

國立臺灣大學生物資源暨農學院

森林環境暨資源學研究所

碩士論文

School of Forestry and Resource Conservation

College of Bio-Resources & Agriculture

National Taiwan University

Master Thesis

淡黃木層孔菌在臺灣中部及北部與環境暨生物因子之研究

Study on the Relationship between *Phellinus gilvus*

and the Environmental and Biotic Factors

in Central and Northern Taiwan

陳雅得

Ya-te Chen

指導教授：李靜峯 助理教授

Advisor: Ching-Feng Li, Ph.D.

共同指導：張東柱 博士(林業試驗所)

Co-advisor: Tun-Tfschu Chang, Ph.D. (TFRI)

中華民國一〇八年二月

February 2019



誌謝



很幸運的能遇到五木老師，如明燈一樣讓我逐漸看清研究之路。還有 David 與 VegLab 的大家對植群調查的執著、嚴謹的態度，以及開放的討論風氣，也都深深折服我。在學業後期，我覺得最難的不是研究本身，而是記得自己的初心。每當被工作淹沒，我就會想想你們，重新校正方向。

這份研究源自於林業試驗所的張東柱與傅春旭老師，你們帶我入門，而你們對樹病與真菌持續的熱情始終激勵著我。謝謝 Dora、阿暉，讓我下定決心讀研究所，跟你們總能聊出許多靈感。謝謝芳孜，陪我上山做 ARBOTOM 探測老樹腐朽，雖然最後沒放入論文，卻是兩年中最有趣的經驗之一。謝謝林試所實驗室的大家，以及中研院的朱宇敏老師與師母，在你們那兒做真菌鑑定總是讓我沉迷忘食，彷彿在迷宮中時日飛逝，直到好像終於能說自己對真菌開始有一點點了解。

感謝邱春火老師，不僅供應我經費，也不吝與我長篇討論，讓我更了解各種分析方法的得與失。謝謝在植物標本鑑定上大力幫忙的建帆學長跟信彥，以及幫我畫地圖的政倫。感謝 DA，不僅是我的 coding 外掛，也一如往常地老是批評到讓我想放棄，然後不得不更深入審視自以為已經搞定的東西。

當初追著樹世無常，來到了這裡，想深入一窺大樹森林的奧秘。沒想到在最後找到的卻在意料之外。跟大樹們一樣，我們也面臨許多無常與逆境，然後繼續堅定而溫柔的站立。但願你們也如此，永遠青翠。

摘要



心材腐朽菌在森林動態中扮演重要的角色，但在臺灣相關的研究稀少。本論文的目的為釐清影響臺灣中海拔常見的心材腐朽菌 -- 淡黃木層孔菌(*Phellinus gilvus*)生態分布的重要因子：藉由設計快速的廣泛取樣調查，來取得淡黃木層孔菌在臺灣北部與中部天然林中分布地點或未發現地點的生物變數(寄主樹木與森林植群資料)與環境變數(氣候資料)，並量化分析，找出影響它們分布的最關鍵變數。

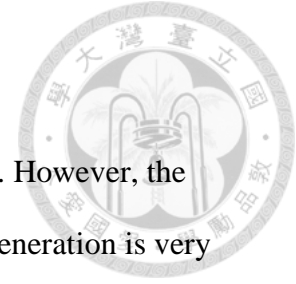
快速調查方法，係以「臺灣現生天然植群圖集」中所定義之植群群系為主要分層取樣依據，著重於取得現地的森林與樹木資料，並加上「區域」這一變數，以分析各項變數是否具跨區域的影響力。經實踐後，確認本調查方法確實可達到快速取樣、建立特定物種分布資料庫的目的。所獲得之資料為兼顧「發現」與「未發現」之高度不平衡物種分布數據。後續分析則顯示，加入生物因子建立的分布模型，比僅使用環境因子的模型更為準確、簡潔、合理且易詮釋，可見生物因子在決定物種生態分布上之重要性，建議物種分布研究應將生物因子納入。

分析後顯示影響淡黃木層孔菌分布最重要的變數為：平均樹木胸徑大、植群中殼斗科所佔比例高、以及氣溫季節性變化相對小的天然林中。符合此環境條件之植群群系為山地常綠闊葉林，其次為空間上相鄰的下部山地次生常綠闊葉林、山地針闊葉混交林、山地常綠闊葉矮林、山地針葉林與山地針闊葉次生混交林。淡黃木層孔菌應為常見於雲霧盛行地區老熟殼斗科天然林的物種。

本研究的結果，為後續研究心材腐朽菌如何影響森林生態不可或缺的一步，所發展之快速調查方法亦可調整應用於其他物種分布之研究中。

關鍵字：淡黃木層孔菌，心材腐朽菌，快速調查，物種分布，植群

Abstract



Heartwood decay fungi play important roles in forest dynamics. However, the study on their biology, physiology, and ecological roles in forest regeneration is very limited in Taiwan. The objective of this study is to identify the key factors that determine the ecological distribution of a heartwood decay fungus, *Phellinus gilvus*, often found in mid-altitudinal natural forest in Taiwan. With the design and employment of a quick stratified sampling method based on *Actual Vegetation Maps of Taiwan*, data of the occurrences and absence of *P. gilvus* across natural forest in northern and central Taiwan was obtained, including biological variables concerning the host trees and host forest, as well as environmental variables concerning the habitat and climate. The quick survey method was proven to be efficient in acquiring samples to build a dataset of a certain species for the analysis of its distribution. The analysis of the dataset shows that *P. gilvus* generally occurs in locations with relatively little temperature fluctuation and in forest with a greater proportion of *Fagaceae* trees. All of the fruitbodies occur on trees of the family *Fagaceae* with large diameters of breast height. Montane evergreen broadleaf forest is the most suitable vegetation type for *P. gilvus*, while occurrences were also recorded scattering in other vegetation types with similar climatic conditions and large dominant *Fagaceae* trees. The results of this study provide important base for future studies on the ecological roles of heartwood decay fungi in forest. Moreover, the quick survey method may be applied to the study of distribution of other species.

Keywords: *Phellinus gilvus*, heartwood decay fungi, quick survey, species distribution, vegetation types

目錄

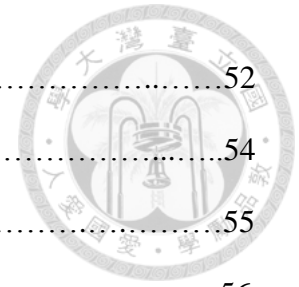


誌謝.....	1
摘要.....	2
Abstract	3
目錄	4
圖目錄	7
表目錄	8
第一章 前言	9
第二章 文獻回顧	10
2.1 物種分布之理論基礎.....	10
2.2 影響心材腐朽菌分布的因子.....	11
2.2.1 植群類型.....	12
2.2.2 氣候條件.....	12
2.2.3 森林結構多樣性、棲地連續性.....	12
2.2.4 真菌生存策略與寄主範圍.....	13
2.3 淡黃木層孔菌的生理與生態.....	14
2.3.1 生態定位：弱病原性之初級心材腐朽菌.....	14
2.3.2 巨觀與微觀型態.....	15
2.3.3 營養模式與生長環境.....	15
2.3.4 繁殖與傳播.....	16
2.3.5 生命史.....	17
2.3.6 淡黃木層孔菌在臺灣之研究現況.....	17
2.3.7 小結.....	18

2.4	研究尺度.....	19
2.5	調查方法論：生物分布取樣方法.....	19
第三章	研究方法.....	22
3.1	快速調查方法.....	22
3.1.1	調查範圍.....	22
3.1.2	調查分層單位.....	22
3.1.3	變數選擇.....	24
3.1.4	取樣方式.....	25
3.1.5	調查結果.....	26
3.2	資料分析方法.....	28
3.2.1	分類樹法.....	29
3.2.2	以隨機森林分析自變數重要值.....	31
3.2.3	分類樹模型之評價.....	32
第四章	資料分析結果.....	34
4.1	各項變數之初步分析.....	34
4.1.1	生物變數.....	34
4.1.2	環境變數.....	40
4.1.3	變數間的相關性.....	42
4.2	單一分類樹模型分析.....	44
4.2.1	自變數篩選.....	45
4.2.2	「生物與環境自變數」組.....	46
4.2.3	「環境自變數」組.....	48
4.3	以重複隨機子取樣驗證法比較兩組分類樹之效用.....	49
4.3.1	跨區(全部資料)與分區(中臺灣)分析中兩組模型之準確率比較.....	50



4.3.2 影響淡黃木層孔菌分布的關鍵自變數分析.....	52
4.3.3 模型樹之簡潔度之比較.....	54
4.4 小結.....	55
第五章 總結與建議	56
參考文獻	60
附錄一 蘇鴻傑所劃分之全台地理氣候區。.....	68
附錄二「臺灣現生天然植群圖集」各植群群系基本資料。.....	69
附錄三 調查地點與時間。.....	72
附錄四 樹種名錄。.....	73
附錄五 重複隨機子取樣驗證法之 R 語言 code。.....	78
附錄六 淡黃木層孔菌之標本採集、鑑定照片範例。.....	82





圖目錄

圖 1 淡黃木層孔菌在臺灣已知「發現」與「未發現」地點總覽.	28
圖 2 淡黃木層孔菌在各植群群系中發現之頻度.	35
圖 3 淡黃木層孔菌寄主樹種圓餅圖.	37
圖 4 樣點樹均胸徑分布盒鬚圖.	38
圖 5 樣點森林冠層高度分布盒鬚圖.	39
圖 6 所有樣點的海拔分布.	41
圖 7 淡黃木層孔菌之有無與氣候因子的關係盒鬚圖.	42
圖 8 中台灣樣點各自變數間之相關性.	43
圖 9 全部樣點各自變數間之相關性.	44
圖 10 以隨機森林分析各自變數的平均準確率降低值.	45
圖 11 以完整調查資料庫建立的分類樹，使用生物與環境自變數.	48
圖 12 以完整調查資料庫建立的分類樹，僅用環境自變數.	49
圖 13 全部資料的 1,000 組訓練子集與測試子集之準確率分布.	50
圖 14 中台灣資料的 1,000 組訓練子集與測試子集之準確率分布.	51



表目錄

表 1 生物變數.	23
表 2 環境變數.	24
表 3 取樣總數.	27
表 4 混淆矩陣(confusion matrix).	33
表 5 用隨機森林計算各自變數相對於依變數(植群群系)的重要值.	36
表 6 重要自變數之獨立雙樣本 T 檢定結果.	39
表 7 跨區與分區模型準確率對照表.	52
表 8 在總共 4,000 棵分類樹中, 各自變數用於模型建立的次數統計.	54
表 9 在總共 4,000 棵分類樹中, 各自變數用於分割點的總次數統計.	55



第一章 前言

心材腐朽菌在森林動態中扮演重要的角色(Boddy & Heilmann-Clausen, 2008)。它們為具初級木材分解能力的真菌，能先驅腐生於莖幹或根部的心材。其中有些為純粹的分解者，可與樹長久並存，也可促成樹木傾倒或逐步分解，時程與規模不一。也有些兼具病原性，可能使樹木致病死亡。數種心材腐朽菌已證實為森林更新的推手，而實際影響為何，不僅受其生物學影響，也與分布模式有極大關係(Hansen & Goheen, 2000; Hawkins & Henkel, 2011; Heilmann-Clausen & Boddy, 2008; Hennon, 1995; Holah, 1992; Holah, 1997)。然而，這類真菌的分布情況，在臺灣目前僅有各地菌相普查與零星觀察報告，並無系統性的調查，導致任何進一步的生態學研究皆無法進行。

本研究的目的即在釐清影響臺灣中海拔森林常見的心材腐朽菌 -- 淡黃木層孔菌(*Phellinus gilvus*)生態分布的重要因子。淡黃木層孔菌在臺灣分布廣泛，但從未有過系統性的調查，影響其分布的因子亦僅止於推測，尚無量化分析。本研究設計快速、廣泛的取樣調查方法，來取得淡黃木層孔菌在北臺灣與中臺灣天然林中的分布地點與棲地資料，用以分析影響它分布的關鍵因子，同時評估此調查方法的效用。此為後續研究腐朽菌如何影響森林生態不可或缺的一步，而所發展的研究方法亦可應用於其他生理與生態特性類似的物種具時效性的調查中。

具體的目標有三：

- (1) 設計一可快速取得物種分布位置資料的調查方法。
- (2) 分析調查資料，找出影響淡黃木層孔菌生態分布的關鍵因子。
- (3) 建立分類樹模型並驗證之，以評估調查方法的效用。

第二章 文獻回顧




2.1 物種分布之理論基礎

物種的「分布」，為一具多層意義的概念。除了指地理上的分布，也指生態上的空間：該物種在生態系中的角色與地位，由複雜的種間關係，例如競爭、共生等關係所塑造而成。此外，由於物種群落與環境條件皆具消長動態，因此許多分布理論會加上時間因子，例如族群數量動態、族群對所處生態系持續的回饋作用等等。每一種生物或環境條件都是一項限制因子(limiting factors)，一方面反應出環境提供該物種利用的資源幅度，另一方面也對應到該物種本身生理與生態學上的耐性範圍(tolerant range)。多個條件維度集合的結果，使每個物種都佔有獨特的空間(Hutchinson, 1957; Guisan, 2005; Franklin, 2009; Holt, 2009)。

物種的生態分布研究，一般指藉量化分析已知發現或為發現該物種之地點的資料，定義出生態分布空間，亦即找出決定該物種分布的因子及其梯度(Guisan, 2005; Franklin, 2009)。物種理論上可生存的空間，與現實中物種生存的空間，兩者有所落差，因前者代表物種潛在的分布範圍，但還需通過多重濾網後(filters)才形成今日所見的實際分布狀態，這些濾網包括歷史因子，如因傳播限制而沒有機會到達適合但隔絕的環境中，或因擾動而局部滅絕；也包括生物因子，如捕食或病原的傳播，使族群的發展受限(Hutchinson, 1957; Franklin, 2009; Lambers, 2008)。

不考慮時間因子的物種分布研究，需建立在一重要假設上：調查中所發現之本物種分布情形，皆已與其生態環境達成一定平衡，是物種特性、適應力與該地



資源、環境條件互相符合的結果，可在其中生存並繁殖(Guisan，2005)。因為若考慮時間因子¹，則有例外：例如，今日所見的族群並非存在於適合的環境中，有可能正在遷徙或逐漸滅絕；阿利效應(allee effect)可能使密度夠大，或傳播力夠強的族群，在適合環境之外生存下來；物種繁殖單位的源匯動態(source-sink dynamics)也會跨越適合分布之區塊界線。這些狀況需以更多假設或模型來涵蓋與解釋(Guisan，2005；Franklin，2009)。

本文研究淡黃木層孔菌的分布，採用生態上的分布概念與上述之平衡假設，僅探討與目標物種分布相關的環境與生物因子，不探討地理上的分布，且不考慮時間維度與動態變化。

2.2 影響心材腐朽菌分布的因子

心材腐朽菌屬木棲性擔子菌(wood-inhabiting basidiomycetes)，它們為具初級木材分解能力的真菌，能先驅腐生於莖幹或根部的心材。若干研究分析了區域尺度下多項因子對真菌種類分布的影響，發現最顯著相關者為植群類型、氣候條件、棲地結構與連續性，以及真菌物種本身的生存策略與寄主範圍。而目前仍無適當解釋的分布現象，則可能必須追溯到過往歷史或尚未深入研究的環境濾網(Heilmann-Clausen & Boddy，2008；Schwarze et al，2000；Heilmann-Clausen et al，2014；Abrego, Bassler, Christensen, & Heilmann-Clausen，2015；Abrego, Bassler, Christensen, Ainsworth, & Heilmann-Clausen，2016)。

¹另一個加入時間觀點的重要領域為演化與系統發生學中的物種分布研究，涉及物種的定義、族群遺傳學等，在本論文中不加以討論。




2.2.1 植群類型

由於植物為其能量來源，森林植群類型的分布與木棲性真菌的分布緊密相關(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008; Yamashita, Hattori, & Abe, 2010; Stokland, 2012)，此現象在或大或小的研究尺度上皆明顯。例如，橫跨北美與歐亞大陸的北方針葉林(boreal forest)中，有超過 80%相同的木材腐朽菌物種(Gilbertson, 1980)；歐美與東亞樹種組成相近的溫帶落葉林，地中海、東非與北美南部的亞熱帶森林，皆有相對應的木棲性真菌，隨之跨洲分布(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。木棲性真菌與森林類型高度相關，一方面反映出所適應之氣候與環境因子的相似性，另一方面也代表著共同演化的歷史，例如北方針葉林中的樹種相對較少，在過去百萬年以來的變化也較少，多數木棲性真菌已適應該地長而寒冷的冬天、大陸性氣候與降水特性，已無法在較溫暖的區域生存(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。

2.2.2 氣候條件

氣候對植群分布有極大的影響，但對真菌的分布是否同等重要，則尚未有詳細的研究。有些真菌分布的現象受地域性氣候條件，尤其是降水與氣溫的影響相當顯著(Gilbertson, 1980; Heilmann-Clausen, 2005; Heilmann-Clausen, 2014; Abrego et al, 2016)。一些真菌在較易對寄主造成逆境的氣候帶分布較廣、數量也較多。氣候變遷與暖化的現象，也已反映在真菌分布範圍與物候的改變上(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。

2.2.3 森林結構多樣性、棲地連續性




森林的組成因子中，對木棲性真菌分布有重大影響者，除了植群組成，其林齡結構與棲地連續性也相當重要，而這些與該地的人類活動常有密切關係。已有許多研究比較了人為干擾程度與真菌多樣性的關係(Pentilla, Lindgren, Miettinen, Rita, & Hanski, 2006)。在天然林中，由於樹種較多、樹齡不一，棲地多樣性較高，因此真菌組成也較多樣(Schmit, Mueller, Leacock, Mata, Wu, & Huang, 2005)；而人為干擾多的森林，通常平均樹齡較小，樹圍較小，砍伐傷口與中小型落枝吸引較多先驅菌種，但寄生或腐生於老樹心材與巨大倒木的真菌種類，幾乎只能在足夠老齡的天然林中才找得到(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。

棲地的限縮與破碎化，是人為造成的另一個重要影響，對孢子不適合長途傳播的真菌種類尤其有害。儘管孢子傳播距離與棲地破碎化的關係尚待研究，但一般認為，族群數目較少、生長於不易受擾動影響之棲地、孢子傳播力弱或孢子數目變化大、對棲地類型或寄主高度專一者，棲地的不連續性對他們的影響甚巨；而相對的，原本就僅需小塊(例如小斷枝)、易受破壞(例如易燃樹種)的棲地之木棲性真菌，孢子的傳播力較強，棲地的破碎化可能反而提高其競爭力(Stokland, 2001；Abrego, 2015)。棲地破碎化若與森林結構單一化同時發生，則可對高度專一的真菌物種產生加乘的傷害(Pentilla et al, 2006；Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。

2.2.4 真菌生存策略與寄主範圍

在上述環境背景下，不同的木棲性真菌有不同的生存策略與寄主範圍，這決定了他們的分布型態，同時反映了其生態地位。

不同的生存策略，可從他們在樹木或木材上佔據不同的演替階段、持續時程



與傳播方式看出。專精心材腐朽之先驅菌種通常具備分解木質素、纖維素的能力，此為相當緩慢的過程，故多長期棲於心材材積量大之老樹或大型枯木，對環境因子的接受範圍較大，對逆境也有更高的耐受性。它們的傳播方式常為孢子與菌絲透過根部接觸並進。部分真菌物種具病原性，能夠侵犯樹木的活細胞，包括邊材與維管束，此種生存模式稱為「兼性寄生」；此類菌種對材積需求較小，可感染年輕樹木，因此，林齡結構與棲地限縮等因子對其影響也較小。褐根病菌(*Phellinus noxius*)即為具強悍寄生能力腐朽菌之例子，其寄主範圍寬廣，因而成為佔臺灣樹木病害通報案件最大宗的樹木病原。在演替階段中較晚出現的真菌物種，由於需面對更多他者的競爭，會較傾向 R 策略，也相對更依賴孢子來傳播(Boddy & Heilmann-Clausen, 2008; Schwarze et al, 2000)。

寄主廣泛的物種，受限於森林類型、棲地狀況的程度相對較低，而寄主專一的物種，在競爭上可能有其優勢，但分布受限，也較易受環境改變的影響。寄主廣泛者較不受植群分布的限制。其中寄主的偏好，以及不同樹種對同種真菌抵抗力之差異，是促進森林更新與結構改變的重要因子。

2.3 淡黃木層孔菌的生理與生態

2.3.1 生態定位：弱病原性之初級心材腐朽菌

木層孔菌屬(*Phellinus* spp.)為世界泛佈的木材腐朽菌與樹木病原，其中包括了各級木材分解者，本文所探討的淡黃木層孔菌，為心材腐朽菌，會削弱莖幹或根系的機械支撐力，而導致樹木風折或傾倒；目前對淡黃木層孔菌的生存策略並未有深入的研究，但由於其以莖腐與莖基部腐朽(stem and butt rot)為主，根據田野觀



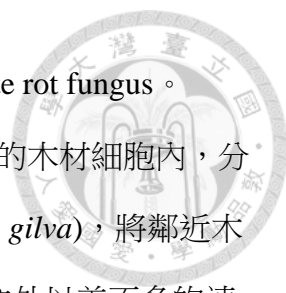
察，應為腐朽速度緩慢、病原性不強的兼性寄生者 (Davidson, Campbell, & Vaughn, 1942; 張東柱, 2004, 2005)。

