

Bayesianische Stammumfangwachstumsmodellierung von Orangebäumen durch parametrische nichtlineare Regression

Dr. Holger Sennhenn–Reulen

8. August 2017

1 Nicht-lineares Regressionsmodell zum Stammumfangwachstum

Wir benutzen eine 3-parametrische (logistische?) Wachstumsfunktion in der folgenden Modellierung:

```
growthfunction <- function(t, gamma1, gamma2, gamma3){  
  gamma1/(1 + exp((gamma2 - time)/gamma3))  
}
```

Ein nicht-lineares Regressionsmodell mit normalverteilten Residuen sieht dann folgendermaßen aus:

$$y_i = \frac{\delta_{1,i}}{1 + \exp\left(\frac{\delta_{2,i} - t_i}{\delta_{3,i}}\right)} + \epsilon_i,$$

wobei $\epsilon_i \sim N(0, \sigma^2)$. Der Index i bezeichnet die Beobachtungseinheiten $i = 1, \dots, n$. In der oberen Modellgleichung wurde jeder der drei nicht-linearen Wachstumsparameter δ_1 , δ_2 und δ_3 bereits durch einen Index i als von der Beobachtungseinheit abhängig gekennzeichnet. Dies vereinfacht jeden dieser drei einen nicht-linearen Wachstumsparameter durch einen linearen Prädiktor auszudrücken:

$$\delta_{1,i} = \beta_{0,1} + \gamma_{1,i}, \quad \delta_{2,i} = \beta_{0,2} + \beta_{1,2}x_i + \gamma_{2,i}, \quad \delta_{3,i} = \beta_{0,3} + \gamma_{3,i}.$$

Alle drei Parameter werden durch einen baumabhängigen Intercept modelliert:

$$\gamma_{1,i} \sim N(0, \sigma_{\gamma_1}^2), \quad \gamma_{2,i} \sim N(0, \sigma_{\gamma_2}^2), \quad \gamma_{3,i} \sim N(0, \sigma_{\gamma_3}^2).$$

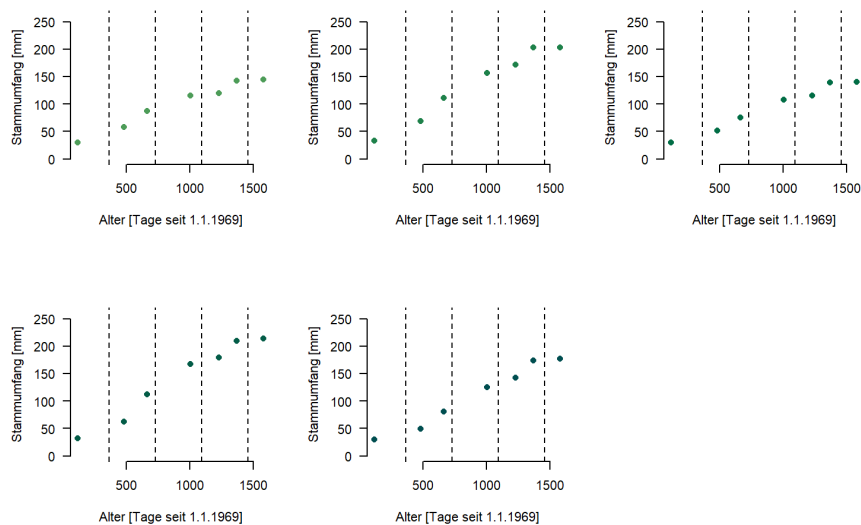


Abbildung 1: Stammumfangsdaten von Orangenbäumen.

Für δ_2 wird weiterhin der Einfluss des Kalendertages berücksichtigt.

```
priors <- c(set_prior("normal(220, 50)", nlpar = "phi1"),
            set_prior("normal(900, 50)", nlpar = "phi2"),
            set_prior("normal(0, 20)", nlpar = "phi2", coef = "ct"),
            set_prior("normal(460, 50)", nlpar = "phi3"),
            set_prior("student_t(3, 0, 20)", nlpar = "phi1", class = "sd"),
            set_prior("student_t(3, 0, 20)", nlpar = "phi2", class = "sd"),
            set_prior("student_t(3, 0, 20)", nlpar = "phi3", class = "sd"))
fit <- brm(bf(circumference ~ phi1 / (1 + exp((phi2 - age)/phi3)),
             phi1 ~ 1 + (1|Tree),
             phi2 ~ 1 + ct + (1|Tree),
             phi3 ~ 1 + (1|Tree), nl = TRUE),
          control = list(adapt_delta = 0.99, max_treedepth = 15),
          data = Orange, prior = priors, chains = 5)
```

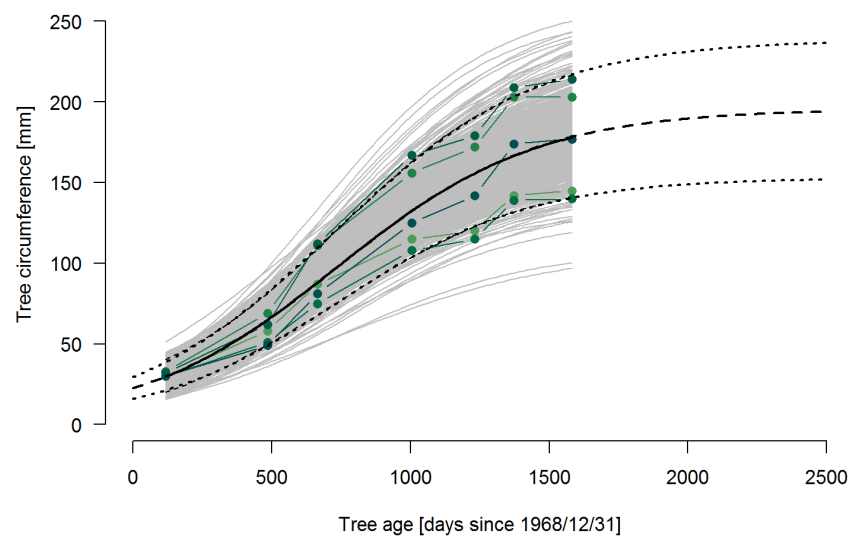


Abbildung 2: 95% Kredibilitätsintervall für den Erwartungswert des Stammumfangs von Orangenbäumen: Modell ohne Berücksichtigung des Kalendertages.