台灣農業研究 (J. Taiwan Agric. Res.) 68(3):202–214 (2019)
DOI:10.6156/JTAR.201909_68(3).0002

研究報告

Bootstrap 方法在水稻產量坪割估計應用

邱志浩[1]　廖大經[2,*]

摘要

邱志浩、廖大經。2019。Bootstrap 方法在水稻產量坪割估計應用。台灣農業研究 68(3):202–214。

本研究以 2017 年行政院農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所之溪口農場水稻坪割估計產量資料為例，利用蒙地卡羅模擬取樣探討 bootstrap 估計法分別在母體分布及樣本數不同的條件下，其點估計與區間估計的表現，並與傳統參數估計法做比較。研究結果顯示，無論以母體分布為常態或有偏分布，樣本數為小樣本 (n < 30) 或大樣本，bootstrap 與傳統參數估計法在點估計的表現幾乎相同。由於 bootstrap 估計法於估計過程中並未增加新的樣本訊息，因此對於點估計精確度的提升助益不大。在區間估計方面，比較傳統參數估計法、bootstrap normal (BN)、bootstrap percentile (BP) 及 bootstrap-t (Bt) 等 4 種區間估計法在 0.95 的信賴係數下的估計表現。在任何母體分布及樣本數條件下，Bt 估計法之覆蓋機率均達到 0.95 或以上的水準，而 BN 及 BP 估計法僅在母體為常態分布，樣本數 n = 100 時之覆蓋機率始接近 0.95。區間寬度期望值則恆以 BN 及 BP 估計法為最窄，Bt 估計法為最寬。實際上在固定之信賴係數下，覆蓋機率與區間寬度兩者之間常出現此消彼長的現象。本研究顯示在各種母體分布或樣本數之變化下，無論覆蓋機率或區間寬度均以 bootstrap 估計法的表現較佳，說明基於 bootstrap 原理的估計法對於區間估計精確度表現具有相當的穩健性。

關鍵詞：水稻、坪割、bootstrap 估計、蒙地卡羅模擬。

前言

水稻為台灣主要糧食作物，據官方統計資料顯示，2016 年台灣水稻一期稻作之耕作面積為 168,871 ha，占當年度總耕作面積之 22.65% (Council of Agriculture 2016)。基此，水稻產量調查為農業統計之重要項目，舉凡政府公糧收購、產業輔導、國際貿易及農業保險理賠標準，乃至於國家糧食生產與糧食安全等農糧政策之擬定，均須以水稻產量資料為基礎，據此，農政機關特訂定相關辦法，以供執行產量調查。

坪割調查法 (crop cutting surveys; CCS) 是目前世界上普遍使用之水稻產量調查方式，有關 CCS 的抽樣理論及方法，主要在 20 世紀前半葉由印度統計學者所發展 (Mahalanobis 1944, 1946; Hubback 1946)。台灣現行坪割調查方式，主要係依據農糧署所訂定之「台灣地區稻米單位產量調查作業須知」，採取「百株割」坪割方法，即每樣本田設置 4 個基準點，以基準點為中心割取左右上下共 5 行 5 株範圍內共計 25 株稻株，因此每樣本田總計割取 100 株樣本稻株。坪割樣本稻株經脫粒調製後，獲得 100 株之穀粒重量，再依樣本田行株距換算得到每公頃稻穀產量。

上述估計方法係以點估計 (point estimation) 方式，由坪割樣本求得樣本平均值，並由該樣本估值來推估該田區之單位產量 (即母體參數)。但是，由於抽樣誤差的影響，樣本估值恰好等於母體參數的可能性相當小，而且抽樣誤差大小亦無從獲知，對於母體參數

投稿日期：2018 年 10 月 22 日；接受日期：2019 年 2 月 22 日。
* 通訊作者：djliao@dns.caes.gov.tw
[1] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所農藝系助理研究員。台灣 嘉義市。
[2] 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所農藝系副研究員。台灣 嘉義市。

所提供的資訊及做為決策的參考價值助益有限。因此，進一步根據母體參數之樣本估值及其抽樣分布，建立一個信賴機率 (confidence probability) 保證覆蓋母體參數的區間，稱之為信賴區間 (confidence interval)。然而，在實務上有時因為樣本取得困難或抽樣成本太高，以致無法獲得足以提供正確判斷抽樣分布的樣本數。在信賴機率不變的條件下，樣本數減少將影響信賴區間的精確度。為了解決傳統參數統計關於抽樣分布及樣本數的限制，遂有學者以現有的樣本資料建構關於樣本的經驗分布函數 (empirical distribution function; e.d.f.) 來類比 (plug-in) 母體的機率分布，再利用重複取樣 (resampling) 方式從經驗機率分布中抽取樣本，組成重複取樣樣本並估計樣本參數的概念，發展出 jackknife 估計法 (Quenouille 1949, 1956; Tukey 1958) 及 bootstrap 估計法 (Efron 1979) 等非參數統計方法。jackknife 估計法係針對現有樣本，將樣本分為數個彼此互斥的子集，藉由每次刪除 1 個樣本子集後計算剩餘樣本子集的估值，如此窮盡估計刪除後的樣本子集估值，可獲得 1 組虛擬樣本估值 (pseudovalue)，再以此求得 jackknife 估值。jackknife 估計法的優點在於藉由重複取樣可減少估值偏差，其區間估計亦較為穩健 (robust) (Miller 1974)；其缺點為不適用於非線性統計量，例如估計中位數之標準機差 (Efron 1979)。bootstrap 估計法同樣以現有樣本建構經驗分布函數，再從經驗分布函數中以歸還方式進行重複取樣，獲得 1 組與原樣本大小相同的 bootstrap 樣本，並根據已知平均值或標準機差等統計量的計算公式，由 bootstrap 樣本估計獲得 bootstrap 統計量。若以如此歸還重複取樣的方式進行 B 次，則獲得 B 組之 bootstrap 樣本，以及 B 組之 bootstrap 統計量。依據 plug-in 原則，由 1 組原始樣本產生 B 組之 bootstrap 統計量的機率分布，可類比於該統計量由母體連續抽樣之抽樣分布，如此即使在母體分布未知的情況下，亦可對於統計量進行估計。

本研究之目的在於以行政院農業委員會農業試驗所嘉義農業試驗分所 (以下簡稱本分所) 溪口農場之水稻坪割及實際產量資料為例，比較傳統參數估計法 (以下簡稱傳統估計法) 及 bootstrap 估計法對於產量估計之表現，期望藉由探索穩健適當的統計方法提高產量估計的精確度，進而對於農糧政策擬定及稻作產業發展提供可靠的參考依據。

