# MAT-466: Modelo de regresión no lineal

# Felipe Osorio

http://fosorios.mat.utfsm.cl

Departamento de Matemática, UTFSM



Considere el conjunto de ecuaciones de regresión:

$$Y_i = f(\boldsymbol{x}_i; \boldsymbol{\theta}) + \epsilon_i, \qquad i = 1, \dots, n,$$
 (1)

donde  $Y_i$  denota las respuestas observadas,  $\boldsymbol{x}_i = (x_{i1}, \dots, x_{ip})^{\top}$  es vector de variables regresoras  $p \times 1$ ,  $f(\boldsymbol{x}; \boldsymbol{\theta})$  es función conocida, mientras que  $\boldsymbol{\theta}$  es vector p-dimensional de parámetros desconocidos, y  $\epsilon_i$  representa disturbios aleatorios.

El modelo en (1) puede ser escrito de forma conveniente como:

$$Y = f(\theta) + \epsilon$$

donde

$$\boldsymbol{Y} = \begin{pmatrix} Y_1 \\ \vdots \\ Y_n \end{pmatrix}, \qquad \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}) = \begin{pmatrix} f(\boldsymbol{x}_1; \boldsymbol{\theta}) \\ \vdots \\ f(\boldsymbol{x}_n; \boldsymbol{\theta}) \end{pmatrix}, \qquad \boldsymbol{\epsilon} = \begin{pmatrix} \epsilon_1 \\ \vdots \\ \epsilon_n \end{pmatrix}.$$



Además, consideraremos los siguientes supuestos de momentos:

$$\mathsf{E}(\epsilon) = \mathbf{0}, \qquad \mathsf{Cov}(\epsilon) = \sigma^2 \mathbf{I}_n,$$

y defina:

$$S(\boldsymbol{\theta}) = \sum_{i=1}^{n} \{Y_i - f(\boldsymbol{x}_i; \boldsymbol{\theta})\}^2 = \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})\|^2.$$

El objetivo de la siguiente sección será introducir un procedimiento para obtener  $\widehat{\pmb{\theta}}$  como:

$$\widehat{\boldsymbol{\theta}} := \operatorname*{arg\,min}_{\boldsymbol{\theta}} S(\boldsymbol{\theta})$$



## Ejemplo:

En demografía se ha usado modelos de tipo 'gravedad' para caracterizar la migarción,

$$I = \frac{kP_1P_2}{D^b},$$

donde k y b son constantes, I representa el nivel de migración (interación) entre dos áreas a distancia D con poblaciones  $P_1$  y  $P_2$ , respectivamente.

Note que

$$\log\left(\frac{I}{P_1 P_2}\right) = \log k - b \log D = \beta_1 + \beta_2 x.$$



## Ejemplo:

En una reacción química irreversible, una substancia A cambia a la substancia B, la que cambia a la substancia C. Sea A(t) la cantidad de substancia A en el tiempo t. Las ecuaciones que rigen tales cambios son dadas por:

$$\begin{split} \frac{\mathrm{d}\,A(t)}{\mathrm{d}\,t} &= -\theta_1 A(t),\\ \frac{\mathrm{d}\,B(t)}{\mathrm{d}\,t} &= \theta_1 A(t) - \theta_2 B(t),\\ \frac{\mathrm{d}\,C(t)}{\mathrm{d}\,t} &= \theta_2 B(t), \end{split}$$

donde  $\theta_1$  y  $\theta_2$  son constantes. Asumiendo A(0)=1, B(t) tiene solución:

$$B(t) = \frac{\theta_1}{\theta_1 - \theta_2} \{ \exp(-\theta_2 t) - \exp(-\theta_1 t) \}.$$



Estimadores usados en regresión no lineal pueden ser caracterizados como formas lineales y cuadráticas bastante similares a las que surgen en regresión lineal.

