

58 用非参数模型为生物系统建模(1)

项目水平。中等/较难

58.1 整体项目描述

生物系统,如猎物-捕食者模型,经常表现出复杂的非线性关系,参数统计模型很难描述。非参数模型更适合于对这类系统进行建模,因为其结构提供了一个更灵活的建模框架。

在这个项目中,你将研究和比较从生物动态系统获得的数据集上的非参数统计建模方法。特别是,你将学习和拟合平滑样条模型,并将其与一些更著名的非参数模型,如再现核希尔伯特空间(RKHS)回归模型进行比较。

这个项目将为你提供高级机器学习算法的优秀培训经验。R包(KGode)可用于进行模拟研究,但对于更有经验的程序员来说,自己编码模拟也是有空间的。

58.2 个人项目细节

在这个领域有多少个个人项目。1.

有数据

数据可以通过运行下面的代码从R包KGode中生成。这里使用的ODE(常微分方程)模型是Lotka-Volterra模型(猎物-食客)。从下面的模拟数据集来看,我们有y_no,即ODE模型中两个状态变量的噪声观测。而t_no,是每个观测的时间点。

```
require(mvtnorm)
library(KGode)

噪声 = 0.1 ##设置噪音的方差

SEED = 19537
set.seed(SEED)

##定义ODE函数,我们在这个例子中使用lotka-volterra模型。
##我们有两个ODE状态x[1],x[2]和四个ODE参数alpha,beta,##gamma和delta。
LV_fun = function(t,x,par_ode){
alpha=par_ode[1]
```

```
beta=par_ode[2]
 gamma=par_ode[3]
 delta=par_ode[4)
 as.matrix( c( alpha*x[1]-beta*x[2]*x[1] , -gamma*x[2]+delta*x[1]*x[2] )
##创建一个ODE类对象
kkk0 = ode new (2, fun = LV fun)
## 颂歌是样本2。
## ###在零时为每个状态设置初始值。
我们也鼓励常生素不变他OPK模型,如广泛用于流行病学的SIR模型。
機<mark>災壓的一類,於解點的时间间隔。</mark>
在其是了社员(使)
指導之社员。
##用alpha=1,beta=1,gamma=4,delta=1来数值解颂。
kkkO$每更常用地念做模型如犹松回归模型相此()平滑样条模型的表现如何?
## ●# # 其他 9 多數數類型如面解中央相應声平滑样条模型的表现更强烈。
和关课程(kkk0$y_ode)
ht 公文 that (dim(x true))
大加强烈素以称学 为过以下课程来进行这个项目。
y_n 线性配炉模型wnorm(n_o,c(0,0),noise*diag(2))
  • 灵活的回归。
```