

**Politechnika Wrocławskaw
Wydział Informatyki i Telekomunikacji**

Kierunek: **Informatyka Algorytmiczna (INA)**

**PRACA DYPLOMOWA
INŻYNIERSKA**

Probabilistyczne model propagacji w grafach

Bartosz Łabuz

Opiekun pracy
dr inż. Dominik Bojko

Słowa kluczowe: propagacja, procesy stochastyczne, analiza probabilistyczna, modele epidemiologiczne

WROCŁAW, 2025

Streszczenie

W pracy tej dokonano przeglądu procesów probabilistycznej propagacji zachodzących w grafach nieskierowanych. Analizie poddano trzy podstawowe modele epidemiologiczne. Model pierwszy to model SI, w którym wszystkie wierzchołki po zainfekowaniu pozostają permanentnie zarażone. Drugi to model SIR, w którym zainfekowanie wierzchołki mogą wyzdrowieć. Trzeci model to SIS, w którym zainfekowanie wierzchołki mogą powtórnie stać się podatne na infekcje. Głównym celem pracy jest wyznaczenie rozkładów prawdopodobieństwa oraz wartości oczekiwanych zmiennych losowych opisujących przebieg propagacji. Zmienne te oddają czas zarażenia poszczególnych wierzchołków, liczba zarażonych wierzchołków w danym momencie oraz czas trwania propagacji. W celu opisu modeli wykorzystano teorię prawdopodobieństwa, teorię grafów oraz procesów stochastycznych iłańcuchów Markova. Wyniki teoretyczne zostały zweryfikowane poprzez symulacje komputerowe. W pracy wskazano także potencjalne zastosowania praktyczne i możliwości kontynuacji badań.

Abstract

This thesis reviews probabilistic propagation processes occurring in undirected graphs. Three basic epidemiological models are analyzed. The first model is the SI model, in which all vertices remain permanently infected after infection. The second is the SIR model, in which infected vertices can recover. The third model is SIS, in which infected vertices can become susceptible to infection again. The main goal of this paper is to determine the probability distributions and expected values of random variables describing the propagation process. These variables reflect the time of infection of individual vertices, the number of infected vertices at a given moment, as well as the duration of propagation. Probability theory, graph theory, and stochastic processes, together with Markov chains are used to describe the models. The theoretical results are verified by computer simulations. The paper also indicates potential practical applications and possibilities for further research.

Spis treści

1 Wstęp	5
1.1 Motywacja	5
1.2 Cel pracy	5
1.3 Zakres pracy	6
2 Podstawy matematyczne	7
2.1 Notacja	7
2.2 Rodziny grafów	7
2.3 Rozkłady prawdopodobieństwa	8
2.4 Fakty, sumy i nierówności	10
3 Modele propagacji losowej	13
3.1 Model SI	13
3.2 Model SIR	14
3.3 Model SIS	15
4 Scenariusz aplikacyjny	17
4.1 Model SI — Sieć bez zabezpieczeń	17
4.2 Model SIR — Sieć z automatycznymi łatkami bezpieczeństwa	18
4.3 Model SIS — Sieć z tymczasowymi zabezpieczeniami	19
5 Analiza modelu SI	21
5.1 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2	21
5.2 Trójkąt C_3	21
5.3 Całkowita infekcja pewna	22
5.4 Grafy ścieżkowe	23
5.5 Grafy gwiazdne	24
5.6 Uniwersalne ograniczenia na czas zarażenia	25
5.7 Grafy cykliczne	27
5.8 Grafy pełne	29
5.9 Drzewa	31
5.10 Eksperymenty	32
6 Rozkłady umierające	37
6.1 Rozkład umierający geometryczny	37
6.2 Rozkład umierający ujemny dwumianowy	38

7 Analiza modelu SIR	39
7.1 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2	39
7.2 Pewne wygaśnięcie	40
7.3 Grafy ścieżkowe	40
7.4 Grafy gwiazdne	41
7.5 Eksperymenty	43
8 Analiza modelu SIS	47
8.1 Pewne wygaśnięcie	47
8.2 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2	47
8.3 Grafy pełne	49
8.4 Eksperymenty	50
9 Podsumowanie	55
Bibliografia	57

Rozdział 1

Wstęp

1.1 Motywacja

Propagację zjawisk w skupiskach ludzkich można zauważać od zamierzchłych czasów. Rozpowszechniały się przede wszystkim epidemie chorób zakaźnych, ale także wiadomości i pogłoski. Współcześnie transmitowane są wirusy komputerowe oraz treści reklamowe i treści plotkarskie. Zrozumienie mechanizmów działania propagacji ma podstawowe znaczenie w jej zastosowaniu. Pozwala przewidzieć rozwój epidemii, wprowadzać skuteczne działania: prowadzić szeroką kampanię informacyjną, zabezpieczać sieć cyfrową przed wirusami, czy wreszcie optymalizować algorytmy wspomagające działania. Najbardziej obrazową metodą matematyczną do przedstawienia rozprzestrzeniania się relacji są grafy, w których wierzchołki reprezentują jednostki, czyli ludzi lub komputery, a krawędzie określają kontakty społeczne lub połączenia sieciowe. Zastosowanie teorii grafów i rachunku prawdopodobieństwa pozwala stworzyć najlepsze modele stochastyczne, które uwzględniają losowy charakter propagacji. W przypadku epidemii należy pamiętać, że nie każdy kontakt prowadzi do transmisji, a poszczególne jednostki mają różną podatność na zarażenie. Modele propagacji znajdą zastosowanie przede wszystkim w epidemiologii, cyberbezpieczeństwie, marketingu, teorii algorytmów oraz w naukach społecznych. Szczególną uwagę przyciąga ostatnia pandemia koronawirusa, kiedy to zwróciło się w stronę modeli matematycznych, celem prognozy zakażeń.

1.2 Cel pracy

Celem niniejszej pracy jest szeroka analiza probabilistycznych modeli propagacji przy użyciu grafów, ze szczególnym uwzględnieniem wpływów topologii sieci na dynamikę propagacji. Szczegółowe cele pracy:

- zamodelowanie rozprzestrzeniania się informacji w sieciach przy użyciu procesów grafowych,
- wyznaczenie rozkładów prawdopodobieństwa i wartości oczekiwanych kluczowych zmiennych losowych dla wybranych rodzin grafów,
- przeprowadzenie symulacji komputerowych w Pythonie metodą Monte Carlo w celu weryfikacji wyników teoretycznych,
- zbadanie, jak topologia grafu wpływa na tempo i zasięg propagacji,

- omówienie praktycznego scenariusza ilustrującego użyteczność wprowadzonych modeli.

1.3 Zakres pracy

Praca składa się z 9 rozdziałów.

Rozdział 1. Omawia motywację i cele pracy.

Rozdział 2. Zawiera notację używaną w całej pracy, definicje analizowanych rodzin grafów, wykorzystywane rozkłady prawdopodobieństwa wraz z ich własnościami oraz zbiór faktów, sum i nierówności stosowanych w dowodach i obliczeniach.

Rozdział 3. Wprowadza formalne definicje trzech badanych modeli: SI, SIR i SIS. Ponadto dla każdego modelu zawiera opisy kluczowych zmiennych losowych.

Rozdział 4. Ilustruje praktyczne zastosowanie modeli na przykładzie rozprzestrzeniania się wirusa komputerowego.

Rozdział 5. Prezentuje szczegółową analizę modelu SI dla rodzin grafów ścieżkowych, gwiezdnych, cyklicznych, pełnych oraz drzew. Wyprowadza ogólne ograniczenia na czas całkowitego zarażenia. Dodatkowo zawiera wyniki symulacji komputerowej.

Rozdział 6. Wprowadza rozkłady ułatwiające modelowanie propagacji z możliwością jej przerwania, potrzebne do analizy modeli SIR oraz SIS.

Rozdział 7. Przedstawia analizę modelu SIR dla rodzin grafów ścieżkowych i gwiezdnych oraz wyniki symulacji komputerowej.

Rozdział 8. Przedstawia analizę modelu SIS dla grafów pełnych oraz wyniki symulacji komputerowej.

Rozdział 2

Podstawy matematyczne

2.1 Notacja

Przez \mathbb{N} oznaczamy zbiór $\{0, 1, 2, \dots\}$, a przez $\mathbb{N}_+ = \{1, 2, 3, \dots\}$. Moc zbioru A oznaczamy $|A|$. Logarytm naturalny z x oznaczamy $\log(x)$. Dla $n \in \mathbb{N}_+$ przez $H_n = 1 + \frac{1}{2} + \dots + \frac{1}{n}$ oznaczamy n -tą liczbę harmoniczną. Jeśli $f : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$ jest funkcją, to przez $f(\pm\infty)$ oznaczamy $\lim_{x \rightarrow \pm\infty} f(x)$.

Niech $G = (V, E)$ będzie grafem prostym nieskierowanym. Przez $N(v) = \{u \in V : \{u, v\} \in E\}$ oznaczamy zbiór sąsiadów wierzchołka v . Odległość między u i v oznaczamy $d(u, v)$ dla $u, v \in V$. Ekscentryczność $v \in V$ oznaczamy $\epsilon(v) = \max_{u \in V} d(u, v)$.

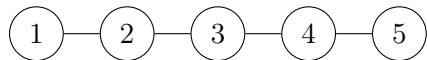
Jeśli \mathbb{P} jest miarą prawdopodobieństwa na przestrzeni Ω , to prawdopodobieństwo zdarzenia A oznaczamy $\mathbb{P}[A]$. Dla zmiennej losowej $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$ jej wartość oczekiwana oznaczamy $\mathbb{E}[X]$, a jej wariancje $\text{Var}[X]$. Funkcję masy prawdopodobieństwa (w skrócie PMF) oznaczamy $\mathbb{P}[X = t]$, a dystrybuantę (w skrócie CDF) oznaczamy $F_X(t) = \mathbb{P}[X \leq t]$ dla $t \in \mathbb{R}$. Mówimy, że zmienne losowe X_1, \dots, X_n są IDD (independent and identically distributed), jeżeli są one niezależne oraz $F_{X_1} = \dots = F_{X_n}$.

2.2 Rodziny grafów

W tej pracy ograniczymy rozważanie propagacji do konkretnych rodzin grafów. Są to grafy ścieżkowe, gwiazdne, cykliczne oraz pełne. Poniżej znajdują się szczegółowe definicje zbioru wierzchołków V oraz zbioru krawędzi E tych rodzin dla $n \in \mathbb{N}_+$. Dodatkowo opisy te zawierają wizualizacje reprezentanta rodziny dla $n = 5$.

Graf ścieżkowy P_n

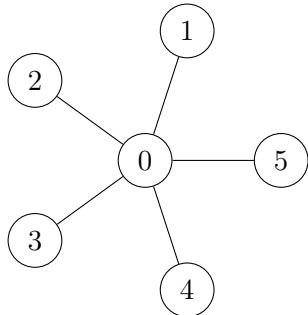
$$V = \{1, 2, \dots, n\}, \quad E = \{\{i, i + 1\} : i \in \{1, 2, \dots, n - 1\}\}.$$



Rysunek 2.1: Graf P_5

Graf gwiazda S_n

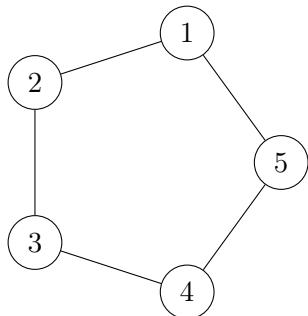
$$V = \{0, 1, \dots, n\}, \quad E = \{\{0, i\} : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}.$$



Rysunek 2.2: Graf S_5

Graf cykliczny C_n

$$V = \{1, 2, \dots, n\}, \quad E = \{\{i, i + 1\} : i \in \{1, 2, \dots, n - 1\}\} \cup \{\{n, 1\}\}.$$



Rysunek 2.3: Graf C_5

Graf pełny K_n

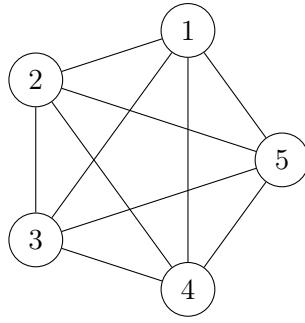
$$V = \{1, 2, \dots, n\}, \quad E = \{\{i, j\} : i, j \in \{1, 2, \dots, n\} \wedge i \neq j\}.$$

2.3 Rozkłady prawdopodobieństwa

Przedstawiamy specyfikacje klasycznych rozkładów prawdopodobieństwa obejmującą ich funkcje masy, wartości oczekiwane i wariancje.

Rozkład Bernoulliego $Ber(p)$

Próba Bernoulliego to doświadczenie losowe, którego wynikiem może być sukces z prawdopodobieństwem $p \in (0; 1)$ albo porażka z prawdopodobieństwem $1 - p$. Zmienna



Rysunek 2.4: Graf K_5

losowa X ma rozkład Bernoulliego, jeżeli przyjmuje wartość 1 w przypadku sukcesu i 0 w przypadku porażki próby Bernoulliego. Wtedy:

$$\mathbb{P}[X = 0] = 1 - p, \quad \mathbb{P}[X = 1] = p.$$

Wartość oczekiwana i wariancja wynoszą:

$$\mathbb{E}[X] = p, \quad \text{Var}[X] = p(1 - p).$$

Rozkład dwumianowy $\text{Bin}(n, p)$

Zmienna losowa X ma rozkład dwumianowy, jeżeli opisuje liczbę sukcesów w n próbach Bernoulliego, gdzie $n \in \mathbb{N}_+$, a każda próba ma prawdopodobieństwo sukcesu $p \in (0; 1)$. Wtedy:

$$\mathbb{P}[X = k] = \binom{n}{k} p^k (1 - p)^{n-k}, \quad k \in \{0, 1, \dots, n\}.$$

Wartość oczekiwana i wariancja wynoszą:

$$\mathbb{E}[X] = np, \quad \text{Var}[X] = np(1 - p).$$

Rozkład geometryczny $\text{Geo}(p)$

Zmienna losowa X ma rozkład geometryczny, jeżeli opisuje liczbę prób Bernoulliego potrzebnych do uzyskania pierwszego sukcesu, gdzie każda próba ma prawdopodobieństwo sukcesu $p \in (0; 1)$. Wtedy:

$$\mathbb{P}[X = k] = p(1 - p)^{k-1}, \quad k \in \mathbb{N}_+.$$

Dystrybuanta jest równa:

$$\mathbb{P}[X \leq t] = 1 - (1 - p)^t.$$

Wartość oczekiwana i wariancja wynoszą:

$$\mathbb{E}[X] = \frac{1}{p}, \quad \text{Var}[X] = \frac{1 - p}{p^2}.$$

Rozkład ujemny dwumianowy $\text{NegBin}(m, p)$

Zmienna losowa X ma rozkład ujemny dwumianowy, jeżeli opisuje liczbę prób Bernoulliego potrzebnych do uzyskania m sukcesów, gdzie $m \in \mathbb{N}_+$, a każda próba ma prawdopodobieństwo sukcesu $p \in (0; 1)$. Wtedy:

$$\mathbb{P}[X = k] = \binom{k-1}{m-1} p^m (1-p)^{k-m}, \quad k \geq m.$$

Wartość oczekiwana i wariancja wynoszą:

$$\mathbb{E}[X] = \frac{m}{p}, \quad \text{Var}[X] = \frac{m(1-p)}{p^2}.$$

Rozkład normalny $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$

Dla $t \in \mathbb{R}$ definiujemy funkcje:

$$\varphi(t) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{t^2}{2}}, \quad \Phi(t) = \int_{-\infty}^t \varphi(x) dx.$$

Niech $\mu \in \mathbb{R}$ oraz $\sigma > 0$. Zmienna losowa X ma rozkład normalny, jeżeli jej funkcja gęstości wyraża się wzorem:

$$f_X(t) = \frac{1}{\sigma} \cdot \varphi\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right), \quad t \in \mathbb{R}.$$

Dystrybuanta jest równa:

$$\mathbb{P}[X \leq t] = \Phi\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right), \quad t \in \mathbb{R}.$$

Wartość oczekiwana i wariancja wynoszą:

$$\mathbb{E}[X] = \mu, \quad \text{Var}[X] = \sigma^2.$$

2.4 Fakty, sumy i nierówności

W tej sekcji gromadzimy używane w pracy fakty pomocnicze, wzory sumacyjne oraz nierówności dotyczące zmiennych losowych i przekształceń analitycznych.

Fakt 1. Niech X_1, \dots, X_n będą IID zmiennymi losowymi o CDF równej F_X . Położmy $Y = \max\{X_1, \dots, X_n\}$. Wtedy

$$F_Y(t) = F_X^n(t).$$

Fakt 2. Niech X_1, \dots, X_n będą IID zmiennymi losowymi o CDF równej F_X . Położmy $Y = \min\{X_1, \dots, X_n\}$. Wtedy

$$F_Y(t) = 1 - (1 - F_X(t))^n.$$

Fakt 3. Niech $X \sim \text{Bin}(n, p)$ oraz $Y \sim \text{Bin}(m, p)$ będą niezależnymi zmiennymi losowymi. Wtedy

$$X + Y \sim \text{Bin}(n+m, p).$$

Fakt 4. Niech $X \sim \text{Bin}(n, p)$ oraz $Y \sim \text{Bin}(m, r)$ będą niezależnymi zmiennymi losowymi. Położmy $Z = X + Y$. Wtedy dla $k \in \{0, 1, \dots, n+m\}$ zachodzi

$$\mathbb{P}[Z = k] = \sum_{j=\max\{0, k-m\}}^{\min\{n, k\}} \binom{n}{j} \binom{m}{k-j} p^j (1-p)^{n-j} r^{k-j} (1-r)^{m-(k-j)}.$$

Fakt 5. Niech $X \sim \text{Bin}(n, p)$. Oznaczmy $q = 1 - p$. Wtedy

$$\mathbb{E}[z^X] = (q + pz)^n, \quad \mathbb{E}[Xz^X] = npz(q + pz)^{n-1}.$$

Fakt 6. Niech $X_1, \dots, X_m \sim \text{Geo}(p)$ będą IID zmiennymi losowymi. Wtedy

$$X_1 + \dots + X_m \sim \text{NegBin}(m, p).$$

Fakt 7. Niech $X \sim \mathcal{N}(\mu_1, \sigma_1^2)$ oraz $Y \sim \mathcal{N}(\mu_2, \sigma_2^2)$ będą niezależnymi zmiennymi losowymi. Wtedy

$$X + Y \sim \mathcal{N}(\mu_1 + \mu_2, \sigma_1^2 + \sigma_2^2).$$

Suma 1. Niech $n \in \mathbb{N}$ oraz $x, y \in \mathbb{R}$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^n \binom{n}{k} x^k y^{n-k} = (x + y)^n.$$

Suma 2. Niech $n \in \mathbb{N}$ oraz $x, y \in \mathbb{R}$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^n k \cdot \binom{n}{k} x^k y^{n-k} = nx(x + y)^{n-1}.$$

Suma 3. Niech $n \in \mathbb{N}$ oraz $x \in \mathbb{R} \setminus \{1\}$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^n x^k = \frac{1 - x^{n+1}}{1 - x}.$$

Suma 4. Niech $n \in \mathbb{N}$ oraz $x \in \mathbb{R} \setminus \{1\}$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^n kx^k = \frac{x}{(1-x)^2} \cdot (nx^{n+1} - (n+1)x^n + 1).$$

Suma 5. Niech $x \in (-1; 1)$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^{\infty} x^k = \frac{1}{1-x}.$$

Suma 6. Niech $x \in (-1; 1)$. Wtedy

$$\sum_{k=0}^{\infty} kx^k = \frac{x}{(1-x)^2}.$$

Suma 7. Niech $m \in \mathbb{N}$ oraz $x \in (-1; 1)$. Wtedy

$$\sum_{k=m}^{\infty} \binom{k-1}{m-1} x^k = \frac{x^m}{(1-x)^m}.$$

Suma 8. Niech $m \in \mathbb{N}$ oraz $x \in (-1; 1)$. Wtedy

$$\sum_{k=m}^{\infty} k \cdot \binom{k-1}{m-1} x^k = \frac{mx^m}{(1-x)^{m+1}}.$$

Nierówność 1. Niech $a, b \in \mathbb{N}$, $a < b$ oraz $f : [a; b] \rightarrow \mathbb{R}$ będzie funkcją ciągłą i malejącą. Wtedy

$$\int_a^b f(x) dx \leq \sum_{k=a}^b f(k) \leq f(a) + \int_a^b f(x) dx.$$

Nierówność 2. Niech $n \in \mathbb{N}_+$. Wtedy

$$H_n \leq 1 + \log(n).$$

Nierówność 3. Niech $x \in (0; 1)$. Wtedy

$$\frac{1}{\log(\frac{1}{1-x})} \leq \frac{1}{x}.$$

Nierówność 4 (Nierówność między średnimi). Niech $x_1, \dots, x_n \geq 0$. Wtedy

$$\log(x_1 \cdots x_n) \leq n \cdot \log\left(\frac{x_1 + \cdots + x_n}{n}\right).$$

Równość zachodzi wtedy i tylko wtedy, gdy $x_1 = \cdots = x_n$.

