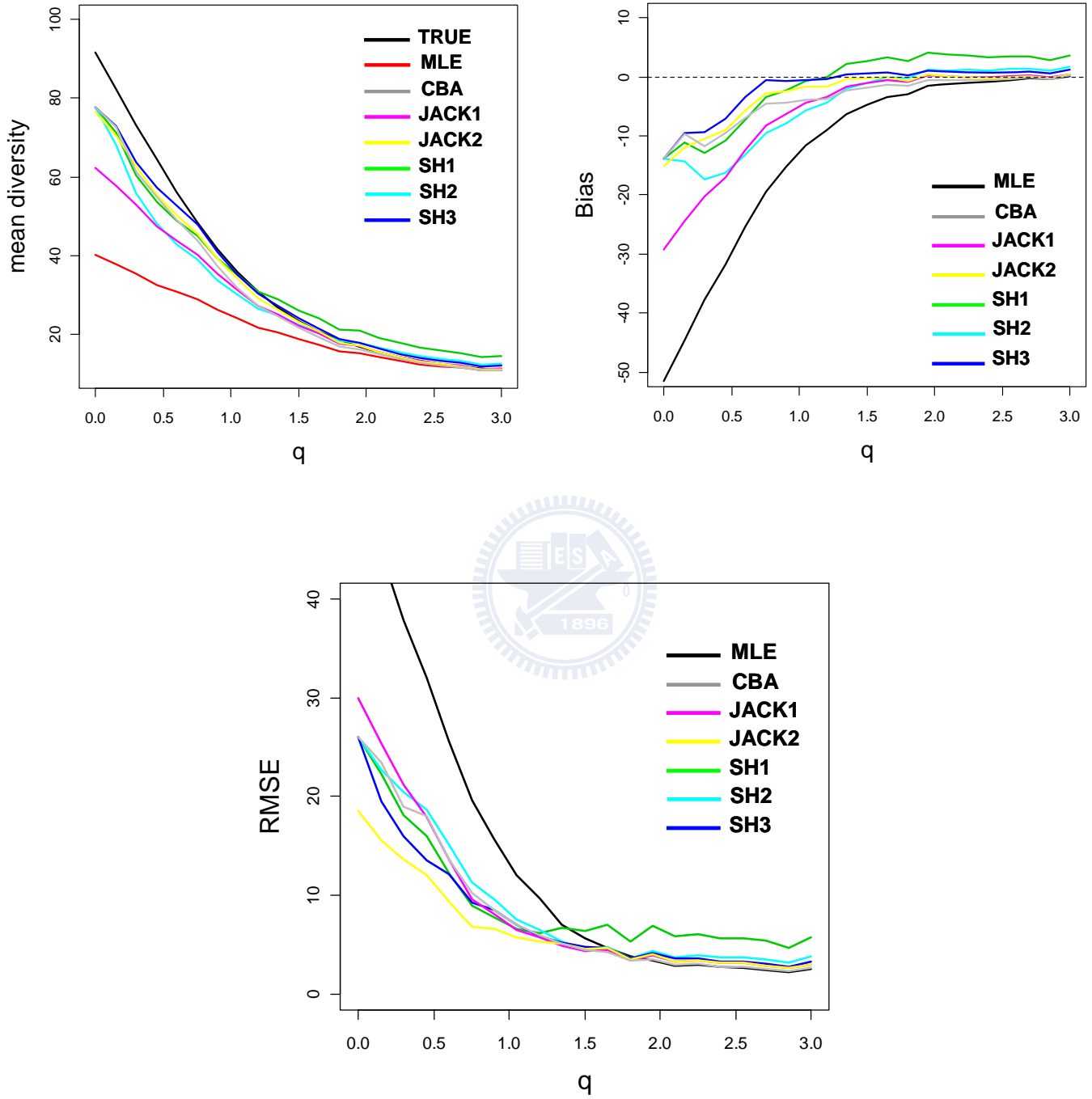


圖 2-5

模型六： $S=100, p_i \sim c/(i-0.5), CV=3.23, n=100, \text{rep.}=200$

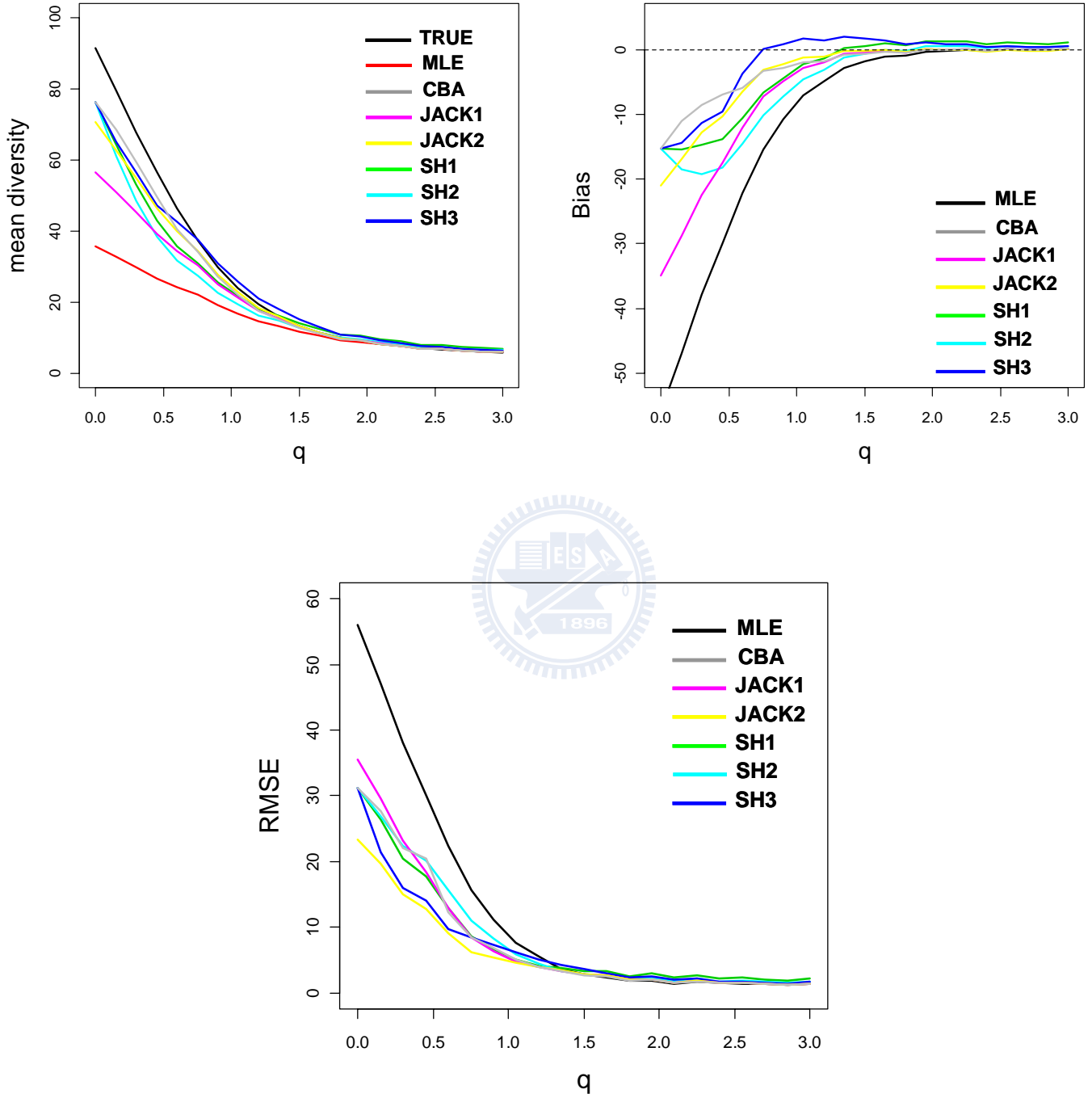


圖 2-6

模型七： $S=100, p_i \sim \text{Broken-Stick}, CV=0.94, n=100, \text{rep.}=200$

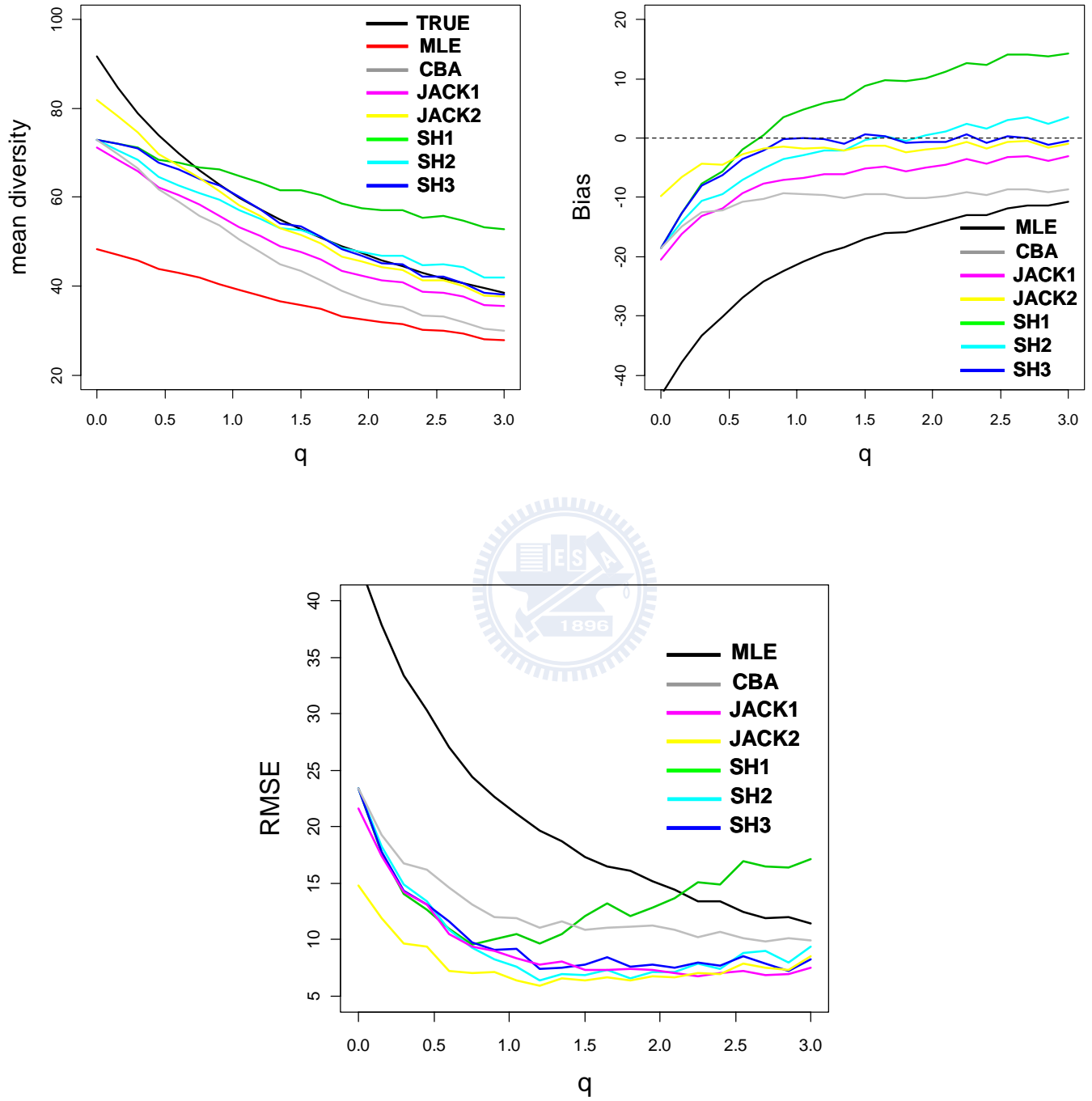


圖 2-7

### 附圖三 以實例資料為母體模型的模擬結果

後龍溪河口鳥類資料為母體模型： $S=150$ ,  $CV=1.483$ ,  $n=150$ ,  $rep.=200$

