关于零膨胀负二项分布的介绍

汪翔

2023/5/20

1 零膨胀负二项分布

零膨胀负二项 (Zero-Inflated Negative Binomial, ZINB) 分布 $^{[1]}$ 能够很好地建模 scRNA-seq 数据的特点 $^{[2]}$,并且已经被验证能够取得较好的结果,本文主要介绍 ZINB 分布.

1.1 二项分布和 Poisson 分布

考虑到 ZINB 分布的实际含义,本节首先介绍两种常用的离散分布,二项分布和 Poisson 分布^[3],在此之前首先介绍 Bernoulli 试验,其定义如定义1.1所示^[3].

定义 1.1. 考虑一个试验, 其结果分为两类, 或者成功, 或者失败, 该试验称为 Bernoulli 试验. 令随机变量

$$X = \begin{cases} 1, 试验结果为成功, \\ 0, 试验结果为失败, \end{cases}$$
 (1)

假设试验结果为成功的概率为 p, 则此时称随机变量 X 服从 Bernoulli 分布, 记为 $X \sim B(x; 1, p)$, 其概率函数为:

$$f(x=k;1,p) = p^{k}(1-p)^{n-k}, k = 0,1.$$
(2)

当我们考虑 n 次独立 Bernoulli 试验时即可以得到二项分布, 其定义如定义1.2所示[3].

定义 1.2. 考虑 n 次独立 Bernoulli 试验中试验成功的次数 X, 其中每次 Bernoulli 试验成功的概率为 p, 此时试验成功次数 X 服从二项分布, 记为 $X \sim B(x; n, p)$, 此时:

$$f(x=k;n,p) = \binom{n}{k} p^k (1-p)^{n-k}, k = 0, 1, \dots, n.$$
 (3)

由 Bernoulli 试验定义可知,二项分布通常用来建模只有两种试验结果的离散分布. 例如,考虑 n 次独立重复抛硬币的结果,我们考虑硬币正面朝上的次数 X. 显然在硬币质地均匀的条件下,第 i 次抛硬币得到正面朝上的概率为 p=0.5,以 X_i 表示这一事件,则 X_i \sim B(x_i ;1,0.5). 由此可知 $X=\sum_{i=1}^n X_i$ \sim B(x_i ;n,0.5). 类似的,若每次试验的结果不再是两种,而是变为 K 种,且每种结果发生概率为 (p_1,p_2,\cdots,p_K) ,那么此时我们称 X 服从多类别分布 [4],记作 $X\sim \operatorname{Cat}(\boldsymbol{x};1,p_1,\cdots,p_K)$. 当该事件独立重复发生 n 次时可以得到多项分布 [4],记作 $X\sim \operatorname{Multi}(\boldsymbol{x};n,p_1,\cdots,p_K)$,其中 $\boldsymbol{x}\in\mathbb{R}^K,\sum_{i=1}^K x_i=n,\sum_{i=1}^K p_i=1,x_i$ 表示试验中第 i 种结果发生的次数. 两种分布的概率函数分别如式 (4) 和式 (5) 所示.

$$f(x = e_k; 1, p_1, \dots, p_K) = p_i, \ k = 1, \dots, K,$$
 (4)

$$f(\mathbf{x} = \mathbf{n}; n, p_1, \dots, p_K) = n! \prod_{i=1}^K \frac{p_i^{n_i}}{n_i!}, \sum_{i=1}^K n_i = n,$$
 (5)

其中, $e_k \in \mathbb{R}^K$ 为第 k 维为 1 的指示向量, 即 e_k 满足:

$$\sum_{i=1}^{K} e_{ki} = 1, \quad e_{kk} = 1.$$

当我们考虑掷骰子这一事件时,显然结果有六种可能,则对于质地均匀的骰子,可知其结果服从多类别分布,即 $X \sim \operatorname{Cat}(\boldsymbol{x}; 1, \frac{1}{6}, \cdots, \frac{1}{6})$,而当我们考虑 n 次独立掷骰子这一事件时,其结果服从多项分布,即 $X \sim \operatorname{Multi}(\boldsymbol{x}; n, \frac{1}{6}, \cdots, \frac{1}{6})$.

除了二项分布和多项分布, Poisson 分布也是常用的离散分布, 其定义如定义1.3所示.

