Biomass\_DBH\_allometry

## 1. บทนำ

ในการวิเคราะห์นี้จะพยายามอธิบายความสัมพันธ์ระหว่าง D2H และ AGB ว่าแตกต่างกันหรือไม่ระหว่าง clone

* ถ้าแตกต่างกัน จะต้องใช้สมการ allometry แตกต่างกันระหว่าง clone
* ถ้าไม่แตกต่างกัน สามารถใช้ข้อมูลร่วมกันเพื่อสร้าง allometry เดียวได้เลย

## 2. นำข้อและอธิบายข้อมูล

ข้อมูลจากทางกรมป่าไม้ แสดงค่าของต้นไม้จำนวน 4 clone โดยวัดค่าต่อไปนี้

* DBH = เส้นผ่านศูนย์กลางเพียงอก (diameter at breast height) หน่วย cm
* H = ค่าความสูง (height) หน่วย m
* D2H = ค่า DBH ยกกำลังสอง คูณด้วยค่า H หน่วย
* AGB = มวลชีวภาพเหนือพื้นดิน (Aboveground biomass) หน่วย kg

library(tidyverse)  
library(readxl)  
  
biomass <- read\_excel("allometry\_RDF.xlsx")  
biomass

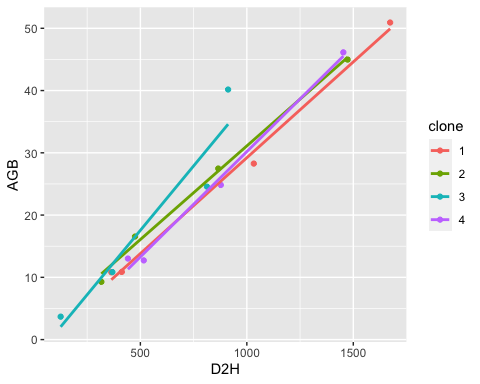
# A tibble: 16 × 5  
 clone DBH H D2H AGB  
 <dbl> <dbl> <dbl> <dbl> <dbl>  
 1 1 6.8 8.93 413. 10.9   
 2 1 6.1 9.77 364. 10.8   
 3 1 9.3 11.9 1033. 28.3   
 4 1 11.5 12.6 1673. 50.9   
 5 2 5.9 9.1 317. 9.28  
 6 2 7.3 8.91 475. 16.6   
 7 2 8.9 10.9 866. 27.5   
 8 2 10.9 12.4 1473. 45.0   
 9 3 4.5 6.2 126. 3.68  
10 3 6.4 9 369. 10.8   
11 3 8.6 11.0 813. 24.6   
12 3 10 9.12 912 40.2   
13 4 7 9.01 441. 13.0   
14 4 7.5 9.17 516. 12.7   
15 4 9.3 10.2 878. 24.8   
16 4 11.6 10.8 1453. 46.1

## 3. วิเคราะห์ความแตกต่างของความชันระหว่างพื้นที่

เริ่มต้นจากการวาดภาพเพื่อแสดงความสัมพันธ์ระหว่าง D2H และ AGB ว่าแตกต่างกันหรือไม่ระหว่าง clone

biomass %>%   
 ggplot(aes(x = D2H, y = AGB, color = factor(clone))) +  
 geom\_point() +  
 geom\_smooth(method = "lm", se = F) +  
 labs(color = "clone")

`geom\_smooth()` using formula = 'y ~ x'



จะเส้นว่าความชันของแต่ละเส้นนั้น ไม่แตกต่างกันมา ยกเว้น clone 3 ที่อาจจะชันกว่า clone อื่น ๆ เล็กน้อย

เราสามารถวิเคราะห์ว่า slope มีความแตกต่างกันจริงหรือไม่ระหว่าง clone โดยการทำ Analysis of Covariance (ANCOVA) ซึ่งถ้า slope แตกต่างกันจริง ค่าสัมประสิทธิ์ (coefficient) ของพจน์ปฏิสัมพันธ์ (interaction term) ในสมการนี้จะต้องมีค่าต่างจาก 0 อย่างมีนัยสำคัญ

biomass\_lm <- lm(AGB ~ D2H + clone + D2H:clone, data = biomass)  
biomass\_ancova <- anova(biomass\_lm)  
biomass\_ancova

Analysis of Variance Table  
  
Response: AGB  
 Df Sum Sq Mean Sq F value Pr(>F)   
D2H 1 3212.4 3212.4 223.2084 4.068e-09 \*\*\*  
clone 1 3.1 3.1 0.2120 0.6534   
D2H:clone 1 6.7 6.7 0.4622 0.5095   
Residuals 12 172.7 14.4   
---  
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

จากผลการวิเคราะห์ข้างต้น แสดงให้เห็นว่า

* ความแตกต่างระหว่าง clone ไม่มีนัยสำคัญที่ P = 0.6534
* ปฏิสัมพันธ์ระหว่าง D2H:clone ไม่มีนัยสำคัญที่ P = 0.5095

ดังนั้นข้อมูลจาก clone ทั้ง 4 ไม่มีความแตกต่างกันอย่างมนัยสำคัญ สามารถรวมข้อมูลเพื่อผลิตสมการเดียวกันได้เลย โดยจะได้สมการดังต่อไปนี้

Intercept และ slope จะมาจากการวิเคราะห์ linear regression ระหว่าง D2H และ AGB

biomass\_lm <- lm(AGB ~ D2H, data = biomass)  
summary(biomass\_lm)

Call:  
lm(formula = AGB ~ D2H, data = biomass)  
  
Residuals:  
 Min 1Q Median 3Q Max   
-3.8672 -1.4960 -0.3885 0.2990 11.8386   
  
Coefficients:  
 Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)   
(Intercept) -0.479355 1.770874 -0.271 0.791   
D2H 0.031584 0.002011 15.702 2.77e-10 \*\*\*  
---  
Signif. codes: 0 '\*\*\*' 0.001 '\*\*' 0.01 '\*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1  
  
Residual standard error: 3.61 on 14 degrees of freedom  
Multiple R-squared: 0.9463, Adjusted R-squared: 0.9424   
F-statistic: 246.6 on 1 and 14 DF, p-value: 2.774e-10

สมการที่ได้จึงเป็นดังนี้ โดยมี = 0.9424

และกราฟที่ได้จะเป็นภาพดังนี้

ggplot(aes(x = D2H, y = AGB), data = biomass) +  
 geom\_point() +  
 geom\_smooth(method = "lm", se = F)

`geom\_smooth()` using formula = 'y ~ x'