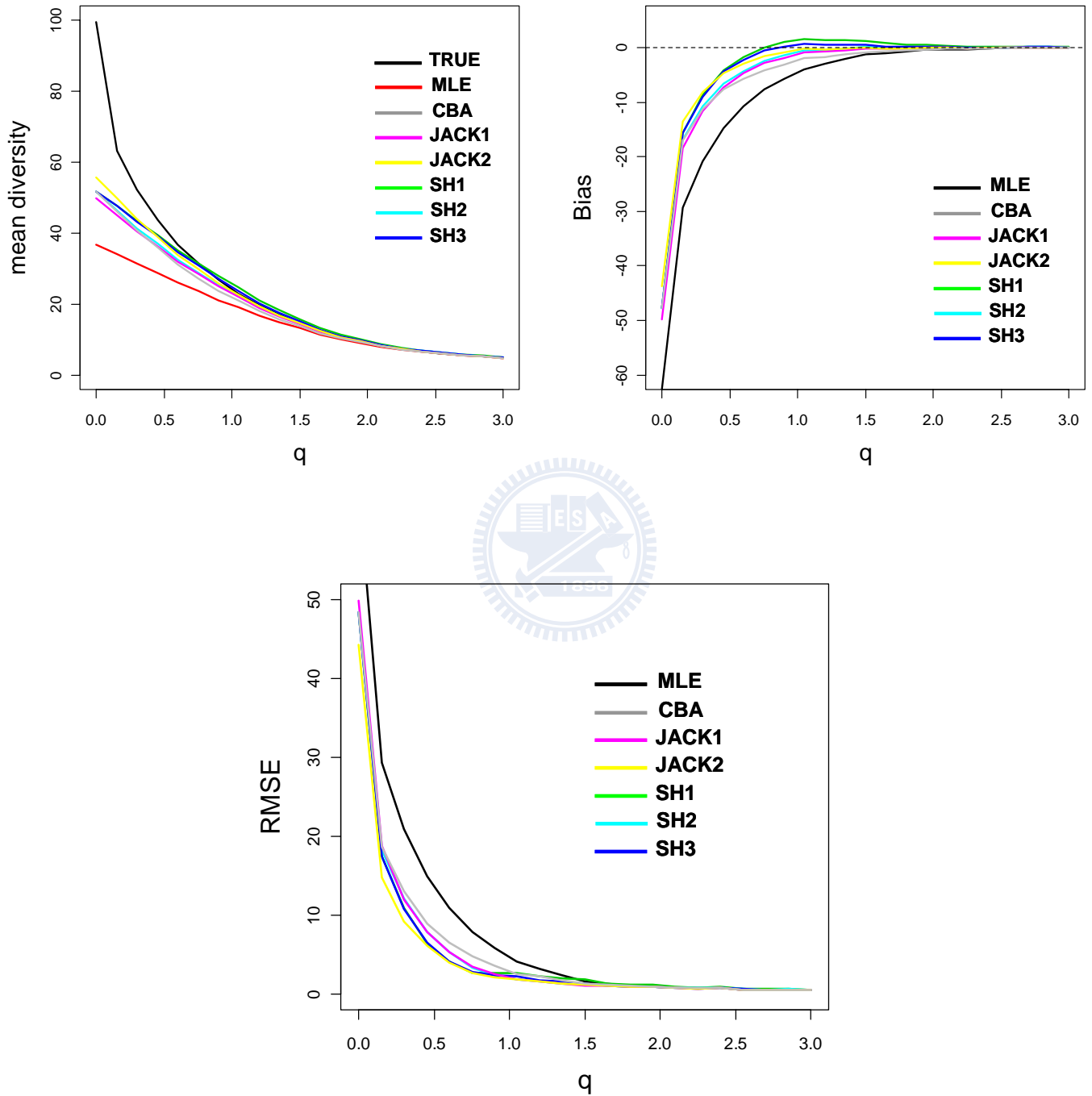


圖 3-1

以客雅溪河口鳥類資料為母體模型： $S=149$ ,  $CV=3.53$ ,  $n=150$ ,  $rep.=200$

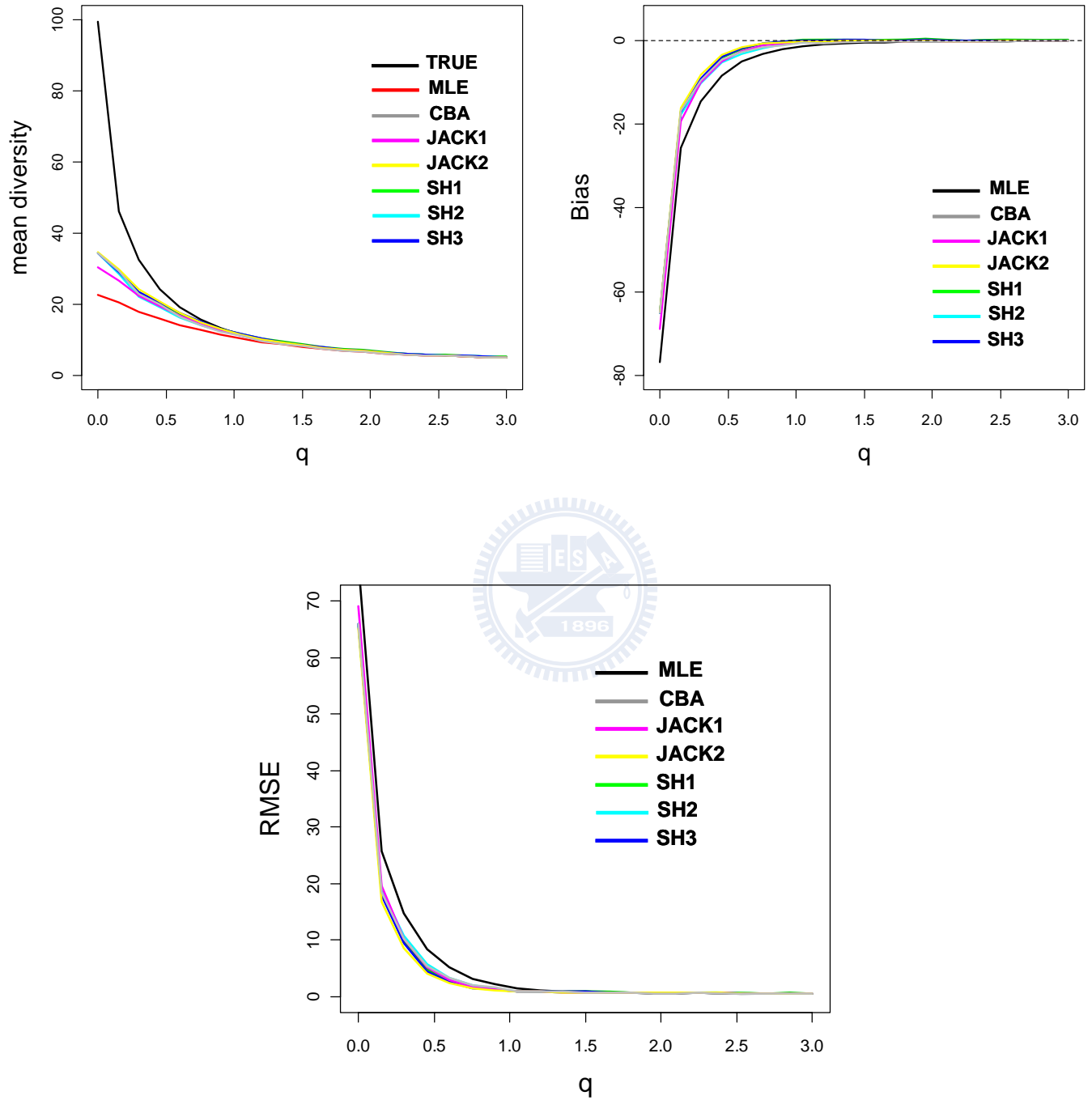


圖 3-2

### 附圖四 較少共同種類數的模擬結果

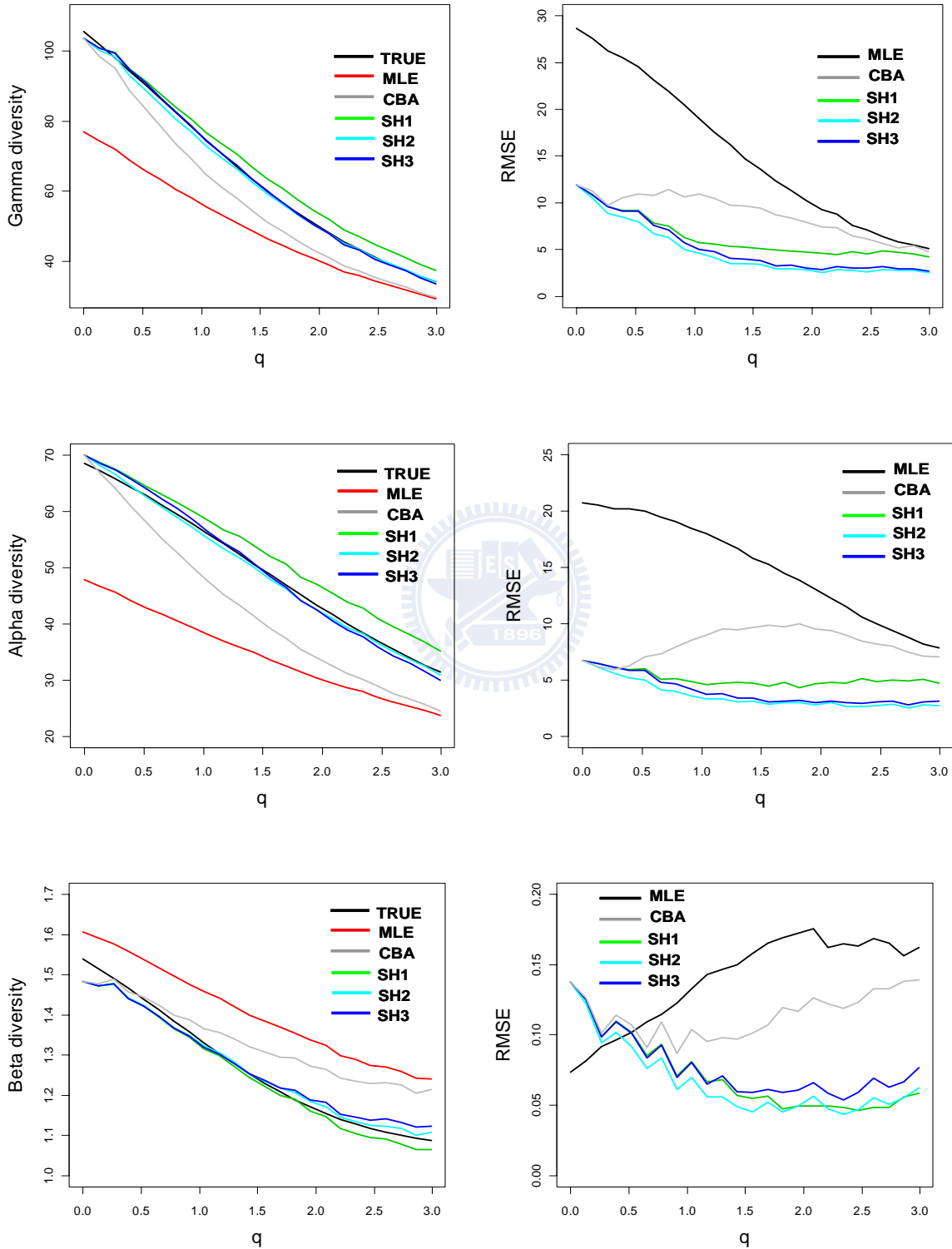


圖 4-1  $s_{12}=20$ ，模型一 vs. 模型一， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$

