

Masterarbeit

# Computersimulation wechselwirkender aktiver Teilchen anhand eines Gittermodells

Sebastian Steinhäuser



Betreut durch Thomas Voigtmann und Julian Reichert

# Inhaltsverzeichnis

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>Perkolation und Random-Walks in ungeordneten Medien</b>	<b>4</b>
2.1	Was ist Perkolation?	4
2.2	Perkolation auf dem Computer	6
2.2.1	Implementierung des Hoshen-Kopelman-Algorithmus	7
2.2.2	Finden von gerichtet perkolierenden Clustern	9
2.2.3	Diagonal perkolierende Cluster	9
2.3	Die fraktale Dimension des perkolierenden Clusters	13
2.3.1	Die Box-Counting-Methode	13
2.3.2	Ergebnisse der Box-Counting Analyse	15
2.4	Random-Walk in ungeordneten Medien	15
2.4.1	"Normaler" Random-Walk	15
2.4.2	Random-Walk auf dem Perkulationsgitter	16
2.4.3	Chemische Distanz	17
2.4.4	'all-cluster-' und 'percolating-cluster average'	17
2.4.5	Vergleich der Statistik mit und ohne diagonale Perkolation	21
2.4.6	Random-Walk auf diagonal perkolierenden Clustern	22
2.5	Spezielle Random-Walk Varianten auf dem Perkulationsgitter	24
2.5.1	Self-Avoiding Walk auf dem Perkulationsgitter	24
2.5.2	'Aktiver' Random-Walk auf dem Perkulationsgitter	26
2.6	Zusammenfassung und Deutung: Aktiver Random-Walk auf perkolierendem Cluster	30
<b>3</b>	<b>Eindimensionales Modell hungriger Walker</b>	<b>32</b>
3.1	Mastergleichung für den 1D PAC-MAN	32
3.1.1	Mastergleichungen allgemein	33
3.1.2	Markov'sche Einbettung und Mastergleichung eines 1D Walk mit Nahrung	33
3.2	Kombinatorische Herangehensweise	37

3.2.1	Erster Fall, $r = x$ . . . . .	38
3.2.2	Positive Random-Walks . . . . .	39
3.2.3	Zweiter Fall $r > x$ . . . . .	40
3.3	Übergangsmatrixmethode für die Markov'sche Einbettung . .	40
3.4	Definition der Schrittautokorrelationsfunktion . . . . .	41
3.5	Mean-Squared-Displacement und Schrittautokorrelation für viele Walker . . . . .	42
<b>4</b>	<b>Viele Random-Walker auf dem freien Cluster mit Nahrung (2D)</b>	<b>47</b>
4.1	Interaktion der Random-Walker . . . . .	47
4.2	Simultanes Ziehen . . . . .	48
4.2.1	Mean-Squared-Displacement . . . . .	48
4.2.2	Nahrungsvorrat und Diffusionsexponent . . . . .	49
4.2.3	Dichtekorrelation der Walker . . . . .	51
4.2.4	Dichteautokorrelation . . . . .	52
4.2.5	Korrelation mit benachbarten Blöcken . . . . .	54
4.2.6	Autokorrelation der Schritte . . . . .	56
4.3	Sukzessives Ziehen . . . . .	59
4.3.1	Mean-Squared-Displacement und Nahrungsvorrat . . .	59
4.4	Mean-Squared-Displacement bei unterschiedlichen Walkerdichten . . . . .	60
4.5	Mean-Squared-Displacement mit neuem Aufpunkt . . . . .	61
<b>5</b>	<b>Viele Random-Walker auf dem perkolierenden Cluster mit Nahrung (2D)</b>	<b>64</b>
5.1	Simulation von 10% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster . . . . .	65
5.2	Mean-Squared-Displacement bei unterschiedlichen Walkerdichten . . . . .	67
5.3	Mean-Squared-Displacement auf dem perkolierenden Cluster mit neuem Aufpunkt . . . . .	70
<b>6</b>	<b>Transiente Mean-Squared-Displacements</b>	<b>73</b>
6.1	Beispiele für transiente msd . . . . .	73
6.2	Minimalmodel eines Walkers auf einem Nahrungsquadrat, echte Subdiffusion . . . . .	74
6.3	PAC-MAN Verhalten als unendliche Transiente . . . . .	79
<b>7</b>	<b>Nachfüllen der Nahrung</b>	<b>80</b>
7.1	Einleitung/Idee . . . . .	80

7.2	Simulation bei verschiedenen Walkerdichten . . . . .	81
7.2.1	10% Walkerdichte . . . . .	81
7.2.2	1% Walkerdichte . . . . .	85
7.2.3	Vergleich . . . . .	87
7.3	Mehrere Auffüllversuche pro Walker . . . . .	88
<b>8</b>	<b>Zusammenfassung/Ausblick</b>	<b>92</b>
<b>A</b>	<b>Mathematica Notebook zum 1D Walk</b>	<b>94</b>

# Kapitel 1

## Einleitung

Die Bewegung aktiver Teilchen ist in verschiedensten Bereichen sowie Schnittstellen zwischen der Physik, Biologie und Medizin nach wie vor von hohem Interesse. Modelle aktiver Teilchen helfen das mikroskopischen Verhalten von Zellen oder Bakterien zu erklären. Weitere Beispiele aktiver Materie auf makroskopischer Ebene sind Fisch- und Vogelschwärme.

Gittermodelle spielen eine große Rolle in der computergestützten Physik, da ihre diskrete Struktur ideal in Programme für den Computer umgewandelt werden kann ohne vorher noch 'künstlich' diskretisiert zu werden, wie es beim numerischen Lösen von (partiellen) Differentialgleichungen oder ähnlichem der Fall ist. Desweiteren lassen sich Gittermodelle einfach formulieren und kommen oft mit wenigen Parametern mit intuitiver Bedeutung aus. Es entstehen so einfache abstrakte Modelle für aktive Teilchen, zum Beispiel lassen sich Staus und Warteschlangen anhand des TASEP-Modell erklären ('totally asymmetric simple exclusion process')[5] Gittermodelle, wie zum Beispiel der TASEP, werden häufig anhand sogenannter Monte-Carlo-Simulationen (kurz: MC) untersucht.

Die Idee der Monte-Carlo-Simulation ist es, durch Ziehen von Zufallszahlen einen analytisch schwer oder unmöglich berechenbaren Zustandsraum zu sampeln. So konnte beispielsweise Georges-Louis Leclerc, Comte de Buffon schon im Jahre 1777 die Kreiszahl  $\pi$  über die wohl erste durchgeführte Monte-Carlo-'Simulation' bestimmen. Buffon lies dabei Nadeln fixer Länge auf ein liniertes Papier fallen und zählte, wieviele Nadeln die Linien schneiden. Für die Wahrscheinlichkeit, dass eine Nadel die Linie schneidet existiert eine analytische Formel. Buffon konnte also anhand dieser Formel und aus dem Verhältnis von 'Treffern' zu 'Versuchen' die Kreiszahl  $\pi$  bestimmen[11].

Knapp 200 Jahre später und mit der Hilfe von Computern nutzen Nicholas Metropolis, Arianna W. Rosenbluth, Marshall N. Rosenbluth, Augusta H. Teller und Edward Teller die Idee der Monte-Carlo-Simulation unter zur Hil-

fenahme der 'detailed balance' für ihre berühmte Arbeit über die Zustandsgleichung harter Kugeln (Scheiben) in zwei Dimensionen[16]. Diese Arbeit hatte schnell Verallgemeinerungen auf weitere Dimensionen und Lennard-Jones-Systemen[19] zur Folge und brachte einen enormen Fortschritt im Bereich der Flüssigkeiten. Ein berühmtes Beispiel für ein mit Monte-Carlo-Simulation untersuchtes Gittermodell ist der 'selbstmeidende-Pfad', auch: 'self-avoiding-walk' (SAW) genannt. Anhand von Computersimulation dieser SAW's (in drei Dimensionen) konnte die in der Polymerphysik bekannte Florryexponent für das 'power-law' zwischen der Anzahl an Monomere und der End-to-End Länge des Polymers, von dem vorher vermuteten  $\nu = \frac{3}{5}$  auf  $\nu \approx 0.585$  korrigiert werden[7]. Der SAW gibt genau den sogenannten 'excluded volume' Effekt wieder, denn zwei Monomere können sich nicht an derselben Stelle befinden.

Perkolierende Cluster waren in den 70er und 80er Jahren stark diskutierte Themen, da so Phänomene wie die elektrische Leitfähigkeit von Legierungen, Ausbreitungen von Epidemien und Waldbränden beschrieben werden können [10] sowie poröse Medien nachgestellt werden können[18]. Der Random-Walk auf dem perkolierenden Cluster ist ein Modell, welches die Diffusion in porösen Medien erklären kann. Es tritt sogenannte 'anomale' Diffusion[6] auf, also ein nicht-triviales Potenzgesetz für das *msd* (mittlere quadratische Verschiebung).

Die statistische Physik bietet zudem die Möglichkeit auch auf völlig andere neue Gebiete/Bereiche angewendet zu werden, in diesem Fall wird das PAC-MAN Spiel der 80er Jahre mit Methoden der (computergestützten) statistischen Physik untersucht[18], genauer: anhand von Monte-Carlo-Simulationen. Ein weiteres schönes Beispiel, wo statistische Physik 'zweckentfremdet' angewendet werden kann, ist das allseits bekannte Schachspiel. Auch hier können Aussagen über einen ansonsten unüberschaubar großen Zustandsraum (die Stellung der Figuren) getroffen werden[3].

In dem 'Clearing out a maze'-Paper[18] wird ein Modell für einen biased Random-Walk bei dem zuvor unbesuchte Felder mit einem bestimmten Parameter (der sogenannten 'Nahrungspropensität') unterschiedlich stark bevorzugt werden, auf dem perkolierenden Cluster untersucht und als Chemotaxis in porösen Medien interpretiert.

Ergebnis dieser Arbeit ist, dass dieses Modell eine anomale Diffusion mit einem neuen (zuvor in aktiver und passiver Dynamik) unbekannten, von der Nahrungspropensität abhängigen, Exponenten für das *msd*-Potenzgesetz hervorruft. Es wurde gefunden, dass der Diffusionsexponent mit steigender Nahrungspropensität abnimmt, wohingegen ein Walk dieser Art auf dem freien Gitter (ohne Hindernisse) sich schneller ausbreiten würde.

In dieser Arbeit widme ich mich hauptsächlich der Verallgemeinerung des in [18] aufgestellten 'PAC-MAN'-Modells. Neben analytischen (Mastergleichung) und semi-analytischen Überlegungen in 1D mit einem sowie mehreren Walkern untersuche ich numerisch die durch 'Chemotaxis' induzierte dynamische Wechselwirkung zwischen den Walkern. Diese numerischen Monte-Carlo-Simulationen werden sowohl auf dem freien Gitter als auch wie in [18] auf dem perkolierenden Cluster durchgeführt. Im weiteren Verlauf dieser Arbeit möchte ich ein sehr einfaches zweidimensionales Modell in der freien Ebene von einem Random-Walk mit einer bestimmten Nahrungsverteilung vorführen, welche das mean-squared-displacement eines Walkers kurzzeitig unterhalb des mean-squared-displacements der freien Diffusion bringt.

Ich möchte diese Arbeit mit der Diskussion einer stationären Variante des Prozesses abschließen. Es werden zufällige Felder auf dem perkolierenden Cluster ausgesucht und versucht mit Nahrung zu befüllen. Ein Versuch kann nur dann akzeptiert werden, wenn das Feld nicht ohnehin schon Nahrung enthält. Dadurch, dass bei geringerem Nahrungslevel die Wahrscheinlichkeit nicht mit Nahrung belegte Felder zu ziehen und diese mit Nahrung zu befüllen steigt, stellt sich ein gewisses Nahrungslevel ein. Dies ist ähnlich wie das Equilibrieren der Temperatur in Molekulardynamik-Simulationen anzusehen. Hat sich das Nahrungslevel einmal eingestellt, können – im Gegensatz zu vorherigen Teilen dieser Arbeit – stationäre *msds* ermittelt werden.

## Kapitel 2

# Perkolation und Random-Walks in ungeordneten Medien

### 2.1 Was ist Perkolation?

In dieser Arbeit geht es um Perkolation und vor allem um den Random-Walk (mathematisches Modell für eine Bewegung, bei der die einzelnen Schritte zufällig erfolgen) auf einem perkolierenden Cluster in einem Quadratgitter in zwei Raumdimensionen. In diesem Fall gibt es zwei geläufige Perkulationsmodelle, Knotenperkolation (engl. 'site-percolation') und Kantenperkolation (engl. 'bond-percolation'), hier wird immer über Knotenperkolation gesprochen. In folgender Abbildung wird der Unterschied zwischen Knoten- und Kantenperkolation bildlich dargestellt [10].

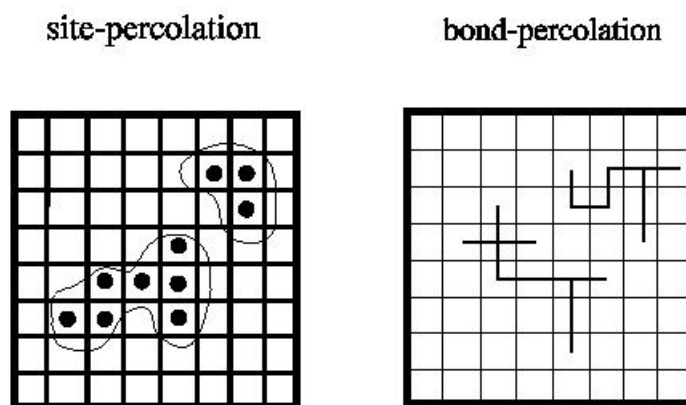


Abbildung 2.1: Knoten- und Kantenperkolation



Die einzelnen Plätze auf dem Quadratgitter werden zufällig jeweils mit einer Wahrscheinlichkeit  $1 - p$  geblockt. Es ist Konvention, die Wahrscheinlichkeit, dass ein Platz frei ist, mit  $p$  zu bezeichnen, diese Konvention möchte ich hier erhalten. Geblockte Plätze können nicht besetzt werden. Man kann sich geblockte Plätze wie Wände eines Labyrinths vorstellen, durch die der Random-Walker später nicht hindurch kommt.

Nun definiert man einen Cluster als eine Gruppe benachbarter Quadrate, die begehbar sind, also nicht geblockt. Man nennt einen Cluster perkolierend, wenn sich der Cluster von einer Kante zur gegenüberliegenden Kante erstreckt, so dass zum Beispiel Wasser durch das Gitter fließen könnte, ähnlich wie es durch eine Kaffeemaschine (engl. 'percolator') perkoliert/sickert. Vereinfacht gesagt, kann ein Random-Walker auf dem perkolierenden Cluster sich unendlich ausbreiten und ist nicht 'eingesperrt'. Man kann sich nun leicht vorstellen, dass wenn kaum Felder geblockt sind (also  $p$  nahe 1) sich auf dem (unendlich großen) Quadratgitter stets ein perkolierender Cluster finden lässt, und wenn kaum Felder begehbar sind (also  $p$  nahe 0), sich nie ein perkolierender Cluster finden lässt. Es gibt dazwischen einen sogenannten 'kritischen Wert'  $p = p_c \approx 0.5928$  [20], bis zu welchem das unendliche Quadratgitter perkoliert; auch Perkolationsschwelle oder englisch percolation-threshold genannt. Historisch geht die Perkolationstheorie (engl. 'percolation theory') auf Paul Flory und Walter H. Stockmayer zurück, die sie während des zweiten Weltkriegs entwickelten, um Polymerisationsprozesse zu beschreiben. Der Polymerisationsprozess kommt durch das Aneinanderreihen von Molekülen zustande, die dadurch Makromoleküle bilden. Der Verbund solcher Makromoleküle führt zu einem Netzwerk von Verbindungen, die sich durch das ganze System ziehen können [10].

Üblicherweise wird der Beginn der Perkolationstheorie mit einer Publikation von Broadbent und Hammersley aus dem Jahre 1957 in Verbindung gebracht, in welcher der Name eingeführt wurde und in welcher sie mit den oben erläuterten geometrischen und wahrscheinlichkeitstheoretischen Konzepten mathematischer behandelt wurde. Hammersley erwähnt in seiner persönlichen Geschichte der Perkolation in 'Percolation Structures and Processes', dass die (damals) neuen Computer, die für die Wissenschaftler dieser Zeit zugänglich wurden, einer der Gründe für die Entwicklung der Perkolationstheorie waren: Hier handelte es sich um Probleme, bei denen die Computer nützlich werden konnten.

## 2.2 Perkolation auf dem Computer

Es ist selbstverständlich nicht möglich, ein unendlich großes Quadratgitter mit zufällig geblockten und freien Gitterplätzen auf dem Computer zu erzeugen, daher wird hier stets ein endliches Quadratgitter (auf dem Computer in Form einer Matrix/Array gespeichert) und mit periodischen Randbedingungen ausgestattet. Um perkolierende Cluster dieser zufällig erzeugten Matrix zu finden, nutzt man den sogenannten Hoshen-Kopelman-Algorithmus [12]. Dieser Algorithmus lässt sich am besten an einem Beispiel erklären. Im nachfolgenden Bild sind freie Felder grau und geblockte Felder weiß. Graue Felder, die an einer Kante verbunden sind (wo der Random-Walker also von einem Feld ins andere kann), werden mit demselben Label versehen.

1			2		
	2 <sup>3</sup>	2 <sup>3</sup>	2	2	
		2			
4	4		5	5	
		5 <sup>6</sup>	5		7
				7 <sup>8</sup>	7

Abbildung 2.2: Veranschaulichung des Hoshen-Kopelman-Algorithmus  
Die 'alten' Labels stehen – falls unterschiedlich vom Label – oben in der rechten Ecke.

### 2.2.1 Implementierung des Hoshen-Kopelmann-Algorithmus

Die Idee, wie man dieses anschauliche Nummerieren auf den Computer überträgt, ist es die Matrix von zum Beispiel oben links beginnend abzugehen. Stößt man auf ein begehbares Feld (also einen Eintrag 1 in der Matrix), vergleicht man das Label dieses Feldes mit den Labels der Felder über und links von diesem Feld. Haben beide dasselbe Label, so wird dieses auch in das Feld, welches aktuell bearbeitet wird, eingetragen; haben die beiden Felder ein unterschiedliches Label, wird in einer Liste vermerkt man, dass diese beiden Label jetzt durch das aktuell zu bearbeitende Feld verbunden sind, und später zusammengefügt werden müssen. Sind die Felder oben und links von dem zu bearbeitenden Feld geblockt, labelt man das Feld mit dem nächst größeren, noch nicht benutzten Label. Ist man in diesem Verfahren die Matrix vollständig abgegangen, werden die verlinkten Labels zusammengefügt; es gilt als Konvention das kleinst mögliche Label zu verwenden. Zum Beispiel verlinkt das vierte Feld der zweiten Reihe in obiger Abbildung 2 die Labels 2 und 3 oder das vierte Feld der fünften Reihe die Labels 5 und 6. In Python ist dieser Algorithmus für das Labeling (welcher auch in der Bildverarbeitung genutzt wird) bereits in der *scipy.ndimage* Bibliothek als *measurements* vorhanden. Nachfolgende Grafik zeigt einen Pseudocode[12] des Hoshen-Kopelmann-Algorithmus, man kann schön die Unterteilung in Scannen des Clusters, Verlinken von Labels (*union*) und Finden der Äquivalenzklasse (des Labels) (*find*) sehen.