材料與方法

田區設計及栽培管理

本研究為配合執行行政院農業委員會科技計畫「農業生態系長期生態研究與應用」，乃於 2017 年第 1 期作規劃本分所溪口農場田區 (經度 120°24’16”E，緯度 23°34’56”N，海拔 17 m) 設計長邊為東西向，寬邊為南北向，總面積為 7.29 ha。農路將田區分割為南北兩大區，而北大區又劃分為北 1 及北 2 兩區，其中北 1–1 與北 1–2 區分別為水田連作慣行及永續區，北 1–3、北 2–2 及北 2–3 區為水旱輪作慣行區，北 1–4、北 2–1 及北 2–4 區為水旱輪作永續區；另於北 2 區設水旱輪作對照田區一處，小區合計面積為 3.77 ha。南大區又劃分為南 3 及南 4 兩區，其中南 3–1、南 4–1 及南 4–2 區為水田連作慣行區，南 3–2、南 3–3 及南 4–3 為水田連作永續區；另於南 3 區設水田連作對照田區一處，小區合計面積為 3.52 ha。試驗採多本植，行株距 0.30 m × 0.18 m，施肥、水分及病蟲害防治管理依計畫施行。施肥方式在慣行及永續田區之氮肥施用量分別為 180 kg ha^{-1} 及 100 kg ha^{-1}，分為基肥、第 1 次追肥、第 2 次追肥及穗肥等 4 次施用，每次施用量分別為 45 kg ha^{-1} 及 25 kg ha^{-1}。水分管理方式在秧苗成活期至最高分蘗期田區維持水深 3–5 cm，最高分蘗期至幼穗形成期進行排水曬田，幼穗形成期至抽穗期維持水深 5–10 cm，成熟期則以水深 3–5 cm 進行輪灌，收穫前 5–7 d 斷水。病蟲害防治以 10% 撲殺培丹 (Probenazole + cartap hydrochloride) 粒劑防治稻熱病、白葉枯病、二化螟及瘤野螟，用量為 30 kg ha^{-1}；另以 1.5% 福拉比 (Furametpyr) 粒劑防治紋枯病，用量為 20 kg ha^{-1}。

坪割基準點決定及割取方式

每小區設 5 點產量坪割基準點 (即取樣單位)，以小區寬邊距離之 1/2 處做為前進基準點，由該點前進 15 m 處設置第 1 坪割基準點；由第 1 坪割基準點左行 10 m 後再前進 15 m 處設置第 2 坪割基準點；由第 2 坪割基準點右行 10 m 後再前進 15 m 處設置第 3 坪割基準點；由第 3 坪割基準點前進 15 m 後再右行 10 m 處設置第 4 坪割基準點；由第 4 坪割基準點前進 15 m 後再左行 10 m 處設置第 5 坪割基準點。割取方式為百株割，即以每坪割基準點為中心割取 10 行 × 10 株水稻植株，總計 100 株。

坪割稻穀調製及單位面積產量估計

坪割稻株進行脫粒後，穀粒裝入網袋中以日曬方式進行乾燥至含水量 14–15% 後稱取重量，所得重量除以 100 後即單株穀粒重量，該單株穀粒重量乘以 185,704 (即每公頃種植稻株數，行株距以 0.30 m × 0.18 m 計算) 換算得每公頃稻穀產量。

統計分析

本研究利用 2017 年第 1 期作本分所溪口農場北區及南區之水稻坪割資料，分別以假設母體分布已知之傳統估計法及 bootstrap 估計法進行單位面積產量之點估計及信賴區間估計之比較。其中，bootstrap 估計信賴區間使用 3 種估計方法，分別是常態近似法 (bootstrap normal; BN) (Efron & Tibshirani 1986)、百分位法 (bootstrap percentile; BP) 及 bootstrap-*t* 法 (B*t*) (Efron 1981)。另外，以農場南北兩區坪割資料為基礎，利用蒙地卡羅方法 (Monte Carlo method) 模擬在大量簡單隨機取樣情況下，比較不同估計方法在不同樣本數及母體機率分布的條件下其估計表現優劣。分析參數設定如下：bootstrap replications 次數 B 設定為 1,000 次 (Efron & Tibshirani 1986)；蒙地卡羅模擬次數 M 設定為 100,000 次；樣本數設定為 n = 5, 10, 15, 20, 25, 30, 35, 40, 45, 50 及 100 等 11 種大小，目的在於探討各估計法在小樣本 (n < 30) 及大樣本之條件下的估計表現。模擬母體機率分布設定為常態分布及實際有偏分布等兩種情況，其中常態分布分別設定參數為北區坪割資料 (平均值 9,182.69、標準差 2,317.61) 及南區坪割資料 (平均值 8,098.01、標準差 1,487.34)。另外，為了模擬坪割資料的實際機率分布之偏度及峰度，利用 Johnson 分布 (Johnson 1949) 可包含機率分布所有偏度及峰度組合的特性，先將坪割資料轉換配適為偏度及峰度最接近坪割資料之 Johnson 分布，再由該配適之 Johnson 分布中模擬簡單隨機抽樣過程產生樣本進行比較各種估計法之表現。

點估計評估指標為平均絕對偏差 (mean absolute bias error; MABE) 及誤差均方根 (root mean square error; RMSE)；區間估計則以覆蓋機率 (coverage probability; CP) 及區間期望長度 (expected length; EL) 做為評價標準。以下詳述傳統估計法及 bootstrap 估計法對於點估計及區間估計使用之方法。

傳統估計法

點估計：以最大概度法 (maximum likelihood method) 推導參數估式，假設母體 X 為常態分布 $N(\mu, \sigma)$，由母體中隨機抽取樣本數為 n 的一組樣本 $X_1, X_2, ..., X_n$，則概度函數為

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^{n} f(X_i;\theta). \tag{1}$$

令 L 關於參數 θ 的偏微分等於 0，即

$$\frac{\partial}{\partial\theta} L(\theta) = 0. \tag{2}$$

解 (2)，得 θ 之估式 $\hat{\theta}$，若將 $\hat{\theta}$ 代入 (3)

$$\frac{\partial^2}{\partial\theta^2} L(\theta) < 0. \tag{3}$$

關係式成立，則 $\hat{\theta}$ 稱為參數 θ 的最大概度估式 (maximum likelihood estimator; MLE)。本研究假設母體 X 為常態分布 $N(\mu, \sigma)$，根據最大概度法推導其母體平均值 μ 的 MLE 為樣本平均估式 $\overline{X}$，即

$$\hat{\mu} = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} X_i = \overline{X}. \tag{4}$$

區間估計：以樞紐量 (pivotal quantity) 對於母體參數進行區間估計，假設母體 X 為常態分布 $N(\mu, \sigma)$，由母體中隨機抽取樣本數為 n 的一組樣本 $X_1, X_2, ..., X_n$。根據 (4) 式已知 μ 的 MLE 等於 $\overline{X}$，則 $\overline{X}$ 的取樣分布為 $N(\mu, \frac{\sigma^2}{n})$。若 σ 已知，則樞紐量為

$$Z = \frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} \rightarrow N(0,1). \tag{5}$$