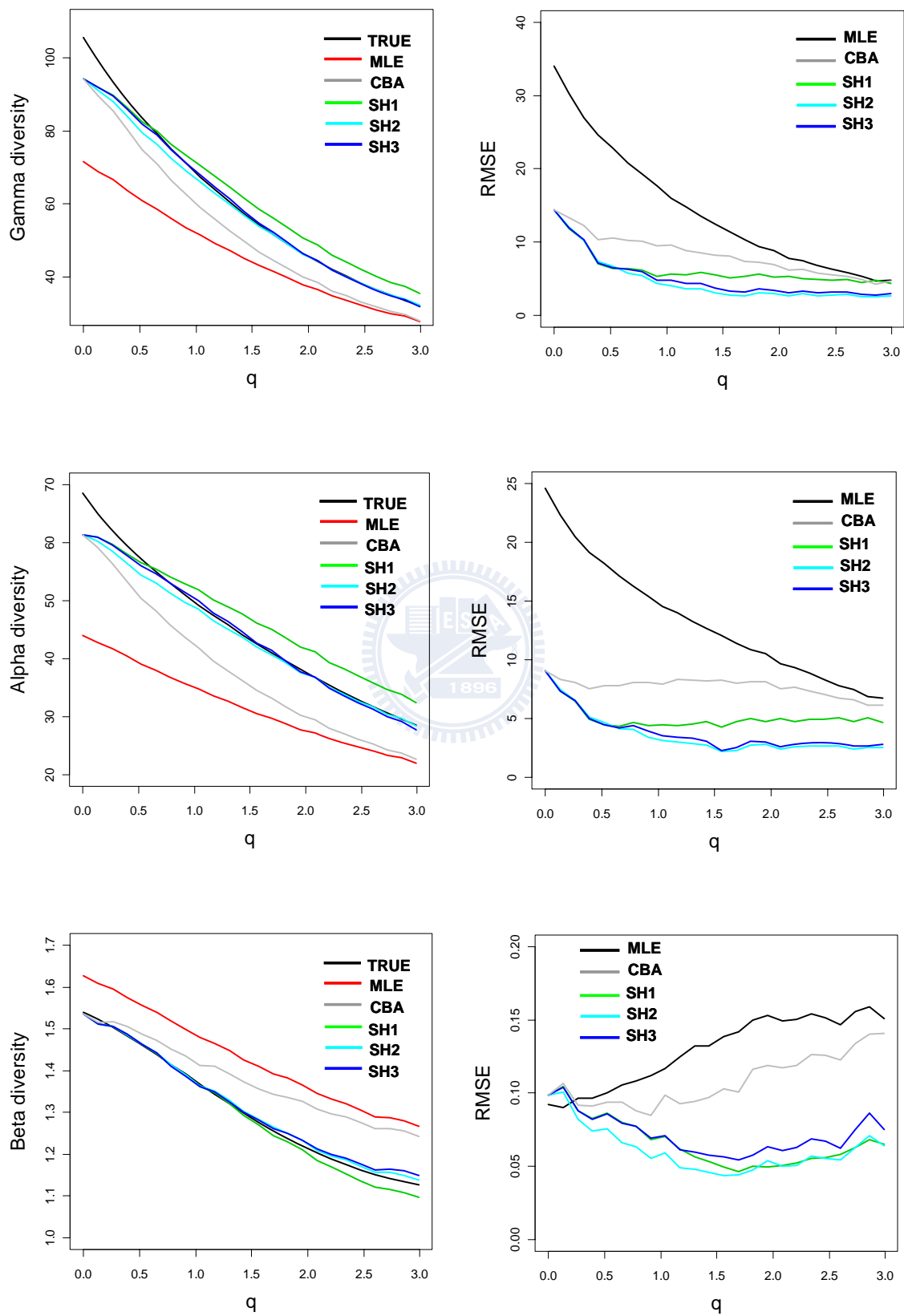


圖 4-2  $s_{12}=20$ ，模型二 vs. 模型二， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$

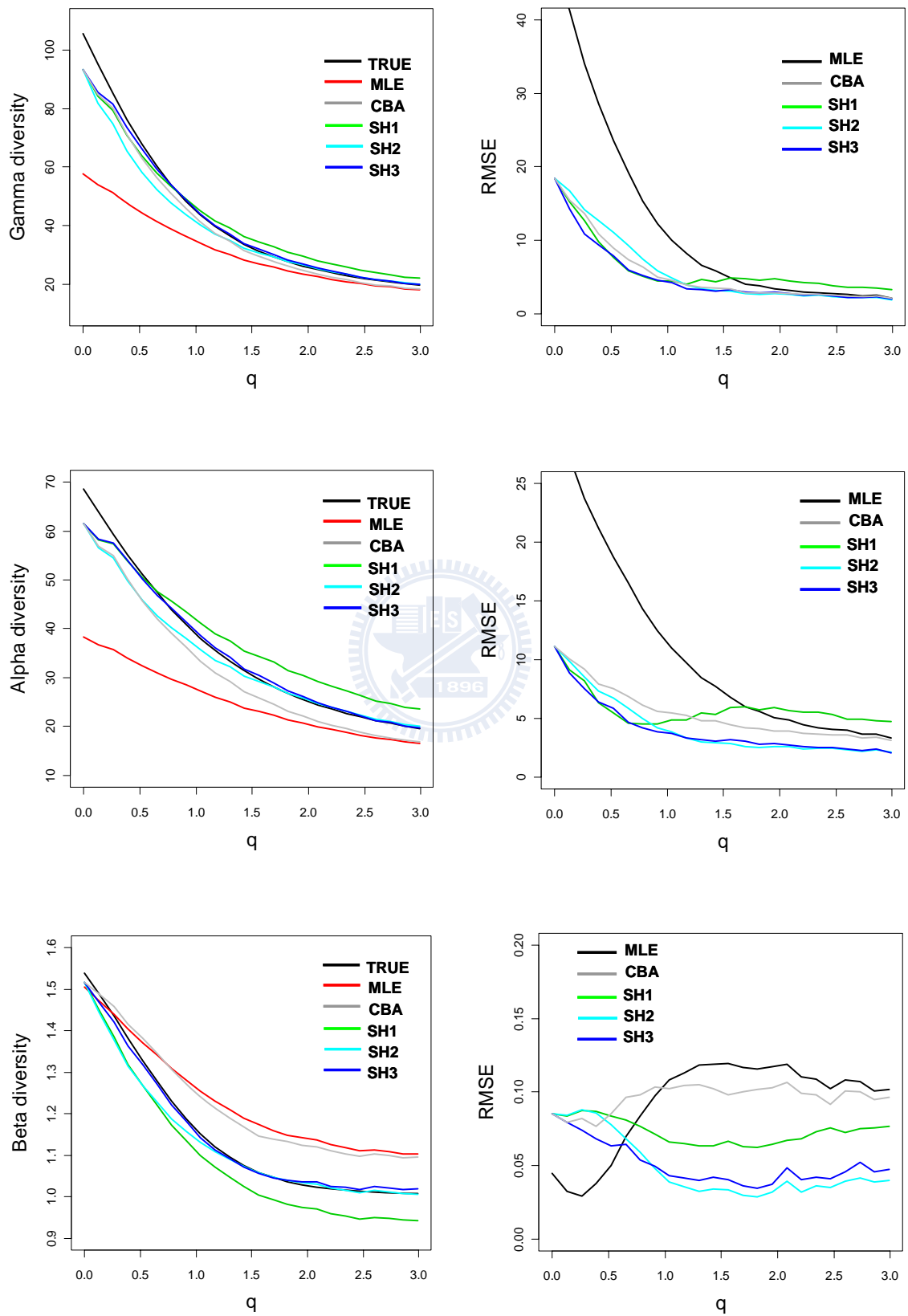


圖 4-3  $s_{12}=20$ ，模型三 vs. 模型三， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$



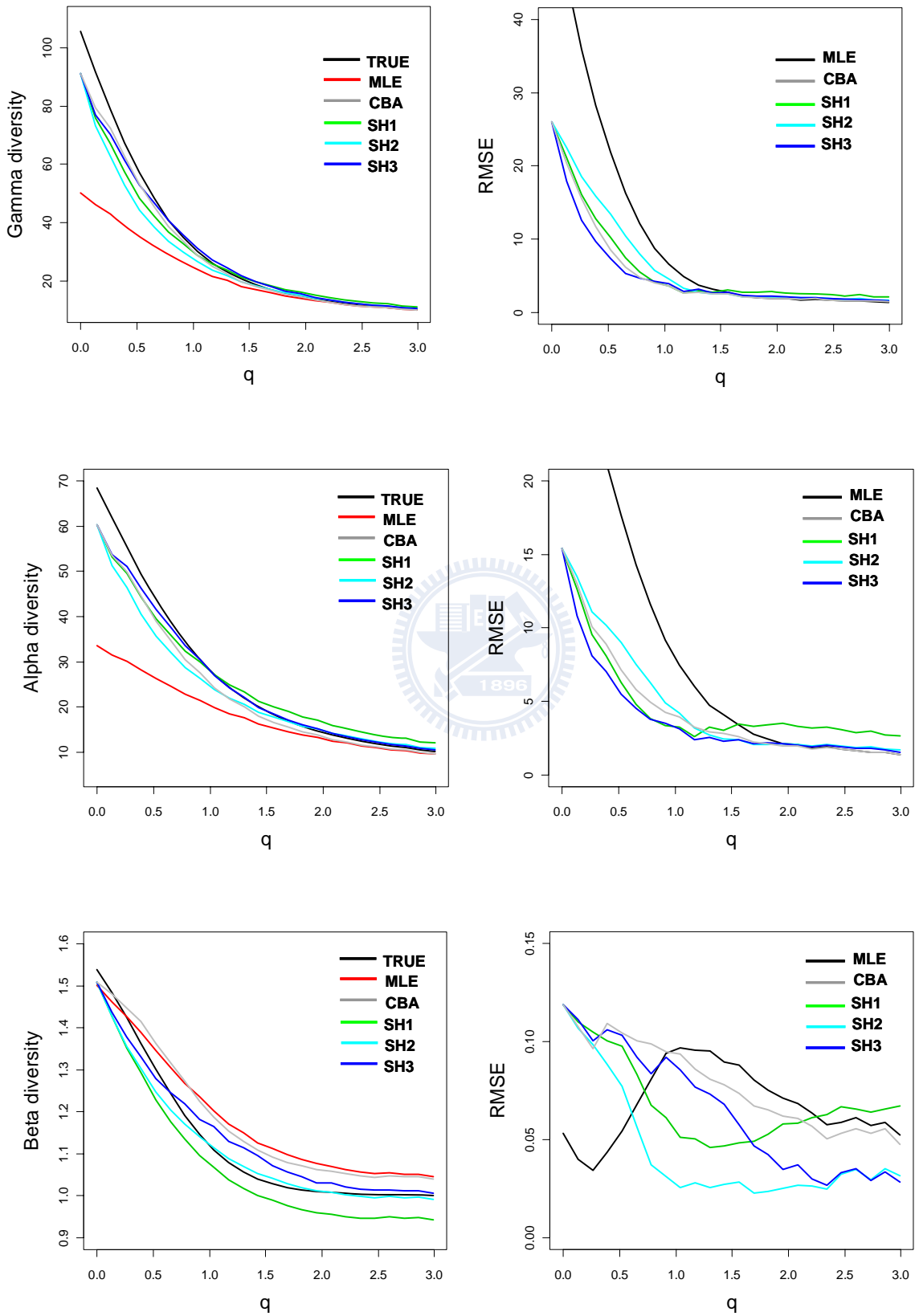


圖 4-4  $s_{12}=20$ ，模型四 vs. 模型四， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$