**Raster Scan and Labeling on the Grid**

```
largest_label = 0;
for x in 0 to n_columns {
    for y in 0 to n_rows {
        if occupied[x,y] then
            left = occupied[x-1,y];
            above = occupied[x,y-1];
            if (left == 0) and (above == 0) then /* Neither a label above nor to the left. */
                largest_label = largest_label + 1; /* Make a new, as-yet-unused cluster label. */
                label[x,y] = largest_label;
            else if (left != 0) and (above == 0) then /* One neighbor, to the left. */
                label[x,y] = find(left);
            else if (left == 0) and (above != 0) then /* One neighbor, above. */
                label[x,y] = find(above);
            else /* Neighbors BOTH to the left and above. */
                union(left,above); /* Link the left and above clusters. */
                label[x,y] = find(left);
        }
    }
}
```

**Union**

```
void union(int x, int y) {
    labels[find(x)] = find(y);
}
```

**Find**

```
int find(int x) {
    int y = x;
    while (labels[y] != y)
        y = labels[y];
    while (labels[x] != x) {
        int z = labels[x];
        labels[x] = y;
        x = z;
    }
    return y;
}
```

Abbildung 2.3: Pseudocode des Hoshen-Kopelman-Algorithmus

### 2.2.2 Finden von gerichtet perkolierenden Clustern

Geht ein Cluster von einem Rand zum gegenüberliegenden Rand, also tritt an diesen beiden Kanten das selbe Label auf, so perkoliert dieser Cluster in der endlichen Matrix. Durch die periodischen Randbedingungen muss das Label am gegenüberliegenden Rand in der gleichen 'Höhe' auftreten. Es wird also einfach der linke Rand der Matrix abgegangen und das jeweilige Label mit dem Label an dem rechten Rand verglichen. Analog verfährt man mit dem oberen/unteren Rand. Diese Möglichkeit der Perkolation ist durch die periodischen Randbedingungen allerdings nicht die einzige, wie das nächste Unterunterkapitel zeigt.

### 2.2.3 Diagonal perkolierende Cluster

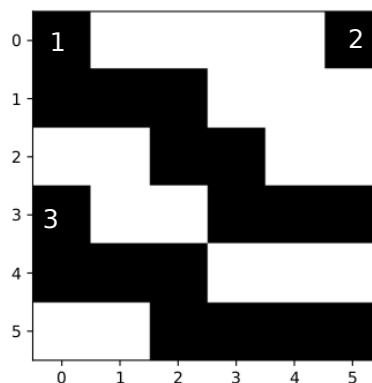


Abbildung 2.4: Beispiel eines diagonal perkolierenden Clusters

Neben den in §2.2.2 beschriebenen gerichtet perkolierenden Clustern existieren noch Cluster, die diagonal über die periodischen Randbedingungen perkolieren. Ein Beispiel ist in Abbildung 4 zu sehen, aus dem ersten Cluster gelangt man über periodische Randbedingungen in den dritten Cluster, geht man aus der Position 5,5 nach unten, gelangt man in den dritten Cluster in der oberen rechten Ecke, mit einem Schritt nach rechts, ist man wieder in Cluster 1.

Das Finden dieser Cluster stellt sich als schwieriger heraus, als das Finden der gerichtet perkolierenden Cluster, da man nicht einfach nur die Labels über die periodischen Randbedingungen verlinken darf, wie das nachfolgende Beispiel zeigt.

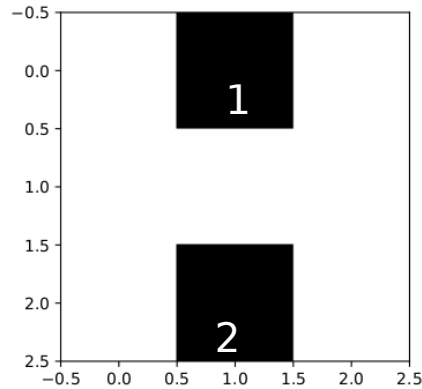


Abbildung 2.5: Es existiert offensichtlich kein perkolierender Cluster.

Würde man einfach das Labeln über periodische Randbedingung machen, würden beide Blöcke entsprechend Label 1 erhalten. Dem Kriterium aus §1.2.2 zufolge hätte man einen perkolierenden Cluster gefunden. Dies ist ganz offensichtlich falsch, da es sich um einen Cluster endlicher Größe handelt.

Der (scheinbar) korrekte Algorithmus den perkolierenden Cluster zu finden, ist es, Cluster, die sich über periodische Randbedingungen berühren, in einer Verlinkungsliste zu speichern; zusätzlich zu den Labels muss die Richtung gespeichert werden. Man wählt die Konvention: links entspricht  $(-1, 0)$  rechts  $(+1, 0)$  unten  $(0, -1)$  und oben entsprechend  $(0, +1)$ . Zu dem 'Weg' in der Verlinkungsliste muss die Summe der Richtungen gebildet werden, ist diese ungleich  $(0, 0)$ , so perkolieren die Cluster, die verlinkt sind. Man muss (rekursiv) eine Suchfunktion implementieren, die alle zu einem gegebenen Label verlinkten Labels findet. Auf alle verlinkten Labels wird erneut rekursiv die Suchfunktion angewendet und so weiter. Wird das Ausgangslabel gefunden, müssen die Richtungen addiert werden und mit  $(0, 0)$  verglichen werden.

Am Beispiel der in Abbildung 4 gezeigten Matrix bedeutet dies:  $1 \rightarrow 3$  erhält Richtung  $(+1, 0)$ ,  $3 \rightarrow 2$  erhält Richtung  $(0, -1)$  und  $2 \rightarrow 1$  wieder  $(+1, 0)$ . Insgesamt hat dieser Weg also die Richtung  $(+2, -1) \neq (0, 0)$  und wird von dem Algorithmus gefunden.

Im Gegensatz dazu, zeigt die nächste Abbildung eine Matrix mit einem  $(0, 0)$  Loop; man "läuft im Kreis" ohne dass wirklich eine Box durchschritten wird. Diese Matrix wird auch nicht als perkolierend gefunden, eignet sich aber sehr gut zum Debuggen.

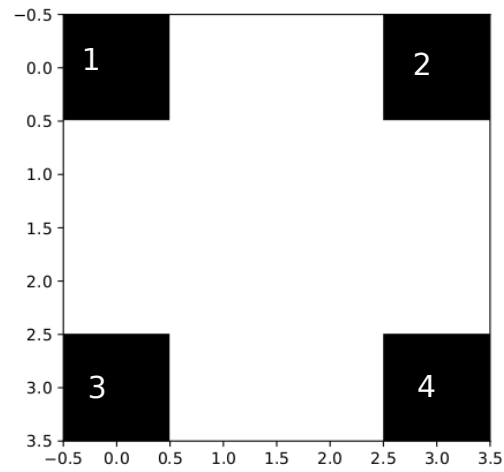


Abbildung 2.6: Es existiert offensichtlich kein perkolierender Cluster.

Das einzige Problem ist, dass dieser Algorithmus schlecht mit der Boxgröße skaliert, da die Anzahl der Labels quadratisch mit der Boxgröße wächst und die Zahl der Knoten nochmals quadratisch mit der der Labels zunimmt. Der Algorithmus skaliert also ungefähr mit  $L^4$ , wobei  $L$  die Boxlänge bezeichnet. Unten sieht man den oben beschriebenen Teil zur Suche diagonal perkolierender Cluster als Python Code, welcher auch in den nachfolgenden Simulationen genutzt worden ist.

```
# if we did not yet find a percolating cluster inside the box,
# we could have percolation across periodic boundary images
# to find them, go through all cross-boundary links and try
# to find a closed loop among them
# if such a loop exists, *and* this loop circles around such that
# it comes back to its start in a periodic image that is offset
# from the original by at least one in one direction,
# we have a percolating cluster (else, just an isolated loop that
# happens to lie across a box boundary); to figure this out, we
# store with the cross-boundary links also a sense of direction
sadd=lambda xs,ys: tuple(x + y for x, y in zip(xs, ys))
def seekpath (path,pathdir,l,lstart,looplist):
    path = list(path)
    mylooplist = list(looplist)
    path.append(l)
    for n in range(len(mylooplist)):
        (l1,l2,linkdir,inpath)=mylooplist[n]
        if not inpath:
            if l==l1: # and not (len(path)>1 and l2==path[-2]):
                mylooplist[n]=(l1,l2,linkdir,1)
                if l2==lstart:
                    #print "found loop: ",path,sadd(pathdir,linkdir)
                    if not sadd(pathdir,linkdir)==(0,0):
                        return 1
                else:
                    return seekpath (path,sadd(pathdir,linkdir),l2,lstart,mylooplist)
    return 0
for l in range(len(loopstarts)):
    if loopstarts[l]:
        percolates[l]=seekpath ([],(0,0),l,l,looplist)
```

Abbildung 2.7: Python-Code zur Suche diagonal perkolierender Cluster



## 2.3 Die fraktale Dimension des perkolierenden Clusters

Fraktal ist ein vom Mathematiker Benoît Mandelbrot 1975 geprägter Begriff (lateinisch 'fractus' = 'gebrochen', von lateinisch 'frangere' = 'in Stücke zerbrechen'), der bestimmte natürliche oder künstliche Gebilde oder geometrische Muster bezeichnet.

Diese Gebilde oder Muster besitzen im Allgemeinen keine ganzzahlige Hausdorff-Dimension, sondern eine gebrochene – daher der Name – und weisen zudem einen hohen Grad von Skaleninvarianz bzw. Selbstähnlichkeit auf. Das ist beispielsweise der Fall, wenn ein Objekt aus mehreren verkleinerten Kopien seiner selbst besteht. Geometrische Objekte dieser Art unterscheiden sich in wesentlichen Aspekten von gewöhnlichen, glatten Figuren (zitiert aus: [1]).

Perkolierende Cluster sind (unter Berücksichtigung der Gitterauflösung) ebenfalls fraktale Objekte. Ziel dieses Abschnitts ist es, die fraktale Dimension von perkolierenden Clustern zu bestimmen, um zu überprüfen ob meine Cluster dieselbe fraktale Dimension wie der Literaturwert haben. Ebenfalls soll die fraktale Dimension der perkolierenden Cluster mit der 'walk-dimension'  $d_w = 1/\nu$  von Random-Walks auf ihnen verglichen werden.

Im folgenden Unterabschnitt wird eine (relativ simple) numerische Methode vorgestellt, mit welcher die fraktale Dimension des perkolierenden Clusters (und des Sierpinski-Dreiecks) bestimmt wird.

### 2.3.1 Die Box-Counting-Methode

Zur Bestimmung der fraktalen Dimension wird die sogenannte Box-Counting-Methode verwendet.[2]

Es werden sukzessive Boxen von der Größe  $l = 2^n$ ,  $l = 2^{n-1}$ , ...,  $l = 2$  gebildet und jeweils die Anzahl der gesuchten Felder (hier also Labels des perkolierenden Clusters) gezählt. Die fraktale Dimension ist dann der Exponent, bzw. hier bei doppelt logarithmischer Auftragung der Vorfaktor, wie die Anzahl der gesuchten Felder und die Boxgröße miteinander skalieren. Hier wurde eine leichte Veränderung des Codes von Nicolas P. Rougier verwendet[17]. Rougier hat mit diesem Code erfolgreich die fraktale Dimension des Sierpinski-Dreiecks numerisch bestimmt.

Genauere Details und mögliche Implementierung dieser Methode können dem nachfolgenden Python3 Code entnommen werden.

Die Funktion `curve_fit` ist aus der `scipy.optimize` Bibliothek.

```

def fractal_dimension(Z, label):

    # Only for 2d image
    assert(len(Z.shape) == 2)

    def boxcount(Z, k):
        points = 0
        for i in range(k):
            for j in range(k):
                if Z[i,j] == label:
                    points += 1
        return points

    # Minimal dimension of image
    p = min(Z.shape)

    # Greatest power of 2 less than or equal to p
    n = 2**np.floor(np.log(p)/np.log(2))

    # Extract the exponent
    n = int(np.log(n)/np.log(2))

    # Build successive box sizes (from 2**n down to 2**1)
    sizes = 2**np.arange(n, 1, -1)

    # Actual box counting with decreasing size
    counts = []
    sizelist = []
    for size in sizes:
        count = boxcount(Z, size)
        if count > 0:
            counts.append(count)
            sizelist.append(size)

    # Fit the successive log(sizes) with log (counts)
    print(sizelist, counts)
    def func(t, alpha, y):
        return t**alpha * y
    coeffs = curve_fit(func, np.log(sizelist), np.log(counts), bounds=(0, [1.0, 10]))
    return coeffs[0][1]

```

Abbildung 2.8: Python3 Code für das Box-Counting zur Bestimmung der fraktalen Dimension des perkolierenden Clusters.

### 2.3.2 Ergebnisse der Box-Counting Analyse

Die durchschnittliche fraktale Dimension eines perkolierenden Clusters, gemittelt aus 1000 perkolierenden Clustern, auf einem  $1024 \times 1024$  Gitter (1024 statt bisher 1000 um eine Zweierpotenz mehr berücksichtigen zu können) bestimmt mit dem oben beschriebenen Python3 Code beträgt  $d_f \approx 1.76$ . Dies ist in guter Übereinstimmung mit zuvor getätigten Computersimulationen, die ebenfalls einen Wert zwischen  $1.7 - 1.8$  für die fraktale Dimension  $d_f$  vorhersagen (siehe [21]).

Die nachfolgende Abbildung zeigt ein Histogramm mit der Bingröße 0.01 zur Verteilung der mit der Box-Counting Analyse bestimmten fraktalen Dimension von 1000 perkolierenden Clustern in einem  $1024 \times 1024$  Gitter.

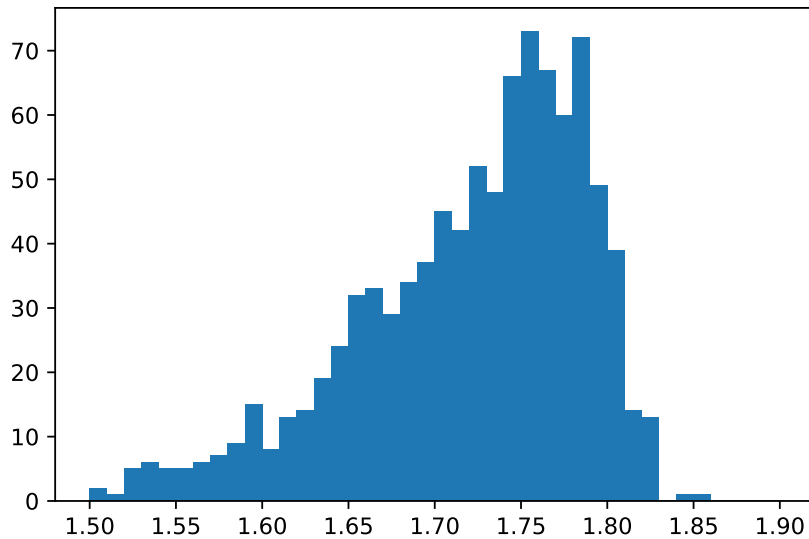


Abbildung 2.9: Histogramm der via Box-Counting Analyse bestimmten fraktalen Dimension von 1000 perkolierenden Clustern

## 2.4 Random-Walk in ungeordneten Medien

### 2.4.1 "Normaler" Random-Walk

Der (diskrete) Random-Walk auf dem freien Quadratgitter mit Hüpfwahrscheinlichkeit  $\frac{1}{d}$  auf jeden der  $d$  nächsten Nachbarn, wobei  $d$  die Dimension des Gitter bezeichnet, unterliegt bekanntlich normaler Diffusion. Das heißt, dass

das mittlere Verschiebungsquadrat (engl. mean squared displacement), welches im Weiteren mit  $msd$  abgekürzt wird, linear mit der Anzahl an Schritten anwächst. Im kontinuierlichen Fall gilt die bekannte Formel:

$$msd(t) \equiv \langle \delta r^2(t) \rangle = 2dDt ,$$

wobei (wie oben)  $d$  die Dimension und  $D$  der Diffusionskoeffizient sind, und hier gilt  $D = \frac{1}{2d}$ .

## 2.4.2 Random-Walk auf dem Perkulationsgitter

Das Perkulationsgitter bei dem nur ein zufälliger Bruchteil der Gitterplätze begehbar sind und die anderen geblockt sind, ist ein besonders einfaches Modell für ein ungeordnetes Medium. Eine spannende Frage - die in den 70er und 80er Jahren des vergangenen Jahrhunderts durch eine Vielzahl von Computersimulationen geklärt wurde - ist, wie sich ein Random-Walker auf so einem unregelmäßigen Perkulationsgitter für verschiedene  $p$  (= Wahrscheinlichkeit das ein Gitterplatz begehbar ist) verhält. Speziell geht man, motiviert durch die fraktale Struktur der Cluster, von einem Potenzgesetz:

$$msd(t) \sim t^{2\nu}, \quad \nu = 1/d_w \quad (2.1)$$

aus, wobei  $\nu$  als Diffusionsexponent bezeichnet wird und  $d_w$  als 'walk dimension'. Der im Feld der weichen Materie bekannte französische Physiker Pierre-Gilles de Gennes nannte diese Fragestellung 1976 die 'Ameise im Labyrinth'. [20]

Zuerst muss man die Hüpfwahrscheinlichkeiten festlegen, also ob  $\frac{1}{f.n.N.}$  ( $f.n.N.$  für freie nächste Nachbarn) oder wie bei dem freien Random-Walk  $\frac{1}{d}$  und Züge auf ein geblocktes Feld ablehnen/verweigern. Für lange Zeiten sind beide Varianten äquivalent ('blind' vs 'myopic' ants) [9].

Nun überlegt man sich leicht die beiden Extremfälle  $p$  nahe 1 und  $p$  nahe 0. Im ersten Fall ( $p \approx 1$ ) erwartet man sofort  $\nu \rightarrow 1/2$ , da es kaum 'Hindernisse' gibt und der Random-Walker nahezu ungestört laufen kann. Andersherum, bei  $p$  nahe 0 erwartet man, dass es keine perkolierenden Cluster gibt, somit ist der Random-Walker 'eingesperrt' in sogenannte 'Taschen', damit das  $msd$  beschränkt und somit  $\nu \rightarrow 0$  für lange Zeiten. Besonders spannend ist dieses Problem also in der Nähe der Perkulationsschwelle  $p = p_c$ ; hier findet sich ein nicht-trivialer Diffusionsexponent, d.h. ein Diffusionsexponent der weder  $1/2$  noch 0 ist. Gefen, Aharony und Alexander nannten diesen Effekt, dass das  $msd$  weder normal (linear,  $\nu = 1/2$ ) mit  $t$  anwächst noch beschränkt ist, sondern für lange Zeiten asymptotisch einem Potenzgesetz mit  $\nu \neq 1/2$  folgt, 'anomale Diffusion' [6]. Diese anomale Diffusion wird, im Falle des unendlich

großen Gitters, nur für  $p = p_c$  gefunden, denn für  $p < p_c$  existiert kein perkolierender Cluster, das  $msd$  ist also beschränkt. Ist  $p > p_c$  so gilt für  $t \rightarrow \infty$  immer  $msd \sim t$ . Aber es gibt für  $p$  nahe  $p_c$  ein 'Fenster' mit  $msd \sim t^{2\nu}$ , wobei  $\nu < 1/2$  ist (siehe auch [13] für ein schematisches Bild mit 'Fenster').

### 2.4.3 Chemische Distanz

Prinzipiell muss man, um über  $msds$  zu sprechen, zuerst eine Metrik festlegen, um Abstände zu messen. Meist wird (wie hier auch geschehen) ohne Erwähnung einfach die Euklidische Metrik genutzt. Im Fall von ungeordneten Medien und besonders von perkolierenden Clustern kann auch die sogenannte 'chemische Distanz/Metrik' genutzt werden, welche wie folgt definiert ist: 'Die chemische Distanz zwischen Gitterplatz  $a$  und Gitterplatz  $b$  bezeichnet die minimale Anzahl Schritte, um (auf erlaubtem Wege) von  $a$  nach  $b$  zu kommen.'