設定信賴係數為 $1 - \alpha$，則

$$-Z_{\alpha/2} < \frac{\overline{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}} < Z_{\alpha/2}. \tag{6}$$

母體平均值 μ 的信賴區間為

$$\overline{X} - Z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \mu < \overline{X} + Z_{\alpha/2}\frac{\sigma}{\sqrt{n}}. \tag{7}$$

若 σ 未知，則樞紐量為

$$t = \frac{\overline{X} - \mu}{S/\sqrt{n}} \rightarrow t_{n-1}. \tag{8}$$

(8) 式中 t_{n-1} 表示自由度為 $n - 1$ 的 t 分布。設定信賴係數為 $1 - \alpha$，則

$$-t_{[\alpha/(2,n-1)]} < \frac{\overline{X} - \mu}{S/\sqrt{n-1}} < t_{[\alpha/(2,n-1)]}. \tag{9}$$

母體平均值 μ 的信賴區間為

$$\overline{X} - t_{[(\alpha/(2,n-1)]}\frac{S}{\sqrt{n-1}} < \mu < \overline{X} + t_{[(\alpha/(2,n-1)]}\frac{S}{\sqrt{n-1}}. \tag{10}$$

bootstrap 估計法

原理：假設有未知機率分布母體 F，其待估參數為 $\theta = t(F)$ (本研究中 θ 為母體平均值 μ)，則其 plug-in 估計式為 $\hat{\theta} = t(\hat{F})$。自 F 中抽取一組樣本數為 n 的樣本 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_n)$，將 $1/n$ 的機率配置於每個樣本點 $x_1, x_2, ..., x_n$，如此可根據樣本建構一個經驗分布函數 $\hat{F}$。再從樣本 $\mathbf{x}$ 中進行一次簡單隨機歸還取樣，獲得一組樣本數為 n 的 bootstrap 樣本 $\mathbf{x}_b^* = (x_1^*, x_2^*, ..., x_n^*)$ 及計算 θ 之 bootstrap replication $\hat{\theta}_b^* = s(\mathbf{x}_b^*)$，如此稱為一次 bootstrap 過程。若重複進行 bootstrap 過程 B 次，可獲得 bootstrap 樣本 $\mathbb{x}^* = (\mathbf{x}_1^*, \mathbf{x}_2^*, ..., \mathbf{x}_B^*)$ 及 bootstrap replications $\hat{\boldsymbol{\theta}}^* = (\hat{\theta}_1^*, \hat{\theta}_2^*, ..., \hat{\theta}_B^*)$，為足以估計 $\hat{\theta}$ 之標準誤差 (standard error; se) 及信賴區間。再將 $1/B$ 的機率配置於每個 bootstrap replications $\hat{\theta}_1^*, \hat{\theta}_2^*, ..., \hat{\theta}_B^*$，則可建構關於 $\hat{\theta}$ 之 bootstrap 估計取樣分布。

點估計：令 $\hat{\theta} = s(\mathbf{x})$ 為母體平均值 μ 的樣本估值 $\bar{x}$，則 $\hat{\theta}$ 之近似 bootstrap 期望值 $E_{\hat{F}}(\hat{\theta}_b^*)$ 為

$$\hat{\theta}_{(\cdot)}^* = \textstyle\sum_{b=1}^{B} \hat{\theta}_b^*/B. \tag{11}$$

區間估計：(1) 常態近似法 (BN)：假設有未知機率分布母體 F，其待估參數為 $\theta = t(F)$ (在本研究中 θ 為母體平均值 μ)，則其 plug-in 估計式為 $\hat{\theta} = t(\hat{F})$。自 F 抽取一組樣本數為 n 的樣本 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_n)$，首先根據樣本 $\mathbf{x}$ 估計 θ 得到統計量 $\hat{\theta} = s(\mathbf{x})$，其次以樣本 $\mathbf{x}$ 重複進行 bootstrap 過程 B 次，可獲得 B 組 bootstrap 樣本 $\mathbb{x}^* = (\mathbf{x}_1^*, \mathbf{x}_2^*, ..., \mathbf{x}_B^*)$。由 $\mathbb{x}^*$ 計算 $\hat{\theta}_b^* = s(\mathbf{x}_b^*)$ 獲得 B 個 bootstrap replications $\hat{\boldsymbol{\theta}}^* = (\hat{\theta}_1^*, \hat{\theta}_2^*, ..., \hat{\theta}_B^*)$ 並估計 $\hat{\theta}$ 的標準誤差

$$\hat{\sigma}_B = [\textstyle\sum_{b=1}^{B} (\hat{\theta}_b^* - \hat{\theta}_{(\cdot)}^*)^2/(B-1)]^{1/2}, \tag{12}$$

(12) 式中 $\hat{\theta}_{(\cdot)}^* = \sum_{b=1}^{B} \hat{\theta}_b^*/B$.

根據中心極限定理，當 $n \rightarrow \infty$，則 $\hat{\theta} \mathrel{\dot\sim} N(\theta, \hat{\sigma}_B^2)$，亦即

$$\frac{\hat{\theta} - \theta}{\hat{\sigma}_B} \mathrel{\dot\sim} Z(0,1). \tag{13}$$

Efron & Tibshirani (1993) 指出 (13) 式中 $(\hat{\theta} - \theta)/\hat{\sigma}_B$ 為近似樞紐量 (approximate pivot)。設定信賴係數為 $1 - \alpha$，則

$$-Z_{\alpha/2} < \frac{\hat{\theta} - \theta}{\hat{\sigma}_B} < Z_{\alpha/2}. \tag{14}$$

參數 θ 的近似信賴區間為

$$\hat{\theta} - Z_{\alpha/2}\ \hat{\sigma}_B < \theta < \hat{\theta} + Z_{\alpha/2}\ \hat{\sigma}_B. \tag{15}$$