Nierówność 5 (Nierówność Markova). Niech X będzie zmienną losową taką, że $X \geq 0$ oraz $\mathbb{E}[X] < \infty$. Wtedy dla dowolnego $t > 0$ zachodzi

$$\mathbb{P}[X \geq t] \leq \frac{\mathbb{E}[X]}{t}.$$

Nierówność 6 (Nierówność Cauchy'ego-Schwarza). Niech X, Y będą zmiennymi losowymi takimi, że $\mathbb{E}[X^2], \mathbb{E}[Y^2] < \infty$. Wtedy

$$\mathbb{E}[X \cdot Y] \leq \sqrt{\mathbb{E}[X^2]} \cdot \sqrt{\mathbb{E}[Y^2]}.$$

Nierówność 7 (Nierówność Jensena). Niech $n \in \mathbb{N}_+$ oraz $g : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$ będzie funkcją wypukłą, zaś X_1, \dots, X_n będą zmiennymi losowymi (niekoniecznie niezależnymi). Wtedy

$$g(\mathbb{E}[X_1], \dots, \mathbb{E}[X_n]) \leq \mathbb{E}[g(X_1, \dots, X_n)].$$

W szczególności, ponieważ \max jest funkcją wypukłą, mamy:

$$\max(\mathbb{E}[X_1], \dots, \mathbb{E}[X_n]) \leq \mathbb{E}[\max(X_1, \dots, X_n)].$$

Rozdział 3

Modele propagacji losowej

Dany jest graf spójny nieskierowany $G = (V, E)$. Propagacja na takim grafie jest procesem stochastycznym. Zakładamy, że czas dla tego procesu jest dyskretny i mierzony w jednostkach naturalnych, zatem za zbiór chwil przyjmujemy \mathbb{N} . Niech \mathcal{Q} będzie skończonym zbiorem stanów, jakie mogą przyjmować wierzchołki G . W każdej chwili $t \in \mathbb{N}$ każdy wierzchołek $v \in V$ znajduje się w pewnym stanie $Q \in \mathcal{Q}$. Nie będzie nas interesować przestrzeni zdarzeń elementarnych tego procesu. Definiujemy realizację zmiennej losowej $\mathbf{X} : \mathbb{N} \times V \rightarrow \mathcal{Q}$ określającą stany wierzchołków grafu w czasie. Mamy $\mathbf{X}_t(v) = Q$ wtedy i tylko wtedy, gdy wierzchołek v w chwili t znajduje się w stanie Q .

3.1 Model SI

Model **Susceptible-Infected (SI)** opisuje propagację w sieci, w której każdy wierzchołek znajduje się w jednym z dwóch stanów: podatny (S) lub zainfekowany (I). Mamy więc $\mathcal{Q} = \{S, I\}$. Początkowo ustalone źródło $s \in V$ znajduje się w stanie I , natomiast pozostałe wierzchołki są w stanie S . A więc

$$\mathbf{X}_0(v) = \begin{cases} I, & \text{jeśli } v = s, \\ S, & \text{jeśli } v \neq s. \end{cases}$$

W każdej jednostce czasu dowolny zainfekowany wierzchołek może zarazić każdego swojego sąsiada z prawdopodobieństwem p , dla ustalonego $p \in (0; 1)$. Wierzchołek raz zainfekowany pozostaje w tym stanie na zawsze. W modelu SI liczba zainfekowanych wierzchołków jest funkcją niemalejącą w czasie. Dla uproszczenia notacji kładziemy

$$q = 1 - p, \quad \mathcal{S}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = S\}, \quad \mathcal{I}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = I\}, \quad i_v = |\mathcal{N}(v) \cap \mathcal{I}_t|.$$

Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= 1 - q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= 0, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= 1. \end{aligned}$$

Diagram przejścia dla tego modelu ilustruje 3.1. Zdefiniujmy teraz zmienne losowe opisujące istotne dla nas własności. Dla każdego $v \in V$ definiujemy zmienną X_v określającą chwilę czasu zarażenia wierzchołka v . Formalnie

$$X_v = \min\{t \in \mathbb{N} : v \in \mathcal{I}_t\}.$$

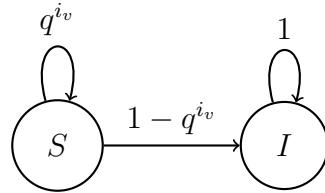
Jeśli taka chwila nie istnieje (tzn. w danym przebiegu procesu wierzchołek v nigdy się nie zarazi), to przyjmujemy $X_v = \infty$. Później udowodnimy (Twierdzenie 1), że w modelu SI mamy $\mathbb{P}[X_v = \infty] = 0$. Wyznaczenie rozkładu X_v jak i $\mathbb{E}[X_v]$ dostarczy sporo informacji o propagacji na grafie w zależności od jego topologii. Następnie dla każdego $t \in \mathbb{N}$ definiujemy zmienną losową Y_t oznaczającą liczbę zainfekowanych wierzchołków w chwili t . Zatem

$$Y_t = |\mathcal{I}_t|.$$

Interesować nas będzie rozkład prawdopodobieństwa Y_t oraz wartość oczekiwana $\mathbb{E}[Y_t]$. Pokażemy, że $\mathbb{E}[Y_t] \rightarrow |V|$ wraz z $t \rightarrow \infty$ (Twierdzenie 1). Dlatego też nie będziemy badać asymptotyki $\mathbb{E}[Y_t]$ względem t . Dodatkowo definiujemy zmienną Z opisującą czas całkowitego zarażenia grafu:

$$Z = \min\{t \in \mathbb{N} : \mathcal{I}_t = V\}.$$

Jeśli ta sytuacja nigdy nie nastąpi, to $Z = \infty$. Dla propagacji SI zainfekowanie całego grafu jest jednakże zdarzeniem pewnym. Wyznacznie rozkładu Z oraz jej wartości oczekiwanej dla konkretnych rodzin grafów będzie głównym celem w tym modelu.



Rysunek 3.1: Diagram przejścia dla modelu SI.

3.2 Model SIR

Model **Susceptible-Infected-Recovered (SIR)** rozszerza model SI o dodanie trzeciego stanu. Stanem tym jest R (Recovered). W tym modelu mamy $\mathcal{Q} = \{S, I, R\}$. Stan R jest pochłaniający — wierzchołek, który wyzdrowiał, nie może już ani się zarazić, ani nikogo zakazić. Zarażony wierzchołek może przejść z I do stanu R z prawdopodobieństwem $\alpha \in (0; 1)$. Przyjmujemy, że w każda runda odbywa się w dwóch etapach. W pierwszym z nich wierzchołki przekazują infekcję. W drugim z nich te, które były już wcześniej zainfekowane, mogą wyzdrowieć. Dla uproszczenia notacji kładziemy

$$\beta = 1 - \alpha, \quad \mathcal{R}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = R\}.$$

Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= 1 - q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = R \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= 0, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= 0, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= \beta, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = R \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= \alpha, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = R] &= 0, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = R] &= 0, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = R \mid \mathbf{X}_t(v) = R] &= 1.\end{aligned}$$

Diagram przejść dla tego modelu ilustruje 3.2. Tak jak poprzednio rozważmy zmienne

$$X_v = \min\{t \in \mathbb{N} : v \in \mathcal{I}_t\}.$$

W kontraste dla modelu SI zachodzi $\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0$ (Twierdzenie 4). Z tego powodu, niezależnie od struktury grafu, wartość oczekiwana $\mathbb{E}[X_v] = \infty$. Dlatego też poza rozkładem X_v możemy wyznaczyć $\mathbb{E}[X_v | X_v < \infty]$. Istnienie stanu R narzuca pomysł rozważania podobnej zmiennej na pierwszy czas wyzdrowienia wierzchołka v . Ale transmisja ze stanu I do R na pojedynczym wierzchołku jest rozkładem $\text{Geo}(\alpha)$, a więc zmienna ta byłaby po prostu sumą rozkładu geometrycznego oraz X_v . Z tego powodu nie będziemy jej rozpatrywać. Zamiast rozważać liczbę tylko zainfekowanych lub tylko wyzdrowiałych wierzchołków, będziemy rozważać liczbę niepodatnych wierzchołków po t krokach. Kładziemy więc

$$Y_t = |\mathcal{I}_t \cup \mathcal{R}_t|.$$

Mamy $\mathbb{P}[\mathcal{I}_t = \emptyset] \rightarrow 1$ wraz z $t \rightarrow \infty$ (Twierdzenie 4), a więc możemy zdefiniować zmienną Z oznaczającą czas wygaśnięcia infekcji. Dla uproszczenia będziemy rozważać moment, w którym żaden nowy wierzchołek nie może być zarażony. Zatem

$$Z = \min\{t \in \mathbb{N} : \forall v \in \mathcal{I}_t \quad \mathcal{S}_t \cap N(v) = \emptyset\}.$$

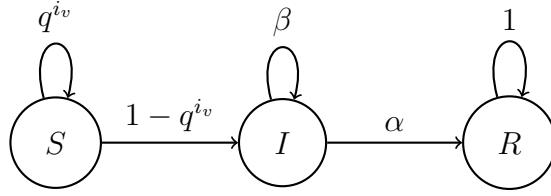
Dodatkowo definiujemy zmienną W będącą liczbą finalnie wyzdrowiałych wierzchołków:

$$W = |\{v \in V : X_v < \infty\}|.$$

Rozkłady Z, W oraz ich wartości oczekiwane będą naszym głównym obiektem zainteresowań w tym modelu.

3.3 Model SIS

Model **Susceptible-Infected-Susceptible (SIS)** rozszerza model SI o powracanie wierzchołków zarażonych do stanu podatnego. Wierzchołek zainfekowany może powrócić do stanu podatnego z prawdopodobieństwem $\alpha \in (0; 1)$. Tutaj, tak jak w SI,



Rysunek 3.2: Diagram przejścia dla modelu SIR.

mamy $\mathcal{Q} = \{S, I\}$. W modelu SIS liczba zainfekowanych wierzchołków może oscylować w czasie i nie musi osiągnąć stanu pełnego zakażenia. Dla uproszczenia notacji kładziemy $\beta = 1 - \alpha$. Każda runda składa się z dwóch faz. W pierwszej z nich wierzchołki zarażone próbują przekazać infekcję. Natomiast w drugiej, te zarażone wierzchołki, które były już zarażone przed fazą pierwszą, mogą powrócić do stanu podatności. Jest to odzwierciedlenie naturalnego stanu rzeczy. Jeśli ktoś zostanie zakażony chorobą, to nie może wyzdrowieć szybciej niż jego zakaziciel. Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = S] &= 1 - q^{i_v}, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = S \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= \alpha, \\ \mathbb{P}[\mathbf{X}_{t+1}(v) = I \mid \mathbf{X}_t(v) = I] &= \beta.\end{aligned}$$

Diagram przejścia dla tego modelu ilustruje 3.3. Zmienne losowe opisujące istotne właściwości są tutaj podobne jak w modelu SI. Dla każdego $v \in V$ kładziemy

$$X_v = \min\{t \in \mathbb{N} : v \in \mathcal{I}_t\}$$

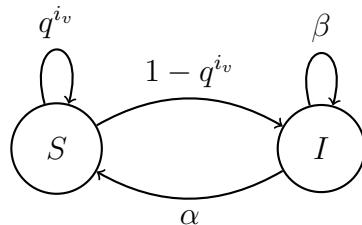
oraz dla $t \in \mathbb{N}$ definiujemy

$$Y_t = |\mathcal{I}_t|.$$

Wygaśnięcie infekcji zachodzi z prawdopodobieństwem 1 (Twierdzenie 5). A więc definiujemy zmienną losową opisującą czas wygaśnięcia infekcji:

$$Z = \min\{t \in \mathbb{N} : \mathcal{I}_t = \emptyset\}.$$

Mamy $\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0$, a zatem interesować nas będzie $\mathbb{E}[X_v | X_v < \infty]$. Dalej wykażemy, że $\mathbb{E}[Y_t]$ dążą do 0. (Twierdzenie 5) Dlatego też nie będziemy się nimi zajmować. Skupimy się tylko na rozkładzie Y_t . Jeśli chodzi o zmienną Z , to przyjrzymy się zarówno jej rozkładowi, jak i jej wartości oczekiwanej.



Rysunek 3.3: Diagram przejścia dla modelu SIS.

Rozdział 4

Scenariusz aplikacyjny

Modele propagacji SI, SIR i SIS mają szerokie zastosowanie w analizie rozprze-strzeniania się zjawisk w sieciach. Jednym z naturalnych zastosowań jest modelowa-nie rozprzestrzeniania się wirusa komputerowego w sieci. W tym rozdziale przedsta-wimy szczegółowy scenariusz aplikacyjny dla każdego z trzech modeli, pokazując jak zmienne losowe zdefiniowane wcześniej pozwalają na analizę różnych aspektów epidemii cyfrowej. Rozważamy sieć komputerową reprezentowaną przez graf $G = (V, E)$, gdzie wierzchołki odpowiadają poszczególnym komputerom, a krawędzie reprezentują bezpośrednie połączenia sieciowe (np. w sieci lokalnej, klastrze serwerów lub infrastrukturze chmurowej). Wirus rozpoczyna swoje rozprzestrzenianie od pojedynczego zainfekowa-nego komputera $s \in V$. W każdym cyklu czasowym zainfekowane komputery próbują zarazić bezpośrednio połączone z nimi komputery z prawdopodobieństwem p , które modeluje skuteczność transmisji wirusa przez połączenie sieciowe.

4.1 Model SI — Sieć bez zabezpieczeń

Rozważmy starszą infrastrukturę IT, która nie posiada żadnych aktywnych za-bezpieczeń antywirusowych ani mechanizmów automatycznego wykrywania zagrożeń. Może to być na przykład sieć przemysłowych systemów SCADA, które często działają na przestarzałym oprogramowaniu bez regularnych aktualizacji bezpieczeństwa, lub izolowana sieć wewnętrzna firmy z przestarzałymi systemami operacyjnymi. W takim środowisku, gdy komputer zostanie raz zainfekowany, pozostaje w tym stanie perma-nentnie — nie ma mechanizmu samoczynnego usunięcia wirusa. Model SI doskonale opisuje tę sytuację, gdzie S reprezentuje komputery podatne na infekcję, a I komputery już zainfekowane.

Dla każdego komputera $v \in V$ zmienna X_v określa, w której godzinie cyklu ten konkretny komputer zostanie zainfekowany. Jest to kluczowa informacja dla admini-stratora sieci próbującego zrozumieć dynamikę ataku. Rozkład prawdopodobieństwa X_v pozwala odpowiedzieć na pytanie: jakie jest prawdopodobieństwo, że dany kom-puter zostanie zarażony w określonym czasie? Wartość oczekiwana $\mathbb{E}[X_v]$ wskazuje średni czas, po którym można spodziewać się infekcji tego komputera. W kontekście praktycznym, znajomość rozkładu X_v pozwala na odpowiednią priorytetyzację działań obronnych — komputery o małym $\mathbb{E}[X_v]$ powinny być zabezpieczone jako pierwsze, planowanie harmonogramu ręcznej interwencji technicznej a także oszacowanie okna czasowego na izolację krytycznych systemów.

Zmienna Y_t określa, ile komputerów jest zainfekowanych w chwili t . Rozkład Y_t po-

kazuje możliwe scenariusze rozwoju epidemii — czy atak rozwija się szybko, czy powoli. Wartość oczekiwana $\mathbb{E}[Y_t]$ daje średnią liczbę zainfekowanych komputerów po czasie t . Z punktu widzenia zarządzania infrastrukturą, Y_t pozwala na monitorowanie tempa rozprzestrzeniania się wirusa czy ocenę skuteczności częściowych działań obronnych.

Zmienna Z opisuje, po ilu cyklach czasowych wszystkie komputery w sieci zostaną zainfekowane. Jest to moment, w którym cała infrastruktura zostaje skompromitowana. Rozkład Z określa prawdopodobieństwo różnych scenariuszy czasowych dla całkowitego przejęcia sieci. Wartość oczekiwana $\mathbb{E}[Z]$ wskazuje średni czas, jaki administrator ma na reakcję zanim stracimy kontrolę nad całą siecią. Znajomość Z jest krytyczna dla określenia maksymalnego czasu reakcji zespołu bezpieczeństwa czy też oceny ryzyka związanego z konkretną architekturą sieci. Pozwala to na projektowania topologii sieci odpornej na szybkie rozprzestrzenianie się zagrożeń.

4.2 Model SIR — Sieć z automatycznymi łączkami bezpieczeństwa

Rozważmy nowoczesną infrastrukturę korporacyjną z aktywnym systemem zarządzania aktualizacjami i automatycznymi mechanizmami odpowiedzi na incydenty. Gdy komputer zostaje zainfekowany, system bezpieczeństwa może wykryć zagrożenie i zastosować łączkę zabezpieczającą, przenosząc komputer do stanu odpornego (R). Prawdopodobieństwo α modeluje skuteczność systemu automatycznych łączek — im większe α , tym szybciej komputery są naprawiane. W modelu SIR komputer przechodzi przez stany: podatny (S) \rightarrow zainfekowany (I) \rightarrow odporny (R). Stan R jest absorpcyjny — załączany komputer nie może być ponownie zainfekowany tym samym wariantem wirusa. To realistyczne założenie w kontekście nowoczesnych systemów, gdzie zaktualizowane oprogramowanie jest odporne na znane exploity.

W modelu SIR zmienna X_v nadal określa czas pierwszego zarażenia komputera v . Jednak w przeciwieństwie do modelu SI, nie każdy komputer musi zostać kiedykolwiek zainfekowany — istnieje możliwość, że wirus wygaśnie zanim dotrze do wszystkich węzłów. Zachodzi bowiem $\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0$, co oznacza, że część komputerów może uniknąć infekcji całkowicie. Z tego powodu interesującą jest warunkowe oczekiwanie $\mathbb{E}[X_v | X_v < \infty]$ — średni czas zarażenia dla tych komputerów, które rzeczywiście zostały zainfekowane. Rozkład X_v pozwala na identyfikację komputerów w strefie największego ryzyka.

W modelu SIR definiujemy Y_t jako liczbę komputerów, które nie są już w stanie podatnym. Pokazuje to postęp epidemii z innej perspektywy — ile systemów zostało już „dotkniętych” (zarażonych lub załączanych). Wraz z czasem Y_t stabilizuje się, osiągając wartość równą W .

Zmienna W określa całkowitą liczbę komputerów, które zostały zainfekowane w trakcie całej epidemii. To kluczowa metryka dla oceny skali incydentu bezpieczeństwa. Rozkład W pokazuje możliwe scenariusze zasięgu ataku — czy zainfekowane zostaną tylko nieliczne komputery w pobliżu źródła, czy znaczna część sieci. Wartość oczekiwana $\mathbb{E}[W]$ daje średnią liczbę skompromitowanych systemów, co bezpośrednio przekłada się na szacowanie kosztów naprawy i przywrócenia systemów, ocenę potencjalnego wycieku danych lub szkód biznesowych, planowanie zasobów zespołu reagowania na incydenty.

Zmienna Z określa moment, w którym epidemia wygasła — żaden nowy komputer

nie może już zostać zainfekowany, ponieważ wszystkie zainfekowane komputery albo wyzdrowiały, albo nie mają podatnych sąsiadów. To moment, w którym incydent bezpieczeństwa można uznać za opanowany. Rozkład Z i wartość $\mathbb{E}[Z]$ są krytyczne dla planowania czasu trwania trybu kryzysowego w organizacji, oszacowania czasu, przez który zespół bezpieczeństwa musi działać w trybie podwyższonej gotowości. Warto jest też dokonać oceny, jak parametry p (skuteczność transmisji) i α (skuteczność latek) wpływają na czas trwania incydentu.

4.3 Model SIS — Sieć z tymczasowymi zabezpieczeniami

Rozważmy sieć z mechanizmami tymczasowego oczyszczania, takimi jak regularne restarty systemów, okresowe czyszczenie pamięci podręcznej, lub rotacyjne odświeżanie obrazów systemowych. W takim środowisku zainfekowany komputer może wrócić do stanu podatnego z prawdopodobieństwem α w każdym cyklu. Model ten jest szczególnie odpowiedni dla serwerów z krótkotrwałymi sesjami czy z automatycznymi resetami. W modelu SIS komputer może być zarażany wielokrotnie, a wirus może krażyć w sieci przez długi czas, powodując powtarzające się fale infekcji. W przeciwieństwie do modeli SI i SIR, tutaj nie ma stanu końcowego — sieć może oscylować między różnymi stanami zarażenia.

Podobnie jak w modelu SIR, nie każdy komputer musi zostać kiedykolwiek zainfekowany — wirus może wygasnąć zanim dotrze do odległych węzłów. Zachodzi $\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0$. Interesuje nas $\mathbb{E}[X_v | X_v < \infty]$ — średni czas do pierwszego zarażenia, jeśli do niego dojdzie. W kontekście praktycznym, X_v pozwala zrozumieć, które komputery są najbardziej narażone na początkową falę ataku.

