Eötvös Loránd Tudományegyetem

Természettudományi Kar

Többtípusú elágazó folyamatok

Kovács Adél

Szakdolgozat

Alkalmazott matematikus MSc, Sztochasztika szakirány

Témavezető:

Backhausz Ágnes

Valószínűségelméleti és Statisztika Tanszék

Budapest, 2017

Köszönetnyilvánítás

Ezúton szeretném megköszönni témavezetőmnek, Backhausz Ágnesnek a sok segítséget, a rendszeres konzultációkat és a tanácsokat amelyek nélkül ez a szakdolgozat nem készülhetett volna el. A készülő munka többszöri elolvasása, a pontatlanságok kijavítása nagy segítséget jelentettek számomra.

Tartalomjegyzék

Bevezetés 5

1. Elágazó folyamatok **6**

1.1. Elágazó folyamatok kezdeti problémája 6

1.2. Elágazó folyamatok általános modellje 8

1.3. Egyedek száma 8

1.3.1. Általános esetben 8

1.3.2. Kétféle részecske típus esetén 10

1.4. Kihalás valószínűsége 12

1.5. Egyéb modellek 12

1.6. Példák elágazó folyamatokra 13

1.6.1. Elektronsokszorozó 13

1.6.2. Nukleáris láncreakció 13

1.6.3. Mutáns gének fennmaradása 14

1.6.4. Sorbanállás 14

1.6.5. Járványterjedés 14

2. Az általam vizsgált modell **15**

2.1. A szimuláció 17

2.1.1. A↔B típusú változat 17

2.1.2. A→B típusú változat 17

2.1.3. Egyedek számának várható értéke a többtípusú modell esetén . . . 18

2.2. Eredmények 25

2.2.1. Két típus esetén 25

2.2.2. Több típus esetén 30

2.2.3. Paraméterektől való függés 42

2.3. Összefoglalás 46

2.4. Programkódok 48
2.4.1. Két típus esetén 48
2.4.2. Több típus esetén 50
2.4.3. Ábrák 51
2.4.4. Paraméterektől való függés 54
2.4.5. Hányados várható értékének becslése 58

Bevezetés

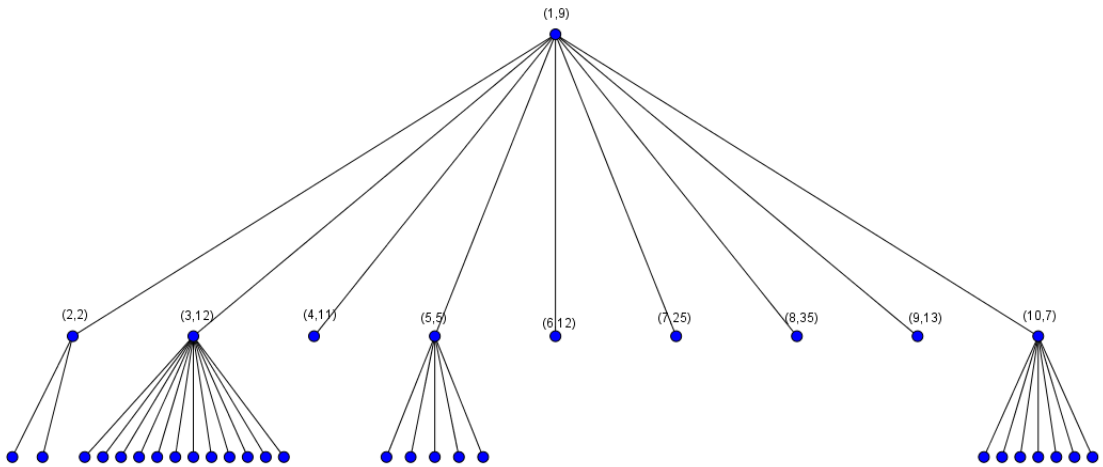
Dolgozatomban a többtípusú elágazó folyamatokkal foglalkoztam, melyre egy egyszerű elágazó folyamat általánosításaként is tekinthetünk. Az első fejezetben az elméleti háttér bemutatásával kezdem, az elágazó folyamatok kezdeti megjelenésével. Ezt követően a témakör két nagy kérdésére, a generációk egyedszámára és a kihalás valószínűségére fogalmazok meg állításokat és bizonyítom őket az [1] és a [2] gondolatmenetét követve. Említés szintjén itt is kitérek a többtípusos esetre. A már említett az [1], [2] irodalmon kívül az [5] -ben is elhangzó néhány példán keresztül adok egy általános áttekintést az elágazó folyamatok felhasználási területeiről a teljesség igénye nélkül. Az általam bemutatott modell leginkább biológiai, genetikai modellekhez, illetve azok felhasználásához kapcsolható. Ezek mellett az elágazó folyamatok számos területen alkalmazhatóak, mint például a sorbanállás elmélete, mely megjelenik a távközlésben is, járványterjedés modellezésénél is jelentős, előtérbe kerül illetve a fizika számos területén is előfordul például az elektronsokszorozó működése és egy nukleális láncreakció is leírható a segítségével.
Ezt követően rátérek a dolgozatom központi témájára, az általam vizsgált saját modellek bemutatására. Két és több típusú modelleket vizsgáltam, illetve az általam írt szimuláció szerint szimuláltam több paraméterbeállítás mellett. Majd ezeknek a szimulációknak az eredményét prezentáltam. Két típus esetén két különböző modellel is foglalkoztam, itt leginkább a típusok arányára voltam kíváncsi. Többtípusú esetben is érdekes valamilyen szintű típusarány, itt a típusok arányát néztem az összes egyedszámhoz képest, illetve az első típus arányát szintén az összes egyedhez képest. Ezen felül vizsgáltam a folyamat paraméterektől való függését, hogy hogyan függ a szaporodás paraméterétől egy folyamat változása fix halálozás mellett, illetve ennek a másik oldalát, hogy hogyan függ a halálozás paraméterétől a folyamat adott szaporodás esetén. A kapott eredményeket ábrákon mutattam be. A megírt szimulációk forráskódjai pedig dolgozatom végén találhatóak.

1. fejezet

Elágazó folyamatok

1.1. Elágazó folyamatok kezdeti problémája

A 19. században figyeltek fel arra, hogy az arisztokrata családnevek sorra halnak ki. 1873-ban Galton fogalmazott meg egy kérdést az ilyen típusú események valószínűségével kapcsolatban:
"Egy nagy nemzet benépesít egy területet. A nemzetnek az N számú felnőtt férfi tagjaira koncentrálunk, és feltesszük, hogy mindegyiküknek különbözik a vezetékneve. Minden egyes generációban a férfiak a_0%-ának nem lesz felnőtt kort elérő fiúgyermeke, a_1%-ának egy lesz, a_2%-ának kettő, ..., a_5%-ának öt. Határozzuk meg, hogy az r-edik generációban a vezetéknevek milyen aránya halt ki. Hányszor lesz olyan, hogy m ember viseli ugyanazt a vezetéknevet?"[6]
Erre a felvetésre Henry Watson válaszolt egy megoldással. 1874-ben írtak egy közös tanulmányt a családok kihalásának valószínűségéről ezért nevezték el a folyamatot Galton-Watson folyamatnak. Ekkor a megoldásuk azt állította, hogy a kihalás valószínűsége mindig 1. Később 1930-ban Johan Frederik Steffensen publikálta a helyes megoldást bizonyítással együtt. 1845-ben pedig már Irénée-Jules Bienaymé is foglalkozott a kérdéssel és helyes megoldással szolgált, de bizonyítás nélkül, és a cikket több mint száz évre elfelejtették. Bienaymé emlékére szokták Bienaymé-Galton-Watson folyamatnak is hívni.
A több mint 140 éves sztochasztikus folyamat nevét onnan kapta, hogy kiindulunk valahonnan, egy kezdeti egyedből vagy elemből, majd a populáció elágazik k részre, és minden egyes rész külön él tovább. Ezt az 1.1. ábrán szemléltetem. Az ábrán található gráf pontjai az egyedek, a pontokhoz rendelt paraméterek (p, q), ahol p jelöli az egyed sorszámát,



1.1. ábra. Elágazó folyamatok szemléltetése

vagyis hogy előtte hány egyed született, q pedig az utódai számát. Látszik, hogy akár a $(2, 2)$, akár a $(7, 25)$-ös egyedből kiindulva is ilyen típusú ábrát kapunk. Ezért is választhatjuk minden folyamat esetén az 1 kezdeti egyedszámot.

1.2. Elágazó folyamatok általános modellje

A folyamat a következőképpen írható le. Tekintsünk 1 darab kezdeti részecskét, ez lesz az eredeti vagy nulladik generáció, ez a részecske képes ugyanilyen típusú utódok létrehozására. Minden részecske p_k valószínűséggel hoz létre k darab új részecskét. Az n-edik generációt pedig az $(n-1)$-edik generáció részecskéi hozzák létre. Minden részecske viselkedése egymástól független. Az egyik kérdés, hogy milyen valószínűséggel hal ki a folyamat, vagyis hogy milyen valószínűséggel lesz a részecskék száma 0 elég sok lépés után. Illetve a másik kérdés, hogy mit mondhatunk az utódok összlétszámáról.

1.3. Egyedek száma

Az egyedek számát figyelve a folyamat háromféleképpen viselkedhet. Első eset, hogy a folyamat elindulása után hamarosan kihal, ezt hívják szubkritikusnak, második esetben a folyamat exponenciális sebességgel tart a végtelenhez, tehát nagyon gyorsan elszaporodik, ez a szuperkritikus eset. Végül előfordulhat, hogy a folyamatra egyik sem igaz, hanem valahol a két érték között változik, ez pedig a kritikus eset. Nyilván a folyamat ezen viselkedése is egy paraméter függvénye, ez pedig a várható érték. Tehát nézzük meg, milyen feltételek mellett alakulnak ki a fenti típusok.

1.3.1. Általános esetben

Általános esetben az egyedek számának várható értékének meghatározását az [1] és a [3] alapján mutatom be, generátorfüggvény segítségével. Jelölje X_n az n. generáció elemszámát, legyen $X_0 = 1$ és legyenek ξ_r független, azonos eloszlású valószínűségi változók $r \geq 1$ esetén. Írjuk fel X_n-et a következő alakba:

$$X_n = \sum_{r=1}^{X_{n-1}} \xi_r.$$

Továbbá adjuk meg ξ_r, vagyis az utódok eloszlását a következőképpen:

$$P(\xi_r = k) = p_k, k = 0, 1, 2, \ldots, \sum_{k=0}^{\infty} p_k = 1.$$

Mivel X_n egy véletlen tagszámú összeg, adjuk meg az eloszlást generátorfüggvény segítségével. Így az utódszám eloszlásnak generátorfüggvénye az alábbi módon adható meg:

$$g(x) = \sum_{k=0}^{\infty} p_k \cdot x^k$$

és

$$g_n(x) = \sum_{k=0}^{\infty} P(X_n = k) \cdot x^k, \text{ ha } n = 0, 1, 2, \ldots$$

Az n-edik generáció, vagyis X_n elemszáma X_{n-1} darab ξ_r valószínűségi változó összege. A generátorfüggvényre felírhatók az alábbiak:

$$g_0(x) = x \text{ és } g_1(x) = g(x)$$

$$g_n(x) = \sum_{k=0}^{\infty} P(X_{n-1} = k) \cdot x^k = \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{\infty} P(X_n = k | X_{n-1} = j) \cdot P(X_{n-1} = j) \cdot x^k =$$

$$\sum_{k=0}^{\infty} x^k \sum_{j=0}^{\infty} P(X_n = j) \cdot P(\xi_1 + \cdots + \xi_j = k) = \sum_{j=0}^{\infty} P(X_{n-1} = j) \cdot \sum_{k=0}^{\infty} P(\xi_1 + \cdots + \xi_j = k) \cdot x^k$$

Feltettük, hogy a ξ_r független, azonos eloszlású valószínűségi változók és $g(x)$ generátorfüggvényük, az összeg $\xi_1 + \xi_2 + \cdots + \xi_j$ generátorfüggvénye pedig $(g(x))^j$. Ezért a g_n generátorfüggvény, felírható összetett függvényként:

$$g_n(x) = g_{n-1}(g(x)) = \underbrace{g(g(\cdots g(g(x)) \cdots))}_{n-szer} = g(g_{n-1}(x)) \tag{1.1}$$

Ennek segítségével a generátorfüggvények rekurzióval kiszámíthatók:

$$\begin{aligned} g_2(x) &= g(g_1(x)) \\ g_3(x) &= g(g_2(x)) \\ &\vdots \end{aligned}$$

Ennek segítségével X_n várható értéke és szórásnégyzete kiszámolható. Tegyük fel, hogy $E(X_1) = m$ és $D^2(X_1) = \sigma^2$.

1.3.1. Tétel. *[1] A fenti feltételek mellett $E(X_n) = m^n$.*

Bizonyítás. Tudjuk, a generátorfüggvény tulajdonságaiból, hogy $g'(1) = g_1'(1) = E(X_1) = m$. Továbbá igaz, hogy $E(X_n) = g_n'(1)$, majd ezen megállapítások és (1.1) segítségével kapjuk:

$$g_n'(1) = g'(1)g_{n-1}'(1) = (g'(1))^2 g_{n-2}'(1) = (g'(1))^3 g_{n-3}'(1) = \cdots = (g'(1))^{n-1} g_1'(1) = (g'(1))^n$$

Tehát ebből adódik, hogy $E(X_n) = m^n$. $\square$

1.3.2. Tétel. *[1] A fenti feltételek mellett*

$$D^2(X_n) = \begin{cases} \sigma^2 m^{n-1} \dfrac{m^n - 1}{m - 1} & ha\ m \neq 1 \\ n\sigma^2 & ha\ m = 1 \end{cases}$$

Bizonyítás. Tudjuk, hogy $g_n''(1) = E(X_n^2) - E(X_n) = E(X_n^2) - g_n'(1)$, tehát a szórásnégyzet: $D^2(X_n) = g_n''(1) + g_n'(1) - (g_n'(1))^2$. Ezek alapján:

$$g_n''(1) = g_{n-1}''(1)(g_{n-1}'(1))^2 + g'(1)g_{n-1}''(1)$$

Használva, hogy $g'(1) = m$ és $g''(1) = E(X_1^2) - E(X_1) = \sigma^2 + m^2 - m$

$$g_n''(1) = (\sigma^2 + m^2 - m) \cdot m^{2(n-1)} + m \cdot g_{n-1}''(1) =$$
$$(\sigma^2 + m^2 - m) \cdot (m^{2(n-1)} + m^{2(n-2)}) + m^2 g_{n-2}''(1) = \cdots = (\sigma^2 + m^2 - m)(m^{2n-2} + \cdots + m^{n-1}).$$

Tehát

$$D^2(X_n) = (\sigma^2 + m^2 - m)(m^{2n-2} + \cdots + m^{n-1}) + m^n - m^{2n} = \sigma^2(m^{2n-2} + \cdots + m^{n-1}) =$$
$$\sigma^2 m^{n-1} \frac{m^n - 1}{m - 1}, \text{ ha } m \neq 1$$

és

$$D^2(X_n) = n\sigma^2, \text{ ha } m = 1$$

$\square$

Vagyis, ez azt jelenti, hogy a szórásnégyzet exponenciális sebességgel nő, ha $m > 1$, exponenciális sebességgel csökken, ha $m < 1$ és lineárisan változik $m = 1$ esetén.