En efecto, sea

$$F(\boldsymbol{\theta}) = rac{\partial f(\boldsymbol{\theta})}{\partial \boldsymbol{\theta}^{ op}} = \Big(rac{\partial f(\boldsymbol{x}_i; \boldsymbol{\theta})}{\partial heta_j}\Big).$$

Note por otro lado que:

$$\begin{split} \frac{\partial S(\boldsymbol{\theta})}{\partial \boldsymbol{\theta}} &= \frac{\partial}{\partial \boldsymbol{\theta}} (\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}))^{\top} (\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})) = 2 \Big( \frac{\partial}{\partial \boldsymbol{\theta}} (\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}) \Big)^{\top} (\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})) \\ &= -2 \boldsymbol{F}^{\top} (\boldsymbol{\theta}) (\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})). \end{split}$$

De modo que,  $\widehat{\boldsymbol{\theta}}$  es solución de la ecuación de estimación:

$$\boldsymbol{\Psi}(\boldsymbol{\theta}) = \boldsymbol{F}^{\top}(\boldsymbol{\theta})(\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})).$$



Considere una estimación inicial  $oldsymbol{ heta}^{(0)}$  y considere la aproximación de primer orden:

$$f(\theta) \approx f(\theta^{(0)}) + F(\theta^{(0)})(\theta - \theta^{(0)}),$$

de este modo,

$$\begin{split} S(\boldsymbol{\theta}) &= \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})\|^2 \\ &\approx \widetilde{S}(\boldsymbol{\theta}) \\ &= \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}^{(0)}) - \boldsymbol{F}(\boldsymbol{\theta}^{(0)})(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})\|^2 \\ &= \|\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})\|^2, \end{split}$$

donde 
$$\boldsymbol{e}^{(0)} = \boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}^{(0)})$$
 y  $\boldsymbol{F}^{(0)} = \boldsymbol{F}(\boldsymbol{\theta}^{(0)})$ .

#### Observación:

Note que,  $\widetilde{S}({m{ heta}})$  es una función cuadrática en  ${m{ heta}}.$ 



Diferenciando  $\widetilde{S}(\boldsymbol{\theta})$  con relación a  $\boldsymbol{\theta}$  obtenemos,

$$\begin{split} \frac{\partial \widetilde{S}(\boldsymbol{\theta})}{\partial \boldsymbol{\theta}} &= 2 \Big( \frac{\partial}{\partial \boldsymbol{\theta}} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)}) \Big)^{\top} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})) \\ &= -2 \boldsymbol{F}^{(0)}^{\top} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})), \end{split}$$

igualando a cero y resolviendo, obtenemos que para  $m{F}^{(0)}$  matriz de rango completo, $\widetilde{S}(m{ heta})$  es mínimo para

$${m F^{(0)}}^{ op} {m F^{(0)}} (m heta - m heta^{(0)}) = {m F^{(0)}}^{ op} {m e^{(0)}},$$

es decir

$$\widehat{\boldsymbol{\theta}} = {\boldsymbol{\theta}}^{(0)} + ({\boldsymbol{F}}^{(0)}^{\top} {\boldsymbol{F}}^{(0)})^{-1} {\boldsymbol{F}}^{(0)}^{\top} {\boldsymbol{e}}^{(0)}$$



Diferenciando  $\widetilde{S}(oldsymbol{ heta})$  con relación a  $oldsymbol{ heta}$  obtenemos,

$$\begin{split} \frac{\partial \widetilde{S}(\boldsymbol{\theta})}{\partial \boldsymbol{\theta}} &= 2 \Big( \frac{\partial}{\partial \boldsymbol{\theta}} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)}) \Big)^{\top} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})) \\ &= -2 \boldsymbol{F}^{(0)}^{\top} (\boldsymbol{e}^{(0)} - \boldsymbol{F}^{(0)}(\boldsymbol{\theta} - \boldsymbol{\theta}^{(0)})), \end{split}$$

igualando a cero y resolviendo, obtenemos que para  ${m F}^{(0)}$  matriz de rango completo,  $\widetilde{S}({m heta})$  es mínimo para

$$\mathbf{F}^{(0)^{\top}}\mathbf{F}^{(0)}(\mathbf{\theta} - \mathbf{\theta}^{(0)}) = \mathbf{F}^{(0)^{\top}}\mathbf{e}^{(0)},$$

es decir

$$\hat{\boldsymbol{\theta}} = {\boldsymbol{\theta}}^{(0)} + ({\boldsymbol{F}}^{(0)}^{\top} {\boldsymbol{F}}^{(0)})^{-1} {\boldsymbol{F}}^{(0)}^{\top} {\boldsymbol{e}}^{(0)}.$$



Finalmente obtenemos la iteración

$$\theta^{(k+1)} = \theta^{(k)} + \delta^{(k)}, \qquad k = 0, 1, \dots$$

donde el incremento  $\pmb{\delta}^{(k)}$  es solución del sistema de ecuaciones lineales (sobredeterminadas)

$$\mathbf{F}^{(k)}\boldsymbol{\delta}^{(k)} = \mathbf{e}^{(k)}.$$

algoritmo que es conocido como método Gauss-Newton.