Diese chemische Distanz kann auf dem perkolierenden Cluster offenbar stark von der Euklidischen Distanz abweichen, da Hindernisse 'gerade' Wege blockieren können und 'Umwege' erfordern.

### 2.4.4 'all-cluster-' und 'percolating-cluster average'

Es gibt im Allgemeinen zwei Varianten, wie man  $\nu_{pc}$  auffassen kann, man mittelt über zufällige Startpunkte auf dem zufällig geblockten Quadratgitter oder man mittelt über Startwerte, die nur auf dem perkolierenden Cluster liegen ('all-cluster average' und 'percolating-cluster average'). Es ist zu erwarten, dass der Exponent bei dem 'all-cluster average' unter dem Exponenten des 'percolating-cluster average' liegt, da beim 'all-cluster average' auch in sogenannten Taschen gestartet wird, in denen das  $msd$  beschränkt ist. Die aktuell bekannten 'Literaturwerte' sind  $d_w^{a.c.} \approx 3.036$  und  $d_w^{p.c.} \approx 2.878$ , woraus sich  $\nu_{pc}^{a.c.} \approx 0.329$  und  $\nu_{pc}^{p.c.} \approx 0.347$  ergeben[8]. In dieser Arbeit wurde versucht diese Werte durch Monte-Carlo-Simulation (MC) zu reproduzieren. Es wurde eine Gitterlänge  $L = 1000$  verwendet und die Perkolationsschwelle als  $p_c = 0.592\ 746$  angenommen. Es wurden zu beiden Mittelungsvarianten über 100 Läufe auf je 100 zufälligen Matrizen gemittelt, wobei nicht auf diagonale Perkolation getestet worden ist (aus Laufzeitgründen). Die Läufe waren je  $10^6$  MC-Schritte lang und wurden auf einem (10er-) logarithmischen Grid gespeichert mit 48 Speicherstellen.

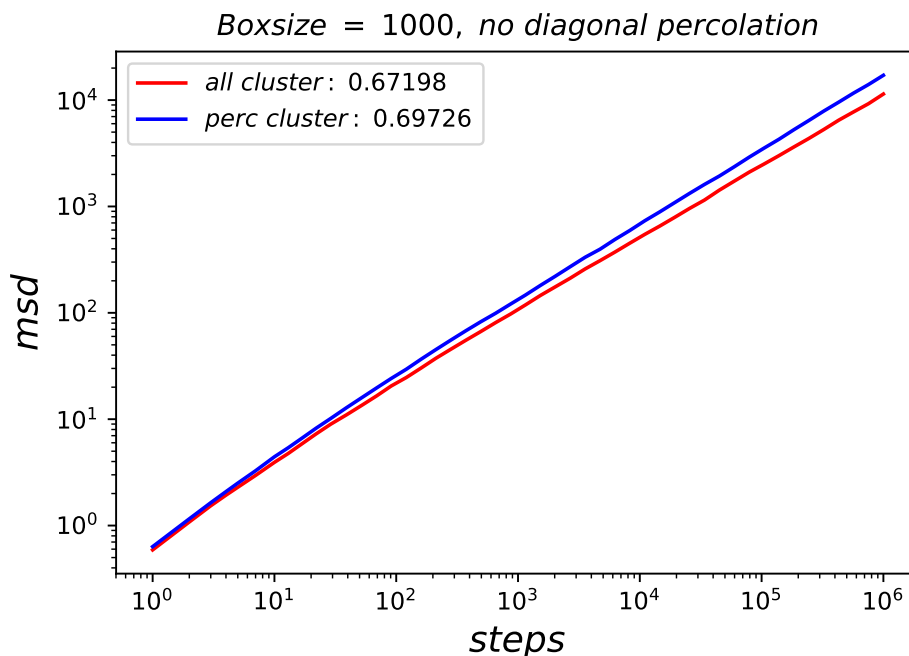


Abbildung 2.10: Ergebnisse meiner Python3 MC-Simulation. Der 'all-cluster average' ist in rot, der 'percolating-cluster average' in blau; es wurden keine diagonal perkolierenden Cluster in die Statistik aufgenommen.

Die Exponenten wurden über einen `scipy.optimize.curve_fit` als  $2\nu_{pc}^{a.c.} \approx 0.6712$  und  $2\nu_{pc}^{a.c.} \approx 0.6973$  bestimmt. Die Methode, den Exponenten durch einen fit zu bestimmen, hat sich als (teilweise je nach Sampleanzahl deutlich) stabiler herausgestellt als das Bestimmen der Ableitung durch eine 'central-difference' oder 'forward-difference' Methode, welche unter sehr hohen numerischen Fehler leidet, da zwei sehr große Zahlen voneinander abgezogen werden, deren Differenz klein ist. Dieses Problem ist bekannt als 'catastrophic cancellation'. Nimmt man Werte, die weiter auseinander liegen (also ein größeres  $h$ ), so wird die Ableitung ebenfalls sehr ungenau, da der Fehler quadratisch ('central-difference') beziehungsweise linear ('forward-difference') mit dem Abstand  $h$  wächst. Ein lokaler Mittelwert hilft etwas, die 'Zacken' in der numerischen Ableitung zu glätten, ist aber durch das logarithmische Grid mit Vorsicht zu genießen, da spätere Zeiten stärker gewichtet werden. Im nachfolgenden Plot ist die numerische Ableitung mit dem Fit-Parameter verglichen und ebenfalls die gefittete Kurve (in schwarz) an das 'all-cluster'

mean-squared-displacement angelegt. Man erkennt, dass die numerische Ableitung, welche mit der 'forward-difference' Methode bestimmt wurde, und Fit übereinstimmen. Auf oben beschriebenes Glätten der Ableitung wurde verzichtet, da eine ausreichende Anzahl an Samples für eine relativ glatte Kurve vorliegt (soweit man bei der Ableitung von stochastischen Daten von glatt reden kann).

Den Diffusionsexponenten kann man unter der Annahme einer 'power-law' für das  $msd$ , also Gleichung 2.1 über die Formel:

$$2\nu = \frac{msd'(t)}{msd(t)} \cdot t \quad (2.2)$$

bestimmen. Da  $msd'(t) \sim 2\nu \cdot t^{2\nu-1}$  gilt, wobei sich der Proportionalitätsfaktor aufgrund der Linearität der Ableitung mit dem  $msd$  im Nenner kürzt.

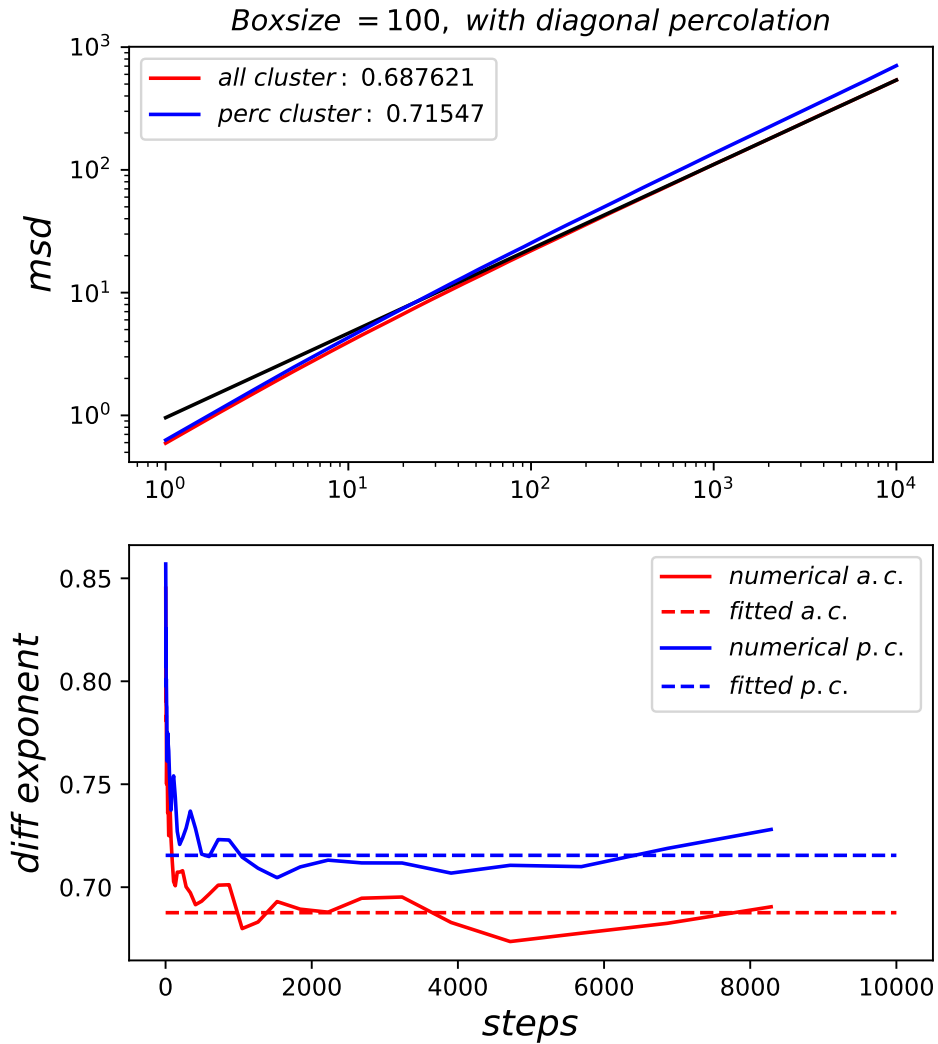


Abbildung 2.11: Ergebnisse meiner Python3 MC-Simulation  
 Der 'all-cluster average' ist in rot, der 'percolating-cluster average' in blau, es wurden keine diagonal perkolierenden Cluster in die Statistik aufgenommen.



### 2.4.5 Vergleich der Statistik mit und ohne diagonale Perkolation

In kleineren Simulationsboxen treten finite-size Effekte auf. Die Diffusions-exponenten sind weiter von den Literaturwerten für eine unendliche Box entfernt; dennoch sind (bei gleicher Boxgröße), wie nachfolgender Plot zeigt, die Exponenten mit diagonal perkolierenden Clustern näher am Literaturwerten für eine unendliche Box. Es sind bei einer Boxgröße  $L = 100$  ca. 18,6% der perkolierenden Cluster diagonal perkolierend. Größere Boxen sind aktuell durch zu hohe Laufzeit des Clustersuch-Algorithmus nicht (im Rahmen einer Masterarbeit, bzw. deren Einarbeitung) realisierbar.

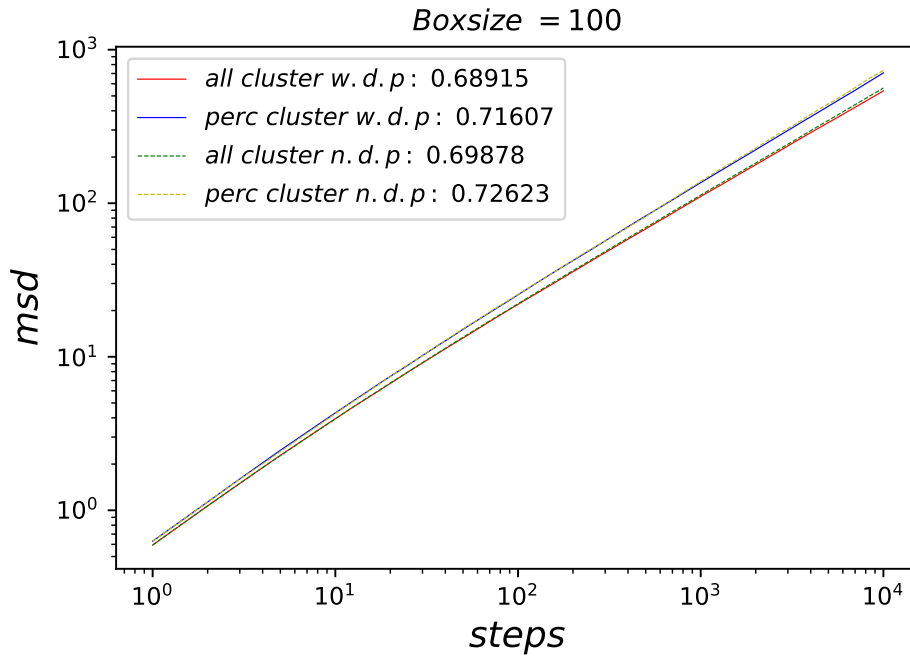


Abbildung 2.12: Vergleich von Statistik mit (w.d.p.) und ohne (n.d.p.) diagonal perkolierende Cluster, gesampelt über 1000 Läufe auf je 500 Matrizen.

Man sieht vor allem an den Werten, dass der Literaturwert von  $2\nu_{pc}^{p.c.} \approx 0.694$  nun unterschätzt wird (bezogen auf den 'percolating-cluster average'). Zudem ist der Wert bei der Box mit Länge  $L = 1000$  ohne diagonal perkolierende Cluster näher am Literaturwert. Man sollte also lieber auf das Finden der diagonal perkolierenden Cluster verzichten und größere Boxen wählen, denn der 'finite-size' Fehler scheint größer als der Fehler, den das Auslassen der diagonal perkolierenden Cluster verursacht.

### 2.4.6 Random-Walk auf diagonal perkolierenden Clustern

Um den Einfluss der diagonal perkolierenden Cluster besser zu verstehen, habe ich eine Simulation von 1000 Läufen auf je 500 diagonal perkolierenden Clustern angefertigt ('percolating-cluster average'). Die Boxgröße beträgt  $L = 100$ . Es wurde  $\nu_{pc}^{p.c.} \approx 0.681$  gefunden, dieser Wert unterschreitet den Literaturwert von  $\nu_{pc}^{p.c.} \approx 0.694$ . Dies ist leicht einzusehen, denn diagonale Läufe haben ein geringeres  $msd$ , da ein Schritt nach (z.B.) rechts gefolgt von einem Schritt nach (z.B.) oben ein  $msd$  von 2 ergibt, wohingegen zwei Schritte in eine Richtung ein  $msd$  von 4 ergeben. Die diagonal perkolierenden Cluster führen also auch dazu, dass das  $msd$  geringer wird. So lässt sich erklären, dass auch bei der Simulation der  $L = 1000$  Box in §2.4.4 beide Exponenten überschätzt werden.

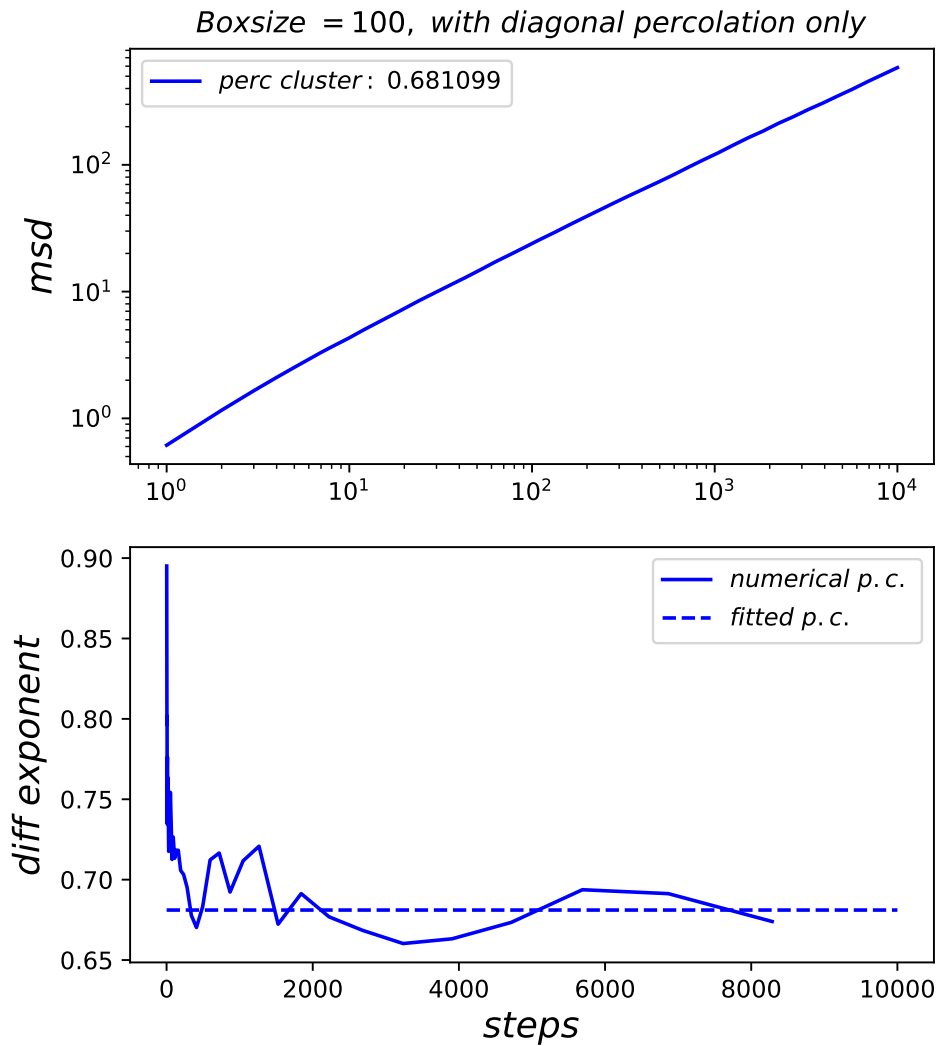


Abbildung 2.13: Vergleich von Statistik mit und ohne diagonal perkolierende Cluster, gesamplet über 1000 Läufe auf je 500 Matrizen.

## 2.5 Spezielle Random-Walk Varianten auf dem Perkulationsgitter

### 2.5.1 Self-Avoiding Walk auf dem Perkulationsgitter

Self-Avoiding Walks (kurz: SAW), also Random-Walks, die niemals zu einem zuvor besuchten Gitterplatz zurückkehren, sind ein Standardthema in der Physik der weichen Materie, da sie ein Modell für Polymerketten geben und meist auch eines der ersten Beispiele für einen nicht-markovschen stochastischen Prozess. Der Exponent  $\nu^{SAW}$  des *msd* beim SAW ist daher von besonderem Interesse, da er eine Verbingung zwischen mittlerer Größe eines Polymers und der Anzahl der Kettenglieder schafft:

$$\tilde{R} \equiv \sqrt{\langle R^2 \rangle} \sim N^{\nu^{SAW}},$$

wobei  $\tilde{R}$  der Durchmesser des Polymers ist.

Nun lässt sich auch leicht die Frage formulieren wie sich ein SAW auf dem Perkulationsgitter ausbreitet. Der normale Random-Walk ist langsamer geworden, genauer:  $\nu_{pc} \equiv \nu_{pc}^{p.c.} < 1/2$ , im Gegensatz dazu wird der SAW auf dem Perkulationsgitter schneller. In anderen Computersimulationen wurde  $\nu^{pcSAW} \approx 0.78$  gefunden, wohingegen  $\nu^{SAW} = 3/4 = 0.75$  ist<sup>5,6</sup>. Die Nachstehende Graphik zeigt, dass auch endliche SAW sich auf dem Perkulationscluster schneller ausbreiten als auf dem freien Gitter<sup>7</sup>. Der SAW ist ein wichtiger Vergleich zu dem 'aktiven' Random-Walk.