1.3.2. Kétféle részecske típus esetén

Kétféle részecske típusú folyamatra hasonlóan kiszámolhatók, ez egyfajta általánosítása az egy típusú folyamathoz képest. Két különböző egyedtípus, bármely típusú egyed, a többitől függetlenül mindkét típusú leszármazottat létrehozhat. Jelölje U_n és V_n az n-edik generáció első illetve második típusainak egyedszámát. A későbbiekben egy ehhez hasonló modellt is bemutatok, ott a két típust A illetve B jelöli. Ekkor az $n + 1$. generációhoz tartozó egyedek száma a következőképpen írható fel:

$$U_n = \sum_{j=1}^{U_{n-1}} \xi_j^{(1)} + \sum_{j=1}^{V_{n-1}} \xi_j^{(2)}$$
$$V_n = \sum_{j=1}^{U_{n-1}} \zeta_j^{(1)} + \sum_{j=1}^{V_{n-1}} \zeta_j^{(2)}$$

$(\xi_j^{(i)}, \zeta_j^{(i)})$ pedig független azonos eloszlású véletlen vektorok, eloszlása pedig:

$$P(\xi_j^{(i)} = k, \zeta_j^{(i)} = l) = p_i(k,l),\ k,l = 0,1,2,\ldots, \text{ ha } j = 1,2,\ldots \text{ és } i = 1,2$$
$$p_i(k,l) \leq 0 \text{ és } \sum_{k,l=0}^{\infty} p_i(k,l) = 1, \text{ ha } i = 1,2.$$

A folyamat elindulhat az első illetve második típusú egyeddel is, ekkor természetesen a másik típus kezdeti egyedszáma 0. Az általános folyamathoz hasonlóan itt is bevezethető a generátorfüggvény, mely a következő alakban írható fel:

$$g^{(i)}(x,t) = \sum_{k,l=0}^{\infty} p_i(k,l) x^k \cdot t^l,\ i = 1,2.$$

Várható érték helyett várható érték mátrixot nézünk, ami az alábbi feltételes várható értékekből áll:

$$m_{11} = E(U_1|U_0 = 1, V_0 = 0) = E\xi^{(1)}$$
$$m_{12} = E(V_1|U_0 = 1, V_0 = 0) = E\zeta^{(1)}$$
$$m_{21} = E(U_1|U_0 = 0, V_0 = 1) = E\xi^{(2)}$$
$$m_{22} = E(V_1|U_0 = 0, V_0 = 1) = E\zeta^{(2)}$$

ezekből a várható értékekből képzett mátrix pedig a következő:

$$M = \begin{bmatrix} m_{11} & m_{12} \\ m_{21} & m_{22} \end{bmatrix}$$

Jelölje $X_n = (U_n, V_n)$ a folyamatot leíró kétdimenziós vektort. Ekkor a várható értékre vonatkozó állítás általánosítása két típus esetén a következőképpen néz ki:

$$E(X_{n+r}|X_n) = X_n M^r.$$

Többtípusú folyamat esetén ez a gondolatmenet általánosítható tovább.

1.4. Kihalás valószínűsége

Másik kérdés amire választ szeretnénk adni, hogy mennyi annak a valószínűsége, hogy véges sok lépés után az egyedek száma 0 lesz. Tehát valamilyen n-re $P(X_n = 0)$-ra vagyunk kíváncsiak. Természetesen $k > n$ esetén, ha $X_n = 0$, akkor $X_k = 0$, továbbá feltehetjük, hogy $0 < p_0 < 1$, vagyis $p_0 = 0$ esetét nem vesszük figyelembe, hiszen ez azt jelenti, hogy a populáció sosem hal ki, hiszen 0 a valószínűsége, hogy egy egyednek nem lesz utódja. Jelöljük q_n-el ezt a valószínűséget, illetve a generátorfüggvény definíciójából adódóan $q_n = P(X_n = 0) = g_n(0)$.

1.4.1. Tétel. *[1]$P(\exists n : X_n = 0) = 1$, ha $m \leq 1$ és $P(\exists n : X_n = 0) < 1$, ha $m > 1$.*

Bizonyítás. (1.1) alapján felírható, hogy $q_{n+1} = g_{n+1}(0) = g(g_n(0)) = g(q_n)$. Mivel $g(x)$ szigorúan monoton növekvő függvény a $q_1, q_2, \ldots, q_n, \ldots$ egy monoton növekvő sorozat, aminek a felső korlátja 1. Tehát a $q = \lim_{n\to\infty} q_n$ határérték létezik, és $0 < q \leq 1$. Tehát a q a $q = g(q)$ fixpont egyenlet legkisebb megoldása. Nézzük meg a $g(x)$ görbét a $0 \leq x \leq 1$ intervallumban, ekkor láthatjuk, hogy ez egy konvex függvény. Vizsgáljuk meg az $y = x$ egyenest és a várható érték, vagyis a $g'(1) = m$ kapcsolatát. Mivel $g''(x) = \sum_{k=2}^{\infty} k(k-1)p_k x^{k-2} > 0$, ezért $g(x)$ legfeljebb két pontban metszheti az $y = x$ egyenest. Tudjuk, hogy $g(1) = 1$, így az egyik metszéspont biztosan az $(1, 1)$ pontban található. Ha $m = g'(1) > 1$, akkor a függvény grafikonjához az $(1, 1)$ pontban húzott érintő meredeksége nagyobb mint 1, tehát ebben az esetben $0 < q < 1$. Ha viszont $m = g\ (1) \leq 1$, akkor az érintő meredeksége kisebb mint 1 vagy egyenlő 1-el, ekkor $q = 1$. $\square$

1.5. Egyéb modellek

A dolgozatomban ismertetett saját modellhez hasonló modell szerepel a [4]-ben, mely a dolgozatomban szereplő modellhez hasonlóan többtípusú modell. Kezdetben 1 darab egyed van, melynek van egy kezdeti típusa, ez a típus élete során megváltozhat. Itt a részecskékre gének alléljaiként tekintenek, tehát mutáció során az allél változik meg. Minden egyed egymástól függetlenül szaporodik állandó sebességgel, de egyszerre csak 1 utódot hozhat létre. Mutáció során mindig egy teljesen új típus jön létre, szaporodásnál pedig az utód a szülő típusát örökli. Ezeket a folyamatokat végtelen allél folyamatoknak vagy Crump–Mode–Jagers bináris folyamatoknak is nevezik. A cikkben bevezetésre kerül néhány függvény, melyek segítségével a már általam ismertetett szubkritikus, kritikus és

szuperkritikus folyamatokat jellemzi. Az első ilyen bevezetett mennyiség $L_t(x)$ ami azon típusok számát jelöli, ahol már több mint x egyed él t ideje, ez az általam is vizsgált modellben $t = 0$ és $x = 1$, tehát az $L_0(1)$ esetén a típusok számát jelenti. Második ilyen mennyiség az $O_t(s)$ ami azon élő egyedek számát jelenti, ahol $t > s$ esetén, a kezdeti mutáció már legalább s ideje végbement, tehát a saját modell esetén az $O_t(0)$ jelöli az aktuális egyedek számát a t időpillanatban. Végül ennek a két mennyiségnek a keveredésével $M_t(x, s)$ jött létre vagyis azon típusok száma ahol több, mint x egyed létezik és a típus legalább s ideje létezik, tehát $s = 0$ választással azt kapjuk, hogy $M_t(x, 0) = L_t(x)$. Továbbá ezen mennyiségre fent áll, hogy $0 \leq s_1 \leq s_2$ esetén $M_t(x, s_1, s_2) = M_t(x, s_1) - M_t(x, s_2)$ vagyis megkapjuk azon típusok számát amelyek több mint x egyeddel rendelkeznek és $(s_1, s_2]$ idő óta léteznek. Ezekkel a mennyiségekkel pedig jellemzi $t \longrightarrow \infty$ esetén a következő várható értékeket. Szuperkritius esetben az E_tM_t-re kapunk egy exponenciális integrállal számítható képletet, szubkritikus esetnél az E_tO_t-re kapunk egy exponenciális mennyiséget, majd kritikus esetben szintén. Ezen mennyiségek várható értéke konvergál, ezért a saját modellben is várható ezen mennyiségek konvergenciája a szimuláció során.

1.6. Példák elágazó folyamatokra

1.6.1. Elektronsokszorozó

Az elektronsokszorozó a gyenge elektronáram felerősítésére szolgál. Egy sugárforrás által kibocsátott elektronok becsapódnak egy kis kilépési munkájú elektródába, vagyis olyan anyagba amiből könnyen kilépnek az elektronok, így ez nagyobb számú szekunderelektront eredményez. Az elektronsokszorozó egy vagy több ilyen kis kilépési felülettel ellátott elektródát és egy kilépő elektródát vagyis anódot tartalmaz. Itt a kezdetben kibocsátott elektronok a kezdeti egyedek vagyis a nulladik generáció, az elektródákkal történő találkozás után pedig a további generációk jönnek létre.

1.6.2. Nukleáris láncreakció

A részecskék most lassú neutronok, amik véletlenszerűen ütköznek atommagokkal. Az atommag p valószínűséggel m részre hasad, illetve $q = 1 - p$ valószínűséggel nem hasad. A hasadás eredményeként m darab új neutron szakad ki, melyek szintén beleütközhetnek atommagokba és újabb neutronok szakadhatnak ki. Ha az első atommag nem hasad,

akkor a folyamat nem indul el, ha viszont mindegyik atommag hasad minden részecske m új utódot hoz létre. Vagyis ha p közel van 1-hez a neutronok száma gyorsan megnő, tehát ez a szám exponenciális sebességgel növekedhet, fizikai értelemben "robbanás"-ról beszélhetünk, ez a szuperkritikus folyamatnak felel meg.

1.6.3. Mutáns gének fennmaradása

Gének esetén minden génnek lehet k darab tetszőleges utódja, de minden gén tetszőlegesen mutáns génné alakulhat. Ez a mutáns gén ezek után ilyen mutációjú gének kiinduló egyede lehet. Megvizsgálhatjuk ennek a mutációnak a fennmaradási valószínűségét. Ezt a példát részletesebben fogom ismertetni a saját modellemen keresztül is.

1.6.4. Sorbanállás

A sorbanállási folyamatoknál vizsgáljuk a várakozási időket a kiszolgálásig, és ezek a várakozási idők elágazó folyamattal írhatók le. Tegyük fel, hogy egy ügyfél vagy vevő talál egy szabad kiszolgálót, aki azonnal kiszolgálja, így ő lesz a nulladik generáció. A kiszolgálás alatt érkezők lesznek az első generáció egyedei, és így tovább. A folyamat addig tart, amíg a sorbanállás be nem fejeződik. Vagyis ha bemegyünk egy boltba, ahol a pénztárnál éppen nincs sor, mi leszünk a nulladik generáció, akik ezalatt az idő alatt érkeztek, míg minket kiszolgálnak, ők lesznek a második generáció, és így tovább. A sorbanállás modell először Agner Krarup Erlang-nél jelent meg 1909-ben, aki egy telefonközpontba beérkező telefonhívások számát modellezte és megalkotta az M/D/1 modellt, majd később az M/D/k modellt. Ebben a modellben M a Markov rövidítése, jelentése pedig, hogy a beérkezések Poisson folyamat szerint történnek, D a determinisztikusból jön, vagyis determinisztikus a kiszolgálás ideje, k pedig a kiszolgálók számát jelöli.

1.6.5. Járványterjedés

Egy érdekes példa az elágazó folyamatok alkalmazására az [5] alapján, mely a 2012-es labdarúgó Európa-bajnokság, amelyet Lengyelország és Ukrajna rendezett, ahol is kanyarójárvány volt ekkor. A kanyaró emberről emberre terjedő betegség, mely oltással megelőzhető. A betegségnek két periódusa van, egy lappangási és egy fertőzési, ezért kéttípusos modellel modellezhető. A vizsgálandó kérdés pedig "Hogyan befolyásolják a mérkőzések eredményei egy kanyaró járvány kirobbanását a szurkolók hazautazása után?".

2. fejezet

Az általam vizsgált modell

A következő részben szeretném bemutatni az általam vizsgált, saját modellt, mely az előzőekben bemutatottakhoz képest lényegesen különbözik, hiszen itt fellép egy mutáció is. Kezdetben 1 egyed létezik, ez lesz a nulladik generáció, az egyedek exponenciális élettartamot élnek, tehát véges időn belül elhaláloznak vagy törlődnek, egymástól függetlenül Poisson folyamat szerint szaporodnak illetve binomiális eloszlás szerint mutálódhatnak a többi egyedtől függetlenül új típust létrehozva. Ekkor minden generáció során pontosan egy új típus jöhet létre. Vagyis kezdetben az első típusból van egy darab egyedünk, mely k számú utódot hoz létre, melyek típusa jelen esetben 2% valószínűséggel új típussá változhat. Két illetve több típus esetén vizsgáltam a folyamat, a típusok és az egyedszámok változását. Két típus esetén két különböző esetet vizsgáltam, az egyik amikor az első típus mely legyen most A típus a B típussá átalakulhat, viszont a B típus már nem alakulhat A típussá, viszont ugyanúgy szaporodhat, jelöljük ezt az esetet A$\rightarrow$B-nek. Erre akár példa lehet egy gén rosszindulatú elváltozása, megbetegedése, ahol leginkább az érdekel minket, mikor hal ki ez a mutáns B típus. Másik eset, hogy a B típus is átalakulhat A típussá, jelöljük ezt A$\leftrightarrow$B-vel. Ebben az esetben pedig a típusok egymáshoz vett aránya lehet érdekes. Ezt követően a többtípusú esetben mindig új típus jön létre a mutációk során, ez akár az első két típusú eset általánosítása is lehet. Itt érdekes az is, hogy egyáltalán hány típus jön létre, a különböző típusok egyedeinek száma, mikor hal ki egy-egy típus, illetve hogy ezek a típusok hogyan oszlanak meg az összes egyedhez képest.
Mindhárom modell esetén három paramétert választhatunk meg, ezek pedig a következőek. Jelölje p a halálozás valószínűségét, vagyis hogy egy egyed milyen valószínűséggel törlődik, mire a következő időpontban a folyamatra nézünk. Legyen r a születés vagy utódlás paramétere, tehát milyen valószínűséggel születik az adott egyednek utódja. Vé-

gül a mutáció paramétere melyet a szimuláció során csak az A↔B típusú folyamat esetén változtattam, ez végig nagyon kicsi, pontosan 2% illetve az A↔B típusú folyamat esetén rendre 4% és 2% maradt. A paraméterekre bizonyos fokig megkötéseket kell tennünk, ugyanis nyilvánvalóan a születés valószínűségének magasabbnak kell lennie a halálozás valószínűségénél, tehát $r \geq p$ -nak teljesülnie kell, hiszen $r < p$ esetén a folyamat el sem indul illetve kihal, ez az 1.4.1 tétel feltételének megfeleltethető, tehát ezt az esetet nem érdemes vizsgálni. A megvizsgált esetek paraméterek szempontjából a következők voltak: A↔B típusú folyamat esetén:

Esetek	Halálozás paramétere (p)	Születések paramétere (r)	A típus mutáció paramétere	B típus mutáció paramétere
Első eset	0.02	0.9	0.04	0.02
Második eset	0.1	0.9	0.04	0.02

Különböző halálozási paraméter esetén:

Estek	A típus halálozási paramétere (p_A)	B típus halálozási paramétere (p_B)	Születések paramétere (r)	A típus mutáció paramétere	B típus mutáció paramétere
Harmadik eset	0.02	0.05	0.9	0.04	0.02

A→B típus esetén:

Esetek	Halálozás paramétere (p)	Születések paramétere (r)	Mutáció paramétere
Első eset	0.05	0.5	0.02

Több típus esetén:

Esetek	Halálozás paramétere (p)	Születések paramétere (r)	Mutáció paramétere
Első eset	0.2	0.8	0.02
Második eset	0.2	0.4	0.02
Harmadik eset	0.4	0.8	0.02
Negyedik eset	0.4	0.7	0.02

2.1. A szimuláció

2.1.1. A↔B típusú változat

Az A↔B típusú folyamat esetén, tehát amikor a B típus is mutálódhat A típusúvá, az adatok tárolása egy adattáblában történik. Van egy utód függvény, ami a születések és a halálozások hatására egy véletlen számot generál, ez lesz az egyedek száma a következő időpontban, amikor a folyamatra nézünk. Ebből az egyedszámból binomiális eloszlás szerint kiválasztódnak a mutálódó egyedek, ezek B típusúak lesznek. A B típusra hasonlóképp játszódik le a folyamat. Az A típus esetén a mutálódás paramétere kétszer nagyobb lesz mint a B típus esetén, tehát kétszer valószínűbb, hogy A B-be alakul mint fordítva. Az egyedek számának tárolására szolgáló adattábla pedig a 2.1. ábrán látható módon néz ki.

	etipus	etipusszam	mtipus	mtipusszam
1	A	1	B	0
2	A	1	B	2
3	A	2	B	4
4	A	5	B	8
5	A	10	B	15
6	A	18	B	28
7	A	33	B	49
8	A	59	B	88
9	A	117	B	166
10	A	214	B	312
11	A	403	B	566
12	A	761	B	1071
13	A	1414	B	2007
14	A	2694	B	3820
15	A	5114	B	7200
16	A	9695	B	13692
17	A	18325	B	25827
18	A	34681	B	48925
19	A	65593	B	92449
20	A	123618	B	174694
21	A	233686	B	329887
22	A	441427	B	623584

2.1. ábra. A↔B típusú modell adatainak tárolása

2.1.2. A→B típusú változat

Tulajdonképpen az A→B típusú folyamat és a többtípusú folyamat szimulációjának elve ugyanaz, a különbség csak a tároló mátrix méretében van. Tehát az adatok tárolása egy mátrixban történik, ahol az oszlopok sorszáma jelzi, hogy hányadik típusról van szó. A sorok jelentése pedig a következő: a páratlan sorszámú sorokban található, hogy melyik típushoz hány egyed tartozik, vagyis a mutáció és az egyedszám alakulásának együttes eredménye. A páros sorokban pedig a halálozás és születések által létrejött egyedek száma, a mutáció előtti állapot található. Például nézzük az alábbi mátrix esetén a 18. sort,

ekkor az első típusból 44 darab egyed van, a második típusból pedig 5. Ekkor az első típusból 1 egyed mutálódik, ő harmadik típusú lesz, az első típusú egyedekből pedig 43 darab marad. Ezt követően a 20. sorban látható, hogy a szaporodások és a halálozások figyelembevételével az első típusból 59 darab lesz, a második típusból 4 darab marad, a harmadik típusból pedig 2 lesz. A táblázatból többek között leolvasható, hogy negye-

1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
5	3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
6	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
7	6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
8	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
9	9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
10	13	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
11	12	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
12	17	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	17	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
14	21	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
15	21	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
16	34	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
17	34	4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
18	44	5	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
19	43	5	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
20	59	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
21	58	4	2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
22	79	6	4	2	0	0	0	0	0	0	0	0	0
23	75	6	4	2	4	0	0	0	0	0	0	0	0
24	108	7	4	0	2	0	0	0	0	0	0	0	0
25	104	7	4	0	2	4	0	0	0	0	0	0	0
26	149	10	6	0	2	4	0	0	0	0	0	0	0
27	146	10	6	0	2	4	3	0	0	0	0	0	0
28	209	16	9	0	3	4	3	0	0	0	0	0	0
29	203	16	9	0	3	4	3	6	0	0	0	0	0
30	300	17	10	0	5	4	4	8	0	0	0	0	0
31	294	17	10	0	5	4	4	8	6	0	0	0	0
32	418	24	9	0	7	8	0	14	10	0	0	0	0
33	412	24	9	0	7	8	0	14	10	6	0	0	0
34	564	31	7	0	11	10	0	20	15	6	0	0	0

2.2. ábra. Többtípusú modell adatainak tárolása

dik típusú egyedek nagyon hamar kihaltak ebben az esetben, illetve a hetedik típusra is ugyanez a sors várt. Az is látható, hogy minél nagyobb sorszámú új típusok esetén az első egyedek száma is magasabb. Ez nem meglepő, hiszen például a hatodik típus esetén az első öt típus mutálódott egyedei alkotják a kezdeti egyedeket, ezért ezek egyre nehezebben halnak ki.

2.1.3. Egyedek számának várható értéke a többtípusú modell esetén

$X_0^{(1)} = 1$ kezdeti egyedszámból indulunk, ez természetesen első típusú lesz. Határozzuk meg az n. generáció várható értékének számát az első típus esetén:

$$E(X_1^{(1)}) = X_0^{(1)} \cdot (1-p) + X_0^{(1)} \cdot (1-p) \cdot r \cdot (1-m) = X_0^{(1)} \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m)$$

ahol $X_1^{(1)}$ az első típus első generációjának elemszámát jelöli, általánosan pedig $X_n^{(j)}$ a j-edik típus n. generációja. p a halálozás, r a szaporodás valószínűsége, m pedig a mutáció paraméterét jelöli, vagyis az $(1-m)$ szorzó a nem mutálódás valószínűsége. Ezt a mutációt figyelembe véve kapjuk a következő eredményeket:

$$E(X_2^{(1)}) = E(X_1^{(1)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p)^2 \cdot (1+r)^2 \cdot (1-m)^2$$
$$\vdots$$
$$E(X_n^{(1)}) = E(X_{n-1}^{(1)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p)^n \cdot (1+r)^n \cdot (1-m)^n$$

Így már könnyen kiszámíthatjuk milyen paraméterek esetén kapunk szubkritikus, kritikus illetve szuperkritikus folyamatokat. Mivel jelen szimulációk esetén az m mutáció paramétere végig állandó, így számolásom során is ezzel fogok számolni, tehát az $m = 0.02$ értékkel.

$$(1-p)^n \cdot (1+r)^n \cdot (1-m)^n = 1$$
$$(1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = 1$$

Vagyis az $m = 0.02$-t behelyettesítve:

$$1 - p = \frac{1}{0.98 \cdot (1+r)}$$
$$p = 1 - \frac{1}{0.98 \cdot (1+r)} = \frac{0.98 \cdot r - 0.02}{0.98 + 0.98 \cdot r}$$

Kritikus folyamatot kapunk ha:

$$p = \frac{0.98 \cdot r - 0.02}{0.98 + 0.98 \cdot r}$$

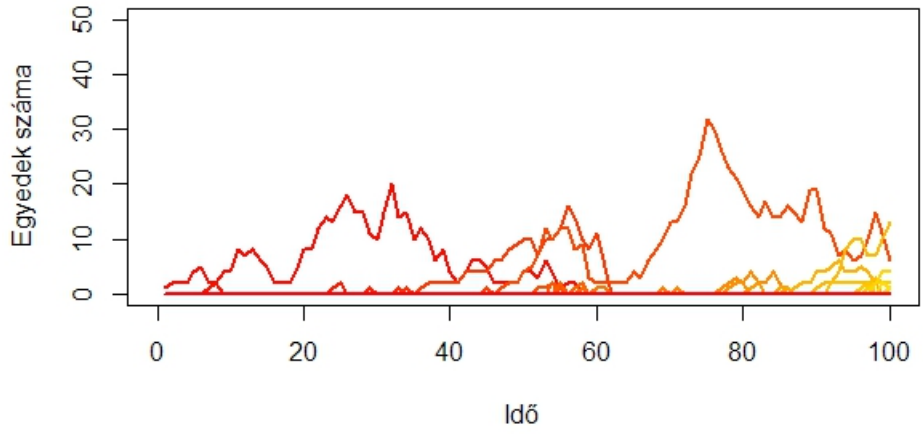
2.1.1. Példa. *Legyen* $p = \frac{862}{1862}$ *és* $r = 0.9$ *, ezen paraméterek mellett kritikus folyamatot kapunk, melyet a szimulációval is megkaptam, amely a 2.3. ábrán látható. Ha a folyamatnál csak az összes egyedszámot nézzük, a típusoktól pedig eltekintünk, akkor is jól látszik a folyamat kritikus tulajdonsága, lásd a 2.4. ábrán.*

Szubkritikus folyamatot ha:

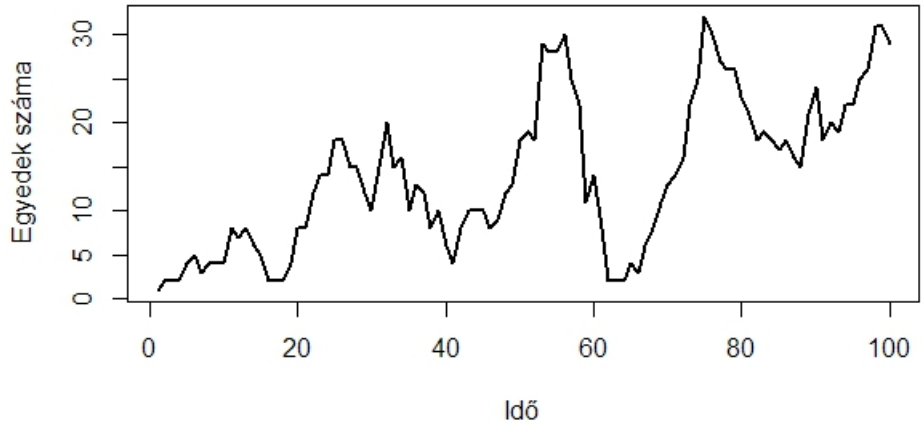
$$p > \frac{0.98 \cdot r - 0.02}{0.98 + 0.98 \cdot r}$$

2.1.2. Példa. *Legyen* $p = 0.49$ *és* $r = 0.9$ *, ezen paraméterek mellett szubkritikus folyamatot kapunk, melyet a szimulációval is megkaptam, lásd a 2.5. és a 2.6. ábra.*

Szuperkritikusat pedig ha:



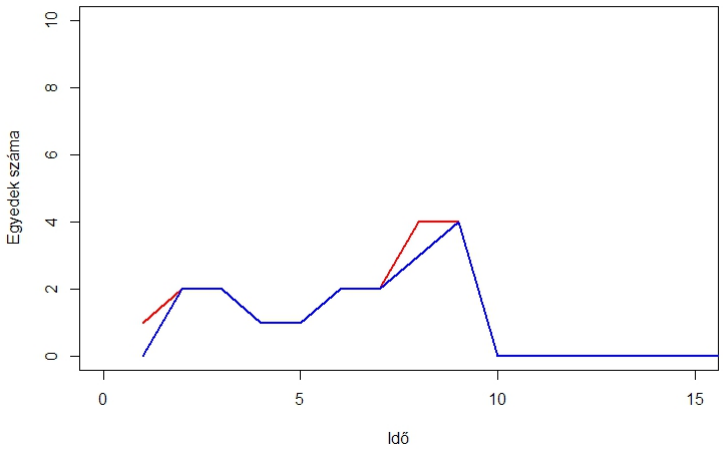
2.3. ábra. Egyedek száma különböző típusok esetén a kritikus esetben



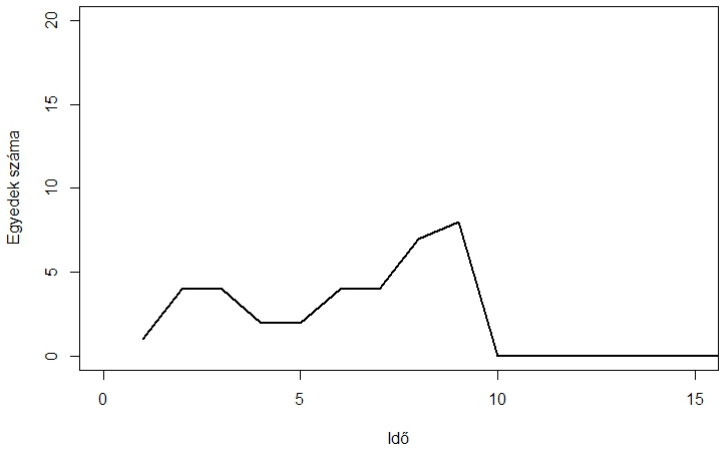
2.4. ábra. Egyedek száma a típusok figyelembevétele nélkül

$$p < \frac{0.98 \cdot r - 0.02}{0.98 + 0.98 \cdot r}$$

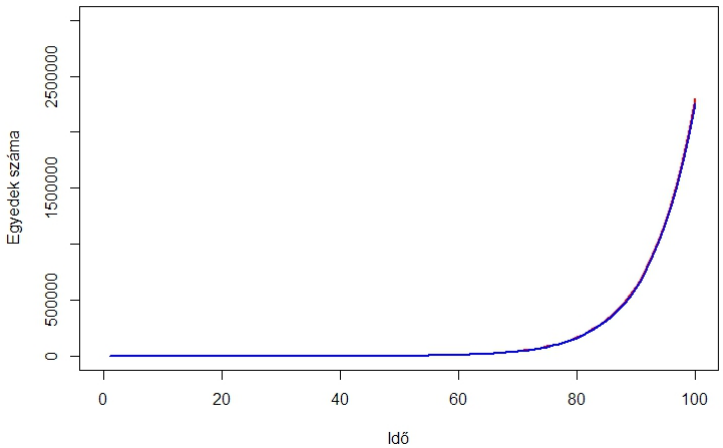
2.1.3. Példa. *Legyen* $p = 0.4$ *és* $r = 0.9$ *, ezen paraméterek mellett szuperkritikus folyamatot kapunk, melyet a szimulációval is megkaptam, lásd a 2.7. és a 2.8. ábra.*



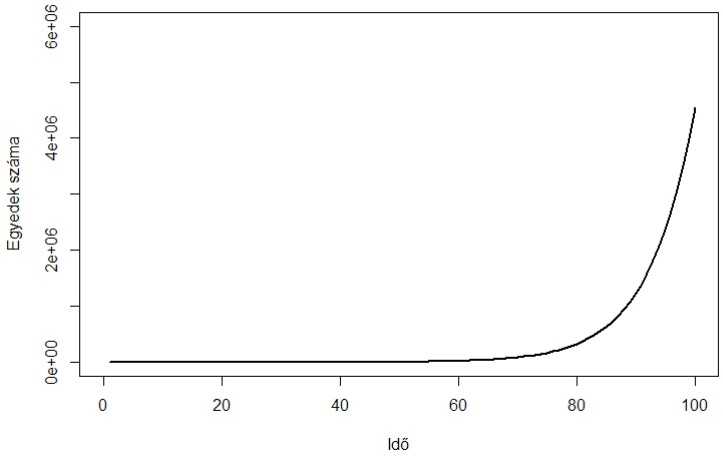
2.5. ábra. Egyedek száma különböző típusok esetén a szubkritikus esetben



2.6. ábra. Egyedek száma a típusok figyelembevétele nélkül a szubkritikus esetben



2.7. ábra. Egyedek száma különböző típusok esetén a szuperkritikus esetben



2.8. ábra. Egyedek száma a típusok figyelembevétele nélkül a szuperkritikus esetben

Természetesen ehhez hasonlóan kiszámítható a többi típus esetén is az egyedek számának várható értéke. Az első típushoz képest itt az első egyedet mutációból kapjuk, majd ezt követően a további várható értékek az előbb levezetettek szerint alakulnak. Lássuk először a második típus esetén a várható értékeket.

$$E(X_0^{(2)}) = E(X_1^{(1)}) \cdot m$$
$$E(X_1^{(2)}) = E(X_0^{(2)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = E(X_1^{(1)}) \cdot m \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m)$$
$$\vdots$$
$$E(X_n^{(2)}) = E(X_{n-1}^{(2)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p)^n \cdot (1+r)^n \cdot (1-m)^n \cdot m$$

Általánosan pedig egy n. típus esetén pedig előző típusok mutálódásából kapjuk a kezdeti egyet vagy egyedeket. Itt már a kezdeti egyedszám n növekedésével növekedhet.