#### Observación:

Note que  $\delta^{(k)}$  corresponde a un problema LS con solución:

$$\boldsymbol{\delta}^{(k)} = (\boldsymbol{F}^{(k)}^{\top} \boldsymbol{F}^{(k)})^{-1} \boldsymbol{F}^{(k)}^{\top} \boldsymbol{e}^{(k)}.$$



Para asegurar que el incremento de Gauss,  $\boldsymbol{\delta}^{(k)}$  produce direcciones de descenso, se puede realizar una reducción de paso (step-halving) tal que

$$S(\boldsymbol{\theta}^{(k)} + \lambda \boldsymbol{\delta}^{(k)}) < S(\boldsymbol{\theta}^{(k)}),$$

donde  $\lambda \in (0,1]$  es el largo de paso.



# Datos de Puromycin (Treolar, 1974)<sup>1</sup>

Modelo Michaelis-Menten: usado para el estudio de cinética de enzimas.

Permite estudiar la relación entre *velocidad inicial* de una reacción enzimática a la concentración de un substrato x a través de la ecuación:

$$f(x, \boldsymbol{\theta}) = \frac{V_m x}{K + x}, \qquad \boldsymbol{\theta} = (V_m, K)^{\top}.$$

Diferenciando f con relación a  $V_m$  y K, obtenemos

$$\frac{\partial f}{\partial V_m} = \frac{x}{K+x}, \qquad \frac{\partial f}{\partial K} = -\frac{V_m x}{(K+x)^2}$$

Note que el modelo Michaelis-Menten puede ser transformado en un modelo lineal, como

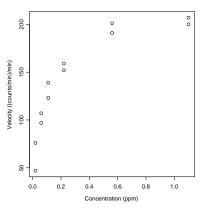
$$\frac{1}{f} = \frac{1}{V_m} + \frac{K}{V_m} \frac{1}{x} = \beta_1 + \beta_2 z.$$



<sup>&</sup>lt;sup>1</sup>Master's dissertation. University of Toronto.

# Datos de Puromycin (Treolar, 1974)

Velocidad de reacción versus concentración del substrato para un experimento de Puromycin





# Ventajas del modelo de regresión no lineal

- Más flexibilidad en la construcción/elección del modelo.
- la función de modelo se basa en la teoría respecto del mecanismo que produce la respuesta (no es un modelo empírico).
- predicciones fuera del rango de observación puede ser realizadas con mayor confianza.
- Parámetros tiene un significado físico y por tanto son de interés primário.



# Desventajas del modelo de regresión no lineal

- Estimación de parámetros no tiene forma explícita. Se debe utilizar algoritmos iterativos.
- ▶ Necesidad de proveer estimaciones iniciales para el procedimiento de estimación.
- Errores estándar, intervalos de confianza, sólo son aproximados. Mayor precisión en la variabilidad de estimaciones requiere de mayor esfuerzo computacional.
- Posibilidad de óptimos múltiples y/o falsa convergencia.

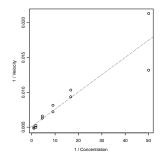


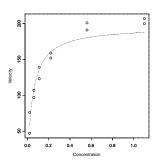
## **Observaciones**

- Transformación de los datos también involucra transformar los disturbios aleatorios.
- Parámetros transformados carecen de interpretación.
- Por supuesto, una gran cantidad de modelos de interés no son linealizables.



# Datos de Puromycin







# Datos de Puromycin

Realizando el ajuste en el modelo linealizado (usando mínimos cuadrados), obtenemos

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}} = (0.005107, 0.000247)^{\top},$$

luego

$$\widehat{\boldsymbol{\theta}} = (195.80, 0.04841)^{\top},$$

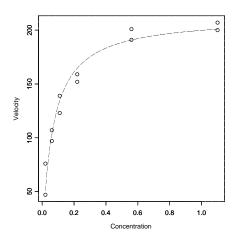
Mientras que, usando minimos cuadrados no lineales obtuvimos<sup>2</sup>

$$\widehat{\boldsymbol{\theta}} = (212.68, 0.06412)^{\top}.$$



<sup>&</sup>lt;sup>2</sup>Se consideró  $\boldsymbol{\theta}^{(0)} = (205, 0.08)^{\top}$ 