(2) 百分位法 (BP)：自未知機率分布母體 F 抽取一組樣本數為 n 的樣本 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_n)$，再從樣本 $\mathbf{x}$ 重複進行 bootstrap 過程 B 次，可獲得 B 組 bootstrap 樣本 $\mathbb{x}^* = (\mathbf{x}_1^*, \mathbf{x}_2^*, ..., \mathbf{x}_B^*)$ 及計算 $\hat{\theta}_b^* = s(\mathbf{x}_b^*)$ 獲得 B 個 bootstrap replications $\hat{\boldsymbol{\theta}}^* = (\hat{\theta}_1^*, \hat{\theta}_2^*, ..., \hat{\theta}_B^*)$。將 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 按照由小到大的順序依次排列，若指定信賴係數為 $1 - \alpha$，則關於參數 θ 之百分位信賴區間下界 $\hat{\theta}_L$ 為 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 排序後第 $100 \cdot (\alpha/2)$ 百分位數，即第 $B \cdot (\alpha/2)$ 個值；百分位信賴區間上界 $\hat{\theta}_U$ 則為 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 排序後第 $100 \cdot (1 - \alpha/2)$ 百分位數，亦即第 $B \cdot (1 - \alpha/2)$ 個值。以本研究為例，設定信賴係數 $1 - \alpha = 0.95$，即 $\alpha = 0.05$；bootstrap 過程次數 $B = 1{,}000$。所以 $\hat{\theta}_L$ 等於 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 排序後第 25 個 $\hat{\theta}^*$ 值；$\hat{\theta}_U$ 等於 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 排序後第 976 個 $\hat{\theta}^*$ 值。

(3) bootstrap-t 法 (Bt)：自未知機率分布母體 F 抽取一組樣本數為 n 的樣本 $\mathbf{x} = (x_1, x_2, ..., x_n)$，根據 $\mathbf{x}$ 估計參數 θ 之估值 $\hat{\theta} = s(\mathbf{x})$ 及標準誤差 $\hat{\sigma}_{\hat{\theta}}$。從樣本 $\mathbf{x}$ 進行 bootstrap 過程，可獲得 bootstrap 樣本 $\mathbf{x}_b^*$，計算 bootstrap replication $\hat{\theta}_b^* = s(\mathbf{x}_b^*)$ 與標準誤差 $\hat{\sigma}_b^*$。近似樞鈕量 t_b^* 為

$$t_b^* = \frac{\hat{\theta}_b^* - \hat{\theta}}{\hat{\sigma}_b^*}. \tag{16}$$

如此進行 B 次 bootstrap 過程，可得到 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^* = (\hat{\theta}_1^*, \hat{\theta}_2^*, ..., \hat{\theta}_B^*)$ 及 $\hat{\boldsymbol{\sigma}}^* = (\hat{\sigma}_1^*, \hat{\sigma}_2^*, ..., \hat{\sigma}_B^*)$，進而將 $\hat{\boldsymbol{\theta}}^*$ 及 $\hat{\boldsymbol{\sigma}}^*$ 分別代入 (16) 式求得 $\mathbf{t}^* = (t_1^*, t_2^*, ..., t_B^*)$。對於 $\mathbf{t}^*$ 按照由小到大的順序依次排列，若設定信賴係數為 $1 - \alpha$，則取 $\mathbf{t}^*$ 排序後位於第 $100 \cdot (\alpha/2)$ 及第 $100 \cdot (1 - \alpha/2)$ 百分位之 t^* 值，可建構關於參數 θ 之 bootstrap-t 信賴區間

$$\hat{\theta} - t_{\alpha/2}^* \cdot \hat{\sigma}_{\hat{\theta}} < \theta < \hat{\theta} + t_{1-\alpha/2}^* \cdot \hat{\sigma}_{\hat{\theta}}. \tag{17}$$

以本研究為例，設定信賴係數 $1 - \alpha = 0.95$，即 $\alpha = 0.05$；bootstrap 過程次數 $B = 1{,}000$。所以位於第 $100 \cdot (\alpha/2)$ 及第 $100 \cdot (1 - \alpha/2)$ 百分位之 t^* 值分別是 $t_{(25)}^*$ 及 $t_{(976)}^*$。因此，(17) 式參數 θ 的 bootstrap-t 信賴區間為

$$\theta - t_{(25)}^* \cdot \hat{\sigma}_{\hat{\theta}} < \theta < \hat{\theta} + t_{(976)}^* \cdot \hat{\sigma}_{\hat{\theta}}. \tag{18}$$

點估計及區間估計之評估指標

點估計評估指標：(1) RMSE：

$$\text{RMSE} = [\frac{1}{M} \sum_{B=1}^{M} (\hat{\theta}_B^* - \theta)^2]^{1/2}. \tag{19}$$

(19) 式中，$\hat{\theta}_b^*$ 為參數 θ 之 bootstrap 估值，θ 為已知母體參數值，M 為蒙地卡羅模擬次數，本研究設定蒙地卡羅模擬次數 M 為 100,000 次。

(2) MABE：

$$\text{MABE} = \frac{1}{M} \sum_{B=1}^{M} |(\hat{\theta}_B^* - \theta)|. \tag{20}$$

(20) 式中各參數符號代表意義同 (19) 式說明。

區間估計評估指標：(1) 覆蓋機率：對於真實參數 θ 的區間估式而言，該隨機區間估式能包含真實參數 θ 的機率稱為覆蓋機率 CP，本研究評估區間估計之 CP 的蒙地卡羅模擬演算法如下：

$$\text{CP} = \frac{1}{M} \sum_{i=1}^{M} I(\hat{\theta}_i). \tag{21}$$

(21) 式中，$\hat{\theta}_i$ 代表在進行 M 次模擬簡單隨機抽樣中，第 i 次估計所得到參數 θ 的估值，並由 $\hat{\theta}_i$ 估計求得隨機區間 $(\hat{\theta}_i^L, \hat{\theta}_i^U)$。令 $I(\hat{\theta}_i)$ 為指示函數 (indicator function)，則

$$I(\hat{\theta}_i) = \begin{cases} 1 & , if\ \hat{\theta}_i^L \le \theta \le \hat{\theta}_i^U \\ 0 & , otherwise \end{cases} \quad (22)$$

(2) 區間寬度期望值 (EL)：在本研究中設定信賴係數 $1-\alpha$，若進行蒙地卡羅模擬簡單隨機抽樣產生 M 組信賴區間 $(\hat{\theta}_i^L, \hat{\theta}_i^U)$，$i = 1, 2, ..., M$，其中有 n 組 $(n \le M)$ 信賴區間可覆蓋參數 θ，則期望區間長度為

$$EL = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (\hat{\theta}_i^U - \hat{\theta}_i^L). \quad (23)$$

統計程式撰寫

本研究中所進行之統計分析工作，皆以程式語言 “R” (3.5.1 版) 撰寫執行，其中 bootstrap 估計及蒙地卡羅模擬簡單隨機抽樣係調用 “base” (R Core Team 2018) 套件；原始坪割樣本資料進行 Johnson 分布轉換配適及樣本產生係調用 “SuppDists” (Wheeler 2016) 套件；由於模擬取樣及 bootstrap 估計過程之計算量極為龐大，因此調用 “foreach” (Microsoft Corp. *et al*. 2017) 及 “doParallel” (Microsoft Corp. *et al*. 2018) 等兩組套件以開啟計算機作業系統全部執行緒 (本研究共使用 8 個執行緒) 進行平行運算模式，可大幅提高運算效率減少待機時間。