W modelu SIS zmienna Y_t ma szczególne znaczenie, ponieważ liczba zainfekowanych komputerów może oscylować w czasie. Rozkład Y_t pokazuje możliwe stany sieci w różnych momentach — ile komputerów może być jednocześnie skompromitowanych. To pozwala na oszacowanie średniego obciążenia zespołu IT obsługą incydentów albo planowanie pojemności systemów monitoringu bezpieczeństwa. Warto zauważyć, że $\mathbb{E}[Y_t] \rightarrow 0$ wraz z $t \rightarrow \infty$ — średnio liczba zarażonych komputerów dąży do zera, co oznacza, że wirus ostatecznie wygasza. Jednak rozkład Y_t dla skończonych t może wykazywać znaczną wariancję.

Zmienna Z określa moment, w którym wirus całkowicie znika z sieci — wszystkie komputery są w stanie podatnym i żaden nie jest zainfekowany. W przeciwieństwie do modelu SIR, gdzie epidemia wygasza z braku podatnych celów, w modelu SIS wirus wygasza losowo z powodu równoczesnego „wyleczenia” wszystkich zainfekowanych komputerów. Rozkład Z i wartość $\mathbb{E}[Z]$ informują o średnim czasie, przez który wirus będzie krażył w sieci czy skuteczności strategii „poczekaj aż wirus sam wygaśnie” w porównaniu z aktywną interwencją.

Rozdział 5

Analiza modelu SI

5.1 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2

Na samym początku rozważmy najprostszy graf, czyli taki o dwóch wierzchołkach u, v połączonych krawędzią. Za wierzchołek startowy wybierzmy u . Istnieją tylko dwa możliwe stany: $\mathcal{I}_t = \{u\}$ oraz $\mathcal{I}_t = \{u, v\}$. Przejście ze stanu $\mathcal{I}_t = \{u\}$ do $\mathcal{I}_{t+1} = \{u, v\}$ następuje z prawdopodobieństwem p w każdej jednostce czasu. Zatem czas zarażenia drugiego wierzchołka X_v ma rozkład geometryczny, $X_v \sim \text{Geo}(p)$, co za tym idzie $\mathbb{E}[X_v] = \frac{1}{p}$.

Rozważmy teraz rozkład Y_t . Mamy $\mathbb{P}[Y_t = 1] = q^t$, ponieważ próba zarażenia musiałaby nie udać się t razy. Ponadto $\mathbb{P}[Y_t = 2] = 1 - q^t$. Stąd $\mathbb{E}[Y_t] = 2 - q^t$.

Jeśli chodzi o zmienną Z , to mamy $Z = X_v$, a więc również $Z \sim \text{Geo}(p)$ oraz $\mathbb{E}[Z] = \frac{1}{p}$.

5.2 Trójkąt C_3

Przyjrzyjmy się teraz nieco większemu grafowi — trójkątowi. Niech jeden z wierzchołków będzie źródłem s , a pozostałe oznaczmy u, v . Zmienna X_v ma taki sam rozkład jak X_u . Aby poinformować u , musimy uzyskać sukces bezpośrednio od s lub zarazić v , a następnie u . Zatem zachodzi $X_u = \min\{A, B\}$, gdzie $A \sim \text{Geo}(p)$ oraz $B \sim \text{NegBin}(2, p)$. Wiemy, że $\mathbb{P}[A \leq t] = 1 - q^t$. Z kolei

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[B \leq t] &= \sum_{k=2}^t (k-1) \cdot p^2 q^{k-2} = \frac{p^2}{q} \cdot \frac{q}{(1-q)^2} \cdot ((t-1)q^t - tq^{t-1} + 1) \\ &= 1 - q^t - tpq^{t-1}.\end{aligned}$$

Dalej, z [Faktu 2](#) mamy

$$\mathbb{P}[X_u \leq t] = 1 - (1 - (1 - q^t)) \cdot (1 - (1 - q^t - tpq^{t-1})) = 1 - q^{2t} - tpq^{2t-1}.$$

Policzmy teraz wartość oczekiwana.

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X_u] &= \sum_{t=0}^{\infty} \mathbb{P}[X_u > t] = \sum_{t=0}^{\infty} 1 - \mathbb{P}[X_u \leq t] = \sum_{t=0}^{\infty} q^{2t} + tpq^{2t-1} \\ &= \frac{1}{1 - q^2} + \frac{p}{q} \cdot \frac{q^2}{(1 - q^2)^2} = \frac{1 - q^2 + pq}{(1 - q^2)^2} = \frac{3 - 2p}{p(2 - p)^2}.\end{aligned}$$

Jeśli chodzi o liczbę zainfekowanych wierzchołków po t krokach, to mamy trzy wartości do policzenia. Oczywiście $\mathbb{P}[Y_t = 1] = q^{2t}$. Aby po t chwilach tylko dwa węzły były zainfekowane, musimy zarazić któryś z wierzchołków po $1 \leq k \leq t$ rundach z prawdopodobieństwem $2pq \cdot q^{2 \cdot (k-1)}$, a następnie uzyskać $t-k$ podwójnych porażek. Na każdą z nich mamy szansę równą q^2 . A zatem

$$\mathbb{P}[Y_t = 2] = \sum_{k=1}^t 2pq \cdot q^{2 \cdot (k-1)} \cdot q^{2 \cdot (t-k)} = 2tpq^{2t-1}.$$

Na koniec mamy $\mathbb{P}[Y_t = 3] = 1 - q^{2t} - 2tpq^{2t-1}$. Ponadto:

$$\mathbb{E}[Y_t] = 1 \cdot q^{2t} + 2 \cdot 2tpq^{2t-1} + 3 \cdot (1 - q^{2t} - 2tpq^{2t-1}) = 3 - 2q^{2t} - 2tpq^{2t-1}.$$

Propagacja może się zakończyć na dwa sposoby. Pierwszy z nich to sytuacja, w której przez $t-1$ jednostek czasu żadne zakażenie nie zaszło, a w chwili t zarażają się oba wierzchołki. Prawdopodobieństwo tego przypadku wynosi $p^2q^{2 \cdot (t-1)}$. Druga możliwość to taka, w której w k -tym kroku (dla $1 \leq k \leq t-1$) zaraził się jeden z wierzchołków z prawdopodobieństwem $2pq \cdot q^{2 \cdot (k-1)}$, a potem przez kolejne $t-1-k$ kroków trzeci wierzchołek nie został zainfekowany, na co mamy prawdopodobieństwo $(q^2)^{t-1-k}$, aż do chwili t . To ostatnie przejście ma prawdopodobieństwo $1 - q^2$. Podsumowując:

$$\begin{aligned} \mathbb{P}[Z = t] &= p^2q^{2t-2} + \sum_{k=1}^{t-1} (2pq q^{2k-2}) \cdot (q^{2t-2k-2}) \cdot (1 - q^2) \\ &= p^2q^{2t-2} + 2pq^{2t-3} \cdot (t-1)(1-q^2). \end{aligned}$$

Mamy też $\mathbb{P}[Z > t] = \mathbb{P}[Y_t \neq 3] = q^{2t} + 2tpq^{2t-1}$. Wartość oczekiwana wynosi więc:

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Z] &= \sum_{t=0}^{\infty} \mathbb{P}[Z > t] = \sum_{t=0}^{\infty} q^{2t} + 2tpq^{2t-1} \\ &= \frac{1}{1-q^2} + \frac{2p}{q} \cdot \frac{q^2}{(1-q^2)^2} = \frac{-3q^2 + 2q + 1}{(1-q^2)^2} = \frac{4-3p}{p(2-p)^2}. \end{aligned}$$

Wykonaliśmy sporo obliczeń, jak na tak mały graf. Możemy więc zauważyc, że istnienie cykli w grafie znaczco komplikuje sytuację, jeśli chodzi o model SI.

5.3 Całkowita infekcja pewna

Dość intuicyjny jest fakt, że każdy wierzchołek zostanie kiedyś zarażony z prawdopodobieństwem 1. Co za tym idzie, cały graf znajdzie się w stanie I oraz $Z < \infty$ z prawdopodobieństwem 1. Postaramy się teraz formalnie tego dowieść.

Twierdzenie 1. *Niech $G = (V, E)$ będzie grafem spójnym, $s \in V$ źródłem infekcji oraz $v \in V \setminus \{s\}$. Wtedy zachodzą następujące tożsamości:*

$$\mathbb{P}[X_v = \infty] = 0, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t] = |V|, \quad \mathbb{P}[Z < \infty] = 1.$$

Dowód. Rozważmy propagacje jako łańcuch Markova. W danej chwili stanem jest \mathcal{I}_t . Stan absorbujący wynosi V . Jeśli $\ell = \max\{\text{d}(u, v) : u \in \mathcal{I}_t, v \in \mathcal{S}_t\}$ to po ℓ rundach

możemy przejść do stanu całkowitej infekcji grafu z dodatnim prawdopodobieństwem. Zmienna Z to dokładnie czas, w którym propagacja osiągnie ten stan absorbujący. A zatem z lematu Borela-Cantellego mamy $\mathbb{P}[Z < \infty] = 1$. Ponadto $\mathbb{P}[\max_{v \in V} X_v = \infty] = \mathbb{P}[Z = \infty] = 0$ a więc dla dowolnego $v \in V$ mamy $\mathbb{P}[X_v = \infty] = 0$. Dalej zauważmy, że $0 \leq Y_t \leq |V|$. Z Twierdzenia Lebesgue'a o zbieżności ograniczonej mamy

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t] = \mathbb{E}\left[\lim_{t \rightarrow \infty} Y_t\right] = \mathbb{E}\left[\lim_{t \rightarrow \infty} \sum_{v \in V} \mathbf{1}_{v \in \mathcal{I}_t}\right] = \mathbb{E}\left[\sum_{v \in V} 1\right] = \mathbb{E}[|V|] = |V|.$$

□

5.4 Grafy ścieżkowe

Jako pierwszą rodzinę grafów rozważmy grafy ścieżkowe P_n , jako uogólnienie pierwszego przypadku, który analizowaliśmy na samym początku. Założymy, że proces zaczyna się w wierzchołku $s = 1$. Zatem infekcja rozchodzi się po grafie „od lewej do prawej”. Zauważmy, że czasy zarażenia kolejnych wierzchołków tworzą ciąg zmiennych losowych:

$$X_1 = 0, \quad X_v = X_{v-1} + G_v, \quad v \in \{2, 3, \dots, n\},$$

gdzie $G_2, G_3, \dots, G_n \sim \text{Geo}(p)$ oraz G_2, G_3, \dots, G_n są niezależne. Widzimy zatem, że $X_v = G_2 + G_3 + \dots + G_v$, a więc z [Faktem 6](#), X_v ma rozkład ujemny dwumianowy:

$$X_v \sim \text{NegBin}(v-1, p), \quad \mathbb{E}[X_v] = \frac{v-1}{p}.$$

Ustalmy $t \in \mathbb{N}$ i przejdźmy do obliczania rozkładu Y_t . Zauważmy, że liczba dodatkowych zakażeń, poza startowym wierzchołkiem, do czasu t to po prostu liczba sukcesów w t niezależnych prób Bernoulliego. Musimy jednak pamiętać, że Y_t nie może przekroczyć n . Zatem mamy dokładnie:

$$Y_t = \min\{n, 1 + B_t\}, \quad B_t \sim \text{Bin}(t, p).$$

Pozwala to na wyznaczenie PMF dla Y_t . Dla $1 \leq k \leq n-1$ mamy:

$$\mathbb{P}[Y_t = k] = \mathbb{P}[B_t = k-1] = \binom{t}{k-1} p^{k-1} q^{t-k+1},$$

oraz dla $k = n$:

$$\mathbb{P}[Y_t = n] = \mathbb{P}[B_t \geq n-1] = \sum_{j=n-1}^t \binom{t}{j} p^j q^{t-j}.$$

Przejdzmy teraz do obliczania wartości oczekiwanej Y_t :

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Y_t] &= \sum_{k=1}^{n-1} k \cdot \mathbb{P}[Y_t = k] + n \cdot \mathbb{P}[Y_t = n] \\ &= \sum_{k=1}^{n-1} k \cdot \binom{t}{k-1} p^{k-1} q^{t-k+1} + n \cdot \sum_{j=n-1}^t \binom{t}{j} p^j q^{t-j} \\ &= \sum_{j=0}^t \min\{n, 1+j\} \cdot \binom{t}{j} p^j q^{t-j}. \end{aligned}$$

Jeśli $n \geq 1 + t$ to wówczas

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[Y_t] &= \sum_{j=0}^t (1+j) \binom{t}{j} p^j q^{t-j} = \sum_{j=0}^t \binom{t}{j} p^j q^{t-j} + \sum_{j=0}^t j \binom{t}{j} p^j q^{t-j} \\ &= (p+q)^t + tp(p+q)^{t-1} = 1 + tp.\end{aligned}$$

Czas całkowitego zainfekowania grafu to $Z = \max\{X_1, \dots, X_n\} = X_n$. Zatem rozkład zmiennej Z oraz jej wartość oczekiwana są już nam znane i wynoszą

$$Z \sim \text{NegBin}(n-1, p), \quad \mathbb{E}[Z] = \frac{n-1}{p}.$$

5.5 Grafy gwiazdne

Następnie rozpatrzmy rodzinę grafów gwiazd S_n . Niech źródłem będzie centralny wierzchołek grafu, czyli $s = 0$. Propagacja rozchodzi się tutaj po każdym ramieniu gwiazdy niezależnie, a więc zmienne X_1, \dots, X_n są niezależne. Stąd dla każdego $v \in \{1, \dots, n\}$ mamy

$$X_v \sim \text{Geo}(p), \quad \mathbb{E}[X_v] = \frac{1}{p}.$$

Kwestia zmiennej Y_t jest również prosta. Ponieważ propagacja działa niezależnie na każdym wierzchołku, Y_t odpowiada liczbie sukcesów w n próbach Bernoulliego. Sukcesem pojedynczej próby jest zdarzenie, że zmenna X_v osiągnie sukces w czasie co najwyżej t . Mamy $\mathbb{P}[X_v \leq t] = 1 - q^t$, a więc prawdopodobieństwo tej próby wynosi $1 - q^t$. Niech $B_t \sim \text{Bin}(n, 1 - q^t)$. Wtedy

$$Y_t = 1 + B_t, \quad \mathbb{E}[Y_t] = 1 + n \cdot (1 - q^t).$$

Przejdzmy teraz do zmiennej Z . Mamy $Z = \max\{X_1, \dots, X_n\}$. Ponieważ zmienne te są IID, z Faktu 1 otrzymujemy $\mathbb{P}[Z \leq t] = (1 - q^t)^n$. Policzmy wartość oczekiwana całkowitego zainfekowania grafu:

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[Z] &= \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}[Z > k] = \sum_{k=0}^{\infty} 1 - \mathbb{P}[Z \leq k] = \sum_{k=0}^{\infty} 1 - (1 - q^k)^n \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} \left(1 - \sum_{j=0}^n \binom{n}{j} (-1)^j q^{kj}\right) = \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{j=1}^n \binom{n}{j} (-1)^{j+1} q^{kj} \\ &= \sum_{j=1}^n \sum_{k=0}^{\infty} \binom{n}{j} (-1)^{j+1} (q^j)^k = \sum_{j=1}^n \binom{n}{j} \frac{(-1)^{j+1}}{1 - q^j}.\end{aligned}$$

Nie jest to jednak szczególnie elegancka forma, więc spróbujmy wyznaczyć asymptotykę $\mathbb{E}[Z]$. Skoro

$$\mathbb{E}[Z] = \sum_{k=0}^{\infty} 1 - (1 - q^k)^n,$$

to z Nierównością 1 możemy przybliżyć tę sumę całką. Niech $f(x) = 1 - (1 - e^{-\lambda x})^n$, gdzie $\lambda = -\log(q)$. Oczywiście $f(0) = 1$, $f(\infty) = 0$, a funkcja f jest malejąca, więc:

$$\int_0^\infty f(x) dx \leq \mathbb{E}[Z] \leq 1 + \int_0^\infty f(x) dx.$$

Podstawiamy $u = 1 - e^{-\lambda x}$. Wtedy $du = \lambda e^{-\lambda x} dx$, a więc $dx = \frac{1}{\lambda} \cdot \frac{1}{1-u} du$. Ponadto $u(0) = 0$, $u(\infty) = 1$ (bo $\lambda > 0$). Zatem całka ma postać:

$$\frac{1}{\lambda} \int_0^1 \frac{1-u^n}{1-u} du = \frac{1}{\lambda} \int_0^1 \sum_{j=0}^{n-1} u^j du = \frac{1}{\lambda} \sum_{j=0}^{n-1} \int_0^1 u^j du = \frac{1}{\lambda} \sum_{j=0}^{n-1} \frac{1}{j+1} = \frac{H_n}{\lambda}.$$

Zauważmy, że $-\log(q) = \log\left(\frac{1}{1-p}\right)$, zatem:

$$\frac{H_n}{\log\left(\frac{1}{1-p}\right)} \leq \mathbb{E}[Z] \leq \frac{H_n}{\log\left(\frac{1}{1-p}\right)} + 1.$$

Stąd asymptotyczny czas pełnego zarażenia grafu S_n wynosi:

$$\mathbb{E}[Z] \sim \frac{H_n}{\log\left(\frac{1}{1-p}\right)} \sim \frac{\log(n)}{p}.$$

5.6 Uniwersalne ograniczenia na czas zarażenia

Po rozważeniu dwóch rodzin grafów dostrzegamy znaczną różnicę w wartościach oczekiwanych zmiennych Y_t oraz Z . Dla grafów ścieżkowych minimalna liczba rund potrzebnych do zainfekowania całego grafu wynosi $t = n - 1$, natomiast dla gwiazd jest to zaledwie $t = 1$. Widzimy więc, że w pewnym sensie najlepszy przypadek sprzyjający szybkiemu rozprzestrzenianiu się infekcji zachodzi wtedy, gdy źródło s jest połączone ze wszystkimi pozostałymi wierzchołkami grafu. Z drugiej strony, najgorsza sytuacja ma miejsce, gdy istnieje odległy węzeł z niewielką liczbą ścieżek prowadzących do niego — tak jak w przypadku grafów ścieżkowych. Teraz postaramy się uogólnić tę obserwację.

Twierdzenie 2. *Niech $G = (V, E)$ będzie grafem spójnym, a $G' = (V, E')$ będzie dowolnym podgrafem G . Założmy, że \mathbf{X} opisuje proces stochastyczny w modelu SI prowadzony równocześnie na G oraz G' z tym samym źródłem $s \in V$, przy czym obydwa procesy są skonstruowane na wspólnej przestrzeni probabilistycznej i korzystają z tej samej losowości infekcji. Jeśli przez X'_v , Y'_t oraz Z' oznaczymy odpowiednie zmienne losowe dla G' , to zachodzą nierówności:*

$$X_v \leq X'_v, \quad Y_t \geq Y'_t, \quad Z \leq Z'.$$

Dowód. Oznaczmy przez \mathcal{I}_t zbiór zainfekowanych wierzchołków w grafie G , a przez \mathcal{I}'_t — w grafie G' . Wtedy $\mathcal{I}'_t \subseteq \mathcal{I}_t$ dla każdego $t \in \mathbb{N}$. Ustalmy $v \in V$ i niech $X'_v = a$. Wtedy $v \in \mathcal{I}'_a$, a więc także $v \in \mathcal{I}_a$, co implikuje $X_v \leq a = X'_v$. Analogicznie dla ustalonego $t \in \mathbb{N}$ z faktu, że $\mathcal{I}'_t \subseteq \mathcal{I}_t$, mamy $|\mathcal{I}'_t| \leq |\mathcal{I}_t|$, a zatem $Y'_t \leq Y_t$. Na koniec, jeśli $Z' = b$, to $\mathcal{I}'_b = V$, a więc $V \subseteq \mathcal{I}_b$, co prowadzi do $Z \leq b = Z'$. \square

Intuicyjnie wynik ten jest oczywisty — mając mniej krawędzi w grafie, potrzebujemy więcej czasu, aby informacja (lub infekcja) rozprzestrzeniła się po całym grafie. W praktyce oznacza to, że jeśli znamy średni czas pełnego zainfekowania dowolnego podgrafa G , to otrzymujemy górne ograniczenie dla całego grafu. Spróbujmy teraz oszacować z góry wartość $\mathbb{E}[Z]$ dla dowolnego grafu.