# Datos de Puromycin





# Datos de Puromycin (Treolar, 1974)

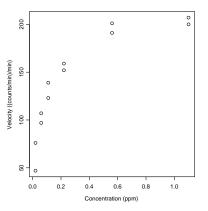
#### Conjunto de datos

#### Exploramos el conjunto de datos por medio del gráfico:



# Datos de Puromycin (Treolar, 1974)

Velocidad de reacción versus concentración del substrato para un experimento de Puromycin





## Ajuste de los datos de Puromycin

#### Ajuste usando la función nls():

```
> fm1 <- nls(vel ~ Vm * conc / (K + conc), data = puromycin,</pre>
            start = list(K = 0.08, Vm = 205), trace = TRUE)
    3155.004 : 0.08 205.00
3
   1205.662 : 0.06289222 213.02889453
   1195.477 : 0.06398775 212.60337573
   1195.449 : 0.06410830 212.67543440
1195.449 : 0.06412003 212.68293989
    1195.449 : 0.06412116 212.68366582
8
9
10
    > fm1
   Nonlinear regression model
    model: vel ~ Vm * conc/(K + conc)
    data: puromycin
13
                     Vm
14
    0.06412 212.68367
15
    residual sum-of-squares: 1195
16
18
    Number of iterations to convergence: 5
    Achieved convergence tolerance: 4.166e-06
19
20
```



## Criterio de convergencia

Tradicionalmente es declarada la convergencia si

$$\frac{S(\boldsymbol{\theta}^{(k)}) - S(\boldsymbol{\theta}^{(k+1)})}{S(\boldsymbol{\theta}^{(k)})} < \tau_1,$$

o bien,

$$\frac{|\theta_j^{(k+1)} - \theta_j^{(k)}|}{|\theta_j^{(k+1)}|} < \tau_2,$$

donde  $\tau_1$  y  $\tau_2$  son niveles de tolerancia.

Sin embargo, más que declarar la convergencia, estos criterios corresponden a criterios de parada (o condiciones de término) del argoritmo.



# Criterio de convergencia

Basado en la región de confianza del  $(1-\alpha)\%$  para  $\theta$ , esto es,

$$\|\boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta}) - \boldsymbol{f}(\widehat{\boldsymbol{\theta}})\|^2 \le \frac{pS(\widehat{\boldsymbol{\theta}})}{n-p} F_{1-\alpha}(p, n-p).$$

Bates y Watts  $(1981)^3$  propusieron el criterio de offset relativo,

$$\frac{\||e^{(k)}\|}{\{pS(\theta^{(k)})/(n-p)\}^{1/2}} < \tau,$$

donde  $e^{(k)}=Y-f(\theta^{(k)})$ , y au es un nivel de tolerancia. Este criterio se encuentra implementado en la función nls de R.



<sup>&</sup>lt;sup>3</sup>Technometrics 23, 179-183

#### Resultados de estimación

Sabemos que la función de log-verosimilitud está dada por

$$\ell(\boldsymbol{\psi}) = -\frac{n}{2} \log 2\pi \sigma^2 - \frac{1}{2\sigma^2} S(\boldsymbol{\theta}), \qquad \boldsymbol{\psi} = (\boldsymbol{\theta}^\top, \sigma^2)^\top$$

donde la suma de cuadrados residual es  $S(\boldsymbol{\theta}) = \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\theta})\|^2$ .

Para nuestros datos, obtenemos  $S(\widehat{\pmb{\theta}})$ ,  $\ell(\widehat{\pmb{\psi}})$  y  $\widehat{\pmb{\theta}}$  usando



#### Resultados de estimación

Detalles sobre la estimación pueden ser obtenidos usando la función summary()

```
> summary(fm1)
    Formula: vel ~ Vm * conc/(K + conc)
    Parameters:
5
        Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
6
    K 6.412e-02 8.281e-03 7.743 1.57e-05
7
    Vm 2.127e+02 6.947e+00 30.615 3.24e-11
Q
    Residual standard error: 10.93 on 10 degrees of freedom
10
    Number of iterations to convergence: 5
12
    Achieved convergence tolerance: 4.166e-06
13
14
```