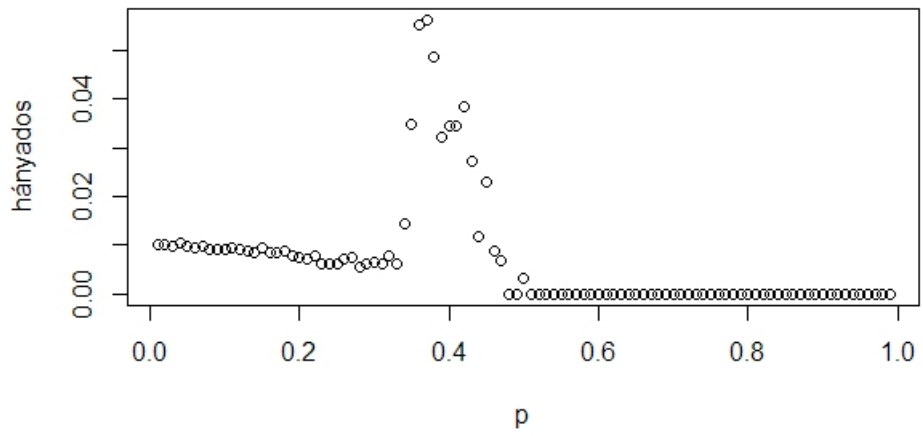
$$E(X_0^{(n)}) = \sum_{i=1}^{n-1} E(X_{n-i}^{(i)}) \cdot m$$
$$E(X_1^{(n)}) = E(X_0^{(n)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m)$$
$$\vdots$$
$$E(X_j^{(n)}) = E(X_{j-1}^{(n)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p)^j \cdot (1+r)^j \cdot (1-m)^j \cdot m \cdot \sum_{i=1}^{j-1} E(X_{j-i}^{(i)})$$
$$\vdots$$
$$E(X_n^{(n)}) = E(X_{n-1}^{(n)}) \cdot (1-p) \cdot (1+r) \cdot (1-m) = (1-p)^n \cdot (1+r)^n \cdot (1-m)^n \cdot m \cdot \sum_{i=1}^{n-1} E(X_{n-i}^{(i)})$$

Ezek után pedig felírható, mennyi a várható értéke az összes egyednek típustól eltekintve. Jelölje Y_n az n. generáció egyedszámát, ekkor az egyedszám kifejezhető a különböző típusok adott pillanatban vett értékével. Ez az első típus n. generációja, a második típus $n-1$. generációja és így tovább.

$$Y_n = X_n^{(1)} + X_{n-1}^{(2)} + \cdots + X_1^{(n)} = \sum_{i=1}^{n} X_{n-i+1}^{(i)}$$
$$E(Y_n) = E(\sum_{i=1}^{n} X_{n-i+1}^{(i)}) = \sum_{i=1}^{n} E(X_{n-i+1}^{(i)})$$

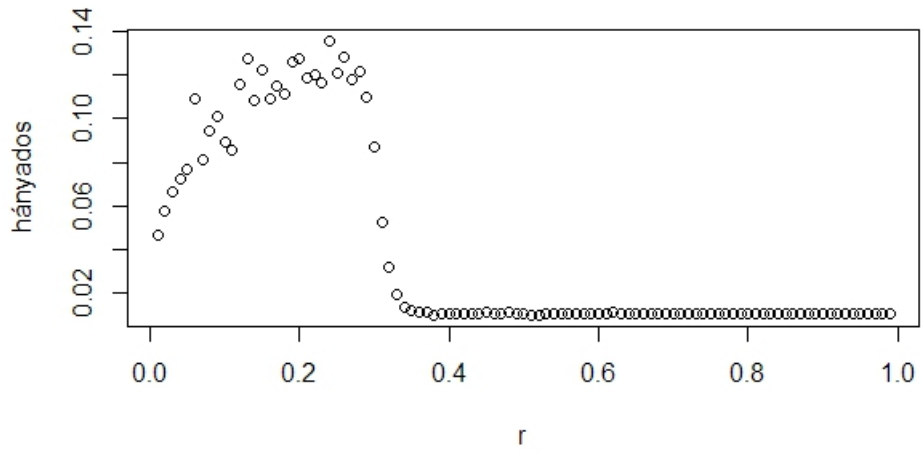
Felmerül a kérdés, hogy mi a várható értéke az $\dfrac{X_n^{(1)}}{Y_n}$ hányadosnak. Ennek a pontos értéke további kérdés marad, viszont szimuláció segítségével kaphatunk egy becslést. A szimuláció során 100 egymás utáni futás eredményének átlagát vettem, illetve az $n \longrightarrow \infty$ feltétel helyett, én a lehető legnagyobb $n = 100$ értékre vizsgáltam a folyamat viselkedését. Tehát tekinthetjük ezt egyfajta becslésnek a hányados várható értékére nézve, illetve elég nagy

n-re. A p halálozási illetve az r születési paraméterek függvényében ábrázoltam a hányados várható értékét. A szimuláció során a p paraméter függvényében a 2.9. ábrán látható eredményt kaptam. Az r paraméter függvényében pedig a 2.10. ábrán látható eredménye-



2.9. ábra. $E\left(\frac{X_n^{(1)}}{Y_n}\right)$ becsültértéke p paraméter függvényében, $r = 0.95$ választás esetén

ket. Ez azt jelenti, hogy elég nagy n esetén ez a határérték feltételezhető, hogy 0-hoz tart.



2.10. ábra. $E\left(\frac{X_n^{(1)}}{Y_n}\right)$ becsültértéke r paraméter függvényében, $p = 0.02$ választás esetén

Az ábrák alapján a hányados értéke ott nagyobb, ahol feltételezetten kevesebb egyedszám jön létre. Ez a halálozási paraméter esetén azt jelenti, amikor p értéke körülbelül 0.35 és 0.5 között van, vagyis nagyobb a valószínűsége, hogy az egyedek elhaláloznak. Itt a konstans nulla a nagy egyedszám helyett inkább az egyedek kihalására utal. A születési paraméter esetén viszont a p körülbelüli 0.35 értékéig magasabb, kezdeti növekedés után hirtelen lecsökken, vagyis ha kevés egyed születik, az első típus aránya az összes egyedhez képest magasabb, majd jól láthatóan tart a 0-hoz. Ez annak a jele, hogy az összes egyedszám nagyon gyorsan megnőtt. Mivel mindkét esetben egy paraméter függvényében vizsgáltam a várható értéket, a másik paramétert fixen megválasztottam, mégpedig úgy, hogy a másik paraméter a lehető legnagyobb tartományt vehessen fel. Ez p függvényében az $r = 0.95$ érték választását jelentette, r függvényében pedig a $p = 0.02$ érték választását. $E\left(\frac{X_n^{(1)}}{Y_n}\right)$ értékkel ellentétben az $\frac{E(X_n^{(1)})}{E(Y_n)}$ várható értéke megadható és a szimulációval összehasonlítható.

$$\frac{E(X_n^{(1)})}{E(Y_n)} = \frac{(1-p)^n \cdot (1+r)^n \cdot (1-m)^n}{\sum_{i=1}^{n} E(X_{n-i+1}^{(i)})}$$

Tehát a $E\left(\frac{X_n^{(1)}}{Y_n}\right)$ szimulációja alapján látható a paraméterektől való függés, kiszámolás esetén valószínűleg nem kapnánk szépen felírható eredményt, ezt mutatja a $\frac{E(X_n^{(1)})}{E(Y_n)}$ felírás is, mely csak összeg alakban adható meg szép formában.

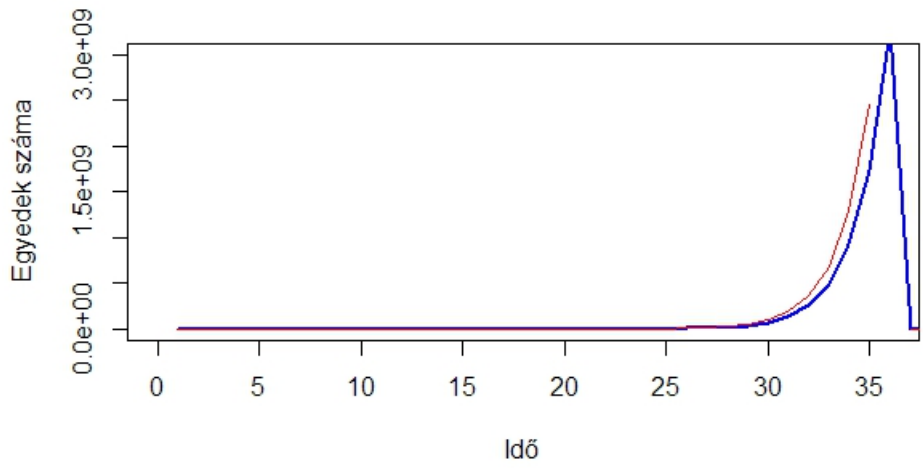
2.2. Eredmények

2.2.1. Két típus esetén

A↔B típusú folyamat esetén

A↔B típusú folyamat esetén mindkét típus mutálódhat a másik típussá. A mutáció paramétereket különbözőnek választottam, mivel úgy gondoltam ez érdekesebb lehetőség mint a szimmetrikus eset. Az A típus mutációs paraméterét végig 4%-nak választottam, mely kétszerese a B típus mutációs paraméterének, mely 2% volt. Ezen esetekben két dolgot vizsgáltam, az egyik a típusok növekedése, illetve ami talán még érdekesebb, a két típus egymáshoz vett aránya. Ezen vizsgálatok alapján az alábbi ábrákat kaptam.
A 17. oldalon található táblázat alapján nézzük a paraméterbeállításokat, első esetben

először megnézzük az A és B típus növekedését ábrázoló grafikont, vagyis a 2.11. ábrát.

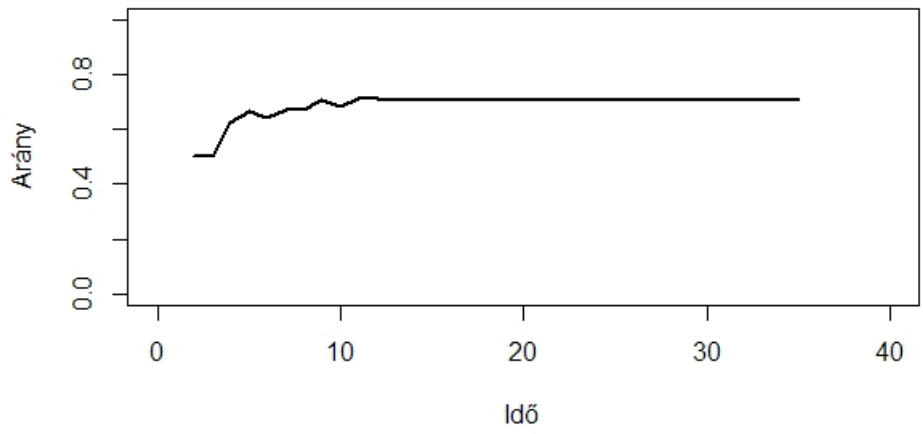


2.11. ábra. A↔B típusú folyamat egyedek számának alakulása az első esetben

Az ábrán látható az exponenciális növekedés mindkét típus esetén. Láthatunk egy hirtelen elszaporodást ami a 29. időpillanat környékén történik meg, majd ezt követően a 36. időpillanatban a program túlfut tehát az ezt követő exponenciálisan növekvő egyedek számát már nem volt képes megjeleníteni. Az ábrán pirossal megrajzolt függvény a B típus szaporodását mutatja, látható, hogy hamarabb elszaporodik a kékkel jelzett A típusnál. Kiolvasható az ábrából továbbá az is, hogy eddig a hirtelen ugrásig a két típus hasonló mértékben növekszik, természetesen ez az ábrán való nagyságrendeknek is köszönhető. Ennél pontosabb képet ad a két típus egymáshoz vett arányának ábrázolása. Ezt pedig a 2.12. ábra mutatja. Tehát a kezdeti ingadozások után körülbelül a 12. időpillanatban ez a hányados beáll egy konstans 0.7-es értékre. Vagyis ezen paraméterek mellett az $\frac{A}{B}$ hányados 0.7-hez tart. Ezt az arányt vizsgáltam a többi paraméter beállítás esetén is. Megnézhetjük, milyen értéket kapunk az $\frac{A}{B}$ arányra, ha Markov-láncként tekintünk a folyamatra, és csak a mutációt vesszük figyelembe, a szaporodást és halálozást nem. Ekkor felírható a P átmenetvalószínűség mátrix:

$$P = \begin{bmatrix} 0.96 & 0.04 \\ 0.02 & 0.098 \end{bmatrix}$$

P segítségével pedig a stacionárius eloszlás meghatározható:



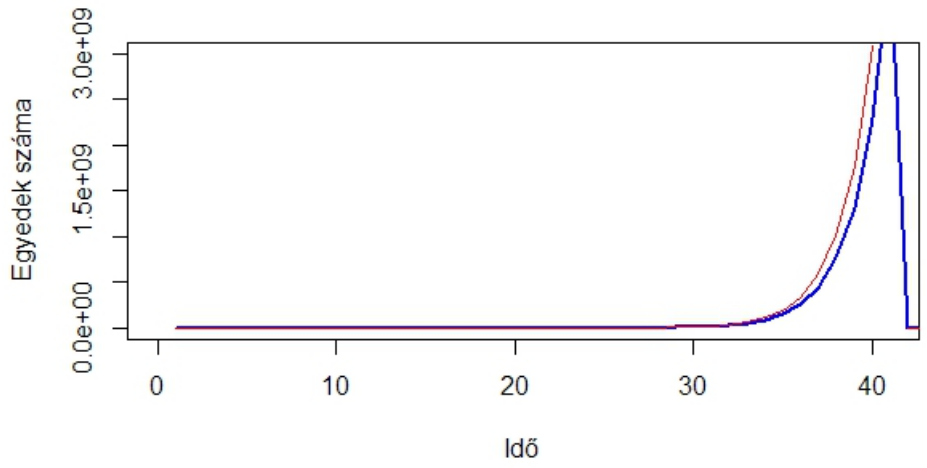
2.12. ábra. A↔B típusú folyamat, típusok aránya az első esetben

$$(\pi_1, \pi_2) \cdot \begin{bmatrix} 0.96 & 0.04 \\ 0.02 & 0.098 \end{bmatrix} = (\pi_1, \pi_2)$$

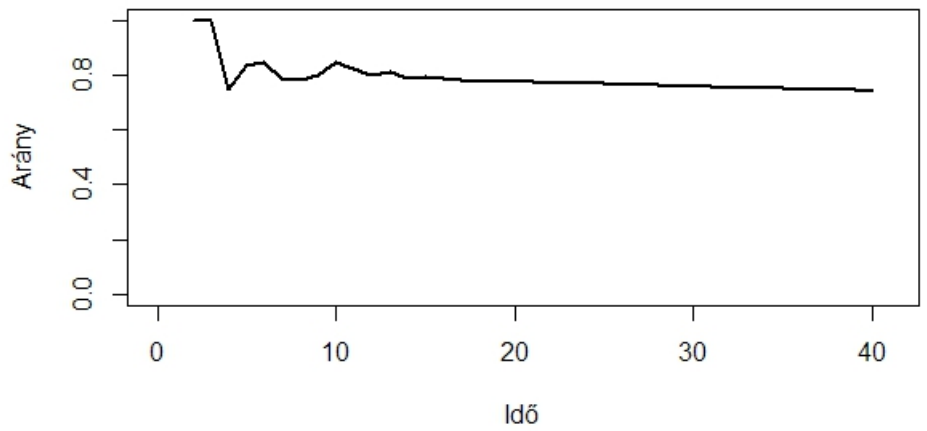
Innen a stacionárius eloszlásra a következőt kaptuk: $\pi_1 = x$, $\pi_2 = \frac{x}{2}$ ez jelen esetben $\left(\frac{2}{3}, \frac{1}{3}\right)$-nak fele meg, tehát a típusok arányára azt kaptuk, hogy $\frac{A}{B} = 2$ vagyis ez jelentős különbség a saját modell szimulációjával kapott 0.7-hez képest.

Második esetben a halálozás paraméterét megnöveltem, a többi értéket viszont változatlanul hagytam. Ekkor azt várjuk, hogy a folyamat lassabban kezd el emelkedni, hiszen több egyed halálozik el. Mivel minden más paraméter változatlan maradt, így a mutáció paraméterei is, hasonló arányra számítottam. A típusok változása így a 2.13. ábra mutatja. Vagyis a folyamat mindkét típus esetén hasonló nagyságokig elszaporodott, viszont ez néhány időpillanattal később következett be. Ezen lassabb elszaporodás miatt, a folyamat akár tekinthető az előző folyamat időbeli eltoltjaként is. A két típus arányára pedig a 2.14. ábrán látható eredményt kaptam. Itt az $\frac{A}{B}$ hányados kezdeti ingadozások után egy nagyon lassan monoton csökkenő függvényt látunk, mely körülbelül 0.8-ig tart, de itt nem annyira egyértelmű ennek a hányadosnak a határértéke a 40. időpillanatot meghaladva.

Harmadik esetben a két típus halálozásának valószínűségét különböző nagyságúra állítottam, ekkor a B típusú egyedek halálozásának valószínűsége az első esethez képest megnőtt, a második esethez képest viszont csökkent. Az A típusú egyedek halálozásuknak valószí-

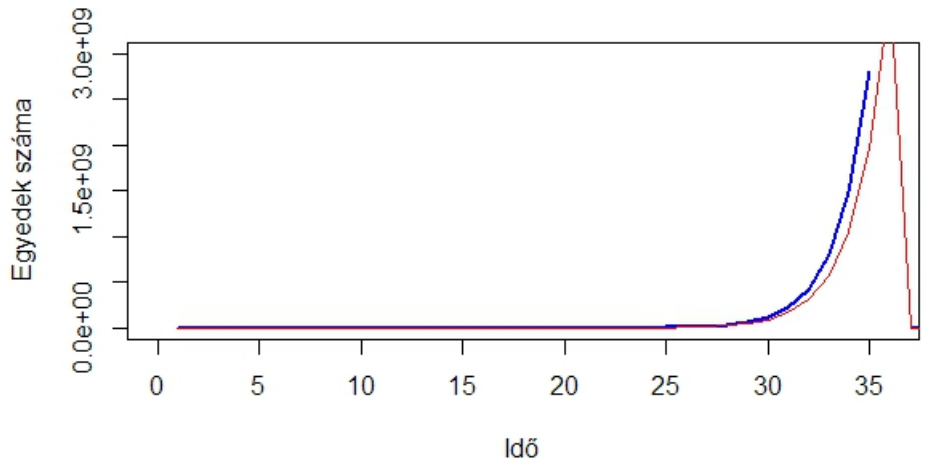


2.13. ábra. A↔B típusú folyamat egyedszámok változása a második esetben

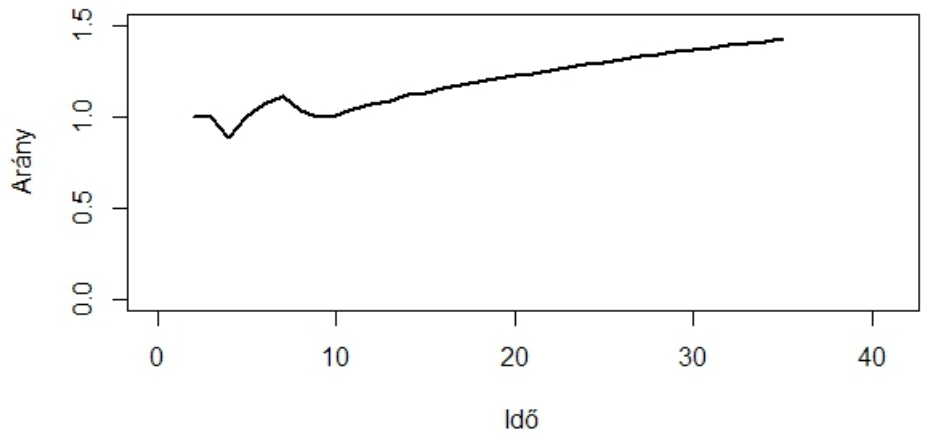


2.14. ábra. A↔B típusú folyamat, típusok aránya a második esetben

nűsége pedig az első esettel egyezik meg. Ekkor az egyedek számának növekedésére a 2.15. ábrát kaptam. Az ábrán az első esettel ellentétben itt az látszik, hogy az A típusú egyedek szaporodnak el hamarabb. Arányok tekintetében pedig lásd a 2.16. ábrát. Vagyis a kezdeti ingadozást egy monoton növekedés követi, ebben az esetben a hányados határértéke nem állapítható meg. Ami érdekes az előző két ábrával ellentétben,hogy az $\frac{A}{B}$ hányados szinte végig 1-nél nagyobb. Ez azzal magyarázható, hogy az A típusú egyedek kisebb



2.15. ábra. A↔B típusú folyamat egyedszámok változása a harmadik esetben



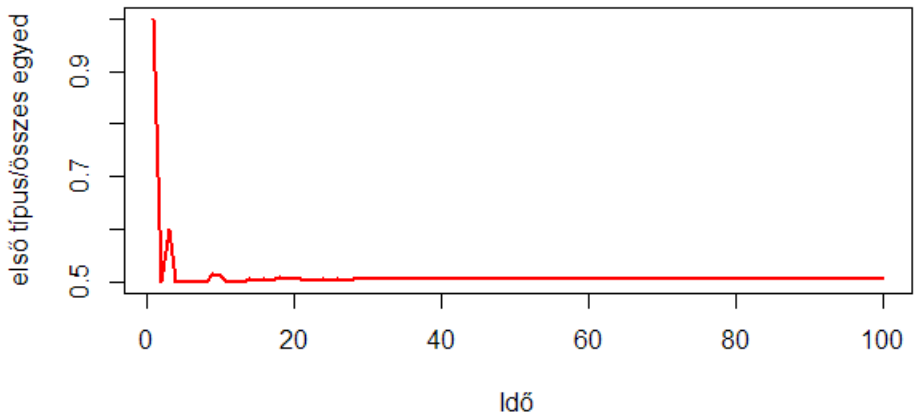
2.16. ábra. A↔B típusú folyamat, típusok aránya a harmadik esetben

valószínűséggel halnak ki mint a B típusú egyedek.

A→B típusú folyamat esetén

Ebben az esetben csak az A típus tud B típussá alakulni, ezért a típusok aránya ebben az esetben is érdekes. A 2.17. ábrán az A típus és az összes egyed aránya látható. Kezdetben

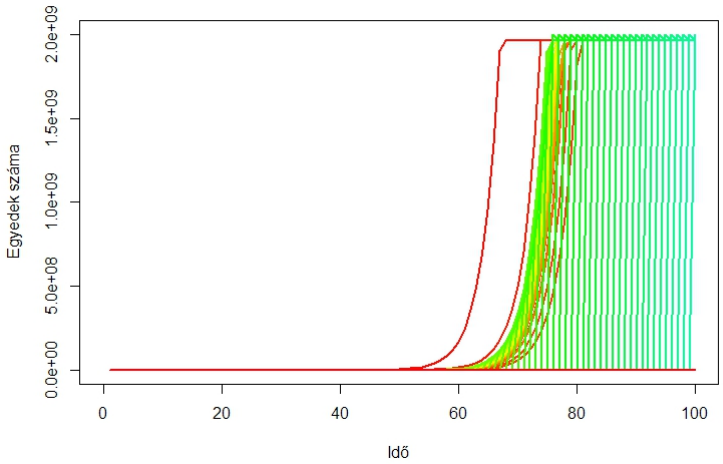
igen magas a hányados majd hirtelen lecsökken és előbb utóbb beáll a konstans 0.5 értékre, ami azt jelenti, hogy kezdetben természetesen az A típusú részecskék száma nagyobb. Ezt követően az A típus szaporodik, elhullik és mutálódik, a B típus viszont nem mutálódik, tehát ide kerülnek kezdeti A típusú egyedek is, végül a két típus aránya meg fog egyezni vagyis az $\frac{A}{B}$ hányados 1-hez fog tartani.



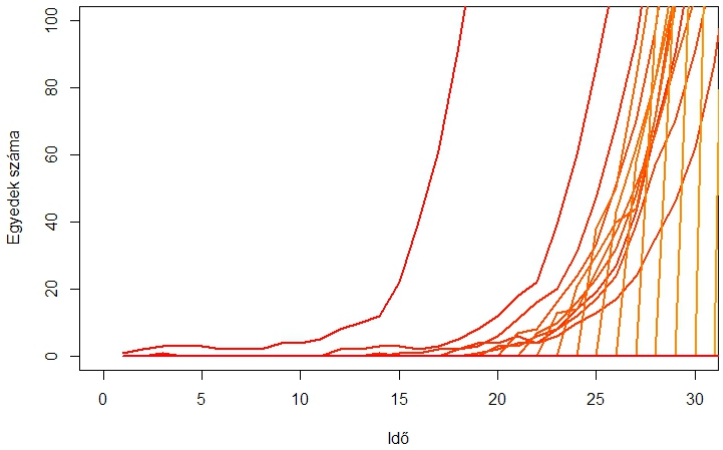
2.17. ábra. A→B típusú folyamat, A típus aránya az összes egyedhez képest

2.2.2. Több típus esetén

Nézzük a többtípusú modell esetén milyen eredményeket kapunk. Itt a kezdeti 1 első típusú egyed után, az egyedek szaporodásán és elhullásán kívül, minden generációban pontosan egy új típus jöhet létre. A már megvizsgált tulajdonságuk szerint, ezekkel a paraméterekkel szuperkritikus folyamatokat kapunk, így hát nem meglepő, hogy nagyon hasonlóan fognak viselkedni a következő esetekben. Ennek ellenére nézzük meg a különbségeket. Először nézzük az első esetet, melynél a paraméterek a következők voltak: $p = 0.2$ és $r = 0.8$. A 2.18. képen a különböző típusú egyedek számának változása látható az idő elteltével. Mivel egy bizonyos szám felett az R programban túl fut a memória, ezért bevezettem egy korlátozást ami 2 milliárd volt, látható, hogy ezt a számot a legtöbb típusú egyed elérte. Ez azt jelenti, hogy bőven növekedne még az egyedek száma típusonként. A 2.18. ábra egy részét kinagyítottam, így kaptam a 2.19. ábrát, pontosabban megnéztem mi is történik rövidebb idő alatt, hogy viselkednek a típusok egyedszámai. Itt is jól



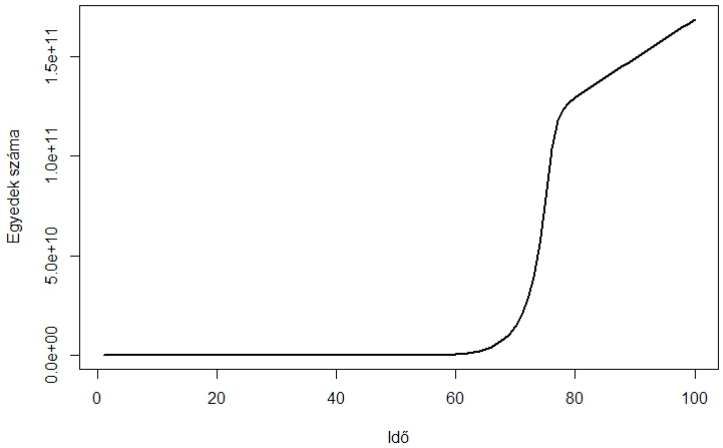
2.18. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén



2.19. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén, nagyított

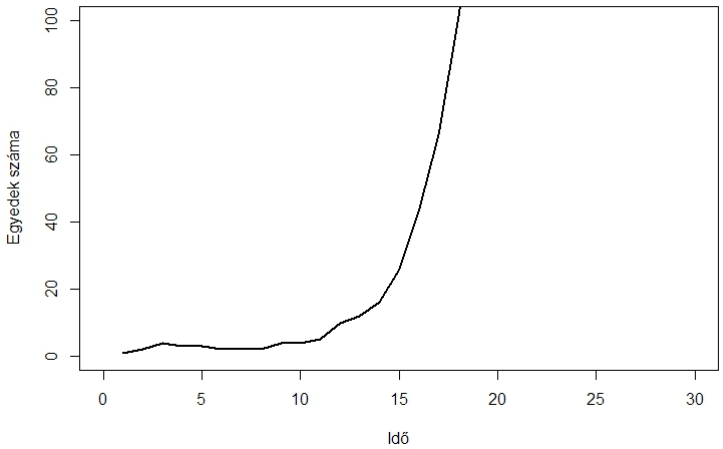
látható, hogy a legtöbb típusú egyednél exponenciális sebességgel megindul a növekedés változó gyorsasággal. Tehát előfordul olyan is, hogy egy-egy típus esetén ez a növekedés lassabb mint egy későbbi típusnál, ami hirtelen ugrással, magasabb kezdeti egyedszámmal indul. Ugyanakkor előfordulnak hamar kihaló típusok is, ez is jól kivehető az ábrán. A 2.20. képen az összes egyed számának változása látható, vagyis minden típus száma az

adott pillanatban. Észrevehetjük, hogy körülbelül a 65. időpillanatig egy kvázi konstans

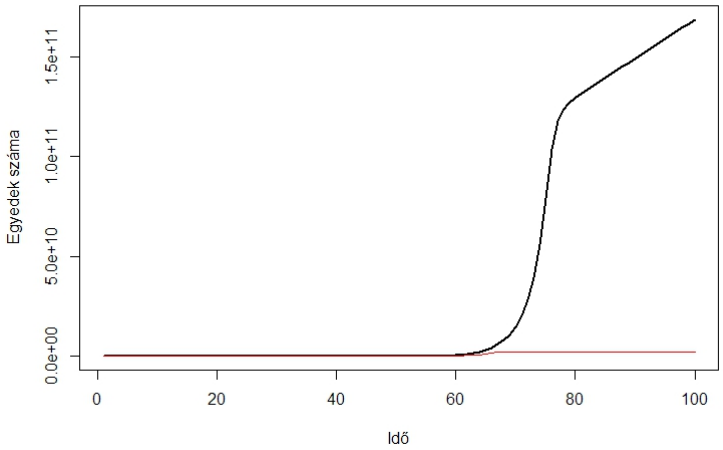


2.20. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén, összes egyed

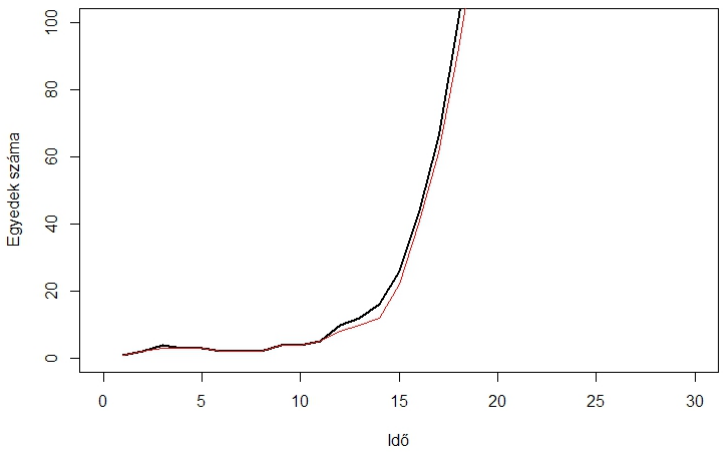
függvényt láthatunk ami természetesen nem konstans erről a nagyított képen is megbizonyosodhatunk, viszont ehhez képest itt egy hirtelen megszaporodás történik. Körülbelül a 80. időpillanatban ez átmegy egy jóval lassabb emelkedésbe, ami az általam bevezetett korlátozás következménye lehet. Nézzük akkor, mi is történik a folyamat első felében, ezt a 2.21. ábra mutatja. Itt is megfigyelhető ugyanaz az exponenciális növekedés mint különkülön a típusoknál. Érdekes lehet még, hogy ehhez az összes egyedszámhoz képest hogy viszonyul az első típus, hiszen ő szaporodott el a leghamarabb, neki volt a legtöbb ideje a növekedésre. Ezt a viszonyulást megfigyelhetjük a 2.22. képen. Látható, hogy az összes egyedszámhoz képest az első típusú egyedek száma konstansnak látszik, míg nézzük meg a folyamat elindulását, ezt a 2.23. ábra mutatja. Itt pedig látjuk, hogy az első típus egyedszáma kezdetben az összes egyed számának legnagyobb részét kiteszi, tehát a két függvény kis időn belül szinte megegyezik. Az előző, 2.23. ábrán látható, hogy ez a radikális eltérés 60. időpillanat körül jelentkezhet, nyilván ekkor hirtelen megugrik a többi típusú egyedek száma is. Vizsgáltam még a különböző típusok arányát az összes egyedszámhoz képest, amit a 2.24. ábra mutat. A kép alapján körülbelül a 20. időpillanatig ez az arány elég rendszertelen, majd ezt követően minden típus aránya csökkenni kezd az összes egyedhez képest és konvergál 0-hoz. Ezt jobban szemügyre vehetjük a 2.25. ábrán.



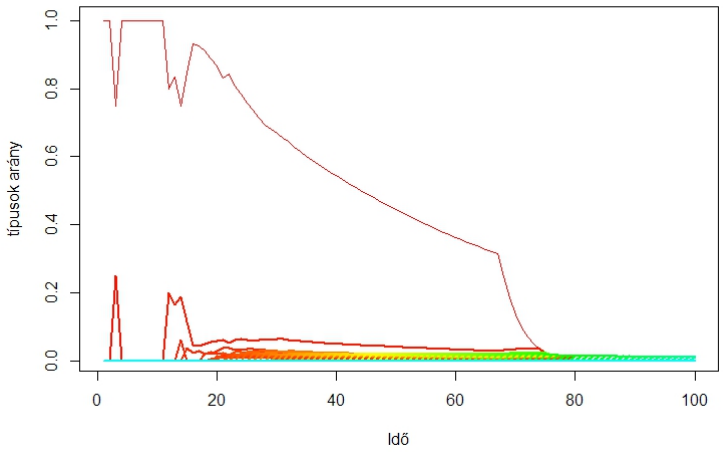
2.21. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén, összes egyed, nagyított



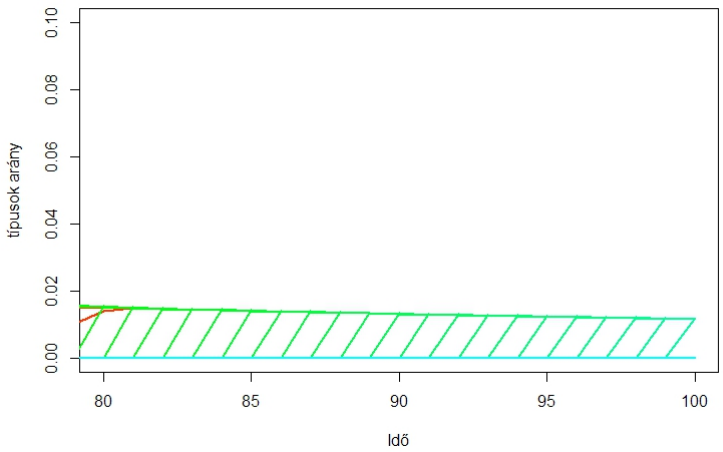
2.22. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén



2.23. ábra. Többtípusú folyamat egyedszámának változása $p = 0.2$ és $r = 0.8$ paraméterek esetén, nagyított

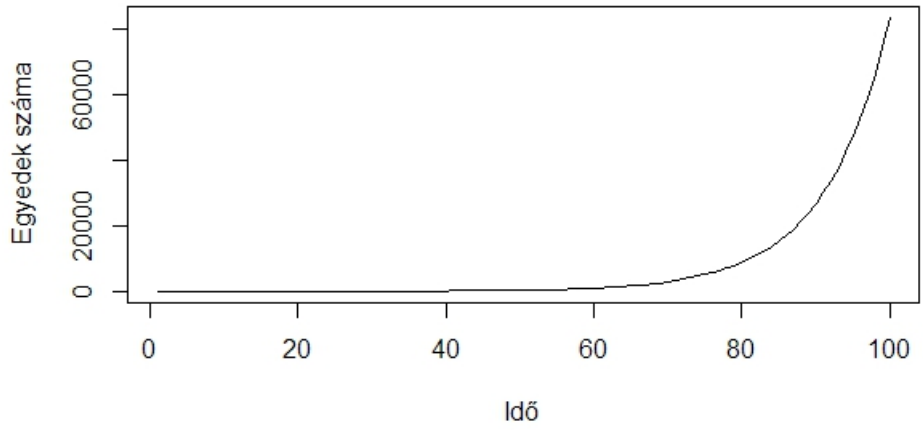


2.24. ábra. Többtípusú modell esetén típusok aránya az összes egyedszámhoz képest



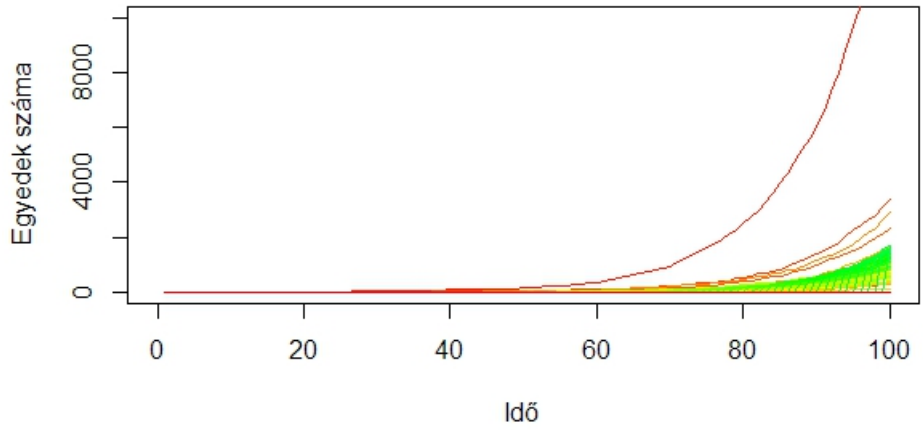
2.25. ábra. Többtípusú folyamat esetén típusok aránya

Második esetnél a születési és halálozási paramétert az előzőnél kisebbnek választottam, $p = 0.2$ és $r = 0.4$ értékeket vették fel. Mivel p értéke változatlan maradt, r értékét pedig a felére csökkentettem, az várható, hogy a növekedés jóval lassabban indul be, ezért az egyedszámok is jelentősen alacsonyabbak lesznek az első paraméterválasztáshoz képest. A várt eredményeket a 2.26. ábra bizonyítja. Nagyságrendekkel kisebb értékeket kapunk,

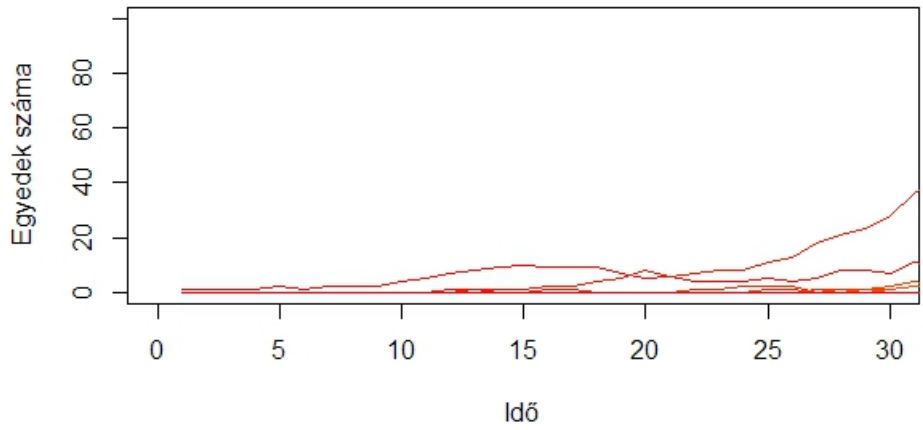


2.26. ábra. Többtípusú folyamat esetén egyedszámok változása

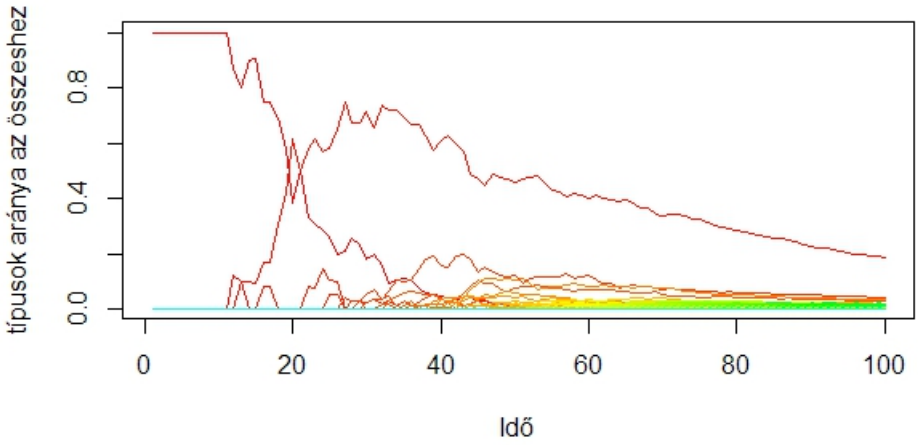
így korlátozás sem befolyásolja az eredményt, tisztán kivehető a populáció exponenciális növekedése. A folyamat típusok szerinti ábrázolása látható a 2.27. ábrán. Az első esethez képest itt jól látható a típusok közötti különbség, különösen az első típus és a többi típus jól elkülönül egymástól. Ez leginkább az első eset 2.21. ábrájához hasonlítható. Várhatóan ezért egy nagyobb időintervallumban hasonló elszaporodás következhet be. A folyamat elindulását tekintve pedig sokkal lassabb egyedszám növekedés tapasztalható, amit a 2.28. ábra prezentál. A típusok aránya itt is érdekes, az első esethez nagyon hasonló eredményt kapunk, ami a 2.29. ábrán látható. Itt viszont az első esettel ellentétben nem mindenhol az első típus aránya a legnagyobb az összes egyedszámhoz képest.