結果

坪割樣本資料之敘述統計量

2017 年第 1 期作本分所溪口農場南北兩區坪割樣本資料之敘述統計量如表 1 所示，北區坪割樣本數為 45，樣本平均值為 9,183 kg ha^{-1}，樣本標準差為 2,318 kg ha^{-1}，樣本分布檢定顯示不符合常態分布 (P-value = 0.001456)，偏度 (skewness) 為 -0.755，峰度 (kurtosis) 為 -0.573，呈現長尾在左側之負偏態分布。南區坪割樣本數為 35，樣本平均值為 8,098 kg ha^{-1}，樣本標準差為 1,487 kg ha^{-1}，樣本分布檢定顯示符合常態分布 (P-value = 0.133900)，偏度為 0.112，峰度為 0.003。

坪割樣本資料之點估計及區間估計

已知 2017 年第 1 期作本分所溪口農場北區水稻實際單位面積產量為 8,811 kg ha^{-1}；南區為 8,017 kg ha^{-1}。坪割樣本資料對於農場單位面積產量進行點估計及區間估計結果如表 2 所示。在點估計方面，傳統估計法及 bootstrap 估計法對於農場南北兩區之實際單位面積產量均有高估的現象，在農場北區以 bootstrap 估計法高估幅度較較傳統估計法高出 21 kg ha^{-1}；在農場南區兩種估計法的高估幅度相當接近，以參數估計法較 bootstrap 估計法略高出 8 kg ha^{-1}。坪割樣本平均值之標準誤差在農場北區以 bootstrap 估計法較低，較傳統估計法減少 25 kg ha^{-1}；農場南區兩種參數估計法相當接近，傳統估計法較 bootstrap 估計法僅減少 1 kg ha^{-1}。至於傳統估計法、BN 估計法、BP 估計法及 Bt 估計法對於區間估計表現，在 95% 之信心水準下，4 種區間估計法均能覆蓋母體參數實際值，BN 估計法之區間寬度為最窄，顯示 BN 估計法之區間估計精密度最高。

模擬比較各估計方法在不同母體分布及樣本數條件下之估計表現

以蒙地卡羅模擬在不同樣本數及母體參數條件下，比較傳統估計法及 bootstrap 估計之

表 1. 2017 年第 1 期作嘉義溪口農場水稻產量坪割樣本敘述統計量。

Table 1. Descriptive statistics of crop cutting surveys for rice grain yield in the first cropping season of 2017 in Xikou Farm of Chiayi Agricultural Experiment Branch of Taiwan Agricultural Research Institute.

Farm region	Sample size	Average yield ± SD[z] (kg ha^{-1})	Normality test[y] (P-value)	Skewness	Kurtosis
North	45	9,183 ± 2,318	0.001456	-0.755	-0.573
South	35	8,098 ± 1,487	0.133900	0.112	0.003

[z] SD: Standard deviation.
[y] The normality test was analyzed by Shapiro-Wilk test.

表 2. 2017 年第 1 期作嘉義溪口農場水稻產量坪割資料估計結果。

Table 2. The estimation of crop cutting surveys for rice grain yield in the first cropping season of 2017 in Xikou Farm of Chiayi Agricultural Experiment Branch of Taiwan Agricultural Research Institute.

Estimation method[z]	Yield (kg ha^{-1})	Standard error (kg ha^{-1})	Bias (kg ha^{-1})	95% UCI[y]	95% LCI[x]	CI length
North region (Observed yield = 8,811 kg ha^{-1})						
Conventional	9,183	345	372	9,879	8,486	1,393
BN	9,204	320	393	9,809	8,556	1,253
BP	9,204	320	393	9,832	8,558	1,274
B*t*	9,204	320	393	9,750	8,416	1,334
South region (Observed yield = 8,017 kg ha^{-1})						
Conventional	8,098	251	81	8,609	7,587	1,022
BN	8,089	252	73	8,593	7,603	990
BP	8,089	252	73	8,582	7,591	991
B*t*	8,089	252	73	8,624	7,573	1,051

[z] Conventional: conventional parametric; BN: bootstrap normal; BP: bootstrap percentile; and B*t*: bootstrap-*t*.
[y] The upper limit of the 95% confidence interval.
[x] The lower limit of the 95% confidence interval.

點估計及區間估計結果。其中模擬母體機率分布有兩種設定，一是設定農場北區及南區之坪割資料均來自常態分布，目的在於比較四種估計方法對於不同樣本大小之估計表現；另一是以農場北區及南區之原始坪割資料為基礎，通過 Johnson system 轉換模擬產生趨近於原始資料偏態程度之母體，目的在於比較各種估計方法對於偏態母體及抽樣數的估計表現。

模擬母體為常態分布

點估計評估：已知母體為常態分布，傳統估計法及 bootstrap 估計法在不同樣本數條件下對於母體平均值點估計結果如表 3 所示。由於農場南區母體標準差較北區為小，因此兩種估計法對於母體平均值進行點估計所得之 MABE 及 RMSE 指標，亦同樣普遍以南區較小。比較準確度指標 MABE，發現傳統估計法及 bootstrap 估計法之 MABE 均隨著樣本數增加而減少，以樣本數 n 由 5 增加至 10 之 MABE 減少幅度為最大，其後即趨於平緩。農場北區於樣本數 n = 5、15 及 100 等 3 種情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。在其他樣本數情況下，則兩種估計法之 MABE 大小均相同。農場南區則除了在樣本數 n = 5 及 25 等兩種情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而其他樣本數情況下，兩種估計法之 MABE 大小均相同。因此，可認為傳統估計法及 bootstrap 估計法對於點估計準確度的表現大致相同。

比較點估計精密度指標 RMSE，發現隨著樣本數增加，傳統估計法及 bootstrap 估計法之 RMSE 均呈現下降趨勢，尤其在樣本數 n 由 5 增加至 10 的階段中，RMSE 之下降幅度最大，其後樣本數增加而 RMSE 下降幅度即趨於平緩。農場北區僅於樣本數 n = 35 的情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而在其他樣本數情況下，則兩種估計法之 RMSE 大小均相同。農場南區則在樣本數 n = 5、10、25 及 35 等 4 種情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而在其他樣本數情況下，兩種估計法之 RMSE 大小均相同。因此，可認為傳統估計法及 bootstrap 估計法對於點估計精密度的表現亦大致相同。

區間估計評估：已知母體為常態分布，設定信賴區間之信賴水準為 0.95，比較傳統估計法、BN 估計法、BP 估計法及 B*t* 估計法在不同樣本數條件下對於母體平均值區間估計結果如表 4 所示。四種區間估計法在農場北區及南區之覆蓋機率完全相同，然而因為農場南區母體分布之標準差較北區小，因此農場南區之區間寬度期望值普遍較北區為窄。BN 及 BP

表 3. 模擬取樣自農場北區及南區常態分布母體樣本點估計結果。

Table 3. The results of point estimation from normal distribution of group simulation sampling in Xikou Farm's northern and southern regions[z].