## Regiones de verosimilitud

La región de verosimilitud conjunta aproximada con un nivel de confianza  $1-\alpha$  para  $\theta$  es

$$S(\boldsymbol{\theta}) \le S(\widehat{\boldsymbol{\theta}}) \Big\{ 1 + \frac{p}{n-p} F_{1-\alpha}(p, n-p) \Big\},$$

en nuestro caso,

$$S(\boldsymbol{\theta}) = \sum_{i=1}^{12} \left( \text{velocidad}_i - \frac{V_m \text{concentracion}_i}{K + \text{concentracion}_i} \right)^2$$



#### Resultados de estimación

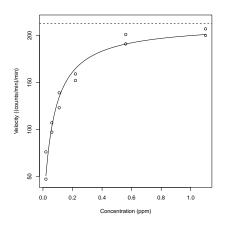
#### Gráfico del modelo ajustado:

## Gráfico del elipsoide de confianza del 95% para $\boldsymbol{\theta} = (V_m, K)^{\top}$

```
1 > fm1.con <- nlsContourRSS(fm1)
2 100%
3 RSS contour surface array returned
4
5 > plot(fm1.con, nlev = 10)
```



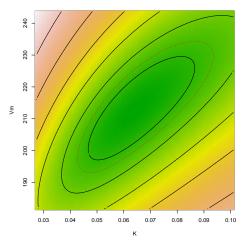
# Gráfico de ajuste para los datos de Puromycin





## Gráfico de contornos de la suma de cuadrados residual

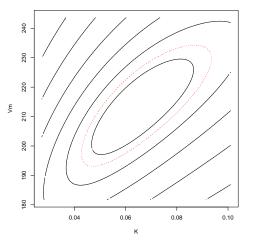
La región indicada en la línea punteada representa un elipsoide de confianza del 95%.





## Gráfico de contornos de la suma de cuadrados residual

La región indicada en la línea punteada representa un elipsoide de confianza del 95%.





# **Self-Starting models**

Bates y Watts (1988)<sup>4</sup> describen técnicas para determinar estimaciones iniciales en un modelo de regresión no lineal. Algunas de estas estrategias son:

- Tomar provecho de modelos parcialmente lineales, sólo son necesarios valores iniciales para aquellos parámetros no lineales.
- Escoger estimaciones iniciales que tengan alguna interpretación significativa.
- Refinar estimaciones de algunos parámetros por iterar sobre ellos, mientras que los otros parámetros se mantienen fijados



<sup>&</sup>lt;sup>4</sup>Nonlinear Regression Analysis and Its Applications. Wiley, New York

### Modelos transformables

Recuerde que, el modelo Michaelis-Menten,

$$f(x, \boldsymbol{\theta}) = \frac{V_m x}{K + x}, \qquad \boldsymbol{\theta} = (V_m, K)^{\top}.$$

Es un modelo intrinsecamente lineal, pues

$$\frac{1}{f} = \frac{1}{V_m} \left( 1 + \frac{K}{x} \right) = \frac{1}{V_m} + \frac{K}{V_m} \frac{1}{x} = \beta_1 + \beta_2 z.$$

Esta estratégia es implementada en la función SSmicmen().



#### Función self-start: SSmicmen

En particular, la función SSmicmen(), realiza los siguientes cálculos:

```
# ajusta un modelo lineal
    lin <- lm(1/vel ~ I(1/conc), data = puromycin)</pre>
    pars <- coef(lin)
3
    # refina estimación inicial via iteración
5
    obj <- nls(y ~x/(K + x), data = puromycin,
6
        start = list(K = abs(pars[2]/pars[1])),
7
8
            algorithm = "plinear")
9
    # retorna 'valores iniciales'
10
    start <- c(obj[2], obj[1])</pre>
11
12
```



#### Usando nls con SSmicmen

La función SSmicmen() está documentada como parte de la ayuda de nls. Note que no se requiere que el usuario defina valores iniciales.

