

Kierunek: Informatyka Algorytmiczna (INA)

PRACA DYPLOMOWA  
INŻYNIERSKA

Probabilistyczne modele propagacji w grafach

Bartosz Łabuz

Opiekun pracy  
dr Dominik Bojko

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

## 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 infekcję. Głównym celem pracy jest wyznaczenie rozkładów prawdopodobieństwa oraz wartości oczekiwanych zmiennych losowych opisujących przebieg propagacji. Zmienne te oddają czas zarażenia poszczególnych wierzchołków, liczbę zarażonych wierzchołków w danym momencie oraz czas trwania propagacji. W celu opisu modeli wykorzystano teorię prawdopodobieństwa, teorię grafów oraz procesów stochastycznych i łańcuchów 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

<b>1</b>	<b>Wstęp</b>	<b>5</b>
1.1	Motywacja . . . . .	5
1.2	Cel pracy . . . . .	5
1.3	Zakres pracy . . . . .	6
<b>2</b>	<b>Podstawy matematyczne</b>	<b>7</b>
2.1	Notacja . . . . .	7
2.2	Rodziny grafów . . . . .	7
2.3	Rozkłady prawdopodobieństwa . . . . .	8
2.4	Fakty, sumy i nierówności . . . . .	10
<b>3</b>	<b>Modele propagacji losowej</b>	<b>13</b>
3.1	Model SI . . . . .	13
3.2	Model SIR . . . . .	14
3.3	Model SIS . . . . .	15
<b>4</b>	<b>Scenariusz aplikacyjny</b>	<b>17</b>
4.1	Model SI — Sieć bez zabezpieczeń . . . . .	17
4.2	Model SIR — Sieć z automatycznymi łątkami bezpieczeństwa . . . . .	17
4.3	Model SIS — Sieć z tymczasowymi zabezpieczeniami . . . . .	18
<b>5</b>	<b>Analiza modelu SI</b>	<b>19</b>
5.1	Dwa wierzchołki, jedna krawędź . . . . .	19
5.2	Trójkąt . . . . .	19
5.3	Całkowita infekcja pewna . . . . .	20
5.4	Grafy ścieżkowe . . . . .	21
5.5	Grafy gwiazdne . . . . .	22
5.6	Uniwersalne ograniczenia na czas zarażenia . . . . .	23
5.7	Grafy cykliczne . . . . .	25
5.8	Grafy pełne . . . . .	27
5.9	Drzewa . . . . .	29
5.10	Eksperymenty . . . . .	31
<b>6</b>	<b>Rozkłady umierające</b>	<b>35</b>
6.1	Rozkład umierający geometryczny . . . . .	35
6.2	Rozkład umierający ujemny dwumianowy . . . . .	36

<b>7</b>	<b>Analiza modelu SIR</b>	<b>37</b>
7.1	Dwa wierzchołki, jedna krawędź . . . . .	37
7.2	Pewne wygaśnięcie . . . . .	38
7.3	Grafy ścieżkowe . . . . .	38
7.4	Grafy gwiazdne . . . . .	39
7.5	Eksperymenty . . . . .	41
<b>8</b>	<b>Analiza modelu SIS</b>	<b>45</b>
8.1	Pewne wygaśnięcie . . . . .	45
8.2	Dwa wierzchołki, jedna krawędź . . . . .	45
8.3	Grafy pełne . . . . .	47
8.4	Eksperymenty . . . . .	48
<b>9</b>	<b>Podsumowanie</b>	<b>53</b>
	<b>Dodatek</b>	<b>55</b>
	<b>Bibliografia</b>	<b>57</b>

# Rozdział 1

## Wstęp

### 1.1 Motywacja

Propagację zjawisk w skupiskach ludzkich można zauważyć 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 znajdują zastosowanie przede wszystkim w epidemiologii, cyberbezpieczeństwie, marketingu, teorii algorytmów oraz w naukach społecznych. Szczególną uwagę przyciąga ostatnia pandemia koronawirusa, kiedy to zwrócono 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 wpływu 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, gwiazdnych, 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 gwiazdnych oraz wyniki symulacji komputerowej.

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

**Rozdział 9.** Przedstawia podsumowanie pracy, wnioski i możliwości dalszych badań.

# 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  $\epsilon(v) = \max_{u \in V} d(u, v)$ .

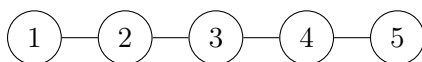
Jeśli  $\mathbb{P}$  jest miarą prawdopodobieństwa na przestrzeni  $\Omega$ , to prawdopodobieństwo zdarzenia  $A$  oznaczamy  $\mathbb{P}[A]$ . Dla zmiennej losowej  $X : \Omega \rightarrow \mathbb{R}$  jej wartość oczekiwaną oznaczamy  $\mathbb{E}[X]$ , a jej wariancję  $\text{Var}[X]$ . Funkcję masy 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  $P_n$**

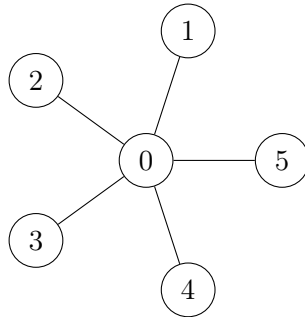
$$V = \{1, 2, \dots, n\}, \quad E = \{\{i, i+1\} : i \in \{1, 2, \dots, n-1\}\}.$$



**Rysunek 2.1:** Graf  $P_5$

**Graf gwiazda  $S_n$**

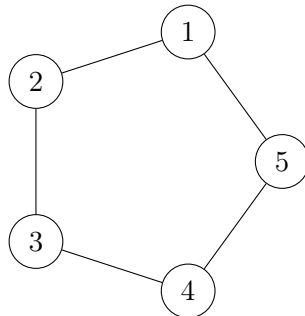
$$V = \{0, 1, \dots, n\}, \quad E = \{\{0, i\} : i \in \{1, 2, \dots, n\}\}.$$



**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  $K_n$**

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

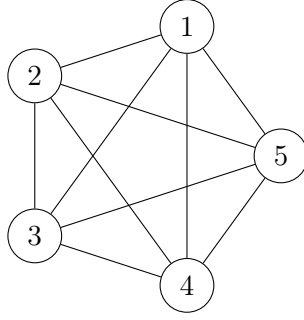
## 2.3 Rozkłady prawdopodobieństwa

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

**Rozkład Bernoulliego  $\text{Ber}(p)$**

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:

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

Dystrybucja 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  $F_X$ . Połóżmy  $Y = \max\{X_1, \dots, X_n\}$ . Wtedy

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

**Fakt 2.** Niech  $X_1, \dots, X_n$  będą IID zmiennymi losowymi o CDF równej  $F_X$ . Połóżmy  $Y = \min\{X_1, \dots, X_n\}$ . 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. Połóżmy  $Z = X + Y$ . 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

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

**Fakt 8** (Centralne Twierdzenie Graniczne). Niech  $X_1, X_2, \dots$  będzie ciągiem IID zmiennych losowych, takich że  $\mathbb{E}[X_1] = \mu$  oraz  $\text{Var}[X_1] = \sigma^2 < \infty$ . Dla  $n \in \mathbb{N}_+$  połóżmy  $Y_n = X_1 + \dots + X_n$ . Wówczas zachodzi zbieżność rozkładu

$$\frac{Y_n - n\mu}{\sigma\sqrt{n}} \xrightarrow{d} \mathcal{N}(0, 1), \quad n \rightarrow \infty.$$