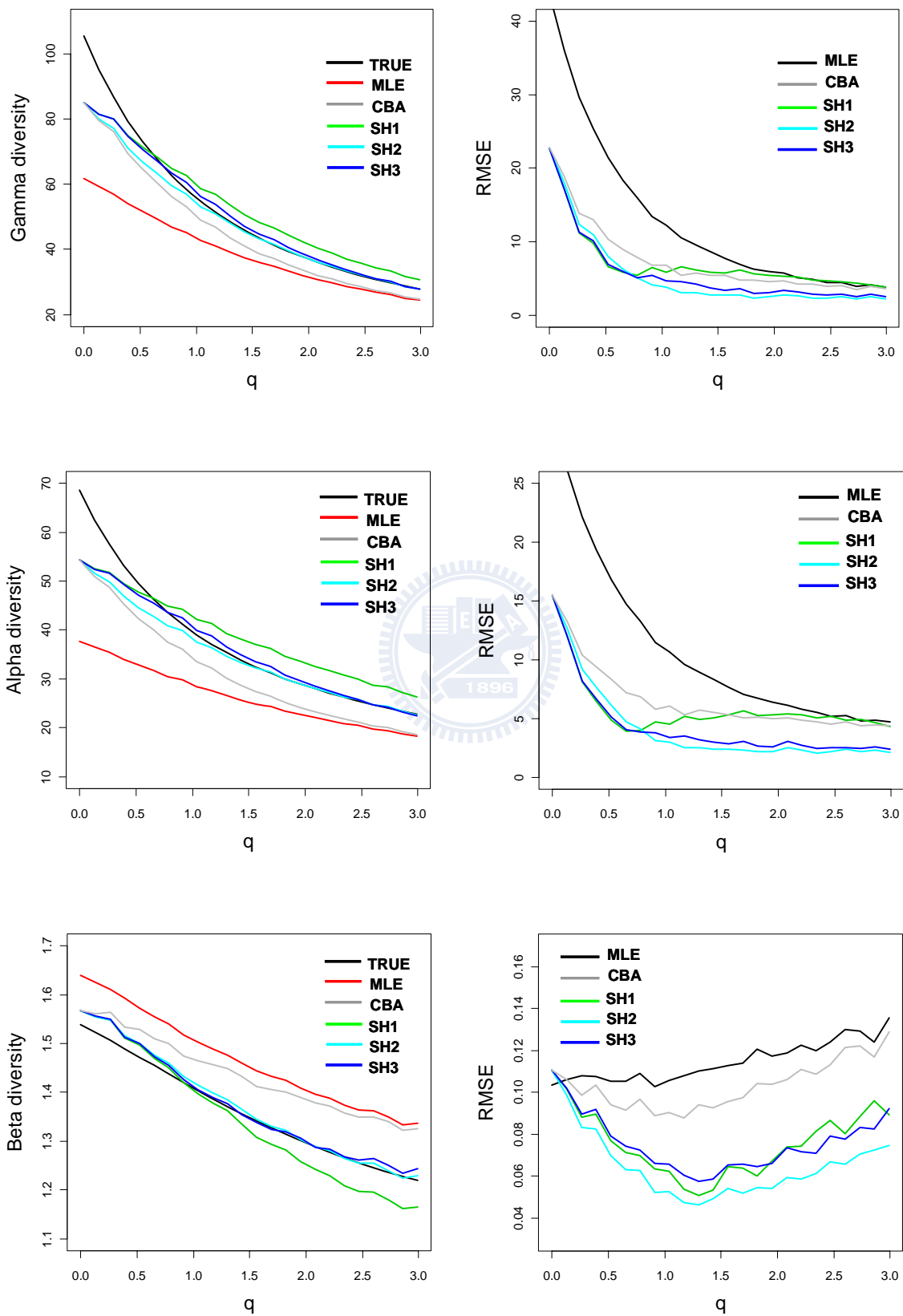


圖 4-5  $s_{12}=20$ ，模型五 vs. 模型五， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$