Sin embargo, las funciones Self-starting están disponibles sólo para algunos tipos de funciones no lineales



#### Modelos condicionalmente lineales

Note que, el modelo Michaelis-Menten es condicionalmente lineal

$$f(x, \boldsymbol{\theta}) = \frac{V_m x}{K + x} = V_m \left(\frac{x}{K + x}\right),$$

podemos usar el algoritmo de Golub-Pereyra (1973)

```
1 > fm3 <- nls(vel ~ conc / (K + conc), data = puromycin,
2 + algorithm = "plinear",
3 + start = list(K = 0.08), trace = TRUE)
4 1524.682 : 0.0800 222.2759
5 1195.471 : 0.06423932 212.75947067
6 1195.449 : 0.06413257 212.69098858
7 1195.449 : 0.06412237 212.68444089
1195.449 : 0.06412139 212.68381040</pre>
```



#### Resumen de estimación

Detalles de la estimación en el modelo condicionalmente lineal:

```
> summary(fm3)
  Formula: vel ~ conc/(K + conc)
4
  Parameters:
      Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
 K 6.412e-02 8.281e-03 7.743 1.57e-05 ***
  .lin 2.127e+02 6.947e+00 30.615 3.24e-11 ***
Q
  Residual standard error: 10.93 on 10 degrees of freedom
  Number of iterations to convergence: 4
  Achieved convergence tolerance: 8.037e-06
14
15 > deviance(fm3)
  [1] 1195.449
  > logLik(fm3)
19 'log Lik.' -44.63548 (df=3)
```



#### Usando nl2sol desde PORT

28

```
> fm4 <- nls(vel ~ Vm * conc / (K + conc), data = puromycin,</pre>
          algorithm = "port",
          start = list(K = 0.08), trace = TRUE)
3
   0: 1577.5021: 0.0800000 205.000
          1390.1712: 0.0784593 205.959
   1:
5
           600.78114: 0.0632716 213.046
    2:
6
7
    3:
           597.73075: 0.0640318 212.629
   4:
           597.72447: 0.0641126 212.678
8
   5:
           597.72441: 0.0641204 212.683
   6:
           597.72441: 0.0641212 212.684
10
   7: 597.72441: 0.0641213 212.684
    > fm4
13
14
    Nonlinear regression model
    model: vel ~ Vm * conc/(K + conc)
15
    data: puromycin
16
                   Vm
    0.06412 212.68374
18
    residual sum-of-squares: 1195
19
20
    Algorithm "port", convergence message: relative convergence (4)
21
22
23
    > deviance(fm4)
    [1] 1195.449
24
25
    > logLik(fm4)
26
    'log Lik.' -44.63548 (df=3)
27
```

# Supliendo información del gradiente

Pasamos la información del gradiente (y la propia función f) usando, por ejemplo:

```
1    MMgrad <- function(conc, Vm, K) {
2         numer <- Vm * conc
3         denom <- K + conc
4         mean <- numer / denom
5         partialVm <- mean / Vm
6         partialK <- -numer / (denom^2)
7         attr(mean, "gradient") <- cbind(partialVm, partialK)
8         return(mean)
9     }
10</pre>
```



#### Resumen de estimación

```
1 > fm5 <- nls(vel ~ MMgrad(conc, Vm, K), data = puromycin, trace =
      TRUE.
        start = list(Vm = 205, K = 0.08))
3 3155.004 : 205.00 0.08
4 1205.662 : 213.02889449 0.06289222
5 1195.477 : 212.60337549 0.06398775
6 1195.449 : 212.67543430 0.06410830
7 1195.449 : 212.68294013 0.06412003
8 1195.449 : 212.68366575  0.06412116
Q
10 > fm5
11 Nonlinear regression model
12 model: vel ~ MMgrad(conc, Vm, K)
   data: puromycin
13
       Vm
14
15 212 68367 0 06412
16 residual sum-of-squares: 1195
18 Number of iterations to convergence: 5
19 Achieved convergence tolerance: 4.161e-06
```



## Datos de Puromycin

Resumen de estimación en el modelo Michaelis-Menten:

$$f(x, \boldsymbol{\theta}) = \frac{V_m x}{K + x}, \qquad \boldsymbol{\theta} = (V_m, K)^{\top}.$$

Método	$\widehat{V}_m$	$\widehat{K}$	iteraciones	$S(\widehat{\boldsymbol{\theta}})$
Gauss-Newton	212.68367	0.06412	5	1195.449
selfStart	212.68371	0.06412	0	1195.449
Golub-Pereira	212.68381	0.06412	4	1195.449
nl2sol	212.68374	0.06412	7	1195.449
G-N gradiente	212.68367	0.06412	5	1195.449

Se usó (según corresponda)  $\boldsymbol{\theta}^{(0)} = (205, 0.08)^{\top}$ .