W szczególności dla dużych  $n$  rozkład  $Y_n$  można przybliżyć zmienną normalną:

$$Y_n \approx \mathcal{N}(n\mu, n\sigma^2).$$

**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 przestrzeń 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  $p \in (0; 1)$ . Dla wygody będziemy oznaczać  $q = 1 - p$ . Wierzchołek raz zainfekowany pozostaje w tym stanie na zawsze. W modelu SI liczba zainfekowanych wierzchołków jest funkcją niemalejącą w czasie. Dla  $t \in \mathbb{N}_+$  definiujemy następujące zbiory:

$$\mathcal{S}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = S\}, \quad \mathcal{I}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = I\}$$

Dalej dla uproszczenia notacji kładziemy  $i(t, v) = |\mathcal{N}(v) \cap \mathcal{I}_t|$ . Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

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

Diagram przejść 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

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

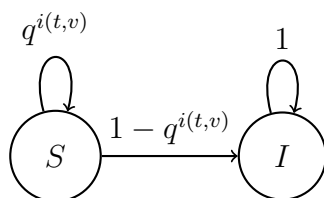
Jeśli taka chwila nie istnieje (tzn. w danym przebiegu procesu wierzchołek  $v$  nigdy się nie zaraża), to przyjmujemy  $X_v = \infty$ . Później udowodnimy (Twierdzenie 1), że w modelu SI mamy  $\mathbb{P}[X_v = \infty] = 0$ . Wyznaczenie rozkładu  $X_v$  jak i  $\mathbb{E}[X_v]$  dostarczy sporo informacji 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 sytuacją nigdy nie nastąpi, to  $Z = \infty$ . Dla propagacji SI zainfekowanie całego grafu jest jednakże zdarzeniem pewnym. Wyznaczenie rozkładu  $Z$  oraz jej wartości oczekiwanej dla konkretnych rodzin grafów będzie głównym celem w tym modelu.



Rysunek 3.1: Diagram przejść 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  $\alpha \in (0; 1)$ . Dla uproszczenia notacji kładziemy  $\beta = 1 - \alpha$ . Przyjmujemy, że w każdej rundzie odbywa się w dwóch etapach. W pierwszym z nich wierzchołki przekazują infekcje. W drugim z nich te, które były już wcześniej zainfekowane, mogą wyzdrowieć. Dodatkowo definiujemy zbiory

$$\mathcal{R}_t = \{v \in V : \mathbf{X}_t(v) = R\}.$$

Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

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

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 kontraście 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  $\mathbb{E}[X_v \mid X_v < \infty]$ . 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 liczbe 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

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

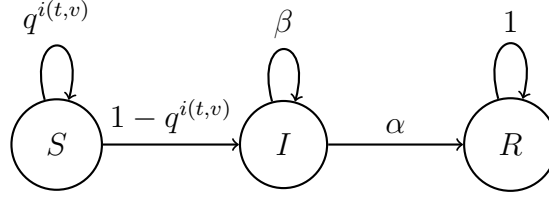
Dodatkowo definiujemy zmienną  $W$  będącą liczbą finalnie wyzdrowiałych wierzchołków:

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

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  $\alpha \in (0; 1)$ . Dla uproszczenia



**Rysunek 3.2:** Diagram przejść dla modelu SIR.

notacji kładziemy  $\beta = 1 - \alpha$ . Tutaj, tak jak w SI, mamy  $\mathcal{Q} = \{S, I\}$ . W modelu SIS liczba zainfekowanych wierzchołków może oscylować w czasie i nie musi osiągnąć stanu pełnego zakażenia. Każda runda składa się z dwóch faz. W pierwszej z nich wierzchołki zarażone próbują przekazać infekcje. 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 zakaźnik. Rozkład prawdopodobieństwa w tym modelu jest definiowany przez następujące zależności:

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

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

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

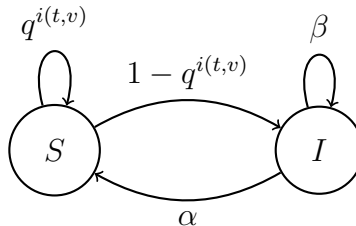
oraz dla  $t \in \mathbb{N}$  definiujemy

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

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  $\mathbb{E}[X_v \mid X_v < \infty]$ . Dalej wykazemy, 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 przyjrzyjmy się zarówno jej rozkładowi, jak i jej wartości oczekiwanej.



**Rysunek 3.3:** Diagram przejść dla modelu SIS.



# Rozdział 4

## Scenariusz aplikacyjny

Konkretne modele propagacji znajdują zastosowania w analizie rozprzestrzeniania się licznych zjawisk w sieciach. Aby to zilustrować, przyjrzymy się bliżej rozprzestrzenianiu się wirusa komputerowego w sieci. Postaramy się wskazać użyteczność każdego z modeli omawianych w tej pracy. Rozważmy sieć komputerową reprezentowaną przez graf nieskierowany  $G = (V, E)$ . Wierzchołki w  $G$  odpowiadają komputerom, a krawędzie oznaczają bezpośrednie połączenie sieciowe między urządzeniami np. w sieci lokalnej, klastrze serwerów lub infrastrukturze chmurowej. Załóżmy, że pojedynczy komputer  $s \in V$  zostaje zainfekowany przez wirusa. Ponadto zakładamy, że co pewien ustalony cykl czasu zarażone komputery próbują zarazić sąsiedni sprzęt z prawdopodobieństwem równym  $p$ . Wartość  $p$  określa skuteczność transmisji wirusa przez istniejące połączenia sieciowe.

### 4.1 Model SI — Sieć bez zabezpieczeń

Rozważmy starszą infrastrukturę IT, która nie posiada żadnych aktywnych zabezpieczeń antywirusowych ani mechanizmów automatycznego wykrywania zagrożeń. W takim środowisku, gdy komputer zostanie raz zainfekowany, pozostaje w tym stanie permanentnie. Ten stan rzeczy może zostać opisany modelem SI. Stan  $S$  reprezentuje urządzenia podatne na infekcję, a  $I$  te już zainfekowane.

Dla komputera  $v \in V$  zmienna  $X_v$  określa po jakim czasie zostanie on zainfekowany. W kontekście działań obronnych można priorytetyzować te urządzenia o mniejszej wartości  $\mathbb{E}[X_v]$ . Zmienna  $Y_t$  określa, ile komputerów jest zainfekowanych w chwili  $t \in \mathbb{N}$ . Jej rozkład pokazuje, czy atak rozwija się szybko, czy powoli. Wartość  $Z$  to moment, w którym cała infrastruktura zostaje skompromitowana. Wartość oczekiwana  $\mathbb{E}[Z]$  wskazuje średni czas, jaki administrator ma na reakcję, zanim straci kontrolę nad całą siecią. Znajomość rozkładu tych zmiennych pozwala na projektowanie topologii sieci odpornej na szybkie rozprzestrzenianie się zagrożeń.

### 4.2 Model SIR — Sieć z automatycznymi łatkami bezpieczeństwa

Rozważmy nowoczesną infrastrukturę korporacyjną z aktywnym systemem zarządzania aktualizacjami i automatycznymi mechanizmami odpowiedzi na zachodzące w

niej incydenty. Gdy komputer zostaje zainfekowany, system bezpieczeństwa może wykryć zagrożenie i zastosować łatkę zabezpieczającą, przenosząc tym samym komputer do stanu odpornego ( $R$ ). Prawdopodobieństwo  $\alpha$  modeluje skuteczność systemu automatycznych łatek. To bardziej realistyczne założenie w kontekście nowoczesnych systemów, gdzie zaktualizowane oprogramowanie jest odporne na znane exploity. Istnieje możliwość, że wirus wygaśnie zanim dotrze do wszystkich węzłów.