2.3.2 巨觀與微觀型態

淡黃木層孔菌屬刺革菌科、木層孔菌屬。菌絲二次元，具隔，生殖菌絲無孢子體(simple-septate)。子實體一至多年生，表面暗黃褐色，遇氫氧化鉀(KOH)溶液變黑，平伏、反捲至有菌蓋，木栓質至木質，單生或成群覆瓦狀生長，半圓形，多皺摺，寬可達數十公分，菌孔近圓形，每毫米 6-8 個，黃褐色至紫褐色。剛毛豐富，厚壁，源自子實層(hymenial setae)，大小 12-42*4-6 微米。不具剛毛菌絲(setal hyphae)。擔孢子無色，光滑，單層壁，橢圓形至卵形，大小 4-5*3-5 微米。培養之菌落前緣菌絲氣生至平伏，棉狀，白色、鮭色至褐色 (Davidson et al, 1942; Gilbertson, 1979; Larsen & Cobb-Pouille, 1990; 張東柱、周文能、王也珍、朱宇敏, 2001; 史香芸, 2012)。本研究中對淡黃木層孔菌的鑑定以子實體與培養菌落之巨觀特徵為主，子實層與孢子之微觀型態特徵為輔。

2.3.3 營養模式與生長環境

心材腐朽菌在自然界中(亦即木材內)的生長過程不易觀察，而僅能以木材顯微切片來觀察其腐朽模式、在木材細胞內之生長狀況，以實驗室培養來測量其最適生長環境與生長速度。不論早期或近年的實驗室研究，都顯示 30°C 左右為淡黃木層孔菌的生長最適溫度 (Davidson et al, 1942; Rew et al, 2000; Jo et al, 2006; 史香芸, 2012)。在自然環境中，木材內部的溫度難以測量，並且除了受氣溫影響，濕度、是否為活樹、木材量、暴露程度、腐朽階段等也是決定溫度的極重要因子。



淡黃木層孔菌為均質白色腐朽菌(uniform / simultaneous white rot fungus。Gilbertson, 1979。本詞為自行中譯)，其營養菌絲伸入死亡中空的木材細胞內，分泌 laccase、tyrosinase 等酵素(史香芸，2012；鑑定為 *Fuscoporia gilva*)，將鄰近木材細胞壁的主要成分，包括木質素、纖維素與半纖維素，由內往外以差不多的速度降解為自己的碳源，同時不斷產生菌絲分枝，分解並穿透木材細胞壁與中膠層(middle lamella)，形成許多孔洞。與另一種白色腐朽 -- 選擇性木質素降解(selective delignification)比起來，均質白腐導致木材更快速且全面的鬆散脆化(Schwarze et al, 2000)。

2.3.4 繁殖與傳播

淡黃木層孔菌的有性生殖由擔孢子完成，為四極異宗交配(tetrapolar bifactoral heterothallism)，兩個交配型因子(mating type factors)皆為複等位基因(multiallelic)(Rizzo et al, 1995)。子實體在自然界中相當常見，應為主要的傳播方式。目前尚無發現無性孢子之報告。

擔孢子的產生季節、數量、傳播方式與距離目前皆無研究，但通常此類真菌多依靠氣流與風，傳播距離可至數米、數公里；厚壁、存活力強的擔孢子，若在適當的季節飛散，則有跨越大洲傳播的潛力(Heilmann-Clausen & Boddy, 2008)。

此外，有些根腐菌在森林中靠營養菌絲從樹木根接(root graft)處傳播，形成聚集分布(clumped)，亦即鄰近的樹木會先遭傳染，甚至形成不斷往外擴大之疾病中心(disease center)。淡黃木層孔菌並非典型根腐菌，但在野外仍可觀察到小群感染樹木形成集落，因此，根接傳播法可能仍佔一定的比重。




2.3.5 生命史

淡黃木層孔菌為腐朽菌，木材為其能量來源，故其生命史與樹木密不可分。本文採用樹病週期的觀念，將其生命史分為幾個環節：感染期、生長期、產孢期與傳播期。

感染，或稱接種(*inoculation*)，指找到或建立進入基質的入口；對活樹的心腐菌而言，通常這指樹木的傷口、枯枝或小枝條，使孢子或菌絲可以避開樹皮的防護與活細胞的免疫抵抗，進入已死亡的心材空細胞中(Shigo, 1979; Schwarze, 2000)。成功感染後，可能進入生長期，擴展群落(*colonization*)；若環境不適，也可能進入休眠，潛伏至逆境過去再開始生長；由於本菌較不侵犯活組織，大部分僅利用樹心木材，因此能與樹並存很長一段時間，直到樹幹因強度弱化而折斷、或因其他原因死亡。一旦累積足夠能量、或當基質養分即將用盡時，菌落開始產生子實體，進入有性生殖之產孢期，準備往外尋找出口，此時的感染源具有最強的傳染力。孢子成熟且環境符合釋放條件時便會散播至大氣中，隨機落至樹木傷口或適合的基質(例如倒木)上，開始下一輪的週期。然而這僅為簡化之模型，對淡黃木層孔菌的基本生理，及其與樹木的互動方式，仍有諸多空白環節有待研究。

2.3.6 淡黃木層孔菌在臺灣之研究現況

淡黃木層孔菌為世界泛布的木材白腐菌。從熱帶、亞熱帶到溫帶皆有分布，記錄過的寄主樹種相當廣泛，至少有 75 個樹種，包括針葉及闊葉樹(Fungal Databases, 2017; Encyclopedia of Life, 2017)。然而在臺灣並無系統性的全面調查。集結各地菌相調查報告來看，其子實體幾乎皆發現於海拔 1,000~2,500 公尺之間的



天然闊葉或針闊葉混合老熟林中，大部分長在殼斗科、尤其是長尾栲(*Castanopsis cuspidate* var. *carlesii*)與杏葉石櫟(*Lithocarpus amygdalifolius*)大樹或死樹、倒木上(張東柱，2004，2005；周文能，2000；黃靜芬，2014；林偉峻，2013；陳昇明，1999；王也珍，2004)，有些學者更推測其為櫟林更新演替的重要推手(張東柱，2004，2005；王也珍，2004)。

目前並無足夠資料可直接驗證此推論，因為世界各地的資料繁雜且準確度未知，臺灣現有的資料則稀少零散，且皆缺乏長期記錄。筆者曾在南投北東眼山兩個森林永久樣區調查大量長有淡黃木層孔菌之殼斗科大樹以及大量倒木，並比對兩個樣區間隔 12 年的兩次每木普查資料，得知兩次普查之間這些大樹的變化並不大：立者恆立，倒木則幾乎皆於 12 年前已倒，可見 12 年的時間並不足以記錄腐朽菌可能造成的森林動態(宋國彰，1996；Song et al，2010)。因此，本論文將不探討時間上的動態，而專注於分析生態上的分布。

2.3.7 小結

雖然淡黃木層孔菌造成心材的腐朽速度，以及從接種到形成子實體所需時間，目前皆無法得知，但可從以上對心材腐朽菌的研究結論中，推論其為生長與擴張速度緩慢、耐受性高、與樹木或倒木長久並存的真菌物種。

本節所列舉文獻，以及本研究之野外調查，絕大部分是建立在真菌子實體野外調查的基礎上，因此對真菌實際的分布範圍皆有相當程度的**低估**，因為即使沒有子實體，孢子或菌絲仍可能在寄主內部存活或休眠，此為本研究的一大限制。然而，子實體的出現，代表該真菌在當地的群落已有一定規模與歷史，並且能夠

行有性生殖，有完整的生命史，符合 2.1 提及的基本假設：調查中所發現之本物種分布情形，皆已與其生態環境達成一定平衡，是物種特性、適應力與該地資源、環境條件互相符合的結果。



2.4 研究尺度

地理上的研究尺度會決定各項因子的影響力，因為在不同尺度會觀察到不同的分布特性與現象，目標物種的移動範圍也。尺度越大、解析度越粗，例如跨洲的物種分布研究，則巨觀氣候條件、地理隔離等因子就越重要。而若採小至幾百公頃的保護區、大至數個縣市的區域尺度，則區域性的植群、土地利用、地形與氣候等因子的影響力就往往較為突顯。適當的資料解析度才能鑑別出影響物種分布的因子(Guisan, 2005)。本研究採區域尺度，所有資料如植群與氣候的解析度皆與此相符。

2.5 調查方法論：生物分布取樣方法

對特定物種生態分布資料之取得方法，大致可分為兩種。一為大規模的調查：設計統一的隨機取樣方法，根據物種特性設計調查變數(variables)，可明確記錄該物種之「發現」(presence / occurrences)與「未發現」(absence)，以及現地生物與環境因子，資料完整，但往往曠日廢時。許多生物已有這種普查方法的歷年資料庫，例如各國繁殖鳥類大調查(BBS)或全國性的植群普查，可用於研究；但對於單一物種的調查則不多，研究者往往需自行取得，成本較高之外，也較難涵蓋廣大範圍。第二種方法較為常見：集結以往「發現」地點之記錄，包括學者或業餘人士的調查報告、或標本館藏，再從環境資料庫中取得這些地點的環境數據；例如 A. K.



Wollan 等(2008)就用標本館藏預測了九種大型真菌的分布範圍。此類方法相對容易取得廣大範圍的資料，唯無統一取樣方法，多為歷年來之逢機發現，或靠專業知識進行的刻意搜尋，且多缺乏「未發現」記錄以及現地資料。以下就取樣方式與變數選擇兩方面，討論這兩種方式的不同。

在取樣方面，取樣的目的是為了推論母群體的樣貌，由於第二種方法不符合隨機取樣原則，亦即並非建立在「樣本可代表母群體」以及「在取樣期間，發現機率會隨該物種真實分布的機率而改變」之假設上，因此必須另行建立假設。取樣的方式也影響結果。T. C. Edwards (2006)發現，隨機取樣與跟據專家知識的刻意搜索，兩種方式會導致模型不同，生態詮釋也不同，需採用不同的基礎假設與分析工具；後者較易產生偏差。

僅記錄「發現」的資料(presence-only data)，也需另建假設來處理「未發現」的部分，不然會因選樣偏差(sample selection bias)或未發現偏差(non-detection bias)而影響結果的準確性；一些研究建議設計合適的資料分析方法、或盡可能取得當初取樣過程資訊，以減少偏差(Yackulic, 2013; Hefley, Tyre, Baasch, & Blankenship, 2013)，例如 L. Mair 等(2016)就在一種木層孔菌(*Phellinus ferrugineofuscus*)分布模擬中，使用僅記錄「發現」的調查資料，但以訪問調查者的方式來輔助推論整體分布機率。相對的，若調查方式符合隨機取樣，且「發現」與「未發現」並重(presence-absence data)，則需要的偏差校正較少，發生機率的各項條件也較易定義，結果通常(但不一定)較為準確(Franklin, 2009)。

不同調查方法也導致變數的選擇不同。第二種方法依賴既有資料庫，例如 WorldClim.org 網站提供氣候數據(bioclimatic data)，衛星與地圖系統提供地形、坡

向資料，而有些地區可取得生物數據，例如林齡、立木材積、棲地破碎度等。變數選擇基於對目標物種的了解與假設，但在此也受限於資料庫的可得性。



變數選擇的不同，會影響分析結論。例如 L. Mair 等(2016)發現，*Phellinus ferrugineofuscus* 的分布與特定樹種的材積以及與老熟林的距離最為相關，氣候因子次之。Copot 等(2017)則使用歷年發現記錄研究靈芝(*Ganoderma lucidum*)，發現林型(forest type)的影響超過氣候。H. S. Yuan 等(2015)也使用歷年發現記錄對中國大陸三種木層孔菌(*P. baumii*, *P. igniarius*, *P. vaninii*)的分布進行模擬，僅使用氣候資料，最後依據影響力最大的幾項氣候因子推估潛在分布範圍。N. B. Klopfenstein 等(2016)以類似方法模擬重要樹木病原菌 -- 有害木層孔菌(*Phellinus noxius*，褐根病菌)的分布。這四份研究的對象皆為腐朽菌(除了 *P. noxius* 的病原性較高)，但僅第一份有相應的國家普查成果可供驗證，結果呈現高度準確；其餘 3 份則僅以自己的資料交叉驗證，預測與實際狀況的差距無法得知。這些研究顯示僅用氣候資料為此領域的研究主流之一，但其準確度亟需驗證。



第三章 研究方法

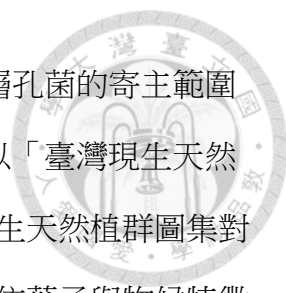
跟據目前對目標物種 -- 淡黃木層孔菌的生物學了解，結合於北臺灣、中臺灣數次先行勘查的經驗，設計介於 2.4 中所述兩種調查法之間的折衷方法：首先選擇可能具有重要性的變數，再以快速、大範圍的分層隨機取樣(stratified random sampling)，採沿多條穿越線進行的多樣點法，現地記錄與淡黃木層孔菌的出現與否，並測量各項變數數值。接著，使用調查資料中「生物與環境自變數」與僅用「環境自變數」兩個組合，分別建立分布模型並驗證之。最後，除了篩選影響淡黃木層孔菌分布的關鍵變數外，也探討在分析心材腐朽菌物種分布時，生物變數是否必要、若僅使用環境變數，結果是否相同。

3.1 快速調查方法

3.1.1 調查範圍

本研究的調查範圍限於蘇鴻傑所劃分之全台地理氣候區中之北臺灣內陸區(代號 NWI)、中臺灣內陸區(代號 CWI)(蘇鴻傑，1985。附錄一)。以北橫公路、中橫公路沿線為主，其他地區為輔，選定若干登山步道、地域性林業、管線維護步道或獵徑，沿步道或於步道周邊穿越之各植群系帶設立樣點調查。選址以易達、安全、人為干擾儘可能小為原則。

3.1.2 調查分層單位



淡黃木層孔菌之生存與樹木密不可分，本研究假設淡黃木層孔菌的寄主範圍不大，森林類型為影響其分布的重要因子之一，因此調查單位以「臺灣現生天然植群圖集」之植群群系(邱祈榮，2009)為基本劃分依據。臺灣現生天然植群圖集對全臺灣各地森林的分類，首先依據植相區分出群系綱(class)，再依葉子與物候特徵區分群系亞綱(subclass)，最後依優勢植物物種與特定環境地貌形成之森林形相，來定義植群群系(formation)，此分類反映了植物物種組成，也間接反映出該地區之氣候條件。其它可能影響淡黃木層孔菌分布的變數還有：寄主樹種、樹木大小與優勢度、森林密度、年均溫、年雨量、氣溫季節性及雨量季節性(是否具乾雨季差異)。其中，每個樣點的氣候資料皆由網路資料庫取得，生物變數則需現地測量。

本調查根據以下三個維度區劃分出分層取樣之單位小區：

(1) 「臺灣現生天然植群圖集」之植群群系。但刪除與木本植物無關、過於稀少、或人為干擾嚴重之群系(附錄二)。共選擇了 16 個群系。

(2) 當同一植群群系跨越不同海拔時，包括亞高山、上部山地、山地、下部山地、低地，則於不同海拔分別取樣。海拔之區分大致為：低地 $400 < m$ ，下部山地 $400 \sim 1500m$ ，山地 $1500 \sim 2500m$ ，上部山地、亞高山均 $> 2500m$ ，但個別群系之區分略有不同，在臺灣北部、中部也不同。

(3) 根據蘇鴻傑(1985)所劃分之全台地理氣候區，個別植群群系之分布若跨北臺灣內陸區(NWI)、中臺灣內陸區(CWI)的群系，則分開取樣。但由於北部海拔 $2500m$ 以上的山地較少，故上部山地與亞高山群系大多僅於中部取樣。



3.1.3 變數選擇

本調查一共記錄 7 個生物變數與 6 個環境變數。

(1) 生物變數：本調查記錄之生物變數如表 1。除植群系外，皆於現地測得。

表 1
生物變數

變數(variable)	資料類型	備註
植群系(vegetation type)	類別(categorical)	共 16 種
有無淡黃木層孔菌(<i>P. gilvus</i> presence)	二元(binary)	0 (無) / 1 (有)
樹種(tree species)	類別(categorical)	共 131 種
樹木胸徑(DBH)	連續(continuous)	單位：公分
樣點樹均胸徑(mean DBH) ²	連續(continuous)	單位：公分
該地森林密度(tree density) ³	連續(continuous)	單位：棵/公頃
該地冠層高度(canopy height)	連續(continuous)	單位：公尺

(2) 環境變數：本調查記錄之環境變數中(表 2)，海拔由 GPS 現地測得，雨量及氣溫資料則從 WorldClim 網站⁴下載 1 平方公里解析度之全球氣候資料後，將所有樣點 GPS 點位位置的各月氣候資料抽出計算而得(Fick & Hijmans, 2017)。

² 為每個樣點五棵樣樹的胸徑平均值。

³ 森林密度計算公式： $40000/(A^2+B^2+C^2+D^2)$ 。A~D 為四象限中，距樣點最近的四棵樹與樣點之距離。

⁴ WorldClim 網站：www.worldclim.org，雨量與氣溫資料乃根據 1970-2000 年記錄所計算。雖然 WorldClim 的資料有所誤差，特別是在如臺灣這種小範圍內地形變化較大處，但仍為準確度可接受之氣候資料。



表 2
環境變數

變數(variable)	資料類型	備註
區域(region)	類別(categorical)	北部 / 中部
海拔(altitude)	連續(continuous)	單位：公尺
年雨量(annual precipitation)	連續(continuous)	單位：公厘
雨量季節性(precipitation IQR)	連續(continuous)	年雨量四分位距(IQR)
年均溫(mean temperature)	連續(continuous)	單位：°C
氣溫季節性(temperature IQR)	連續(continuous)	年均溫四分位距(IQR)

(3) 描述性的輔助資料：寄主樹木健康狀況、傾倒方式、腐朽程度，若發現淡黃木層孔菌則記錄其在樹上之生長位置、數量，棲地狀況及人為干擾程度等。

3.1.4 取樣方式


根據 3.1.2 的分層單位，在每個單位小區選擇穿越線，沿線取多個樣點調查。本方法力求快速與效率，並兼顧調查者安全，因此多選擇位於主要道路或產道附近的登山步道、管線修繕道或林業道路，較易行且人為干擾小。步驟如下：

(1) 調查準備：準備 GPS 植群群系、道路、等高線圖與登山步道等圖層，以 QGIS version 3.0.0-Girona 疊圖顯示道路途經之植群群系，以篩選合適的穿越線。空間資料來源：底圖圖資取自 NGIS 國土資訊圖台網站、臺灣現生天然植群圖集 GIS 圖層⁵。等高線地圖與登山步道航跡檔取自地圖產生器資料庫⁶。

(2) 野外調查程序：

⁵ NGIS 國土資訊圖台網站，取自 <http://tmap.geospatial.org.tw/index.html>。

⁶ 地圖產生器，取自 <https://map.happyman.idv.tw/~mountain/twmap3/>。

- 
- a. 進入各植群群系範圍後即可開始設樣點。每個樣點相距 25-50 米(水平距離)。若經不適合調查的區塊，例如為新近崩塌裸露地，地形危險，或植被與該植群群系明顯不同，則續行至植群群系相符、安全且適合調查的點為止。
 - b. 每個單位小區共擇 10 個樣點⁷。於每個樣點處，採以雷射測距儀測量森林密度、冠層高度、GPS 點位與海拔高度。森林密度之測量採用中心點四分法(point-centered quarter method)，或稱四象限法(Cottam, 1953, 1956)。
 - c. 於每個樣點處，檢查距離樣點 15 米以內胸徑最大的 5 棵樣樹，記錄樹木資料，以及是否出現淡黃木層孔菌。樣樹之胸徑需 10 公分以上，可為活樹或死樹，死樹不限倒木、立枯、樹頭或斷落之樹幹木段，亦不限腐朽程度，只需符合胸徑 10 公分以上之條件即可。若大樹位置危險難達，則找其他樹取代之。若無法湊足 5 棵樣樹，則另行註記。

(3) 所有長有淡黃木層孔菌的樣樹皆須鑑定樹種，必要時採回標本、鑑定保存。所有淡黃木層孔菌皆須採樣，並以巨觀與微觀方法鑑定之。鑑定標準詳見 2.3.2.。保存玻片標本以供查驗。微觀鑑定範例詳見附錄六。

3.1.5 調查結果

取樣總數如表 3。總共調查了 364 個樣點，1952 棵樣樹，58 筆淡黃木層孔菌出現記錄。其中有效樣本為 345 個樣點，1775 棵樣樹，27 筆淡黃木層孔菌，出現

⁷ 分層取樣的比例問題，為本調查所面臨的限制之一。本調查以植群群系為分層取樣之畫分單位，但各植群群系所佔面積並不相同。未來若欲進行類似的調查，宜盡量取得植群群系所佔面積之可靠資料，依比例取樣，以準確對應各植群群系的代表性，消除這對資料分析可能造成的影響。

於 7 個植群群系中，佔全體的 1.5%。其他 19 個樣點、177 棵樣樹、31 筆淡黃木層孔菌出現記錄，則是在同樣地點、以同樣方式進行的調查，但非取樣時記錄而得，或因有些單位小區取樣超過 10 個點而刪去。這些多餘的點不計入統計分析中，但重要的發現將另行補述。此外，中部的 FB31(上部山地－山地－下部山地崩塌地次生落葉闊葉林)之「山地」部分，因找不到合適地點而僅做 5 個點。調查地點與時間詳見附錄三。調查前後既有與新增的淡黃木層孔菌分布點，標示於圖 1。