## **Funciones Self-starting disponibles**

Repertorio de funciones Self-starting disponibles para nls (y extensiones):

SSasymp Modelo de regresión asintótico.

SSasympOff Modelo de regresión asintótico con un offset.

SSasympOrig Modelo de regresión asintótico a través del origen.

SSbiexp Modelo biexponencial.

SSfol Modelo de un compartimento de primer orden.

SSfpl Modelo logístico de cuatro parámetros.

SSgompertz Modelo de crecimiento de Gompertz.

SSlogis Modelo logístico.

SSmicmen Modelo Michaelis-Menten.

SSweibull Modelo de curva de crecimiento Weibull.

selfStart Constructor de modelos nolineales Self-starting.

Estas funciones han sido usadan en contextos más generales como en la función nlme para ajustar modelos nolineales con efectos mixtos.

A seguir revisamos algunos aspectos sobre la estimación en modelos parcialmente lineales. Mayores detalles en Golub y Pereyra  $(1973)^5$ 

Golub y Pereyra (1973) consideran el siguiente modelo no lineal:

$$f(oldsymbol{x};oldsymbol{lpha},oldsymbol{eta}) = \sum_{j=1}^p eta_j g_j(oldsymbol{x};oldsymbol{lpha}), \qquad oldsymbol{lpha} \in \mathbb{R}^k, oldsymbol{eta} \in \mathbb{R}^p.$$

Ellos proponen minimizar la función:

$$S(\boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\beta}) = \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{f}(\boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\beta})\|^2 = \|\boldsymbol{Y} - \boldsymbol{G}(\boldsymbol{\alpha})\boldsymbol{\beta}\|^2.$$
 (2)



<sup>&</sup>lt;sup>5</sup>SIAM Journal on Numerical Analysis 10, 413-432

- Golub y Pereyra (1973) proponen dos algoritmos para llevar a cabo la minimización de (2).
- Una contribución importante de ese trabajo fue obtener una expresión para la derivada de una inversa generalizada (así como de una matriz de proyección).
- Simplificaremos la exposición asumiendo que  $G(\alpha)$  tiene rango columna completo (para cualquier  $\alpha$ ).
- ▶ A la fecha este algoritmo es uno de los más eficientes para resolver problemas separables (en la media).



Suponiendo que  $\alpha$  es fijado, podemos optimizar (2) con relación a  $\beta$ , obteniendo

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}}(\boldsymbol{\alpha}) = (\boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{G})^{-1} \boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{Y}, \qquad \boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}(\boldsymbol{\alpha}).$$

Así, perfilando  $S(\alpha, \beta)$  resulta

$$S_*(\alpha) = S(\alpha, \widehat{\beta}(\alpha)) = ||Y - G(\alpha)\widehat{\beta}(\alpha)||^2$$
$$= ||Y - H(\alpha)Y||^2 = ||\{I - H(\alpha)\}Y||^2$$

donde

$$H(\alpha) = G(G^{\top}G)^{-1}G^{\top}, \qquad G = G(\alpha)$$

Como  $oldsymbol{H}(oldsymbol{lpha})$  es matriz de proyección, tenemos que

$$S_*(\alpha) = \mathbf{Y}^{\top} \{ \mathbf{I} - \mathbf{H}(\alpha) \} \mathbf{Y}.$$



Suponiendo que  $\alpha$  es fijado, podemos optimizar (2) con relación a  $oldsymbol{eta}$ , obteniendo

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}}(\boldsymbol{\alpha}) = (\boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{G})^{-1} \boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{Y}, \qquad \boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}(\boldsymbol{\alpha}).$$

Así, perfilando  $S(\alpha, \beta)$  resulta,

$$S_*(\alpha) = S(\alpha, \widehat{\beta}(\alpha)) = \|Y - G(\alpha)\widehat{\beta}(\alpha)\|^2$$
$$= \|Y - H(\alpha)Y\|^2 = \|\{I - H(\alpha)\}Y\|^2,$$

donde

$$\boldsymbol{H}(\boldsymbol{\alpha}) = \boldsymbol{G}(\boldsymbol{G}^{\top}\boldsymbol{G})^{-1}\boldsymbol{G}^{\top}, \qquad \boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}(\boldsymbol{\alpha}).$$