Zmienna  $X_v$  nadal określa czas zarażenia  $v$ . Do strefy dużego ryzyka należą urządzenia z dużą wartością  $\mathbb{P}[X_v < \infty]$ . W tym modelu  $Y_t$  jest zdefiniowana jako liczba komputerów, które nie są już w stanie podatnym. Wraz z czasem zmienna ta stabilizuje się, osiągając wartość równą  $W$ . Zmienna  $W$  określa całkowitą liczbę komputerów, które zostały zainfekowane w trakcie całej epidemii. Wartość oczekiwana  $\mathbb{E}[W]$  daje średnią liczbę skompromitowanych systemów, co bezpośrednio przekłada się na szacowanie kosztów naprawy i przywrócenia systemów. Zmienna  $Z$  określa moment, w którym epidemia wygasa i można uznać sytuację za opanowaną. Wartość  $\mathbb{E}[Z]$  jest istotna dla planowania czasu trwania trybu kryzysowego w organizacji.

### 4.3 Model SIS — Sieć z tymczasowymi zabezpieczeniami

Rozważmy sieć z mechanizmami tymczasowego oczyszczania, takimi jak regularne restarty systemów, czy okresowe czyszczenie pamięci podręcznej. W takim środowisku zainfekowany komputer może wrócić do stanu podatnego z prawdopodobieństwem  $\alpha$  w każdej jednostce czasu. Model ten jest szczególnie odpowiedni dla serwerów z krótkotrwałymi sesjami, czy z automatycznymi resetami.

Zmienna  $X_v$  określa czas pierwszego zarażenia komputera  $v$ . W kontekście praktycznym,  $X_v$  pozwala zrozumieć, które komputery są najbardziej narażone na początkową falę ataku.  $Y_t$  ma szczególne znaczenie, ponieważ liczba zainfekowanych komputerów oscyluje w czasie. To pozwala na oszacowanie średniego obciążenia zespołu IT obsługą incydentów albo planowanie pojemności systemów monitoringu bezpieczeństwa. Zmienna  $Z$  określa moment, w którym wirus całkowicie znika z sieci. Jej rozkład i wartość  $\mathbb{E}[Z]$  informują o średnim czasie, przez który wirus będzie krążył w sieci bez aktywnej interwencji.

# Rozdział 5

## Analiza modelu SI

### 5.1 Dwa wierzchołki, jedna krawędź

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 systemu:  $\mathcal{I}_t = \{u\}$  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

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 zarażać  $v$ , 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 oczekiwaną.

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

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  $p^2 q^{2 \cdot (t-1)}$ . 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:

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

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 zauważyć, że istnienie cykli w grafie znacząco 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 propagację jako łańcuch Markova. W danej chwili stanem jest  $\mathcal{I}_t$ . Stan absorbujący wynosi  $V$ . Jeśli  $\ell = \max\{d(u, v) : u \in \mathcal{I}_t, v \in \mathcal{S}_t\}$  to po  $\ell$  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

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

□

## 5.4 Grafy ścieżkowe

Jako pierwszą rodzinę grafów rozważmy grafy ścieżkowe  $P_n$ , jako uogólnienie pierwszego przypadku, który analizowaliśmy na samym początku. Załóżmy, 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 [Faktu 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 próbach 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  $k = n$ :

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

Przejdźmy 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 zmienna  $X_v$  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

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

Przejdźmy 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 oczekiwaną 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 spróbujemy wyznaczyć asymptotykę  $\mathbb{E}[Z]$ . Skoro

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

to z [Nierówności 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  $G$ . Załóżmy, 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 podgrafu  $G$ , 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  $\lambda = \log\left(\frac{1}{1-p}\right)$  oraz  $h = \epsilon(s)$ . Dla  $0 \leq j \leq h$  zdefiniujemy zbiory  $A_j = \{v \in V : d(s, v) = j\}$  oraz położmy  $a_j = |A_j|$ . Dalej zdefiniujemy 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  $\lambda = \log\left(\frac{1}{1-p}\right)$  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:

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



Ponownie otrzymujemy zaskakująco 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 zauważyć, 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 równoległe i niezależnie. Dla  $j \in \{1, 2, \dots, n-1\}$  połączmy  $U_j \sim \text{NegBin}(j, p)$ . Zmienne te są niezależne. Mamy wtedy

$$X_v = \min\{U_a, U_b\}.$$

Niech  $F_j(t)$  będzie dystrybuantą zmiennej  $U_j$ . 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 oczekiwaną dla dużych  $n$ . Przypomnijmy, że  $\mathbb{E}[U_j] = \frac{j}{p}$ ,  $\text{Var}[U_j] = \frac{jq}{p^2}$ . Z centralnego twierdzenia granicznego możemy aproksymować ([Fakt 8](#))  $U_j \approx N_j$  gdzie  $N_j \sim \mathcal{N}(\frac{j}{p}, \frac{jq}{p^2})$ . Kładziemy  $\mu_a = \frac{a}{p}$ ,  $\sigma_a^2 = \frac{aq}{p^2}$ ,  $\mu_b = \frac{b}{p}$ ,  $\sigma_b^2 = \frac{bq}{p^2}$ . Zatem mamy  $X_v \approx \min\{N_a, N_b\}$  oraz

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[X_v] &\approx \mathbb{E}[\min\{N_a, N_b\}] = \mathbb{E}\left[\frac{N_a + N_b - |N_a - N_b|}{2}\right] \\ &= \frac{\mathbb{E}[N_a] + \mathbb{E}[N_b] - \mathbb{E}[|N_a - N_b|]}{2} = \frac{1}{2} \cdot (\mu_a + \mu_b - \mathbb{E}[D]), \end{aligned}$$

gdzie  $D = N_a - N_b$ . Korzystając z [Faktu 7](#) mamy  $D \sim \mathcal{N}(\mu_a - \mu_b, \sigma_a^2 + \sigma_b^2)$ . 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

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

*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  $\mathbb{E}[D] = 2\xi \cdot \varphi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) + \eta \cdot (2\Phi\left(\frac{\eta}{\xi}\right) - 1)$ . Ostatecznie

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

Przenalizujemy 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 dobiega 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 ([5.4](#)) 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 oczekiwaną 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  $|\frac{p}{2-p}| < 1$ , 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. 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

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

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

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

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:

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

Postaramy 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 całkowitej 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

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

Położmy  $\varepsilon_n = (n - 1)(1 + p)^{-2}(1 - p^2)^n$ . Wtedy  $\mathbb{E}[Y_2] = n - \varepsilon_n$ . Korzystając 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 musiały 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 podgrafu. 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  $d_v = d(s, v)$ . Niech  $h$  będzie wysokością drzewa. 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  $s$  wzdłuż 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

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

□

Przejdźmy teraz do obliczania średniej liczby zainfekowanych wierzchołków w czasie  $t$ . Oznaczmy przez  $F(t; m, p)$  dystrybuantę zmiennej o rozkładzie  $\text{NegBin}(m, p)$ . 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 zbiorem liści w  $G$ . Wtedy mamy  $Z = \max_{u \in L} X_u$ . Zauważmy, że  $h = \max_{u \in L} d_u$ . Z nierówności Jensena (7) otrzymujemy

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

Aby ograniczyć  $\mathbb{E}[Z]$  z góry skorzystamy z [Twierdzenia 3](#):

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

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 wziąć 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 oczekiwaną 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 oczekiwaną  $Z$  będziemy wyznaczać dla liczby wierzchołków należących do  $\{1, 2, \dots, 1000\}$ . Korzystamy z Algorytmu 1.