表 3
取樣總數

	總數	北部	中部
樣點數目	355	150	205
有菌樣點	21 (5.9%)	4 (2.7%)	17 (8.3%)
樣樹數目	1775	750	1025
有菌樣樹	27 (1.5%)	5 (0.7%)	22 (2.1%)

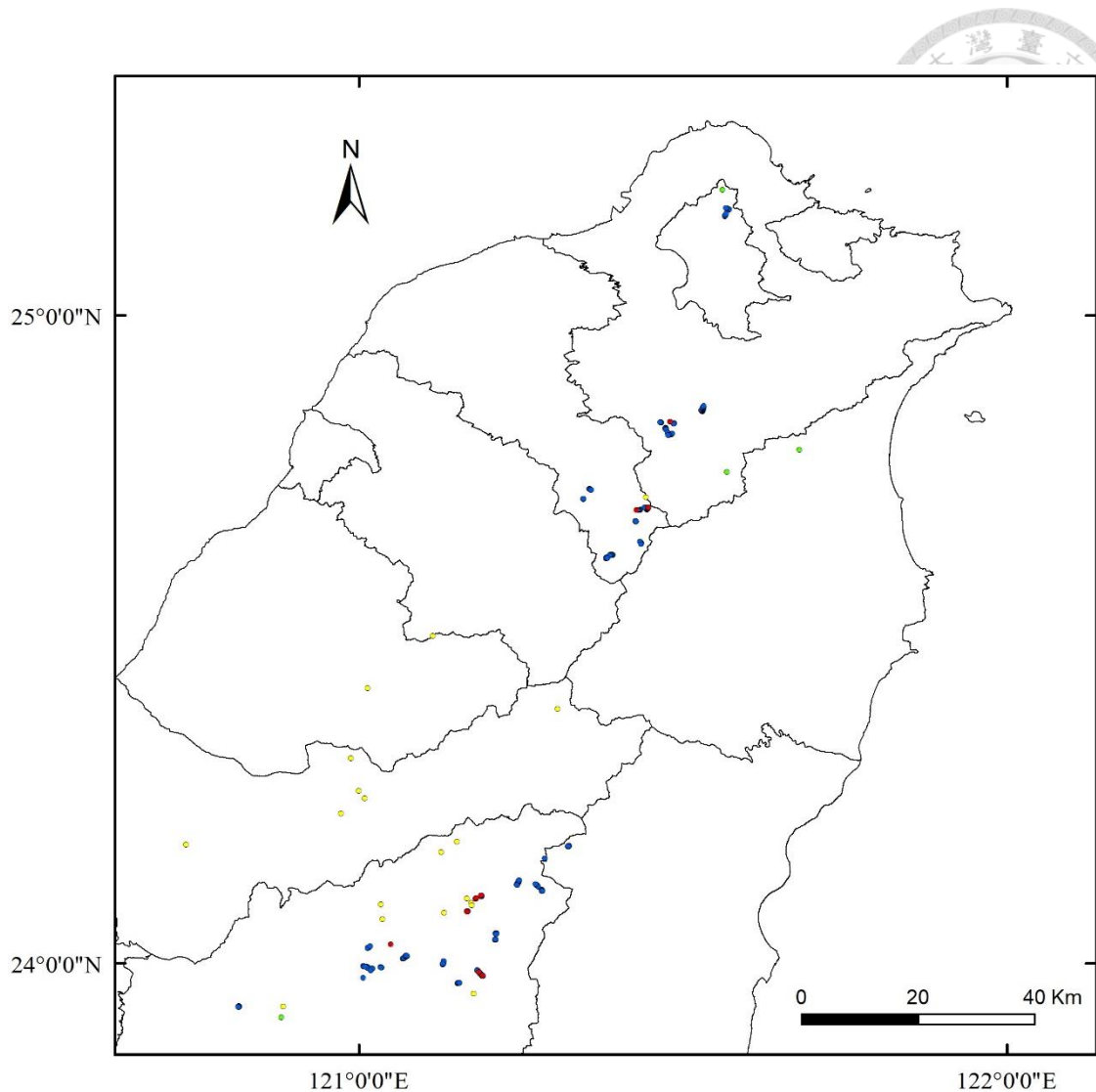



圖 1 淡黃木層孔菌在臺灣已知「發現」與「未發現」地點總覽。圖示：紅圈為本次調查中發現淡黃木層孔菌的樣點；藍圈為本次調查未發現菌的樣點。黃圈為前人文獻或調查中曾記錄過淡黃木層孔菌的地點；綠圈為前人地方菌相調查中未記錄過發現此菌的地點。前人記錄的參考價值有限，且大部分為模糊定位，因此僅以圖示，未放入分析中。本次調查點位則皆為精確定位。本圖以 ARCGIS version 10.6 繪製。

3.2 資料分析方法



調查所得之資料，除了就各項變數以描述統計進行初步分析外(4.1)，亦將採用決策樹(decision tree)中之分類樹法(classification tree)進行多變數整合分析(4.2)。依此方法篩選出來的最重要變數建立之分類樹模型之效用，將以集成(ensembles of classifiers)的方式來驗證(4.3)。

為了評估加入「生物自變數」與僅用「環境自變數」建立之模型的差異，多變數之整合分析均分為「生物與環境自變數」與「環境自變數」兩組分別進行。

本次調查所獲得資料之整理、標準化、視覺化、統計分析(獨立雙樣本 T 檢定、獨立雙樣本 Wilcoxon 等級和檢定、皮爾森積矩相關係數)、隨機森林與分類樹，皆由 R 3.5.1 執行(R Core Team, 2018)。集成驗證的 R 語言 code 詳見附錄五。

3.2.1 分類樹法

分類樹為機器學習(machine learning)的一個分枝，適合依變數為類別性資料(categorical data)時使用。在分類樹中的每個節點，母資料會根據所選擇的演算法，依其中一個自變數的某個數值或某些類別分類。如此重複若干次的分類後，資料會形成樹狀的多層結構，而當每類資料不再符合分割的演算條件時，就不再分割，而形成最終子集合，或稱「終結點」或「葉節點」(end nodes / leaves)。這些最終子集合內，依變數各類別中比例最大者，即為該子集合預測的依變數類別，此比例也可視為該終結點預測正確的機率。

分類樹法的準確度雖常不如傳統方法如線性或非線性迴歸分析，但若邊界條件與演算法設定得宜，對於物種發現與否能有良好的鑑別力(Johnson, Chawla, &

Hellmann, 2012; James et al, 2013)。本研究採用分類樹法，另一考量為其長處符合研究目標：呈現各項自變數的影響力大小，且結果容易詮釋。而最主要的缺點：當缺乏與依變數高度相關之自變數、或多個自變數高度互相影響時，分類樹的結構較為不穩，甚至即使小範圍的樣本改變就會改變整個模型，也連帶影響預測力 (James et al, 2013)。此缺點可用集成的方式克服。

分類樹的樣貌，除了取決於輸入的自變數之外，也受所選擇做為分裂標準的演算法影響。在本研究所使用之 R 語言 rpart package 中 (Therneau & Atkinson, 2018)，內建兩種最常見的演算法供選擇：吉尼係數 (Gini index) 與資訊獲利 (information gain)，用以選擇「能使分割後資料中的不純度 (impurity) 降低值最大」的自變數數值或類別做為分割點。前者計算的依據為吉尼係數。

吉尼係數公式 (James et al, 2013) :

$$G = \sum_{k=1}^K \hat{p}_{mk}(1 - \hat{p}_{mk})$$

其中 \hat{p}_{mk} 指第 m 個資料子集中，共 k 個類別的依變數中各類別所佔的比例。 $0 \leq \hat{p}_{mk} \leq 1$ ，因此 $0 \leq -\hat{p}_{mk} \log \hat{p}_{mk}$ 。吉尼係數越小，代表資料純度越高，亦即代表較佳的分割選項。

資訊獲利 (information gain) 則用「熵 (entropy)」來度量資料的歧異度，

熵值公式 (James et al, 2013) :

$$D = - \sum_{k=1}^K \hat{p}_{mk} \log \hat{p}_{mk}$$

由公式可看出，吉尼係數傾向放大所佔比例大的依變數類別、忽略所佔比例



小的類別。相較之下，依變數類別所佔比例無論大小，資訊獲利演算法皆會給予一定權重，因此，小比例類別的訊號較不會被忽略，而消失在著重大比例類別純度的分類樹中。


在 4.2 的分類樹分析中，依變數為二元類別：「淡黃木層孔菌是否發現」，其中「發現」的比例相當小(5.9%)。因此，為了兼顧「發現」與「未發現」的資料分析，選擇資訊獲利演算法。

設定 D 值可控制分割標準與分類樹的大小，避免過度配適(overfitting)，然而本研究採取集成方式來平均單棵分類樹潛在因過度配適而拉高的錯誤率(4.3)，故略過此步驟。

3.2.2 以隨機森林分析自變數重要值

使用分類樹分析資料時，選擇輸入哪些自變數，不僅影響分割節點，也影響最終的預測效果與詮釋複雜度。選擇自變數這個步驟的目標，在於使用儘量少的自變數來達到足夠良好的預測效果(Genuer, 2010)。因此在進行分類數分析之前，先以隨機森林(random forest)計算各自變數的重要值，刪除重要性低的自變數。

隨機森林之演算法同分類樹，但程序相反：先隨機從 m 個自變數中抽出其中一個做為分割點，再計算該分割點的重要值，最後從 n 棵樹的眾多節點中統計各自變數的總重要值。此方法的特點為「隨機選擇分割點」，因此不致偏重選擇重要值突顯的自變數，而忽略、不評估其他自變數。每個自變數的重要值分為兩種：根據吉尼係數算出的平均不純度降低值(mean decrease of Gini)，與經過隨機置換



(permutation)的同一自變數放回同一節點後，整棵樹預測準確率的降低值，該值越高(準確率降低越多)表示該自變數越重要(mean decrease in accuracy)。前者僅顯示一自變數在每個分割點的重要值，後者則評估每個自變數對全樹的影響。在 4.2.1 中將根據平均準確率降低值來篩選自變數。

3.2.3 分類樹模型之評價

各組分類樹模型之評價(evaluation)方法，採用**重複隨機子取樣驗證(repeated random sub-sampling validation)**，隨機將所有資料分為 70%的訓練資料與 30%的測試資料。然而為了避免「發現」樣點不足而無法建立有效模型，設定訓練資料中需至少有 5 個「發現」的樣點(在 4.3.1 的中臺灣資料集裡，依比例改為至少有 4 個)，測試資料中則至少 1 個，並且刪除根資料集分類失敗、無法成樹的抽樣。將每份訓練資料，用「生物與環境」及「環境」兩組自變數分別建立 1,000 棵分類樹後，再以對應之測試資料驗證之。

每棵樹模型之預測準確率，乃根據訓練與測試資料的混淆矩陣(confusion matrix，表 4)分別計算的**特異度、靈敏度與馬修相關係數**三項指標來評估。最後觀察 1,000 個模型中這三項指標之分布情況與平均數，以比較「生物與環境自變數」及「環境自變數」兩組模型的差異。此種集成方式能克服單棵樹模型結構不穩定、或因過度配適(overfitting)造成準確率下降的問題。

混淆矩陣與準確率之計算使用 R 語言的 caret package (Kuhn, 2018)，為比對原資料與預測結果之樣點總數計算而成。三項指標的公式如下：



表 4
混淆矩陣(confusion matrix)

	預測「未發現」	預測「發現」
實際「未發現」	真陰性(TN)	偽陽性(FP)
實際「發現」	偽陰性(FN)	真陽性(TP)

「未發現」之預測準確率：

$$\text{特異度(specificity, SPE)} = \text{TN} / (\text{TN} + \text{FP})$$

「發現」之預測準確率：

$$\text{靈敏度(sensitivity, SEN)} = \text{TP} / (\text{TP} + \text{FN})$$

馬修相關係數(Matthew's Correlation Coefficient, MCC)：

$$\text{MCC} = \frac{\text{TP} \cdot \text{TN} - \text{FP} \cdot \text{FN}}{\sqrt{(\text{TP} + \text{FP})(\text{TP} + \text{FN})(\text{TN} + \text{FP})(\text{TN} + \text{FN})}}$$

若分母為 0，則自動將分母改為 1(以避免產生闕漏值 NA)，此時 MCC 值為 0。

(Tichy & Chytry, 2006)

本研究之資料「未發現」與「發現」的比例懸殊，導致準確度(accuracy, ACC = (TP + TN) / (TP + FP + TN + FN))會被大量「未發現」的正確預測數目大幅拉高，參考價值有限，因而改以馬修相關係數做為評估標準。馬修相關係數同時考慮「未發現」與「發現」的數目，其值介於-1 到 1 之間，1 表示預測結果完全準確，-1 表示預測結果與實際狀況相反，越接近 0 則表示預測結果為隨機；接近 1 與-1 都代表模型有一定效用，而接近 0 則代表模型的效用不大。



第四章 資料分析結果

在快速調查所取得的資料中，淡黃木層孔菌的樣點佔全體的 5.9%；若以單棵樣樹為單位來看，則僅佔 1.5%；此為兼顧「發現」與「未發現」之高度不平衡物種分布數據(imbalanced data)。這顯示，淡黃木層孔菌的分布並不如原先以為的廣泛。由於以單棵樣樹為單位的資料，「發現」所佔比例太小，故後續分析將以「樣點」為單位(表 3 中粗體字)。而僅能以單棵樣樹為單位分析的資料，包括樣樹胸徑、樣數樹種，與發現淡黃木層孔菌處之描述性資料，則在 4.1 中分析。

4.1 各項變數之初步分析

4.1.1 生物變數

(1) 植群群系

在七個發現淡黃木層孔菌的植群群系中，僅 FB41(山地常綠闊葉林)在北部、中部皆出現，其餘群系北部、中部皆不同。北部有 FB52(下部山地—低地次生常綠闊葉林)及 FM41(山地針闊葉混淆林)，這兩個群系在中部也有調查採樣，但未發現淡黃木層孔菌。中部則尚有 FB42(山地常綠闊葉矮林)、FC41(山地針葉林)與 FM32(上部山地—山地—下部山地針闊葉次生混淆林)，後兩者在北部亦採樣但未發現(圖 2)。

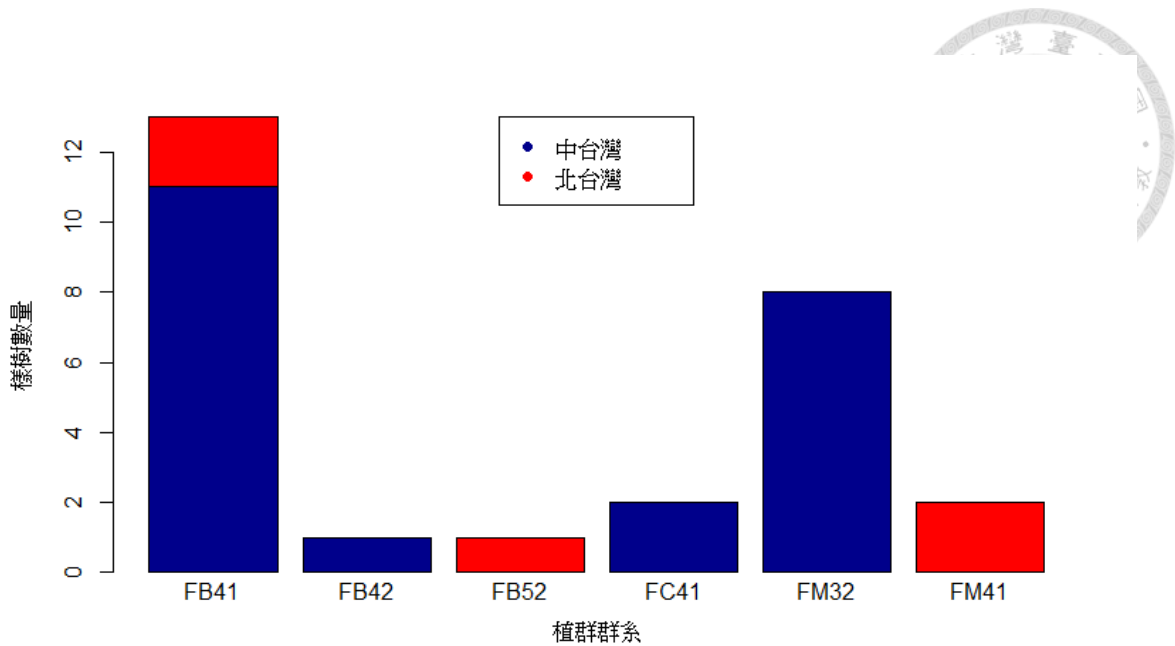


圖 2 淡黃木層孔菌在各植群群系中發現頻度。紅色為北部樣點，藍色為中部樣點，未發現淡黃木層孔菌之植群群系不予列入。代號意義：FB41：山地常綠闊葉林、FB42：山地常綠闊葉矮林、FB52：下部山地次生常綠闊葉林、FC41：山地針葉林、FM32：山地針闊葉次生混濬林、FM41 山地針闊葉混濬林。

由於發現淡黃木層孔菌的樣點多位於北部或中部獨有的植群群系，因此，植群群系無法用於跨區分析，須以其它高度相關的變數代替之。代替變數的挑選，使用隨機森林計算各變數在以植群群系為依變數時的重要值。其中由於淡黃木層孔菌皆於殼斗科樹木上發現(死樹若無法鑑定則不計入)，故設一個新變數：「各植群群系中殼斗科所佔比例」，加上其他以樣點為單位的自變數，年均溫與冠層高度則因可能影響分析結果而刪除。結果顯示「殼斗科比例」的重要值遠超其它變數，其次為各項氣候變數(表 5)。因此後續分析中將以殼斗科比例取代植群群系。



表 5

用隨機森林(random forest)計算各自變數相對於依變數(植群群系)的重要值

自變數 / 代號	平均準確率降低值(MeanDecreaseAccuracy)
殼斗科比例 / FAG.by.VT	0.58
樣點樹均胸徑 / MEAN.DBH	0.13
森林密度 / TD	0.02
氣溫季節性 / TEMP.IQR	0.20
雨量季節性 / PREC.IQR	0.20
年雨量 / ANN.PREC	0.29

註：「各植群群系中殼斗科所佔比例」(FAG.by.VT)之重要值遠超過其他自變數，故在後續分析中將以其取代植群群系。本表使用 R 語言的 randomForest package (Liaw & Wiener, 2002)計算而得。

(2) 樹種

本調查共記錄 127 個樹種、其中有 4 種僅鑑定到屬；無法鑑定者另外歸入「未知(unknown)」，共 401 棵，佔 22.6%，但長有淡黃木層孔菌的所有活樹皆鑑定到種。有 3 筆資料因現地樹木不足而未取樣。樹種名錄詳見附錄四。

淡黃木層孔菌的寄主偏好十分明顯：除了樹種不明的死樹以外，全都發現於殼斗科樹上。除了圖 3(B)中的長尾栲(*Castanopsis cuspidate* var. *carlesii*)、青剛櫟(*Quercus glauca*)、森氏櫟(*Quercus morii*)、槲子櫟(*Quercus sessilifolia*)以外，圖 3(A)加入額外取樣但未算入有效樣本的資料，多了杏葉石櫟(*Lithocarpus amygdalifolius*)與南投石櫟(*Lithocarpus nantoensis*)兩種寄主。

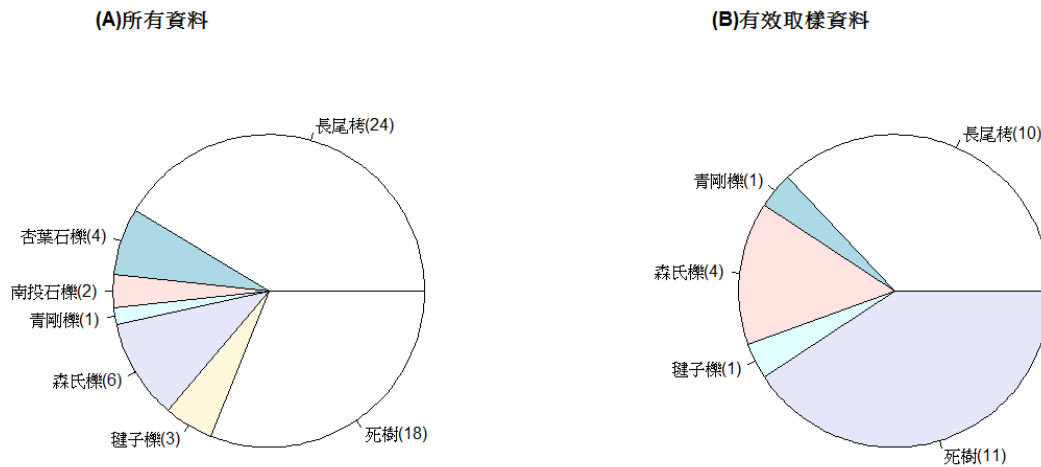


圖 3 淡黃木層孔菌寄主樹種圓餅圖。(A)為包含無效樣點的所有資料中之記錄，共發現 58 點。(B)為 1775 筆有效取樣資料中的 27 筆發現淡黃木層孔菌記錄。括號中數字為樣樹數量。

(3) 樹木胸徑

單棵樣樹的胸徑方面，資料差異極大，從 10 cm ~ 200 cm 不等。經 log 標準化之後大致成常態分布，北部、中部的資料分開觀察，亦皆如此。獨立雙樣本 T 檢定結果顯示，不論以單棵樣樹胸徑或樣點樹均胸徑來看，北部與中部的分布皆無顯著差異，「無淡黃木層孔菌的樹木 DBH 值分布」亦然；而長有淡黃木層孔菌的樣樹胸徑分布，經由獨立雙樣本 Wilcoxon 等級和檢定(Wilcoxon rank sum test)，也顯示北部(5 筆)與中部(22 筆)之間並無顯著差別($W = 66, p = 0.51$)。