定义 1.3. 离散随机变量 X 服从参数为 $\lambda > 0$ 的 Poisson 分布 (记作 $X \sim \text{Poisson}(\lambda)$), 当且仅当其概率函数为:

$$f(x=k;\lambda) = \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!}, k = 0, 1, \cdots.$$
 (6)

Poisson 分布是一种常用的计数分布, 通常可以用 Poisson 分布来建模离散数据. 根据 Poisson 分布的概率函数可计算出其均值和方差为:

$$\mu = \lambda, \quad \sigma^2 = \lambda,$$
 (7)

可以看出 Poisson 分布均值和方差相等, 因此对于某些离散数据来说, Poisson 分布并不能很好的建模数据特征, 此时可以考虑用负二项分布进行建模.

1.2 负二项分布

本节介绍负二项 (Negative Binomial, NB) 分布[3], 其原始定义如定义[?] 所示.

定义 1.4. 若每次 Bernoulli 试验有两种可能结果, 分别为成功或者失败. 在每次试验中, 成功的概率为 p, 失败的概率为 (1-p). 反复进行该 Bernoulli, 直到观察到第 r 次成功发生, 此时试验失败次数 X 的分布即为负二项分布, 记为 $X \sim \mathrm{NB}(x;r,p)$, 概率函数为:

$$p(x=k) = {\binom{k+r-1}{r-1}} p^r (1-p)^k, \quad k = 0, 1, 2, \cdots.$$
 (8)

特别地, 此处我们考虑的是 $r \in \mathbb{Z}$ 的情况, 此时负二项分布又称为 Pascal 分布.

根据概率函数可求出 NB 分布的均值和方差[3], 均值和方差为:

$$\mu = r \frac{1-p}{p}, \quad \sigma^2 = r \frac{1-p}{p^2}.$$
 (9)

可以看出, NB 分布的均值和方差不相等, 因此相比于 Poisson 分布, NB 分布能够对离散数据给出更精确的建模.

由定义1.4并不能很好地看出 NB 分布与离散数据之间的关系, 命题1.1可以很好地反映 NB 分布和 Poisson 分布的关系^[5], 命题描述如下:

命题 1.1. 设随机变量 $X \sim \text{Poisson}(\Lambda)$, $\Lambda \geq 0$, Λ 为 Poisson 分布的参数, 且 $\Lambda \sim \text{Gamma}(\lambda; \theta, \beta)$, 即 Λ 的概率分布为:

$$\operatorname{Gamma}(\lambda; \theta, \beta) = \frac{1}{\beta^{\theta} \Gamma(\theta)} \lambda^{\theta - 1} e^{-\lambda/\beta},$$

 θ , β 均为 Gamma 分布的参数, Γ (·) 表示 gamma 函数, 其定义为:

$$\Gamma(x) = \int_0^{+\infty} t^{x+1} e^{-t} dt,$$

则此时有 $X \sim NB(\theta, \beta)$.

我们在此给出命题1.1的证明[5].

证明. 由定义可知, 当给定 $\Lambda = \lambda$ 时, $X \sim \text{Poisson}(\lambda)$, 即:

$$P(X = k | \Lambda = \lambda) = \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda},$$

从而有:

$$\begin{split} P(X=k) &= \int_0^{+\infty} P(X=k|\Lambda=\lambda) p(\lambda) \mathrm{d}\lambda \\ &= \int_0^{+\infty} \frac{\lambda^k}{k!} e^{-\lambda} \cdot \frac{1}{\beta^{\theta} \Gamma(\theta)} \lambda^{\theta-1} e^{-\lambda/\beta} \mathrm{d}\lambda \\ &= \frac{1}{\beta^{\theta} \Gamma(\theta) \cdot k!} \int_0^{+\infty} \lambda^{\theta+k-1} e^{-\lambda(\beta+1)/\beta} \mathrm{d}\lambda, \end{split}$$