附圖五 較多共同種類數的模擬結果

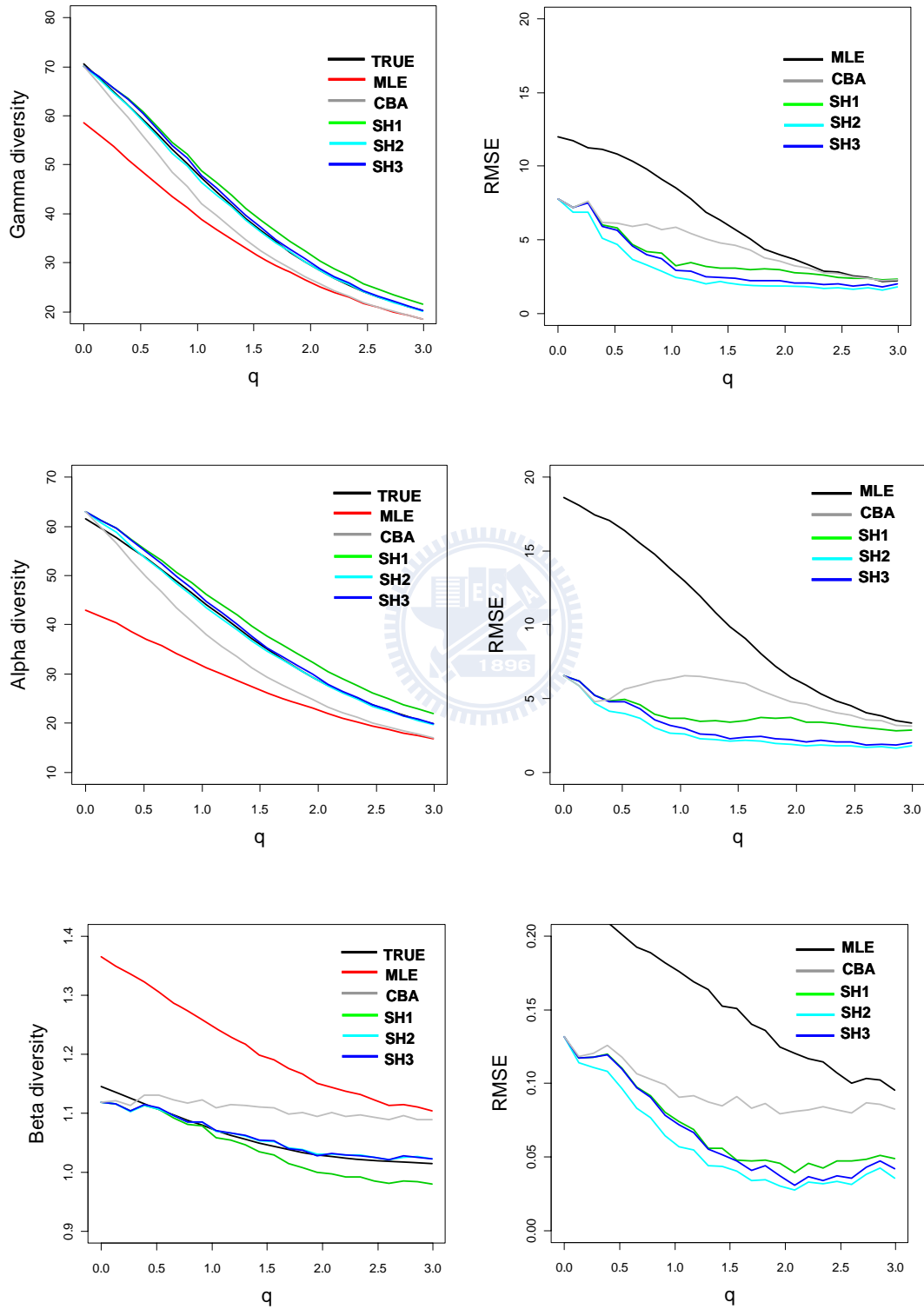


圖 5-1  $s_{12}=80$ ，模型一 vs. 模型一， $n_1=n_2=100$ ， $rep.=200$

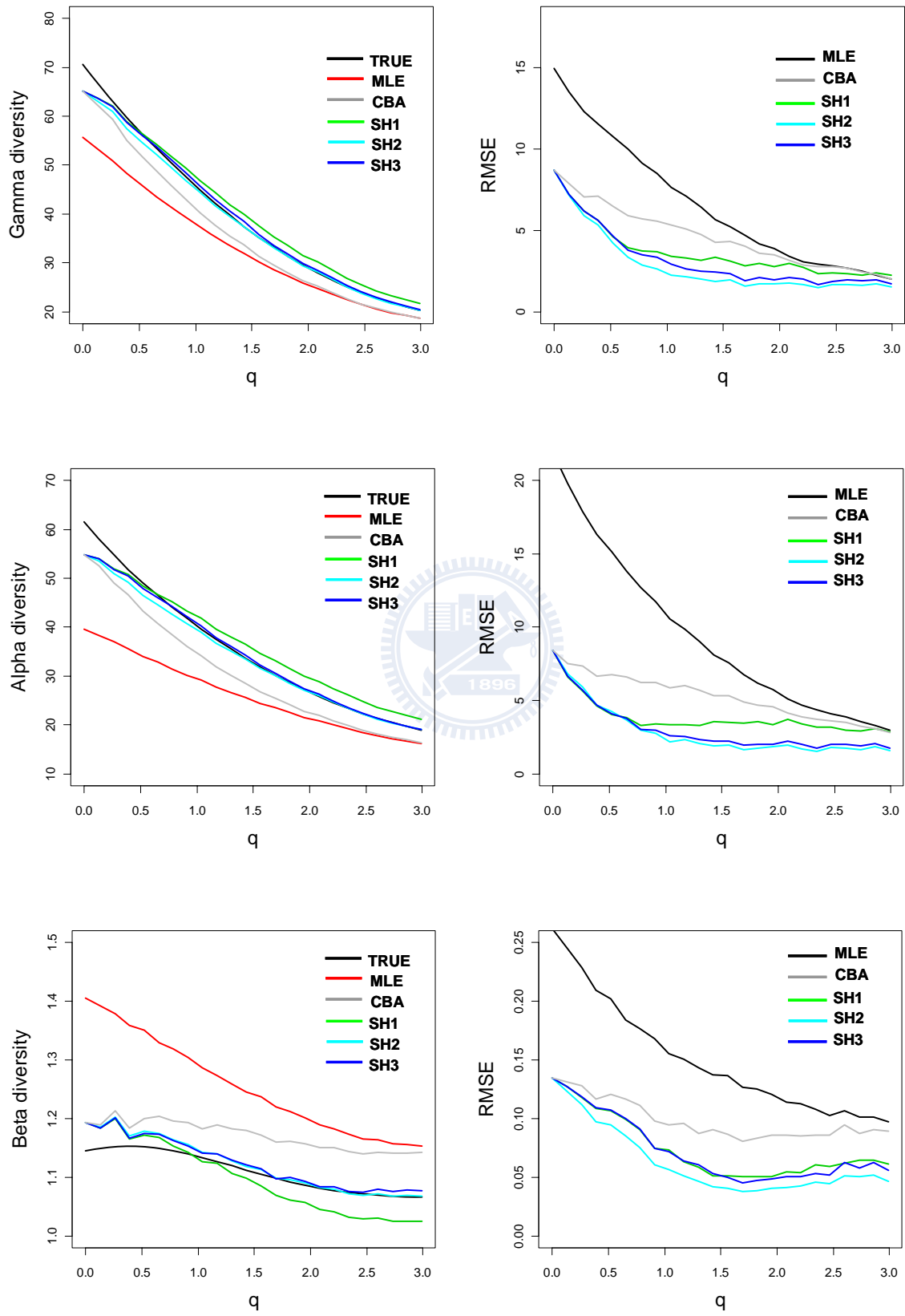


圖 5-2  $s_{12}=80$ ，模型二 vs. 模型二,  $n_1=n_2=100$ ,  $rep.=200$

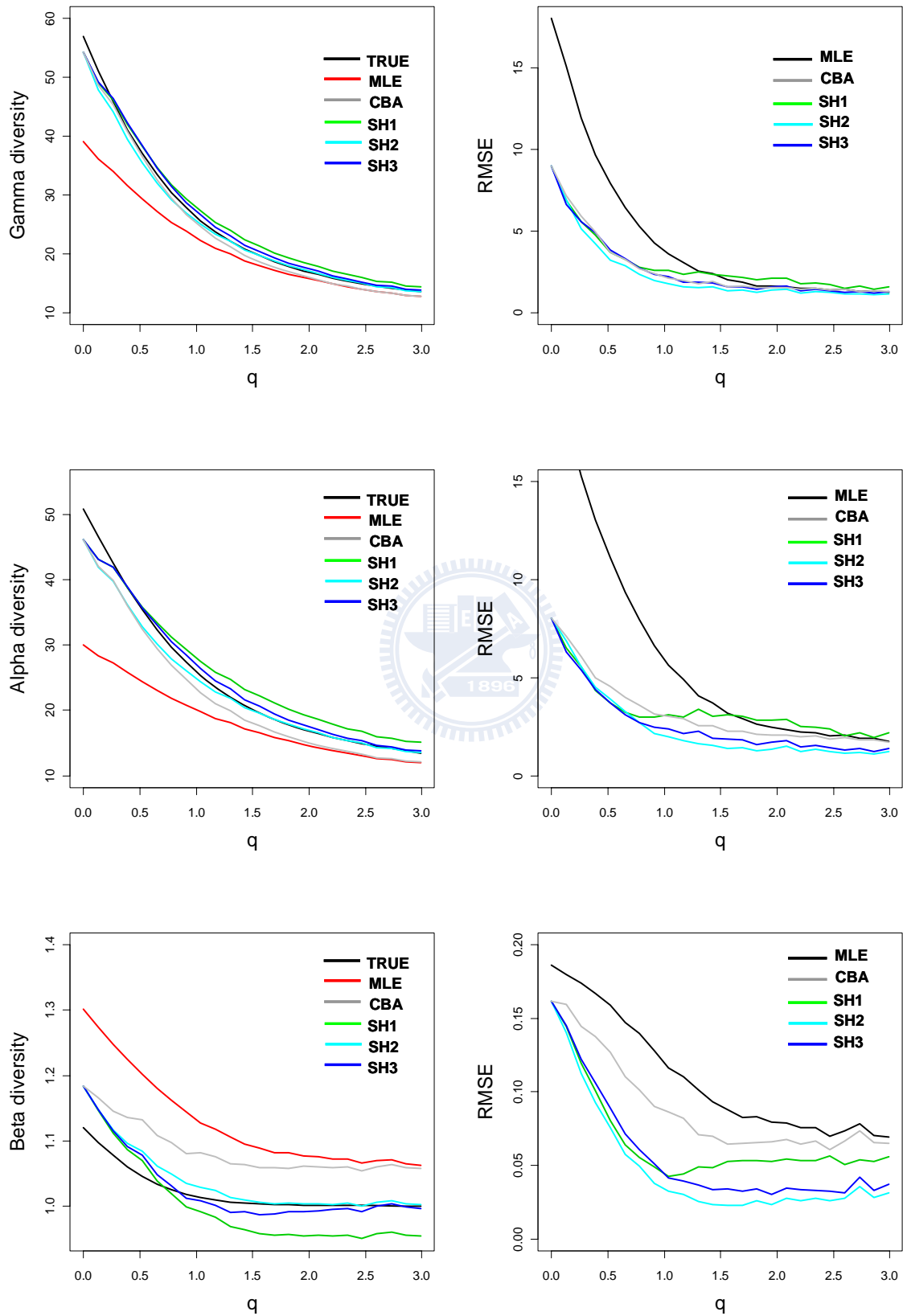


圖 5-3  $s_{12}=80$ ，模型三 vs. 模型三,  $n_1=n_2=100$ ,  $rep.=200$

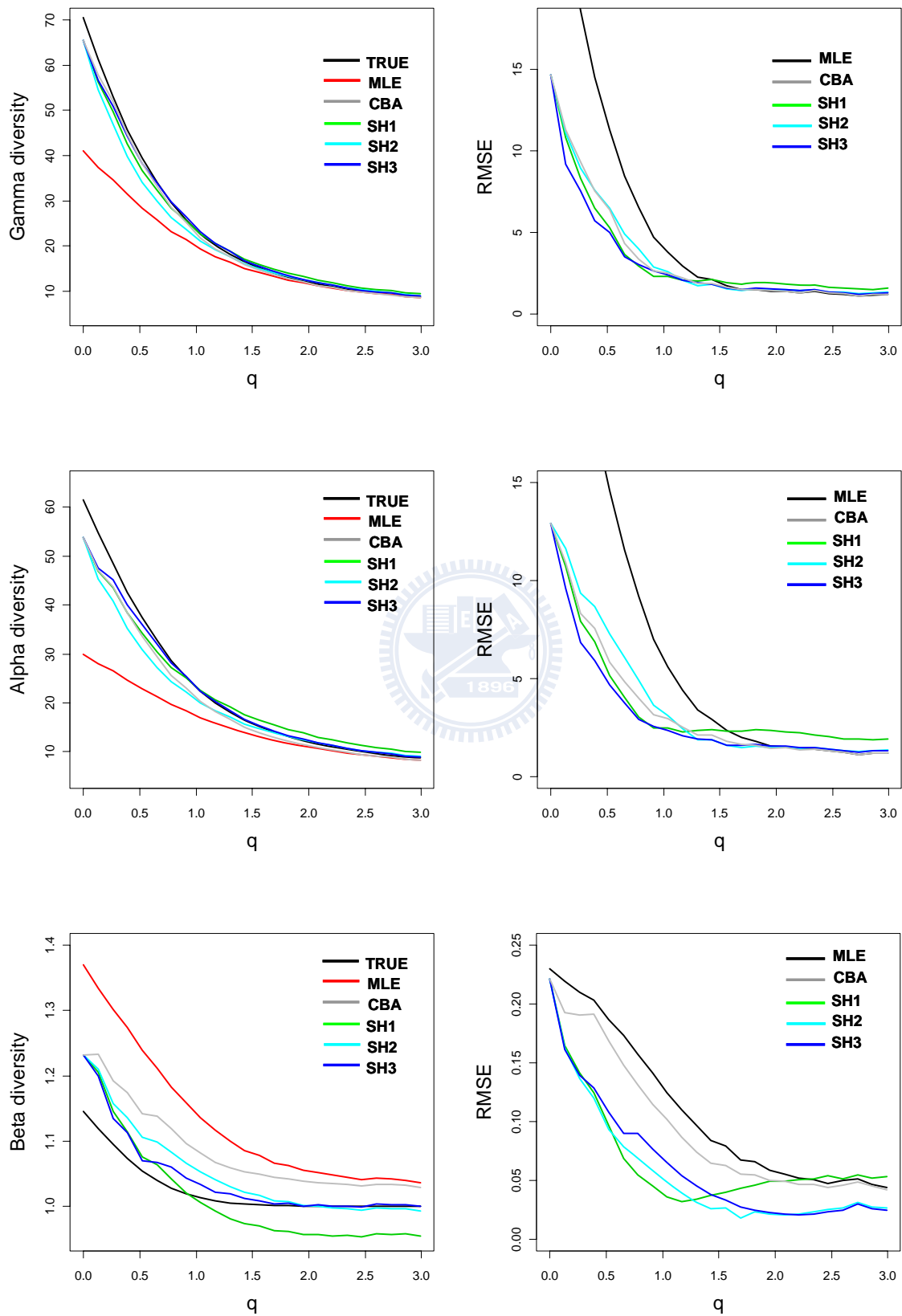


圖 5-4  $s_{12}=80$ ，模型四 vs. 模型四,  $n_1=n_2=100$ ,  $rep.=200$

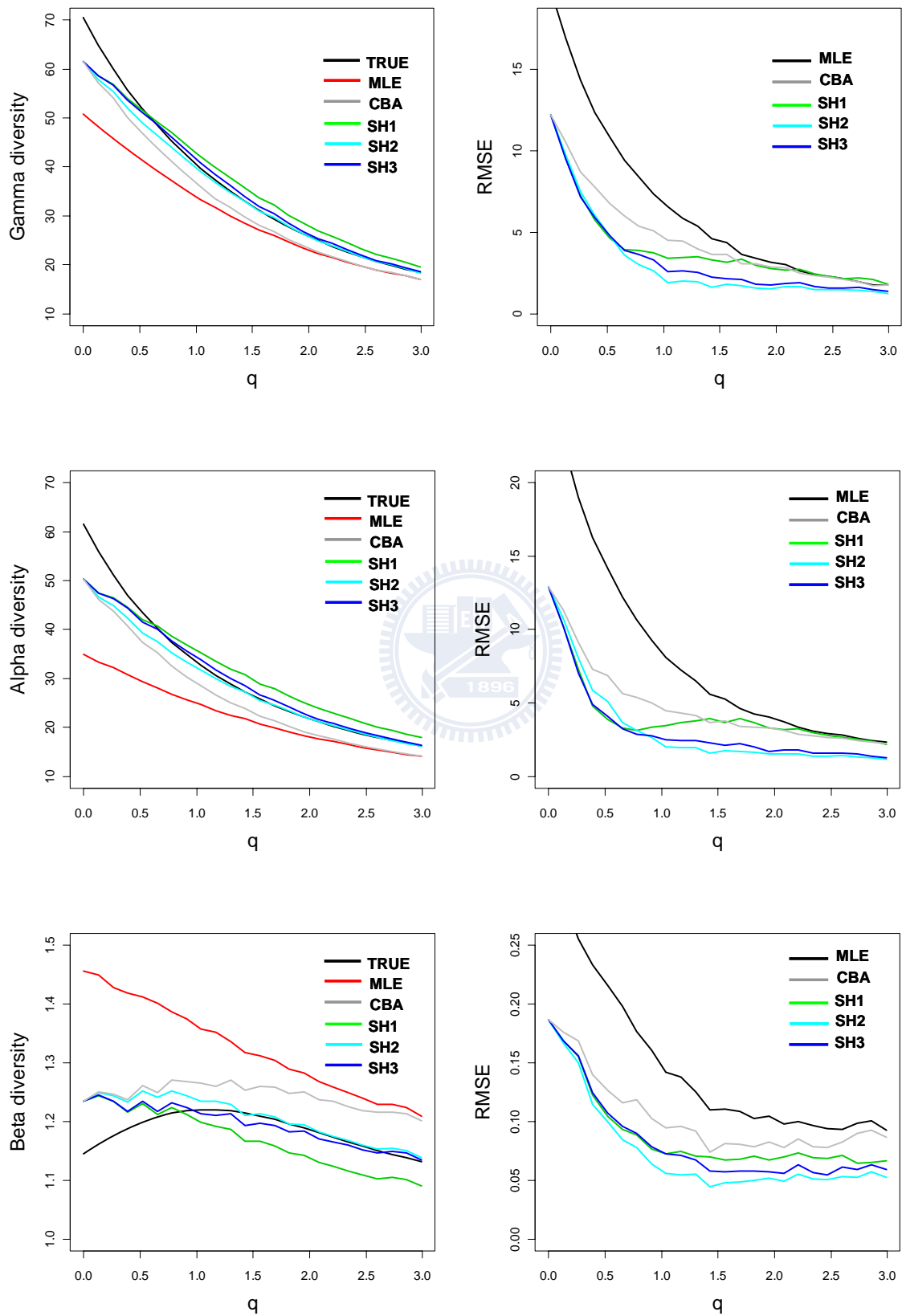


圖 5-5  $s_{12}=80$ ，模型五 vs. 模型五,  $n_1=n_2=100$ ,  $rep.=200$

附圖六 以實例資料為母體模型的模擬結果

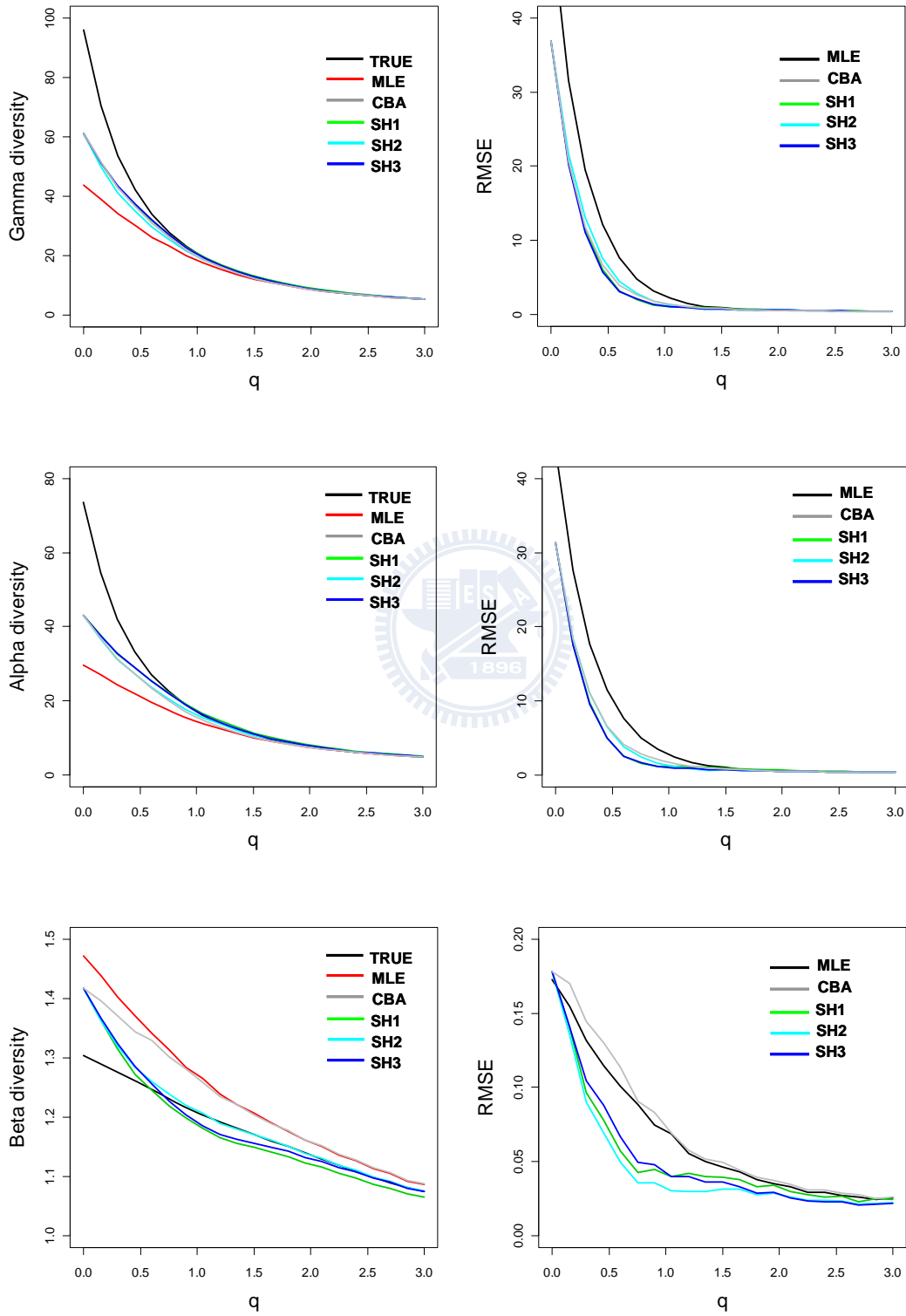


圖 6  $s_{12}=96$  客雅溪 vs. 後龍溪,  $n_1=n_2=150$ , rep.=200



## 參考文獻

1. Allen, B., Kon, M. & Bar-Yam, Y. A new phylogenetic diversity measure generalizing the Shannon index and its application to phyllostomid bats. *Am Nat.* **174**, 236–243. (2009).
2. Barker, G. M. Phylogenetic diversity: A quantitative framework for measurement of priority and achievement in biodiversity conservation. *Biol. J. Linn. Soc.* **76**, 165-194 (2002).
3. Bacaro, G., Ricotta, C. & Mazzoleni, S. Measuring beta-diversity from taxonomic similarity. *J. Veg. Sci.* **18**, 793-798 (2007).
4. Thao d'Arnoldi, C., Foulley, J. L. & Ollivier, L. An overview of the Weitzman approach to diversity. *Genet. Sel. Evol.* **30**, 149-161 (1998).
5. Butchart, S. H. M. *et al.* Global Biodiversity: Indicators of Recent Declines. *Science* **328**, 1164 -1168 (2010).
6. Cadotte, M. W. *et al.* Phylogenetic diversity metrics for ecological communities: integrating species richness, abundance and evolutionary history. *Ecol. Lett.* **12**, in press (2009).
7. Chao, A. Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scand. J. Stat.* **11** 265-270 (1984).
8. Chao, A. & Lee, S.-M. Estimating the number of classes via sample coverage. *J. Am. Stat. Assoc.* **87**, 210-217 (1992).
9. Chao, A., Ma, M.-C. & Yang, M. C. K. Stopping rules and estimation for recapture debugging with unequal failure rates. *Biometrics* **43**, 783-791 (1993).
10. Chao, A., Chazdon, R. L., Colwell, R. K. & Shen, T.-J. A new statistical approach for assessing similarity of species composition with incidence and abundance data. *Ecol. Lett.* **8**, 148–159 (2005).
11. Chao, A., Chazdon, R. L., Colwell, R. K. & Shen, T.-J. Abundance-based

- similarity indices and their estimation when there are unseen species in samples. *Biometrics* **62**, 361–371 (2006).
12. Chao, A., Jost, L., Chiang, S.-C., Jiang, Y.-H. & Chazdon, R. A two-stage probabilistic approach to multiple-community similarity indices. *Biometrics* **64**, 1178–1186 (2008).
  13. Chao, A. & Shen, T.-J. Nonparametric Estimation of Shannon's index of diversity when there are unseen species. *Environ. Ecol. Stat.* **10**, 429–443 (2003).