淡黃木層孔菌對寄主樹木的胸徑有明顯偏好。圖 4 顯示長有淡黃木層孔菌的樹木胸徑平均較沒有淡黃木層孔菌的樹木大，而用此數據做獨立雙樣本 T 檢定的結果， p 值遠小於 0.001(表 6)，支持此項觀察。改以樣點樹均胸徑來分析的結果亦



同。胸徑越大的樹，死亡的心材也越多，推測這是最適合心材腐朽菌生長並行有性繁殖的環境。

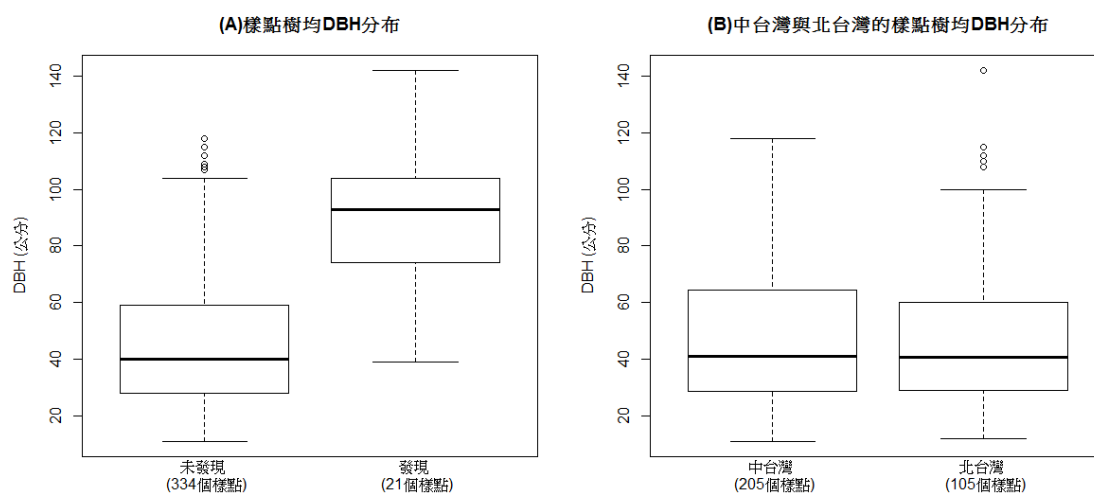


圖 4 樣點樹均胸徑分布盒鬚圖。(A)「發現」與「未發現」淡黃木層孔菌生長的樣點樹均胸徑分布。「未發現」的部分中，DBH > 100 的離群值大部分為針葉樹。(B) 中臺灣與北臺灣的樣點樹均胸徑分布。

(4) 冠層高度與森林密度

森林密度的跨距極大，每公頃 28 ~ 5644 棵樹，即使在同一片森林中，也可能因區域狀況不同，而在相鄰地區測出相差甚大的數字。無論樣點處有無淡黃木層孔菌，森林密度皆無顯著差異(表 6)。

森林冠層高度從 4.9 ~ 35 米不等(圖 5)。冠層高度在各種植群群系中差異很大，若僅比較相同的植群群系，則有淡黃木層孔菌的樣點冠層較高(表 6)，若北部、中部分開分析，結果亦同。

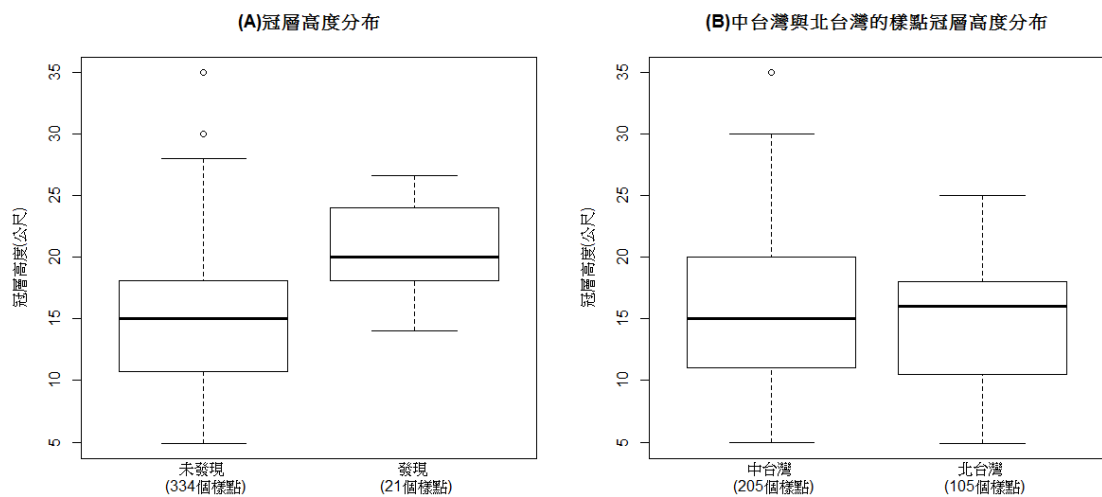


圖 5 樣點森林冠層高度分布盒鬚圖。

表 6


重要自變數之獨立雙樣本 T 檢定結果

檢定項目	df	t	p
單棵樣樹胸徑，北台灣/中臺灣比較	1674.33	-0.03	0.98
樣點樹均胸徑，北台灣/中臺灣比較	353.00	1.12	0.27
單棵樣樹胸徑，發現 > 未發現	28.92	14.61	< .001
樣點樹均胸徑，發現 > 未發現	26.09	8.52	< .001
樣點森林密度，發現 > 未發現	24.63	-0.65	0.52
樣點冠層高度，北台灣/中臺灣比較	325.30	1.71	0.09
樣點冠層高度，發現 > 未發現	32.98	8.54	< .001

註：本表中各項數值皆先經對數轉換處理(logarithmic transformation)。

(5) 發現淡黃木層孔菌處之描述性資料

綜觀發現淡黃木層孔菌的 27 棵樣樹，可歸納出幾項共通點。淡黃木層孔菌大部分長於離地高度兩米內的莖基部，特別常見於樹幹與地際連接處與隆起的根領部分；僅 1/10 樣本長於離地兩米以上的高處樹幹。大部分子實體長於板根或樹幹



皺摺的凹陷處；若樹幹傾斜，則傾向出現於向地面(朝下的一側)，推測是因此面較不受降雨影響，微氣候較穩定、利於孢子飄散的緣故。寄主樹木的外觀大部分有中空、開裂或明顯腐朽等缺陷，但仍有 1/3 樣本長於外觀健壯、無明顯缺陷的活樹上。最特別的一例樣本長在一棵主幹死亡、僅剩萌蘖的長尾栲基部，數量極多，連直徑不到 10 公分的活萌蘖枝也長上去；這代表淡黃木層孔菌在勢力旺盛、寄主樹木衰弱時，有攻擊樹木活細胞的能力。

4.1.2 環境變數

(1) 海拔

樣點的海拔分布，從 500 ~ 3100 米不等，跨越低、中、高海拔，中部樣點的平均海拔比北部高(圖 6(B))。其中淡黃木層孔菌出現海拔幾乎僅限於 2200 ~ 2300 米之間(圖 6(A))。然而，海拔高度僅為樣點「地點」的參考資料，對生物或生態的直接影響，主要透過其對氣溫、雨量、植群的影響而來，但同樣海拔在臺灣各地所代表的生物或環境意義皆不相同。因此，本研究將海拔當做描述性資料，排除在量化分析之外。

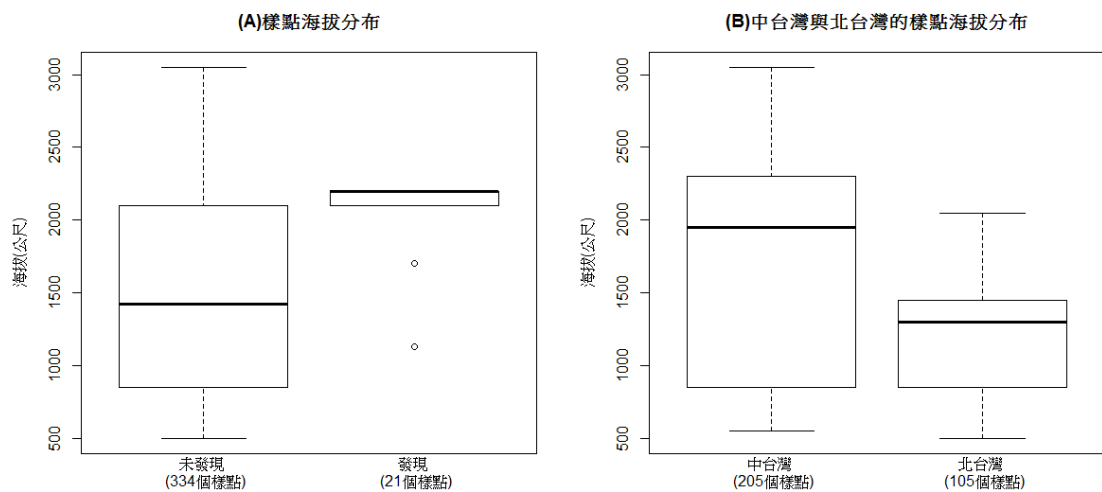


圖 6 所有樣點的海拔分布。(A)，「發現」與「未發現」淡黃木層孔菌之樣點的海拔分布盒鬚圖，「發現」的樣點海拔明顯集中於 2200 ~ 2300 米之間。(B)，北區與中區的海拔分布盒鬚圖。

(2) 氣候

氣候變數有四項：年均溫、年雨量、12 個月均溫與雨量的四分位差，後兩者代表氣溫與雨量的季節性。所有樣點的年均溫在 6 ~ 21 之間，年雨量在 2266 ~ 4326 公厘之間。其中淡黃木層孔菌發現地點的年均溫為 12 ~ 17°C，平均 12.5°C；年雨量 2600 ~ 3600 公厘，平均 3194 公厘；有菌的樣點各月溫差在 6.9 ~ 8.5°C 之間，平均 7.2°C；各月雨量變化則在 155.8 ~ 345.5 公厘間，平均為 286.1 公厘。

跟未發現淡黃木層孔菌的樣點比起來，有菌地點的年雨量較多，雨量季節變化較大；年均溫則較低，氣溫季節變化較小(圖 7)。此趨勢與中部樣點的氣候趨勢一致。由於各項氣候數值皆無法調整為常態分布，故不做獨立雙樣本 T 檢測。

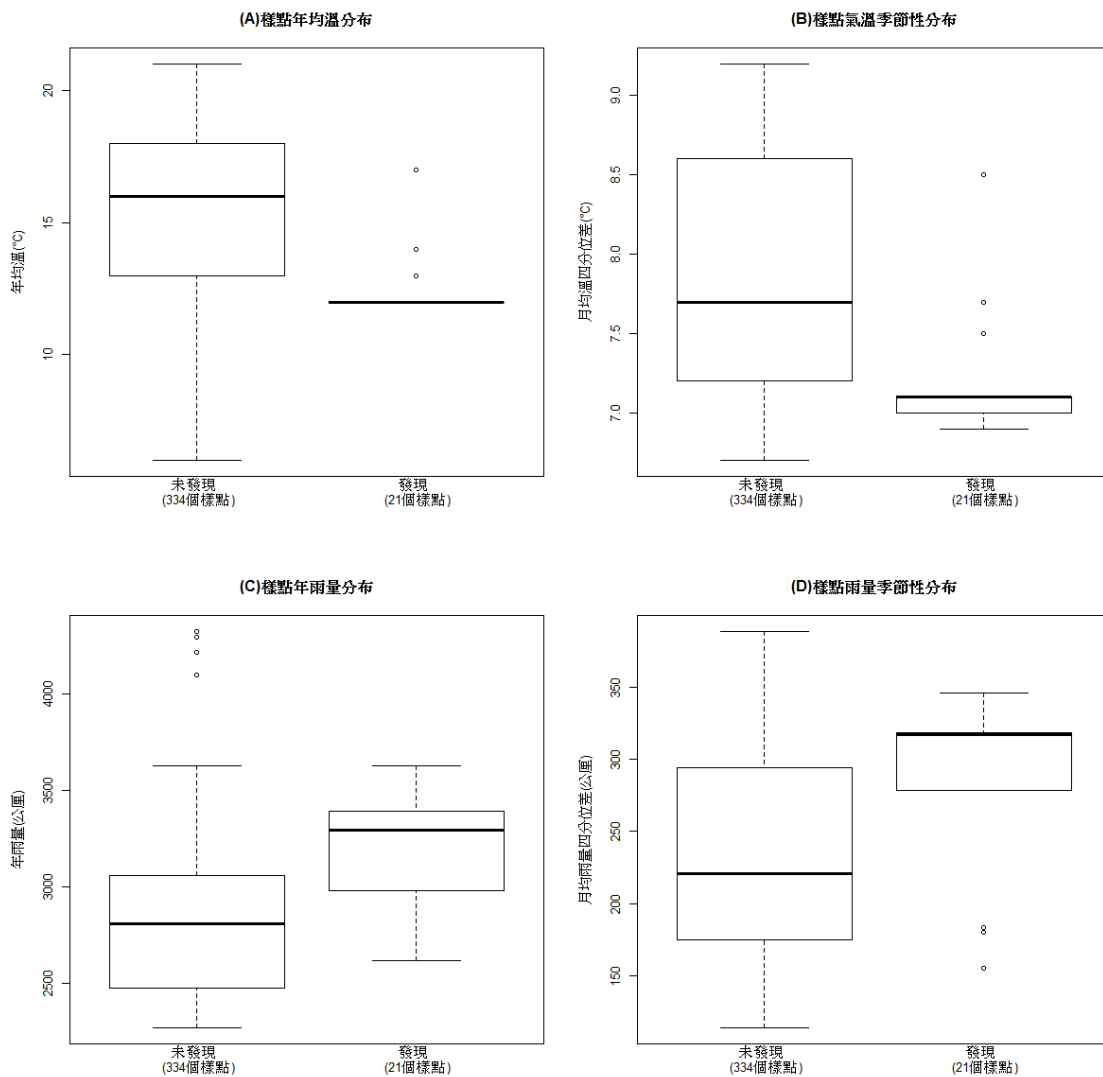


圖 7 有無淡黃木層孔菌樣點之氣候條件範圍盒鬚圖。(A)，有無淡黃木層孔菌樣點之年均溫。(B)，有無淡黃木層孔菌樣點之氣溫季節性。(C)，有無淡黃木層孔菌樣點之年雨量。(D)，有無淡黃木層孔菌樣點之降雨季節性。

4.1.3 變數間的相關性

使用 R 中的 PerformanceAnalytics package (Peterson & Carl, 2018) 分析各自變數之皮爾森積矩相關係數 (Pearson's product moment correlation coefficient) 發現，若以 70% 定義高相關性，呈現高相關的自變數有：樣點樹均胸徑與冠層高度，及高

度正或負相關的氣候自變數(年雨量、雨量季節性、年均溫、氣溫季節性)(圖 8、9)。

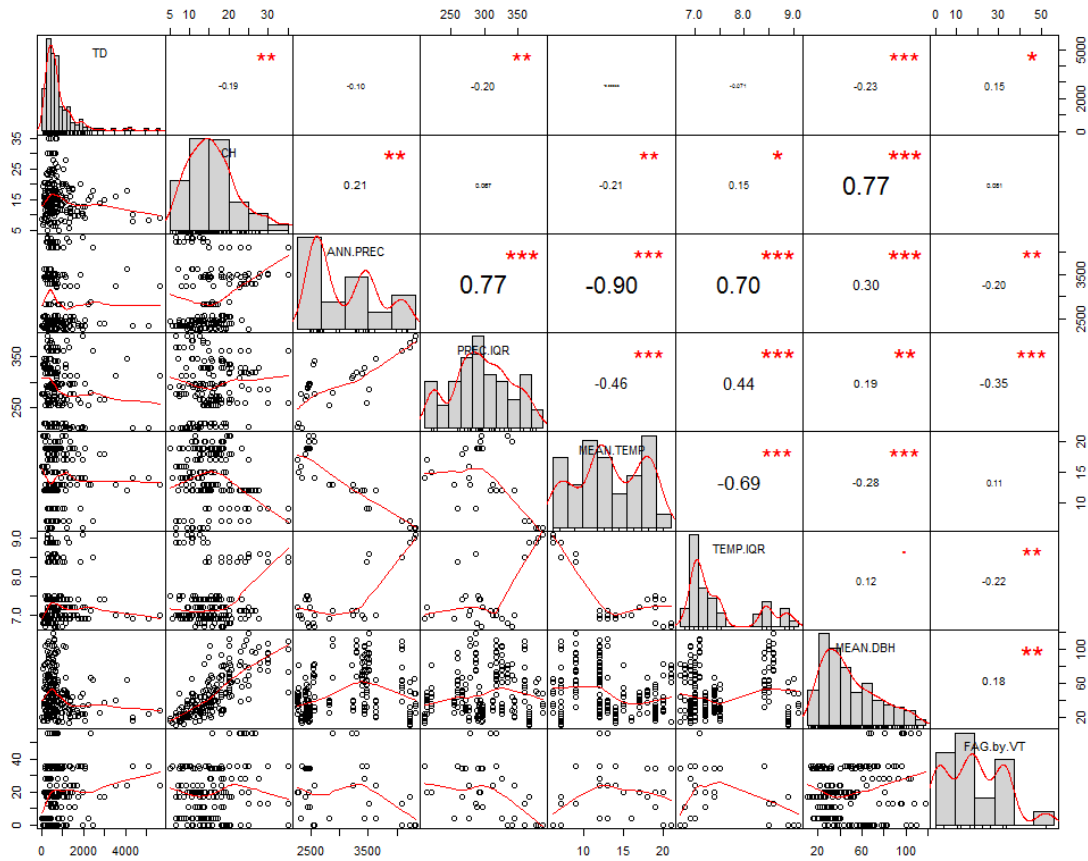


圖 8 使用 R 語言之 PerformanceAnalytics package 分析中臺灣樣點各自變數之皮爾森積矩相關係數(Pearson's product moment correlation coefficient)。代號意義(由左上至右下)：TD：森林密度。CH：冠層高度。ANN.PREC：年雨量。PREC.IQR：12 個月均雨量四分位差。MEAN.TEMP：年均溫。TEMP.IQR：12 個月均溫四分位差。MEAN.DBH：樣點樹均胸徑。FAG.by.VT：各植群群系中殼斗科所佔比例。

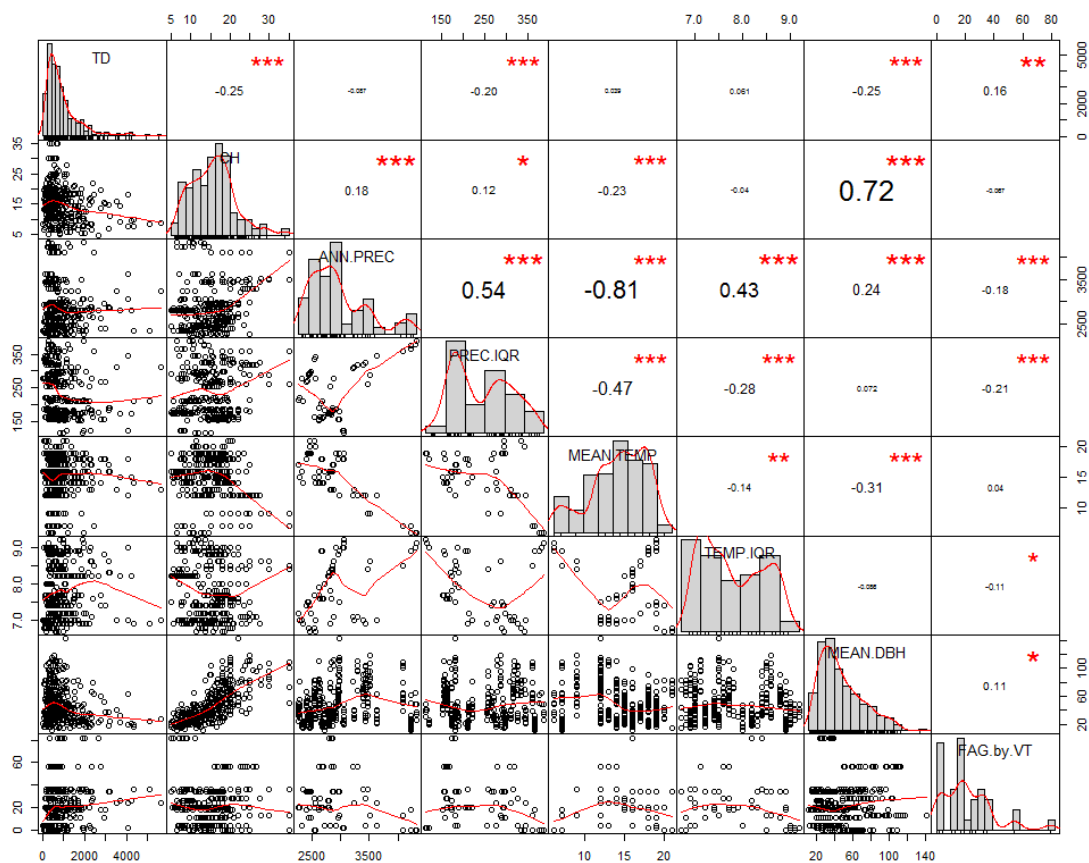


圖 9 使用 R 語言之 PerformanceAnalytics package 分析全部樣點各自變數之皮爾森積矩相關係數(Pearson's product moment correlation coefficient)。代號意義(由左上至右下)：TD：森林密度。CH：冠層高度。ANN.PREC：年雨量。PREC.IQR：12 個月均雨量四分位差。MEAN.TEMP：年均溫。TEMP.IQR：12 個月均溫四分位差。MEAN.DBH：樣點樹均胸徑。FAG.by.VT：各植群群系中殼斗科所佔比例。