	MABE		RMSE	
Sample size	Conventional	Bootstrap	Conventional	Bootstrap
North region				
$n = 5$	826	827	1,035	1,035
$n = 10$	586	586	733	733
$n = 15$	478	479	600	600
$n = 20$	414	414	519	519
$n = 25$	370	370	463	463
$n = 30$	338	338	423	423
$n = 35$	313	313	391	392
$n = 40$	293	293	367	367
$n = 45$	276	276	346	346
$n = 50$	262	262	328	328
$n = 100$	184	185	232	232
South region				
$n = 5$	530	531	664	665
$n = 10$	376	376	470	471
$n = 15$	307	307	385	385
$n = 20$	266	266	333	333
$n = 25$	237	238	297	298
$n = 30$	217	217	272	272
$n = 35$	201	201	251	252
$n = 40$	188	188	235	235
$n = 45$	177	177	222	222
$n = 50$	168	168	211	211
$n = 100$	119	119	149	149

[z] MABE: mean absolute bias error; RMSE: root mean square error.

估計法僅在樣本數 n = 100 時其覆蓋機率達 0.95，在其他樣本數情況下均未達 0.95。然而，區間寬度期望值卻較傳統估計法及 Bt 估計法為窄，在 $n \geq 15$ 的情況下，概以 BN 估計法為四種估計法中最窄者。實際上，當樣本數 $n \geq 25$，BN 及 BP 估計法之覆蓋機率即達 0.94，犯第一型錯誤 (type I error) 的機率雖然增加 0.01，然而區間估計之精密度卻有所提高。以農場北區為例，n = 25 以 BN 估計法所得之區間寬度期望值較傳統估計法縮減 130 kg ha^{-1}。因此若母體分布已知，不希望因為提高樣本數造成抽樣成本的負擔，BN 及 BP 估計法不失為值得考慮採用的區間估計法。

模擬母體為偏態分布

將農場北區及南區坪割資料配適轉換為 Johnson 分布，藉此模擬產生偏態母體。轉換後母體參數之敘述統計量分別為，北區：平均值 9,234.51 kg ha^{-1}、標準差 2,178.65 kg ha^{-1}、偏度 -0.7999、峰度 -0.2843。南區：平均值 8,098.01 kg ha^{-1}、標準差 1,465.94 kg ha^{-1}、偏度 0.1121、峰度 0.0224。

點估計評估：已知母體為偏態分布，傳統估計法及 bootstrap 估計法在不同樣本數條件下，對於母體平均值點估計結果如表 5 所示。比較兩種估計法在農場北區及南區之 MABE 及 RMSE 指標表現，發現普遍以南區較小。比較準確度指標 MABE，發現傳統估計法及 bootstrap 估計法之 MABE 均隨著樣本數增加而減少，以樣本數 n 由 5 增加至 10 之 MABE 減少幅度為最大，其後即趨於平緩。農場北區於樣本數 n = 5 及 10 等兩種情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而在其他樣本數情況下，兩種估計法之 MABE 大小均相同。農場南區則僅在樣本數 n = 10 的情況下，

表 4.　模擬取樣自農場北區及南區常態分布母體樣本區間估計結果。

Table 4.　The results of interval estimation from normal distribution of group simulation sampling in Xikou Farm's northern and southern regions[z].

Sample size	Coverage probability				Expected length			
	Conventional	BN	BP	B*t*	Conventional	BN	BP	B*t*
North region								
$n = 5$	0.950	0.846	0.838	0.950	5,547	3,608	3,566	8,880
$n = 10$	0.950	0.905	0.902	0.950	3,265	2,701	2,699	3,527
$n = 15$	0.950	0.921	0.920	0.950	2,542	2,250	2,254	2,627
$n = 20$	0.951	0.930	0.929	0.951	2,153	1,968	1,974	2,197
$n = 25$	0.951	0.935	0.934	0.951	1,902	1,772	1,778	1,929
$n = 30$	0.951	0.937	0.937	0.950	1,723	1,624	1,630	1,742
$n = 35$	0.951	0.939	0.939	0.951	1,586	1,508	1,513	1,601
$n = 40$	0.950	0.940	0.940	0.950	1,477	1,414	1,419	1,489
$n = 45$	0.950	0.941	0.941	0.950	1,388	1,335	1,340	1,398
$n = 50$	0.950	0.942	0.942	0.951	1,313	1,268	1,273	1,322
$n = 100$	0.950	0.946	0.946	0.950	918	902	906	923
South region								
$n = 5$	0.950	0.845	0.838	0.950	3,560	2,316	2,289	5,699
$n = 10$	0.950	0.905	0.902	0.950	2,095	1,733	1,732	2,263
$n = 15$	0.950	0.921	0.920	0.950	1,631	1,444	1,447	1,686
$n = 20$	0.951	0.930	0.929	0.951	1,382	1,263	1,267	1,410
$n = 25$	0.951	0.935	0.934	0.951	1,221	1,137	1,141	1,238
$n = 30$	0.951	0.937	0.937	0.950	1,106	1,042	1,046	1,118
$n = 35$	0.951	0.939	0.939	0.951	1,018	968	971	1,027
$n = 40$	0.950	0.940	0.940	0.950	948	907	911	956
$n = 45$	0.950	0.941	0.941	0.950	891	857	860	897
$n = 50$	0.950	0.942	0.942	0.951	843	814	817	848
$n = 100$	0.950	0.946	0.946	0.950	589	579	582	592

[z] Conventional: conventional parametric; BN: bootstrap normal; BP: bootstrap percentile; and B*t*: bootstrap-*t*.

bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而在其他樣本數情況下，兩種估計法之 MABE 大小均相同。因此，可認為傳統估計法及 bootstrap 估計法對於點估計準確度的表現大致相同。

比較兩種估計法之 RMSE 表現，發現隨著樣本數增加，傳統估計法及 bootstrap 估計法之 RMSE 均呈現下降趨勢，尤其以樣本數 n 由 5 增加至 10，其 RMSE 下降幅度最大，其後樣本數增加而 RMSE 下降幅度即趨於平緩。農場北區與南區僅分別在樣本數 $n = 25$ 及 15 之情況下，以 bootstrap 估計法較傳統估計法略高 1 kg ha^{-1}。而在其他樣本數情況下，兩種估計法之 RMSE 大小均相同。因此，可認為傳統估計法及 bootstrap 估計法對於點估計精密度的表現亦大致相同。