  14. Chao, A., Shen, T.-J. & Hwang, W.-H. Application of Laplace's Boundary-Mode Approximations to Estimate Species and Shared Species Richness. *Australian and New Zealand Journal of Statistics* **48**, 117-128 (2006).
  15. Clarke, K. R. & Warwick, R. M. A taxonomic distinctness index and its statistical properties. *J. Appl. Ecol.* **35**, 523-531 (1998 ).
  16. Clarke, K. R. & Warwick, R. M. A further biodiversity index applicable to species lists: variation in taxonomic distinctness. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* **216**, 265-278 ( 2001).
  17. Crozier, R. H. Genetic diversity and the agony of choice. *Biol. Conserv.* **61**, 11-15 (1992 ).
  18. Crozier, R. H. Preserving the information content of species: genetic diversity, phylogeny, and conservation worth. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **28**, 243-268 (1997).
  19. Faith, D. P. Conservation evaluation and phylogenetic diversity. *Biol. Conserv.* **61**, 1-10 (1992 ).
  20. Faith, D. P. The role of the phylogenetic diversity measure, PD, in bioinformatics: getting the definition right. . *Evol. Bioinform.* **2**, 277-283 (2006).
  21. Good, I. J. The population frequencies of species and the estimation of

- population parameters. *Biometrika* **40**, 237-264 (1953).
22. Graham, C. H. & Fine, P. V. A. Phylogenetic beta diversity: linking ecological and evolutionary processes across space in time. *Ecol. Lett.* **11**, 1265–1277 (2008).
  23. Hardy, O. J. & Jost, L. Interpreting and estimating measures of community phylogenetic structuring. *J. Ecol.* **96**, 849-852 (2008).
  24. Hardy, O. J. & Senterre, B. Characterizing the phylogenetic structure of communities by an additive partitioning of phylogenetic diversity. *J. Ecol.* **95**, 493-506 (2007).
  25. Helmus, M. R., Bland, T. J., Williams, C. K. & Ives, A. R. Phylogenetic measures of biodiversity. *Am. Nat.* **169**, 68-83 (2007).
  26. Hill, M. Diversity and evenness: A unifying notation and its consequences. *Ecology* **54**, 427–432 (1973).
  27. Hoffmann, S. Concavity and additivity in diversity measurement: re-discovery of an unknown concept. *Preprint submitted to Elsevier*. (2007).
  28. Horn, H. S. Measurement of “overlap” in comparative ecological studies. *Am. Nat.* **100**, 419–424 (1966).
  29. Hubbell, S.P., ed. *The Unified Neutral Theory of Biodiversity and Biogeography*. (Princeton University Press: Princeton, 2001)
  30. Hurlbert, S. H. The Nonconcept of Species Diversity: A Critique and Alternative Parameters. *Ecology* **52**, 577-586 (1971).
  31. Izsák, J., Papp, L. Application of the quadratic entropy indices for diversity studies of drosophilid assemblages. *Environ. Ecol. Stat.* **2**, 213-224 (1995).
  32. Izsák, J., Papp, L. . A link between ecological diversity indices and measures of biodiversity. *Ecol. Model.* **130**, 151-156 (2000).