考虑计算积分项 $I = \int_0^{+\infty} \lambda^{\theta+k-1} e^{-\lambda(\beta+1)/\beta} d\lambda$, 令 $\varphi = \frac{1+\beta}{\beta}\lambda$, 即 $\lambda = \frac{\beta}{1+\beta}\varphi$, 代入积分项可得:

$$\begin{split} I &= \int_0^{+\infty} \lambda^{\theta+k-1} e^{-\lambda(\beta+1)/\beta} \mathrm{d}\lambda \\ &= \int_0^{+\infty} \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right) \left(\frac{\beta}{1+\beta}\varphi\right)^{\theta+k-1} e^{-\varphi} \mathrm{d}\varphi \\ &= \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^{\theta+k} \int_0^{+\infty} \varphi^{\theta+k-1} e^{-\varphi} \mathrm{d}\varphi \\ &= \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^{\theta+k} \Gamma(\theta+k), \end{split}$$

进而有:

$$P(X = k) = \frac{1}{\beta^{\theta} \Gamma(\theta) \cdot k!} \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^{\theta+k} \Gamma(\theta+k)$$
$$= \frac{\Gamma(\theta+k)}{\Gamma(k+1)\Gamma(\theta)} \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^{k} \left(\frac{1}{1+\beta}\right)^{\theta},$$

若此时取 $p = \frac{1}{1+\beta}$, 则可得:

$$P(X=k) = \frac{\Gamma(\theta+k)}{\Gamma(k+1)\Gamma(\theta)} (1-p)^k p^{\theta} = \binom{k+\theta-1}{\theta-1} p^{\theta} (1-p)^k, \tag{10}$$

这即表示
$$X \sim NB(x; \theta, p)$$
.

由此我们得到 NB 分布的第二个定义, 其概率函数为:

$$P(X=k) = \frac{\Gamma(\theta+k)}{\Gamma(k+1)\Gamma(\theta)} \left(\frac{\beta}{1+\beta}\right)^k \left(\frac{1}{1+\beta}\right)^{\theta},\tag{11}$$

由式(9)可算出此时 NB 分布的均值和方差为:

$$\mu = \theta \frac{1-p}{p} = \theta \beta, \quad \sigma^2 = \theta \frac{1-p}{p^2} = \theta \beta (1+\beta), \tag{12}$$

将均值 $\mu = \theta \beta$ 代入式(11), 此时 $\beta = \frac{\mu}{\theta}$, 由此概率函数可化简为:

$$P(X = k) = \frac{\Gamma(\theta + k)}{\Gamma(k+1)\Gamma(\theta)} \left(\frac{\mu/\theta}{1 + \mu/\theta}\right)^k \left(\frac{1}{1 + \mu/\theta}\right)^{\theta}$$
$$= \frac{\Gamma(\theta + k)}{\Gamma(k+1)\Gamma(\theta)} \left(\frac{\mu}{\theta + \mu}\right)^k \left(\frac{\theta}{\theta + \mu}\right)^{\theta},$$

综上, 对于给定参数 μ , θ , NB 分布的概率函数为:

$$NB(x; \mu, \theta) = \frac{\Gamma(x+\theta)}{\Gamma(x+1)\Gamma(\theta)} \left(\frac{\theta}{\theta+\mu}\right)^{\theta} \left(\frac{\mu}{\theta+\mu}\right)^{x}.$$
 (13)

1.3 零膨胀负二项分布

关于 scRNA-seq 数据的建模, 假设某条 RNA 被测序捕捉到的概率为 p, 将这一事件记为 X_i , 则可知 $X_i \sim B(x;1,p)$. 当我们考虑从总数为 n 的所有 RNA 中捕捉到基因 q 对应的 RNA 这一事件时, 记这一事件为 X, 则可知:

$$X = \sum_{i=1}^{n} X_i, \quad X_i \text{ i.i.d } \sim B(x; 1, p),$$

由定义^[?] 可知, 这时 X 服从总数为 n, 概率为 p 的二项分布, 即 $X \sim B(x; n, p)$. 同时, 对 scRNA-seq 数据, RNA 总数往往非常大, 这时, 当 $n \to +\infty$ 时, 若我们假设 $np = \lambda = \text{Const}$, 此时二项分布就近似成为 Poisson 分布, 即:

$$\lim_{n \to +\infty} P(X = k; n, p) = \lim_{n \to +\infty} \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}$$

$$= \lim_{n \to +\infty} \frac{k!}{n^k} \binom{n}{k} \cdot \frac{(np)^k}{k!} \cdot \left(1 - \frac{\lambda}{n}\right)^{-n/\lambda \cdot (-\lambda)} \cdot (1 - p)^{-k}$$
$$= \frac{\lambda^k e^{-\lambda}}{k!},$$

这即是 Poisson 分布的概率函数, 由此可知:

$$X \sim \text{Poisson}(\lambda = np).$$
 (14)

研究者最开始就是通过 Poisson 分布来对 scRNA-seq 进行建模, 但后来发现 scRNA-seq 数据具有"过散度"性质^[6], 即随着表达值的均值的增加, 方差相对于均值越来越大. 而根据 Poisson 分布的性质可知, Poisson 分布的均值和方差相等, 这时 Poisson 分布已经不能很好地完成对 scRNA-seq 数据的建模.