2.27. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése

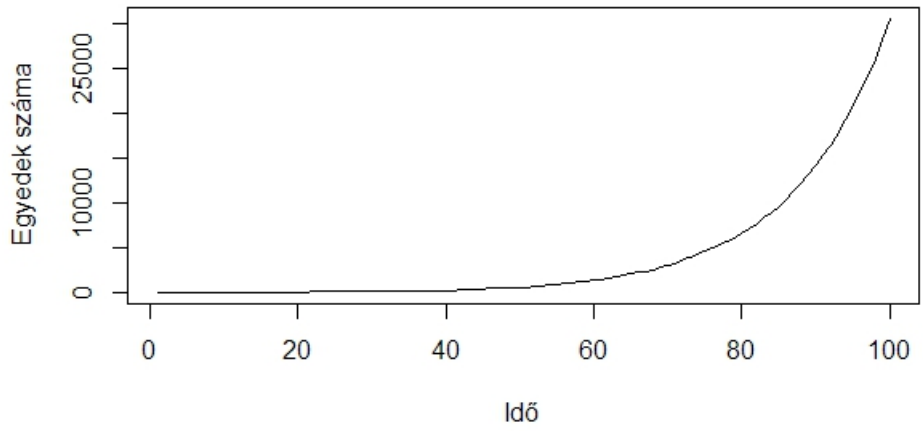


2.28. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedésének indulása



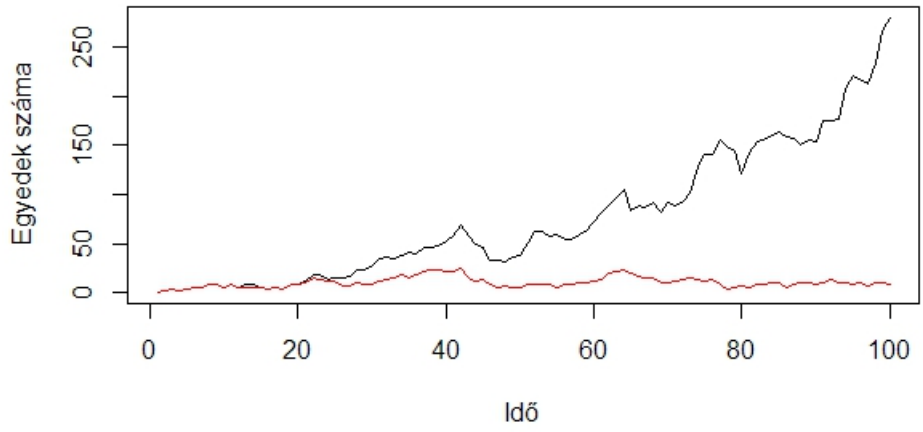
2.29. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése

Harmadik esetnél az az érdekes számunkra, hogy a paraméterek választása a harmadik esethez képest kétszeres, tehát $p = 0.4$ és $r = 0.8$. Mivel a paraméterek aránya azonos, így nagyságrendben is azonos eredményt várunk. Ennek teljesülése a 2.30. ábrán látható. Viszont ennek ellenére a harmadik esetben a 100. generációra a második esethez képest

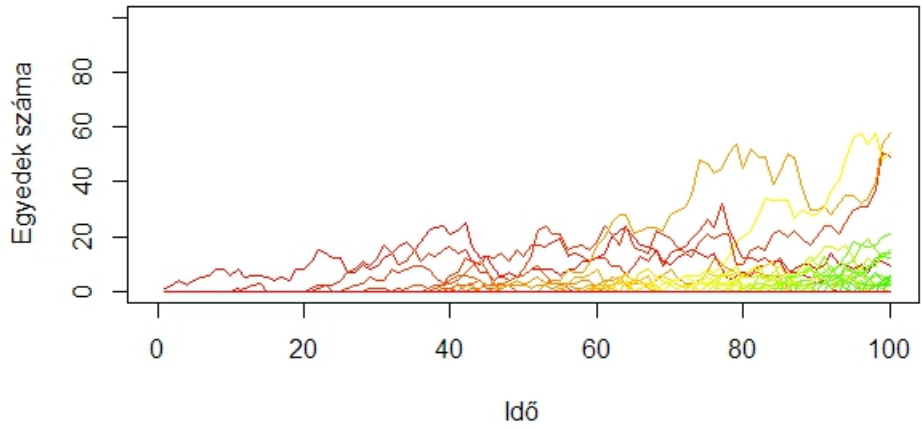


2.30. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése

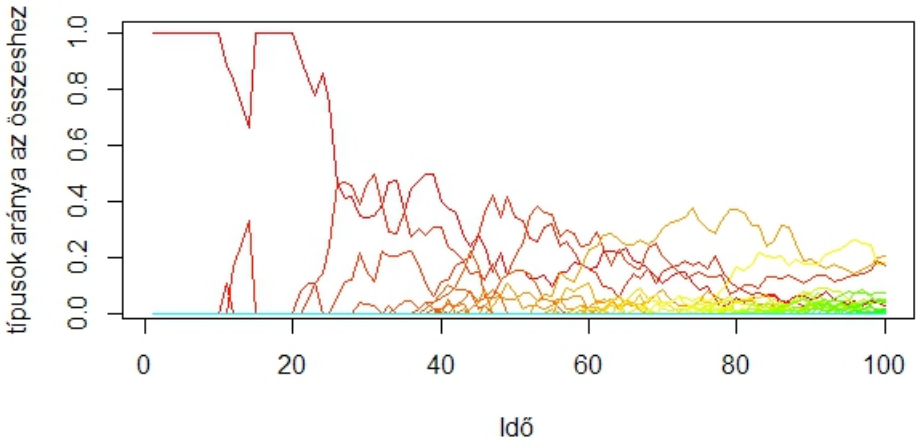
kevesebb mint a fele a populáció nagysága. Ez azzal magyarázható, hogy bár a halálozás valószínűségének növekedésével a születések valószínűsége is növekedett, kevesebb egyed él el addig, míg utódot hozhat létre, tehát kevesebb egyed szaporodhat, így az egyedszám is csökkenni fog. Negyedik esetnél az előzőekkel ellentétben, a folyamat nagyon közel esik a kritikus esethez és ez a 2.31. ábrán is észrevehető, ahol az első típus és az összes egyedszám van együtt ábrázolva. Ez nyilván annak köszönhető, hogy a $p = 0.4$ és $r = 0.7$ választással a fentebb meghatározott egyenletet, a paraméterek kis módosításával kielégítene. Ebben az esetben a populáció a 100. generációban nagyságrendekkel kisebb. A típusok növekedése a 2.32. ábrán látható módon egymáshoz jóval közelebb esik, egyik típus sem marad tartósan nagyobb a többihez képest. Ez pedig a 2.33. ábrán is megfigyelhető, tehát a típusok aránya az összes egyedszámhoz képest is változékonyabb.



2.31. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése, első típus és összes egyedszám



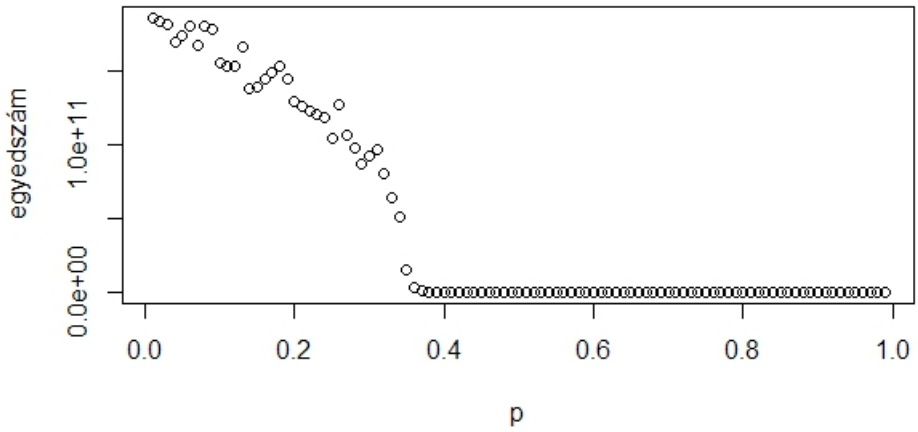
2.32. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése



2.33. ábra. Többtípusú folyamat esetén a típusok növekedése

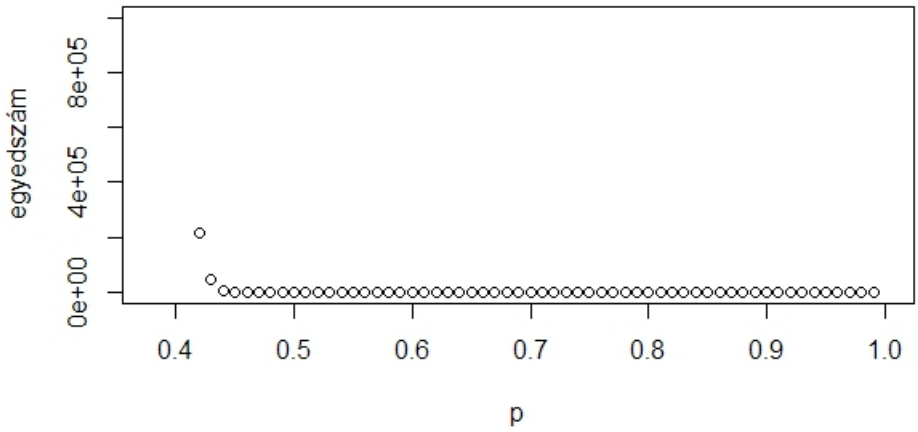
2.2.3. Paraméterektől való függés

Azt már láttuk, hogy a p és r paraméterek különböző választásukkal a folyamat különbözőképpen viselkedik. Most nézzük meg, mi történik akkor, ha az egyik paramétert fixen megválasztjuk, hogy viselkedik akkor a folyamat a másik paraméter függvényében. Mindkét esetben 100-szor futtattam le a szimulációt és az $n = 99$-et vagyis a 100. generáció egyedszámát figyeltem, majd a 100 darab futás átlagát véve a paraméterek függvényében ábrázoltam. Nézzük, hogyan függ az egyedek száma a halálozás paraméterétől, ekkor legyen $r = 0.95$. Nyilvánvalóan azt várjuk, p minél kisebb az egyedek száma annál nagyobb lesz és a 2.34. ábrán pontosan ezt láthatjuk. Az ábrára ránagyítva láthatjuk mekkorák

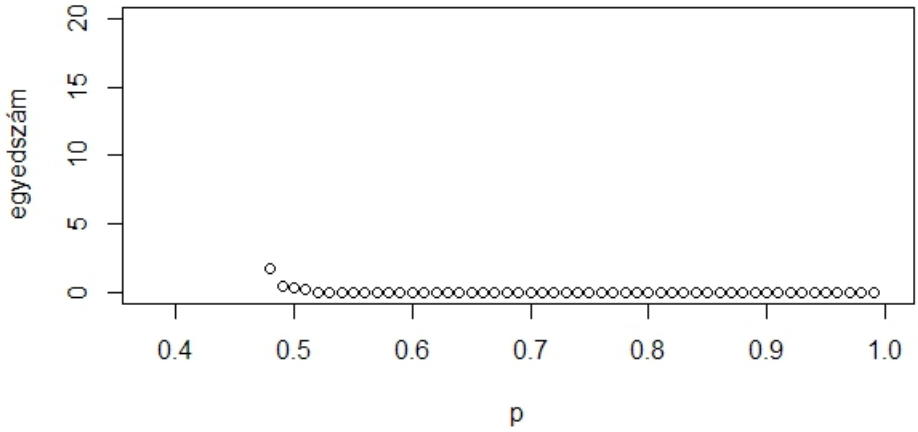


2.34. ábra. Egyedek száma p függvényében $r = 0.95$ esetén

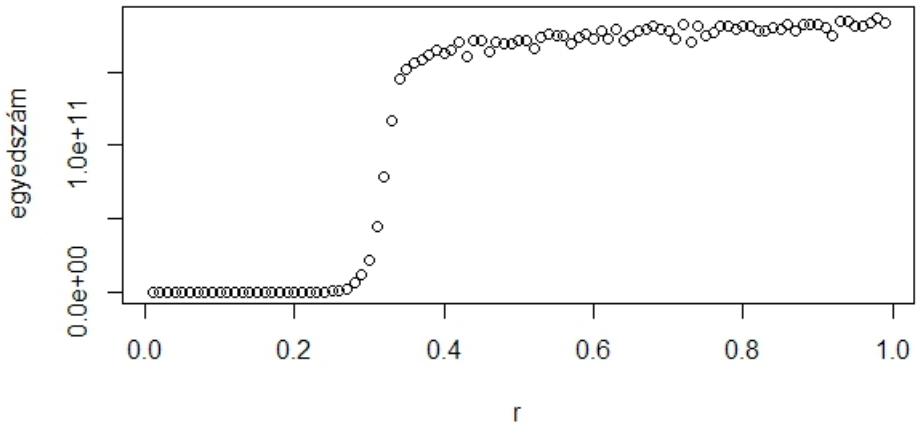
is azok az értékek amiket közel 0-nak látunk, ez van a 2.35. ábrán. Még egy nagyítással már pontosan látható, p mely értékétől kapunk 0-t, ez felel meg a szuperkritikusból szubkritikusba történő átmenetnek. Most legyen p értéke fix és nézzük az r paramétertől való függést. Ez a fix paraméter most $p = 0.02$. A szaporodás paraméterénél pedig olyan összefüggést várunk, hogy r értékének növekedésével az egyedszám is növekedni fog. Ezt a 2.37. ábra bizonyítja is. Itt pedig azt szeretnénk megnézni, r mely értékénél kezd el szaporodni a folyamat, vagyis milyen választás esetén nem lesz már 0 az egyedszám, ezért ezt a képet is megnézhetjük nagyításban. A 2.38. ábra szerint r kis értékeire is viszonylag nagy egyedszámot kapunk a még 100. generációban is. Azt pedig, hogy r értékét mennyire választhatjuk kicsinek $p = 0.02$ mellett, a 2.39. ábra mutatja.