33. Jaccard, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaudoise Sci. Nat.* **44**, 223-292 (1908).
34. James, W. & Stein, C. Estimation with quadratic loss. *Proceedings of the fourth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability* **1** 311-319 (1961).
35. Jost, L. Entropy and diversity. *Oikos* **113**, 363–375 (2006).
36. Jost, L. Partitioning diversity into independent alpha and beta components. *Ecology* **88**, 2427–2439 (2007).
37. Jost, L. GST and its relatives do not measure differentiation. *Mol. Ecol.* **17**, 4015–4026 (2008).
38. Jost, L. Mismeasuring biological diversity: Response to Hoffman and Hoffman (2008). *Ecol. Econ.* **68**, 925–927 (2009).
39. Jost, L. and A. Chao, eds. *Diversity Analysis (in preparation)*. ( Taylor and Francis: London, 2010 )
40. Jost, L. *et al.* Partitioning diversity for conservation analyses. *Divers. Distrib.* **16**, 65–76 (2010).
41. MacArthur, R. H. Patterns of species diversity. *Biol. Rev.* **40**, 510–533 (1965).
42. MacArthur, R.H., ed. *Geographical Ecology*. (Harper & Row: New York, 1972).
43. Magurran, A.E., ed. *Measuring Biological Diversity*. (Blackwell: Oxford, 2004).
44. Marshall, A. and I. Olkin, eds. *Inequalities: Theory of Majorization and its Applications*. (Academic Press, 1979).
45. Morisita, M. Measuring of interspecific association and similarity between communities. *Memoires of the Faculty of Science, Kyushu University*,

*Series E (Biology)* **3**, 65–80 (1959).

46. Nei, M. in *Human Genetics, Part a: the Unfolding Genome. Proceedings of the Sixth International Congress of Human Genetics* eds Bonne-Tamir B, Cohen T, & Goodman RM) 167-181
47. Patil, G. P. & Taillie, C. Diversity as a concept and its measurement. *J. Am. Stat. Assoc.* **77**, 548-561 (1982).
48. Pavoine, S., Love, M. S. & Bonsall, M. B. Hierarchical partitioning of evolutionary and ecological patterns in the organization of phylogenetically-structured species assemblages: applications to rockfish (genus: *Sebastes*) in the Southern California Bight. *Ecol. Lett.* **12**, 898–908 (2009).
49. Peet, R. K. The measurement of species diversity. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **5**, 285–307 (1974).
50. Petchey, O. L. & Gaston, K. J. Functional diversity (FD), species richness and community composition. *Ecol. Lett.* **5**, 402-411 ( 2002 ).
51. Pielou, E.C., ed. *Ecological Diversity*. (Wiley: New York, 1975).
52. Quenouille, M. Approximate tests of correlation in time series. *J. R. Stat. Soc. B.* **11**, 68-84 (1949).
53. Rao, C. R. Diversity and dissimilarity coefficients: a unified approach. *Theor. Popul. Biol.* **21**, 24-43 (1982).
54. Rényi, A. On measures of entropy and information. Proceedings of the 4th Berkeley Symposium on Mathematics. *Stat. Probabil.* **1** 547-561 (1961).
55. Ricotta, C. A parametric diversity measure combining the relative abundances and taxonomic distinctiveness of species. *Divers. Distrib.* **10**, 143-146 (2004).
56. Ricotta, C. Computing additive  $\beta$ -diversity from presence and absence scores: a critique and alternative parameters. *Theor. Popul. Biol.* **73**,

244-249 (2008).

57. Ricotta, C. & Avena, G. C. An information-theoretical measure of taxonomic diversity. *Acta Biotheor.* **51**, 35-41 (2003).
58. Ricotta, C. & Szeidl, L. Towards a unifying approach to diversity measures: bridging the gap between the Shannon entropy and Rao's quadratic index. *Theor. Popul. Biol.* **70**, 237-243 (2006).
59. Routledge, R. Diversity indices: which ones are admissible? *J. Theor. Biol.* **76**, 503-515 (1979).
60. Schuacy, W. R., Gray, H. L. & Own, D. B. On bias reduction in estimation. *J. Amer. Statist. Asso.* **66**, 524-533 (1971).
61. Shannon, C. E. The mathematical theory of communication. *B. Sys. Tech. J.* **27**, 379-423 (1948).
62. Shimatani, K. On the measurement of species diversity incorporating species differences. *Oikos* **93**, 135-147 (2001).
63. Simpson, E. H. Measurement of diversity. *Nature* **163**, 688 (1949).
64. Solow, A. R. & Polasky, S. Measuring biological diversity. *Environ. Ecol. Stat.* **1**, 95-107 (1994).
65. Solow, A. R., Polasky, S. & Broadus, J. On the measurement of biological diversity. *J. Environ. Econ. Manage.* **24**, 60-68 (1993).
66. Sørensen, T. A method of establishing groups of equal amplitude in plant sociology based on similarity of species content and its application to analyses of the vegetation on Danish commons. *Biol. Skr.* **5**, 1-34 (1948).
67. Stein, C. Inadmissibility of the usual estimator for the mean of a multivariate normal distribution. *Proceedings of the Third Berkeley symposium on Mathematical Statistics and Probability* **1** 197-206 (1956).
68. Tsallis, C. Possible generalization of Boltzmann-Gibbs statistics. *J. Stat.*

- Phys.* **52**, 480-487 (1988).
69. Tong, Y. L. Some distribution properties of the sample species-diversity indices and their applications. *Biometrics* **39**, 999-1008 (1972 ).
70. Tukey, J. Bias and confidence in not quite large samples. *Ann. Math. Stat.* **29** 614 (1958).
71. Vane-Wright, R. I., Humphries, C. J. & Williams, P. M. What to protect: systematics and the agony of choice. *Biol. Conserv.* **55**, 235-254 (1991).
72. Warwick, R. M. & Clarke, K. R. New 'biodiversity' measures reveal a decrease in taxonomic distinctness with increasing stress. *Mar. Ecol. Prog. Ser.* **129**, 301-305 (1995).
73. Webb, C. O. Exploring the phylogenetic structure of ecological communities: an example for rain forest trees. *Am. Nat.* **156**, 145-155 (2000).
74. Webb, C. O., Ackerly, D. D., McPeck, M. A. & Donoghue, M. J. Phylogenies and community ecology. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* **33**, 475-505 (2002).
75. Webb, C. O. & Donoghue, M. J. Phylomatic: tree assembly for applied phylogenetics. *Mol. Ecol. Notes* **5**, 181-183 (2004).
76. Weikard, H. P., Punt, M. & Wessler, J. Diversity measurement combining relative abundances and taxonomic distinctiveness of species. *Biol. Lett.* **12**, 215-217 (2006 ).
77. Weitzman, M. L. On diversity. *Q. J. E.* **107**, 363-406 (1992).
78. Weitzman, M. L. What to preserve? An application of diversity theory to crane conservation. *Q. J. E.* **108**, 155-183 (1993).
79. Weitzman, M. L. The Noah's Ark problem. *Econometrica* **66**, 1279-1298 ( 1998).

80. Whittaker, R. H. Evolution and measurement of species diversity. *Taxon* **12**, 213–251 (1972).
81. Whittaker, R. H. Vegetation of the Siskiyou Mountains, Oregon and California. *Ecol. Monogr.* **30**, 279–338 (1960).
82. 韓若平 Beta 多樣性的統計估計，國立清華大學統計所博士論文 (2008)。



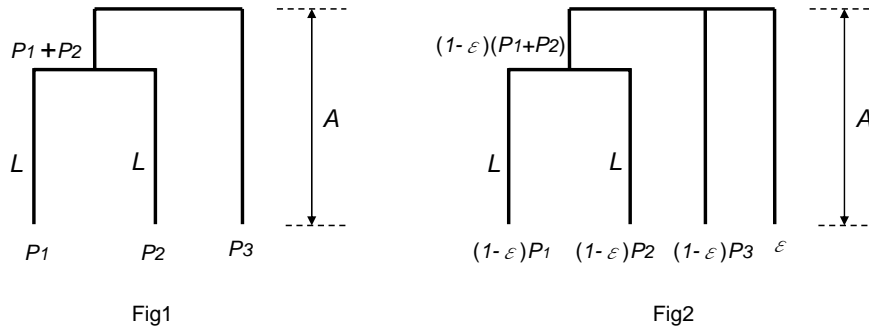


## 附錄

### 附錄一

證明  ${}^q\bar{D}(T)$  滿足“弱單調性”

以一簡例 Fig1 和 Fig2 說明，假設有一群落：包含三個物種，其相對豐富度分別為  $(p_1, p_2, p_3)$ ，其系統演化樹如 Fig1 所示。當增加一新最稀有物種且與其他物種有最大距離，其系統演化樹如 Fig2 所示。



$$\because \{P_1(1-\varepsilon), P_2(1-\varepsilon), P_3(1-\varepsilon), \varepsilon\} \prec \{P_1, P_2, P_3, 0\} \text{ 且}$$

$$\{(1-\varepsilon)(P_1+P_2), P_3(1-\varepsilon), \varepsilon\} \prec \{(P_1+P_2), P_3, 0\}$$

根據 Shur-concavity 性質，得到

$${}^q\bar{D}(A) = \frac{1}{A} \left\{ L \left[ \left( \frac{p_1}{A} \right)^q + \left( \frac{p_2}{A} \right)^q + \left( \frac{p_3}{A} \right)^q \right] + (A-L) \left[ \left( \frac{p_1+p_2}{A} \right)^q + \left( \frac{p_3}{A} \right)^q \right] \right\}^{1/(1-q)}$$

$$< \frac{1}{A} \left\{ L \left[ \left( \frac{p_1(1-\varepsilon)}{A} \right)^q + \left( \frac{p_2(1-\varepsilon)}{A} \right)^q + \left( \frac{p_3(1-\varepsilon)}{A} \right)^q + \left( \frac{\varepsilon}{A} \right)^q \right] + (A-L) \left[ \left( \frac{(p_1+p_2)(1-\varepsilon)}{A} \right)^q + \left( \frac{p_3(1-\varepsilon)}{A} \right)^q + \left( \frac{\varepsilon}{A} \right)^q \right] \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= {}^q\bar{D}(A)_{New}$$

根據此證明，可以輕易推廣至任何具有系統演化樹。

## 附錄二

滿足系統演化 Gamma 多樣性大於 Alpha 多樣性的條件：

以有效支脈長度的觀點，討論， $PD_\gamma(T) \geq PD_\alpha(T)$  的條件，

因為，

$${}^q PD_\beta(T) = \frac{\left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i}}{w_1 T_1 + w_2 T_2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{(w_1 T_1)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i}}{T_1} \right)^q + \frac{(w_2 T_2)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{2i}}{T_2} \right)^q \right]^{1/(1-q)}}$$

情況一：群落等權重，系統演化樹具有超度量性質

$$\begin{aligned} PD_\beta(T) &= \frac{PD_\gamma(T)}{PD_\alpha(T)} \\ &= \frac{\left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2T} \right)^q}{\left[ \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q \right]} \right\}^{1/(1-q)}}{\left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\left[ \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q \right]} \right\}^{1/(1-q)}} \\ &= \frac{\left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\left[ \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i [a_{1i}^q + a_{2i}^q] \right]} \right\}^{1/(1-q)}}{\geq 1} \end{aligned}$$

當  $q > 1$ ，因為  $f(x) = x^q$  是凸函數，所以  
 $f(ta + (1-t)b) \leq tf(a) + (1-t)f(b) \forall t \in [0,1]$

$$\text{因此，} \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \leq \frac{1}{2}(a_{1i}^q + a_{2i}^q) \Rightarrow \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \leq \frac{1}{2} \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q)$$

$$\begin{aligned} \text{得到, } \left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} &\geq \left\{ \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q) \right\}^{\frac{1}{1-q}} \\ &\Rightarrow \left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q)} \right\}^{1/(1-q)} \geq 1 \end{aligned}$$

當  $q < 1$ , 因為  $f(x) = x^q$  是凹函數, 所以  
 $f(ta + (1-t)b) \geq tf(a) + (1-t)f(b) \forall t \in [0,1]$

$$\text{因此, } \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \geq \frac{1}{2} (a_{1i}^q + a_{2i}^q) \Rightarrow \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \geq \frac{1}{2} \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q)$$

$$\begin{aligned} \text{所以, } \left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)} &\geq \left\{ \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q) \right\}^{\frac{1}{1-q}} \\ &\Rightarrow \left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i}^q + a_{2i}^q)} \right\}^{1/(1-q)} \geq 1 \end{aligned}$$