---

<sup>5</sup>V. Blavatska und W. Janke, Europhy. Lett. 82, 6606 (2008)

<sup>6</sup>N. Fricke und W. Janke, Europhys. Lett. 99, 56005 (2012)

<sup>7</sup>Lee, Nakanishi und Kim, Phys. Rev. B 39, 13 (1989)

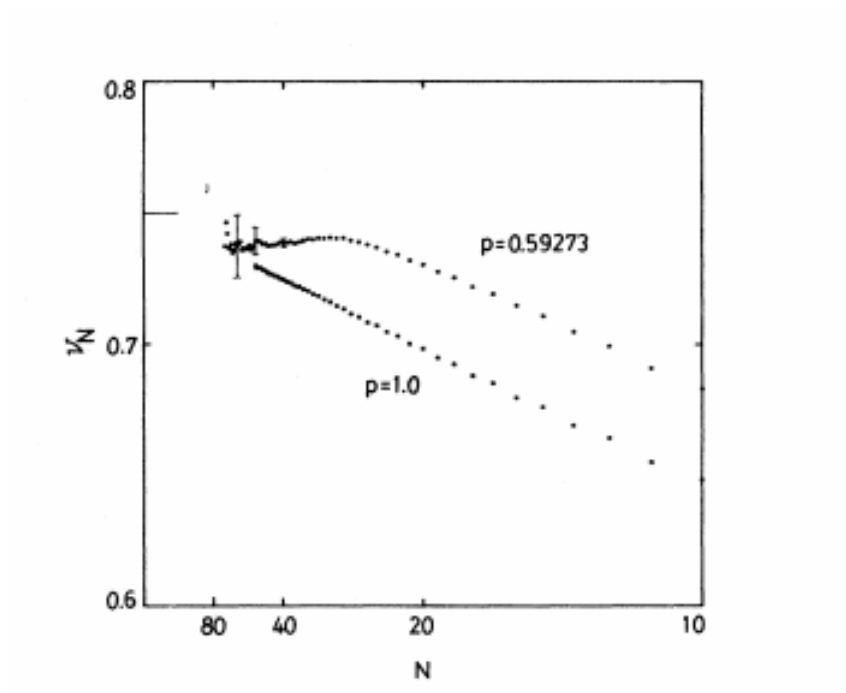


Abbildung 2.14: Ergebnisse einer MC-Simulation von Lee, Nakanishi und Kim  
 $N$  bezeichnet die Länge des SAWs.

### 2.5.2 'Aktiver' Random-Walk auf dem Perkulationsgitter

Es wird nun eine Variante des Random-Walk betrachtet, welche zuvor noch nicht besuchte Plätze bevorzugt. Diese Variante eines Random-Walks kann man zum Beispiel für die Modellierung von Chemotaxis von Bakterien verwenden. Das Modell sieht wie folgt aus: Man generiert zuerst das Perkulationsgitter, danach werden begehbare Gitterplätze mit 'Nahrung' belegt, welche vom Random-Walker bei dem Besuch des jeweiligen Gitterplatzes vollständig 'gegessen' wird. Der Random-Walk erinnert also an 'PAC-MAN', der durch ein Labyrinth (den perkolierenden Cluster) nach Nahrung absucht.

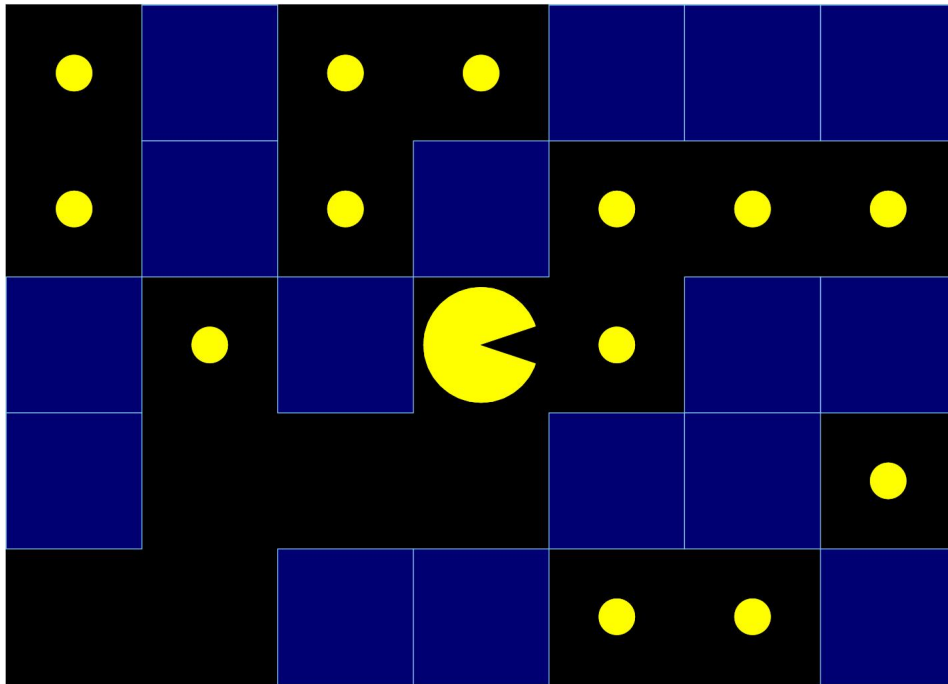


Abbildung 2.15: Veranschaulichung des Modells  
Blaue Quadrate sind geblockte Gitterplätze, kleine gelbe Kreise sind Nahrung und 'Pacman' ist der Random-Walker[18].

Die Wahrscheinlichkeiten für den nächsten Zug werden gemäß:

$$p_{j \leftarrow i} = \frac{\exp(F_j)}{\sum_j \exp(F_j)} \quad (2.3)$$

berechnet, wobei  $F_j$  die Menge der Nahrung an Gitterplatz  $j$  ist, also  $F$ , falls Gitterplatz  $j$  noch nicht besucht worden ist, und 0, falls Gitterplatz  $j$  zuvor bereits besucht wurde;  $i$  ist dabei der Gitterplatz auf dem der Random-Walker aktuell ist. Dieses Modell scheint, insbesondere für  $F \rightarrow \infty$ , zuerst dem SAW sehr ähnlich zu sein, welcher auf dem Percolationsgitter schneller wird. Monte-Carlo-Simulationen dieses 'aktiven' Random-Walkers auf dem Percolationsgitter zeigen, dass der Exponent kleiner ist, als der des normalen Random-Walkers auf dem Percolationsgitter. Die nachstehende Abbildung zeigt Ergebnisse einer Monte-Carlo-Simulation mit je 100 Walks auf 100 Percolationsgittern (Matrizen), wobei nicht auf diagonale Perkolation getestet worden ist, mit einer Größe von  $1000 \times 1000$ . Die Nahrung wird in meiner Simulation immer aus der Originalmatrix gelöscht und somit auch aus allen Kopien, welche durch die periodischen Randbedingungen entstehen. Diese Methode ist zwar nicht ganz korrekt (Quelle für finite-size-Effekte), führt aber zu keinem sichtbaren Fehler, solange die Wurzel aus dem  $msd$  kleiner als die Boxgröße ist. Der Vorteil ist, dass diese Methode schneller ist und weniger Speicher benötigt. Die Perkolationsschwelle wurde wie zuvor als  $p_c = 0.592746$  angenommen.

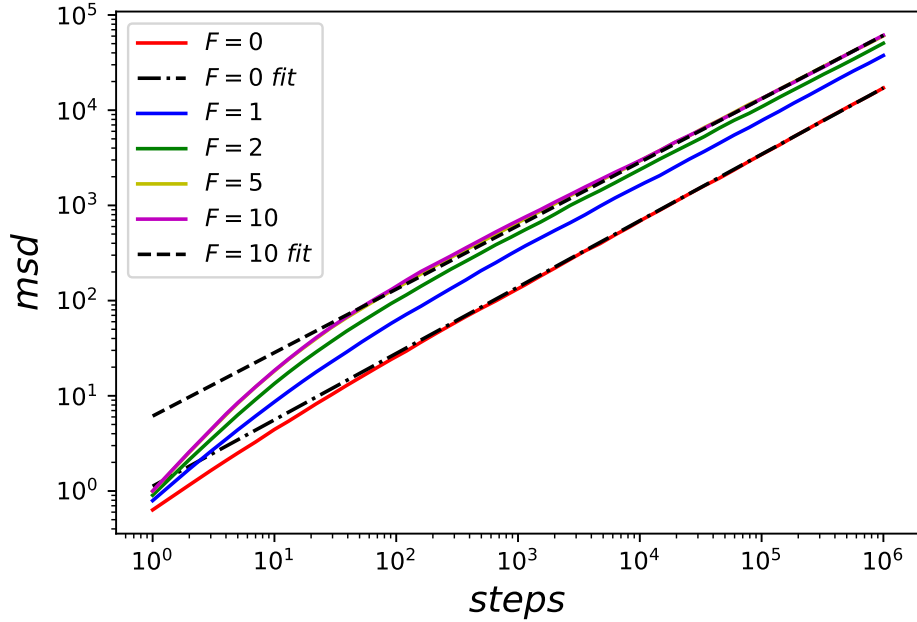


Abbildung 2.16: Ergebnisse meiner Python3 MC-Simulation des 'aktiven' Random-Walkers auf perkolierendem Cluster ohne diagonale Perkolation. Die gestrichelten Linien sind die mit scipy bestimmten Langzeit 'power-laws'.

Es lässt sich erkennen, dass mit steigendem  $F$  der Diffusionsexponent  $\nu$ , also die (halbe) Steigung der Kurve abnimmt entgegen der naiven Annahme, dass je größer  $F$  ist, desto ähnlicher wird dieses Modell dem SAW. Es wurden die folgenden Diffusionsexponenten gefunden:

$F$	$2\nu(F)$
0	0.697
1	0.682
2	0.664
5	0.655
10	0.666

Das gleiche Verhalten wurde auch bei einer kleineren Box von  $L = 100$  gefunden. Es wurde über 1000 Läufe auf je 100 Perkulationsgittern (inklusive diagonaler Perkolation) gemittelt.



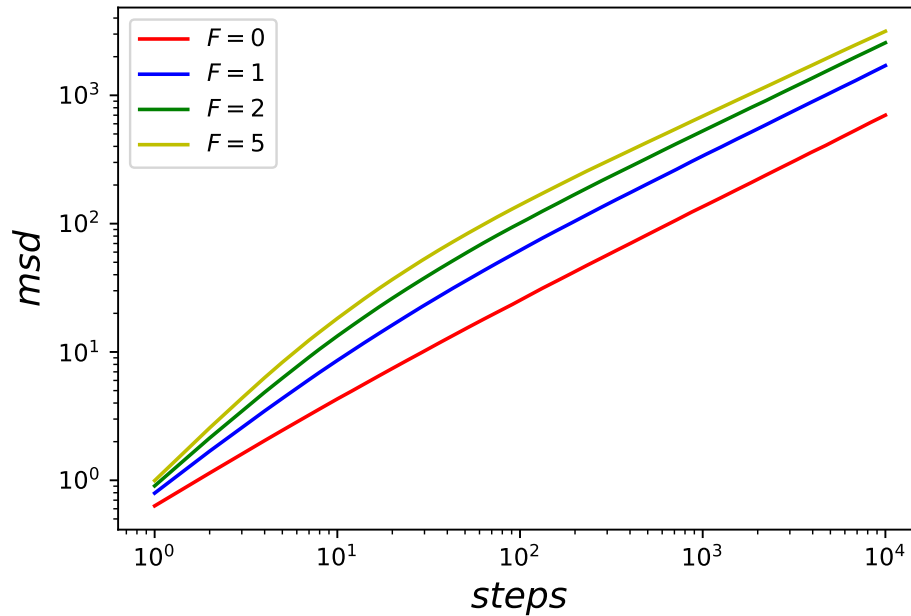


Abbildung 2.17: Ergebnisse meiner Python3 MC-Simulation des 'aktiven' Random-Walkers auf perkolierendem Cluster mit diagonalen Perkolation

Erneut wurde die Nahrung die 'PAC-MAN gegessen hat', aus der originalen Matrix und somit auch aus allen Kopien, die durch die periodischen Randbedingungen entstehen, gelöscht. Die Wurzel aus dem  $msd$  ist erneut kleiner als die Boxlänge  $L = 100$ .

Dieses Modell zeigt auch sehr schön den Unterschied zwischen fraktaler und Random-Walk Dimension, da das Perkulationsgitter (also die fraktale Dimension  $\approx 1.7 - 1.8$ ) (siehe [21]) unabhängig von  $F$  ist, die Random-Walk Dimension (also  $1/\nu$ ) aber nicht.

Monte-Carlo-Simulationen mit einer Boxgröße von  $L = 25000$  und bis zu  $10^6$  Walks auf bis zu 100 000 Matrizen zeigen das gleiche Verhalten. In diesen Simulationen[18] wurden die bereits besuchten Gitterplätze korrekt mit einem 'hash-table' nachgehalten. Die Ergebnisse dieser MC-Simulationen befinden sich in der nachfolgenden Abbildung.

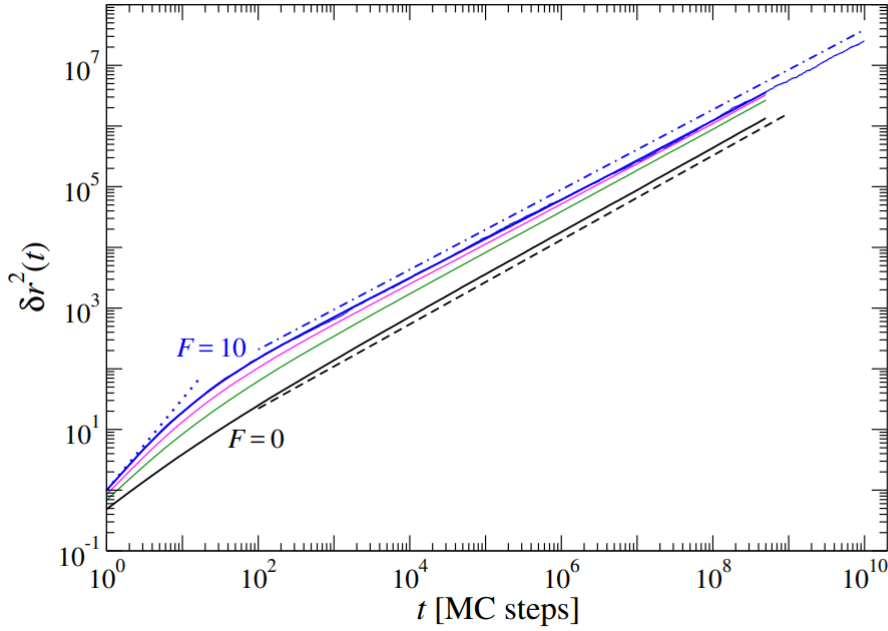


Abbildung 2.18: Die blau gepunktete Linie zeigt die power-law des SAW ( $\nu^{SAW} = 3/4$ ), die blau gepunktet/gestrichelte Linie eine power-law zum Exponenten  $\nu = 0.33$ .

## 2.6 Zusammenfassung und Deutung: Aktiver Random-Walk auf perkolierendem Cluster

Der aktive oder besser gesagt nahrungssuchende Random Walk auf dem perkolierenden Cluster scheint zunächst dem self-avoiding-walk auf perkolierendem Cluster zu ähneln, es stellt sich jedoch ein völlig verschiedenes Verhalten heraus. Der SAW breitet sich auf dem Perkolationsgitter schneller aus als ein normaler SAW auf dem freien Gitter. Der PAC-MAN-Walk wird langsamer

als der klassische Random-Walk auf dem Perkulationsgitter und somit insbesondere viel langsamer als der, zunächst ähnlich erscheinende, SAW auf dem Perkulationsgitter.

Wie lassen sich diese Unterschiede erklären?

Dem neuen PAC-MAN-Walker sind sogenannte Sackgassen (dünne 'Äste' die keinen selbstmeidenden 'Rückweg' erlauben) des perkolierenden Clusters zugänglich, er wird sogar durch die Nahrung in diese Sackgassen gezogen und frisst sie leer. Anschließend muss der PAC-MAN-Walker diese Sackgassen diffusiv wieder verlassen, um den Cluster weiter nach Nahrung abzusuchen. Der SAW kann diese Sackgassen nicht betreten, verbringt also seine gesamte Zeit auf dem sogenannten 'backbone' des perkolierenden Clusters, auf welchen ich in dieser Arbeit nicht weiter eingehen werde (mehr dazu unter [18] und [4]).

Der durch den PAC-MAN Prozess auftretende Exponent ist unterschiedlich zu bisher bekannten Exponenten von aktiver und passiver Mikroschwimmerdynamik und zudem abhängig von der 'Nahrungspropensität'.

# Kapitel 3

## Eindimensionales Modell hungriger Walker

In diesem Kapitel wird ein eindimensionales Modell simuliert, um es mit semi-analytischen Vorhersagen vergleichen zu können, da man in einer Dimension sich vieles deutlich leichter kombinatorisch errechnen kann.

### 3.1 Mastergleichung für den 1D PAC-MAN

Die Standardbehandlung von diskreten Markov-Prozessen ist das Lösen einer sogenannten 'Mastergleichung'; sie ist eine Art Bilanzierung des stochastischen Prozess.

Grundsätzlich ist aufgrund der Nahrung der PAC-MAN Prozess nicht Markov'sch, da die Übergangswahrscheinlichkeiten nicht nur von der Position abhängen, sondern auch, wie der Walker dorthingelangt ist. Felder mit Nahrung werden gegenüber Feldern ohne Nahrung mit dem Faktor  $e^F$  bevorzugt; somit sind die Übergangswahrscheinlichkeiten für einen Platz andere, wenn er zuvor zum Beispiel das Feld rechts von sich besucht hat, als wenn dieses Feld (rechts neben dem Walker) noch unbesucht ist.

In diesem Kapitel wird aber eine sogenannte 'Markov'sche Einbettung' (engl. 'Markovian embedding') für den Prozess mit Nahrung in 1D vorgestellt und anschließend eine Mastergleichung aufgestellt.

Zunächst möchte ich kurz – aus der Vorlesung über stochastische Prozesse – wiederholen, was genau eine Mastergleichung ist.

### 3.1.1 Mastergleichungen allgemein

Unter einer Mastergleichung wird eine Differentialgleichung für die Wahrscheinlichkeit zu einer Zeit  $t$  in einem Zustand  $k$  zu sein bezeichnet.

Es ergibt sich die folgende Gestalt für allgemeine Mastergleichungen:

$$\partial_t p_k(t) = \sum_l [W_{k \leftarrow l} p_l(t) - W_{l \leftarrow k} p_k(t)] \quad , \quad (3.1)$$

hierbei bezeichnet  $p_k(t)$  die Wahrscheinlichkeit zur Zeit  $t$  im Zustand  $k$  sich zu befinden und  $W_{l \leftarrow k}$  bezeichnet die Übergangsrate von Zustand  $k$  nach Zustand  $l$  (engl: 'hopping rates'). Man beachte, dass die Übergangsraten  $W_{l \leftarrow k}$  nur von  $k, l$  abhängig sind (nicht von der Historie), da es sich um einen Markov-Prozess handelt.

Die vorderen Terme (mit dem + Vorzeichen) auf der rechten Seite der Mastergleichung sind die sogenannten Gewinnterme, sie geben die Rate aus anderen Zuständen  $l$  in den Zustand  $k$  zu kommen, gewichtet mit der Wahrscheinlichkeit  $p_l$  im Zustand  $l$  zu sein.

Analog sind die hinteren Terme auf der rechten Seite der Mastergleichung die sogenannten Verlustterme (– Vorzeichen); sie geben die Rate von Zustand  $k$  in andere Zustände  $l$ , gewichtet mit der Wahrscheinlichkeit  $p_k$  in Zustand  $k$  zu sein, an.

Es handelt sich somit um eine Bilanzgleichung für die Änderung der Wahrscheinlichkeit  $p_k$ .