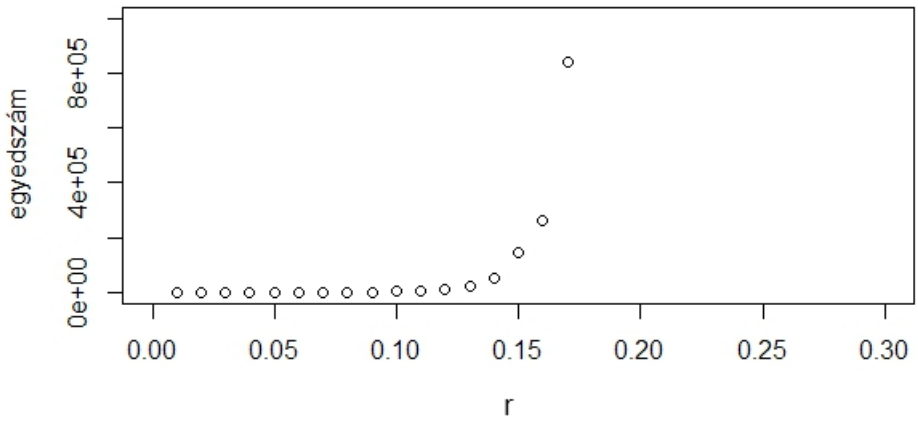
2.35. ábra. Egyedek száma p függvényében $r = 0.95$ esetén, első nagyítás



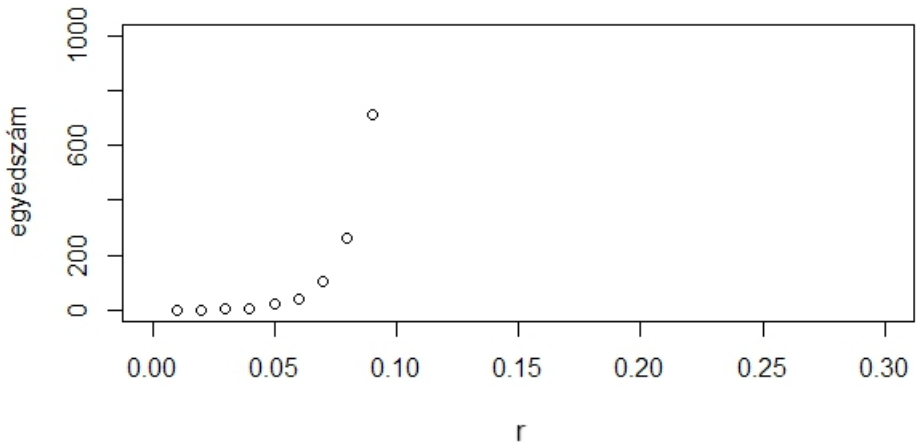
2.36. ábra. Egyedek száma p függvényében $r = 0.95$ esetén, második nagyítás



2.37. ábra. Egyedek száma r függvényében $p = 0.02$ esetén



2.38. ábra. Egyedek száma r függvényében $p = 0.02$ esetén, első nagyítás



2.39. ábra. Egyedek száma r függvényében $p = 0.02$ esetén, második nagyítás

2.3. Összefoglalás

A dolgozat elején található elméleti összefoglaló során az elágazó folyamatok két nagy kérdését mutattam be, vagyis az egyedszám alakulását és annak a valószínűségét, hogy a folyamat az n. generációban kihal. Megnéztük mikor lehet egy folyamat szubkritikus, szuperkritikus illetve kritikus. Megismerhettünk más modelleket is, és hétköznapi példákat is elágazó folyamatokra. Dolgozatom második részében bemutattam kétfajta két típusú modellt is, az első esetben a két típus kölcsönösen mutálódhat át a másik típussá (A↔B), viszont eltérő mutációs paraméterekkel. Második két típusú modell esetén viszont csak az egyik típus mutálódhatott(A→B). Megvizsgáltuk mindkét modell esetén a típusok arányát. Ezt követően a többtípusú modell vizsgálata következett, mely a két típusú modell (A↔B) további általánosítása volt. Itt szintén érdekes volt a típusok valamilyen formában egymáshoz viszonyított aránya, a folyamat paraméterektől való függése, valamint az $E\left(\frac{X_n^{(1)}}{Y_n}\right)$ várható érték becslése szimulációval. Az eredményekből látható, hogy ezek a szimulációk fontosak, hiszen egy-egy paramétertől való függés képlettel nem lenne szépen leírható.

Irodalomjegyzék

[1] Samuel Karlin-Howard M. Taylor, *Sztochasztikus folyamatok*, Gondolat , 1985

[2] Gihmann, I.I. - Szkorohod A.V., *Bevezetés a sztochasztikus folyamatok elméletébe*, Műszaki könyvkiadó, 1975

[3] W. Feller, *Bevezetés a valószínűségszámításba és alkalmazásaiba*, Műszaki könyvkiadó, 1978

[4] Nicolas Champagnat - Amaury Lambert, *Splitting trees with neutral Poissonian mutations I., II.*, 2010

[5] Attila Dénes-Péter Kevei-Hiroshi Nishiura-Gergely Röst, *Risk of Infectious Disease Outbreaks by Imported Cases with Application to the European Football Championship 2012*, 2012

[6] Francis Galton, *Problem 4001*, Educational Times, 1873, (http://ioearc.da.ulcc.ac.uk/9344/)

2.4. Programkódok

2.4.1. Két típus esetén

A↔B esetén:

```
fv<-function(n,p,r){#n egyed eseten hany lesz a kovetkezo korben
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)} # szuletes valoszinusege
  return(N)
}

v[1]<-1
valt[1]<-0

for(i in 1:99){
  if(v[i]>0){
    a<-fv(v[i],0.2,0.8);
    b<-fv(valt[i],0.2,0.8)
    x<-rbinom(1,v[i],0.02)
    if(valt[i]>0){
    y<-rbinom(1,valt[i],0.02)
    }else{y<-0}
    v[i+1]<-a+y
    valt[i+1]<-b+x
  }else{break}

}

tipus<-data.frame(etipus=("A"),etipusszam=(v),mtipus=("B")
,mtipusszam=(valt))
```

A→B esetén:

```
folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 2) #csupa 0 mátrix
folyamat[1,1]<-1 #kezdeti egyed

#n kezdeti egyed
utodok<-function(n,p,r){
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)}# szuletes valoszinusege
  return(N)
}

mutacio<-function(x){
  k<-rbinom(1, x, 0.98)
  return(k)
}



for(i in 1:199){
  if(i%%2==1){#páratlan
    for(j in 1:2){
      if(folyamat[i,j]!=0){
        folyamat[i+1,j]<-min(utodok(folyamat[i,j], 0.05,0.5), 2000000000)
      }else{next}
    }

  }else{
    #páros
      if(folyamat[i,1]!=0){
        folyamat[i+1,2]<-mutacio(folyamat[i,1])

    }
    ossz<-min(folyamat[i,1]-folyamat[i+1,1],2000000000)
    if(ossz!=0){
```

```
      folyamat[i+1,1]<-ossz
    }else{next}

  }
}
```

2.4.2. Több típus esetén

```
folyamat<-matrix(data=0, nrow = 100, ncol = 100) #csupa 0 mátrix
folyamat[1,1]<-1 #kezdeti egyed

#n kezdeti egyed
utodok<-function(n,p,r){
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)}# szuletes valoszinusege
  return(N)
}

mutacio<-function(x){
  k<-rbinom(1, x, 0.98)
  return(k)
}



n<-2

for(i in 1:99){
  if(i%%2==1){#páratlan
    for(j in 1:100){
      if(folyamat[i,j]!=0){
        folyamat[i+1,j]<-utodok(folyamat[i,j], 0.05,0.5)
      }else{next}
    }
```

```
  }else{
    for(l in 1:99){#páros
      if(folyamat[i,l]!=0){
        folyamat[i+1,l]<-mutacio(folyamat[i,l])

      }else{next}
    }
    ossz<-min(sum(sum(folyamat[i,])-sum(folyamat[i+1,])),5000000000)
    if(ossz!=0){
      folyamat[i+1,n]<-ossz
      n<-n+1
    }else{next}

  }
}
```

2.4.3. Ábrák

```
egyedek<-matrix(data=0, nrow = 100, ncol = 200)
egyedekkt<-matrix(data=0, nrow = 100, ncol = 2)

for(i in 1:100){
  egyedek[i,]<-folyamat[2*i-1,]
}

cl <- rainbow(200)

#típusok ábrázolva
plot(xlim= c(0,100), ylim=c(0,2000000000), type="l", xlab = "Ido" ,
ylab = "Egyedek száma", cl[1])

for(i in 1:200){
  lines(egyedek[,i], type="l", col=cl[i+1], lwd=2)
```

```
}

for(i in 1:2){
  line(egyedekkt[,i],type="l", col=cl[i+1], lwd=2)
}


plot(xlim= c(0,30), ylim=c(0,100), type="l", xlab = "Ido" ,
ylab = "Egyedek száma", cl[1])
for(i in 1:200){
  lines(egyedek[,i], type="l", col=cl[i+1], lwd=2)
}

plot(xlim= c(0,30), ylim=c(0,100), type="l", xlab = "Ido" ,
ylab = "Egyedek száma", cl[1])
for(i in 1:2){
  line(egyedekkt[,i],type="l", col=cl[i+1], lwd=2)
}
#egyedszám ábrázolva


egyedszam<-vector( length = 100)
egyedszamkt<-vector(length = 100)

for(i in 1:100){
egyedszam[i]<-sum(egyedek[i,])
}

for(i in 1:2){
  egyedszamkt[i]<-sum(egyedekkt[i,])
}

plot(egyedszam, type="l", xlab = "Ido" , ylab = "Egyedek száma", lwd=2)
```

```
plot(xlim= c(0,30), ylim=c(0,100), egyedszam, type="l", xlab = "Ido"
, ylab = "Egyedek száma", lwd=2)

lines(egyedek[,1],type="l", col="red")

lines(egyedekkt[,1], type = "l", col="red")
lines(egyedekkt[,2], type="l", col="blue")
```

```
plot(egyedek[,1]/egyedszam, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány"
, col=cl[1])

for(i in 2:100){
lines(egyedek[,i]/egyedszam, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány"
, col= cl[i+1], lwd=2)
}

plot(xlim= c(80,100), ylim=c(0,0.1),egyedek[,1]/egyedszam, type = "l",
xlab = "Ido" , ylab="típusok arány", col=cl[1])
for(i in 2:100){
  lines(egyedek[,i]/egyedszam, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány",
  col= cl[i+1], lwd=2)
}
```

```
plot(egyedekkt[,1]/egyedszamkt, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány",
col="red",lwd=2)
lines(egyedek[,2]/egyedszam, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány",
col= "blue", lwd=2)
```

```
plot(xlim= c(80,100), ylim=c(0,0.1),egyedekkt[,1]/egyedszamkt, type = "l",
xlab = "Ido" , ylab="típusok arány", col="red",lwd=2)
lines(egyedekkt[,2]/egyedszamkt, type = "l", xlab = "Ido" , ylab="típusok arány",
col= "blue", lwd=2)


plot(tipus$etipusszam,xlim = c(0,10),ylim = c(0,100) ,col="blue",type="l",
xlab="Ido", ylab="Egyedek száma", lwd=2)
lines(tipus$mtipusszam,col="red",type = "l")

plot(tipus$etipusszam/tipus$mtipusszam,xlab = "Ido", ylab = "Arány",
type = "l", lwd=2)
```

2.4.4. Paraméterektől való függés

p paramétertől való függés:

```
folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
folyamat[1,1]<-1 #kezdeti egyed

#n kezdeti egyed
utodok<-function(n,p,r){
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)}# szuletes valoszinusege
  return(N)
}

mutacio<-function(x){
  k<-rbinom(1, x, 0.98)
  return(k)
}

y<-matrix(data=0 ,nrow = 100 , ncol = 99)
z<-vector("numeric" , length = 99)
```

```
for(m in 1:100){
for(p in 1:99){
  folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
  folyamat[1,1]<-1
  n<-2
for(i in 1:199){
  if(i%%2==1){#páratlan
    for(j in 1:200){
      if(folyamat[i,j]!=0){
        folyamat[i+1,j]<-min(utodok(folyamat[i,j], p/100 ,0.95), 2000000000)
      }else{next}
    }

  }else{
    for(l in 1:199){#páros
      if(folyamat[i,l]!=0){
        folyamat[i+1,l]<-mutacio(folyamat[i,l])
        #folyamat[i,l+1]<-folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l]

      }else{next}
      #folyamat[i+1,l+1]<-sum(folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l])
    }
    ossz<-min(sum(sum(folyamat[i,])-sum(folyamat[i+1,])),2000000000)
    print(ossz)
    if(ossz!=0){
      folyamat[i+1,n]<-ossz
      n<-n+1
    }else{next}

  }

}
  print(p)
  y[m,p]<-sum(folyamat[199,])
```

```
  z[p]<-mean(y[,p])
  t[p]<-p/100
}
}
plot(t,z)
```

r paramétertől való függés:

```
folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
folyamat[1,1]<-1 #kezdeti egyed

#n kezdeti egyed
utodok<-function(n,p,r){
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)}# szuletes valoszinusege
  return(N)
}

mutacio<-function(x){
  k<-rbinom(1, x, 0.98)
  return(k)
}

z<-vector("numeric" , length = 99)
y<-matrix(data=0, nrow = 100 , ncol=99)

for(m in 1:100){
for(r in 1:99){
  folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
  folyamat[1,1]<-1
  n<-2
for(i in 1:199){
  if(i%%2==1){#páratlan
    for(j in 1:200){
```

```
      if(folyamat[i,j]!=0){
        folyamat[i+1,j]<-min(utodok(folyamat[i,j], 0.02 ,r/100), 2000000000)
      }else{next}
    }

  }else{
    for(l in 1:199){#páros
      if(folyamat[i,l]!=0){
        folyamat[i+1,l]<-mutacio(folyamat[i,l])
        #folyamat[i,l+1]<-folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l]

      }else{next}
      #folyamat[i+1,l+1]<-sum(folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l])
    }
    ossz<-min(sum(sum(folyamat[i,])-sum(folyamat[i+1,])),2000000000)
    print(ossz)
    if(ossz!=0){
      folyamat[i+1,n]<-ossz
      n<-n+1
    }else{next}

  }

}
  print(r)
  y[m,r]<-sum(folyamat[199,])
  z[r]<-mean(y[,r])
}
}
plot(z)
plot(t, z , xlab = "r" , ylab="egyedszám")
```

2.4.5. Hányados várható értékének becslése

```
folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
folyamat[1,1]<-1 #kezdeti egyed

#n kezdeti egyed
utodok<-function(n,p,r){
  m<-n-rbinom(1,n,p) # halalozas valoszinusege
  if(n!=0){
    N<-m+rbinom(1,m,r)}# szuletes valoszinusege
  return(N)
}

mutacio<-function(x){
  k<-rbinom(1, x, 0.98)
  return(k)
}
t<-vector("numeric" , length = 99)
y<-matrix(data=0 ,nrow = 100 , ncol = 99)
z<-vector("numeric" , length = 99)
for(m in 1:100){
  for(p in 1:99){
    folyamat<-matrix(data=0, nrow = 200, ncol = 200) #csupa 0 mátrix
    folyamat[1,1]<-1
    n<-2
    for(i in 1:199){
      if(i%%2==1){#páratlan
        for(j in 1:200){
          if(folyamat[i,j]!=0){
            folyamat[i+1,j]<-min(utodok(folyamat[i,j], p/100 ,0.95), 2000000000)
          }else{next}
        }

      }else{
```

```
        for(l in 1:199){#páros
          if(folyamat[i,l]!=0){
            folyamat[i+1,l]<-mutacio(folyamat[i,l])
            #folyamat[i,l+1]<-folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l]

          }else{next}
          #folyamat[i+1,l+1]<-sum(folyamat[i,l]-folyamat[i+1,l])
        }
        ossz<-min(sum(sum(folyamat[i,])-sum(folyamat[i+1,])),2000000000)
        print(ossz)
        if(ossz!=0){
          folyamat[i+1,n]<-ossz
          n<-n+1
        }else{next}

      }

    }
    print(p)
    if(sum(folyamat[199,])!=0){
    y[m,p]<-folyamat[199,1]/sum(folyamat[199,])}else
    {y[m,p]<-0}
    z[p]<-mean(y[,p])
    t[p]<-p/100
}
}


#t<- seq(from=0, to=1, by=0.01)
plot(t,z)

plot(t, z , xlab = "p" , ylab="hányados")
```