

- Tavoitteena on estimoida luentorungossa esitetyn DNA-ketjun siirtymätodennäköisyydet bayesiläisittäin.
  - a) Ei oteta huomioon ensimmäisen havainnon jakaumaa vaan ehdollistetaan sen suhteen. Tällöin posteriorijakaumaa voidaan simuloida suoraan, jos asetetaan siirtymämatriisiin rivien priorijakaumiksi riippumattomat Dirichlet:n jakaumat, esim.  $\text{Dirichlet}(0.5,0.5,0.5,0.5)$ . Tällöin myös rivien posteriorijakaumat ovat Dirichlet-jakautuneita. Tee simulointia ja tutki, miten normaalisia yksittäisten parametrien reunaposteriorijakaumat ovat. Raportoi niille myös Bayes-estimaatit ja luottamusvälit.
  - b) Otetaan huomioon ensimmäisen havainnon reunajakauma. Oletetaan, että se vastaa stationaarista jakaumaa. Ensimmäisen havainnon tilan stationaarinen todennäköisyys saadaan muiden parametrien funktiona. Sitä ei tarvitse ratkaista käsin, vaan sen saa määritettyä sopivilla matriisioperaatioilla. Ensimmäinen tila on G (guaniini). Estimointi voidaan tehdä Metropolis-Hastings-algoritmilla seuraavasti: Päivitetään vuorotellen siirtymämatriisin rivejä käyttäen ehdotusjakaumana a-kohdan Dirichlet-jakaumia. Hyväksymistodennäköisyyden laskemisessa käytetään koko posteriorijakaumaa, jossa ensimmäisen havainnon jakaumakin on otettu huomioon. Tutki, poikkeavatko a ja b-kohtien tulokset. Luultavasti eivät, koska havaintoja on kaikestaan 1751 ja yhden havainnon jakauman vaikutus on häviävän pieni. Kokeile, kuinka lyhyissä ketjuissa ero tulee näkyviin.
- Kirjoita raportti, jossa on esitetty uskottavuusfunktio, priorijakauma ja posteriorijakauma ja selitetty, miten posteriorijakaumaa on simuloitu a- ja b-kohtien tapauksissa. Liitä raporttiin reunaposteriorijakaumien kuvia ja kuvioita, jotka osoittavat suppenemisen stationaariseen jakaumaan b-kohdan tapauksessa. Pane liitteeseen tarvittava R-koodi.