區間估計評估：已知農場北區及南區母體分布有不同偏度及峰度，設定信賴區間之信賴水準為 0.95，比較傳統估計法、BN 估計法、BP 估計法及 B*t* 估計法在不同樣本數條件下對於母體平均值區間估計結果，如表 6 所示。農場北區母體分布型態為長尾在左側之負偏態分布，傳統估計法僅在樣本數 $n \geq 50$ 其覆蓋機率方相當接近 0.95 的水準；而三種 bootstrap 估計法在所有樣本數條件下，僅有 B*t* 估計法之覆蓋機率達到 0.95 或以上，BN 及 BP 估計法則均未達 0.95 的水準。雖然 B*t* 估計法之覆蓋機率的表現最佳，但是區間寬度期望值也是四種估計法當中最寬者。當樣本數 $n = 45$，BN 及 BP 估計法之覆蓋機率相當接近 0.94，然而區間寬度期望值卻較傳統估計法分別減少 50 kg ha^{-1} 及 48 kg ha^{-1}。因此，若母體為有偏分布，在控制抽樣成本的考慮下，選擇 BN 及 BP 估計法進行區間估計可獲得大致滿意之覆

表 5. 模擬取樣自農場北區及南區偏態分布母體樣本點估計結果。

Table 5. The results of point estimation from skewed distribution of group simulation sampling in Xikou Farm's northern and southern regions[z].

Sample size	MABE		RMSE	
	Conventional	Bootstrap	Conventional	Bootstrap
North region (mean = 9,235; standard deviation = 2,179; skewness = -0.7999; kurtosis = -0.2843)				
$n = 5$	788	789	979	979
$n = 10$	555	556	692	692
$n = 15$	454	454	567	567
$n = 20$	393	393	490	490
$n = 25$	351	351	438	439
$n = 30$	320	320	400	400
$n = 35$	297	297	371	371
$n = 40$	277	277	347	347
$n = 45$	262	262	327	327
$n = 50$	248	248	310	310
$n = 100$	175	175	220	220
South region (mean = 8,098; standard deviation = 1,466; skewness = 0.1121; kurtosis = 0.0224)				
$n = 5$	523	523	655	655
$n = 10$	370	371	464	464
$n = 15$	303	303	379	380
$n = 20$	262	262	328	328
$n = 25$	234	234	293	293
$n = 30$	214	214	268	268
$n = 35$	198	198	248	248
$n = 40$	185	185	232	232
$n = 45$	175	175	219	219
$n = 50$	166	166	207	208
$n = 100$	117	117	147	147

[z] MABE: mean absolute bias error; RMSE: root mean square error.

蓋機率及最窄區間寬度期望值。農場南區母體分布型態略呈正偏態，傳統估計法及 Bt 估計法在所有樣本數條件下之覆蓋機率均為 0.95，而 BN 及 BP 估計法僅在樣本數 n = 100 時覆蓋機率方接近到 0.95。區間寬度期望值在樣本數 $n \leq 10$ 以 BP 估計法為最窄，其他樣本數條件下則以 BN 估計法最窄，而 Bt 估計法區的間寬度期望值為所有樣本數條件下之最寬者。與農場北區不同的是，農場南區樣本數 n = 30 時，BN 及 BP 估計法之覆蓋機率即相當接近 0.94，此時區間寬度期望值較傳統估計法分別減少 63 kg ha^{-1} 及 59 kg ha^{-1}。

討論

bootstrap 估計原理係在母體分布未知的情況下，根據既有的樣本資料，建構出一組類比於母體分布之經驗分布。再從原始樣本中以歸還取樣方式大量重複取出樣本數與原始樣本相同之 bootstrap 樣本，並由 bootstrap 樣本中計算統計量，形成一組新的 bootstrap 統計量分布，藉此間接推估某些難以推導出解析式之母體參數特徵或進行區間估計。因此，決定 bootstrap 估計表現好壞的因素，取決於樣本與母體分布的近似程度。本研究中傳統估計法及 bootstrap 估計法對於母體未知參數之點估計表現幾乎相同 (表 3 及表 5)，事實上，若要提高點估計的精確度，惟有增加樣本數及調整取樣方式，以減少取樣誤差與系統誤差。由以上 bootstrap 估計過程可知並未增加額外的樣本資訊，因此對於點估計精確度的增加助益不大。

對於研究人員而言，區間估計所提供訊息量通常較點估計更為豐富。然而有時因客觀環

境的限制，研究人員所能得到的樣本數極為有限，甚至僅有一次取樣機會。鑒於多數情況下無法滿足傳統估計法對於區間估計所加諸之條件，bootstrap 估計法之價值在捨棄或減少傳統估計法的限制，並將樣本資料中所包含的資訊完全榨取殆盡，盡可能將母體分布類比出來，進而建構具合理精確度之信賴區間。以農場北區母體為負偏態分布為例 (表 6)，僅有 B*t* 估計法在所有樣本數條件下覆蓋機率均保持 0.95 或以上的水準。又例如在小樣本數 (n = 5 及 n = 10) 的極端情況下，BN 及 BP 估計法之區間寬度期望值遠較其他兩種估計法為窄，尤以 BP 估計法的表現最佳，可見 bootstrap 估計法對於區間估計精確度表現具有相當的穩健性。一般區間估計之覆蓋機率 (準確度) 及區間寬度 (精密度) 大小往往是互相消長，高覆蓋機率 (準確度高) 伴隨大區間寬度 (精密度低)，反之亦然。很少有一種估計法對於評估區間估計之兩項指標有一致最佳表現，研究人員通常必須在抽樣成本、估計準確度及精密度三者之中採取折衷取捨，以期投入最經濟的抽樣成本，獲得最大的估計效率。就本研究結果顯示，在小樣本數 n = 15 至 n = 25 的情況下，BP 估計法的準確度雖略低於傳統估計法，但是精密度卻較傳統估計法相對提高。因此，若受限於預算經費而難以增加調查樣本數，則 BP 估計法是值得考慮使用的區間估計方法。

誌謝

本研究承行政院農業委員會科技計畫 106 農科-8.2.2-農-C2 經費挹注，試驗規劃、調查及資料整理承農業試驗所農業化學組陳琦玲博士、本分所溪口農場許錦城、張慶榮、張宏謀及劉秀蓁等同仁協助，特此誌謝。

表 6. 模擬取樣自農場北區及南區偏態分布母體樣本區間估計結果。

Table 6. The results of interval estimation from skewed distribution of group simulation sampling in Xikou Farm's northern and southern regions[z].

