布朗运动与 DNA 随机行走

SA18002024 吴双祥 中国科学技术大学物理学院 (Dated: 2019 年 7 月 28 日)

参考文献《布朗运动 100 年》,本文首先简要介绍一下扩散方程与随机行走在数学上的联系。接着采用数值模拟的方法来详细说明这一点。然后介绍了"DNA 随机行走"这样一种用来研究基因的某种统计学方法。简要说明了一些相关的参考文献有趣结果,试图重现其结果。

扩散方程与随机行走

著名的扩散方程具有以下形式,

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} = D \frac{\partial^2 \rho}{\partial x^2} \tag{1}$$

假定在 t = 0 时刻粒子位于 x = 0 处,即 $\rho(x,0) = \delta(x)$,扩散方程的解是:

$$\rho(x,t) = \frac{1}{\sqrt{4\pi Dt}} e^{-\frac{x^2}{4Dt}},$$
(2)

即粒子的密度遵从高斯分布。对于固定的时刻 t 有,

$$\langle x \rangle = 0, \quad \langle x^2 \rangle = 2Dt,$$
 (3)

可以验证 $\int_{-\infty}^{\infty} \rho(x,t) dt = 1$ 。这样就得到了扩散长度公式,

$$\sqrt{\langle x^2 \rangle} = \sqrt{2Dt},\tag{4}$$

这里出现了著名的爱因斯坦的 1 指数。

另一方面,如果把时间离散化为步长为 δt 的小段,令 $t = n\delta t$,同时保持 δt 适当大,使得每小段时间头尾的运动彼此无关,于是行走 n 步的结果 x_n 就是 n 个独立随机变量之和。那么显然地,随机行走的结果应该与上述扩散方程具有相同的行为,即有 x_n 服从正态分布,

$$\langle x_n \rangle = 0, \langle x_n^2 \rangle \propto n.$$
 (5)

事实上,这个性质就是统计学中的中心极限定理的概念,下面来详细说明一下。

设随机变量 X_1, X_2, \cdots, X_n 独立同分布,且具有有限的数学期望和方差 $E(X_i) = \mu$, $D(X_i) = \sigma^2 \neq 0 \\ (i=1,2,\cdots,n)$ 。记 $\bar{X} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i$, $\zeta_n = \frac{\bar{X} - \mu}{\sigma/\sqrt{n}}$,则 $\lim_{n \to \infty} P\left(\zeta_n \leq z\right) = \Phi\left(z\right)$.

此定理的证明可见于一般的统计学教程之中,这 里不再赘述。重要的是此定理指出了独立同分布的随

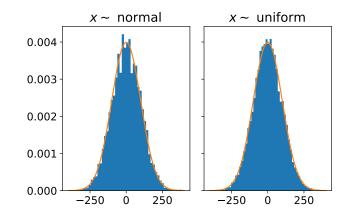


图 1. 通过数值模拟得到的随机行走分布图。左子图的随机变量 x 服从正态分布,右子图的随机变量 x 服从均匀分布。图中的橙色线条代表的是正态分布的曲线。

机变量之和服从正态分布,无论该随机变量服从何种分布。对于随机行走来说,走出的每一步可以认为是没有关联的,即行走步数是独立同分布的,因此 n 步的和 x_n 就满足正态分布,与扩散方程的结果相契合。

为了对此定理有更直观的理解,本文选取了一些独立同分布的随机变量,并求其和来验证是否服从正态分布,在此基础上看其均值和方差是否与式 (5) 相同。计算结果如图 1 所示。可以看出来随机行走的距离与正态分布的曲线符合得十分好,此外,一些统计学的检验工具 (scipy.stats.normaltest) 也说明了其距离服从正态分布。更进一步地,计算得到的距离的均值和方差也和式 (5) 相吻合,从而通过计算的角度验证了中心极限定理。

DNA 随机行走

在参考文献 *** 中提到了将随机行走的概念应用至 DNA 链上来研究不同基因的碱基对的统计学性质。

有一种一维的随机行走研究方法是这样的:考察长度为n的某一基因的碱基对序列,遇到嘌呤(A或者G)就向右走一步,遇到嘧啶(C或T)就向左走一步,最后检查这种随机行走到原点的方差 $\langle r_n^2 \rangle$ 。对于一般来

说有 $\langle r_n^2 \rangle \propto n^{\alpha}$,那么对于某一特定的 DNA 链, α 是大于、小于还是等于 $\frac{1}{2}$ 呢? α 的取值也就代表了该基因的某种信息。

参考文献 *** 给出了十分有意思的结果,说明了 在