Lemat 1. Niech $G = (V, E)$ będzie grafem o n wierzchołkach oraz $s \in V$ będzie ustalonym źródłem. Oznaczmy $\lambda = \log(\frac{1}{1-p})$ oraz $h = \epsilon(s)$. Dla $0 \leq j \leq h$ zdefiniujmy zbiory $A_j = \{v \in V : d(s, v) = j\}$ oraz położmy $a_j = |A_j|$. Dalej zdefiniujmy zmienne losowe $T_j = \min\{t \in \mathbb{N} : A_j \subseteq \mathcal{I}_t\}$. Zmienna T_j określa czas potrzebny na zainfekowanie wszystkich wierzchołków w odległości j od źródła. Niech $U_j = T_j - T_{j-1}$ dla $1 \leq j \leq h$. Wtedy:

$$\mathbb{E}[U_j] \leq \frac{H_{a_j}}{\lambda} + 1.$$

Dowód. Zmienna U_j opisuje czas potrzebny na zainfekowanie wierzchołków z A_j , zakładając, że wszystkie wierzchołki z A_{j-1} są już zainfekowane. Skonstruujmy podgraf G' w taki sposób, by każdy wierzchołek z A_j był połączony dokładnie jedną krawędzią z pewnym wierzchołkiem ze zbioru A_{j-1} . Wtedy proces propagacji na G' jest izomorficzny z procesem na grafie gwiazdnym S_{a_j} , gdzie $a_j = |A_j|$. Z [Twierdzenia 2](#) wynika, że zmienna U_j jest ograniczona przez całkowity czas infekcji w S_{a_j} . Zgodnie z wcześniejszymi wynikami, jego wartość oczekiwana wynosi co najwyżej $\frac{H_{a_j}}{\lambda} + 1$, co kończy dowód. \square

Twierdzenie 3. Niech $G = (V, E)$ będzie grafem o n wierzchołkach oraz $s \in V$ będzie ustalonym źródłem. Oznaczmy $\lambda = \log(\frac{1}{1-p})$ oraz $h = \epsilon(s)$. Wtedy zachodzi:

$$\mathbb{E}[Z] \leq h + \frac{h}{\lambda} \left(\log\left(\frac{n-1}{h}\right) + 1 \right).$$

Dowód. Korzystamy z założeń i oznaczeń, których używa [Lemat 1](#). Mamy oczywiście $a_0 = 1$, a więc $a_1 + \dots + a_h = n - 1$. Ponadto $T_h = U_1 + \dots + U_h$ oraz $Z = T_h$. Otrzymujemy zatem

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Z] &= \mathbb{E}[T_h] = \mathbb{E}\left[\sum_{j=1}^h U_j\right] = \sum_{j=1}^h \mathbb{E}[U_j] \leq \sum_{j=1}^h \frac{H_{a_j}}{\lambda} + 1 \\ &= h + \frac{1}{\lambda} \sum_{j=1}^h H_{a_j} \leq h + \frac{1}{\lambda} \sum_{j=1}^h 1 + \log(a_j) \\ &= h + \frac{h}{\lambda} + \frac{1}{\lambda} \sum_{j=1}^h \log(a_j) = h + \frac{h}{\lambda} + \frac{1}{\lambda} \log\left(\prod_{j=1}^h a_j\right) \\ &\leq h + \frac{h}{\lambda} + \frac{h}{\lambda} \log\left(\frac{1}{h} \sum_{j=1}^h a_j\right) = h + \frac{h}{\lambda} \cdot \left(1 + \log\left(\frac{n-1}{h}\right)\right), \end{aligned}$$

gdzie korzystamy kolejno z [Lematu 1](#) oraz [Nierówności 2 i 4](#). \square

Porównajmy teraz powyższy wynik z wcześniejszymi obserwacjami. Dla rodziny grafów P_n mamy $h = n - 1$. Korzystając z [Nierówności 3](#), otrzymujemy:

$$\mathbb{E}[Z] \leq (n-1) \left(1 + \frac{1}{p}\right).$$

Faktyczna wartość oczekiwana wynosi $\frac{n-1}{p}$, więc oszacowanie jest dość dokładne. Z kolei dla rodziny grafów S_n mamy $h = 1$ oraz $n + 1$ wierzchołków, stąd:

$$\mathbb{E}[Z] \leq 1 + \frac{\log(n) + 1}{\log(\frac{1}{1-p})}.$$

Ponownie otrzymujemy zaskakujaco dobre przybliżenie. Należy zwrócić uwagę, że zarówno P_n jak i S_n są grafami rzadkimi. Analizując grafy pełne przekonamy się, że dla grafów gęstych oszacowanie to nie będzie skuteczne.

5.7 Grafy cykliczne

Przejdźmy teraz do grafów cyklicznych. W rozważaniach dla trójkąta, to jest C_3 , mogliśmy zauważyc, że cykl w tym grafie sprawiał trudności. W ogólnym przypadku nie jest lepiej. Rozważmy graf C_n . Niech źródłem będzie wierzchołek n . Ustalmy wierzchołek $v \in \{1, 2, \dots, n-1\}$. Niech $a = \min\{v, n-v\}$ oraz $b = \max\{v, n-v\}$. Oczywiście $a \leq b$. Od źródła do tego wierzchołka są dwie ścieżki: jedna o długości a , druga o długości b . Propagacja rozchodzi się po nich równolegle i niezależnie. Dla $j \in \{1, 2, \dots, n-1\}$ położmy $N_j \sim \text{NegBin}(j, p)$. Zmienne te są niezależne. Mamy wtedy

$$X_v = \min\{N_a, N_b\}.$$

Niech $F_j(t)$ będzie dystrybuantą zmiennej N_j . Z [Faktu 2](#) mamy

$$\mathbb{P}[X_v \leq t] = 1 - (1 - F_a(t)) \cdot (1 - F_b(t)).$$

Nie ma co liczyć na wyznaczenie eleganckiej postaci na PMF, czy CDF dla X_v . Postaramy się więc przybliżyć wartość oczekiwana dla dużych n . Kładziemy $A \sim \mathcal{N}(\mu_a, \sigma_a^2)$, $B \sim \mathcal{N}(\mu_b, \sigma_b^2)$, gdzie

$$\mu_a = \frac{a}{p}, \quad \sigma_a^2 = \frac{aq}{p^2}, \quad \mu_b = \frac{b}{p}, \quad \sigma_b^2 = \frac{bq}{p^2}.$$

Z centralnego twierdzenia granicznego możemy aproksymować $N_a \approx A$, $N_b \approx B$. Zatem mamy $X_v \approx \min\{A, B\}$ oraz

$$\mathbb{E}[X_v] \approx \mathbb{E}[\min\{A, B\}] = \mathbb{E}\left[\frac{A + B - |A - B|}{2}\right] = \frac{\mathbb{E}[A] + \mathbb{E}[B] - \mathbb{E}[|A - B|]}{2}.$$

Położmy $C = A - B$. Korzystając z [Faktu 7](#) mamy $C \sim \mathcal{N}(\mu_a - \mu_b, \sigma_a^2 + \sigma_b^2)$. Oznaczmy $\eta = \mu_a - \mu_b$ oraz $\xi = \sqrt{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}$. Potrzebujemy teraz następującego lematu:

Lemat 2. *Niech $X \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$. Wtedy*

$$\mathbb{E}[|X|] = 2\sigma \cdot \varphi\left(\frac{\mu}{\sigma}\right) + \mu \cdot (2\Phi\left(\frac{\mu}{\sigma}\right) - 1).$$

Dowód.

$$\mathbb{E}[|X|] = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{|x|}{\sigma} \varphi\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right) dx = \int_0^{\infty} \frac{x}{\sigma} \varphi\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right) dx - \int_{-\infty}^0 \frac{x}{\sigma} \varphi\left(\frac{x-\mu}{\sigma}\right) dx.$$

Oznaczmy $c = \frac{\mu}{\sigma}$ oraz podstawmy $z = \frac{x-\mu}{\sigma}$. Wtedy $x = \mu + \sigma z$, $dx = \sigma dz$. Dla $x > 0$ mamy $z > -c$, zaś dla $x < 0$ mamy $z < -c$. Otrzymujemy więc

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[|X|] &= \int_{-c}^{\infty} (\mu + \sigma z)\varphi(z) dz - \int_{-\infty}^{-c} (\mu + \sigma z)\varphi(z) dz \\ &= \mu \int_{-c}^{\infty} \varphi(z) dz + \sigma \int_{-c}^{\infty} z\varphi(z) dz - \mu \int_{-\infty}^{-c} \varphi(z) dz - \sigma \int_{-\infty}^{-c} z\varphi(z) dz \\ &= \mu \left(\int_{-c}^{\infty} \varphi(z) dz - \int_{-\infty}^{-c} \varphi(z) dz \right) + \sigma \left(\int_{-c}^{\infty} z\varphi(z) dz - \int_{-\infty}^{-c} z\varphi(z) dz \right) \\ &= \mu \left(\int_{-\infty}^{\infty} \varphi(z) dz - 2 \int_{-\infty}^{-c} \varphi(z) dz \right) + \sigma \left(-\varphi(z)|_{-c}^{\infty} + \varphi(z)|_{-\infty}^{-c} \right) \\ &= \mu \cdot \left(1 - 2\Phi(-c) \right) + \sigma \cdot \left(-\varphi(\infty) + \varphi(-c) + \varphi(-c) - \varphi(-\infty) \right) \\ &= \mu \cdot \left(2\Phi(c) - 1 \right) + 2\sigma \cdot \varphi(c),\end{aligned}$$

gdzie skorzystaliśmy z tożsamości $\Phi(-x) = 1 - \Phi(x)$, $\varphi(-x) = \varphi(x)$, $\varphi(\pm\infty) = 0$, $\int_{-\infty}^{\infty} \varphi(x) dx = 1$ oraz $\int x\varphi(x) dx = -\varphi(x)$. \square

Z [Lematu 2](#) dostajemy $\mathbb{E}[C] = 2\xi \cdot \varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) + \eta \cdot (2\Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - 1)$. Ostatecznie

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X_v] &\approx \frac{1}{2} \left(\mu_a + \mu_b - 2\xi \varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - \eta \left(2\Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - 1 \right) \right) \\ &= \frac{\mu_a + \mu_b}{2} - \xi \varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - (\mu_a - \mu_b) \left(\Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - \frac{1}{2} \right) \\ &= \mu_a \left(1 - \Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) \right) + \mu_b \Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - \eta \varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right).\end{aligned}$$

Przenalizujmy teraz zachowanie asymptotyczne otrzymanego wyrażenia. Skoro $a + b = n$, to niech $a = rn$, $b = (1 - r)n$ dla pewnego $r \in (0; 1)$. Dalej

$$\frac{\eta}{\xi} = \frac{\mu_a - \mu_b}{\sqrt{\sigma_a^2 + \sigma_b^2}} = \frac{\frac{a}{p} - \frac{b}{p}}{\sqrt{\frac{aq}{p^2} + \frac{bq}{p^2}}} = \frac{(2r - 1)\sqrt{n}}{\sqrt{q}}.$$

Musimy rozważyć dwa przypadki. Jeśli $a < b$, co za tym idzie $r < \frac{1}{2}$ to $\frac{\eta}{\xi} \rightarrow -\infty$ wraz z $n \rightarrow \infty$. Wtedy też $\varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) \rightarrow 0$ oraz $\Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) \rightarrow 0$, a więc $\mathbb{E}[X_v] \rightarrow \mu_a = \frac{a}{p}$. Natomiast gdy $a = b$, to $r = \frac{1}{2}$ i $\frac{\eta}{\xi} = 0$. Wiemy, że $\varphi(0) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}}$ oraz $\Phi(0) = \frac{1}{2}$. Podstawiając otrzymamy $\mathbb{E}[X_v] \rightarrow \frac{n}{2p} - \frac{\sqrt{np}}{p\sqrt{2\pi}}$. Podsumowując — dla dużych n mamy następujący wynik:

$$\mathbb{E}[X_v] \sim \frac{\min\{v, n-v\}}{p}.$$

Jest to całkowicie zgodne z intuicją. Wierzchołki w grafie C_n zachowują się podobnie jak w grafach P_n .

W celu wyznaczenie rozkładu Y_t dokonajmy obserwacji, że gdy dwie drogi zarażania spotkają się, to propagacja dobiera końca. Każda z tych dróg, jak w przypadku grafu ścieżkowego, ma rozkład dwumianowy. Możemy zapisać zatem

$$Y_t \sim \min\{n, 1 + L_t + R_t\}, \quad L_t, R_t \sim \text{Bin}(t, p).$$

Z [Faktu 3](#) mamy $L_t + R_t \sim \text{Bin}(2t, p)$. Widzimy zatem, że rozkład Y_t dla grafu C_n pokrywa się ze zmienną Y_{2t} dla grafów typu P_n . Z wcześniejszego wyniku dla grafów ścieżek dostajemy

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{j=0}^{2t} \min\{n, 1+j\} \cdot \binom{2t}{j} p^j q^{2t-j},$$

a dla $n \geq 1 + 2t$ mamy

$$\mathbb{E}[Y_t] = 1 + 2tp.$$

Teraz możemy wyznaczyć rozkład i wartość oczekiwana zmiennej Z . Zauważmy, że

$$\mathbb{P}[Z > t] = \mathbb{P}[Y_t \neq n] = \mathbb{P}[L_t + R_t \leq n - 2] = \sum_{j=0}^{n-2} \binom{2t}{j} p^j q^{2t-j}.$$

W takim razie wartość oczekiwana wynosić będzie

$$\mathbb{E}[Z] = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbb{P}[Z > t] = \sum_{t=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{n-2} \binom{2t}{j} p^j q^{2t-j} = \sum_{j=0}^{n-2} p^j q^{-j} \sum_{t=0}^{\infty} \binom{2t}{j} q^{2t}.$$

Mamy

$$\begin{aligned} \sum_{t=0}^{\infty} \binom{2t}{j} q^{2t} &= \frac{1}{2} \left(\sum_{t=0}^{\infty} \binom{t}{j} q^t + \sum_{t=0}^{\infty} \binom{t}{j} (-q)^t \right) \\ &= \frac{1}{2} \left(\frac{q^j}{(1-q)^{j+1}} + \frac{(-q)^j}{(1+q)^{j+1}} \right) = \frac{q^j}{2} \cdot \left(p^{-(j+1)} + \frac{(-1)^j}{(2-p)^{j+1}} \right). \end{aligned}$$

Dalej

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Z] &= \sum_{j=0}^{n-2} p^j q^{-j} \frac{q^j}{2} \cdot \left(p^{-(j+1)} + \frac{(-1)^j}{(2-p)^{j+1}} \right) = \frac{1}{2} \sum_{j=0}^{n-2} \frac{1}{p} + \frac{(-p)^j}{(2-p)^{j+1}} \\ &= \frac{n-1}{2p} + \frac{1}{2(2-p)} \sum_{j=0}^{n-2} \left(\frac{-p}{2-p} \right)^j = \frac{n-1}{2p} + \frac{1}{2(2-p)} \cdot \frac{1 - \left(\frac{-p}{2-p} \right)^{n-1}}{1 - \frac{-p}{2-p}} \\ &= \frac{n-1}{2p} + \frac{1}{4} \cdot \left(1 + (-1)^n \cdot \left(\frac{p}{2-p} \right)^{n-1} \right). \end{aligned}$$

Zauważmy, że $\left| \frac{p}{2-p} \right| < 1$, a więc $\mathbb{E}[Z] \sim \frac{n-1}{2p}$, również podobnie jak dla grafów ścieżkowych. Jeśli $n = 3$, to wynik ten pokrywa się ze wzorem uzyskanym dla grafu trójkątnego.

5.8 Grafy pełne

Graf pełny K_n intuicyjnie powinien mieć najszybszą propagację bo przecież posiada maksymalną liczbę krawędzi. Za źródło możemy przyjąć dowolny wierzchołek $s \in V$ ze względu na symetrię grafu. Początkowo rozkład X_v pokrywa się z rozkładem gwiazdy, natomiast w każdej kolejnej rundzie mocno się komplikuje. Nie mamy co liczyć na jakiekolwiek sensowne wyznaczenie rozkładu X_v . Podejdźmy do problemu na razie heurystycznie. Zauważmy, że jeśli $Y_1 = a$, to rozkład zmiennej Y_2 wynosi $Y_2 = a + B$ dla $B \sim \text{Bin}(n-a, 1-q^a)$. Zatem

$$\mathbb{E}[Y_2 | Y_1 = a] = a + (n-a)(1-q^a) = n \cdot (1-q^a) + aq^a.$$

Mamy $Y_1 - 1 \sim \text{Bin}(n-1, p)$ oraz $\mathbb{E}[Y_1] = 1 + (n-1)p$. Możemy również założyć, że również $a \approx \mathbb{E}[Y_1]$, a co za tym idzie

$$\mathbb{E}[Y_2 | Y_1 = a] \approx n(1 - q^{1+(n-1)p}) + (1 + (n-1)p)q^{1+(n-1)p}.$$

Jeśli $n \rightarrow \infty$, to wyrażenie to jest bliskie n . Spodziewamy się zatem, że zaledwie po dwóch rundach cały graf K_n będzie zainfekowany. Możemy więc wysunąć hipotezę: dla grafu K_n mamy:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Z] = 2.$$

Postarajmy się ją teraz udowodnić. Żeby to zrobić, najpierw wyznaczmy asymptotykę $\mathbb{E}[Y_2]$. Oznaczamy $Y_1 = 1 + U$, gdzie $U \sim \text{Bin}(n-1, p)$. Z prawa całkowej wartości oczekiwanej mamy

$$\mathbb{E}[Y_2] = n \cdot (1 - \mathbb{E}[q^{Y_1}]) + \mathbb{E}[Y_1 q^{Y_1}].$$

Musimy wyznaczyć $\mathbb{E}[q^{Y_1}]$ jak i $\mathbb{E}[Y_1 q^{Y_1}]$. Korzystając z [Faktu 5](#) dostajemy

$$\mathbb{E}[q^{Y_1}] = \mathbb{E}[q^{1+U}] = q \cdot \mathbb{E}[q^U] = q(q + pq)^{n-1} = q^n(1 + p)^{n-1}.$$

Dla drugiej wartości mamy zaś

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Y_1 q^{Y_1}] &= \mathbb{E}[(1 + U)q^{1+U}] = q(\mathbb{E}[q^U] + \mathbb{E}[Uq^U]) \\ &= q(q^{n-1}(1 + p)^{n-1} + (n-1)pq^{n-1}(1 + p)^{n-2}) \\ &= q^n(1 + p)^{n-2}(1 + p + (n-1)p) = q^n(1 + p)^{n-2}(1 + np). \end{aligned}$$

Podstawiając uzyskane przed chwilą wyrażenia do wzoru na $\mathbb{E}[Y_2]$ dostaniemy

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Y_2] &= n - nq^n(1 + p)^{n-1} + q^n(1 + p)^{n-2}(1 + np) = \\ &= n - (n-1)q^n(1 + p)^{n-2} = n - (n-1)(1 + p)^{-2}(1 - p^2)^n. \end{aligned}$$

Położymy $\varepsilon_n = (n-1)(1 + p)^{-2}(1 - p^2)^n$. Wtedy $\mathbb{E}[Y_2] = n - \varepsilon_n$. Z nierówności Markova ([5](#)) otrzymujemy $\mathbb{P}[Z \geq 3] = \mathbb{P}[n - Y_2 \geq 1] \leq \mathbb{E}[n - Y_2] = \varepsilon_n$. Dalej zauważmy, że $\mathbb{P}[Z = 1] = p^{n-1}$, bo wszystkie próby zarażenia w rundzie pierwszej musiałby się powieść. Ograniczmy teraz z dwóch stron $\mathbb{E}[Z]$. Z dołu mamy

$$\mathbb{E}[Z] = \sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}[Z \geq k] \geq \mathbb{P}[Z \geq 1] + \mathbb{P}[Z \geq 2] = 1 + 1 - p^{n-1} = 2 - p^{n-1}.$$

Zajmijmy się teraz oszacowaniem górnym. Zauważmy, że graf K_n zawiera P_n jako podgraf. Ustalmy jeden z tych podgrafów. Niech Z' będzie zmienną losową czasu całkowitego zarażenia dla tego podgrafa. Z [Twierdzenia 2](#) mamy $Z \leq Z'$, a co za tym idzie $\mathbb{E}[Z^2] \leq \mathbb{E}[(Z')^2]$. Przypomnijmy, że $Z' \sim \text{NegBin}(n-1, p)$ a więc $\mathbb{E}[(Z')^2] = \frac{(n-1)^2 + (n-1)q}{p^2}$. Mamy zatem

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[Z] &= \sum_{k=1}^{\infty} \mathbb{P}[Z \geq k] = \mathbb{P}[Z \geq 1] + \mathbb{P}[Z \geq 2] + \sum_{k=3}^{\infty} \mathbb{P}[Z \geq k] \\ &= 1 + 1 - p^{n-1} + \mathbb{E}[Z \cdot \mathbf{1}_{Z \geq 3}] \leq 2 - p^{n-1} + \sqrt{\mathbb{E}[Z^2]} \sqrt{\mathbb{E}[\mathbf{1}_{Z \geq 3}]} \\ &\leq 2 - p^{n-1} + \sqrt{\mathbb{E}[(Z')^2]} \sqrt{\mathbb{P}[Z \geq 3]} \\ &\leq 2 - p^{n-1} + \sqrt{\frac{(n-1)^2 + (n-1)q}{p^2}} \sqrt{\varepsilon_n}. \end{aligned}$$

gdzie wykorzystaliśmy nierówność Cauchy'ego-Schwarza (6). Ostatecznie dostajemy

$$2 - p^{n-1} \leq \mathbb{E}[Z] \leq 2 - p^{n-1} + \sqrt{\frac{(n-1)^2 + (n-1)q}{p^2}}\sqrt{\varepsilon_n},$$

a zatem

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Z] = 2.$$

Jeżeli zaledwie po dwóch rundach cały graf jest poinformowany, to rozkłady X_v , czy Y_t nie są dla nas istotne. Spójrzmy jeszcze na oszacowanie, które otrzymamy stosując Twierdzenie 3 dla grafu pełnego. Wynosi ono

$$1 + \frac{\log(n-1) + 1}{\log(\frac{1}{1-p})}.$$

Ograniczenie to zdaje się nie być za dobre, czego przyczyną jest zapewne fakt, że K_n jest grafem gęstym.