各項變數的初步分析顯示，淡黃木層孔菌偏好大棵殼斗科，以及冠層較高、年均溫較低，氣溫季節變化較小的森林中，年雨量及雨量季節性在中臺灣有影響，但在北臺灣並不明顯。

4.2 單一分類樹模型分析



4.2.1 自變數篩選

進入分類樹分析前，先以隨機森林計算各自變數的重要值並刪去不重要者，以降低雜訊干擾。自變數之間若存在高度相關性(correlation)，會影響重要值評估結果，導致其一被低估。因此須先檢查各自變數之間的相關性(見圖 8、9)。呈現高相關的自變數有：樣點樹均胸徑與冠層高度，及高度正或負相關的氣候自變數。移除冠層高度與年雨量後，進行隨機森林分析。

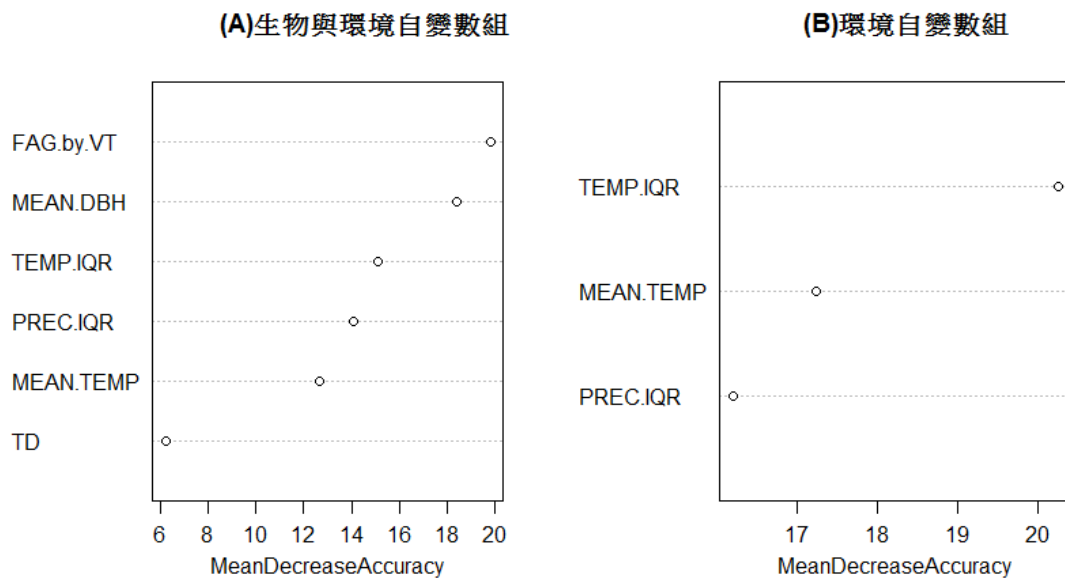


圖 10 以隨機森林分析各自變數的平均準確率降低值。(A)，生物與環境自變數合併分析時，各自變數相對於「是否發現淡黃木層孔菌」的平均準確率降低值。森林密度(TD)重要值極小，予以刪除。(B)，同前，但僅考慮環境自變數；各項重要值差距不大，皆予保留。代號意義：MeanDecreaseAccuracy：平均準確率降低值。FAG.by.VT：各植群群系中殼斗科所佔比例。MEAN.DBH：樣點樹均胸徑。TEMP.IQR：12 個月均溫四分位差。PREC.IQR：12 個月均雨量四分位差。MEAN.TEMP：年均溫。TD：森林密度。本表使用 R 語言的 randomForest package (Liaw & Wiener, 2002)計算而得。

結果如圖 10。(A)為生物與環境變數合併分析時，各自變數平均準確率降低值的高低。(B)相同但僅考慮環境變數。本研究自變數的篩選僅參考平均準確率降低值。平均準確率降低值最低者為森林密度，不到 1%，因此刪除。其餘各項的值差距不大；由於兩個以上解釋力相當的自變數會壓低且逼近彼此的準確率降低值，因為隨機置換其中之一並不會大幅影響結果。因此不刪除剩下的自變數。

經過篩選後，確定用於分類樹分析的自變數為：

「生物與環境自變數」組：樣點樹均胸徑、植群系之殼斗棵比例、年均溫、年雨量、月均溫與月均雨量之四分位差。

「環境自變數」組：年均溫、年雨量、月均溫與月均雨量之四分位差。

以下分類樹分析以「淡黃木層孔菌發現與否」做為依變數，依據資訊獲利演算法，分析此兩組自變數對結果模型的影響。

4.2.2 「生物與環境自變數」組

以圖 11 為例，分類樹由上而下分割，最上方為根資料(root)，每個節點皆為二分點，顯示分割根資料集所使用的自變數及其數值，符合的資料走左邊，反之走右邊。圖中第一分割點為 MEAN.DBH(樣點樹均胸徑(公分))，第二分割點為 FAG.by.VT(殼斗棵所佔比例(%))，第三分割點為 TEMP.IQR(12 個月均溫之四分位差(°C))。綠色框表示該資料子集合中「未發現淡黃木層孔菌(以 0 表示)」的樣點佔多數，藍色則表示「發現(以 1 表示)」的樣點佔多數。各框第二行呈現「未發現(左)」與「發現(右)」的比例。第三行則為該子集合佔所有資料的比例。

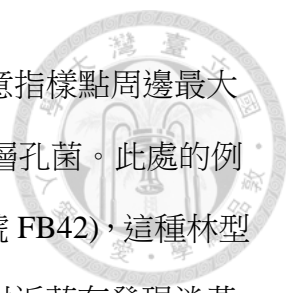


圖 11 中以樣點樹均胸徑 < 70 公分左右做為第一分割點，意指樣點周邊最大的樹均胸徑 < 70 公分的地方(圖中紅字 A)幾乎不會發現淡黃木層孔菌。此處的例外(紅字 B)為雜有大型殼斗科的山地常綠闊葉矮林(植群群系代號 FB42)，這種林型多位於山間小稜線，多為胸徑 30~40 公分左右的杜鵑純林，但附近若有發現淡黃木層孔菌之常綠闊葉林，則杜鵑林中也可能混雜有長菌的殼斗科大樹。

第二分割點為該地植群群系殼斗科所佔比例 $< 35\%$ 。符合者為紅字 C，多為高海拔之紅檜-鐵杉林、冷杉林，或低海拔的肖楠林，殼斗科比例低，樹木雖普遍大棵，但幾乎無法發現淡黃木層孔菌。此處的例外為紅字 D，多為紅檜、鐵杉為優勢樹，但仍有零星大型殼斗科的針闊葉混淆林。

前二個分割點皆與植群群系相關。最後分割點為 12 個月均溫之四分位差 $\geq 7.4^{\circ}\text{C}$ 。換言之，即使森林組成適合淡黃木層孔菌，但溫度季節變化太過劇烈，則也不容易發現它。紅字 E 與 F 多為海拔較高的針闊混淆林，或低地常綠闊葉林的上緣。此處可謂淡黃木層孔菌分布的最高與最低邊界，其間恰好大致為雲霧林的分布區。在所有樣點中，氣溫變化最劇烈者為高海拔、陽明山、以及低地，這可能解釋了為何淡黃木層孔菌偏好中海拔，且幾乎無法在林型適合的東北部如福山樣區、或中部低海拔闊葉林如蓮華池發現。

整體而言，若一地樹均胸徑 > 70 公分、森林中殼斗科樹木佔整體 35% 以上，且氣溫季節變化 $< 7.4^{\circ}\text{C}$ ，則發現淡黃木層孔菌的機會最大。反之，若樹木胸徑不大，或樹大但殼斗科不多、季節性溫差大，則要發現淡黃木層孔菌相當困難。

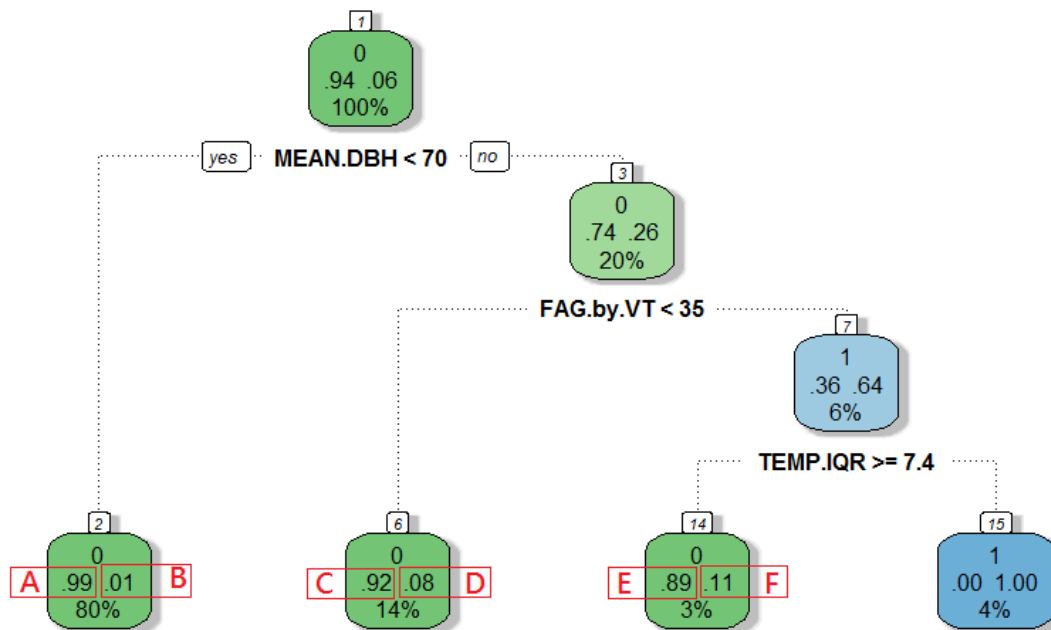


圖 11 以完整調查資料庫建立的分類樹，使用生物與環境自變數。共有 355 個樣點，其中「發現」的樣點有 21 個。本樹的預測「發現」的準確率(靈敏度)為 61.9%，預測「未發現」的準確率(特異度)為 100%，馬修相關係數為 80.9%。三項準確率指標算法請見 3.2.3。代號意義：MEAN.DBH：樣點樹均胸徑。FAG.by.VT：各植群系中殼斗科所佔比例。TEMP.IQR：12 個月均溫四分位差。本樹狀圖以 R 語言的 rattle package (Williams, 2011)繪製。

4.2.3 「環境自變數」組

本組使用四個氣候自變數。圖 12 分類樹的若干節點重覆使用了同一自變數進行分割。MEAN.TEMP(年均溫)低於 14°C，且 TEMP.IQR(月均溫四分位差)在 7~7.6°C 之間、ANNE.PREC(年雨量)在 3269~3510 公厘之間的地方，則有 69%的機率可發現淡黃木層孔菌，為此樹所有分組中機率最大者，然而大部份分組皆不如 4.2.2 中的分類樹純粹。此樹最大問題是分割過於精細，難以做生態解釋，且有過度配

適之疑慮，可能僅適用於本次調查資料。此種樹型是否為常態，將於 4.3.3 中分析。

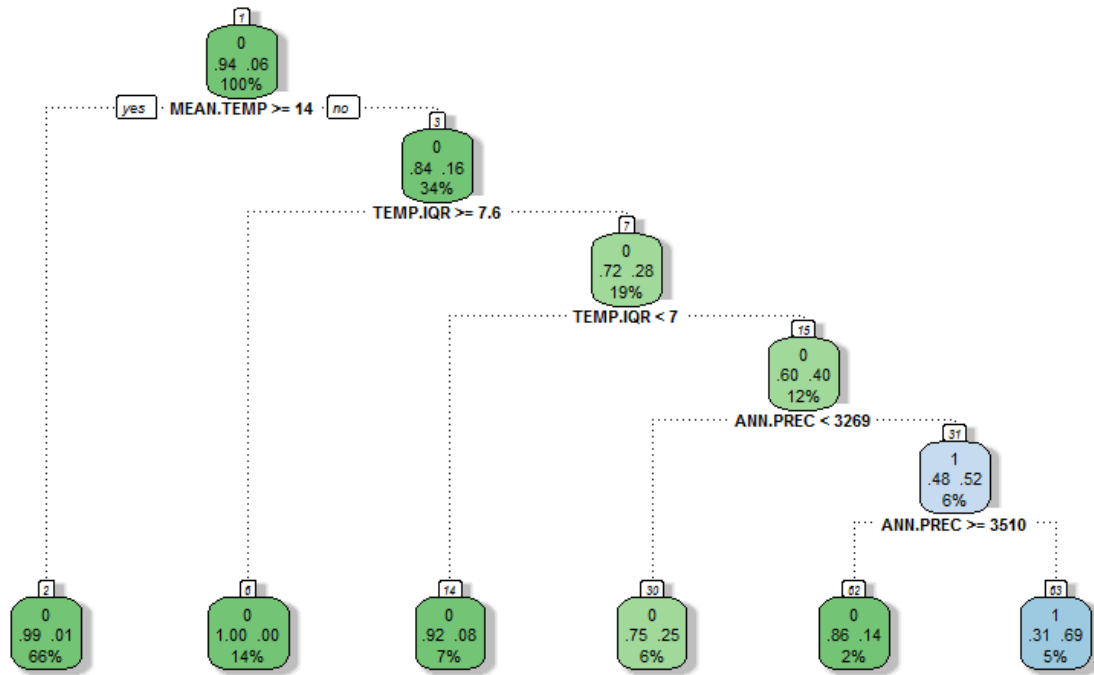


圖 12 以完整調查資料庫建立的分類樹，僅用環境自變數。共有 355 個樣點，其中「發現」的樣點有 21 個。靈敏度為 52.4%，特異度為 98.5%，馬修相關係數為 57.9%。三項準確率指標算法請見 3.2.3。代號意義：MEAN.TEMP：年均溫。TEMP.IQR：12 個月均溫四分位差。ANN.PREC：年雨量。本圖以 R 語言的 rattle package (Williams, 2011)繪製。

以上兩棵分類樹「未發現」的錯誤率都相當低、都會多估，「發現」的情況則相反。可見分類樹處理比例懸殊之二元資料時小比例類別的訊號可能被忽略。

4.3 以重複隨機子取樣驗證法比較兩組分類樹之效用

本節從三個方面來評估加入「生物自變數」與僅用「環境自變數」建立之模



型的差異：

- (1) 預測淡黃木層孔菌分布的準確率(4.3.1)，使用三項指標。
- (2) 用以建立跨區與分區模型的自變數一致性(4.3.2)。
- (3) 模型是否簡潔且易詮釋(4.3.3)。

4.3.1 跨區與分區分析中兩組模型之準確率比較

以跨區(全部)資料建立之兩組 1,000 個模型準確率之分布如圖 13。獨立雙樣本 T 檢定的結果顯示，「生物與環境自變數」組的所有指標數值均大於「環境自變數」組 ($t(1980.18) = 7.22, p < .001$)。

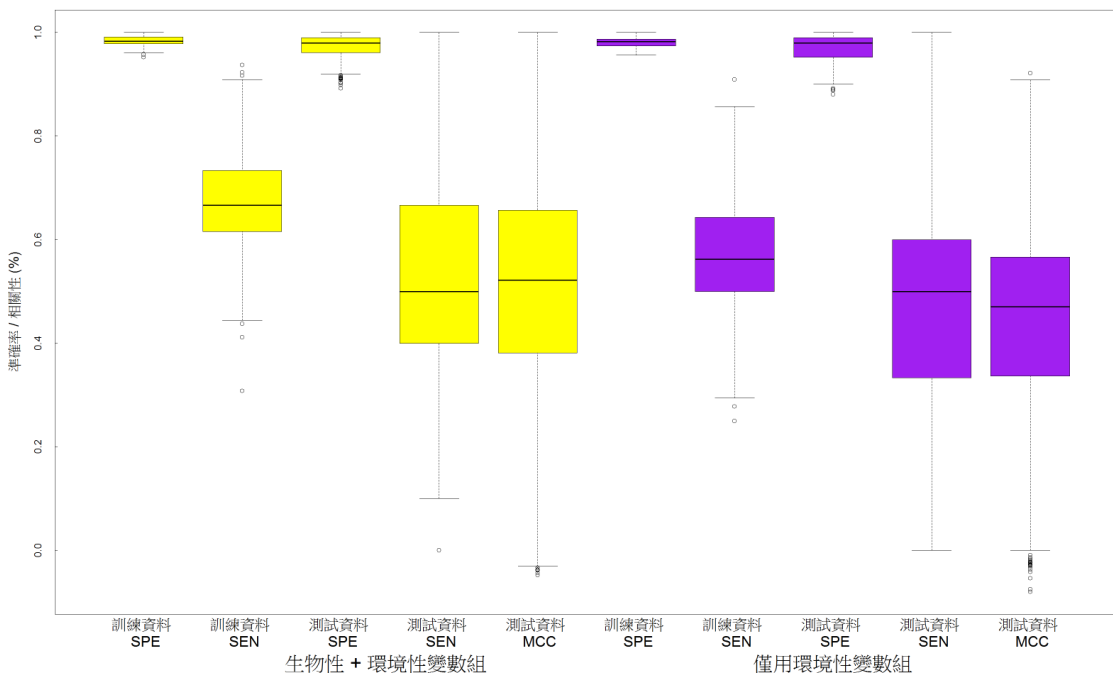


圖 13 所有資料的 1,000 組訓練子集與測試子集之準確率分布。左邊黃色五欄為用「生物與環境自變數」建立之模型，右邊紫色五欄為「環境自變數」組。由最左邊起，前兩欄為訓練資料之特異度(預測「未發現」)與靈敏度(預測「發現」)，第三、四欄為用測試資料驗證所得之特異度與靈敏度，第五欄為測試資料之馬修相



關係數(整體準確率)。右邊紫色五欄的排列方式亦同。Set.seed(20)。代號意義：SPE：特異度(specificity)。SEN：靈敏度(sensitivity)。MCC：馬修相關係數。

以上為全部資料之跨區分析，包含北部與中部的樣點。然而各個自變數數值或類別的分布趨勢，在北部、中部並不相同。因此，為檢測各自變數在模型中的重要性是否因地區而異，須將資料依地區區分後重新分析，並比較分區與跨區的結果是否具有的一致性。由於北臺灣的資料中「發現」的比例過小(2.7%)，無法建立分類樹，因此僅以中臺灣的模型與跨區模型做比較。以中臺灣資料建立的模型經驗證後的準確率分布如圖 14。獨立雙樣本 T 檢定的結果顯示，中台灣模型中「生物與環境自變數」組的所有指標數值均顯著大於「環境自變數」組 ($t(1927.24) = 4.88, p < .001$)。此外，「環境自變數」組的預測結果準確率較為發散。

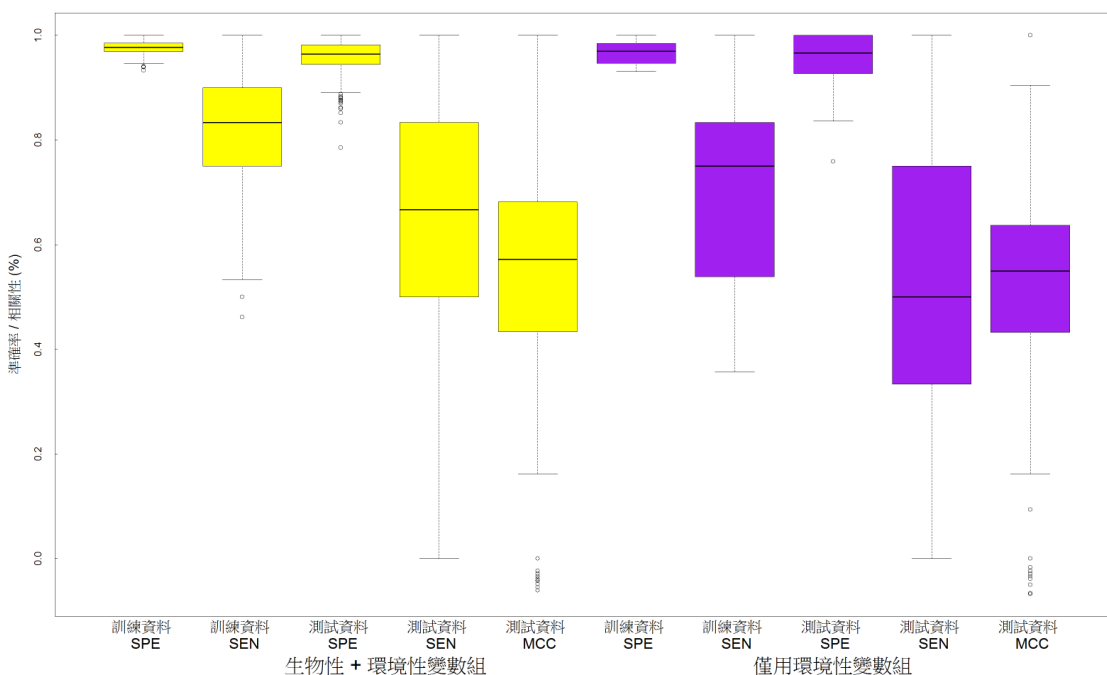
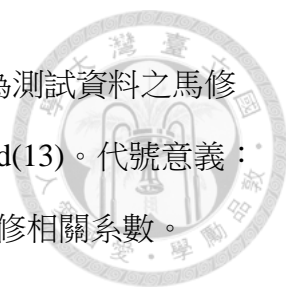