由命题1.1可知, NB 分布是对 Poisson 分布的改进, 同时由式(12)可知, 当 $\beta > 0$ 时有:

$$\sigma^2 = \theta \beta (1 + \beta) > \theta \beta = \mu, \tag{15}$$

此时 NB 分布的方差大于均值,可以用于表示"过散度"性质,因此考虑利用 NB 分布建模 scRNA-seq 数据. 同时,在 scRNA-seq 数据中,由于测序技术等原因,scRNA-seq 数据包含大量零值,因此可以考虑引入参数来单独建模零值分布,即考虑用混合模型来建模 scRNA-seq 数据分布,我们在此给出混合模型的数学描述:

给定一个事件 X,假设其产生的结果受 K 个因素 X_1, \dots, X_K 的影响,每个因素发生的先验概率为 $p(X_i) = \pi_i$,且在已知 X_i 发生的条件下,X 服从某一特定分布,该分布的参数记作 θ_i ,即 $p(X|X_i) = f_{X_i}(x;\theta)$,则此时 X 的概率函数为:

$$f_X(x;\theta) = \sum_{i=1}^K p(X_i)p(X|X_i) = \sum_{i=1}^K \pi_i f_{X_i}(x;\theta_i),$$
 (16)

2 神经网络实现 6

此时我们称 X 的分布模型为 K 因素混合模型.

为建模 scRNA-seq 数据的高稀疏性,考虑用 K=2 的混合分布来进行建模. 以 Dirac 分布来额外建模 0 值发生的情况,则我们可以定义两个随机事件

$$X_1 := \{X \times \text{ in Dirac } \mathcal{G}_n\}, \quad X_2 := \{X \times \text{ in NB } \mathcal{G}_n\},$$

其中 Dirac 分布表示事件只在 0 值发生, 即:

$$P(X = 0) = 1, \quad P(X \neq 0) = 0,$$

若假设 X_1 发生的先验概率为 $P(X_1) = \pi$, 则此时我们得到混合分布的概率函数:

$$f(x; \mu, \theta, \pi) = p(X_1)p(X|X_1) + p(X_2)p(X|X_2) = \pi\delta(x) + (1 - \pi)f_{NB}(x; \mu, \theta), \quad (17)$$

其中, μ , θ 为 NB 分布的参数, π 为 Dirac 分布的发生先验, 可以理解为 0 值的额外发生概率, $\delta(x)$ 为示性函数, 即:

$$\delta(x) = \begin{cases} 1, & x = 0, \\ 0, & x \neq 0. \end{cases}$$

我们称这一混合模型为 ZINB 分布模型, 由式(17)可以知道 ZINB 分布的概率函数为:

$$f_{\text{ZINB}}(x; \mu, \theta, \pi) = \pi \delta(x) + (1 - \pi) f_{\text{NB}}(x; \mu, \theta), \tag{18}$$

类似地, 若考虑其他分布和 Dirac 分布的混合, 则可以得到其他的零膨胀分布模型, 例如零膨胀 Poisson(Zero-Inflated Poisson, ZIP) 分布^[7] 等.

综上, 我们已经详细介绍了 ZINB 分布. ZINB 分布可以理解为在 NB 分布的基础上引入混合系数 π 来额外建模零值分布, 这能够处理某些 scRNA-seq 数据的高度稀疏性. 需要注意的是, 在实际问题上, NB 分布和 ZINB 分布都能够很好地建模 scRNA-seq 数据, 具体的分布选择依赖于具体数据.

2 神经网络实现

在深度神经网络中,通常用自编码器模型来处理 scRNA-seq 数据,基于 ZINB 分布建模的自编码器模型如图1所示.