5.9 Drzewa

Rozważmy drzewo $G = (V, E)$ oraz ustalony wierzchołek początkowy $s \in V$, który traktujemy jako korzeń drzewa. Dla $v \in V$ oznaczmy $d_v = d(s, v)$. Ustalmy wierzchołek v . Skoro G jest drzewem, to istnieje dokładnie jedna ścieżka od s do v , powiedzmy s, v_1, \dots, v_k, v . Ponieważ infekcja rozprzestrzenia się od korzenia s wzduż krawędzi drzewa, każde zakażenie wymaga sukcesu w niezależnym doświadczeniu Bernoulliego o prawdopodobieństwie p . W konsekwencji, aby infekcja dotarła z s do v , musi wystąpić d_v kolejnych sukcesów. Zatem rozkład X_v pokrywa się z rozkładem tej zmiennej dla grafu P_{d_v+1} na wierzchołkach $\{s, v_1, \dots, v_k, v\}$. Stąd

$$X_v \sim \text{NegBin}(d_v, p), \quad \mathbb{E}[X_v] = \frac{d_v}{p}.$$

Lemat 3. *Dla dowolnego $t \in \mathbb{N}$ wartość oczekiwana zmiennej Y_t wyraża się wzorem*

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{v \in V} \mathbb{P}[X_v \leq t].$$

Dowód. Mamy $Y_t = |\{v \in V : X_v \leq t\}|$ zatem $Y_t = \sum_{v \in V} \mathbf{1}_{X_v \leq t}$. Nakładając na tę równość operator \mathbb{E} otrzymujemy

$$\mathbb{E}[Y_t] = \mathbb{E}\left[\sum_{v \in V} \mathbf{1}_{X_v \leq t}\right] = \sum_{v \in V} \mathbb{E}[\mathbf{1}_{X_v \leq t}] = \sum_{v \in V} \mathbb{P}[X_v \leq t].$$

□

Przejdzmy teraz do obliczania średniej liczby zainfekowanych wierzchołków w czasie t . Oznaczmy przez $F(t; m, p)$ dystrybuantę zmiennej o rozkładzie NegBin(m, p). Z Lematu 3 otrzymujemy

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{v \in V} F(t; d_v, p).$$

Położmy $a_j = |\{v \in V : d_v = j\}|$ dla $0 \leq j \leq h$. Wtedy

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{j=0}^h a_j \cdot F(t; j, p).$$

Ponadto, gdy $t < j \leq h$, to $F(t; j, p) = 0$, bo żaden wierzchołek w odległości od korzenia większej niż liczba rund, nie może zostać zarażony. Możemy zatem zmniejszyć granice sumowania:

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{j=0}^{\min\{h, t\}} a_j \cdot F(t; j, p).$$

Oszacujmy teraz średni czas całkowity czas propagacji drzewa. Niech L będzie zbiorrem liści w G . Wtedy mamy $Z = \max_{u \in L} X_u$. Z nierówności Jensaena (7) otrzymujemy

$$\mathbb{E}[Z] = \mathbb{E}[\max_{u \in L} X_u] \geq \max_{u \in L} \mathbb{E}[X_u] = \max_{u \in L} \frac{d_u}{p} = \frac{h}{p}.$$

Zauważmy, że $\epsilon(s) = \max_{u \in L} d_u$ i jest to wysokość drzewa. Oznaczmy ją przez h . Aby ograniczyć $\mathbb{E}[Z]$ z góry skorzystamy z [Twierdzenia 3](#):

$$\mathbb{E}[Z] \leq h + h \cdot \frac{\log(\frac{n-1}{h}) + 1}{\log(\frac{1}{1-p})}.$$

Ograniczenia te są różnych rzędów wielkości. Jednakże nie da się ich poprawić dla ogólnego drzewa znając tylko liczbę jego wierzchołków i wysokość. Ustalmy $n \in \mathbb{N}_+$ oraz $h \in \{1, 2, \dots, n-1\}$ i poszukajmy drzew o n wierzchołkach i wysokości h osiągających zarówno dolne, jak i górne ograniczenie na $\mathbb{E}[Z]$. Dla dolnej nierówności możemy взять drzewo składające się ze ścieżki długości h oraz $n-1-h$ liści bezpośrednio przy korzeniu. Wtedy $\mathbb{E}[Z] \approx \frac{h}{p}$. Aby znaleźć drzewo osiągające górne ograniczenie, musimy wrócić do dowodu [Twierdzenia 3](#). Udowadniając granicę na wartość oczekiwana korzystamy z trzech nierówności. Pierwsza z nich to [Nierówność 2](#). Jest ona bardzo ciasna, a ponadto nie zależy od grafu. Druga z nich to nierówność między średnią arytmetyczną a geometryczną (4). Aby uzyskać równość potrzebujemy mieć $a_1 = \dots = a_h$. Czyli innymi słowy, nasze drzewo ma tyle samo węzłów na każdej głębokości. Położmy $a_1 = b$. Wtedy $hb = n-1$, a więc $b = \lfloor \frac{n-1}{h} \rfloor$. Na koniec zostaje nierówność wynikająca z [Lematu 1](#). Sam lemat daje nierówność, której nie da się poprawić, co wiemy poprzez analizę dla grafów gwiazd. Lecz dla drzewa będzie ona najmniej luźna, jeżeli każdy wierzchołek w warstwie A_j będzie miał dokładnie jedną krawędź łączącą go z wierzchołkiem w warstwie A_{j+1} , gdzie $0 \leq j \leq h-1$. Zatem drzewo składa się z korzenia oraz b rozłącznych ścieżek, każda o długości h . I taki graf osiąga ograniczenie górne na $\mathbb{E}[Z]$. Widzimy zatem, że nasze ograniczenia nie są do poprawienia bez znajomości dodatkowych parametrów drzewa.

5.10 Eksperymenty

Przeprowadzimy teraz serię symulacji w celu sprawdzenia, czy rzeczywiście wyniki teoretyczne pokrywają się z praktycznymi. Dla wszystkich symulacji ustalmy $p = 0.2$. Rozkłady zmiennej Y_t oraz Z będziemy ustalać dla grafów mających 100 wierzchołków.

Dla Y_t będziemy wybierać t zależne od konkretnej rodziny. Wartość oczekiwana Z będziemy wyznaczać dla liczby wierzchołków należących do $\{1, 2, \dots, 1000\}$. Korzystamy z [Algorytm 1](#)

Na początku oczywiście analizujemy grafy ścieżkowe. Dla tej rodziny zmiennej Y_t zachowuje się inaczej, jeśli $t < n$, a inaczej gdy $t \geq n$. Przewidywany czas całkowitej infekcji to $\frac{n}{p}$. Wyznaczmy rozkład dla wartości $t = r \cdot \frac{n}{p}$ dla $r \in \{0.1, 0.5, 0.8, 0.9\}$. Widzimy, że rozkłady są coraz bardziej skoncentrowane na lewo, zgodnie z przewidywaniami (patrz [Wykres 5.1](#)). Nie będziemy już wyznaczać wartości oczekiwanej Y_t . Rozkład Z jest rozkładem ujemnym dwumianowym i jest dość dobrze znany. Nie będziemy zatem go sprawdzać.

Teraz przyjrzyjmy się grafom S_n . Dla rozkładu Y_t ustalmy $t = \lfloor \frac{\log(n)}{2p} \rfloor$. Widzimy, że wyniki niemal idealnie pokrywają się z oczekiwaniami teoretycznymi dla grafów gwiazdowych (patrz [Wykres 5.2](#)). Również wartości $\mathbb{E}[Z]$ są zbliżone do teoretycznej asymptotyki ([Wykres 5.3](#)).

Następnie popatrzmy na grafy cykliczne. Skoro zachowują się one podobnie do grafów ścieżkowych, to zasymulujemy jedynie wartości oczekiwane zmiennej Y_t dla $t = 0.4 \frac{n}{p}$ oraz Z . Wyniki te przedstawiono na [Wykresie 5.4](#).

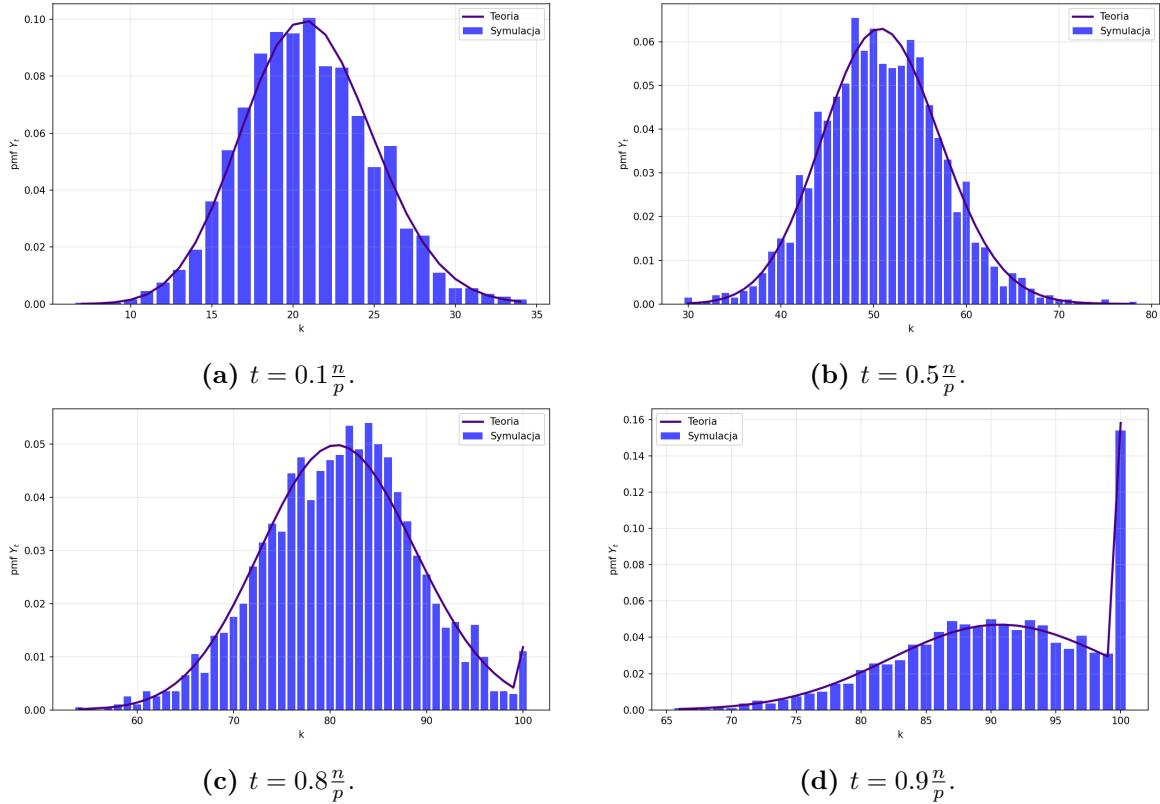
Na sam koniec popatrzmy na grafy pełne. Wartość $\mathbb{E}[Z]$ powinna wraz z rozmiarem grafu zbiegać do liczby 2. Aby się upewnić, że rzeczywiście tak jest, sprawdźmy to dla $p \in \{0.2, 0.1\}$. Jak widać na [Wykresie 5.5](#), dla większych n czas całkowitego poinformowania grafu zbiega do 2.

Algorytm 1 Propagacja SI

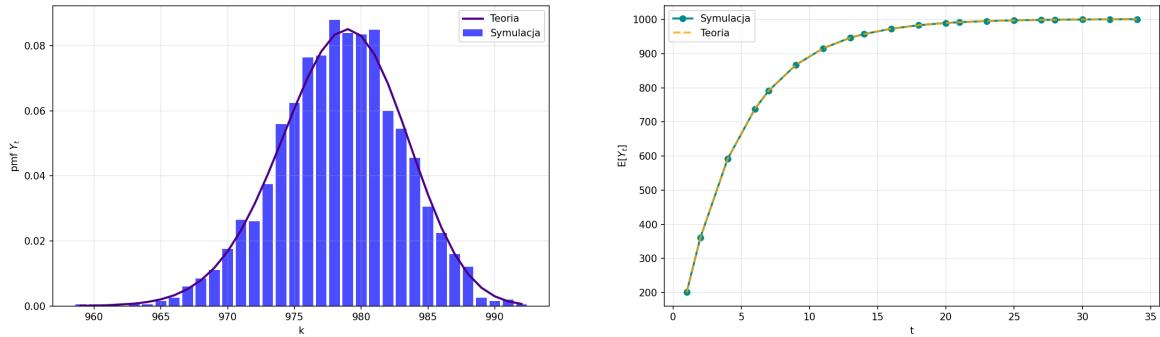
```

1: Input: Graf  $G = (V, E)$ , prawdopodobieństwo infekcji  $p$ , źródło  $s \in V$ 
2: Output: Zbiór zarażonych wierzchołków ( $\mathcal{I}_t$ ), czas trwania propagacji  $Z$ 
3:  $\mathcal{I}_0 \leftarrow \{s\}$ 
4:  $t \leftarrow 0$ 
5: while  $\mathcal{I}_t \neq V$  do
6:    $\mathcal{I}' \leftarrow \emptyset$ 
7:   for each  $u \in \mathcal{I}_t$  do
8:     for each  $v \in N(u)$  do
9:       if  $v \notin \mathcal{I}_t$  and  $\text{random()} < p$  then
10:         $\mathcal{I}' \leftarrow \mathcal{I}' \cup \{v\}$ 
11:      end if
12:    end for
13:  end for
14:   $\mathcal{I}_{t+1} \leftarrow \mathcal{I}_t \cup \mathcal{I}'$ 
15:   $t \leftarrow t + 1$ 
16: end while
17:  $Z \leftarrow t$ 
18: return ( $\mathcal{I}_t$ ),  $Z$ 

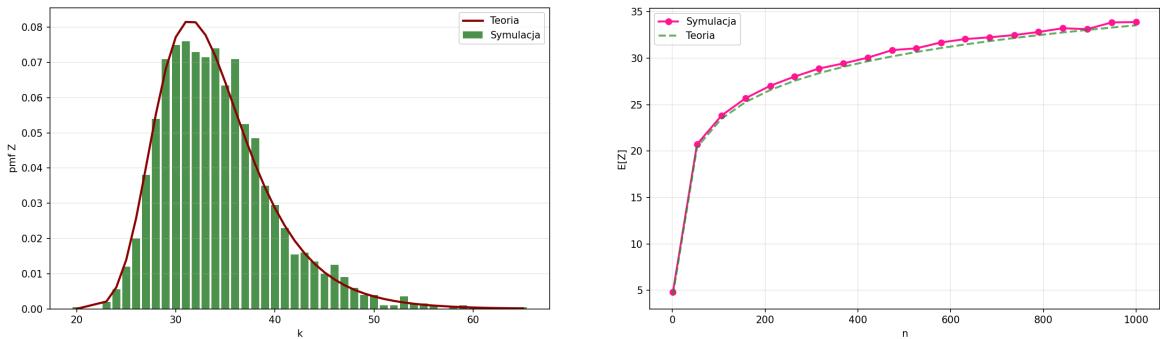
```



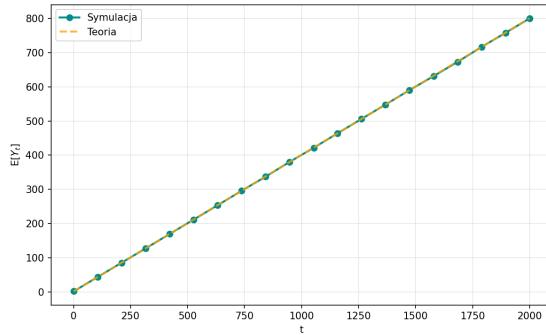
Rysunek 5.1: Rozkład zmiennej Y_t dla P_n .



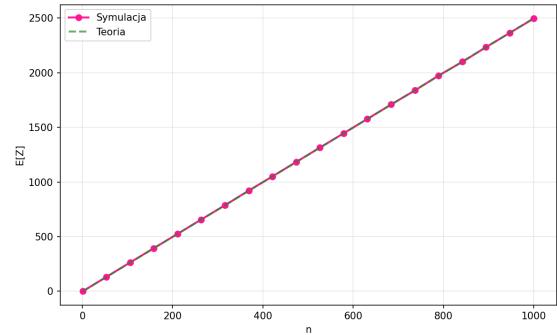
Rysunek 5.2: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej Y_t dla S_n .



Rysunek 5.3: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej Z dla S_n .

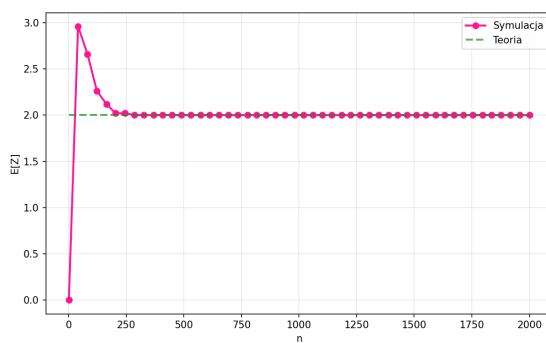


(a) $\mathbb{E}[Y_t]$.

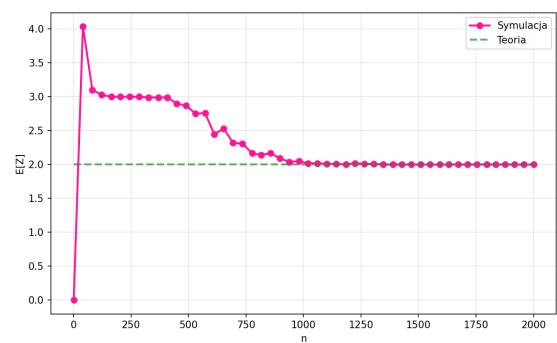


(b) $\mathbb{E}[Z]$.

Rysunek 5.4: Wartości oczekiwane zmiennych Y_t oraz Z dla C_n .



(a) $p = 0.2$.



(b) $p = 0.1$.

Rysunek 5.5: Wartości oczekiwane Z dla K_n .

Rozdział 6

Rozkłady umierające

W celu ułatwienia analizy modeli SIR oraz SIS wprowadzimy nowe rozkłady prawdopodobieństwa uwzględniające możliwość przerwania propagacji. Zmienne losowe mające te rozkłady będą przyjmować wartość nieskończoność w sytuacji, w której nastąpi przerwanie przed pożdanym rezultatem. Jako że następuje to z dodatnim prawdopodobieństwem, $\mathbb{P}[X = \infty] > 0$, to ich wartości oczekiwane wynosić będą nieskończoność $\mathbb{E}[X] = \infty$. Interesować nas więc będzie wartość oczekiwana warunkowa przy warunku, że wartość zmiennej losowej jest skończona, czyli $\mathbb{E}[X|X < \infty]$.