圖 14 中臺灣資料的 1,000 組訓練子集與測試子集之準確率分布。左邊黃色五欄為用「生物與環境自變數」建立之模型，右邊紫色五欄為「環境自變數」組。由最左邊起，前兩欄為訓練資料之特異度(預測「未發現」)與靈敏度(預測「發現」)，



第三、四欄為用測試資料驗證所得之特異度與靈敏度，第五欄為測試資料之馬修相關係數(整體準確率)。右邊紫色五欄的排列方式亦同。Set.seed(13)。代號意義：SPE：特異度(specificity)。SEN：靈敏度(sensitivity)。MCC：馬修相關係數。

表 7
跨區與分區模型準確率對照表


準確率指標	全部資料		中臺灣資料	
	「生物與環境自變數」組	「環境自變數」組	「生物與環境自變數」組	「環境自變數」組
訓練資料靈敏度	0.6749	0.5645	0.8009	0.6865
測試資料靈敏度	0.5220	0.4517	0.6392	0.5651
馬修相關係數	0.50845	0.44493	0.54594	0.51377

註：「未發現」預測準確率的指標(特異性)，對評價模型的參考性不大而不列入。

比較跨區與分區模型的準確率(表 7)，「生物與環境自變數」組模型的各方面預測準確率皆顯著高於「環境自變數」組。預測「未發現」的準確率全都達 97% 以上，但由於「未發現」的比例本來就大，並無應用的價值。若僅看「發現」的預測，中臺灣的準確率明顯較佳，推測跟「發現」樣點之比例較高有關(8.3%)。

測試資料的靈敏度均在 45~64% 之間，其中僅以環境自變數更可低達 45%，該類模型可謂無用；加入生物自變數後僅稍微提高準確率，仍不理想。然而馬修相關係數皆於 40~55% 之間，顯示兩組模型與實際調查狀況之間有中度正相關性。

4.3.2 影響淡黃木層孔菌分布的關鍵自變數分析



統計所有分類樹中，各自變數用於模型建立的總次數如表 8。由此表可見，「生物與環境自變數」組中，最重要的自變數為：樣點樹均胸徑(MEAN.DBH)、植群群系中殼斗科比例(FAG.by.VT)、以及較為次要的月均溫四分位差(TEMP.IQR)。「環境自變數」組中則為年雨量(ANN.PREC)、月均溫四分位差(TEMP.IQR)、年均溫(MEAN.TEMP)。月均雨量四分位差在兩組模型中皆不重要。此表可概略代表各自變數的重要值。與 4.2 單棵分類樹的詮釋也相符。

樹均胸徑與殼斗科比例之於「生物與環境自變數」組，以及年雨量、月均溫四分位差之於「環境自變數」組，無論在跨區或分區模型中都佔有最重要地位，相當一致。

生物自變數加入後，幾乎完全取代年均溫、年雨量，成為更佳的分類標準，提高了整體模型的表現。由於生物自變數與氣候自變數之間僅有低度相關性，代表兩者間重複的訊息可能不多，兩者對淡黃木層孔菌具不同的意義，影響力也不同。年均溫在中臺灣的「環境自變數」組中失去重要性，是較特別的現象，中臺灣樣點的年均溫為 6~21°C，平均 13.7°C，海拔分布極廣，但淡黃木層孔菌僅分布在年均溫 12~13°C、海拔 2100~2300 m 的地方，但即使如此，年雨量與月均溫差異仍為更凸顯的分類標準。移除北臺灣資料後，年均溫不再具有樣點「發現」與否的鑑別力，對模型建立而言並非一個跨區仍穩定的自變數。

表 8

在總共 4,000 棵分類樹中，各自變數用於模型建立的次數統計

自變數	全部資料		中臺灣資料	
	「生物與環境 自變數」組	「環境自 變數」組	「生物與環境 自變數」組	「環境自變 數」組
樹均胸徑	950	--	834	--
殼斗科比例	735	--	870	--
年均溫	23	715	0	87
年雨量	53	842	224	876
月均溫四分位差	607	831	171	642
月均雨量四分位差	51	159	84	74

註：同一棵分類樹中不重覆計算。粗體字標出最常使用的變數。

4.3.3 模型樹之簡潔度之比較

在每一組 1,000 次的反覆驗證中，無法查看所有單一樹分類樹，但可由統計各自變數用於分割點的次數來推估樹型。由表 9 可知，「環境自變數」組的每棵分類樹中，自變數重複出現的比例極高，尤其是年雨量與月均溫四分位差這兩項。這表示 4.2.3 的樹型為常態，切割細緻、不易詮釋，且有過度配適之風險。相對的，「生物與環境自變數」組的分類樹則相當簡潔易懂。

表 9

在總共 4,000 棵分類樹中，各自變數用於分割點的總次數統計

自變數	全部資料		中臺灣資料	
	「生物與環境自變數」組	「環境自變數」組	「生物與環境自變數」組	「環境自變數」組
樹均胸徑	987 / 950	--	1019 / 834	--
殼斗科比例	740 / 735	--	888 / 870	--
年均溫	23 / 23	776 / 715	0 / 0	87 / 87
年雨量	53 / 53	1613 / 842	224 / 224	1529 / 876
月均溫四分位差	713 / 607	1293 / 831	290 / 171	991 / 642
月均雨量四分位差	51 / 51	176 / 159	84 / 84	147 / 74

註：每格中第一個數字為該自變數用於分割點的總次數(同一樹內可重複)，第二個數字為該自變數用於模型建立的總次數(同一樹內不重複)。粗體字標出前後數字比值 > 1.5 者，表示該自變數在同一樹內常使用多次。

4.4 小結

加入生物自變數後的模型，無論在平均預測準確率、關鍵自變數的跨區一致性、與模型簡潔合理程度上，都優於僅用環境自變數的分類樹。在淡黃木層孔菌的例子中，生物自變數對於分析物種棲地與預測物種分布上，都相當必要。

樹木胸徑與與殼斗科比例為顯著具有分類鑑別力的因子，前者與心材腐朽菌的生物學相符合，後者與本次調查中寄主樹木皆為殼斗科合併來看，進一步證明了淡黃木層孔菌在臺灣有相當的寄主偏好，而非如原先以為的寄主廣泛。

第五章 結論與建議



本研究將之前「淡黃木層孔菌子實體多出現於中海拔殼斗科大樹上」的模糊印象，具體量化為：在臺灣北部、中部，淡黃木層孔菌的分布於殼斗科比例佔 35% 以上，優勢樹平均胸徑 > 70 公分，每月氣溫變化相對較小、約 7°C 以下的天然林中⁸。符合此環境條件之植群群系為山地常綠闊葉林(FB41)，其次為空間上相鄰的下部山地次生常綠闊葉林(FB52)、山地針闊葉混生林(FM41)、山地常綠闊葉矮林(FB42)、山地針葉林(FC41) 與山地針闊葉次生混生林(FM32)。

絕大部分淡黃木層孔菌皆發現於中海拔雲霧盛行的鬱閉林中。推測這些地方由於雲霧多，終年維持真菌所需的高濕度，因此雨量的季節性對它們的分布影響不大。但氣溫季節性影響大，可見它們的生長對氣溫變化較為敏感，生長於多雲霧、鬱閉而溫差相對恆定之森林中，可能也反映了此偏好。雖然以上數據可能因調查範圍擴大、樣本增加而調整，但已可推論：淡黃木層孔菌最常見於雲霧盛行區的老熟殼斗科天然林中。

物種分布研究，從取樣範圍、取樣方法與變數選擇，到分析、預測與模型驗證方法，皆奠基於對目標物種生物及生態學的了解或假設。一開始已知淡黃木層孔菌腐生於樹心，此外本研究假設淡黃木層孔菌具有特定的寄主範圍，因此採用植群群系這個變數相當必要。最後結果證實了它們的寄主範圍不大，此寄主範圍同時由樹木胸徑與樹種決定，而群系分類又與優勢樹種胸徑大小相關聯。因此，植群群系為影響其生態分布的最重要因子之一。而若只用環境(氣候)變數建立模型，

⁸ 這些數字雖是從分類樹中取出，但也大致與所有長有淡黃木層孔菌之樣點資料的第一四分位距數值吻合。



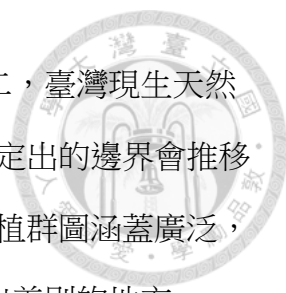
則會完全忽略此一因子。

本研究中，僅使用環境因子建立的分布模型，會使測試資料的預測靈敏度降低 7%，整體準確率降低 3~6%，並非巨大差異，代表兩種模型皆能在一定程度上解釋淡黃木層孔菌的分布。但環境因子可能僅有間接影響，環境因子先直接影響植群系與樹木胸徑，而後者才直接影響淡黃木層孔菌分布。僅用環境因子會導致分類樹型繁複難懂；加入生物因子後，不僅準確率提升，生態上如何詮釋也變得明朗。可見生物因子對於生態分布的形成非常重要。**物種分布研究，以及模擬環境因子改變後的物種分布研究(例如氣候變遷造成的影響)**，若排除生物因子，將**影響準確率與詮釋。**

生物因子的重要性會隨目標物種特性與研究尺度而改變。上述現象適用於寄主專一的物種。若研究對象為適應力強、寄主梯度廣的物種(例如 *P. noxius*)，生物因子之重要性可能下降，但不宜貿然移除，需先經過評估，以免造成重大誤差。進行與森林生態關係密切物種之分布研究時，應選取與研究尺度相符合的生物因子，例如不同尺度的植群分類，列入分析變數中，或應用於分層取樣的設計上。

本研究中所採快速調查方法，經實踐後確認可達到快速取樣、建立特定物種分布資料庫的目的。然而，過程中也察覺若干問題，在此提出調整建議：

(1) 應用「臺灣現生天然植群圖集」於調查之限制：本次調查遇到數次植群圖不符合現地植群的狀況。此狀況有多重原因：首先，植群圖雖畫出不同植群的邊界，但植群區域的變化大部分是漸進式的，隨空間推移而逐漸變化；少數情況下才會存在清楚的邊界，將兩種植群一分為二，例如稜線兩邊可能因氣候迥異而有



完全不同之植群，或崩塌地、裸露地鑲嵌於周邊森林中間。第二，臺灣現生天然植群圖集完成於 2009 年，然而，森林是持續發展的，原先大致定出的邊界會推移或退縮，植物組成也會因逐漸進入演替不同階段而改變。第三，植群圖涵蓋廣泛，但調查人力有限，因此難免有不精確之處，尤其在航照圖看不出差別的地方。

因此，「臺灣現生天然植群圖集」的適用性需每隔幾年重新評估，特別是對於演替早期的次生林。調查者也須具備一定植群判讀之素養，當現場狀況不符合預期時加以調整。例如本次調查中將三峽卡保山西北側的「山地常綠闊葉林」(FB41)改為「低地風衝常綠闊葉矮林」(FB62)；多處裸露地新生植群也在本研究中被改劃為「崩塌地次生落葉闊葉林」。

(2) 發現率偏低問題：本次隨機取樣所得「發現」資料比例比預期低了許多，導致最後分類樹模型的準確率偏低。若調查對象為稀有物種，則此問題可能更加嚴重。「發現」樣點數的門檻值尚待研究：以淡黃木層孔菌而言，北臺灣的 2.7% 發現率完全不夠產生模型，中部的 8.3% 則明顯提高了預測準確度。

北臺灣的低發現率有兩個可能的原因：一為取樣不足，然而若僅求擴大調查範圍或調整取樣條件，未必能增加「發現」的樣點數；並且如第二章所提到的，為了增加「發現」機會而刻意選擇調查地點，反而會干擾後續模擬的準確度，應加以避免。二為因適合的環境較窄：北部地區易受季風影響，且缺乏中部山區的大山塊加熱效應與山脈屏蔽，因此整體氣候環境可能與中部有相當差異，導致淡黃木層孔菌原本北部分布就稀少；這需另外進行全盤的環境因素分析以證實之。由於淡黃木層孔菌全球泛布、理論傳播距離很遠，且即使經人為採集也會留下生長痕跡，因此不考慮地理隔離或人為干擾等分布限制因素。

若發現率偏低的狀況，可考慮用其他專為高度不平衡數據設計的進階演算法來建立分布模型，例如 Hellinger Distance Decision Trees (HDDT)、Support Vector Machine (SVM)、Zero-inflated Poisson (ZIP)或 Maximum Entropy (MAXENT)等等 (Johnson et al, 2012)。

(3) 增加生物變數：在調查過程中，觀察到淡黃木層孔菌子實體的出現有明顯聚集現象，且往往出現在相鄰的植群群系之中。故推測「棲地連續性」及「與其他感染源的距離」應為重要變數之一。未來進行類似物種的調查時，可將此二項變數加入。

雖然有以上缺點，本研究仍初步釐清了淡黃木層孔菌可能分布的生態因子與環境條件，立下了進一步探究心材腐朽菌在森林動態中角色的基礎。根據調查過程中的觀察，淡黃木層孔菌在森林更新中之作用，極可能為一長期、緩慢的影響因子，融入其他環境因子中而並不顯著。由於淡黃木層孔菌偏好優勢木，且對樹種偏好明顯，因此必然在森林更新中占有重要角色，極可能有抑制特定樹種之優勢木、改變或維持森林結構與植群組成的作用。


後續研究可由兩個方面著手。一方面，須對淡黃木層孔菌的生物學，尤其是傳播方式、傳播距離與腐朽速度有更多了解；而遺傳學上也需釐清：淡黃木層孔菌在臺灣僅偏好殼斗科之現象，是否代表其已特化為臺灣特有之真菌品系(race)。另一方面，在生態學上，可依據本研究之結論所選出之植群群系，挑選合適的樣區，長期觀察淡黃木層孔菌分布之變化與森林動態的關係。要記錄到明顯可歸納出因果的趨勢，可能至少需 15 年以上，或者需連續數年頻繁、強烈的擾動，這樣的擾動強度或許可讓人更快觀察到森林的更新與變化。

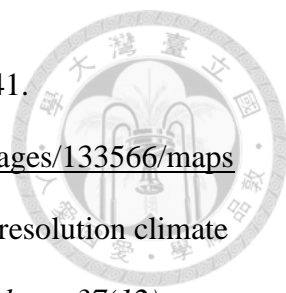


參考文獻

- 林偉峻(2013)。大地精靈：雪山坑溪野生動物重要棲息環境 -- 大型真菌百選。臺中市：行政院農業委員會林務局東勢林區管理處。
- 邱祈榮、陳子英、謝長富、劉和義、葉慶龍、王震哲(2009)。臺灣現生天然植群圖集。臺北市：行政院農業委員會林務局。
- 黃靜芬(2014)。森林的蕈息：梅峰常見大型真菌選介。南投縣仁愛鄉：國立臺灣大學生物資源暨農學院附設山地實驗農場。
- 張東柱(2000)。福山大型真菌。臺北市：行政院農業委員會林務局。
- 張東柱、周文能、王也珍、朱宇敏(2001)。大自然的魔法師 -- 臺灣大型真菌。臺北市：行政院農委會。
- 張東柱(2004)。瑞岩溪野生動物重要棲息環境大型真菌調查。臺北市：中華民國自然資源保育協會。
- 張東柱(2005)。瑞岩溪的饗宴：大型真菌。臺北市：行政院農業委員會林務局。
- 周文能(2000)。蓮華池分所泛傘菌類的資源調查。中華民國真菌學會會刊 **15(1, 2)**，27-30。編號：10.7099/FS.200009.0027。取自 <http://dx.doi.org/10.7099/FS.200009.0027>
- 陳昇明(1999)。關刀溪大型真菌。台中市：國立中興大學生命科學院。
- 史香芸(2012)。臺灣產廣義木層孔菌屬之分類研究(碩士論文)。取自臺灣博碩士論文系統。國立中興大學植物病理學系所，台中市。
- 蘇鴻傑 1985 臺灣天然林氣候與植群型之研究(III)地理氣候區之劃分。中華林學季刊，**18(3)**，33-44。
- 宋國彰(1996)。臺灣中部北東眼山溫帶常綠闊葉林樹種的組成及分布類型(碩士論文)。臺灣大學植物研究所，臺北市。
- 王也珍(2004)。環境生態指標之探討 -- 觀霧地區大型真菌相調查。內政部營建署雪霸國家公園管理處委託研究報告。取自

http://np.cpami.gov.tw/filesys/dl/type1/50/2061_cf4b225b65d59e5114b2738268e29179.pdf

- 
- Abrego, N., Bassler, C., Christensen, M., & Heilmann-Clausen, J. (2015). Implications of reserve size and forest connectivity for the conservation of wood-inhabiting fungi in Europe. *Biological Conservation*, *191*, 469-477.
- Abrego, N., Bassler, C., Christensen, M., Ainsworth A.M., & Heilmann-Clausen, J. (2017). Understanding the distribution of wood-inhabiting fungi in European beech reserves from species-specific habitat models. *Fungal Ecology* *27(B)*, 168-174.
- Boddy, L., & Heilmann-Clausen, J. (2008). Basidiomycete Community Development in Temperate Angiosperm Wood. In L. Boddy, J. C. Frankland, & P. van West (Eds.), *Ecology of Saprotrophic Basidiomycetes*. London, England: Elsevier.
- Copot, O., & Tanase, C. (2017). Maxent Modelling of the Potential Distribution of *Ganoderma Lucidum* in North-eastern Region of Romania. *Journal of Plant Development*, *24*, 133-143.
- Cottam, G., Curtis, J. T., & Hale, B. W. (1953). Some sampling characteristics of a population of randomly dispersed individuals. *Ecology*, *34*, 741-757.
- Cottam, G., & Curtis, J. T. (1956). The use of distance measures in phytosociological sampling. *Ecology*, *37*, 451-460.
- Davidson, R. W., Campbell, W. A., & Vaughn, D. B. (1942). Fungi Causing Decay of Living Oaks in the Eastern United States and Their Cultural Identification. *U.S. Department of Agriculture Technical Bulletin*, 785.
- Edwards, T. C., Cutler, D. R., Zimmermann, N. E., Geiser, L., & Moisen, G. G. (2006). Effects of sample survey design on the accuracy of classification tree models in

- 
- species distribution models. *Ecological Modelling*, 199, 132-141.
- Encyclopedia of Life. (2017, May 5). Retrieved from <http://eol.org/pages/133566/maps>
- Fick, S. E. & Hijmans, R. J. (2017). Worldclim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 37(12), 4302-4315.
- Franklin, J. (2009). *Mapping Species Distributions*. Cambridge, England: Cambridge UP.
- Fungal Databases - Fungus-Host Distributions, USDA. (2017, May 5). Retrieved from <https://nt.ars-grin.gov/fungaldatabases/fungushost/fungushost.cfm>
- Genuer, R., Poggi, J. M., & Tuleau-Malot C. (2010). Variable selection using Random Forests. *Pattern Recognition Letters*, 31(14), 2225-2236.
- Gilbertson, R. L. (1979). The genus *Phellinus* (Aphylliphorales: Hymenochaetaceae) in western North America. *Mycotaxon*, 9(1), 51-89. Retrieved from <http://www.mycobank.org/BioloMICS.aspx?TableKey=14682616000000063&Rec=4084&Fields=All>
- Gilbertson, R. L. (1980). Wood-Rotting Fungi of North America. *Mycologia*, 72(1), 1-49.
- Guisan, A., & Thuiller, W. (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*, (2005) 8, 993-1009 doi: 10.1111/j.1461-0248.2005.00792.x
- Hansen, E. M., & Goheen, E. M. (2000). *Phellinus weirii* and other native root pathogens as determinants of forest structure and process in western North America. *Annual Review of Phytopathology*, 38(1), 515-539.
- Hefley, T. J., Tyre, A. J., Baasch, D. M., & Blankenship, E. E. (2013). Nondetection

sampling bias in marked presence-only data. *Ecology and Evolution*, 3(16). doi:
10.1002/ece3.887

Hawkins, A. E., & Henkel, T. W. (2011). Native forest pathogens facilitate persistence of Douglas-fir in old-growth forests of northwestern California. *Canadian Journal of Forest Research*, 41 (6), 1256-1266.

Heilmann-Clausen, J. (2005). *Diversity of saproxylic fungi on decaying beech wood in protected forests in the county of Halland*. Halland, Sweden: Information frdn Lifnsstyrelsen Halland.


Heilmann-Clausen, J., & Boddy L. (2008). Distribution Patterns of Wood-Decay Basidiomycetes at the Landscape to Global Scale. In L. Boddy, J. C. Frankland, & P. van West (Eds.), *Ecology of Saprotrrophic Basidiomycetes*. London, England: Elsevier.

Heilmann-Clausen, J., Aude, E., van Dort, K., Christensen, M., Piltaver, A., Veerkamp, M., & Odor, P. (2014). Communities of wood-inhabiting bryophytes and fungi on dead beech logs in Europe - reflecting substrate quality or shaped by climate and forest conditions? *Journal of Biogeography*, 41, 2269-2282.

Hennon, P. E. (1995). Are Heart Rot Fungi Major Factors of Disturbance in Gap-Dynamic Forests? *Northwest Science*, 69(4), 284-293.