---

### 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  $(\mathcal{I}_t), Z$ 

```

---

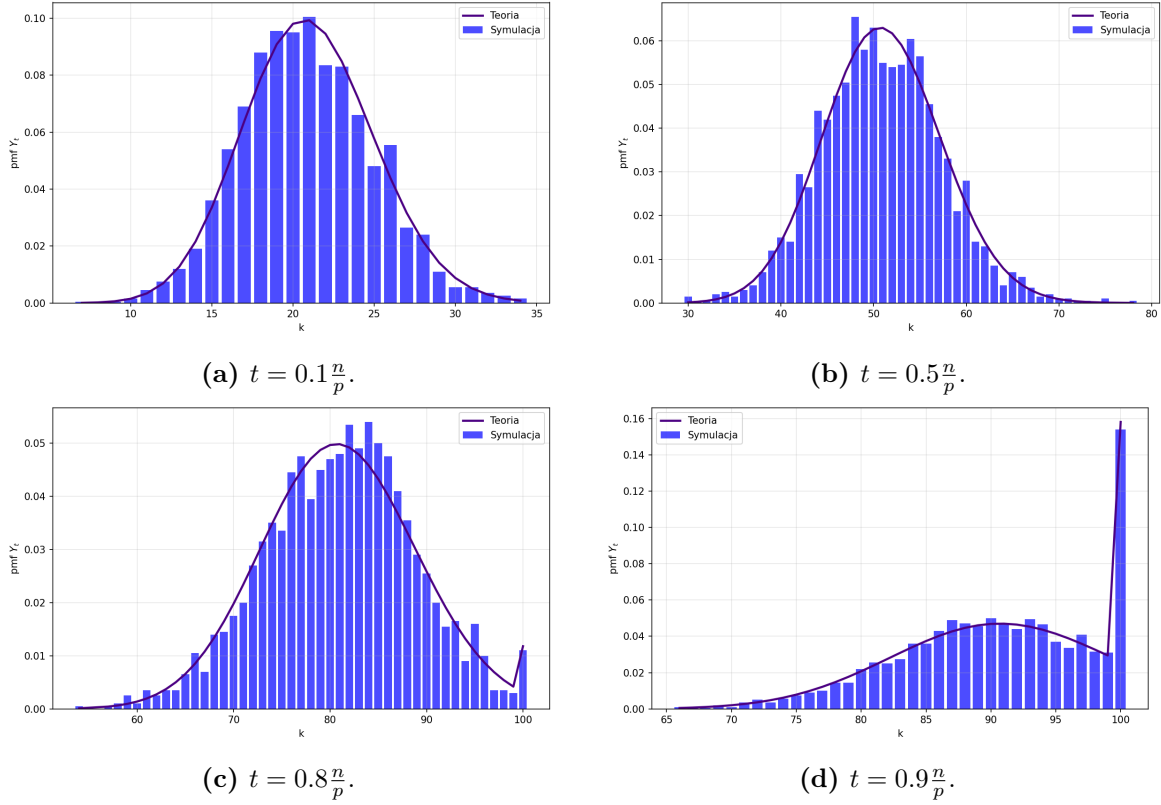
Na początku oczywiście analizujemy grafy ścieżkowe. Dla tej rodziny zmienna  $Y_t$  zachowuje się inaczej, jeśli  $t < n$ , a inaczej gdy  $t \geq n$ . Przewidywany czas całkowitej infekcji to  $\frac{n}{p}$ . Wyznamy rozkład dla wartości  $t = r \cdot \frac{n}{p}$  dla  $r \in \{0.1, 0.5, 0.8, 0.9\}$ . 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 gwiazdnych (patrz Wykres 5.2). Również wartości  $\mathbb{E}[Z]$  są zbliżone do teoretycznej asymptotyki (Wykres 5.3).

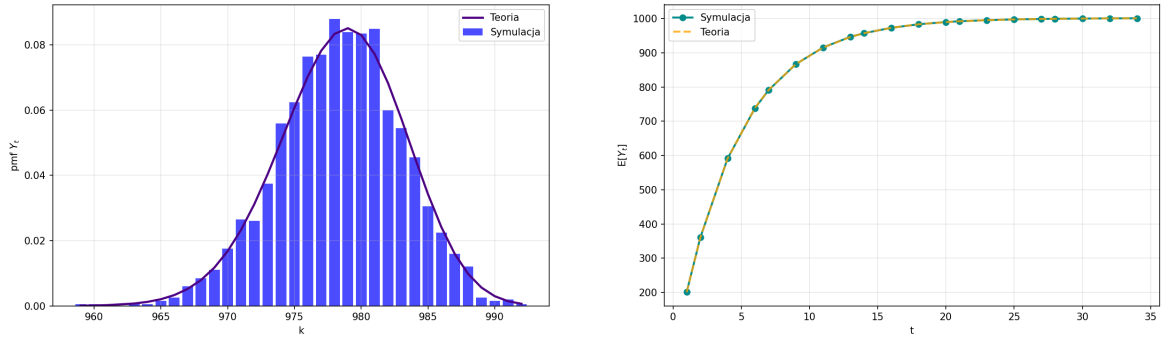
Następnie popatrzymy na grafy cykliczne. Skoro zachowują się one podobnie do grafów ścieżkowych, to zasymulujemy jedynie wartości oczekiwane zmiennej  $Y_t$  dla

$t = 0.4 \frac{n}{p}$  oraz  $Z$ . Wyniki te przedstawiono na Wykresie 5.4.

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

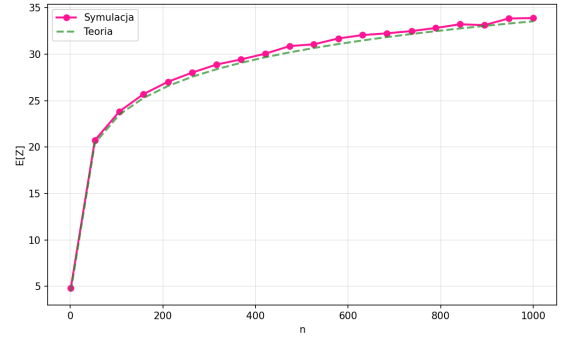
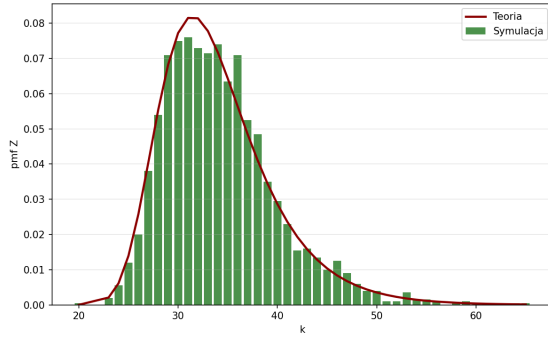


**Rysunek 5.1:** Rozkład zmiennej  $Y_t$  dla  $P_n$ .

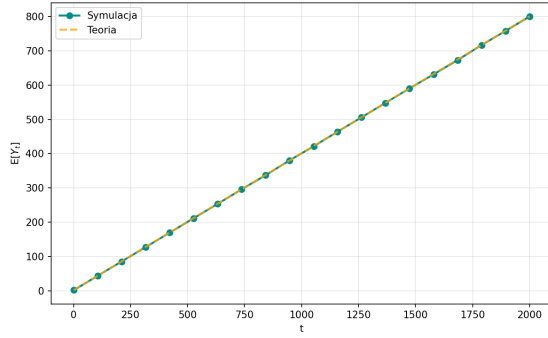


**Rysunek 5.2:** Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej  $Y_t$  dla  $S_n$ .

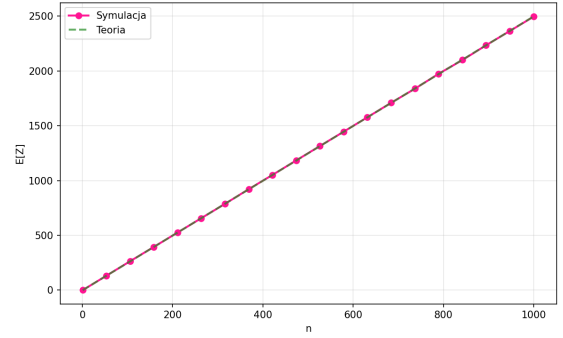




**Rysunek 5.3:** Rozkład i wartość oczekiwana zmiennej  $Z$  dla  $S_n$ .

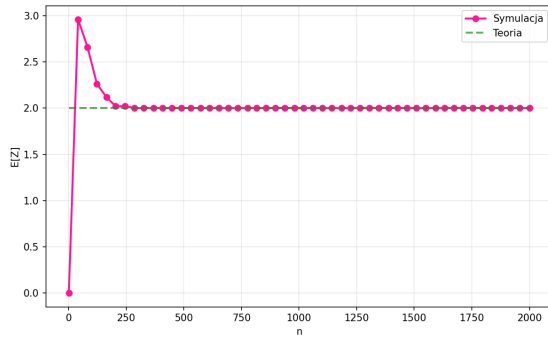


(a)  $\mathbb{E}[Y_t]$ .

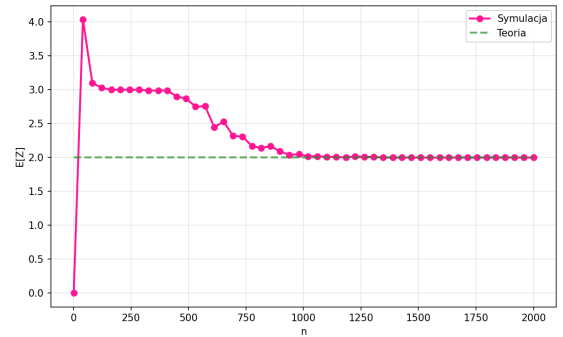


(b)  $\mathbb{E}[Z]$ .

**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 pożądanym 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  $X \sim \text{KGeo}(p, \alpha)$ . 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 w 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 oczekiwaną 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

W celu oswojenia się z bardziej skomplikowanym modelem, jakim jest SIR, przeanalizujemy 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

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

Mamy  $W = 2$  jeśli wierzchołek  $v$  zostanie kiedykolwiek zainfekowany. Stąd

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

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 wygaśnięcie 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 przekaze dalej infekcji, to  $X_v = \infty$ . Zatem  $\mathbb{P}[X_v = \infty] \geq \alpha q^n > 0$ . Jeśli rozważamy propagację jako łańcuch Markowa, to prawdopodobieństwo przejścia do stanu absorbującego, czyli  $\mathcal{I}_t = \emptyset$ , w czasie  $t$  wynosi