Sample size	Coverage probability				Expected length			
	Conventional	BN	BP	B*t*	Conventional	BN	BP	B*t*
North region (mean = 9,235; standard deviation = 2,179; skewness = -0.7999; kurtosis = -0.2843)								
n = 5	0.909	0.815	0.822	0.946	5,394	3,530	3,453	11,396
n = 10	0.929	0.885	0.894	0.963	3,135	2,601	2,582	3,779
n = 15	0.935	0.907	0.915	0.964	2,428	2,153	2,146	2,654
n = 20	0.940	0.918	0.925	0.964	2,051	1,877	1,874	2,168
n = 25	0.941	0.925	0.931	0.963	1,809	1,686	1,685	1,883
n = 30	0.943	0.929	0.934	0.962	1,637	1,544	1,545	1,690
n = 35	0.943	0.932	0.936	0.961	1,506	1,432	1,434	1,546
n = 40	0.944	0.933	0.938	0.959	1,402	1,342	1,344	1,434
n = 45	0.944	0.935	0.939	0.958	1,317	1,267	1,269	1,344
n = 50	0.945	0.937	0.941	0.958	1,246	1,203	1,205	1,268
n = 100	0.945	0.941	0.943	0.953	870	855	857	879
South region (mean = 8,098; standard deviation = 1,466; skewness = 0.1121; kurtosis = 0.0224)								
n = 5	0.950	0.845	0.838	0.950	3,508	2,282	2,255	5,624
n = 10	0.950	0.905	0.903	0.950	2,065	1,708	1,707	2,232
n = 15	0.950	0.921	0.920	0.950	1,607	1,423	1,426	1,663
n = 20	0.951	0.930	0.930	0.951	1,362	1,245	1,248	1,390
n = 25	0.951	0.934	0.934	0.951	1,203	1,121	1,124	1,221
n = 30	0.951	0.937	0.937	0.951	1,090	1,027	1,031	1,102
n = 35	0.951	0.939	0.939	0.951	1,003	954	957	1,013
n = 40	0.950	0.940	0.940	0.950	934	894	897	942
n = 45	0.950	0.941	0.941	0.950	878	844	848	885
n = 50	0.950	0.942	0.942	0.951	831	802	805	836
n = 100	0.950	0.946	0.946	0.950	581	571	573	584

[z] Conventional: conventional parametric; BN: bootstrap normal; BP: bootstrap percentile; and B*t*: bootstrap-*t*.

引用文獻

Council of Agriculture. 2016. Agricultural Statistics Yearbook . Council of Agriculture, Executive Yuan. Taipei, Taiwan. 393 pp. (in Chinese)

Efron, B. 1979. Bootstrap methods: Another look at the jackknife. Ann. Stat. 7:1–26.

Efron, B. 1981. Nonparametric standard errors and confidence intervals. Can. J. Stat. 9:139–158.

Efron, B. and R. Tibshirani. 1986. Bootstrap methods for standard errors, confidence intervals, and other measures of statistical accuracy. Stat. Sci. 1:54–75.

Efron, B. and R. Tibshirani. 1993. An Introduction to the Bootstrap. Chapman & Hall. New York, NY. 436 pp.

Hubback, J. A. 1946. Sampling for rice yield in Bihar and Orissa. Sankhyā 7:281–294.

Johnson, N. L. 1949. Systems of frequency curves generated by methods of translation. Biometrika 36: 149–176.

Mahalanobis, P. C. 1944. On large-scale sample surveys. Phil. Trans. Roy. Soc. 231:329–451.

Mahalanobis, P. C. 1946. Sample surveys of crop yields in India. Sankhyā 7:269–280.

Microsoft Corp., C. Rich, and S. Weston. 2017. Foreach: Provides foreach looping construct for R. R package version 1.4.4. https://cran.r-project.org/package=foreach (visit on 10/8/2018)

Microsoft Corp., R. Calaway, D. Tenenbaum, and S. Weston. 2018. doParallel: Foreach parallel adaptor for the “parallel” package. R package version 1.0.14. https://cran.r-project.org/package=doparallel (visit on 10/8/2018)

Miller, R. G. 1974. The jackknife- A review. Biometrika 61:1–15.

Quenouille, M. H. 1949. Approximate tests of correlation in time-series. J. R. Statist. Soc. B. 11:68–84.

Quenouille, M. H. 1956. Notes on bias in estimation. Biometrika 43:353–360.

R Core Team. 2018. R: A language and environment for statistical computing. http://softlibre.unizar.es/manuales/aplicaciones/r/fullrefman.pdf (visit on 10/8/2018)

Tukey, J. W. 1958. Bias and confidence in not-quite large samples (abstract). Ann. Math. Statist. 29:614.

Wheeler, B. 2016. SuppDists: Supplementary distributions. R package version 1.1-9.4. https://cran.r-project.org/package=suppdists (visit on 10/8/2018)

Studies on Application of Bootstrap Method to Estimate the Crop Cutting Surveys of Rice Grain Yield

Chih-Hao Chiu[1] and Dah-Jing Liao[2,*]

Abstract

Chiu, C. H. and D. J. Liao. 2019. Studies on application of bootstrap method to estimate the crop cutting surveys of rice grain yield. J. Taiwan Agric. Res. 68(3):202–214.

This study used the data collected from Xikou Farm of Chiayi Agricultural Experiment Branch of Taiwan Agricultural Research Institute in 2017 to estimate the crop cutting surveys of rice grain yield. Monte simulation of sampling was adopted to realize the performance between the point estimation and interval estimation, while bootstrap method was in the conditions of different group distributions and different samplings, then it was compared to conventional parametric estimation. The results showed that point estimation from bootstrap and parametric estimation was nearly identical, no matter the group distribution was normal or skewed distribution, or the sampling size was small (n < 30), or large sample. The bootstrap method of point estimation did not add new sampling information, so it could not increase precision of point estimation a lot. In the interval estimation, compared to the performances of 4 interval estimations of conventional parametric estimation, bootstrap normal (BN), bootstrap percentile (BP) and bootstrap-*t* (B*t*) in 0.95 confidence coefficient, the coverage probability of B*t* reached 0.95 or higher in the conditions of any group distributions and samplings. BN and BP reached nearly 0.95, while its group was normal distribution and its sample size was 100. Expected length of BN and BP were narrower than others, but B*t* was the widest one. In reality, both coverage probability and expected length varied alternatively while confidence coefficient was fixed. This study showed that in the conditions of various group distributions and samplings, the coverage probability and expected length from bootstrap methods got the best performances, implying that bootstrap method was relatively robust to estimate the performance of the interval estimation precisely.

Key words: Rice, Crop cutting surveys, Bootstrapping, Monte Carlo simulation.

Received: October 22, 2018; Accepted: February 22, 2019.

* Corresponding author, e-mail: djliao@dns.caes.gov.tw

1 Assistant Research Fellow, Agronomy Department, Chiayi Agricultural Experiment Branch, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

2 Associate Research Fellow, Agronomy Department, Chiayi Agricultural Experiment Branch, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.