### 3.1.2 Markov'sche Einbettung und Mastergleichung eines 1D Walk mit Nahrung

Allgemein ist es eine offene Frage der Theorie stochastischer Prozesse, ob jeder nicht Markov'sche Prozess in einen höherdimensionalen Markov-Prozess 'eingebettet' werden kann.

Hier wird ein 1D Modell eines nicht Markov'schen Prozess vorgestellt, welcher sich sehr leicht in einen '2D' Markov-Prozess einbetten lässt, vorgestellt. Man stelle sich einen hungrigen Walker (PAC-MAN) auf einem 1D Gitter vor, die Plätze rechts von ihm seien alle zu Beginn mit Nahrung belegt, die Plätze links von ihm seien alle frei. Die Übergangsraten sind somit  $p_{\rightarrow} = \frac{e^F}{1+e^F}$  und  $p_{\leftarrow} = \frac{1}{1+e^F} =: \varepsilon \in (0, \frac{1}{2}]$ , falls der Gitterplatz rechts neben dem Walker noch Nahrung enthält (also nicht zuvor besucht worden ist). Ist der Gitterplatz rechts neben dem Walker zuvor besucht worden, so sind die Wahrscheinlichkeiten nach rechts sowie nach links natürlich je  $\frac{1}{2}$ .

Mit  $p_i(t)$  sei die Wahrscheinlichkeit PAC-MAN an Gitterplatz  $i$  zur Zeit  $t > 0$  zu finden bezeichnet. Die Anfangsbedingung (zur Startzeit  $t = 0$ ) sei fix durch

$p_i(0) = \delta(i)$ , und somit  $p_i(t) \equiv p(i, t|0, 0)$ . Hier meint  $p(i, t|i', t')$  die bedingte Wahrscheinlichkeit.

Ohne Einschränkung der Allgemeinheit starte der Walker auf dem Gitterplatz  $i = 0$  und somit ist auf allen Gitterplätzen  $> 0$  zu Beginn Nahrung. Setzt man nun  $r$  als den am weitesten rechts liegenden Gitterplatz der bereits besucht worden ist, so unterliegt das Tupel  $(i, r)$  einem Markov-Prozess.

Mit  $p_{i,r}(t)$  sei bezeichnet, dass der Walker zur Zeit  $t$  sich an Gitterplatz  $i$  befindet und zuvor bis einschließlich  $r$  nach rechts gewesen ist. Offensichtlich gilt  $r \geq i$  und damit  $p_{i,r} = 0 \ \forall i > r$ . Desweiteren gilt auch natürlich (durch unsere Wahl des Ursprungs)  $p_{i,r} = 0 \ \forall r < 0$ .

In der Annahme eines kontinuierlichen Zeitlimes kann eine Mastergleichung für die drei Fälle  $i = r$ ,  $i = r - 1$  und  $i < r - 1$  separat aufgestellt werden. Das Zeitargument wurde aus Gründen der Übersichtlichkeit fallen gelassen. Beginnen wir mit dem Fall  $i = r$ ; hier ist klar, dass man mit Wahrscheinlichkeit  $\frac{1}{2}$  von links aus der Position  $i - 1$  nach rechts springen kann, wenn man vorher den Platz  $i$  bereits besucht hat, also aus dem Zustand  $(i - 1, r)$ . Analog springt man mit Wahrscheinlichkeit  $1 - \varepsilon$  von  $i - 1$  nach  $i$ , wenn man diesen Platz vorher noch nicht besucht hat, also aus dem Zustand  $(i - 1, r - 1)$ . Gewinnterme von rechts, also von  $i + 1$ , kann es wegen  $r \geq i$  nicht geben. Die Verlustterme sind klar, der Walker kann mit Wahrscheinlichkeit  $(1 - \varepsilon)$  nach rechts springen, da er ja rechts neben sich auf keinen Fall schon war, oder mit Wahrscheinlichkeit  $\varepsilon$  gegen die Nahrung nach links. Also ist  $-p_{i,r}$  der Verlustterm.

Nun zu  $i = r - 1$ , der erste Gewinnterm ist offensichtlich der gleiche und der Verlustterm auch. Nur kann man nun, wegen  $r = i + 1$ , nicht mehr nach rechts springen und dort noch neue Nahrung finden. Man kann nur von links gegen den Nahrungsbias springen, also von  $(i + 1, r)$  mit Wahrscheinlichkeit  $\varepsilon$ .

Der Fall  $i < r - 1$  ist der klassische Random-Walk da  $r \geq i + 2$  also mindestens 2 Felder nach rechts keine Nahrung ist.

$$\partial_t p_{i,r} = \begin{cases} \frac{1}{2}p_{i-1,r} + (1 - \varepsilon)p_{i-1,r-1} - p_{i,r}, & i = r \\ \frac{1}{2}p_{i-1,r} + \varepsilon p_{i+1,r} - p_{i,r}, & i = r - 1 \\ \frac{1}{2}p_{i-1,r} + \frac{1}{2}p_{i+1,r} - p_{i,r}, & i < r - 1 \end{cases} \quad (3.2)$$

Wie man sieht, hängen die Hüpfraten nicht von früheren Zuständen, sondern nur vom aktuellen Zustand  $(i, r)$  ab.

Analog für diskrete Zeitentwicklung (o.E mit  $\Delta t = 1$ ) stellt man die Übergangsgleichung

$$p_{i,r}(t+1) = \sum_{i',r'} T_{i,r;i',r'} p_{i',r'}(t) , \quad (3.3)$$

wobei  $\underline{T}$  die stochstische Übergangsmatrix mit Superindizes  $(i, r)$  und  $(i', r')$  ist. Aus der obigen Mastergleichung (3.2) kann man die Einträge von  $\underline{T}$  ablesen als:

$$T_{i,r;i',r'} = \begin{cases} \frac{1}{2} , & i = i' + 1 \wedge r = r' \wedge r \geq i \\ 1 - \varepsilon , & i = i' + 1 \wedge r = r' + 1 \wedge r = i \\ \frac{1}{2} , & i = i' - 1 \wedge r = r' \wedge r > i + 1 \\ \varepsilon , & i = i' - 1 \wedge r = r' \wedge r = i + 1 \end{cases} \quad (3.4)$$

wobei alle anderen Einträge null sind. ('Spaltensumme'  $\sum_{i,r} T_{i,r;i',r'} = 1$ .)

Es ist die Wahrscheinlichkeit, den Walker an Gitterplatz  $i$  zu finden, die Summe über  $r$ , der Wahrscheinlichkeiten der Zustände  $(i, r)$ , wobei wie immer  $r \geq i$  gelten muss. Also

$$p_i = \sum_{r=i}^{\infty} p_{i,r} \quad (3.5)$$

Die linke Seite der Mastergleichung (3.2) lässt sich als

$$\partial_t p_i = \partial_t p_{i,i} + \partial_t p_{i,i+1} + \partial_t \sum_{r=i+2}^{\infty} p_{i,r} \quad (3.6)$$

schreiben. Für jeden der drei Summanden setzten wir nun die passende rechte Seite aus der Mastergleichung (3.2) ein.

$$\begin{aligned} \partial_t p_i &= \frac{1}{2} p_{i-1,i} + (1 - \varepsilon) p_{i-1,i-1} - p_{i,i} \\ &+ \frac{1}{2} p_{i-1,i+1} + \varepsilon p_{i+1,i+1} - p_{i,i+1} \\ &+ \frac{1}{2} \sum_{r=i+2}^{\infty} p_{i-1,r} + \frac{1}{2} \sum_{r=i+2}^{\infty} p_{i+1,r} - \sum_{r=i+2}^{\infty} p_{i,r} \end{aligned}$$

Fassen wir nach (3.5) zusammen, so erhalten wir die folgende Mastergleichung:

$$\partial_t p_i = \frac{1}{2} p_{i-1} - p_i + \frac{1}{2} p_{i+1} + \left(\frac{1}{2} - \varepsilon\right) (p_{i-1,i-1} - p_{i+1,i+1}) \quad (3.7)$$

Für  $\varepsilon = \frac{1}{2}$  (also  $F = 0$ ) erhalten den klassischen 1D Random-Walk auf dem Gitter, wo wir  $p_{i-1} - 2p_i + p_{i+1}$  als 'finite difference' Approximation für die zweite partielle Ortsableitung auffassen können und somit im Kontinuumslimites die gewöhnliche Diffusionsgleichung mit der Diffusionskonstante  $D = \frac{1}{2}$ :

$$\partial_t p = \frac{1}{2} \Delta p , \quad (3.8)$$

wobei  $\Delta := \sum_{i=1}^d \partial_{x_i}^2$  der Laplace-Operator ist (in einer Dimension also  $\Delta \equiv \partial_x^2$ ), erhalten.

Ist hingegen  $\varepsilon < \frac{1}{2}$ , so verschwindet der hintere Term nicht. Wir setzen im Kontinuumslimites  $p_{i,i} \rightarrow \hat{p}(x, t)$  und erhalten somit, über eine 'central difference' der ersten partiellen Ortsableitung für  $\hat{p}$ , die folgende partielle Differentialgleichung:

$$\partial_t p = \frac{1}{2} \partial_x^2 p - (1 - 2\varepsilon) \partial_x \hat{p} , \quad (3.9)$$

wobei der Zusammenhang zwischen  $p$  und  $\hat{p}$  für  $\varepsilon \in (0, \frac{1}{2})$  unklar ist. Besonders im Fall  $\varepsilon \rightarrow 0$  ist dieser offensichtliche Kontinuumslimites offenbar falsch, denn hier gilt  $p_{i,r} = 0 \ \forall i \neq r$  und damit folgt  $p = \hat{p}$ . Dies führt zur 'advection-diffusion equation':

$$\partial_t p = \frac{1}{2} \partial_x^2 p - \partial_x p . \quad (3.10)$$

Diese wird mit einer um  $\mu = t$  zentrierten Gaußkurve der Varianz  $\sigma^2 = t$  gelöst.

Für den Limes  $\varepsilon \rightarrow 0$  müsste eine deterministische Transportgleichung:

$$\partial_t p = -\partial_x p \quad (3.11)$$

ohne Diffusionsterm folgen.

Schauen wir uns also noch einmal die Mastergleichung (3.2) an und setzen sofort  $\varepsilon = 0$  und  $p_{i,r} = 0 \ \forall i \neq r$  ein. Es ergibt sich dann die korrekte Mastergleichung ( $p_i \equiv p_{i,i}$ ):

$$\partial_t p = p_{i-1} - p_i , \quad (3.12)$$

welche in 'backward difference' genau die Transportgleichung (3.11) approximiert.

Setzen wir auch umgekehrt in die 'advection-diffusion equation' (3.10) wieder sowohl für die erste als auch die zweite partielle Ortsableitung 'central



difference' Approximationen ein; so wie wir auch ursprünglich vor der Identifikation  $p = \hat{p}$  auf diese Gleichung gestoßen sind, so erhalten wir wieder:

$$\partial_t p_i = \frac{1}{2}(p_{i+1} - 2p_i + p_{i-1}) - \frac{1}{2}(p_{i+1} - p_{i-1}) = p_{i-1} - p_i . \quad (3.13)$$

Ein ähnliches Problem, bei dem ungewollt ein Diffusionsterm auftritt, ist die Lax-Stabilisation des 'FTCS-Schemas' (forward time centered space)[14], auch 'Lax-Friedrichs-Schema' genannt.

## 3.2 Kombinatorische Herangehensweise

Es soll nun die Situation aus dem vorangegangenen Abschnitt, dass ein Walker aus Gitterplatz  $i = 0$  startet und alle Gitterplätze rechts von dem Walker mit Nahrung belegt sind, kombinatorisch untersucht werden. Erneut wird der am weitesten rechts liegende Gitterplatz ohne Nahrung mit  $r$  benannt, sowie  $\varepsilon := \frac{1}{1+e^F}$  gesetzt.

Schritte nach vorne ( $i \rightarrow i+1$ ) zur Nahrung haben also die Wahrscheinlichkeit  $(1 - \varepsilon)$ , Schritte nach hinten ( $i \rightarrow i - 1$ ) bei Nahrung auf Gitterplatz  $i + 1$  (oder anders ausgedrückt bei  $r = i$ ) haben die Wahrscheinlichkeit  $\varepsilon$ . In der Situation, dass  $r > i$  ist, gilt natürlich, dass die Wahrscheinlichkeit  $1/2$  für beide Richtungen ist.

Zum Zeitpunkt  $t = 2n$  möchte ich über Kombinatorik  $p(x, t = 2n | 0, 0) \equiv p(x, t = 2n)$  bestimmen. Hierbei kann  $x = 2n - 2m$  sein, wobei  $m$  die Schritte nach links ( $i \rightarrow i - 1$ ) zählt.

Alle  $2n$  Schritte mit der Nahrung (also nach rechts) zu gehen hat natürlich die Wahrscheinlichkeit:

$$p(x = 2n, t = 2n) = (1 - \varepsilon)^{2n} . \quad (3.14)$$

Nun zum nächsten, leicht schwierigeren Fall,  $x = 2n - 2$ . Hier gibt es zwei Fälle, der letzte Schritt ist gegen den Nahrungs-bias nach hinten/links, ein Schritt mittendrin ist gegen den Nahrungs-bias gefolgt von einem Schritt nach vorne/rechts mit Wahrscheinlichkeit  $1/2$ . 'Mittendrin' sind, genauer gesagt, alle Schritte vor dem letzten Schritt. In dem einen Fall ist also ein Faktor  $1/2$  und es ist  $r = x$ . Im anderen Fall sind keine 'freien Schritte' (also Faktoren  $1/2$  dabei) und es ist  $r > x$ , dieser Anteil ist natürlich  $(1 - \varepsilon)^{2n-1} \varepsilon$ . Nun zum  $r = x$  Anteil: Der 'backward-forward loop' hat die Wahrscheinlichkeit  $\varepsilon \cdot \frac{1}{2}$ , da der 'backward' Schritt gegen die Nahrung ist und der 'forward' Schritt ein freier Random-Walk Schritt ist. Dieser 'backward-forward loop' kann nun an einem aus  $2n - 1$  Schritten stattfinden, da er nur nicht als letzter Schritt stattfinden kann (dann ist nur noch ein Schritt, der 'loop' besteht

aber aus zwei Schritten). Die Anzahl der Möglichkeiten, diesen 'loop' zu platzieren ist also  $2n - 1$ .

Insgesamt also:

$$p(x = 2n - 2, t = 2n) = (1 - \varepsilon)^{2n-1} \varepsilon + (2n - 1)(1 - \varepsilon)^{2n-2} \varepsilon \frac{1}{2}, \quad (3.15)$$

man kann hier leicht checken, dass in beiden Fällen  $2n$  Schritte gemacht werden.

Ein weiterer netter Check ist  $\varepsilon = 1/2$ , hier muss sich eine Binomialverteilung, also  $\binom{2n}{1}(1/2)^{2n}$  ergeben, was der Fall ist, da  $\binom{2n}{1} = 2n$  ist.

Diese Aufspaltung in Beiträge von  $r = x$  und  $r > x$  kann auch für den allgemeinen Fall  $p(x = 2n - 2m, t = 2n)$  verwendet werden, wobei  $m \in \{1, 2, \dots, n\}$  sein soll.

### 3.2.1 Erster Fall, $r = x$

Zuerst überlegen wir uns  $r = x$ ; hier ist zunächst nur klar dass der Faktor  $1 - \varepsilon$  natürlich insgesamt  $2n - 2m$  mal auftauchen sollte, da soweit die Nahrungsfront verschoben wird. Aus dieser Beobachtung ergibt sich, dass mindestens einmal gegen den 'food-bias' gegangen werden muss, da man ja sonst nach  $x = 2n$  laufen würde. Ebenfalls ist es leicht zu verstehen, dass man nicht mehr als  $m$  mal gegen den 'food-bias' laufen kann, da man ja auch immer mindestens einen Random-Walk Schritt nach rechts/vorne braucht, um wieder an die Nahrungsfront zu gelangen. Es kann also über einen Index  $l$  summiert werden, welcher die Schritte gegen die Nahrung (und damit auch die 'freien Random-Walk' Schritte zurück an die Nahrungsfront) zählt. Bei  $l \varepsilon \frac{1}{2}$  Kombinationen verbleiben dann  $2(m - l)$  Schritte für einen Random-Walk in der linken Halbebene, welcher eben genau beim letzten Mal wieder an der Stelle ist, wo dieser gestartet ist (die Anzahl dieser Walks ist gleich zu der die einen  $2(m - l + 1)$  Schritte Random-Walk in der positiven Halbebene machen). Die Anzahl dieser 'nicht-positiven' Random-Walks die nach  $2(m - l)$  zurückkehren nenne ich  $\hat{N}_{2(m-l)}$ .

Die  $l$  Schritte gegen den 'food-bias' können an  $2n - 2m + 1$  Stellen stattfinden ( $x = 0, 1, \dots, 2n - 2m$ ), insbesondere mehrfach an derselben Stelle. Es handelt sich also um Ziehen mit Zurücklegen und ohne die Beachtung der Reihenfolge. Die Anzahl der Möglichkeiten beim Werfen von  $k$  gleichen Würfeln mit  $N$  Flächen ist bekanntlich  $\binom{N+k-1}{k}$ , in der Sprache der Urnenmodelle: Ziehen mit Zurücklegen, ohne Beachtung der Reihenfolge. In unserem Fall ergibt sich also der Vorfaktor  $\binom{2n-2m+l}{l}$ .

Insgesamt ist damit die Wahrscheinlichkeit nach  $t = 2n$  Schritten an der

Stelle  $x = 2n - 2m$  unter der Bedingung  $r = x$  zu sein:

$$p(x = 2n - 2m, t = 2n | r = x) = (1 - \varepsilon)^{2n-2m} \sum_{l=1}^m \binom{2n-2m+l}{l} \varepsilon^l \left(\frac{1}{2}\right)^l \cdot \sum_{\substack{k_1, \dots, k_l \\ k_1 + k_2 + \dots + k_l = m-l}} \left(\frac{1}{2}\right)^{2(m-l)} \hat{N}_{2k_1} \cdots \hat{N}_{2k_l} \quad (3.16)$$

### 3.2.2 Positive Random-Walks

Zuerst möchte ich das Reflexions oder Spiegelungsprinzip aus der Stochastik wiederholen.

**Reflexionsprinzip:** Es seien  $a, b \in \mathbb{N}$  und  $i < j \in \mathbb{Z}$ . Die Anzahl der Pfade von  $(i, a)$  nach  $(j, b)$ , welche die x-Achse berühren, ist gleich der Anzahl der Pfade von  $(i, -a)$  nach  $(j, b)$

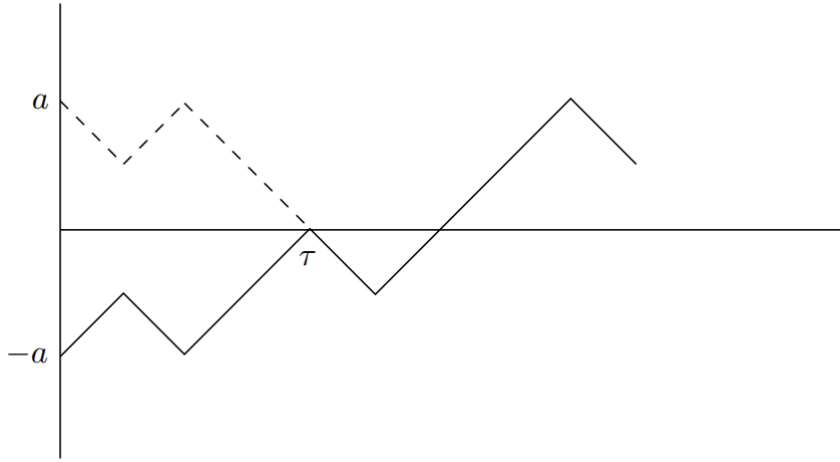


Abbildung 3.1: Veranschaulichung des Reflexions-/Spiegelungsprinzip

Auf einen Beweis möchte ich an dieser Stelle verzichten und auf das Stochastik Skript von Herrn Prof. Löwe [15] verweisen, aus welchem auch die obige Abbildung entnommen ist.