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

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 o zbieżności monotonicznej dostajemy wzory na rozkład i wartość oczekiwaną 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  $Z = T_1 + \dots + T_Q$ , 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 propagację 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  $X_1, \dots, X_n$  są zależne, bo gdy centralny wierzchołek wyzdrowieje, żaden z liści nie może już zostać zainfekowany.

Przyjrzyjmy się teraz zmiennej  $Y_t$ . Połóżmy  $C = \min\{\tau \in \mathbb{N} : 0 \in \mathcal{R}_\tau\}$ . 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 gwiazdnych. 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 oczekiwaną, 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 zwęższej postaci. Zatem postaramy 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

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

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

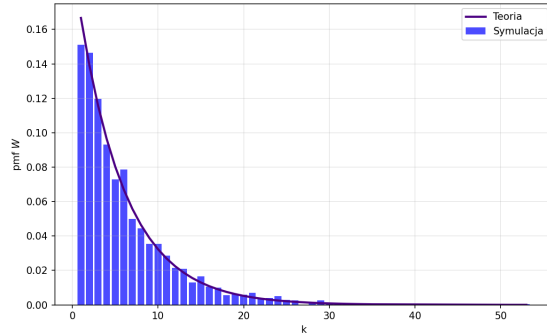
$$\mathbb{E}[Z] \approx \frac{1}{b} \cdot \left(1 - \frac{n!}{(\frac{b}{a}+1)_n}\right) = \frac{1}{\log(\beta)} \cdot \frac{n!}{(\frac{\log(\beta)}{\log(q)}+1)_n} - \frac{1}{\log(\beta)}.$$

## 7.5 Eksperymenty

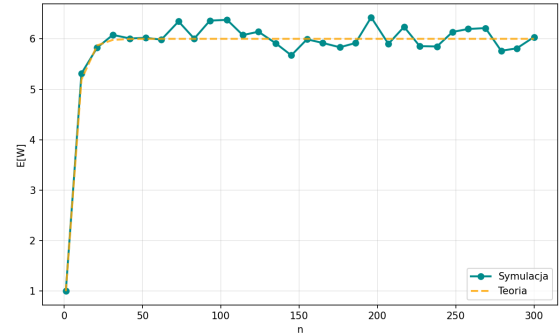
W modelu SIR symulować będziemy rozkłady zmiennych  $W, Z$  oraz ich wartości oczekiwane. Ustalmy  $p = 0.2$  oraz  $\alpha = 0.05$ . Do przeprowadzenia eksperymentu posłużymy nam Algorytm 2. Rozkłady wyznaczymy na grafach o  $n = 100$  wierzchołkach, natomiast wartości oczekiwane dla  $n \in \{1, 2,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

Jeśli chodzi o rodzinę  $P_n$ , to rozkład  $W$  pokrywa się idealnie z przewidywaniami (Wykres 7.1). Wartości oczekiwane zbiegają zgodnie z wyznaczonym wzorem. Podobnie mamy dla zmiennej losowej  $Z$  (Wykres 7.2).

Dla grafów gwiazd rozkłady zarówno  $W$  jak i  $Z$  są dobrze przybliżone (Wykres 7.3 oraz Wykres 7.4). Wartości oczekiwane  $W$  są niemal idealnie dopasowane. Możemy zauważyć dobre przybliżenie na  $\mathbb{E}[Z]$ .



(a) Rozkład zmiennej  $W$ .



(b) Wartość oczekiwana  $W$ .

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

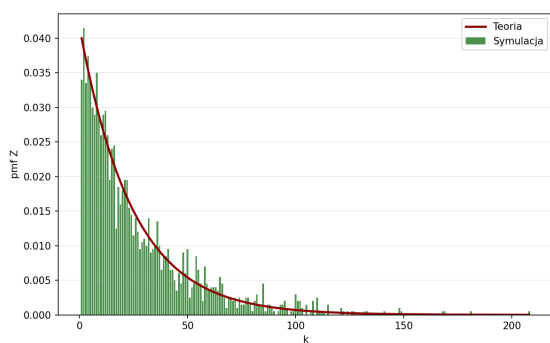
---

**Algorytm 2** Propagacja SIR

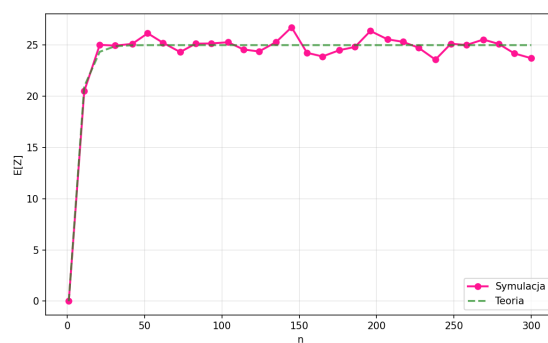
---