Holah, J. C. (1992). *Effects of Phellinus weirii on Plant Community Composition and Succession of Mature and Old-growth Douglas-fir Forests* (Master's thesis). Oregon State University.

Holah, J., Wilson, M., & Hansen, E. (1997). Impacts of a native root-rotting pathogen on successional development of old-growth Douglas fir forests. *Oecologia*, 111, 429-433.

- 
- Holt, R. D. (2009). Bringing the Hutchinsonian Niche into the 21st Century: Ecological and evolutionary perspectives. *PNAS*, 2009(106), 19659-19665.
- Hutchinson, G. E. (1957). Concluding Remarks. *Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology*, 22(2), 415–427. doi:10.1101/sqb.1957.022.01.039
- James, G., Witten, D., Hastie, T., & Tibshirani, R. (2013). *An Introduction to Statistical Learning with Applications in R*. New York: Springer.
- Jo, W. S., Rew, Y. H., Choi, S. G., Seo, G. S., Sung, J. M., & Uhm, J. Y. (2006). The Culture Conditions for the Mycelial Growth of *Phellinus* spp. *Mycobiology*, 34(4), 200-205.
- Johnson, R., Chawla, N., & Hellmann, J. (2012). Species Distribution Modeling and Prediction: A Class Imbalance Problem. In *Proceedings - 2012 Conference on Intelligent Data Understanding, CIDU 2012*, 9-16.
doi:10.1109/CIDU.2012.6382186.
- Klopfenstein, N. B., Pitman, E. W. I., Hanna, J. W., Cannon, P. G., Stewart, J. E., Sahashi, N., ... Kim, M. S. (2015). Bioclimatic Approach to Predicting Potential Distribution of *Phellinus Noxius*. In A. Ramsey & P. Palacios (Comps). *Proceedings of the 63rd Annual Western International Forest Disease Work Conference*. Newport: USDA Forest Service.
- Kuhn, M. Contributions from Wing, J., Weston, S., Williams, A., Keefer, C., Engelhardt, A., ... Hunt, T. (2018). caret: Classification and Regression Training. R package version 6.0-81. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=caret>
- Lambers, H., Chapin III, F. S., & Thijs, L. P. (2008). *Plant Physiological Ecology* (2nd ed.). New York: Springer-Verlag. doi: 10.1007/978-0-387-78341-3

Larsen, M. J., & Cobb-Pouille, L. A. (1990). *Phellinus (Hymenochaetaceae): a survey of the world taxa*. Oslo, Norway: Fungiflora.

Liaw, A., & Wiener M. (2002). Classification and Regression by randomForest. R News 2(3), 18--22.

Mair, L., Harrison, P. J., Jönsson, M., Löbel, S., Nordén, J., Siitonen, J., ... Snäll, T. (2016). Evaluating citizen science data for forecasting species responses to national forest management. *Ecology and Evolution*, 2017(7), 368–378.

McCormick, J., & Platt, R. (1980). Recovery of an Appalachian Forest Following the Chestnut Blight or Catherine Keever-You Were Right! *The American Midland Naturalist*, 104(2), 264-273. doi:10.2307/2424865

Newhook, F. J., & Podger, F. D. (1972). The Role of *Phytophthora Cinnamomi* in 3553 Australian and New Zealand Forests. *Annual Review of Phytopathology*, 10, 299-326.

Penttila, R., Lindgren, M., Miettinen, O., Rita, H., & Hanski, I. (2006). Consequences of forest fragmentation for polyporous fungi at two spatial scales. *Oikos*, 114, 225-240.

Peterson, B. G., & Carl, P. (2018). PerformanceAnalytics: Econometric Tools for Performance and Risk Analysis. R package version 1.5.2. Retrieved from <https://CRAN.R-project.org/package=PerformanceAnalytics>

R Core Team. (2018). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. Retrieved from <https://www.R-project.org/>.

Rew, Y. H., Jo, W. S., Jeong, K. C., Yoon, J. T., & Choi, B. S. (2000). Cultural characteristics and fruitbody formation of *Phellinus gilvus*. *Korean Journal of*



Mycology, 28, 6-10.

Rizzo, D. M., Rentmeester, R. M., & Burdsall, H. H. Jr. (1995). Sexuality and Somatic

Incompatibility in *Phellinus gilvus*. *Mycologia*, 87(6), 805-820.

Schmit, J. P., Mueller G. M., Leacock P. R., Mata J. L., Wu Q., & Huang Y. (2005).

Assessment of tree species richness as a surrogate for macrofungal species richness. *Biological Conservation*, 121, 99-110.

Schwarze, F. W. M. R., Engels, J., & Mattheck, C. (2000). *Fungal Strategies of Wood*

Decay in Trees. Berlin, Germany: Springer.

Shigo, A. L. (1979). Tree decay: an expanded concept. *Agriculture Information Bulletin*,

419. Washington, D.C.: U.S. Department of Agriculture Forest Service.

Song, G. Z., Yang, K. C., Hou, C. H., Lin, J. K., Hsieh, C. F., Fan, S. W., & Chao, W. C.

(2010). Tree Population Dynamics over 12 Yr in a Warm Temperate

Broad-leaved Evergreen Forest at Mt Peitungyen, Central Taiwan. *Taiwan Journal of Forest Science*, 25(1), 17-27.

Stokland, J. N. (2001). The coarse woody debris profile: An archive of recent forest

history and an important biodiversity indicator. *Ecological Bulletins*, 49, 71-83.

Stokland, J. N. (2012). Chapter 5: host-tree associations. In J. N. Stokland, J. Siitonen,

& B.G. Jonsson (Eds.) *Biodiversity in DeadWood.*, London, England: Cambridge

UP

Tichy, L., & Chytry, M. (2006). Statistical determination of diagnostic species for site

groups of unequal size. *Journal of Vegetation Science*, 17, 809-818.

Therneau, T., & Atkinson, B. (2018). rpart: Recursive Partitioning and Regression Trees.

R package version 4.1-13. Retrieved from

<https://CRAN.R-project.org/package=rpart>

Williams, G. J. (2011). *Data Mining with Rattle and R: The Art of Excavating Data for Knowledge Discovery, Use R!*, Springer.

Wollan, A. K., Bakkestuen, V., Kauserud, H., Gulden, G., Halvorsen, R., & Svenning, J. C. (2008). Modelling and Predicting Fungal Distribution Patterns Using Herbarium Data. *Journal of Biogeography*, *35*(12), 2298-2310.

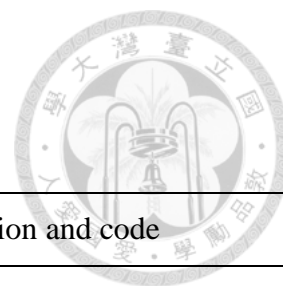
Yackulic, C. B., Chandler, R., Zipkin, E. F., Royle, J. A., Nichols, J. D., Grant, E. H. C., & Veran, S. (2013). Presence-only Modelling Using MAXENT: When Can We Trust the Inferences? *Methods in Ecology and Evolution* *2013*(4), 236-243.

Yamashita, S., Hattori, T., & Abe, H., (2010). Host preference and species richness of wood-inhabiting aphylophoraceous fungi in a cool temperate area of Japan. *Mycologia*, *102*, 11-19.

Yuan, H. S., Wei, Y. L., & Wang, X. G. (2015). Maxent Modeling for Predicting the Potential Distribution of Sanghuang, An Important Group of Medicinal Fungi in China. *Fungal Ecology*, *17*(2015), 140-145.

附錄一

蘇鴻傑所劃分之全台地理氣候區，取自蘇鴻傑(1985)。



主氣候型 Major climate type	主要分區 Major region	氣候分區及代碼 Region and code	
		代碼 code	分區 region
恆濕性氣候 Everwet climate	東北 Northeast	NED	東北近海區 Northeast coastal region
		NEI	東北內陸區 Northeast inland region
	蘭嶼 Lanyu	LAN	蘭嶼區 Lanyu region
夏雨型氣候 Summer rain climate	東部 East	EN	東部區北段 East region north section
		ES	東部區南段 East region south section
	西北 Northwest	NWC	西北近海區 Northwest coastal region
		NWI	西北內陸區 Northwest inland region
	中西 Central-west	CWC	中西部近海區 Centralwest coastal region
		CWI	中西部內陸區 Centralwest inland region
	西南 Southwest	SW	西南區 Southwest region
	東南 Southeast	SE	東南區 Southeast region

附錄二

「臺灣現生天然植群圖集」中，各植群群系基本資料摘要(邱祈榮，2009)。備註為

「刪除」者，不列入本次調查。



植群群系	典型植群 或樹種	海拔(m)	環境簡述	備註
FC21 亞高山針葉林	冷杉林帶	2900-3200 以 上	高海拔	不分區域
FC31 上部山地針葉林	鐵杉林帶	1800-2600 以 上	高海拔	北臺灣稀少。 不分區域
FC32 上部山地—山地 —下部山地次生針葉林	臺灣二葉松林	399-3519	分布極廣，多於崩 塌地	不分區域
FC41 山地針葉林	檜木林	1500-180 以上	中央山脈、雪山山 脈高海拔	
FC61 低地針葉林			無資料	刪除
FM31 上部山地針闊葉 混淆林	松科、殼斗科為 主	2400-3200	針闊葉過渡帶。稀 少	刪除
FM32 上部山地—山地 —下部山地針闊葉次生 混淆林	二葉松、闊葉樹 混淆林	330-3200	竹苗山區、中央山 脈為主	北部稀少故刪 除，僅調查中 部
FM41 山地針闊葉混淆 林	檜木林	500-2800	分布極廣	
FM51 下部山地針闊葉 混淆林	油杉/肖楠+闊葉 樹	330-1600	少	僅調查中部
FM61 低地針闊葉混淆 林	--	--	無資料	刪除
FB31 上部山地—山地 —下部山地崩塌地次生 落葉闊葉林	崩塌地新生赤楊 林	平均約 1500	零星廣泛分布於全 島	
FB41 山地常綠闊葉林	櫟林帶。目前淡 黃木層孔菌記錄 較多之植群群系	1200-2800	分布極廣	
FB42 山地常綠闊葉矮 林	杜鵑純林	1300-2200	零星分布於中海拔 窄稜線上	北部稀少故刪 除，僅調查中



FB43 山地落葉闊葉林	臺灣山毛櫸林	1100-2000	北臺灣、東北臺灣 稜線上	中部無，僅調查北部
FB44 山地—下部山地 —低地次生落葉闊葉林	楓香	200-2600	中低海拔山區零散 分布，多於崩塌地	與 FB45 重複 性高，故合併
FB45 山地—下部山地 —低地半落葉闊葉林	臺灣櫸	200-1800	中低海拔	與 FB44 重複 性高，故合併
FB51 下部山地常綠闊 葉林	樟科為主	330-1500	中低海拔，分布極 廣	
FB52 下部山地—低地 次生常綠闊葉林	相思樹，白匏子	低於 1200-1600	人為開發處，零散 分布於全島淺山， 廣泛	
FB61 低地常綠闊葉林	茄苳、榕樹	低於 400	零星分布於烏來山 區低地溪谷、八卦 山區、南部山區低 地溪谷、恆春半島 及木瓜溪低地溪 谷、海岸山脈	中部稀少故刪 除，僅調查北 部
FB62 低地風衝常綠闊 葉矮林	樟科為主	低於 500	東北角及臺灣南端	中部稀少故刪 除，僅調查北 部，惟海拔較 此處定義得高
FB63 竹林	各種竹	25-2070	全島	刪除
FB71 紅樹林			無資料	刪除
FB72 亞熱帶海岸林			無資料	刪除
FB73 熱帶海岸林	柿樹、大戟科等	低於 365	南部珊瑚礁海岸林	刪除
SM11 高山針闊葉灌叢	圓柏、杜鵑	2800-3300 以 上	森林至草本之過渡 區，多岩石，強風	刪除
SM21 亞高山—上部山 地—山地針闊葉灌叢	杜鵑、箭竹、刺 柏	1800-3460	多石少土環境	刪除
SM51 下部山地—低地 闊葉灌叢	山林投	200-1600	零星分布於中低海 拔，東部為主	刪除
SM71 海岸闊葉灌叢		低於 350	極少	刪除
GH11 高山草本植群	禾本科	2900-3200 以 上	不穩定碎屑地	刪除



GH21 亞高山—上部山地—山地草本植群	芒草、杜鵑	1500-3500	中高海拔背風坡或向陽乾燥區	刪除
GH51 下部山地—低地草本植群	芒草、蕨類	低於 1000-1200	中低海拔河灘、開闊地、崩塌地	刪除
GH71 砂丘植群		低於 20	沿海沙岸，西部為主	刪除
SR21 亞高山—上部山地—山地岩壁及碎石坡植群	矮小草本為主	1300 以上	零星碎石坡	刪除
SR51 下部山地—低地岩壁及碎石坡植群	草本及矮小木本	200-1600	零星碎石坡	刪除
SO71 海岸岩壁植群	岩縫草本為主	低於 500	東北角及東部海岸	刪除
AA91 人工林	各種組合皆有	0-3300	全島各地，林道附近多大面積造林地	刪除
AA92 耕地	--	0-2860		刪除
XX91 建地	--	0-3340		刪除
XX92 天然裸露地	--	0-3830	無明顯植群覆蓋	刪除
XX93 水域	--	0-3400		刪除
XX94 公園、墓地	--	0-2400		刪除
XX95 人工裸露地	--	50-2850	礦場、鹽田	刪除

附錄三

調查地點與時間。



04.07 埔里、霧社 Puli Shikeng Rd., Wushe Da-an Rd.

04.09 陽明山(絹絲瀑布步道) Yanmingshan (Juansi Waterfall)

04.16-17 清境(瑞岩步道) Qingjing (Reiyen), 鳶峰 Yuenfeng

05.02 低陸山 Dilushan, 北橫沿線 along NCR

05.04-07 中橫沿線：埔里、南豐、霧社、屯原、清境、昆陽、大禹嶺 along the CCR:

Puli, Nanfeng, Wushe, Tunyuen, Qingjing, Kunyang, Dayuling

05.20 美鹿山 Meilushan

05.27 中寮 Zhongliao

06.02-03 卡保山 Kabaoshan

07.01-03 塔曼山 Tamanshan

07.13-16 北萬大山 N. Wandashan, 守關山 Shouguanshan, 關刀山 Guandaoshan

07.30 麻平暮山 Mapingmushan

10.20-22 逐鹿山 Zhulushan, 比該溪 Bigai River, 比亞外 Biyawai, 復興尖山

Fuxingjianshan

附錄四

樹種名錄。



科	學名	中文名	代號
五列木科	<i>Eurya crenatifolia</i> (Yamamoto) Kobuski, 1938	假柃木	EURCRE
五列木科	<i>Eurya glaberrima</i> Hayata, 1919	厚葉柃木	EURGLA
五列木科	<i>Pentaphylacaceae, Eurya</i>	柃木屬	PENTAP
五加科	<i>Dendropanax dentiger</i> (Harms ex Diels) Merr., 1941	樹參	DENDEN
五加科	<i>Schefflera octophylla</i> (Lour.) Harms, 1894	江某	SCHOCT
五加科	<i>Schefflera taiwaniana</i> (Nakai) Kanehira, 1936	臺灣鵝掌柴	SCHTAI
八仙花科	<i>Hydrangea chinensis</i> Maxim., 1867	華八仙	HYDCHI
冬青科	<i>Ilex ficoidea</i> Hemsl., 1886	臺灣糊樗	ILEFIC
千屈菜科	<i>Lagerstroemia subcostata</i> Koehne, 1883	九芎	LAGSUB
唇形科	<i>Vitex quinata</i> (Lour.) F. N. Williams, 1905	薄姜木	VITQUI
報春花科	<i>Myrsine sequinii</i> Levl., 1914	大明橘	MYRSEQ
報春花科	<i>Ardisia sieboldii</i> Miq., 1867	樹杞	ARDSIE
大戟科	<i>Mallotus japonicus</i> (Thunb.) Muell.-Arg., 1865	野桐	MALJAP
大戟科	<i>Mallotus paniculatus</i> (Lam.) Muell.-Arg., 1865	白匏子	MALPAN
大戟科	<i>Sapium discolor</i> Muell.-Arg., 1863	白白	SAPDIS
大戟科	<i>Vernicia montana</i> Lour.	廣東油桐	VERMON
大麻科	<i>Aphananthe aspera</i> (Thunb.) Planch., 1873	糙葉樹	APHASP
大麻科	<i>Celtis formosana</i> Hayata, 1911	石朴	CELFOR
大麻科	<i>Trema orientalis</i> (L.) Bl., 1852	山黃麻	TREORI
安息香科	<i>Styrax formosana</i> Matsum. var. <i>formosana</i> Matsum. 1963	烏皮九芎	TYRFOR
山龍眼科	<i>Helicia cochinchinensis</i> Lour., 1790	紅葉樹	HELCOC
山龍眼科	<i>Helicia formosana</i> Hemsl., 1891	山龍眼	HELFOR
昆欄樹科	<i>Trochodendron aralioides</i> Siebold & Zucc., 1838	昆欄樹	TROARA
木犀科	<i>Fraxinus griffithii</i> C. B. Clarke, 1882	光臘樹	FRAGRI
木犀科	<i>Osmanthus heterophyllus</i> (G. Don) P. S. Green, 1958	異葉木犀	OSMHET
木犀科	<i>Osmanthus lanceolatus</i> Hayata, 1911	銳葉木犀	OSMLAN
木犀科	<i>Osmanthus matsumuranus</i> Hayata, 1911	大葉木犀	OS 公厘 AT
木蘭科	<i>Michelia compressa</i> var. <i>compressa</i> (Maxim.) Sargent, 1893	烏心石	MICCOM
杜英科	<i>Elaeocarpus japonicus</i> Sieb. & Zucc., 1845	薯豆	ELAJAP
杜英科	<i>Elaeocarpus sylvestris</i> (Lour.) Poir., 1811	杜英	ELASYL



杜鵑花科	<i>Rhododendron formosanum</i> Hemsl., 1895	臺灣杜鵑	RHOFOR
杜鵑花科	<i>Rhododendron pseudochrysanthum</i> Hayata, 1908	玉山杜鵑	RHOPSE
杜鵑花科	<i>Rhododendron leptosanthurum</i> Hayata, 1915	西施花	RHOLEP
松科	<i>Abies kawakamii</i> (Hayata) Ito, 1909	冷杉	ABIKAW
松科	<i>Picea morrissonicola</i> Hayata, 1908	雲杉	PICMOR
松科	<i>Pinaceae</i>	松科	PINACE
松科	<i>Pinus armandii</i> Franch. var. <i>mastersiana</i> Hayata 1908	華山松	PINARM
松科	<i>Pinus morrissonicola</i> Hayata, 1908	五葉松	PINMOR
松科	<i>Pinus taiwanensis</i> Hayata, 1911	二葉松	PINTAI
松科	<i>Tsuga chinensis</i> (Franch.) Pritz. var. <i>formosana</i> (Hayata) Li & Keng 1954	鐵杉	TSUCHI
柏科	<i>Calocedrus macrolepis</i> Kurz var. <i>formosana</i> (Florin) Cheng & L.K. Fu. 1978	肖楠	CALMAC
柏科	<i>Chamaecyparis</i>	檜木(扁柏屬)	CHAMAE
柏科	<i>Chamaecyparis obtusa</i> Siebold & Zucc. var. <i>formosana</i> (Hayata) Rehder 1914	扁柏	CHAOBT
柏科	<i>Cryptomeria japonica</i> (L.f.) D.Don	柳杉	CRYJAP
柏科	<i>Cunninghamia konishii</i> Hayata, 1908	巒大杉	CUNKON
柿樹科	<i>Diospyros japonica</i> Sieb. & Zucc., 1846	山柿	DIOJAP
柿樹科	<i>Diospyros morrisiana</i> Hance, 1852	山紅柿	DIOMOR
桃金娘科	<i>Syzygium buxifolium</i> Hook. & Arn., 1833	小葉赤楠	SYZBUX
桑科	<i>Broussonetia papyrifera</i> (L.) L'Herit. ex Vent., 1799	構樹	BROPAP
桑科	<i>Ficus erecta</i> Thunb. var. <i>beeheyana</i> (Hook. & Arn.) King 1888	牛奶榕	FICERE
桑科	<i>Ficus irisana</i> Elm., 1906	澀葉榕	FICIRI
桑科	<i>Ficus nervosa</i> Heyne ex Roth., 1817	九丁榕	FICNER
桑科	<i>Ficus superba</i> (Miq.) Miq. var. <i>japonica</i> Miq. 1867	雀榕	FICSUP
桑科	<i>Morus australis</i> Poir., 1783	小葉桑	MORAUS
榆科	<i>Ulmus uyematsui</i> Hayata, 1913	阿里山榆	ULMUYE
榆科	<i>Zelkova serrata</i> (Thunb.) Makino, 1903	欖木	ZELSER
樟科	<i>Beilschmiedia erythrophloia</i> Hayata, 1914	瓊楠	BEIERY
樟科	<i>Cinnamomum camphora</i> (L.) Presl., 1825	樟樹	CINCAM
樟科	<i>Cinnamomum insulari-montanum</i> Hayata, 1913	山肉桂	CININS
樟科	<i>Cinnamomum macrostemon</i> Hayata, 1913	胡氏肉桂	CINMAC
樟科	<i>Cinnamomum osmophloeum</i> Kanehira, 1917	土肉桂	CINOSM
樟科	<i>Cinnamomum subavenium</i> Miq., 1858	香桂	CINSUB