Nun ist  $\hat{N}_{2p}$  gesucht, also die Anzahl aller Pfade von  $(0, 0)$  nach  $(2p, 0)$  welche nicht die negative Halbebene betreten (aber berühren der x-Achse ist erlaubt). Dies ist natürlich gleich der Anzahl der Pfade  $(0, 0)$  nach  $(2(p+1), 0)$ ,

welche die x-Achse nicht berühren, was wiederum gleich der Anzahl der Pfade von  $(1, 1)$  nach  $(2p+1, 1)$ , welche  $y = 1$  nicht unterschreiten. Diese Anzahl ist natürlich gleich der Anzahl aller Pfade von  $(1, 1)$  nach  $(2p+1, 1)$  minus der Anzahl an Pfaden, welche die x-Achse berühren. Die Anzahl der Pfade, die die x-Achse berühren, ist nach dem Reflexionsprinzip gleich der Anzahl der Pfade von  $(1, -1)$  nach  $(2p+1, 1)$ , was genau  $\binom{2p}{p+1}$  ist. Die Anzahl aller Pfade von  $(1, 1)$  nach  $(2p+1, 1)$  ist natürlich  $\binom{2p}{p}$ . Somit folgt:

$$\hat{N}_{2p} = \binom{2p}{p} - \binom{2p}{p+1} = \frac{1}{p+1} \binom{2p}{p}, \quad (3.17)$$

da  $\binom{2p}{p+1} = \frac{p}{p+1} \binom{2p}{p}$  gilt.

### 3.2.3 Zweiter Fall $r > x$

Auf den Fall, dass  $r > x$  ist, muss in dieser Arbeit leider verzichtet werden. Hier werden die kombinatorischen Abzählungen deutlich komplizierter als zuvor, wo  $r = x$  gelten sollte. Das Problem liegt darin, dass die Schritte gegen die Nahrung nicht mehr mit einem  $1/2$  Schritt nach vorne verknüpft werden können und die freien Schritte auch nicht mehr auf positive Random-Walks zurückgeführt werden können.

Man betrachte zum Beispiel den Fall  $x = 2n - 2$ ,  $r = x + 1$ ,  $t = 2n$ ; offensichtlich kann dieser ohne einen  $1/2$  Schritt ablaufen, indem einfach der letzte Schritt gegen die Nahrung stattfindet.

## 3.3 Übergangsmatrixmethode für die Markov'sche Einbettung

In diesem Abschnitt soll eine Möglichkeit vorgestellt werden, mit welcher unter zur Hilfenahme eines Computeralgebrasystems – wie zum Beispiel Mathematica oder der Sympy Erweiterung für Python – zu jedem Zeitpunkt  $t$  die Wahrscheinlichkeit für einen Zustand  $(i, r)$ , wobei  $i$  die Gitterposition und  $r$  der am weitesten rechts liegende Gitterplatz ohne Nahrung ist, des zuvor vorgestellten Markov'schen Prozesses bestimmt werden kann.

Erneut soll von  $i = 0$  aus gestartet werden und alle Gitterplätze zur rechten Seite sind initial mit Nahrung befüllt. Wie zuvor besprochen, schaut die

stochastische Übergangsmatrix  $\underline{T}$  wie folgt aus:

$$T_{i,r;i',r'} = \begin{cases} \frac{1}{2} , & i = i' + 1 \wedge r = r' \wedge r \geq i \\ 1 - \varepsilon , & i = i' + 1 \wedge r = r' + 1 \wedge r = i \\ \frac{1}{2} , & i = i' - 1 \wedge r = r' \wedge r > i + 1 \\ \varepsilon , & i = i' - 1 \wedge r = r' \wedge r = i + 1 \end{cases} \quad (3.18)$$

Es gilt  $\sum_{i,r} T_{i,r;i',r'} = 1$ , wobei die Summe natürlich auf Paare mit  $r \geq i$  beschränkt ist, denn:

$$\sum_{i,r} T_{i,r;i',r'} = \sum_{r \geq r'} T_{i'+1,r;i',r'} + T_{i'-1,r;i',r'} \quad (3.19)$$

jetzt gibt es zwei Fälle, erstens  $i' = r'$  und zweitens  $i' < r'$ .

In dem ersten Fall haben wir also die Möglichkeiten  $r = r'$ , woraus ein Schritt nach hinten folgt, also  $T_{i'-1,r';i',r'} = \varepsilon$  und  $r = r' + 1$ , woraus ein Schritt nach vorne folgt also  $T_{i'+1,r'+1;i',r'} = 1 - \varepsilon$  in diesem Fall ist die Summe also 1.

Im Fall  $i' < r'$  ist alles klar, denn dann ist es ein freier Random-Walk Schritt also  $T_{i' \pm 1,r';i',r'} = 1/2$ .

Um die Wahrscheinlichkeiten nach  $n$  Schritten zu erhalten, müssen wir, mit dem Computeralgebrasystem,  $\underline{T}^n$  bilden und lesen die Wahrscheinlichkeiten aus den Einträgen  $i, r; 0, 0$  ab, da unser Prozess bei  $i' = r' = 0$  starten soll.

Ein technisches Hindernis ist es, dass man vorher sich die maximale Schrittzahl vorgeben muss, denn die Größe der 4-dimensionalen Matrix beträgt die doppelte Schrittzahl hoch vier. Dies führt sehr schnell zu Speicherengpässen bei deutlich mehr als 20 Schritten. Eine Mathematica Implementation von Prof. Thomas Voigtmann befindet sich im Anhang an diese Arbeit.

### 3.4 Definition der Schrittautokorrelationsfunktion

Bei der Schrittautokorrelationsfunktion handelt es sich um die diskrete Version der bekannten Geschwindigkeitsautokorrelationsfunktion:

$$g_{t_0}(\tau) = \langle \vec{v}(t_0 + \tau) \cdot \vec{v}(t_0) \rangle . \quad (3.20)$$

Diese misst die Korrelation der Geschwindigkeit zum Zeitpunkt  $t_0 + \tau$  zur Geschwindigkeit zum Zeitpunkt  $t_0$ . Nun zur diskreten Version und ihrer Nützlichkeit:

Durch die Nahrung wird der stochastische Prozess nicht-Markov'sch, d.h., dass die Wahrscheinlichkeiten für den nächsten Zug nicht nur vom aktuellen Zustand (also der aktuellen Positionen der Walker) abhängig sind, sondern auch von der Vergangenheit, also wie sie in ihre aktuellen Positionen gekommen sind. Um diese Abhängigkeit zu vorherigen, und besonders zum ersten Schritt/Zug, zu untersuchen, kann (in beliebiger Raumdimension) die folgende Korrelationsfunktion  $g_{t_0}(\tau)$  gebildet werden. Es wird zuerst das (euklidische) Skalarprodukt zwischen dem Schrittvektor  $\hat{e}(t_0)$  zur Zeit  $t_0$  und dem

Schrittvektor  $\hat{e}(t_0 + \tau)$  zur Zeit  $t_0 + \tau$  eines Walkers berechnet und anschließend über alle Walker und alle Samples gemittelt, also bezeichnet  $\langle \dots \rangle$  eine Ensemble-mittelung.

Es ist demnach:

$$g_{t_0}(\tau) = \langle \hat{e}(t_0 + \tau) \cdot \hat{e}(t_0) \rangle . \quad (3.21)$$

Bei einem klassischen Random-Walk, unabhängig von der Raumdimension, ist  $g_{t_0}(\tau \neq 0) = 0$  für alle  $t_0$  und natürlich gilt immer  $g_{t_0}(\tau = 0) = 1$  denn  $\hat{e}(t_0)$  ist einer der vier Einheitsvektoren  $\pm \hat{e}_x, \pm \hat{e}_y$ .

Bei einem SAW in zwei Dimensionen ist  $g_0(\tau = 1) = \frac{1}{3}$ , denn nach dem ersten Schritt (dieser findet zur Zeit  $t_0 = 0$  statt) gibt es drei Möglichkeiten: einmal in die gleiche Richtung, und zweimal senkrecht zum ersten Schritt. Jede der 3 Möglichkeiten wird zu  $\frac{1}{3}$  angenommen, das Skalarprodukt ist bei einem Schritt in die gleiche Richtung +1, senkrecht natürlich 0, somit folgt  $g_0(\tau = 1) = \frac{1}{3}$ . Durch analoges Abzählen der Möglichkeiten und dem kombinatorischen Bestimmen der Wahrscheinlichkeiten findet man  $g_0(\tau = 2) = \frac{1}{9}$  (weiterhin 2D SAW). Diese beiden Werte liefern einen Anhalt für die richtige Implementierung der Schrittautokorrelationsfunktion, denn die ersten drei Schritte des PAC-MAN-Walks in 2D ähneln (bei  $F \geq 5$  zumindest) stark dem SAW. (Weitere 2D SAW Schritte sind schwer abzuzählen.)

Offensichtlich ist  $g_{t_0}(\tau)$  positiv, wenn mehr Schritte zur Zeit  $t_0 + \tau$  in Richtung, als entgegen der Richtung des Schrittes zur Zeit  $t_0$  gegangen sind und negativ anders herum.

### 3.5 Mean-Squared-Displacement und Schrittautokorrelation für viele Walker

Neben dem *msd* kann erneut die Autokorrelation der Schritte  $g_{t_0}(\tau)$  betrachtet werden. Aus dieser Größe kann man ablesen, wie stark der Schritt zur Zeit  $t_0 + \tau$  mit dem Schritt zur Zeit  $t_0$  korreliert ist. Die Schrittautokorrelation eines einzigen Walkers auf einem vollem Nahrungsgitter, kann man, für

große  $F$  wie etwa  $F = 5$  und die ungefähr ersten 10 Schritte, sofort als

$$g_0(\tau) \approx \left( \frac{e^F}{e^F + 1} \right)^\tau \quad (3.22)$$

abschätzen, da nach jedem Schritt die Wahrscheinlichkeit  $\frac{e^F}{e^F+1}$  ist, dass der nächste Schritt wieder in die selbe Richtung erfolgt. Diese Abschätzung vernachlässigt völlig den negativen Anteil, für den aber ein Schritt in die Gegenrichtung nötig ist, welcher für  $F = 5$  den Faktor  $\frac{1}{e^5+1} < 0.007$  beinhaltet. Der erste Schritt ist  $\tau = 0$  der zweite  $\tau = 1$ , und so weiter. Die Startzeit  $t_0$  möchte ich auf  $t_0 = 0$  setzen.

In der nachfolgenden Graphik wird gezeigt, dass die obige Approximation vertretbar ist.

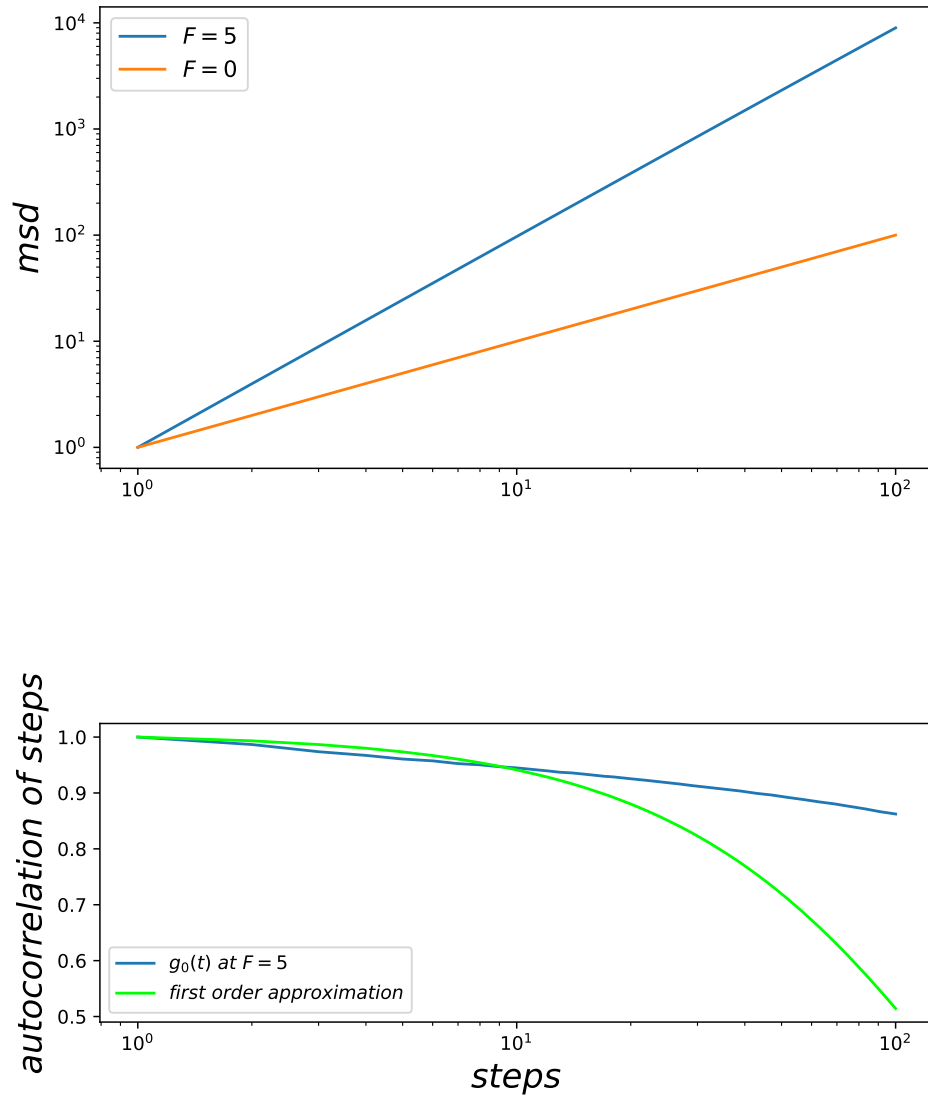


Abbildung 3.2: Simulierte Autokorrelation der Schritte des eindimensionalen Modells im Vergleich mit der 'first-order' Approximation. Es wurde über  $10^6$  Samples gemittelt.



Auch für viele Walker lässt sich eine längere Korrelation zum ersten Schritt vermuten, da bis zum Erreichen der Fressspur eines benachbarten Walkers die Schritte nahezu deterministisch in die Richtung des ersten Schrittes erfolgen.

Ungefähr die Hälfte der Walker bewegt sich auf Walker vor sich zu, die andere Hälfte bewegt sich auseinander. Die Walker die sich aufeinander zu bewegen erreichen sich im Mittel nach etwa  $\frac{1}{2\rho}$  Schritten, wobei  $\rho$  die Dichte der Walker ist.

Die Schrittautokorrelationsfunktion sollte also nach  $T = \frac{1}{2\rho}$  Schritten nur halb so groß sein wie die des einzelnen Walkers nach der gleichen Anzahl Schritte, bei 10% Dichte also nach etwa 5 Schritten. Die Schrittautokorrelationsfunktion eines einzigen hungrigen Walkers, umgeben von Nahrung, ist nach 5 Schritten ungefähr  $\left(\frac{e^F}{e^F+1}\right)^4$ . Setzt man nun  $F = 5$  ein und rechnet das ganze aus so erhält man ungefähr  $g_0(4) \approx 0.97$  (der 5te Schritt findet zur Zeit  $\tau = 4$  statt). Nach obiger Überschlagsrechnung erwartet man also, dass die bei 10% Walkerdichte simulierte Schrittautokorrelationsfunktion nach 5 Schritten knapp unter 0.5 liegt.

Zudem sollte bei 10% Dichte nach ungefähr 10 oder 11 Schritten die Nahrung 'weggefressen' sein und die Schrittautokorrelationsfunktion ungefähr bei 0 ein. Beim einzelnen Walker hingegen sollte sie nach 11 Schritten bei ungefähr  $\left(\frac{e^F}{e^F+1}\right)^{10} \approx 0.935$  liegen.

In der nachfolgenden Grafik werden die Simulationsergebnisse gezeigt. Man sieht, dass die Schrittautokorrelationsfunktion tatsächlich, wie die oben begründete Vermutung sagt, nach 5 Schritten knapp unter 0.5 ist. Die zweite 'Vermutung', dass nach etwa 11 Schritten die Schrittautokorrelationsfunktion auf 0 abgefallen ist, wird auch die die Simulation bestätigt.

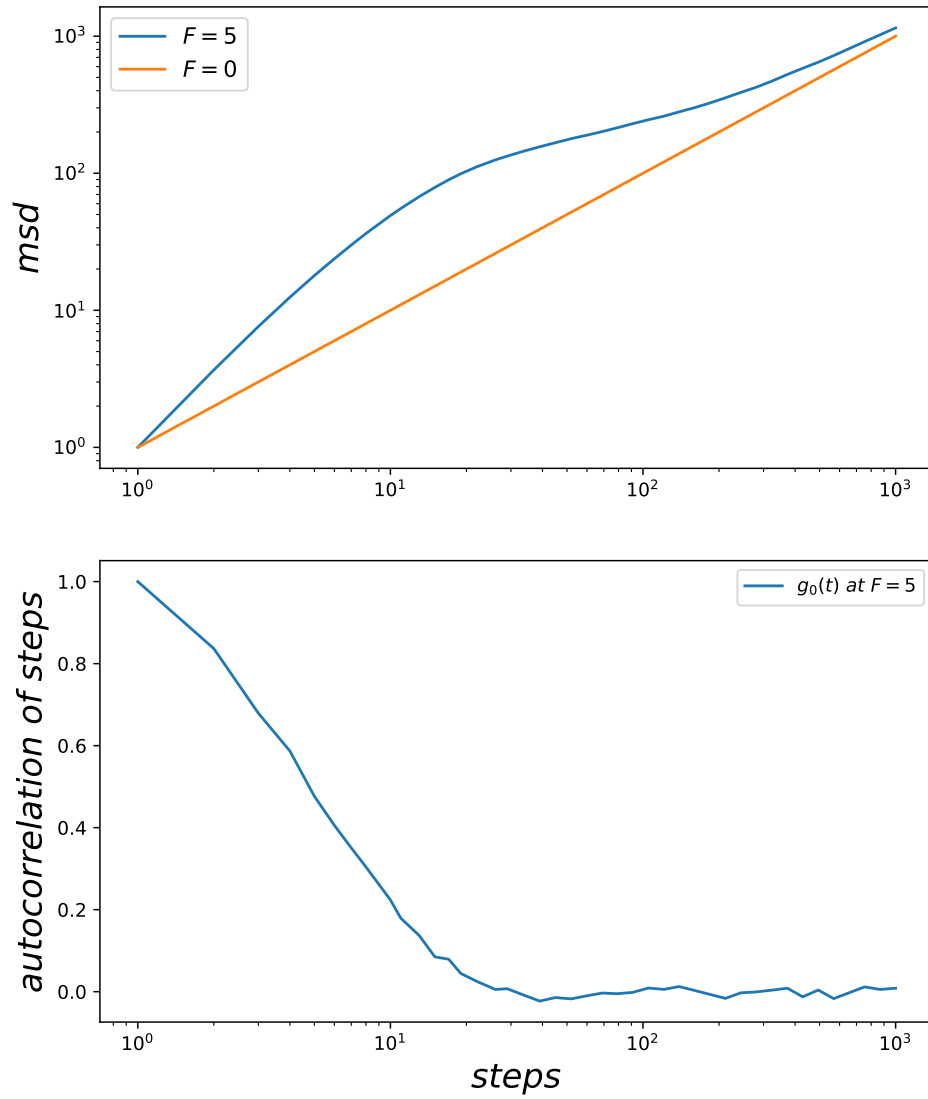


Abbildung 3.3: Autokorrelation der Schritte des eindimensionalen Modells  
Es wurde über 100 Läufe, also  $10^4$  Samples gemittelt.