```
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  $(\mathcal{R}_t), Z$ 
```

---

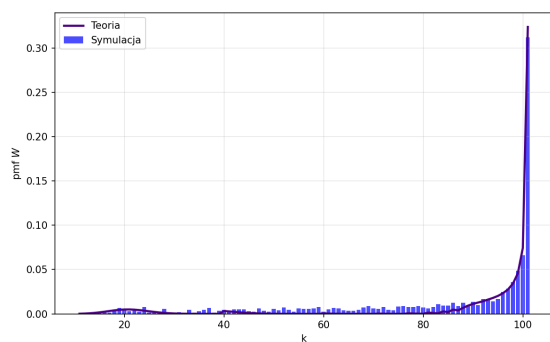


(a) Rozkład zmiennej  $Z$ .

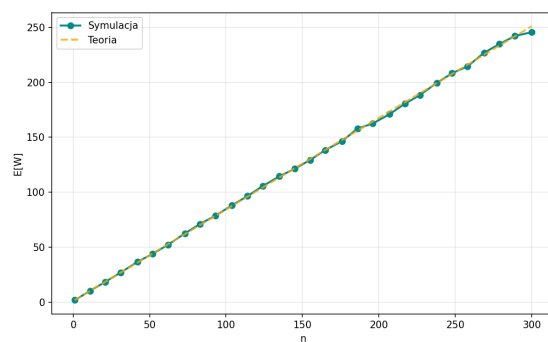


(b) Wartość oczekiwana  $Z$ .

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

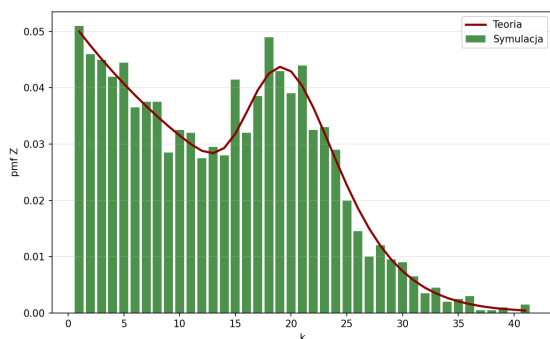


(a) Rozkład zmiennej  $W$ .

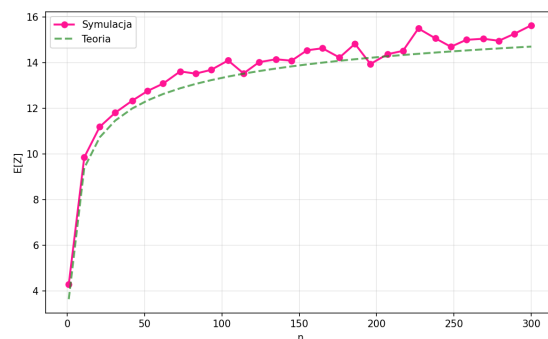


(b) Wartość oczekiwana  $W$ .

**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 zaczniemy 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

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 systemu:  $\mathcal{I}_t = \emptyset$ ,  $\mathcal{I}_t = \{u\}$ ,  $\mathcal{I}_t = \{v\}$ ,  $\mathcal{I}_t = \{u, v\}$ . 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:

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

Położmy

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

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 oczekiwaną, 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

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

Przyjrzyjmy 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

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

Macierz  $\mathbf{P}$  ma jeden stan pochłaniający, a więc ma jeden trywialny rozkład stacjonarny. Co za tym idzie ma dokładnie jedną wartość własną 1, która odpowiada wektorowi własnemu rozkładu stacjonarnego. Po usunięciu wiersza z jedynym niezerowym elementem

z pierwszej kolumny, dostajemy  $\mathbf{Q}$ , pozbywając się tej wartości własnej, przez co pozostałe wartości własne  $\mathbf{Q}$  są mniejsze od 1 co do modułu. Dlatego też ten szereg geometryczny jest zbieżny. 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  $K_2$  postaramy 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 Markowa 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 oczekiwaną 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 ([Twierdzenie 5](#))

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

a co za tym idzie

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

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 oczekiwaną 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 propagację 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](#)). Połóżmy  $\tau = \max\{20, \mathbb{E}[Z]\}$ . Dalej wyznaczmy rozkład  $Y_t$  dla  $t \in \{0.2\tau, 0.4\tau, 0.6\tau, 0.8\tau\}$ . Wartość oczekiwaną obliczymy 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 kształt 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

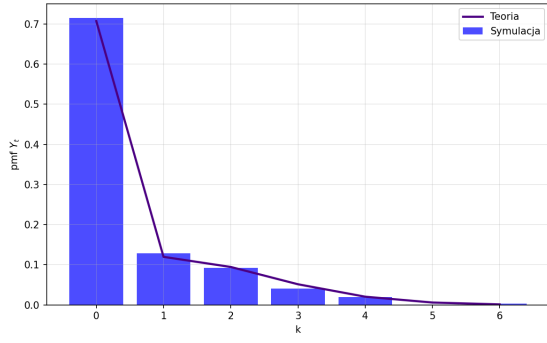
---

