和沈老师讨论的进一步结果

数 33 赵丰

January 15, 2017

1 老师建议

检验方法要在已知概率模型的 01 序列上做，一方面通过仿真比较不同检验方法的误码率，另一方法要做适当的理论分析来说明哪种方法是误码率意义下更优的。然而实际处理数据只能在给定的 8 组数据的基础上，给生物系的张老师一个结果。我们能做的工作就是找一个合适的概率模型，在其基础上仿真和理论分析，寻找并说明某种检验方法在该概率模型下是更优的。为保证模型能在一定程度上反映原问题，一方面要建立从 01 序列到 RT value 的中间环节，另一方面要让概率模型产生的 01 序列与一般 RNA 的二级结构中的 01 序列有一定的相似性。为保证检验方法能在单位点数据量较小的情形下给出更好的判决，一方面我们要用上相邻位点的数据，另一方面我们要重复检验。

2 两条已知 RNA 的统计信息

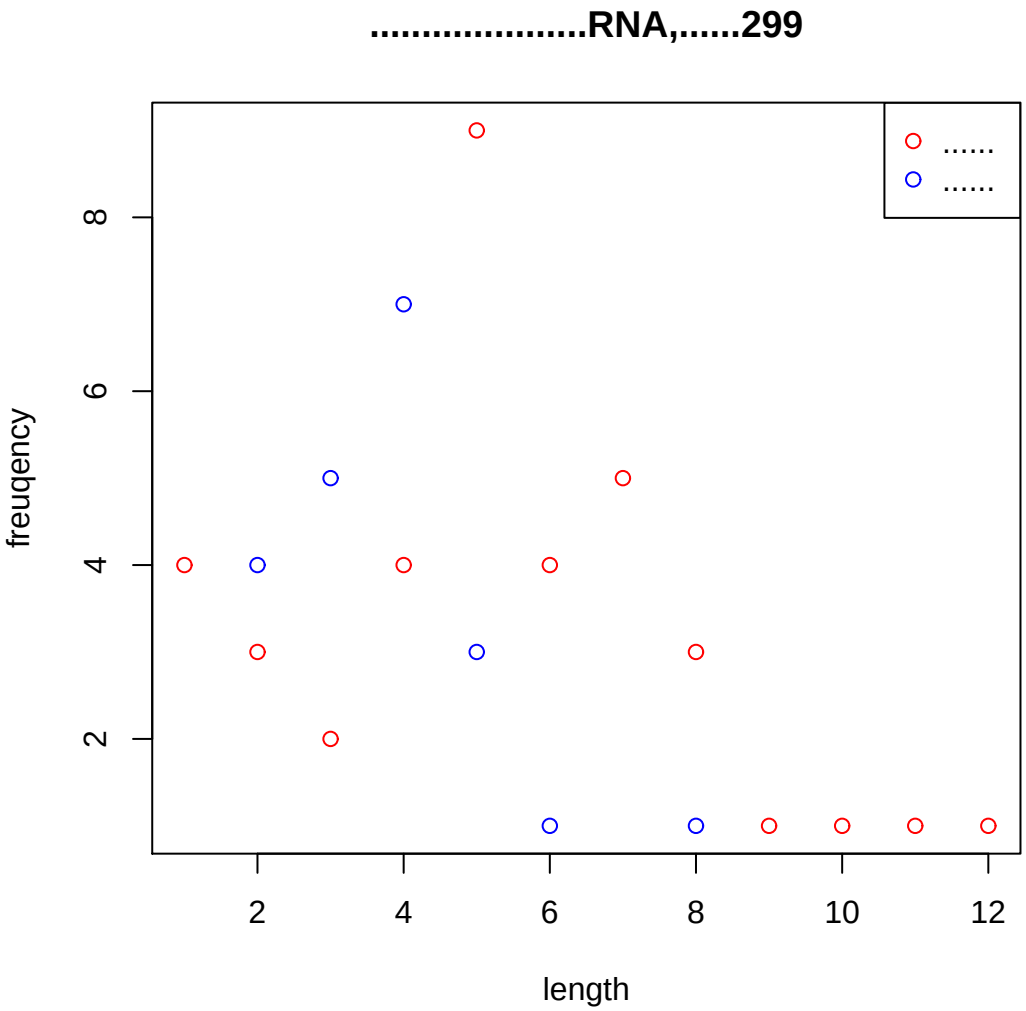
李盼给的第一个已知结构的 RNA 统计信息：

3 贝叶斯统计的方法

使用贝叶斯统计来做假设检验，需要有关于 01 序列的先验信息。假设 $/theta$ 服从 $p = \frac{1}{2}$ 的 Bernoulli 分布，总体 X 的条件分布 $(X|\theta = 0)\ N(\mu_1, \sigma_1^2)$, $(X|\theta = 1)\ N(\mu_2, \sigma_2^2)$, 现假设从总体中抽取了 n 个样本 $X_1, X_2, ..., X_n, X_i$ 是独立同分布的，根据以上信息做如下假设检验: $H_0 : \theta = 0$

versus $H_1 : \theta = 1$ 欲使两类错误率总和最小，则拒绝域为 (具体推导见附录 1。)：

$$\log(\sigma_1) + \frac{n(\bar{x} - \mu_1)^2}{\sigma_1^2} > \log(\sigma_2) + \frac{n(\bar{x} - \mu_2)^2}{\sigma_2^2} \tag{1}$$


.....RNA,.....299
freuqency
length
2
4
6
8
10
12
.....
.....

4 Appendix 1: 拒绝域表达式的推导

由贝叶斯公式：

$$P(\theta=0|\bar{x}) = \frac{p(\bar{x}|\theta=0)P(\theta=0)}{p(\bar{x}|\theta=0)P(\theta=0)+p(\bar{x}|\theta=1)P(\theta=1)} \tag{2}$$

$$= \frac{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_1^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_1)^2}{\sigma_1^2/n})}{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_2^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_2)^2}{\sigma_2^2/n})+\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_2^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_2)^2}{\sigma_2^2/n})} \tag{3}$$

同理可求出

$$P(\theta=1|\bar{x}) == \frac{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_2^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_2)^2}{\sigma_2^2/n})}{\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_2^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_2)^2}{\sigma_2^2/n})+\frac{1}{\sqrt{2\pi\sigma_2^2/n}}exp(-\frac{(\bar{x}-\mu_2)^2}{\sigma_2^2/n})} \tag{4}$$

5 参考文献

References

[1] 生物信息学