# Kapitel 4

## Viele Random-Walker auf dem freien Cluster mit Nahrung (2D)

### 4.1 Interaktion der Random-Walker

Die einzelnen Random-Walker haben keine direkte Interaktion untereinander, es ist also insbesondere auch möglich, dass zwei (oder mehrere) Random-Walker auf der gleichen Position im Gitter sitzen. Der einzige Wechselwirkungseffekt, der bei diesem Modell vorliegt, ist, dass die Walker sich gegenseitig 'Nahrung wegessen' und somit die Umgebung eines anderen Walkers verändern und damit auch die Wahrscheinlichkeiten, wohin der nächste Schritt ausgeführt wird. Man redet in so einem Modell also von einer durch 'Chemotaxis' induzierten Wechselwirkung. Es wurden zwei Zugversionen getestet, einmal ziehen alle Random-Walker simultan und alternativ ziehen die Random-Walker sukzessive, also zuerst Random-Walker 1, gefolgt von Random-Walker 2 und so weiter.

Die Wahrscheinlichkeiten, wohin ein Random-Walker zieht werden wie in [18] gemäß:

$$p_{j \leftarrow i} = \frac{\exp(F_j)}{\sum_j \exp(F_j)} \quad (4.1)$$

berechnet, wobei  $F_j$  die Menge der Nahrung an Gitterplatz  $j$  ist.

## 4.2 Simultanes Ziehen

### 4.2.1 Mean-Squared-Displacement

In diesem Abschnitt werden Ergebnisse einer Monte-Carlo-Simulation von 1000 (also einer Dichte von 10%, da  $10^4$  Gitterplätze zur Verfügung stehen) hungrigen Walkern (PAC-MANs) auf einem mit Nahrung bestückten  $100 \times 100$ -Gitter, mit periodischen Randbedingungen, vorgestellt. Die 'Nahrungspropensität' beträgt  $F = 5$  und es werden 100 Läufe simuliert, um über insgesamt  $10^5$  *msds* zu mitteln. Die Startpositionen der Walker werden unabhängig voneinander mit über dem gesamten Gitter gleichverteilter Wahrscheinlichkeit zufällig gewählt.

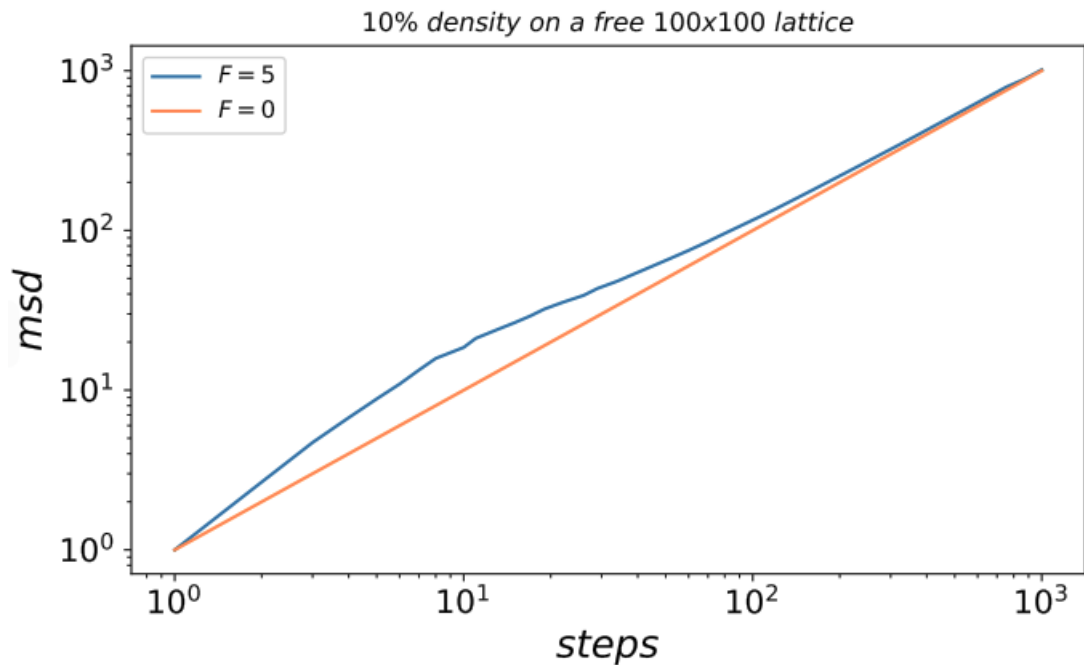


Abbildung 4.1: *msd* für 1000 PAC-MANs auf  $100 \times 100$ -Gitter mit Nahrung.

Es lässt sich auf den etwa ersten 10 Schritten ein superdiffusives Regime, also ein Bereich, in dem der doppelte Diffusionsexponent  $2\nu > 1$  ist, erkennen. Dies ist nach der single-Walker-Dynamik zu erwarten, denn durch die Nahrung ergibt sich ein extrem starker 'bias' in Richtung zuvor unbesuchter Felder. Der Walk ähnelt daher auf den ersten Schritten dem SAW.

Nach etwa 100 Schritten ist das *msd* wieder in etwa diffusiv; jeder Walker hat einen Bereich von etwa  $10 \times 10$  Feldern 'abgefressen'. Interessant ist die

Frage, ab wann ungefähr der Nahrungsverbrauch verschwunden ist. Würden die Walker nur auf zuvor unbesuchte Felder ziehen, so wäre nach dem 9ten oder 10ten Schritt keine Nahrung mehr vorhanden (je nach Startposition). Zwischen dem superdiffusiven Regime zu Beginn und der normalen (freien) Diffusion auf lange Zeiten liegt ein subdiffusives Regime, also ein Bereich in dem der doppelte Diffusionsexponent  $2\nu < 1$  ist.

## 4.2.2 Nahrungsvorrat und Diffusionsexponent

Um mehr über den Prozess zu lernen, bietet es sich sofort an, die Entwicklung des Nahrungsvorrats gegen die Zeit (MC-Schritte) aufzutragen und mit dem Diffusionsexponenten zu vergleichen. In Gleichung 2.2 wird erklärt, wie man diesen mit Hilfe der (numerischen) Ableitung bestimmt. Aufgrund der geringen Samplezahlen muss hier eine lokale Glättung (ähnlich wie eine Ausgleichskurve) vorgenommen werden. Der Diffusionsexponent gibt Auskunft über das Regime, in dem sich der Prozess befindet, also zeigt dieser an, ab wo der Übergang von Superdiffusion auf Subdiffusion stattfindet.

Die nachfolgende Abbildung 4.2 zeigt, dass der subdiffusive Bereich kurz vor dem Verschwinden aller Nahrung beginnt, aber der Diffusionsexponent minimal ist, zu dem Zeitpunkt, wo genau die letzte Nahrung verschwunden ist. Ab diesem Moment liegt ein normaler Random-Walk vor, da die Teilchen keine Wechselwirkung mehr untereinander haben. Somit ist klar, dass sich der (doppelte) Diffusionsexponent  $2\nu$  wieder auf 1 einstellen muss. Genau dies sieht man auch, nach ca. 30 Schritten, wo dann nahezu die gesamte Nahrung 'gegessen' ist und  $2\nu$  wieder ansteigt, bis schließlich auf 1, was der freien Diffusion auf dem Quadratgitter entspricht.

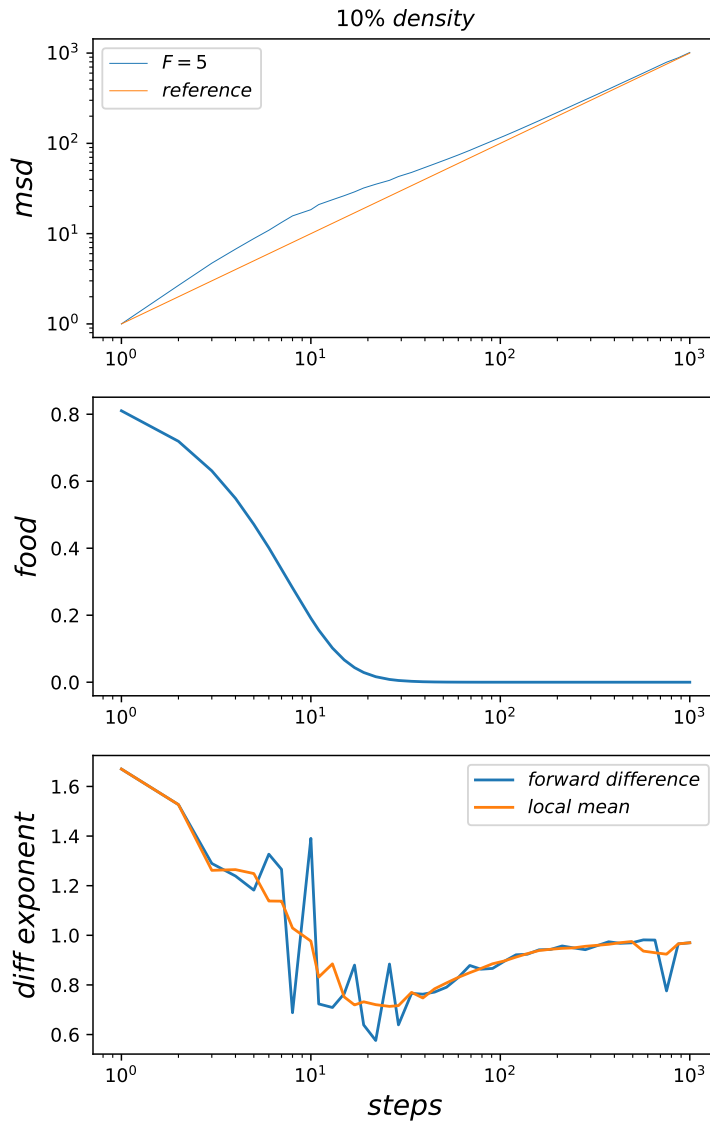


Abbildung 4.2:  $msd$ , Nahrungsvorrat und (doppelter) Diffusionsexponent für 1000 Walker auf  $100 \times 100$  Nahrungsgitter gegen die Anzahl der (MC-) Schritte aufgetragen. Es wurden 100 Läufe und damit  $10^5$  Samples verwendet.

### 4.2.3 Dichtekorrelation der Walker

Um zu prüfen, wie sich der Abstand der Walker zueinander mit der Anzahl an Schritten verändert, wird eine vergrößerte Dichtematrix eingeführt. Dazu wird die bisherige  $100 \times 100$ -Matrix in  $100 \times 10 \times 10$ -Matrizen zerlegt und es wird die Besetzungszahl jeder dieser  $10 \times 10$ -Matrizen in eine weitere  $10 \times 10$ -Matrix geschrieben. Diese Matrix enthält nun die vergrößerte Dichte der  $100 \times 100$  ( $10 \times 10$ ) Blöcke, aus denen die ursprüngliche Matrix besteht.

Das bedeutet, wir haben zu jedem Zeitschritt  $i$  eine Matrix  $\rho$ , welche die Besetzungszahl der Blöcke enthält. Um eine über den 'Aufpunkt' gemittelte Abstands-Korrelation zu erhalten, bildet man (zu festem Zeitschritt  $i$ ):

$$\hat{corr}_i(\Delta x, \Delta y) = \sum_{x_0, y_0} \rho_i(x_0, y_0) \cdot \rho_i(x_0 + \Delta x, y_0 + \Delta y) . \quad (4.2)$$

Anschließend bietet es sich an, auf  $\hat{corr}_1(0, 0)$  zu normieren (damit Plots von 1 aus starten), also:

$$corr_i(\Delta x, \Delta y) = \frac{\hat{corr}_i(\Delta x, \Delta y)}{\hat{corr}_1(0, 0)} . \quad (4.3)$$

Die Implementierung sieht zu jeder fixen Zeit  $i$  wie folgt aus, wobei  $n$  hier eine Schleife über alle  $N$  Walker ist.

```
for n in range(N):
    rho1[i, int(pos[n, 1]/10), int(pos[n, 0]/10)] += 1

for dx in range(int(L/10)):
    for dy in range(int(L/10)):
        for x0 in range(int(L/10)):
            for y0 in range(int(L/10)):
                corr1[i, dy, dx] += rho1[i, y0, x0] * rho1[i, (y0+dy)%int(L/10), (x0+dx)%int(L/10)]
```

Abbildung 4.3: Implementierung der Korrelationsmatrix  $\hat{corr}_i(\Delta x, \Delta y)$  zur Zeit  $i$

#### 4.2.4 Dichteautokorrelation

Im folgenden wird  $corr_i(0, 0)$  als Dichteautokorrelation eines Blocks bezeichnet, diese Größe gibt Auskunft über die Verteilung der Walker auf die Blöcke. Dies lässt sich leicht an einem kleinen Beispiel einsehen: Man stelle sich eine  $3 \times 3$  Matrix vor, wo auf jedem Feld ein Walker sitzt, man erhält  $c\hat{o}rr(0, 0) = 9$ , befinden sich hingegen auf nur 3 Feldern je 3 Walker so ist  $c\hat{o}rr(0, 0) = 27$ . Das Normieren skaliert nur die Achse, laufen Walker zusammen, so steigt die Dichteautokorrelation, nähern sich die Walker einer Gleichverteilung, so sinkt die Dichteautokorrelation. Ich normiere auf die Startverteilung, man könnte auch auf die (bestmögliche) Gleichverteilung normieren.

Es wird die Selbstkorrelation für das System von 1000 Walkern auf dem  $L = 100$  Quadratgitter vorgestellt. Dazu wird – wie oben erklärt – das Gitter in  $100 \times 10 \times 10$  Blöcke unterteilt.

Man erkennt deutlich, dass die Dichteautokorrelation nach dem 2tem Schritt fällt, die Walker nähern sich also einer Gleichverteilung an, wo in jedem der 100 Blöcke genau 10 Walker wären.

Dies bedeutet, dass trotz des gleichzeitigen Ziehens der Walker die Nahrung 'effizient geteilt' wird, nahe aneinander liegende Walker (welche also im selben Block sind) versuchen demzufolge in weniger stark belebte Blöcke zu wandern, um mehr Nahrung zu bekommen.



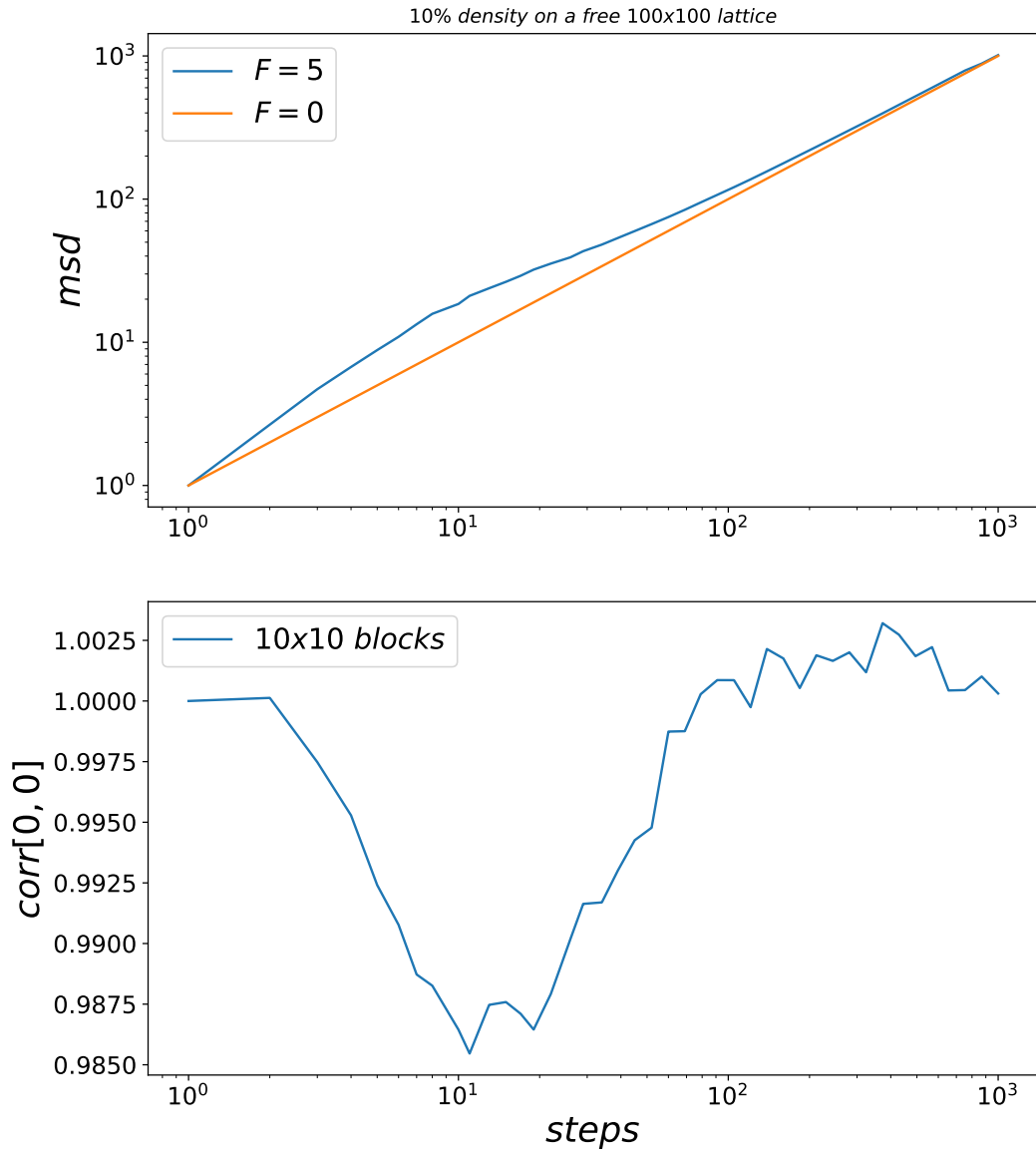


Abbildung 4.4: Dichteautokorrelation für  $10 \times 10$  Blöcke bei einem System von 10% Walkerdichte (auf  $L = 100$  Quadratgitter)

### 4.2.5 Korrelation mit benachbarten Blöcken

In diesem Abschnitt wird die Korrelation zu benachbarten Blöcken untersucht, dabei ist es, aufgrund der Symmetrie des Systems (Invarianz unter Drehungen um  $\pi/2$ ), unwesentlich, ob  $\Delta x$  oder  $\Delta y$  zu festen Zeitschritten  $t$  variiert wird. Es wird in nachfolgenden Plots daher stellvertretend für beide Möglichkeiten  $\Delta x$  variiert.