Como  $H(\alpha)$  es matriz de proyección, tenemos qu

$$S_*(\alpha) = \mathbf{Y}^{\top} \{ \mathbf{I} - \mathbf{H}(\alpha) \} \mathbf{Y}$$



Suponiendo que  $\alpha$  es fijado, podemos optimizar (2) con relación a  $\beta$ , obteniendo

$$\widehat{\boldsymbol{\beta}}(\boldsymbol{\alpha}) = (\boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{G})^{-1} \boldsymbol{G}^{\top} \boldsymbol{Y}, \qquad \boldsymbol{G} = \boldsymbol{G}(\boldsymbol{\alpha}).$$

Así, perfilando  $S(\alpha, \beta)$  resulta,

$$S_*(\alpha) = S(\alpha, \widehat{\beta}(\alpha)) = \|\mathbf{Y} - \mathbf{G}(\alpha)\widehat{\beta}(\alpha)\|^2$$
$$= \|\mathbf{Y} - \mathbf{H}(\alpha)\mathbf{Y}\|^2 = \|\{\mathbf{I} - \mathbf{H}(\alpha)\}\mathbf{Y}\|^2,$$

donde

$$H(\alpha) = G(G^{\top}G)^{-1}G^{\top}, \qquad G = G(\alpha).$$

Como H(lpha) es matriz de proyección, tenemos que

$$S_*(\boldsymbol{\alpha}) = \boldsymbol{Y}^{\top} \{ \boldsymbol{I} - \boldsymbol{H}(\boldsymbol{\alpha}) \} \boldsymbol{Y}.$$



Es decir, para implementar un algoritmo Gauss-Newton, asociado a la minimización de  $S_*(\alpha)$ , debemos obtener

$$\frac{\partial S_*(\pmb{\alpha})}{\partial \pmb{\alpha}} \quad \text{ o bien } \quad \frac{\partial \pmb{f}_*(\pmb{\alpha})}{\partial \pmb{\alpha}^\top},$$

donde  $f_*(lpha)=G(lpha)\widehat{eta}(lpha)=H(lpha)Y.$  De este modo, debemos calcular

$$\frac{\partial \boldsymbol{H}(\boldsymbol{\alpha})}{\partial \boldsymbol{\alpha}^{\top}},$$

lo que no es una tarea trivial.

En efecto, el algoritmo 2 propuesto por Golub y Pereyra (1973) adopta la forma:

$$oldsymbol{lpha}^{(k+1)} = oldsymbol{lpha}^{(k)} - \Big\{rac{\partial oldsymbol{f}_*(oldsymbol{lpha})}{\partial oldsymbol{lpha}^ op}\Big\}^{-1} oldsymbol{f}_*(oldsymbol{lpha})\Big|_{lpha = lpha^{(k)}}.$$



Para implementar el método, considere  ${m G}^-=({m G}^\top{m G})^{-1}{m G}^\top$  una inversa generalizada de  ${m G}$ . Así

$$\operatorname{d} \boldsymbol{H} = \operatorname{d} \boldsymbol{G} \boldsymbol{G}^- = (\operatorname{d} \boldsymbol{G}) \boldsymbol{G}^- + \boldsymbol{G} \operatorname{d} \boldsymbol{G}^-$$

Aprovechando la estructura de  $G^-$ , tenemos<sup>6</sup>

$$\begin{split} \operatorname{d} \boldsymbol{H} &= (\operatorname{d} \boldsymbol{G}) \boldsymbol{G}^- - \{ (\operatorname{d} \boldsymbol{G}) \boldsymbol{G}^- \}^\top \boldsymbol{G} \boldsymbol{G}^- - (\boldsymbol{G} \boldsymbol{G}^-)^\top (\operatorname{d} \boldsymbol{G}) \boldsymbol{G}^- + \{ (\operatorname{d} \boldsymbol{G}) \boldsymbol{G}^- \}^\top \\ &= 2 (\boldsymbol{I} - \boldsymbol{H}) \boldsymbol{G}^- \operatorname{d} \boldsymbol{G}. \end{split}$$

Luego, se debe vectorizar para obtener D  $\operatorname{vec} G = \partial \operatorname{vec} G / \partial \alpha^{\top}$ .



<sup>&</sup>lt;sup>6</sup>Golub y Pereyra solo usan las propiedades de una inversa generalizada.