6.1 Rozkład umierający geometryczny

Rozkład umierający geometryczny jest wariantem rozkładu geometrycznego, w którym proces może zostać przerwany z prawdopodobieństwem $\alpha \in (0; 1)$ po każdej próbie. Zmienna X ma rozkład umierający geometryczny, jeżeli opisuje liczbę prób Bernoulliego potrzebnych do uzyskania pierwszego sukcesu w przypadku, w którym sukces nastąpi przed przerwaniem eksperymentu. Jeśli natomiast proces zostanie zabity szybciej niż pierwszy sukces, to wtedy $X = \infty$. Oznaczamy $X \sim KGeo(p, \alpha)$. Dla wygody oznaczmy $q = 1 - p$, $\beta = 1 - \alpha$. Aby sukces nastąpił po k rundach, to potrzebujemy $k - 1$ niepowodzeń próby jak i jej przerwania, a następnie sukcesu. A zatem

$$\mathbb{P}[X = k] = p(q\beta)^{k-1}, \quad k \in \mathbb{N}_+.$$

Dystrybuanta jest więc równa:

$$\mathbb{P}[X \leq t] = \sum_{k=0}^t \mathbb{P}[X = k] = \sum_{k=0}^t p(q\beta)^{k-1} = p \frac{1 - (q\beta)^t}{1 - q\beta}.$$

Ponadto

$$\mathbb{P}[X < \infty] = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}[X = k] = \sum_{k=0}^{\infty} p(q\beta)^{k-1} = \frac{p}{1 - q\beta},$$

oraz

$$\mathbb{P}[X = \infty] = 1 - \frac{p}{1 - q\beta} = \frac{q\alpha}{1 - q\beta}.$$

Wartość oczekiwana wynosi nieskończoność. Natomiast

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X|X < \infty] &= \frac{1}{\mathbb{P}[X < \infty]} \sum_{t=1}^{\infty} t \cdot \mathbb{P}[X = t] = \frac{1 - q\beta}{p} \sum_{t=1}^{\infty} t(q\beta)^{t-1} p \\ &= (1 - q\beta) \cdot \frac{1}{(1 - q\beta)^2} = \frac{1}{1 - q\beta}.\end{aligned}$$

6.2 Rozkład umierający ujemny dwumianowy

Rozkład umierający ujemny dwumianowy jest wariantem rozkładu ujemnego dwumianowego, w którym doświadczenia mogą zostać przerwane z prawdopodobieństwem $\alpha \in (0; 1)$ po każdej próbie. Zmienna X ma rozkład umierający ujemny dwumianowy, jeżeli opisuje liczbę prób Bernoulliego potrzebnych do uzyskania m sukcesów próbach Bernoulliego, gdzie po każdej próbie proces może się zakończyć. Jeśli proces zostanie zabity szybciej, niż zajdzie m sukcesów, to przyjmujemy $X = \infty$. Oznaczamy $X \sim \text{KNegBin}(m, p, \alpha)$. Dla wygody oznaczmy $q = 1 - p$, $\beta = 1 - \alpha$. Alternatywnie istnieją niezależne zmienne $Y_1, \dots, Y_m \sim \text{KGeo}(p, \alpha)$ takie, że $X = Y_1 + \dots + Y_m$. Aby wyznaczyć rozkład X ustalmy $k \geq m$ i niech $K = \{\mathbf{y} \in \mathbb{N}_+^m : y_1 + \dots + y_m = k\}$. Wtedy

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[X = k] &= \sum_{\mathbf{y} \in K} \mathbb{P}[Y_1 = y_1, \dots, Y_m = y_m] = \sum_{\mathbf{y} \in K} \prod_{j=1}^m \mathbb{P}[Y_j = y_j] = \sum_{\mathbf{y} \in K} \prod_{j=1}^m p(q\beta)^{y_j-1} \\ &= \sum_{\mathbf{y} \in K} p^m (q\beta)^{y_1+\dots+y_m-m} = \sum_{\mathbf{y} \in K} p^m (q\beta)^{k-m} = |K| \cdot p^m (q\beta)^{k-m}.\end{aligned}$$

Łatwym kombinatorycznym argumentem można pokazać, że $|K| = \binom{k-1}{m-1}$. Zatem

$$\mathbb{P}[X = k] = \binom{k-1}{m-1} p^m (q\beta)^{k-m}, \quad k \geq m.$$

Dalej mamy

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[X < \infty] &= \sum_{k=m}^{\infty} \mathbb{P}[X = k] = \sum_{k=m}^{\infty} \binom{k-1}{m-1} p^m (q\beta)^{k-m} = p^m (q\beta)^{-m} \sum_{k=m}^{\infty} \binom{k-1}{m-1} (q\beta)^k \\ &= p^m (q\beta)^{-m} \frac{(q\beta)^m}{(1 - q\beta)^m} = \frac{p^m}{(1 - q\beta)^m}.\end{aligned}$$

co daje nam

$$\mathbb{P}[X = \infty] = 1 - \frac{p^m}{(1 - q\beta)^m}.$$

Jeśli chodzi o wartość oczekiwana to

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[X|X < \infty] &= \frac{1}{\mathbb{P}[X < \infty]} \sum_{k=m}^{\infty} k \cdot \mathbb{P}[X = k] = \frac{(1 - q\beta)^m}{p^m} \sum_{k=m}^{\infty} k \binom{k-1}{m-1} p^m (q\beta)^{k-m} \\ &= \frac{(1 - q\beta)^m}{(q\beta)^m} \sum_{k=m}^{\infty} k \binom{k-1}{m-1} (q\beta)^k = \frac{(1 - q\beta)^m}{(q\beta)^m} \cdot \frac{m(q\beta)^m}{(1 - q\beta)^{m+1}} = \frac{m}{1 - q\beta}.\end{aligned}$$

Rozdział 7

Analiza modelu SIR

7.1 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2

W celu oswojenia się z bardziej skomplikowanym modelem, jakim jest SIR, przeanalizujmy na początku graf o jednej krawędzi. Niech $V = \{u, v\}$ oraz niech u będzie wierzchołkiem startowym. Oczywiście $X_u = 0$. Pierwsza runda jest identyczna jak w modelu SI, a więc $\mathbb{P}[X_v = 1] = p$. Jeżeli węzeł v nie zostanie poinformowany w rundzie pierwszej, a propagacja nie wygaśnie, to sytuacja się powtórzy. Zachodzi to z prawdopodobieństwem $q\beta$. Aby $X_v = t$ potrzebujemy, by ten cykl nastąpił $t - 1$ razy. Widzimy zatem, że X_v ma rozkład umierający geometryczny:

$$X_v \sim \text{KGeo}(p, \alpha), \quad \mathbb{E}[X_v | X_v < \infty] = \frac{1}{1 - q\beta}.$$

Przyjrzyjmy się teraz zmiennej Y_t . Zauważmy, że $\mathbb{P}[Y_t = 2] = \mathbb{P}[X_v \leq t]$ a więc

$$\mathbb{P}[Y_t = 2] = p \frac{1 - q^t \beta^t}{1 - q\beta}, \quad \mathbb{P}[Y_t = 1] = 1 - p \frac{1 - q^t \beta^t}{1 - q\beta}.$$

Stąd

$$\mathbb{E}[Y_t] = 1 + p \frac{1 - q^t \beta^t}{1 - q\beta}.$$

Przechodząc w granicę $t \rightarrow \infty$ dostajemy

$$\mathbb{P}[W = 1] = 1 - \frac{p}{1 - q\beta}, \quad \mathbb{P}[W = 2] = \frac{p}{1 - q\beta},$$

co oczywiście daje nam natychmiast

$$\mathbb{E}[W] = 1 + \frac{p}{1 - q\beta}.$$

Jeśli chodzi o zmienną Z to propagacja zakończy się, gdy wierzchołek v wyzdrowieje lub u zostanie poinformowany. Sytuacja ta zachodzi z prawdopodobieństwem $1 - q\beta$. Czekamy na pierwszą taką chwilę, a więc

$$Z \sim \text{Geo}(1 - q\beta), \quad \mathbb{E}[Z] = \frac{1}{1 - q\beta}.$$

7.2 Pewne wygaśnięcie

W modelu SIR wygaszenie infekcji jest zdarzeniem pewnym. Sformalizujmy ten fakt prostym twierdzeniem.

Twierdzenie 4. *Niech $G = (V, E)$ będzie grafem spójnym, $s \in V$ źródłem infekcji oraz $v \in V \setminus \{s\}$. Wtedy zachodzą następujące tożsamości:*

$$\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0, \quad \mathbb{P}[Z < \infty] = 1.$$

Ponadto dla $k \in \mathbb{N}$ zachodzi

$$\mathbb{P}[W = k] = \lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}[Y_t = k], \quad \mathbb{E}[W] = \lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t].$$

Dowód. Ustalmy $v \in V \setminus \{s\}$. Jeśli po pierwszej rundzie źródło wyzdrowieje i nie przekaże dalej infekcji, to $X_v = \infty$. Zatem $\mathbb{P}[X_v = \infty] \geq \alpha q^{i_s} > 0$. Jeśli rozważamy propagacje jako łańcuch Markova, to prawdopodobieństwo przejścia do stanu absorbowującego, czyli $\mathcal{I}_t = \emptyset$, w czasie t wynosi

$$\alpha^{|\mathcal{I}_t|} \prod_{u \in \mathcal{I}_t} q^{|\mathbb{N}(u) \cap \mathcal{S}_t|}.$$

Istotne jest to, że jest to dodatnia liczba. A więc mamy $\mathbb{P}[Z < \infty] = 1$. Zauważmy, że

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbf{1}_{v \in \mathcal{I}_t \cup \mathcal{R}_t} \xrightarrow{\text{a.s.}} \mathbf{1}_{X_v < \infty}.$$

Ponadto $Y_t \leq Y_{t+1}$ oraz $Y_t \leq |V|$. A więc z Twierdzenia Lebesgue'a dostajemy wzory na rozkład i wartość oczekiwana zmiennej W . \square

7.3 Grafy ścieżkowe

Przyjrzyjmy się teraz grafom P_n . Oczywiście za źródło propagacji wybieramy wierzchołek $s = 1$. Podobnie jak w modelu SI propagacja rozchodzi się między kolejnymi wierzchołkami niezależnie, a więc

$$X_1 = 0, \quad X_v = X_{v-1} + U_v, \quad v \in \{2, 3, \dots, n\},$$

gdzie jednak $U_2, U_3, \dots, U_n \sim \text{KGeo}(p, \alpha)$. Zmienne te są niezależne. Mamy $X_v = U_2 + U_3 + \dots + U_v$, a zatem X_v ma rozkład umierający ujemny dwumianowy:

$$X_v \sim \text{KNegBin}(v-1, p, \alpha), \quad \mathbb{E}[X_v | X_v < \infty] = \frac{v-1}{1-q\beta}.$$

Jeśli chodzi o zmienną Y_t to zauważmy, że

$$Y_t = \max\{j \in \{1, \dots, n\} : X_j \leq t\}.$$

A więc dla $k \in \{1, \dots, n\}$ mamy

$$\mathbb{P}[Y_t \geq k+1] = \mathbb{P}[X_{k+1} \leq t] = \sum_{j=k}^t \binom{j-1}{k-1} p^k (q\beta)^{j-k}.$$

Dalej

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{k=0}^{n-1} \mathbb{P}[Y_t \geq k+1] = 1 + \sum_{k=1}^{n-1} \sum_{j=k}^t \binom{j-1}{k-1} p^k (q\beta)^{j-k}.$$

Nie ma zbytniej nadziei na zwartą formę tej sumy. Przejdźmy teraz do zmiennej W .

$$\mathbb{P}[W \geq k+1] = \lim_{t \rightarrow \infty} \sum_{j=k}^t \binom{j-1}{k-1} p^k (q\beta)^{j-k} = \left(\frac{p}{1-q\beta}\right)^k.$$

Oznaczmy $\theta = \frac{p}{1-q\beta}$. Wtedy dla $k \in \{1, \dots, n-1\}$ mamy

$$\mathbb{P}[W = k] = (1-\theta)\theta^{k-1}, \quad \mathbb{P}[W = n] = \theta^{n-1}.$$

Ponadto

$$\mathbb{E}[W] = \sum_{k=0}^{n-1} \mathbb{P}[W \geq k+1] = \sum_{k=0}^{n-1} \theta^k = \frac{1-\theta^n}{1-\theta}.$$

Skoncentrujmy naszą uwagę na zmiennej Z . Niech T_j oznacza czas przejścia ze stanu, w którym wierzchołek j został dopiero co zainfekowany do kolejnego stanu, gdzie $j \in V$. Formalnie $T_j = \min\{t \in \mathbb{N} : i = X_j \wedge \neg(j \in \mathcal{I}_{t+i} \wedge j+1 \in \mathcal{S}_{t+i})\}$. Wtedy $T_j \sim \text{Geo}(1-q\beta)$, a ponadto T_1, T_2, \dots są niezależne. Zauważmy, że jeśli $W < n$, to $Z = T_1 + \dots + T_W$, a gdy zaś $W = n$, to $Z = T_1 + \dots + T_{n-1}$. Zatem $Z = T_1 + T_2 + \dots + T_Q$, gdzie $Q = \min\{W, n-1\}$. Będziemy potrzebować rozkładu i wartości oczekiwanej zmiennej Q . Możemy zapisać $Q = W - \mathbf{1}_{W=n}$, a wtedy

$$\mathbb{E}[Q] = \mathbb{E}[W] - \mathbb{P}[W = n] = \frac{1-\theta^n}{1-\theta} - \theta^{n-1} = \frac{1-\theta^{n-1}}{1-\theta}.$$

Dalej $\mathbb{P}[Q = k] = \mathbb{P}[W = k] = (1-\theta)\theta^{k-1}$ dla $k \in \{1, \dots, n-2\}$ oraz $\mathbb{P}[Q = n-1] = \mathbb{P}[W \geq n-1] = \theta^{n-2}$. Zachodzi zatem $\mathbb{P}[Z = t | Q = m] = \mathbb{P}[T_1 + \dots + T_m = t]$ ale $T_1 + \dots + T_m \sim \text{NegBin}(m, 1-q\beta)$ ([Fakt 6](#)). Daje nam to $\mathbb{P}[Z = t | Q = m] = \binom{t-1}{m-1} (1-q\beta)^m (q\beta)^{t-m}$. Z prawdopodobieństwa całkowitego dostajemy

$$\mathbb{P}[Z = t] = \sum_{m=1}^{n-1} \binom{t-1}{m-1} (1-q\beta)^m (q\beta)^{t-m} \cdot \mathbb{P}[Q = m].$$

Natomiast wartość oczekiwana zmiennej Z wynosi

$$\mathbb{E}[Z] = \mathbb{E}[Q] \cdot \mathbb{E}[T_1] = \frac{1-\theta^{n-1}}{1-\theta} \cdot \frac{1}{1-q\beta} = \frac{1-\theta^{n-1}}{\frac{q\alpha}{1-q\beta}} \cdot \frac{1}{1-q\beta} = \frac{1-\theta^{n-1}}{q\alpha}.$$

7.4 Grafy gwiazdne

Rozpatrzmy propagacje na rodzinie S_n ze źródłem 0. Dla $v \in \{1, \dots, n\}$ mamy

$$X_v \sim \text{KGeo}(p, \alpha), \quad \mathbb{E}[X_v | X_v < \infty] = \frac{1}{1-q\beta}.$$

Zauważmy natomiast, że zmienne X_1, \dots, X_n sa zależne, bo gdy centralny wierzchołek wyzdrowieje, żaden z liści nie może już zostać zainfekowany.

Przyjrzyjmy się teraz zmiennej Y_t . Położmy $C = \min\{\tau \in \mathbb{N} : 0 \in \mathcal{R}_\tau\}$. Jeśli centrum zarazi się po j rundach, to liście gwiazdy mogą być zarażane przez $\min\{j, t\}$ rund. Y_t zachowuje się tak samo, jak w modelu SI dla grafów gwiazdowych. Przypomnijmy, że rozkład ten wynosi $1 + B_{j,t}$, gdzie $B_{j,t} \sim \text{Bin}(n, 1 - q^{\min\{j,t\}})$. A więc

$$\mathbb{P}[Y_t = k + 1 | C = j] = \binom{n}{k} (1 - q^{\min\{j,t\}})^k (q^{\min\{j,t\}})^{n-k}.$$

Ponadto $C \sim \text{Geo}(\alpha)$ a więc $\mathbb{P}[C = j] = \alpha \beta^{j-1}$. Z prawdopodobieństwa całkowitego dostajemy

$$\begin{aligned} \mathbb{P}[Y_t = k + 1] &= \sum_{j=1}^{\infty} \mathbb{P}[Y_t = k + 1 | C = j] \cdot \mathbb{P}[C = j] \\ &= \sum_{j=1}^{\infty} \binom{n}{k} (1 - q^{\min\{j,t\}})^k (q^{\min\{j,t\}})^{n-k} \alpha \beta^{j-1} \\ &= \frac{\alpha}{\beta} \binom{n}{k} \sum_{j=1}^{\infty} (1 - q^{\min\{j,t\}})^k (q^{\min\{j,t\}})^{n-k} \beta^j. \end{aligned}$$

Aby obliczyć wartość oczekiwana, skorzystamy z [Lematu 3](#). Mamy $\mathbb{P}[X_0 \leq t] = 1$, a dla $v \neq 0$ mamy $\mathbb{P}[X_v \leq t] = p^{\frac{1-(q\beta)^t}{1-q\beta}}$. A więc

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{v \in V} \mathbb{P}[X_v \leq t] = 1 + np \frac{1 - (q\beta)^t}{1 - q\beta}.$$

Licząc granice tych wyrażeń dla $t \rightarrow \infty$ dostajemy

$$\mathbb{P}[W = k + 1] = \frac{\alpha}{\beta} \binom{n}{k} \sum_{j=1}^{\infty} (1 - q^j)^k (q^j)^{n-k} \beta^j, \quad \mathbb{E}[W] = 1 + \frac{np}{1 - q\beta}.$$

Propagacja zakończy się, gdy centrum wyzdrowieje lub wszystkie liście zostaną zarażone. Stąd mamy

$$\begin{aligned} \mathbb{P}[Z > t] &= \mathbb{P}[C > t] \cdot \mathbb{P}[Y_t < n + 1 | C > t] \\ &= \beta^t (1 - \mathbb{P}[Y_t = n + 1 | C > t]) = \beta^t (1 - (1 - q^t)^n). \end{aligned}$$

Bezpośrednie liczenie wartości oczekiwanej zmiennej Z nie da nam zwięzlej postaci. Zatem postarajmy się ją oszacować korzystając z [Nierówności 1](#). Oznaczmy $a = -\log(q)$, $b = -\log(\beta)$ oraz $g(x) = e^{-bx}(1 - (1 - e^{-ax})^n)$. Wtedy

$$\mathbb{E}[Z] \approx \int_0^\infty g(x) \, dx.$$

Dalej

$$\int_0^\infty e^{-bx}(1 - (1 - e^{-ax})^n) \, dx = \int_0^\infty e^{-bx} \, dx - \int_0^\infty e^{-bx}(1 - e^{-ax})^n \, dx.$$

Wartość pierwszej całki wynosi $\frac{1}{b}$. Aby policzyć drugą podstawmy $u = 1 - e^{-ax}$. Oczywiście $u(0) = 0$, $u(\infty) = 1$. Wtedy też $x = -\frac{1}{a} \log(1 - u)$ oraz $dx = \frac{1}{a} e^{ax} du$. Mamy

zatem $e^{-bx} = (1-u)^{\frac{b}{a}}$, $e^{ax} = \frac{1}{1-u}$. A więc całka wynosi

$$\begin{aligned} \frac{1}{a} \int_0^1 u^n (1-u)^{\frac{b}{a}-1} du &= \frac{1}{a} B\left(n+1, \frac{b}{a}\right) = \frac{1}{a} \frac{\Gamma(n+1)\Gamma(\frac{b}{a})}{\Gamma(n+1+\frac{b}{a})} \\ &= \frac{n!}{a} \cdot \frac{\Gamma(\frac{b}{a})}{(n+\frac{b}{a})(n-1+\frac{b}{a}) \dots (\frac{b}{a})\Gamma(\frac{b}{a})} = \frac{n!}{a} \cdot \frac{1}{(\frac{b}{a}+1)_n}. \end{aligned}$$

gdzie $\Gamma(x)$ jest funkcją Gamma, $B(x, y)$ jest funkcją Beta oraz $(x)_n = x(x+1) \dots (x+n-1)$ jest symbolem Pochhammer'a. Ostatecznie otrzymujemy

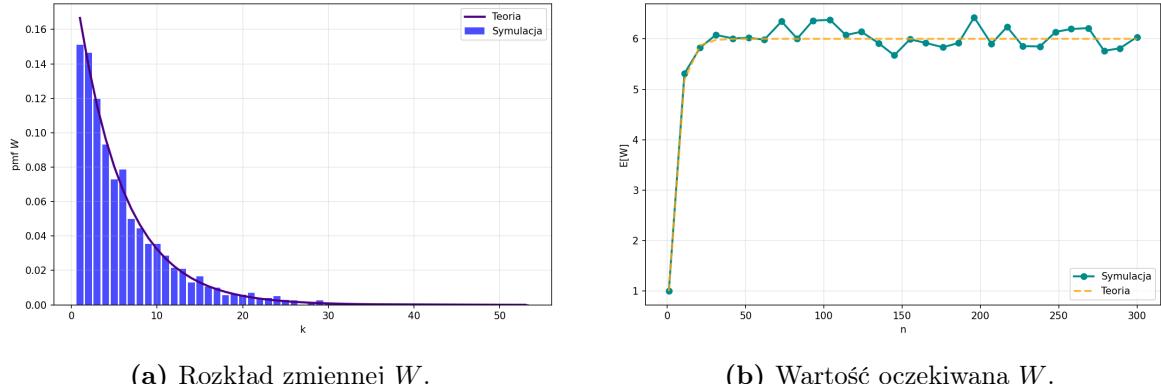
$$\mathbb{E}[Z] \approx \frac{1}{b} \cdot \left(1 - \frac{n!}{(\frac{b}{a}+1)_n}\right) = \frac{1}{\log(\beta)} \cdot \frac{n!}{\left(\frac{\log(\beta)}{\log(q)} + 1\right)_n} - \frac{1}{\log(\beta)}.$$

7.5 Eksperymenty

W modelu SIR symulować będziemy rozkłady zmiennych W, Z oraz ich wartości oczekiwane. Ustalmy $p = 0.2$ oraz $\alpha = 0.05$. Do przeprowadzenia eksperymentu posłużymy nam [Algorytm 2](#). Rozkłady wyznaczamy na grafach o $n = 100$ wierzchołkach, natomiast wartości oczekiwane dla $n \in \{1, 2, \dots, 300\}$.