```

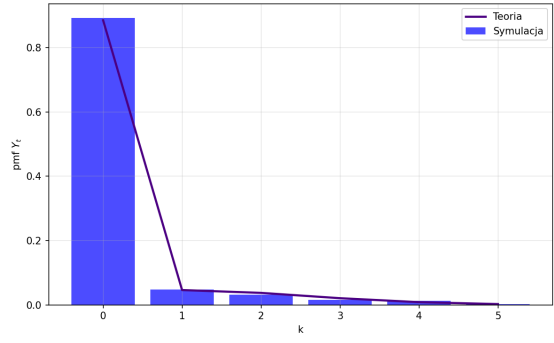
1: Input: Graf  $G = (V, E)$ , prawdopodobieństwo infekcji  $p$ , prawdopodobieństwo
   wyzdrowienia  $\alpha$ , źródło  $s \in V$ 
2: Output: Zbiór zarażonych wierzchołków  $(\mathcal{I}_t)$ , czas wymarcia infekcji  $Z$ 
3:  $\mathcal{I}_0 \leftarrow \{s\}$ 
4:  $t \leftarrow 0$ 
5: while  $\mathcal{I}_t \neq \emptyset$  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  $\text{random}() < p$  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  $\text{random}() < \alpha$  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  $(\mathcal{I}_t), Z$ 

```

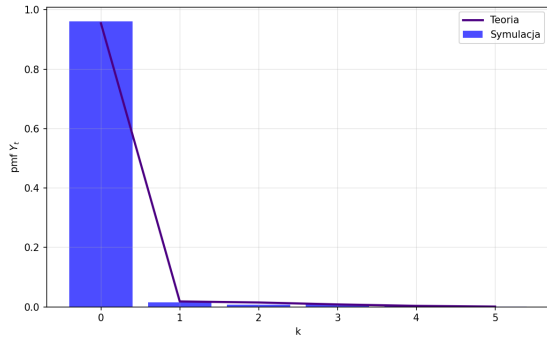
---



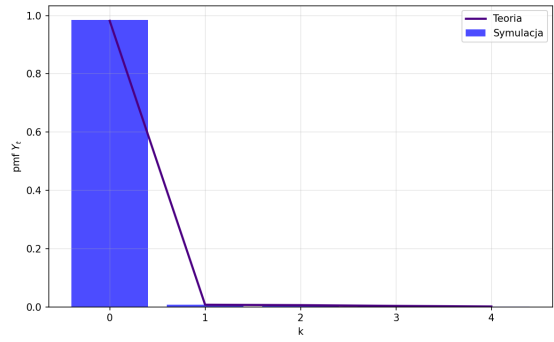
(a)  $t = 0.2\tau$ .



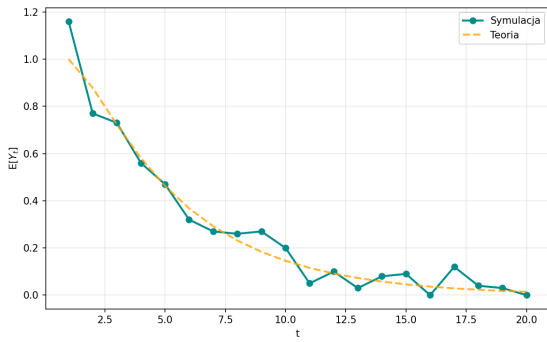
(b)  $t = 0.4\tau$ .



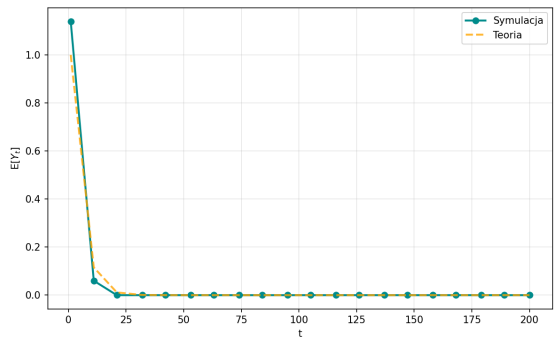
(c)  $t = 0.6\tau$ .



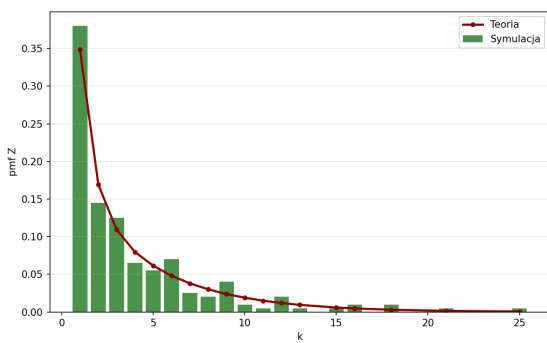
(d)  $t = 0.8\tau$ .



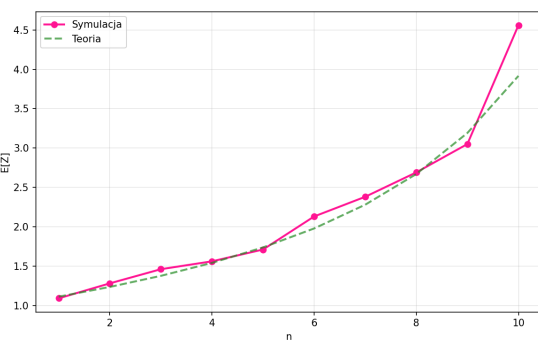
(e)  $t \leq \tau$ .



(f)  $t \leq 10\tau$ .

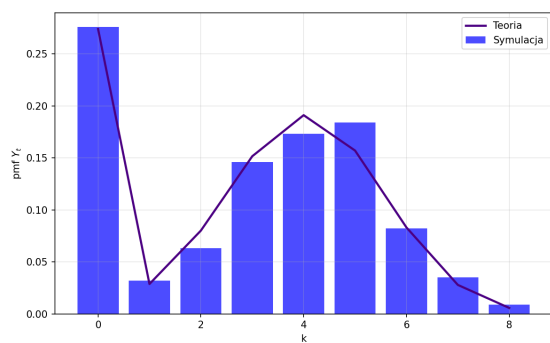


(g) Rozkład Z.

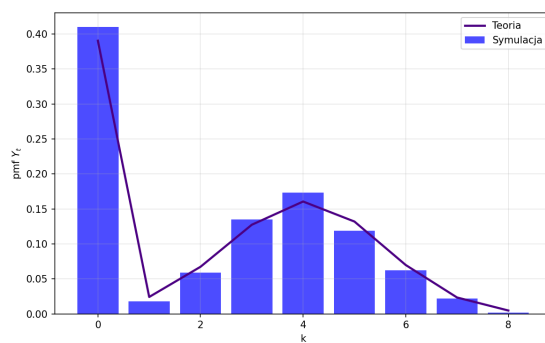


(h) Wartość oczekiwana Z.

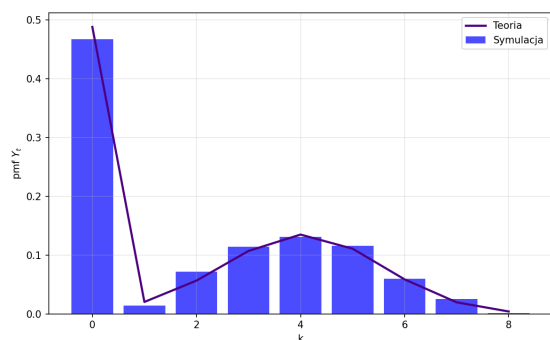
Rysunek 8.1: Rozkłady dla  $p = 0.1$ ,  $\alpha = 0.9$ .



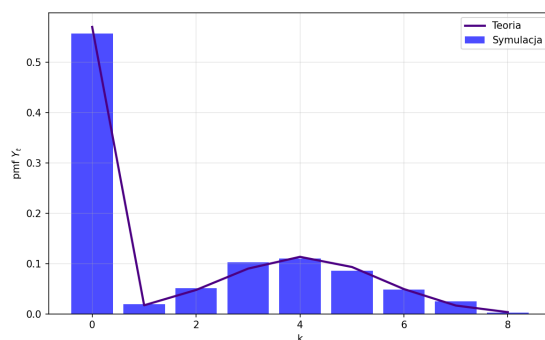
(a)  $t = 0.2\tau$ .



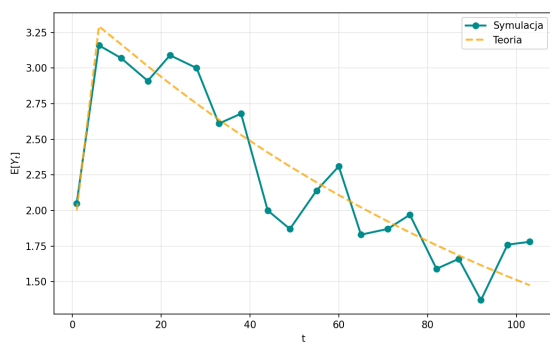
(b)  $t = 0.4\tau$ .



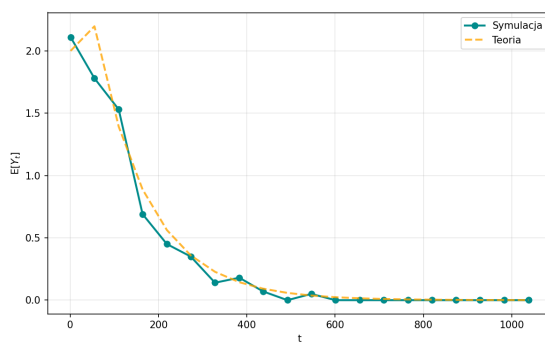
(c)  $t = 0.6\tau$ .



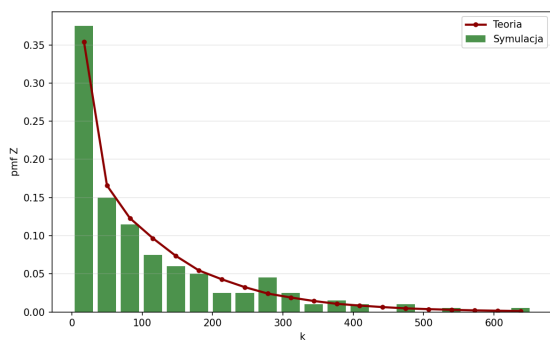
(d)  $t = 0.8\tau$ .



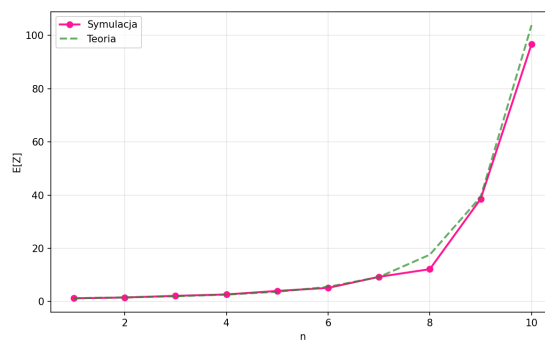
(e)  $t \leq \tau$ .



(f)  $t \leq 10\tau$ .

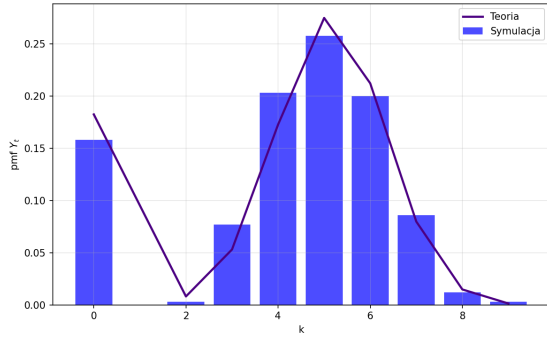


(g) Rozkład  $Z$ .

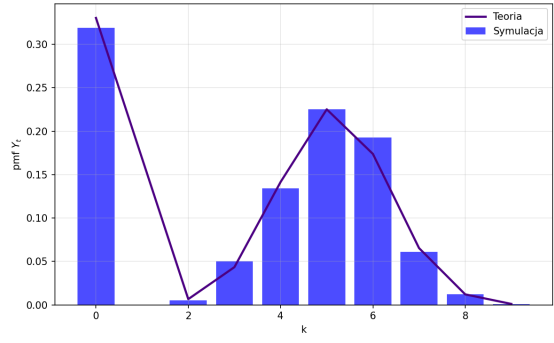


(h) Wartość oczekiwana  $Z$ .

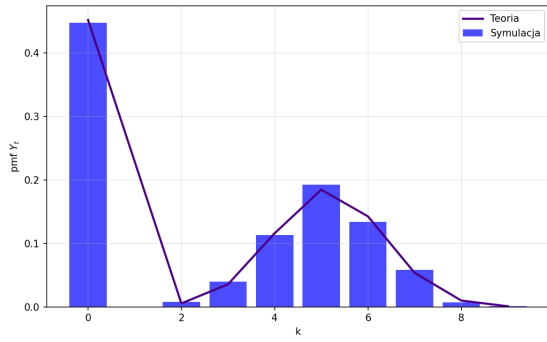
**Rysunek 8.2:** Rozkłady dla  $p = 0.2$ ,  $\alpha = 0.8$ .



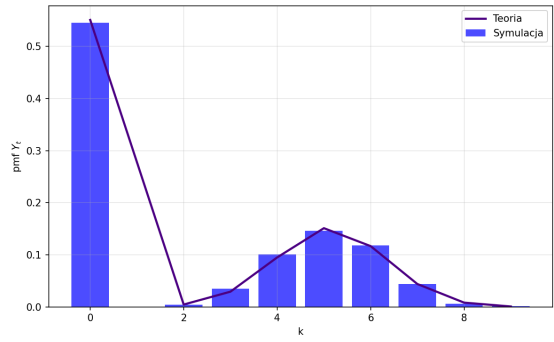
(a)  $t = 0.2\tau$ .



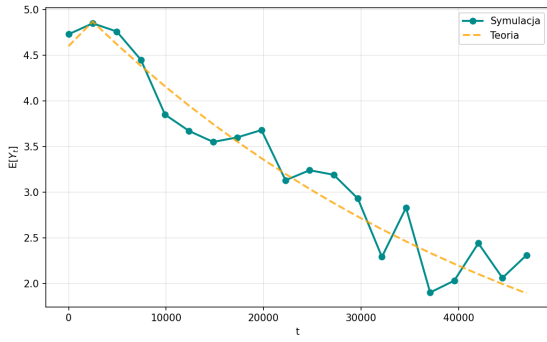
(b)  $t = 0.4\tau$ .



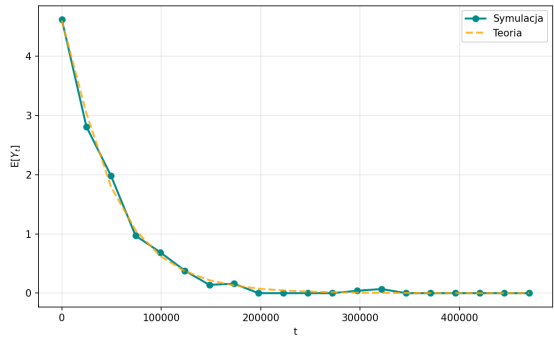
(c)  $t = 0.6\tau$ .



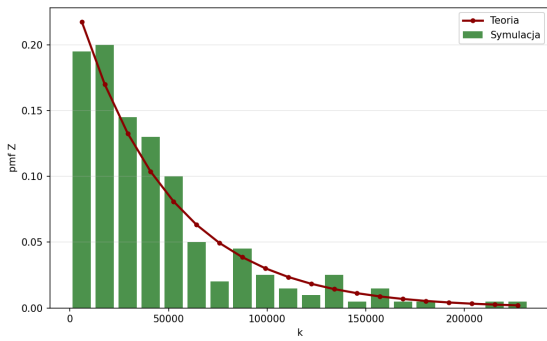
(d)  $t = 0.8\tau$ .



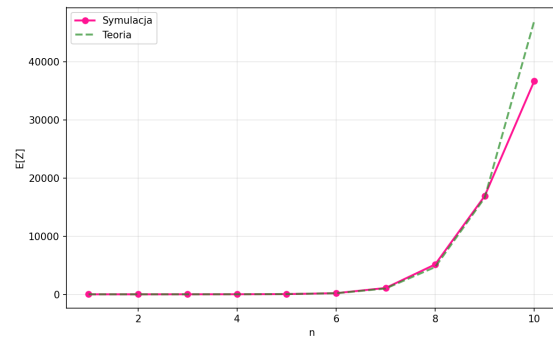
(e)  $t \leq \tau$ .



(f)  $t \leq 10\tau$ .



(g) Rozkład Z.



(h) Wartość oczekiwana Z.