樟科	<i>Lauraceae</i>	樟科	LAURAC
樟科	<i>Lindera communis</i> Hemsl., 1891	香葉樹	LINCOM
樟科	<i>Lindera megaphylla</i> Hemsl., 1891	大葉釣樟	LINMEG
樟科	<i>Litsea acuminata</i> (Bl.) Kurata, 1968	長葉木薑子	LITACU
樟科	<i>Litsea elongata</i> (Wall. ex Nees) Benth. & Hook. <i>f. var. mushaensis</i> (Hayata) J. C. Liao 1988	霧社木薑子	LITELO
樟科	<i>Litsea hypophaea</i> Hayata, 1915	小梗木薑子	LITHYP
樟科	<i>Machilus japonica</i> Sieb. & Zucc. var. <i>japonica</i> Sieb. & Zucc. 1846	假長葉楠	MACJAP
樟科	<i>Machilus japonica</i> Sieb. & Zucc. var. <i>kusanoi</i> (Hayata) Liao 1982	大葉楠	MACKUS
樟科	<i>Machilus zuihoensis</i> Hayata var. <i>mushaensis</i> (Lu) Y. C. Liu 1981	霧社楨楠	MACMUS
樟科	<i>Machilus thunbergii</i> Sieb. & Zucc. 1847	紅楠	MACTHU
樟科	<i>Machilus zuihoensis</i> Hayata	香楠	MACZUI
樟科	<i>Neolitsea aciculata</i> (Bl.) Koidz. var. <i>variabilissima</i> (Hayata) J. C. Liao 1986	變葉新木薑子	NEOACI
樟科	<i>Neolitsea acuminatissima</i> (Hayata) Kanehira & Sasaki, 1930	高山新木薑子	NEOACU
樟科	<i>Neolitsea konishii</i> (Hayata) Kanehira & Sasaki, 1930	五掌楠	NEOKON
樟科	<i>Phoebe formosana</i> (Hayata) Hayata, 1915	臺灣雅楠	PHOFOR
樺木科	<i>Alnus formosana</i> (Burkill ex Forbes & Hemsl.) Makino, 1912	赤楊	ALNFOR
樺木科	<i>Carpinus kawakamii</i> Hayata, 1913	阿里山千金榆	CARKAW
樺木科	<i>Carpinus rankanensis</i> Hayata, 1916	蘭郎千金榆	CARRAN
殼斗科	<i>Castanopsis cuspidate</i> var. <i>carlesii</i> (Hemsl.) Hayata	長尾栲	CASCAR
殼斗科	<i>Cyclobalanopsis globosa</i> Lin & Liu f. <i>bosa</i> Lin & Liu 1965	圓果青剛櫟	CYCGLO
殼斗科	<i>Fagaceae</i>	殼斗科	FAGACE
殼斗科	<i>Fagus hayatae</i> Palib. ex Hayata, 1911	臺灣山毛櫸	FAGHAY
殼斗科	<i>Lithocarpus amygdalifolius</i> (Skan ex Forbes & Hemsl.) Hayata, 1917	杏葉石櫟	LITAMY
殼斗科	<i>Lithocarpus kawakamii</i> (Hayata) Hayata	大葉石櫟	LITKAW
殼斗科	<i>Lithocarpus lepidocarpus</i> (Hayata) Hayata	鬼石櫟	LITLEP
殼斗科	<i>Lithocarpus nantoensis</i> (Hayata) Hayata	南投石櫟	LITNAN
殼斗科	<i>Pasania hancei</i> (Benth.) Schottky var. <i>ternaticupula</i> f. <i>naticupula</i> (Hayata) Liao 1991	三斗柯	PASHAN



殼斗科	<i>Pasania harlandii</i> (Hance) Oerst., 1866	短尾柯	PASHAR
殼斗科	<i>Quercus gilva</i> Blume	赤皮	QUEGIL
殼斗科	<i>Quercus glauca</i> Thunb.	青剛櫟	QUEGLA
殼斗科	<i>Quercus longinux</i> Hayata	錐果櫟	QUELON
殼斗科	<i>Quercus morii</i> Hayata	森氏櫟	QUEMOR
殼斗科	<i>Quercus salicina</i> Blume	狹葉櫟	QUESAL
殼斗科	<i>Quercus sessilifolia</i> Blume	穉子櫟	QUESES
殼斗科	<i>Quercus variabilis</i> Bl., 1850	栓皮櫟	QUEVAR
清風藤科	<i>Meliosma rigida</i> Sieb. & Zucc., 1845	筆羅子	MELRIG
清風藤科	<i>Meliosma squamulata</i> Hance, 1876	綠樟	MELSQU
漆樹科	<i>Rhus succedanca</i> Linn.	山漆	RHUSUC
灰木科	<i>Symplocos caudata</i> Wall., 1837	尾葉灰木	SYMCAU
灰木科	<i>Symplocos grandis</i> Hand.-Mazz., 1943	大葉灰木	SYMGRA
灰木科	<i>Symplocos macrostroma</i> Hayata, 1915	大花灰木	SY 公厘 AC
無患子科	<i>Acer albopurpurascens</i> Hayata, 1911	樟葉槭	ACEALB
無患子科	<i>Acer kawakamii</i> Koidzumi, 1922	尖葉槭	ACEKAW
無患子科	<i>Acer morrisonense</i> Hayata, 1911	紅榨槭	ACEMOR
無患子科	<i>Acer serrulatum</i> Hayata, 1911	青楓	ACESER
無患子科	<i>Dimocarpus longan</i> Lour.	龍眼	DIMLON
無患子科	<i>Acer palmatum</i> Thunb. var. <i>pubescens</i> Li 1952	臺灣掌葉槭	ACEPAL
省沽油科	<i>Turpinia formosana</i> Nakai, 1924	山香圓	TURFOR
胡桃科	<i>Engelhardtia roxburghiana</i> Wall., 1831	黃杞	ENGROX
芸香科	<i>etradium glabrifolium</i> (Champ. ex Benth.) T. Hartley, 1981	賊仔樹	ETRGLA
茜草科	<i>Randia cochinchinensis</i> (Lour.) Merr., 1935	茜草樹	RANCOC
茜草科	<i>Tricalysia dubia</i> (Lindl.) Ohwi, 1941	狗骨仔	TRIDUB
茜草科	<i>Wendlandia formosana</i> Cowan, 1932	水金京	WENFOR
茜草科	<i>Wendlandia uvariifolia</i> Hance, 1870	水錦樹	WENUVA
茶科	<i>Cleyera japonica</i> Thunb. var. <i>longicarpa</i> (Yamamoto) Ling & Hsieh 1996	長果紅淡比	CLEJAP
茶科	<i>Cleyera japonica</i> Thunb. var. <i>morii</i> (Yamamoto) Masam. 1935	森氏紅淡比	CLEMOR
茶科	<i>Gordonia axillaris</i> (Roxb.) Dietr., 1847	大頭茶	GORAXI
茶科	<i>Schima superba</i> Gard. & Champ., 1849	木荷	SCHSUP
蕁樹科	<i>Liquidambar formosana</i> Hance, 1866	楓香	LIQFOR
薔薇科	<i>Eriobotrya deflexa</i> (Hemsl.) Nakai f. <i>deflexa</i> (Hemsl.) Nakai 1918	山枇杷	ERIDEF



薔薇科	<i>Photinia serratifolia</i> (Desf.) Kalkman var. <i>lasiopetala</i> (Hayata) Ohashi 1988	毛瓣石楠	PHOSER
薔薇科	<i>Prunus phaeosticta</i> (Hance) Maxim., 1883	黑星櫻	PRUPHA
薔薇科	<i>Prunus transarisanensis</i> Hayata, 1915	阿里山櫻	PRUTRA
虎皮楠科	<i>Daphniphyllum</i> <i>glaucescens</i> Blume subsp. <i>oldhamii</i> (Hemsl.) Huang 1966	奧氏虎皮楠	DAPGLA
虎皮楠科	<i>Daphniphyllaceae, Daphniphyllum</i>	虎皮楠屬	DAPHNI
衛矛科	<i>Microtropis fokienensis</i> Dunn, 1908	福建賽衛矛	MICFOK
豆科	<i>Acacia confusa</i> Merr., 1910	相思樹	ACACON
豆科	<i>Ormosia formosana</i> Kanehira 1916	臺灣紅豆樹	ORMFOR
鼠刺科	<i>Itea parviflora</i> Hemsl., 1895	小花鼠刺	ITEPAR
--	--	未知(含死亡未知樹種)	UNKNOW
--	--	無樹/漏做	NA

附錄五

重複隨機子取樣驗證法之 R 語言 code (僅附錄跨區分析部分)。



```
set.seed(20)
```

```
CRS.by.point <- matrix(nrow = 1000, ncol = 10, byrow = T)
```

```
colnames(CRS.by.point) <- c('Specificity.train.0', 'Sensitivity.train.1', 'Specificity.test.0',
```

```
                          'Sensitivity.test.1', 'MCC.test', 'Specificity.env.train.0',
```

```
                          'Sensitivity.env.train.1', 'Specificity.env.test.0',
```

```
                          'Sensitivity.env.test.1', 'MCC.env.test')
```

```
ett <- 0
```

```
total.times <- 0
```

```
key.factors.all <- character(0)
```

```
key.factors.env <- character(0)
```

```
key.factors.table <- character(0)
```

```
key.factors.env.table <- character(0)
```

```
failed.times <- numeric(0)
```

```
no.tree.times <- numeric(0)
```

```
while (ett < 1000){
```

```
    total.times <- total.times + 1
```

```
    newDATA.by.point <- DATA.by.point[sample(nrow(DATA.by.point)),]
```

```
    idx <- sample(seq_len(nrow(DATA.by.point)), size = round(0.7 *
```

```
    nrow(DATA.by.point)))
```



```
trainDATA.by.point <- newDATA.by.point[idx,]
testDATA.by.point <- newDATA.by.point[- idx,]

if (nrow(trainDATA.by.point[trainDATA.by.point$PG.pre == 1, ]) < 5 |
nrow(testDATA.by.point[testDATA.by.point$PG.pre == 1, ]) < 1){
  failed.times <- c(failed.times, total.times)
  next
}else{

train.PG.rpart <- rpart(PG.pre ~ FAG.by.VT + MEAN.DBH +
  TEMP.IQR + ANN.PREC + MEAN.TEMP + PREC.IQR,
  method = 'class', data = trainDATA.by.point,
  parms = list(split = 'information'))

train.PG.env.rpart <- rpart(as.factor(PG.pre) ~ ANN.PREC + PREC.IQR +
  TEMP.IQR + MEAN.TEMP, method = 'class', data =
trainDATA.by.point,
  parms = list(split = 'information'))

if (train.PG.rpart$cp[2] == 0 | train.PG.env.rpart$cp[2] == 0 ){
  no.tree.times <- c(no.tree.times, total.times)
  next
}else{
  ett <- ett + 1
```




```
pred.train <- predict(train.PG.rpart, type = 'class')
cof1 <- confusionMatrix(pred.train, as.factor(trainDATA.by.point$PG.pre))

pred.test <- predict(train.PG.rpart, type = 'class', newdata = testDATA.by.point)
cof2 <- confusionMatrix(pred.test, as.factor(testDATA.by.point$PG.pre))

denom1 <-
sqrt((cof2$table[1]+cof2$table[3])*(cof2$table[1]+cof2$table[2])*(cof2$table[4]+cof2$
table[3])*(cof2$table[4]+cof2$table[2]))
if (denom1 == 0) {
  test.mcc <- 0
}else{
  test.mcc <- (cof2$table[1]*cof2$table[4] - cof2$table[2]*cof2$table[3]) /
denom1
}

pred.env.train <- predict(train.PG.env.rpart, type = 'class')
cof3 <- confusionMatrix(pred.env.train, as.factor(trainDATA.by.point$PG.pre))

pred.env.test <- predict(train.PG.env.rpart, type = 'class', newdata =
testDATA.by.point)
cof4 <- confusionMatrix(pred.env.test, as.factor(testDATA.by.point$PG.pre))
```

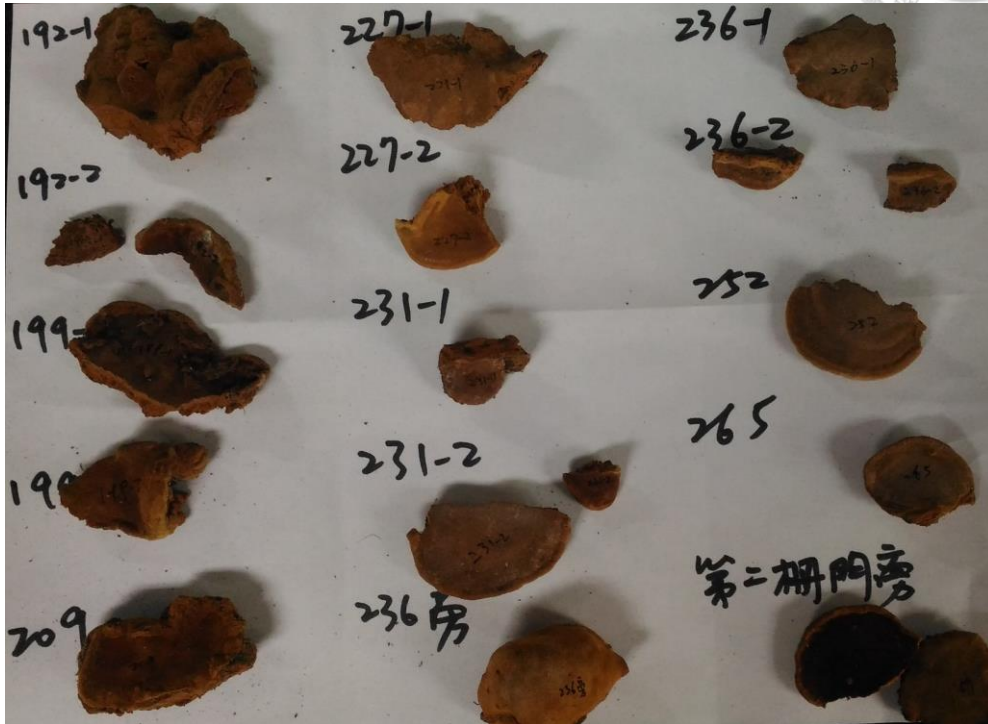


```
denom2 <-  
sqrt((cof4$table[1]+cof4$table[3])*(cof4$table[1]+cof4$table[2])*(cof4$table[4]+cof4$  
table[3])*(cof4$table[4]+cof4$table[2]))  
if (denom2 == 0) {  
  test.env.mcc <- 0  
}else{  
  test.env.mcc <- (cof4$table[1]*cof4$table[4] - cof4$table[2]*cof4$table[3]) /  
denom2  
}  
  
CRS.by.point[ett, ] <- c(cof1$byClass[1], cof1$byClass[2],  
                          cof2$byClass[1], cof2$byClass[2], test.mcc,  
                          cof3$byClass[1], cof3$byClass[2],  
                          cof4$byClass[1], cof4$byClass[2], test.env.mcc)  
  
key.factors.all <- c(key.factors.all, levels(train.PG.rpart$frame$var))  
key.factors.env <- c(key.factors.env, levels(train.PG.env.rpart$frame$var))  
key.factors.table <- c(key.factors.table, unlist(lapply(train.PG.rpart$frame$var,  
as.character)))  
key.factors.env.table <- c(key.factors.env.table,  
unlist(lapply(train.PG.env.rpart$frame$var, as.character)))  
}  
}  
}
```

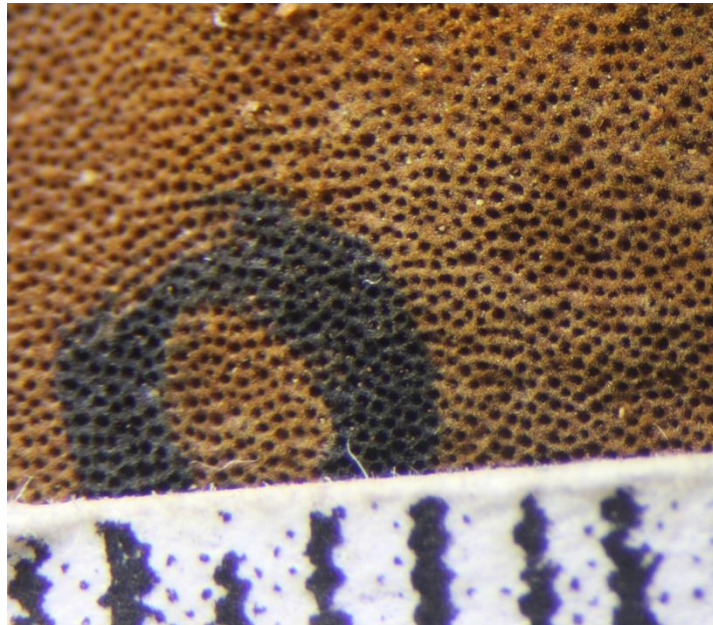


附錄六

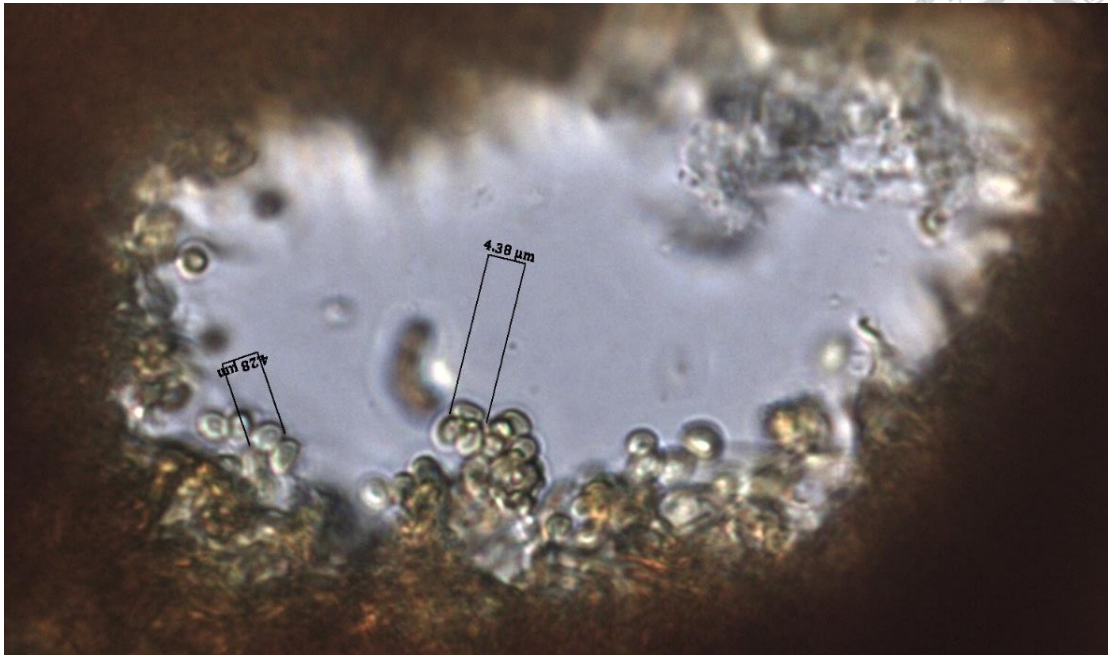
淡黃木層孔菌之標本採集、鑑定照片範例。



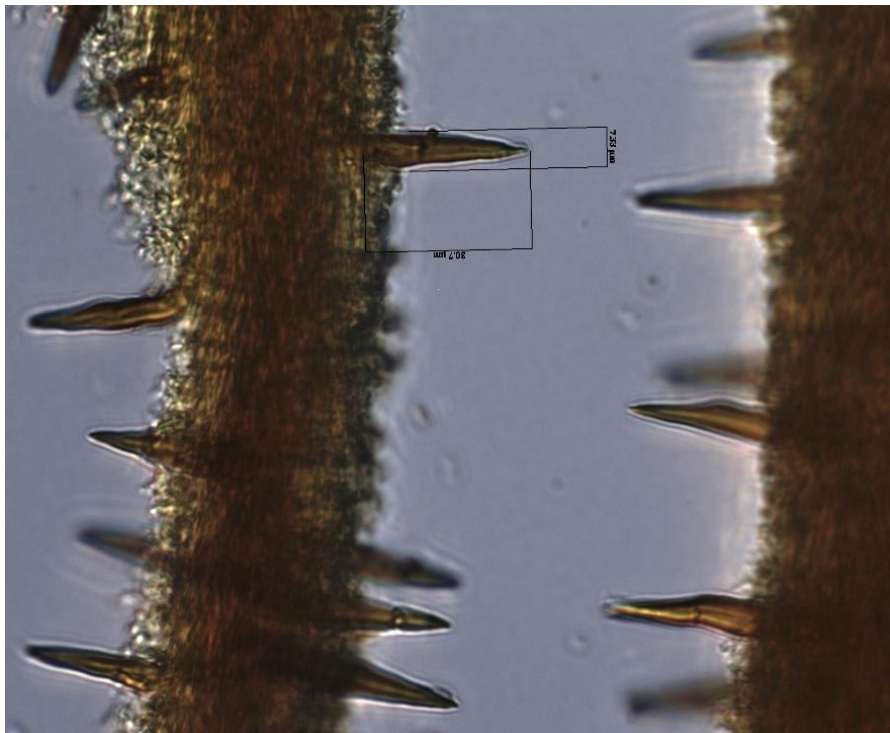
1 標本採集、編號與巨觀型態之鑑定。



2 標本巨觀型態之鑑定：菌孔形狀、密度與大小。



3 標本微觀型態之鑑定：孢子觀察與大小測量。



4 標本微觀型態之鑑定：剛毛(setae)之觀察與尺寸測量。