Jeśli chodzi o rodzinę P_n , to rozkład W pokrywa się idealnie z przewidywaniami. Wartości oczekiwane zbiegają zgodnie z wyznaczonym wzorem. Podobnie mamy dla zmiennej losowej Z .

Dla grafów gwiazd rozkłady zarówno W jak i Z są dobrze przybliżone. Wartości oczekiwane W są niemal idealnie dopasowane. Możemy zauważać dobre przybliżenie na $\mathbb{E}[W]$.



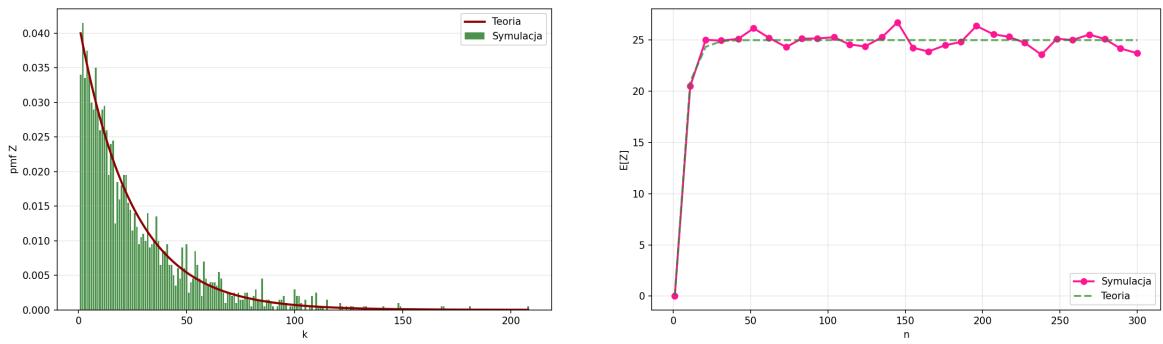
(a) Rozkład zmiennej W .

(b) Wartość oczekiwana W .

Rysunek 7.1: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej W dla P_n .

Algorytm 2 Propagacja SIR

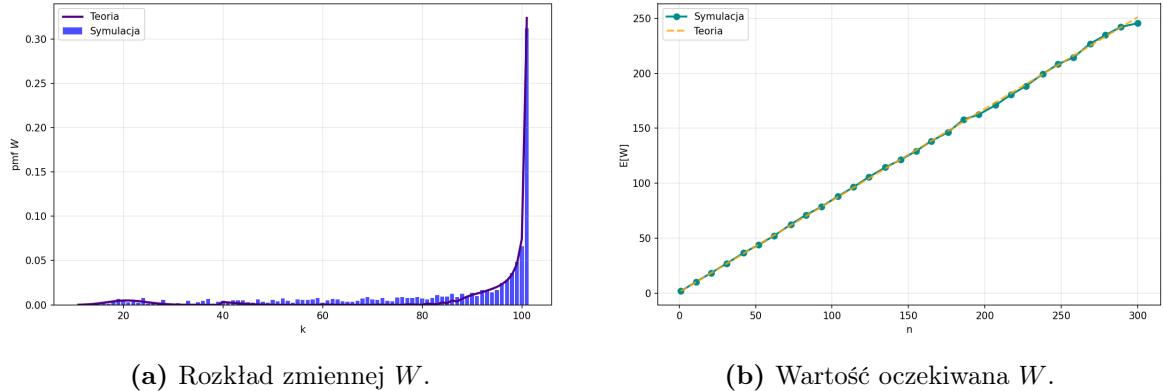
```
1: Input: Graf  $G = (V, E)$ , prawdopodobieństwo infekcji  $p$ , prawdopodobieństwo
   wyzdrowienia  $\alpha$ , źródło  $s \in V$ 
2: Output: Zbiór wyzdrowiałych wierzchołków ( $\mathcal{R}_t$ ), czas wymarcia infekcji  $Z$ 
3:  $\mathcal{S}_0 \leftarrow V \setminus \{s\}$ 
4:  $\mathcal{I}_0 \leftarrow \{s\}$ 
5:  $\mathcal{R}_0 \leftarrow \emptyset$ 
6:  $t \leftarrow 0$ 
7: while  $\mathcal{I}_t \neq \emptyset$  and  $\exists v \in \mathcal{I}_t : \mathcal{S}_t \cap N(v) \neq \emptyset$  do
8:    $\mathcal{I}' \leftarrow \emptyset$ 
9:   for each  $u \in \mathcal{I}_t$  do
10:    for each  $v \in N(u)$  do
11:      if  $v \in \mathcal{S}_t$  and  $\text{random}() < p$  then
12:         $\mathcal{I}' \leftarrow \mathcal{I}' \cup \{v\}$ 
13:      end if
14:    end for
15:   end for
16:    $\mathcal{R}' \leftarrow \emptyset$ 
17:   for each  $u \in \mathcal{I}_t$  do
18:     if  $\text{random}() < \alpha$  then
19:        $\mathcal{R}' \leftarrow \mathcal{R}' \cup \{u\}$ 
20:     end if
21:   end for
22:    $\mathcal{S}_{t+1} \leftarrow \mathcal{S}_t \setminus \mathcal{I}'$ 
23:    $\mathcal{I}_{t+1} \leftarrow (\mathcal{I}_t \cup \mathcal{I}') \setminus \mathcal{R}'$ 
24:    $\mathcal{R}_{t+1} \leftarrow \mathcal{R}_t \cup \mathcal{R}'$ 
25:    $t \leftarrow t + 1$ 
26: end while
27:  $\mathcal{R}_t \leftarrow \mathcal{R}_t \cup \mathcal{I}_t$ 
28:  $Z \leftarrow t$ 
29: return  $(\mathcal{R}_t), Z$ 
```



(a) Rozkład zmiennej Z .

(b) Wartość oczekiwana Z .

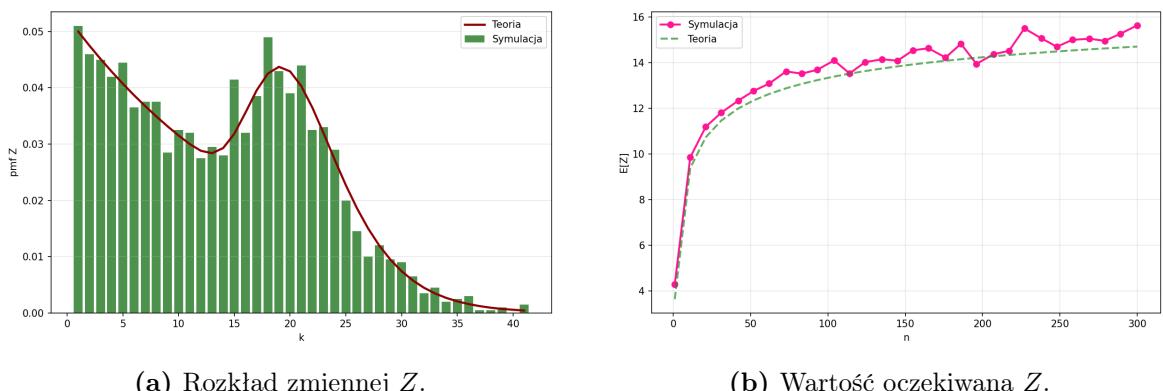
Rysunek 7.2: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej Z dla P_n .



(a) Rozkład zmiennej W .

(b) Wartość oczekiwana W .

Rysunek 7.3: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej W dla S_n .



(a) Rozkład zmiennej Z .

(b) Wartość oczekiwana Z .

Rysunek 7.4: Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej Z dla S_n .

Rozdział 8

Analiza modelu SIS

8.1 Pewne wygaśnięcie

Analizę modelu SIS zacznijmy od formalnego udowodnienia pewności wygaśnięcia infekcji.

Twierdzenie 5. *Niech $G = (V, E)$ będzie grafem spójnym, $s \in V$ źródłem infekcji oraz $v \in V \setminus \{s\}$. Wtedy zachodzą następujące tożsamości:*

$$\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t] = 0, \quad \mathbb{P}[Z < \infty] = 1.$$

Dowód. Tożsamości $\mathbb{P}[X_v = \infty] > 0$ oraz $\mathbb{P}[Z < \infty] = 1$ wynikają z [Twierdzenia 4](#). Skoro infekcja prawie na pewno wymrze, to $\mathbf{1}_{Y_t} \xrightarrow{\text{a.s.}} 0$ a więc i $Y_t \xrightarrow{\text{a.s.}} 0$. Zauważmy, że $0 \leq Y_t \leq |V|$ dla każdego t . Zatem z Twierdzenia Lebesgue'a o zbieżności ograniczonej otrzymujemy

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t] = \mathbb{E}[\lim_{t \rightarrow \infty} Y_t] = \mathbb{E}[0] = 0.$$

□

8.2 Dwa wierzchołki, jedna krawędź P_2

Standardowo na pierwszy przykład grafu rozważamy graf o wierzchołkach $V = \{u, v\}$ i jednej krawędzi między nimi. Za wierzchołek początkowy przyjmijmy u . Istnieją cztery możliwe stany: $\mathcal{I}_t = \emptyset$, $\mathcal{I}_t = \{u\}$, $\mathcal{I}_t = \{v\}$, $\mathcal{I}_t = \{u, v\}$. Stan, w którym żaden wierzchołek nie jest zainfekowany, jest stanem absorbującym. Ponadto, z każdego pozostałego stanu możemy przejść do dowolnego innego. Rozkład X_v będzie tutaj taki sam jak dla modelu SIR, a więc

$$X_v \sim \text{KGeo}(p, \alpha), \quad \mathbb{E}[X_v | X_v < \infty] = \frac{1}{1 - q\beta}.$$

Następnie spróbujmy wyznaczyć rozkład Y_t . Zauważmy, że $Y_t \in \{0, 1, 2\}$. Prawdo-

podobieństwa przejść są następujące:

$$\begin{aligned}\mathbb{P}[Y_{t+1} = 0 | Y_t = 0] &= 1, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 0 | Y_t = 1] &= q\alpha, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 0 | Y_t = 2] &= \alpha^2, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 1 | Y_t = 0] &= 0, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 1 | Y_t = 1] &= p\alpha + q\beta, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 1 | Y_t = 2] &= 2\alpha\beta, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 2 | Y_t = 0] &= 0, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 2 | Y_t = 1] &= p\beta, \\ \mathbb{P}[Y_{t+1} = 2 | Y_t = 2] &= \beta^2.\end{aligned}$$

Z wzoru na prawdopodobieństwo całkowite dla $k \in \{0, 1, 2\}$ mamy:

$$\mathbb{P}[Y_{t+1} = k] = \sum_{j=0}^2 \mathbb{P}[Y_{t+1} = k | Y_t = j] \cdot \mathbb{P}[Y_t = j].$$

Oznaczmy $a_t = \mathbb{P}[Y_t = 0]$, $b_t = \mathbb{P}[Y_t = 1]$, $c_t = \mathbb{P}[Y_t = 2]$. Oczywiście $a_0 = 0$, $b_0 = 1$, $c_0 = 0$. Stąd otrzymujemy układ równań rekurencyjnych:

$$\begin{cases} a_{t+1} = a_t + q\alpha \cdot b_t + \alpha^2 \cdot c_t \\ b_{t+1} = (p\alpha + q\beta) \cdot b_t + 2\alpha\beta \cdot c_t \\ c_{t+1} = p\beta \cdot b_t + \beta^2 \cdot c_t. \end{cases}$$

Położymy

$$\mathbf{P} = \begin{bmatrix} 1 & q\alpha & \alpha^2 \\ 0 & p\alpha + q\beta & 2\alpha\beta \\ 0 & p\beta & \beta^2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{y}_t = \begin{bmatrix} a_t \\ b_t \\ c_t \end{bmatrix}.$$

Wtedy $\mathbf{y}_{t+1} = \mathbf{P}\mathbf{y}_t$, a więc $\mathbf{y}_t = \mathbf{P}^t\mathbf{y}_0$. Jeśli chodzi o wartość oczekiwana, to mamy $\mathbb{E}[Y_t] = 0 \cdot a_t + 1 \cdot b_t + 2 \cdot c_t = b_t + 2c_t$. Z [Twierdzenia 5](#) mamy

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}[Y_t] = 0.$$

Przyjrzymy się teraz zmiennej Z . Mamy $\mathbb{P}[Z > t] = \mathbb{P}[Y_t \neq 0] = b_t + c_t$. Oznaczmy

$$\mathbf{Q} = \begin{bmatrix} p\alpha + q\beta & 2\alpha\beta \\ p\beta & \beta^2 \end{bmatrix}, \quad \mathbf{z}_t = \begin{bmatrix} b_t \\ c_t \end{bmatrix}, \quad \mathbf{1} = \begin{bmatrix} 1 \\ 1 \end{bmatrix}.$$

Wtedy $\mathbb{P}[Z > t] = \mathbf{1}^\top \mathbf{z}_t = \mathbf{1}^\top \mathbf{Q}^t \mathbf{z}_0$. Mamy więc

$$\mathbb{E}[Z] = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbb{P}[Z > t] = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbf{1}^\top \mathbf{Q}^t \mathbf{z}_0 = \mathbf{1}^\top (\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1} \mathbf{z}_0.$$

Dalej:

$$(\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1} = \begin{bmatrix} 1 - p\alpha - q\beta & -2\alpha\beta \\ -p\beta & 1 - \beta^2 \end{bmatrix}^{-1} = \frac{1}{\Delta} \begin{bmatrix} 1 - \beta^2 & 2\alpha\beta \\ p\beta & 1 - p\alpha - q\beta \end{bmatrix},$$

oraz

$$\mathbf{1}^\top (\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1} \mathbf{z}_0 = \mathbf{1}^\top \frac{1}{\Delta} \begin{bmatrix} 1 - \beta^2 \\ p\beta \end{bmatrix} = \frac{1 - \beta^2 + p\beta}{\Delta},$$

gdzie $\Delta = \det(\mathbf{I} - \mathbf{Q})$. Obliczmy teraz ten wyznacznik:

$$\begin{aligned} \Delta &= (1 - p\alpha - q\beta)(1 - \beta^2) - (-2\alpha\beta)(-p\beta) \\ &= 1 - p\alpha - q\beta - \beta^2 + p\alpha\beta^2 + q\beta^3 - 2p\alpha\beta \\ &= (1 - \beta^2)(1 - q\beta) - p\alpha(1 + \beta^2) \\ &= (1 - (1 - \alpha)^2)(1 - (1 - p)(1 - \alpha)) - p\alpha(1 + (1 - \alpha)^2) \\ &= \alpha(2 - \alpha)(p + \alpha - p\alpha) - p\alpha(2 - 2\alpha + \alpha^2) \\ &= \alpha(2p + 2\alpha - 2p\alpha - \alpha p - \alpha^2 + p\alpha^2 - 2p + 2\alpha p - p\alpha^2) \\ &= \alpha^2(2 - p - \alpha) = \alpha^2(q + \beta). \end{aligned}$$

Ostatecznie otrzymujemy:

$$\mathbb{E}[Z] = \frac{1 - \beta^2 + p\beta}{\alpha^2(q + \beta)}.$$

8.3 Grafy pełne

Po analizie dla K_2 postarajmy się ją uogólnić dla K_n . Ze względu na symetrię dowolny stan z taką samą liczbą zainfekowanych wierzchołków jest izomorficzny. Ustalmy $t \in \mathbb{N}$. Niech A_t będzie zmienną losową oznaczającą liczbę wierzchołków, które przetrwają rundę t oraz B_t liczbą nowo zainfekowanych wierzchołków w tej rundzie. Formalnie $A_t = |\{v \in V : v \in \mathcal{S}_t \cap \mathcal{S}_{t+1}\}|$, $B_t = |\{v \in V : v \in \mathcal{S}_t \cap \mathcal{I}_{t+1}\}|$. Oznaczmy $i = Y_t$ oraz $j = Y_{t+1}$. Każdy zarażony wierzchołek może przetrwać niezależnie od siebie w formacie próby Bernoulliego. A więc $A_t \sim \text{Bin}(i, \beta)$. Dalej każdy podatny wierzchołek może zostać zarażony niezależnie przez $n - i$ sąsiadów. Szansa, że któremuś z nich się uda, wynosi $1 - q^i$. Stąd $B_t \sim \text{Bin}(n - i, 1 - q^i)$. Ponadto $Y_{t+1} = A_t + B_t$. Możemy policzyć warunkową liczbę oczekiwanych zarażeń w $t + 1$ kroku:

$$\mathbb{E}[Y_{t+1} | Y_t = i] = \mathbb{E}[A_t + B_t] = i\beta + (n - i)(1 - q^i).$$

Oznaczmy $P_{i \rightarrow j} = \mathbb{P}[Y_{t+1} = j | Y_t = i]$ dla $j \in \{0, 1, \dots, n\}$. Wtedy korzystając z [Faktu 4](#) mamy

$$P_{i \rightarrow j} = \sum_{\ell=\max\{0, j-(n-i)\}}^{\min\{i, j\}} \binom{i}{\ell} \binom{n-i}{j-\ell} \beta^\ell \alpha^{i-\ell} (1 - q^i)^{j-\ell} (q^i)^{n-i-(j-\ell)}.$$

Jest to uogólnienie prawdopodobieństw przejść, które wcześniej zostały wyznaczone dla $n = 2$. Ponownie z prawdopodobieństwa całkowitego dla $j \in \{0, 1, \dots, n\}$ mamy

$$\mathbb{P}[Y_{t+1} = j] = \sum_{i=0}^n \mathbb{P}[Y_{t+1} = j | Y_t = i] \cdot \mathbb{P}[Y_t = i].$$

Zdefiniujmy wektor

$$\mathbf{y}_t = \begin{bmatrix} \mathbb{P}[Y_t = 0] \\ \mathbb{P}[Y_t = 1] \\ \vdots \\ \mathbb{P}[Y_t = n] \end{bmatrix}$$

Wtedy $\mathbf{y}_t^{(k)} = \mathbb{P}[Y_t = k]$ dla $k \in \{0, 1, \dots, n\}$. W uproszczonej notacji możemy zapisać

$$\mathbf{y}_{t+1}^{(j)} = \sum_{i=0}^n P_{i \rightarrow j} \cdot \mathbf{y}_t^{(i)}.$$

Macierz przejść dla naszego łańcucha Markova dana jest

$$\mathbf{P} = [P_{i \rightarrow j}]_{0 \leq i, j \leq n}.$$

Mamy $\mathbf{y}_{t+1} = \mathbf{P}\mathbf{y}_t$ jak i $\mathbf{y}_t = \mathbf{P}^t\mathbf{y}_0$. Zbudowanie tej macierzy jest możliwe w czasie $\mathcal{O}(n^3)$. Wartość oczekiwana zmiennej Y_t możemy obliczyć ze wzoru

$$\mathbb{E}[Y_t] = \sum_{k=0}^n k \cdot \mathbf{y}_t^{(k)}.$$

Macierz \mathbf{P} jest kolumnowo stochastyczna, a więc

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbf{P}^t = \begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 & \cdots & 1 \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & \cdots & 0 \end{bmatrix},$$

a co za tym idzie

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbf{y}_t = [1 \ 0 \ 0 \ \cdots \ 0]^\top.$$

Jeśli chodzi o zmienną Z , to mamy $\mathbb{P}[Z > t] = \mathbb{P}[Y_t \neq 0]$. Kładziemy

$$\mathbf{Q} = [P_{i \rightarrow j}]_{1 \leq i, j \leq n}, \quad \mathbf{z}_t = [\mathbb{P}[Y_t = k]]_{1 \leq k \leq n}, \quad \mathbf{1} = [1]_{1 \leq k \leq n}.$$

Licząc wartość oczekiwana dostajemy

$$\mathbb{E}[Z] = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbb{P}[Z > t] = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbf{1}^\top \mathbf{z}_t = \sum_{t=0}^{\infty} \mathbf{1}^\top \mathbf{Q}^t \mathbf{z}_0 = \mathbf{1}^\top (\mathbf{I} - \mathbf{Q})^{-1} \mathbf{z}_0.$$