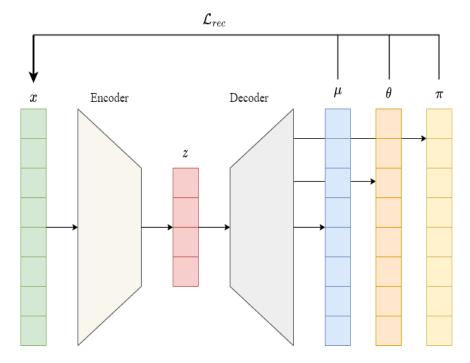


图 1: ZINB 自编码器网络结构图

利用神经网络 Θ 来拟合函数 $f: \boldsymbol{x} \to (\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\pi})$,从而对给定 \boldsymbol{x} ,可以通过神经 网络 f_{Θ} 算出其服从的 ZINB 分布的参数 $(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\pi})$. 其中 $\boldsymbol{x} = (x_1, \dots, x_n)^{\mathrm{T}} \in \mathbb{R}^n$,假设 \boldsymbol{x} 的各个分量相互独立且都服从 ZINB 分布,即 $x_i \sim \mathrm{ZINB}(x_i; \mu_i, \theta_i, \pi_i)$.

为得到合适的拟合参数 (μ, θ, π) ,我们以最小化负对数似然函数来作为网络的损失函数, 即:

$$\mathcal{L}_{rec} = -\log P(\boldsymbol{x}; \boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\theta}, \boldsymbol{\pi}) = -\sum_{i=1}^{n} \log P(x_i; \mu_i, \theta_i, \pi_i),$$
(19)

由式(13)和(18)可知, 对每个分量 x, 概率函数为:

$$\log P(x; \theta, \mu, \theta) = \begin{cases} \log ((1 - \pi) \cdot NB(x; \mu, \theta)), & x > 0, \\ \log \left(\left(\frac{\theta}{\theta + \mu} \right)^{\theta} (1 - \pi) + \pi \right), & x = 0, \end{cases}$$
(20)

结合式(20)和式(19)可以算出最终的网络损失, 网络训练完成之后, 可以取出隐藏变量 **Z** 来完成细胞聚类, 细胞注释等下游分析任务.

参考文献

[1] Yau K K, Wang K, Lee A H. Zero-inflated negative binomial mixed regression modeling of over-dispersed count data with extra zeros[J]. Biometrical Journal,

A CODE 8

- 2003, 45(4): 437-452.
- [2] Eraslan G, Simon L M, Mircea M, et al. Single-cell rna-seq denoising using a deep count autoencoder[J]. Nature Communications, 2019, 10(1): 1-14.
- [3] 李贤平. 概率论基础[M]. 北京: 高等教育出版社, 1997.
- [4] 李航. 统计学习方法[M]. 北京: 清华大学出版社, 2012.
- [5] Anscombe F J. The transformation of poisson, binomial and negative-binomial data[J]. Biometrika, 1948, 35(3/4): 246-254.
- [6] Hinde J, Demétrio C G. Overdispersion: models and estimation[J]. Computational Statistics & Data Analysis, 1998, 27(2): 151-170.
- [7] Lambert D. Zero-inflated poisson regression, with an application to defects in manufacturing[J]. Technometrics, 1992, 34(1): 1-14.

A Code

```
import torch
from torch import nn
class ZINBLoss(nn.Module):
   def __init__(self):
      super(ZINBLoss, self).__init__()
   def forward(self, x, mean, disp, pi, scale_factor=1.0,
      ridge_lambda=0.0):
      eps = 1e-10
      mean = (mean.T * scale_factor).T
      t1 = torch.lgamma(disp+eps) + torch.lgamma(x+1.0) - \
          torch.lgamma(x+disp+eps)
      t2 = (disp+x) * torch.log(1.0 + (mean/(disp+eps))) + 
          (x * (torch.log(disp+eps) - torch.log(mean+eps)))
      nb_final = t1 + t2
      nb_case = nb_final - torch.log(1.0 - pi + eps)
      zero_nb = torch.pow(disp / (disp + mean + eps), disp)
      zero_case = -torch.log(pi + ((1.0 - pi) * zero_nb) + eps)
```

A CODE

```
result = torch.where(torch.le(x, 1e-8), zero_case, nb_case)

if ridge_lambda > 0:
    ridge = ridge_lambda * torch.square(pi)
    result += ridge

result = torch.mean(result)
return result
```