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  $\alpha$  w taki sposób, żeby zapewnić wymarcie infekcji w sensownym czasie.

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

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



# Dodatek

Ten dodatek zawiera opis kodu źródłowego użytego do przeprowadzenia symulacji propagacji oraz instrukcję jego uruchomienia.

## Struktura plików

- `utils.py` — konstrukcja grafów i wzory teoretyczne
- `simulations.py` — algorytmy symulacji propagacji
- `plotting.py` — generowanie wykresów
- `main_SI.py` — skrypt do symulacji w modelu SI
- `main_SIR.py` — skrypt do symulacji w modelu SIR
- `main_SIS.py` — skrypt do symulacji w modelu SIS

## Wymagania

- System operacyjny: dowolny z obsługą Pythona (np. Linux Ubuntu 22.04, Windows 10/11)
- Python 3.11
- Menedżer pakietów `pip`
- Pakiety Python: `numpy`, `matplotlib`, `networkx`, `scipy`, `sympy`

## Uruchomienie skryptów

Aby uruchomić symulację, należy wykonać następujące kroki:

1. Rozpakuj skompresowane pliki `*.py`.
2. Utwórz wirtualne środowisko w katalogu projektu: `python -m venv .venv`.
3. Aktywuj środowisko: Linux/macOS: `source .venv/bin/activate`, Windows (PowerShell): `.venv\Scripts\Activate.ps1`.
4. Zainstaluj wymagane biblioteki w aktywnym środowisku: `pip install numpy matplotlib networkx scipy sympy`.

## 5. Uruchom wybrany skrypt `python main_*.py`.

Program zasymuluje propagację w odpowiednim modelu, z konkretnymi parametrami. Następnie stworzy wykresy przedstawiające rozkłady i wartości oczekiwane zmiennych losowych omawianych w pracy. Pliki z wykresami automatycznie zapisują się w folderze `./img`. Parametry symulacji (rozmiar grafu, prawdopodobieństwa infekcji i wyzdrowienia, liczba iteracji) definiowane są bezpośrednio w plikach `main_*.py`.



# 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 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>.
- [4] Jacek Cichoń, 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).
- [5] Saswata Das, Mohammad Hossein Samaei i Caterina Scoglio. *SIR Epidemics in Interconnected Networks: threshold curve and phase transition*. 2024. arXiv: [2307.10048](https://arxiv.org/abs/2307.10048) [math.DS]. 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](https://arxiv.org/abs/2404.12566) [math.PR]. 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).