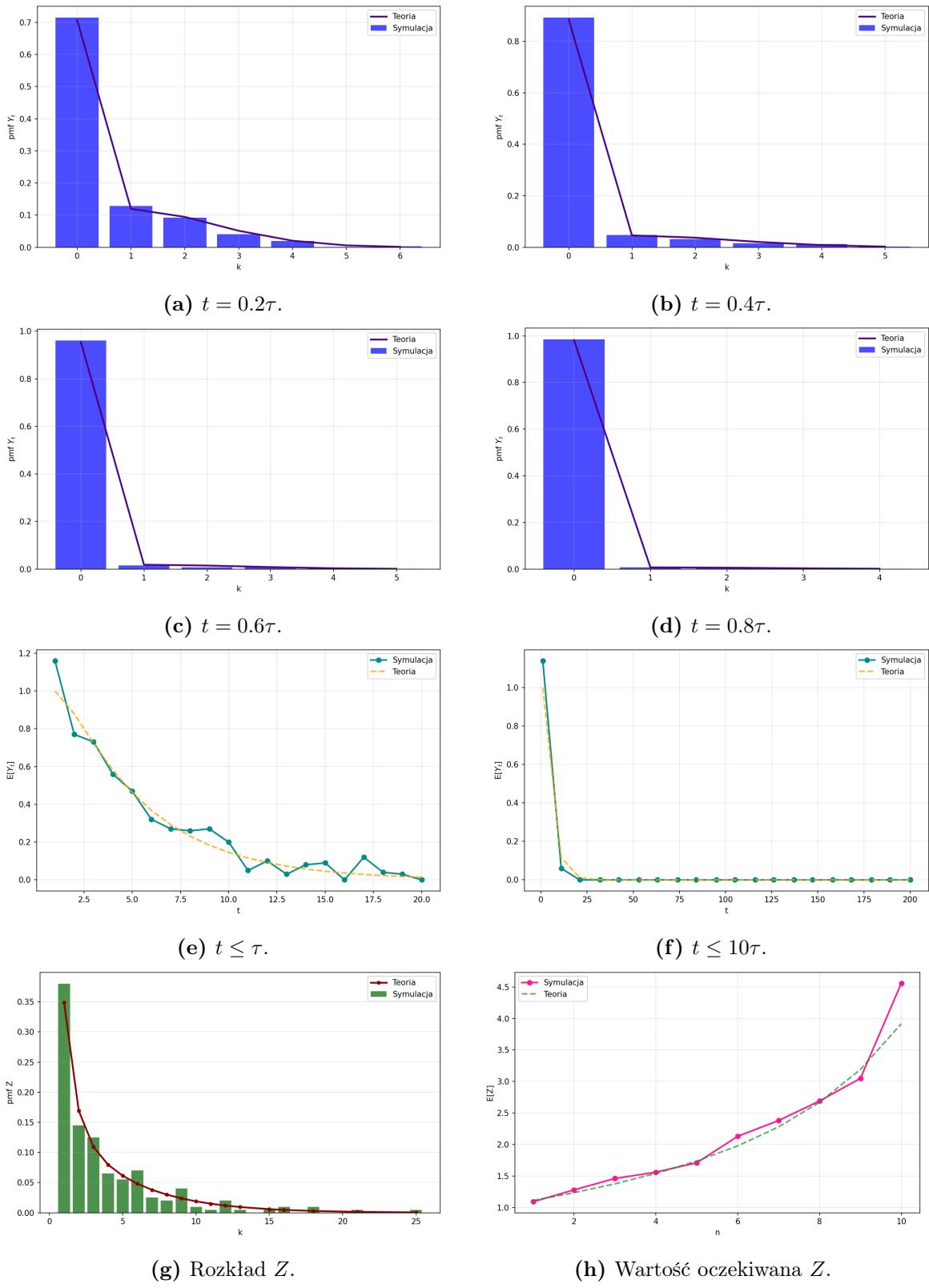
8.4 Eksperymenty

Dla modelu SIS przeprowadzimy symulacje na grafie K_n . Na nasze potrzeby wystarczy nam $n = 10$. Aby mieć pewność, że infekcji umrze w sensownym czasie, będziemy badać propagacje dla parametrów $p = 0.1$, $\alpha = 0.9$ ([Wykres 8.1](#)) oraz $p = 0.2$, $\alpha = 0.8$ ([Wykres 8.2](#)), a także $p = 0.5$, $\alpha = 0.9$ ([Wykres 8.3](#)). Położmy $\tau = \max\{20, \mathbb{E}[Z]\}$. Dalej wyznaczymy rozkład Y_t dla $t \in \{0.2\tau, 0.4\tau, 0.6\tau, 0.8\tau\}$. Wartość oczekiwana obliczmy dla $t \in \{1, 2, \dots, \tau\}$ oraz $t \in \{1, 2, \dots, 10\tau\}$. Przeprowadzimy teraz serię symulacji w celu sprawdzenia, czy rzeczywiście wyniki teoretyczne pokrywają się z praktycznymi. Symulacje dokonujemy korzystając z [Algorytmu 3](#).

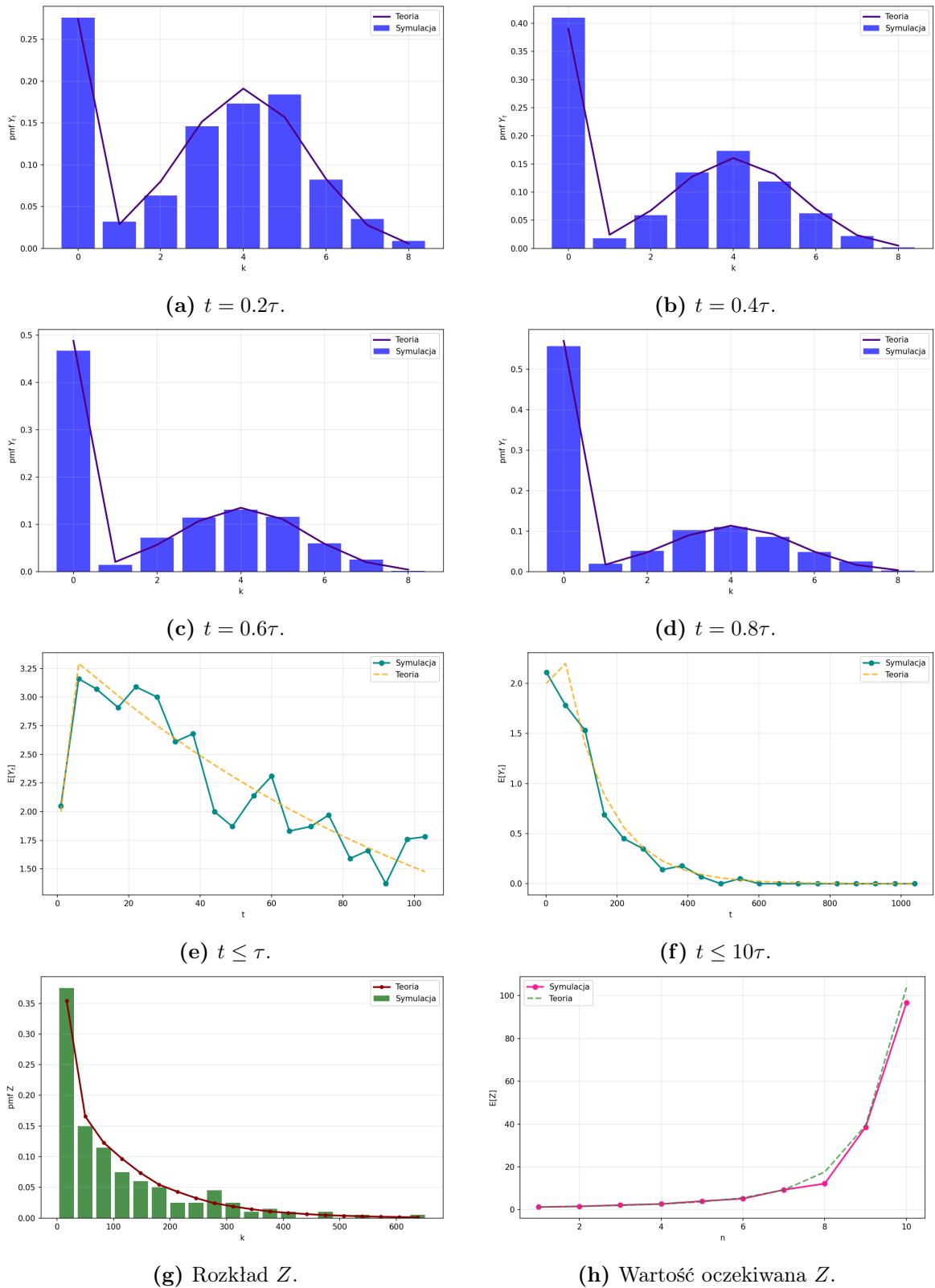
Dla parametrów $p = 0.1$, $\alpha = 0.9$ widzimy, że infekcja dość szybko wymiera, większość masy prawdopodobieństwa Y_t jest w 0. Podobnie zachowuje się rozkład Z . Dalej dla $p = 0.2$, $\alpha = 0.8$ nadal spora część rozkładu jest w 0, ale spora część zbiera się w kształcie rozkładu normalnego dla dodatnich wartości. Podobnie ma się sytuacja dla $p = 0.5$, $\alpha = 0.9$. Warto również zauważyć, że w tym przypadku $\mathbb{E}[Z]$ jest gigantycznie duża, rzędu kilkudziesięciu tysięcy.

Algorytm 3 Propagacja SIS

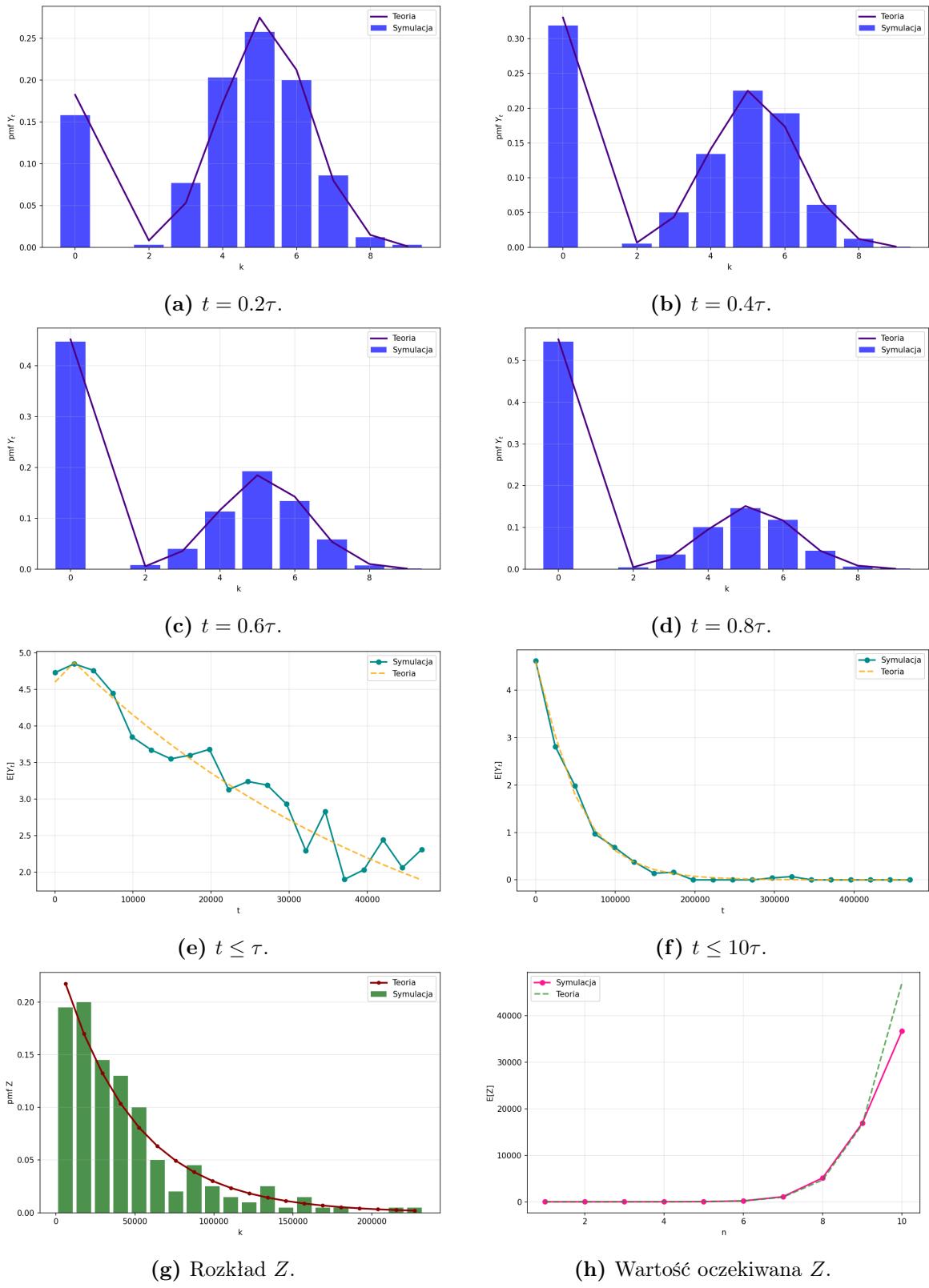
```
1: Input: Graf  $G = (V, E)$ , prawdopodobieństwo infekcji  $p$ , prawdopodobieństwo  
wyzdrowienia  $\alpha$ , źródło  $s \in V$   
2: Output: Zbiór zarażonych wierzchołków ( $\mathcal{I}_t$ ), czas wymarcia infekcji  $Z$   
3:  $\mathcal{I}_0 \leftarrow \{s\}$   
4:  $t \leftarrow 0$   
5: while  $\mathcal{I}_t \neq \emptyset$  do  
6:    $\mathcal{I}' \leftarrow \emptyset$   
7:   for each  $u \in \mathcal{I}_t$  do  
8:     for each  $v \in N(u)$  do  
9:       if  $v \notin \mathcal{I}_t$  and random() <  $p$  then  
10:         $\mathcal{I}' \leftarrow \mathcal{I}' \cup \{v\}$   
11:       end if  
12:     end for  
13:   end for  
14:    $R \leftarrow \emptyset$   
15:   for each  $u \in \mathcal{I}_t$  do  
16:     if random() <  $\alpha$  then  
17:        $R \leftarrow R \cup \{u\}$   
18:     end if  
19:   end for  
20:    $\mathcal{I}_{t+1} \leftarrow (\mathcal{I}_t \cup \mathcal{I}') \setminus R$   
21:    $t \leftarrow t + 1$   
22: end while  
23:  $Z \leftarrow t$   
24: return  $(\mathcal{I}_t), Z$ 
```



Rysunek 8.1: Rozkłady dla $p = 0.1$, $\alpha = 0.9$.



Rysunek 8.2: Rozkłady dla $p = 0.2$, $\alpha = 0.8$.



Rysunek 8.3: Rozkłady dla $p = 0.5$, $\alpha = 0.9$.

Rozdział 9

Podsumowanie

Celem pracy było wyznaczenie rozkładów i wartości oczekiwanych zmiennych X_v , Y_t , Z , dla modeli SI, SIR, SIS oraz zmiennej W dla modelu SIR, dla konkretnych rodzin grafów. W większości rozważanych przypadków udało się znaleźć dokładne wzory na szukane wartości. Jednakże dla niektórych z nich wyznaczyliśmy przybliżenia lub asymptotykę. Ponadto udowodniliśmy pewność całkowitej infekcji lub jej wymarcia adekwatnie do modelu. W modelu SI znaleźliśmy też uniwersalne ograniczenie na czas całkowitej propagacji. Symulacje w Pythonie metodą Monte Carlo potwierdziły poprawność wyników. Przeprowadzona analiza pomogła zrozumieć wpływ topologii grafu na szybkość, skuteczność i zasięg rozchodzenia się propagacji.

Głównym problemem teoretycznej analizy było występowanie cykli w grafie, co już w modelu SI sprawiło znaczący problem. W dalszych badaniach trzeba wziąć pod uwagę, że w rodzinach grafów zawierających sporo cykli wyznaczenie dokładnych rozkładów prawdopodobieństwa zapewne nie będzie możliwe. W symulacji modelu SIS również kłopotliwy był dobór wielkości parametrów p i α w taki sposób, żeby zapewnić wymarcie infekcji w sensownym czasie.

Kontynuacja pracy może obejmować rozpatrzenie bardziej realistycznych rodzajów sieci takich jak np. grafy Erdős-Rényiego. Można także rozważyć uzależnienie parametrów propagacji od wierzchołków i krawędzi grafu, tj. p_e dla $e \in E$ oraz α_v dla $v \in V$. Na myśl nasuwa się także możliwość zbadania bardziej skomplikowanych modeli epidemiologicznych, takich jak SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered).

Podsumowując, modele probabilistycznej propagacji w grafach stanowią ogromne pole badawcze, które łączy ze sobą rachunek prawdopodobieństwa, teorie grafów i procesy stochastyczne. Niniejsza praca omawia podstawowe metody analizy propagacji i prezentuje wnioski uzyskane w toku badania.

Bibliografia

- [1] Carlos Baquero i in. „Extrema Propagation: Fast Distributed Estimation of Sums and Network Sizes”. W: *IEEE Transactions on Parallel and Distributed Systems* 23.4 (2012), s. 668–675. DOI: [10.1109/TPDS.2011.209](https://doi.org/10.1109/TPDS.2011.209).
- [2] Dominik Bojko i Jacek Cichoń. „A Note on Leader Election Algorithms. Preliminary Report”. W: *2019 IEEE Asia Pacific Conference on Wireless and Mobile (APWiMob)*. 2019, s. 81–87. DOI: [10.1109/APWiMob48441.2019.8964152](https://doi.org/10.1109/APWiMob48441.2019.8964152).
- [3] Jacek Cichon, Jakub Lemiesz i Marcin Zawada. „On Message Complexity of Extrema Propagation Techniques”. W: lip. 2012, s. 1–13. ISBN: 978-3-642-31637-1. DOI: [10.1007/978-3-642-31638-8_1](https://doi.org/10.1007/978-3-642-31638-8_1).
- [4] Jacek Cichoń, Dawid Dworzański i Karol Gotfryd. „On Reliability of the Extrema Propagation Technique in Random Environment”. W: *28th International Conference on Principles of Distributed Systems (OPODIS 2024)*. Red. Silvia Bonomi i in. T. 324. Leibniz International Proceedings in Informatics (LIPIcs). Dagstuhl, Germany: Schloss Dagstuhl – Leibniz-Zentrum für Informatik, 2025, 29:1–29:16. ISBN: 978-3-95977-360-7. DOI: [10.4230/LIPIcs.OPODIS.2024.29](https://doi.org/10.4230/LIPIcs.OPODIS.2024.29). URL: <https://drops.dagstuhl.de/entities/document/10.4230/LIPIcs.OPODIS.2024.29>.
- [5] Saswata Das, Mohammad Hossein Samaei i Caterina Scoglio. *SIR Epidemics in Interconnected Networks: threshold curve and phase transition*. 2024. arXiv: [2307.10048 \[math.DS\]](https://arxiv.org/abs/2307.10048). URL: <https://arxiv.org/abs/2307.10048>.
- [6] Daniel Figueiredo, Giulio Iacobelli i Seva Shneer. „The End Time of SIS Epidemics Driven by Random Walks on Edge-Transitive Graphs”. W: *Journal of Statistical Physics* 179.3 (kw. 2020), s. 651–671. ISSN: 1572-9613. DOI: [10.1007/s10955-020-02547-7](https://doi.org/10.1007/s10955-020-02547-7). URL: <http://dx.doi.org/10.1007/s10955-020-02547-7>.
- [7] S. Gómez i in. „Discrete-time Markov chain approach to contact-based disease spreading in complex networks”. W: *EPL (Europhysics Letters)* 89.3 (lut. 2010), s. 38009. ISSN: 1286-4854. DOI: [10.1209/0295-5075/89/38009](https://doi.org/10.1209/0295-5075/89/38009). URL: <http://dx.doi.org/10.1209/0295-5075/89/38009>.
- [8] Yuanfei Huang i Adrian Röllin. *The SIR epidemic on a dynamic Erdős-Rényi random graph*. 2024. arXiv: [2404.12566 \[math.PR\]](https://arxiv.org/abs/2404.12566). URL: <https://arxiv.org/abs/2404.12566>.
- [9] Romualdo Pastor-Satorras i in. „Epidemic processes in complex networks”. W: *Reviews of Modern Physics* 87.3 (sierp. 2015), s. 925–979. ISSN: 1539-0756. DOI: [10.1103/revmodphys.87.925](https://doi.org/10.1103/revmodphys.87.925). URL: <http://dx.doi.org/10.1103/RevModPhys.87.925>.

- [10] Jiaojiao Wang, Qianqian Zhang i Sanyi Tang. „Global dynamic analyzes of the discrete SIS models with application to daily reported cases”. W: *Advances in Continuous and Discrete Models* 2024 (sierp. 2024). DOI: [10.1186/s13662-024-03829-0](https://doi.org/10.1186/s13662-024-03829-0).