Umstellen Biomassenschätzfunktion Poorter mit Quadratischer Ergänzung

y = a + b1\*x + b2\*x2

y = b2\*x2+ b1\*x + a | -a

y-a = b2\*x2 + b1\*x | :b2

(y-a)/b2 = x2 + (b1/b2)\*x | quadratische Ergänzung von b: a2+ 2\*a\*b + b2

Wenn man unsere Funktion x2 + (b1/b2)\*x mittels der Binomischen Formel (a+b)2 = a2+ 2\*a\*b + b2 quadratisch ergänzen will, dann ist x = a und (b1/b2) enthält den Teil 2\*a\*b. Wenn wir also b berechnen wollen, müssen wir den Faktor mit dem a (bzw. x) multipliziert wird durch 2 dividieren.

a2 + 2\*b\*a + b2

x2 + (b1/b2)\*x + ((b1/b2)/2)2 - ((b1/b2)/2)2

Das sieht dann so aus:

(y-a)/b2 = x2 + (b1/b2)\*x + ((b1/b2)/2)2 - ((b1/b2)/2)2 | binomische Formel anwenden: (a+b)2

(y-a)/b2 = (x+((b1/b2)/2))2 - ((b1/b2)/2)2 | + ((b1/b2)/2)2

((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2 = (x+((b1/b2)/2))2 | Wurzel ziehen

Sqrt(((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) = x + ((b1/b2)/2) | - ((b1/b2)/2)

Sqrt(((y-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) - ((b1/b2)/2) = x

Da in Poorter et al. steht, dass es sich bei y und x um die log10-transformed Wurzel (x) und Stamholz (y) Masse in g handelt, muss die Formel also folgendermaßen aussehen:

Sqrt(((log10(y)-a)/b2) + ((b1/b2)/2)2) - ((b1/b2)/2) = log10(x)

Die Input Variable Stammasse in kg (y\_kg) habe ich darum in Gramm umgerechnet und log10 transformed:

Log10(y\_kg\*1000)

Und am Ende habe ich das Ergebnis für x (welches nicht negativ sein kann, daher Betrag) dann rücktransformed und in Kilo umgerechet:

x\_kg = 10 |x| / 1000

Umstellen Biomassenschätzfunktion Poorter mit Quadratischer Formel

y = a + b1\*x + b2\*x2

y = b2\*x2+ b1\*x + a | -y

0 = b2\*x2+ b1\*x + a-y | a, b, c für quadratische Funktion ablesen

Das hier ist die quadratische Formel:

a\*x2 + b\*x + c = 0 🡪 

In unserem Fall also:

x1 = ( - b1 **+** sqrt( b12 – [4\*b2\*(a-y)] ) ) / 2\* b2

und

x2 = ( - b1 **–** sqrt( b12 – [4\*b2\*(a-y)] ) ) / 2\* b2

Hier weiß ich nicht, wie ich zwischen den beiden Nullstellen wählen soll. Aktuell gehe ich so vor, dass ich den größere der beiden Werte für auswähle, wobei der Wert über 0 sein muss und kleiner als die Input Biomasse des Stammholzes:

ifelse(bg.kg.x1 <= 0 & bg.kg.x2 <= ag | bg.kg.x1 <= bg.kg.x2 & bg.kg.x2 <= ag, bg.kg.x2,

ifelse(bg.kg.x1 >= 0 & bg.kg.x1 <= ag | bg.kg.x1 > bg.kg.x2 & bg.kg.x1 <= ag, bg.kg.x1, NA))

wobei:

bg.kg.x1 x1

bg.kg.x2 x2

ag oberirdische (aboveground) Biomasse in kg (Stammasse)