當  $q=1$ , 根據 Shannon 熵指標的凹函數性質, 得到  $PD_\gamma(T) \geq PD_\alpha(T)$ 。

情況二：群落不等權重，系統演化樹具有超度量性質 ( $T_1 = T_2 = T$ )

$${}^q PD_\beta(T) = \frac{{}^q PD_\gamma(T)}{{}^q PD_\alpha(T)}$$

$$= \frac{\left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i}}{T} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{w_1^q}{w_1^q + w_2^q} \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i}}{T} \right)^q + \frac{w_2^q}{w_1^q + w_2^q} \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{2i}}{T} \right)^q \right]^{1/(1-q)}} = \left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{\frac{w_1^q}{w_1^q + w_2^q} \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{w_2^q}{w_1^q + w_2^q} \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q} \right\}^{1/(1-q)}$$

此形式與 Jost (2007) 的 beta 式子相同, 所以,

只有當  $q=0$  或  $1$  時，  $PD_\gamma(T) \geq PD_\alpha(T)$ 。

情況三：群落等權重，系統演化樹不具有超度量性質

$$\begin{aligned}
 PD_\beta(T) &= \frac{\left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{T_1 + T_2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{A_1^q}{A_1^q + A_2^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i}}{T_1} \right)^q + \frac{A_2^q}{A_1^q + A_2^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{2i}}{T_2} \right)^q \right]^{1/(1-q)}} \\
 &= \frac{\left\{ \left( \frac{2}{T_1 + T_2} \right)^q \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{1}{T_1^q + T_2^q} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{1}{T_1^q + T_2^q} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q \right]^{1/(1-q)}} \\
 &= \left\{ \frac{\left( \frac{2}{T_1 + T_2} \right)^q}{\frac{2}{T_1^q + T_2^q}} \right\}^{1/(1-q)} \times \left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q} \right\}^{1/(1-q)} \\
 &= \left\{ \frac{\frac{1}{2} \times (T_1^q + T_2^q)}{\left( \frac{T_1 + T_2}{2} \right)^q} \right\}^{1/(1-q)} \times \left\{ \frac{\sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{1}{2} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q} \right\}^{1/(1-q)} = X \times Y
 \end{aligned}$$

因為  $X \leq 1$  and  $Y \geq 1$ ，所以，不滿足  $PD_\gamma(T) \geq PD_\alpha(T) \quad \forall q \geq 0$

情況四：群落不等權重，系統演化樹不具有超度量性質

$$\begin{aligned}
 PD_\beta &= \frac{\left\{ \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i}}{w_1 T_1 + w_2 T_2} \right)^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{(w_1 T_1)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{1i}}{T_1} \right)^q + \frac{(w_2 T_2)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i \left( \frac{a_{2i}}{T_2} \right)^q \right]^{1/(1-q)}} \\
 &= \frac{\left\{ \left( \frac{1}{w_1 T_1 + w_2 T_2} \right)^q \times \sum_{i \in B} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q \right\}^{1/(1-q)}}{\left[ \frac{(w_1)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{1i})^q + \frac{(w_2)^q}{(w_1 T_1)^q + (w_2 T_2)^q} \times \sum_{i \in B} L_i (a_{2i})^q \right]^{1/(1-q)}}
 \end{aligned}$$

不難找到反例，證明，不滿足  $PD_\gamma(T) \geq PD_\alpha(T) \quad \forall q > 0$

根據以上的討論，得到結論：以有效支脈長度的角度來看，

當系統演化樹具有超度量性質，

群落等權重時， ${}^q PD_\gamma(T) \geq {}^q PD_\alpha(T) \quad \forall q \geq 0$ 。

當群落不等權重時， ${}^q PD_\gamma(T) \geq {}^q PD_\alpha(T)$  for  $q = 0$  or  $1$

當系統演化樹不具有超度量性質，

無論群落權重為何， ${}^q PD_\gamma(T) \geq {}^q PD_\alpha(T)$  除了  $q = 0$  之外，皆不滿足。

以平均有效物物種的觀點，討論， $\bar{D}_\gamma(T) \geq \bar{D}_\alpha(T)$ 的條件：

因為，

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q}{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} \left( \frac{a_{1i}}{\bar{T}} \right)^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} \left( \frac{a_{2i}}{\bar{T}} \right)^q} \frac{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}}{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$= \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q} \frac{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}}{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

情況一：群落等權重，系統演化樹具有超度量性質 ( $T_1 = T_2 = T$ )

與上述討論一致，所以， ${}^q\bar{D}_\gamma(T) \geq {}^q\bar{D}_\alpha(T) \quad \forall q \geq 0$

情況二：群落不等權重，系統演化樹具有超度量性質 ( $T_1 = T_2 = T$ )

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q} \frac{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}}{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}} \right\}^{1/(1-q)}$$

當  $q=1$  時，

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{w_1 \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + w_2 \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q} \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 與 Jost (2007) 在群落權}$$

重不等時，所推導的 Beta 多樣性形式一致。所以， $q=1$  時， $\bar{D}_\gamma(T) \geq \bar{D}_\alpha(T)$ 。

情況三：群落等權重，系統演化樹不具有超度量性質

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i \left( \frac{a_{1i} + a_{2i}}{2} \right)^q}{\frac{1}{2} \left[ \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q \right]} \right\}^{1/(1-q)}, \text{ 此形式等同於情況一。}$$

所以， ${}^q\bar{D}_\gamma(T) \geq {}^q\bar{D}_\alpha(T) \quad \forall q \geq 0$

情況四：群落不等權重，系統演化樹不具有超度量性質

$${}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{\frac{w_1^q \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + w_2^q \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q}{w_1^q T_1 / \bar{T} + w_2^q T_2 / \bar{T}}} \right\}^{1/(1-q)}$$

$$\text{當 } q=1 \text{ 時， } {}^q\bar{D}_\beta(T) = \left\{ \frac{\sum_{i \in B_T} L_i (w_1 a_{1i} + w_2 a_{2i})^q}{w_1 \sum_{i \in B_{1T}} L_{1i} (a_{1i})^q + w_2 \sum_{i \in B_{2T}} L_{2i} (a_{2i})^q} \right\}^{1/(1-q)} \text{ 與 Jost (2007)}$$

在群落權重不等時，所推導的 Beta 多樣性形式一致。

所以， $q=1$  時， $\bar{D}_\gamma(T) \geq \bar{D}_\alpha(T)$ 。

根據以上的討論，得到結論：以平均有效物種的角度來看，

當群落等權重時，

無論系統演化樹是否具有超度量性質，

${}^qD_\gamma(T) \geq {}^qD_\alpha(T) \quad \forall q \geq 0$  皆成立。

當群落不等權重時，

無論系統演化樹是否具有超度量性質，

${}^qD_\gamma(T) \geq {}^qD_\alpha(T)$  除了  $q=0$  或  $1$  之外，皆不滿足。

### 附錄三

修正  $N_{ST}$  指標：

假設有  $N$  個群落且等權重，

因為  ${}^2\bar{D}(T) = \frac{1}{\bar{T}} [\sum_i L_i (\frac{a_i}{\bar{T}})^2]^{-1} = \frac{\bar{T}}{\bar{T} - QD}$ ，得到  $\bar{T} - QE = \sum_i L_i a_i^2$

所以，

個別群落： $\bar{T}_j - QE_j = \sum_i L_i a_{ji}^2 \quad j = 1, 2, \dots, N$  and  $\bar{T}_j = \sum_i L_i a_{ji}$

混合群落： $\bar{T} - QE_T = \sum_i L_i a_i^2 = \sum_i L_i (\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N})^2$ ，

$$\text{其中 } \bar{T} = \sum_i L_i a_i = \sum_i L_i (\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}) = (\bar{T}_1 + \bar{T}_2 + \dots + \bar{T}_N) / N$$

因為， $\sum_i L_i a_{1i}^2 + \sum_i L_i a_{2i}^2 + \dots + \sum_i L_i a_{Ni}^2 \leq \sum_i L_i (a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni})^2$

所以， $\frac{1}{N} [\sum_i L_i a_{1i}^2 + \sum_i L_i a_{2i}^2 + \dots + \sum_i L_i a_{Ni}^2] \leq N \sum_i L_i (\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N})^2$

得到  $\frac{1}{N} (\bar{T}_1 - QE_1 + \bar{T}_2 - QE_2 + \dots + \bar{T}_N - QE_N) \leq N(\bar{T} - QE_T)$

$$\bar{T} - QE_S \leq N(\bar{T} - QE_T) \Rightarrow QE_T \leq \bar{T} - \frac{\bar{T} - QE_S}{N}$$

所以  $QE_T - QE_S \leq \frac{(N-1)(\bar{T} - QE_S)}{N}$

因此  $\frac{QE_T - QE_S}{\max(QE_T - QE_S)} = \frac{N}{N-1} \frac{QE_T - QE_S}{(\bar{T} - QE_S)}$

推廣至  $q \geq 1$ ，

定義  ${}^q QD = \bar{T} - \sum_i L_i a_i^q$

所以



個別群落：  $\bar{T}_j^{-q}QE_j = \sum_i L_i a_{ji}^q \quad j=1,2,\dots,N$  and  $\bar{T}_j = \sum_i L_i a_{ji}$

混合群落：  $\bar{T}^{-q}QE_T = \sum_i L_i a_i^q = \sum_i L_i \left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right)^q$  ,

其中  $\bar{T} = \sum_i L_i a_i = \sum_i L_i \left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right) = (\bar{T}_1 + \bar{T}_2 + \dots + \bar{T}_N) / N$

因為，  $\sum_i L_i a_{1i}^q + \sum_i L_i a_{2i}^q + \dots + \sum_i L_i a_{Ni}^q \leq \sum_i L_i (a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni})^q$

所以，  $\frac{1}{N} [\sum_i L_i a_{1i}^q + \sum_i L_i a_{2i}^q + \dots + \sum_i L_i a_{Ni}^q] \leq N^{q-1} \times \sum_i L_i \left(\frac{a_{1i} + a_{2i} + \dots + a_{Ni}}{N}\right)^q$

得到  $\frac{1}{N} (\bar{T}_1 - QE_1 + \bar{T}_2 - QE_2 + \dots + \bar{T}_N - QE_N) \leq N(\bar{T} - QE_T)$

$$\bar{T}^{-q}QE_S \leq N^{q-1} \times (\bar{T}^{-q}QE_T) \Rightarrow {}^qQE_T \leq \bar{T} - \frac{\bar{T}^{-q}QE_S}{N^{q-1}}$$

所以  ${}^qQE_T - {}^qQE_S \leq \frac{(N^{q-1} - 1) \times (\bar{T}^{-q}QE_S)}{N^{q-1}}$

因此  $\frac{{}^qQE_T - {}^qQE_S}{\max({}^qQE_T - {}^qQE_S)} = \frac{N^{q-1}}{N^{q-1} - 1} \frac{{}^qQE_T - {}^qQE_S}{(\bar{T}^{-q}QE_S)}$

其中，  $\frac{N^{q-1}}{N^{q-1} - 1} \frac{{}^qQE_T - {}^qQE_S}{(\bar{T}^{-q}QE_S)} = \frac{{}^q\bar{D}_\beta(T)^{1-q} - 1}{N^{1-q} - 1}$