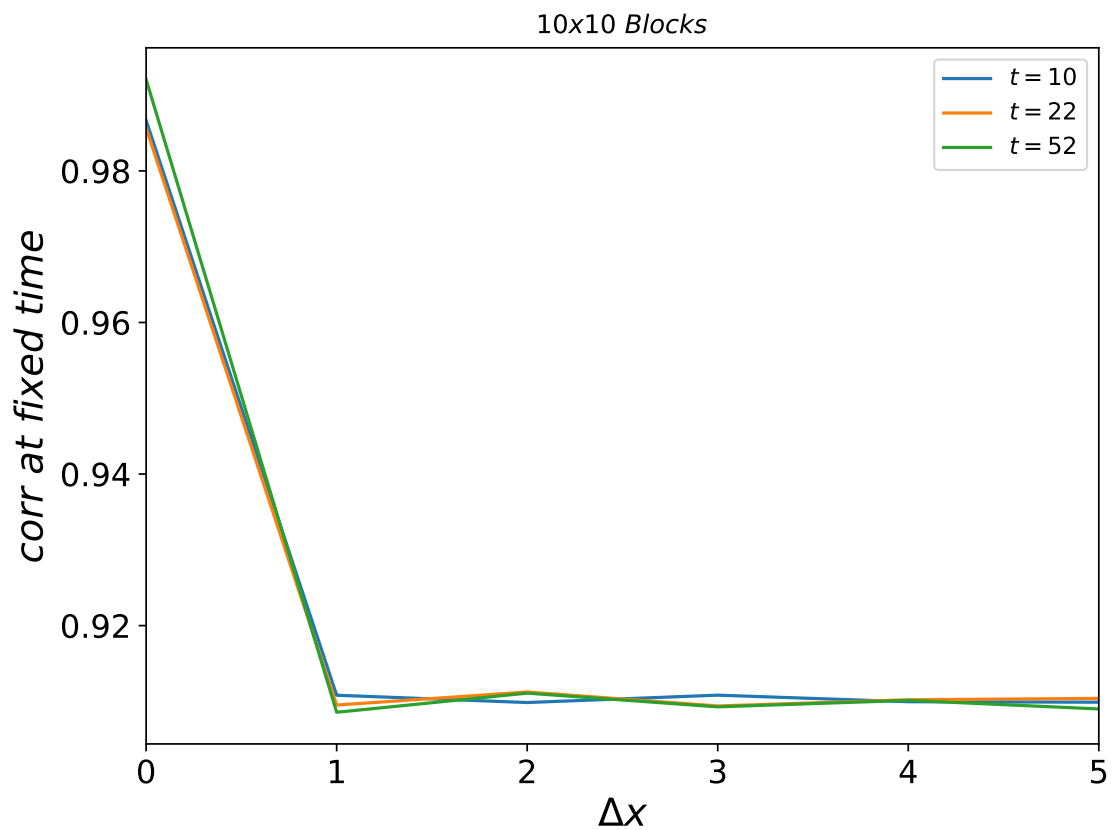


Abbildung 4.5: Korrelation zu benachbarten Blöcken für eine Blockgröße von  $10 \times 10$

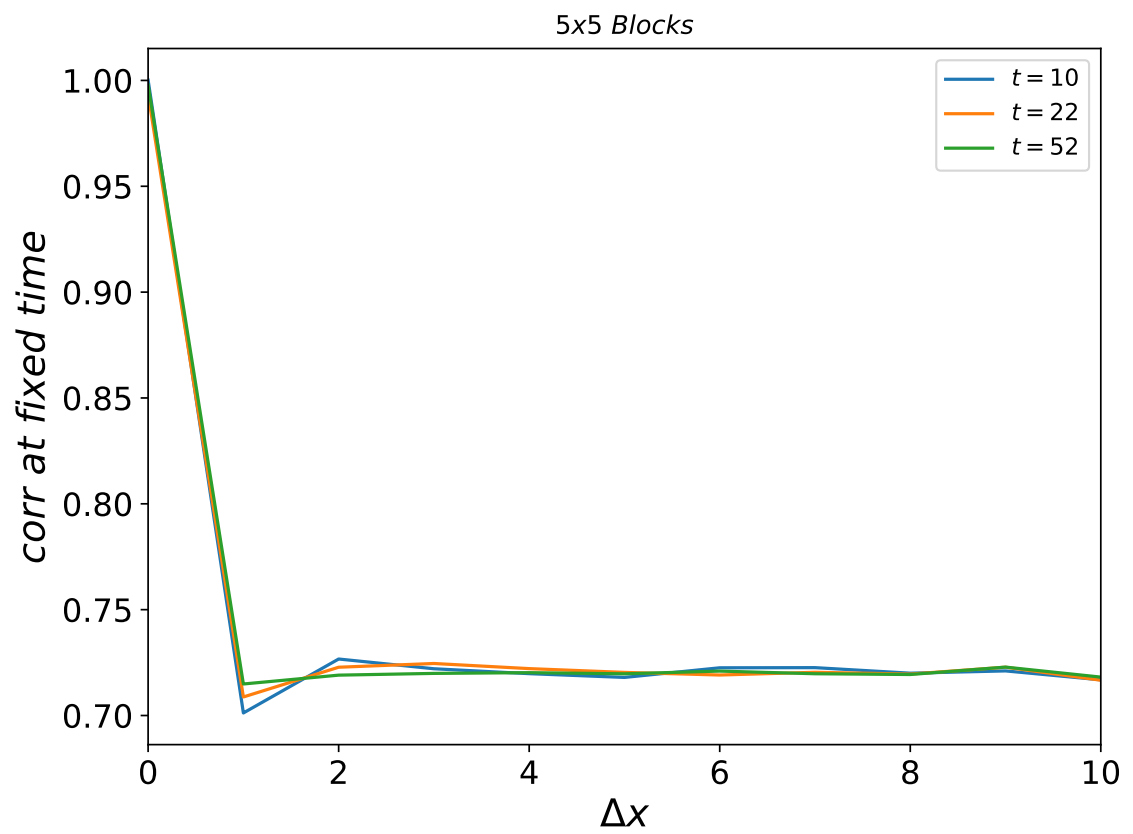


Abbildung 4.6: Korrelation zu benachbarten Blöcken für eine Blockgröße von  $5 \times 5$

Man kann an der oberen der beiden Abbildungen dieses Unterunterabschnitts sehen, dass nach 10 Schritten, also etwa an der Stelle, wo der Super- auf Subdiffusion Übergang ist, die Korrelation zum nächsten  $10 \times 10$  Block (von den drei hier verglichenen Zeitpunkten) am größten ist.

Zudem sieht man, dass die Korrelation zum nächsten  $5 \times 5$  Block (von den drei hier verglichenen Zeitpunkten) minimal ist. Der nächste  $5 \times 5$  Block wird also übersprungen. Dieses Ergebnis untermauert die Beobachtungen des vorangegangenen Unterschnitts, dass Walker aus stärker 'bevölkerten' Regionen 'abgestoßen' werden in weniger 'bevölkerte' Regionen des Nahrungsgitters.

#### 4.2.6 Autokorrelation der Schritte

Gegenstand dieses Abschnitts ist es, die Schrittautokorrelation des 2-dimensionalen nahrungssuchenden Random-Walks zu messen/simulieren.

Zur Erinnerung: Die Schrittautokorrelationsfunktion ist definiert worden als:

$$g_{t_0}(\tau) = \langle \hat{e}(t_0 + \tau) \cdot \hat{e}(t_0) \rangle , \quad (4.4)$$

wobei  $\hat{e}(t)$  der Schritt zur Zeit  $t$  ist. Der erste Schritt wird zur Zeit  $t_0 = 0$  ausgeführt. Die nachfolgende Graphik zeigt genau genommen nicht  $g_0(\tau)$ , sondern  $g_0$  in Abhängigkeit von der Anzahl der Schritte (wie schon im vorherigen Kapitel).

Die Schrittautokorrelationsfunktion gibt an, wie stark jeder Schritt eines Walkers nach einer Anzahl von Schritten noch zu seinem ersten Schritt korreliert ist. Diese Korrelation wird natürlich durch die Nahrung induziert und verät, ab wann diese keinen Effekt mehr hat und der Walk sich dem normalen Random-Walk annähert.

Eine weitere Graphik zeigt die Schrittautocorrelationsfunktion (erneut für 10% Walkerdichte) bei verschiedenen Nahrungspropensitäten  $F = 0, 1, 2, 5$ . Man erkennt sehr deutlich, dass je größer  $F$  ist, desto stärker und länger sind die Schritte korreliert.

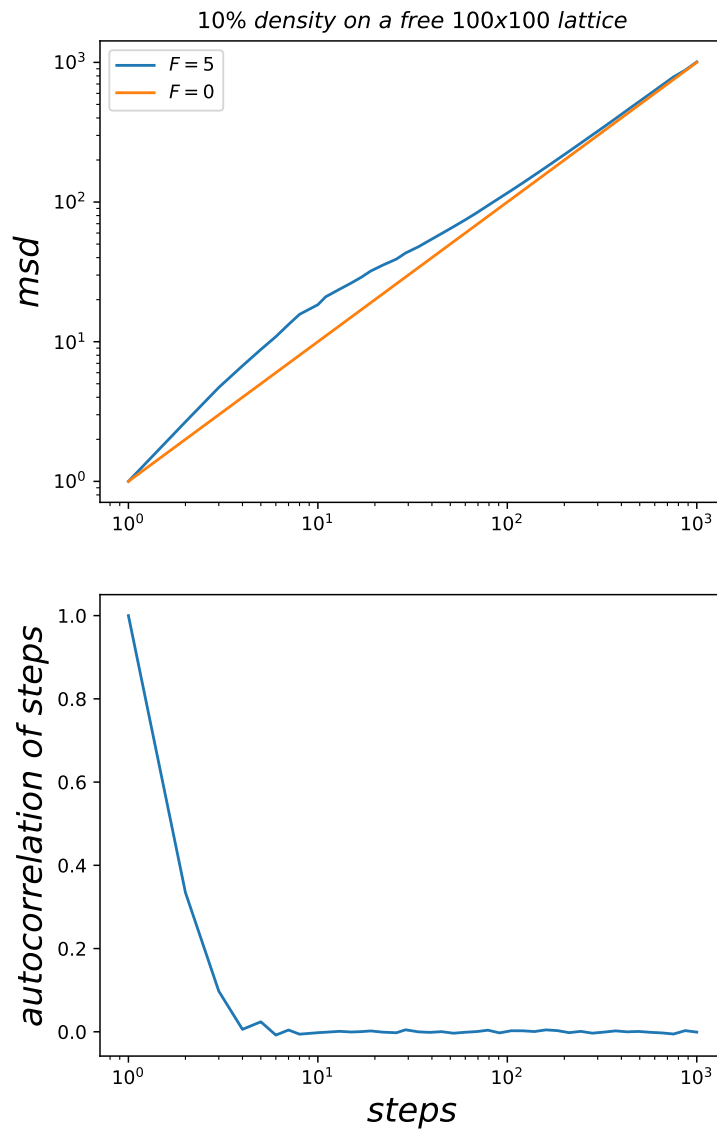


Abbildung 4.7: Autokorrelation der Schritte im Vergleich mit dem  $msd$

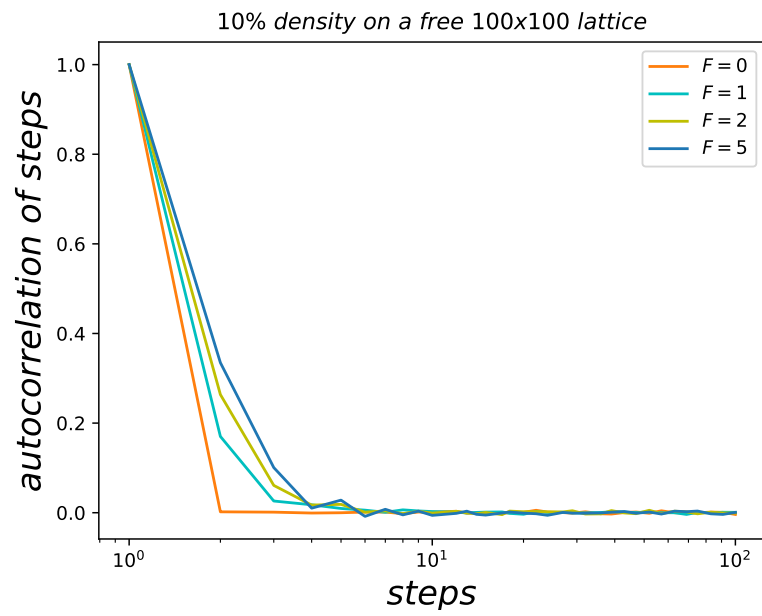


Abbildung 4.8: Schrittautocorrelationsfunktion zu  $F = 0, 1, 2, 5$

## 4.3 Sukzessives Ziehen

In diesem Abschnitt wird, im Gegensatz zu dem vorhergegangenen Abschnitt 4.2, der sukzessive Ziehalgorithmus der Walker (also ein Walker nach dem anderen, wobei nach jedem einzelnen Walker die Nahrungsmatrix bearbeitet wird) verwendet. Es werden die Ergebnisse mit denen für gleichzeitiges Ziehen verglichen.

### 4.3.1 Mean-Squared-Displacement und Nahrungsvorrat

Analog zu dem vorherigen Kapitel schaut man sich das *msd* und den Nahrungsvorrat für den Prozess von 1000 'hungrigen' ( $F = 5$ ) Walkern auf einem mit Nahrung belegten  $100 \times 100$  Gitter an. Es werden 100 Läufe simuliert, um über  $10^5$  Samples zu mitteln. Nachfolgende Graphiken zeigen die Ergebnisse:

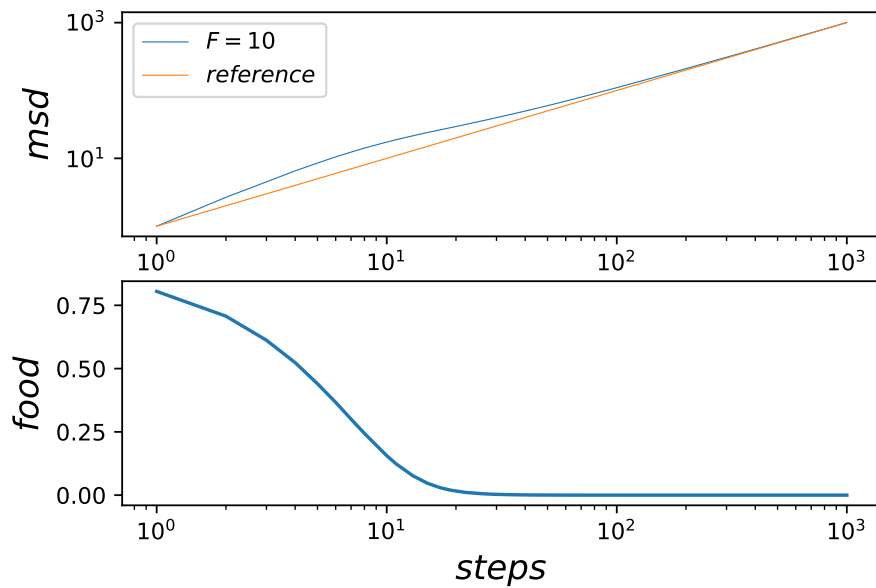


Abbildung 4.9: *msd* und Nahrungsvorrat für sukzessives Ziehen von 1000 Walkern auf  $100 \times 100$  Nahrungsgitter, gemittelt über 100 Läufe (also  $10^5$  Samples). 'reference' bezeichnet, wie gehabt, die freie Diffusion mit  $D = 1/4$ , also  $msd(t) = t$ .

Man erkennt erst bei etwas näherer Betrachtung, dass die Nahrung etwas schneller abnimmt. Dementsprechend flacht auch das *msd* früher ab und 'landet' früher auf der freien Diffusionskurve.

Die Erklärung für diesen Unterschied der beiden Algorithmen ist in einer Dimension klar; dort würden zwei Walker, die sich auf demselben Gitterplatz befinden, nahezu immer in entgegengesetzte Richtungen ziehen, wenn um sie herum, also zu beiden Seiten, Nahrung vorhanden ist. Ziehen die Walker simultan/gleichzeitig so ziehen sie zu 50% zusammen in eine Richtung und 'müssen die Nahrung teilen'.

Ein wirklicher/systematischer Unterschied ist aber zwischen den beiden Algorithmen bei mittleren und vor allem geringen Dichten (die hier untersucht werden) nicht zu erwarten, der sukzessive Algorithmus hat quasi einfach eine etwas höhere effektive Dichte.

## 4.4 Mean-Squared-Displacement bei unterschiedlichen Walkerdichten

In diesem Abschnitt wird der Einfluss der Walkerdichte auf das *msd* diskutiert.

Man kann vermuten, dass bei höherer Dichte schneller der 'Knick' hin zur Diffusionskurve entsteht. Denn der mittlere Abstand zwischen den hungrigen Walkern skaliert mit  $N^{-1/2}$ , wobei mit  $N$  die Anzahl der Teilchen bezeichnet wird. Wenn also die Anzahl der Walker, und damit die Dichte, vervierfacht wird, so erwartet man, dass der mittlere Abstand sich halbiert.

In anderen Worten: Die mittlere freie Fläche ist linear zur Teilchenzahl  $N$ , das *msd*, also die vom Walker abgedeckte Fläche, wächst in der Kurzzeitdiffusion ungefähr wie bei dem SAW, also mit Exponenten 1.5. Für die Lokalisierungsdauer, damit ist die Anzahl an Schritten bis die Walker sich (beziehungsweise die Fressspuren der anderen) 'sehen' gemeint, gilt somit:

$$t_{loc} \sim \rho^{-2/3}, \quad (4.5)$$

wobei  $\rho$  die Walkerdichte bezeichnet.

Bei doppelter Dichte sollte der 'Knick' hin zur Diffusionskurve also etwa nach dem 0.6-fachen der Anzahl an Schritten, eintreten, bei vierfacher Dichte nach 0.4 facher Schrittzahl.

Diese Überlegungen gelten –wenn überhaupt– natürlich nur für mittlere Dichte; nehmen wir eine Dichte von 200% an, so ist mit hoher Wahrscheinlichkeit nach dem ersten Zug alle Nahrung 'verbraucht' und eine weitere Verdoppe-



lung der Dichte bewirkt keinen Unterschied in der Zeit. Dieses Phänomen ist auf die diskrete Natur des zugrundeliegenden Prozess zurückzuführen.

## 4.5 Mean-Squared-Displacement mit neuem Aufpunkt

Ausgehend von der vorangegangenen Beobachtung, dass der Knick hin zur Diffusionskurve gleichzeitig mit dem Verschwinden der Schrittautokorrelationsfunktion eintritt, lässt sich vermuten, dass der subdiffusive Bereich nur eine Folge des superdiffusiven Beginns ist. Um diese Vermutung weiter zu untermauern, wird der Aufpunkt des  $msd$  gewechselt.

Es wird erneut ein Simulationsgitter mit Nahrung befüllt und der gleiche (biased) Random-Walk läuft ab, nur wird nun erst nach  $t_0$  Schritten das  $msd$  aufgenommen. Es ist also der hier als erster Schritt dargestellte Schritt 'in Wirklichkeit' der  $t_0 + 1$ te Schritt, aber der Aufpunkt wird um  $t_0$  Schritte verschoben, in Formeln also:

$$msd_{t_0}(t) = \langle [\vec{r}(t - t_0) - \vec{r}(t_0)]^2 \rangle , \quad (4.6)$$

wobei hier dann natürlich  $\langle \dots \rangle$  das Ensemblemittel ist.

Es lässt sich nun sehen, ob jetzt schon einfach ein normaler Random-Walk stattfindet, oder ob tatsächlich kurzzeitig eine anomale Diffusion mit tatsächlich langsamerer Ausbreitung der Walker vorliegt.

Die nachfolgende Graphik zeigt das Simulationsergebnis von 1000 (Dichte ist also 10%) hungrigen Walkern auf dem mit Nahrung belegten freien  $L = 100$  Gitter mit einem Zeitshift von  $t_0 = 10$ , untersucht mit dem simultanen Zugalgorithmus. Ich wähle  $t_0 = 10$  deshalb, da an dieser Stelle zuvor (siehe 4.2.6) ein starker Knick hin zur Diffusionskurve war und somit der doppelte Diffusionsexponent deutlich unter 1.

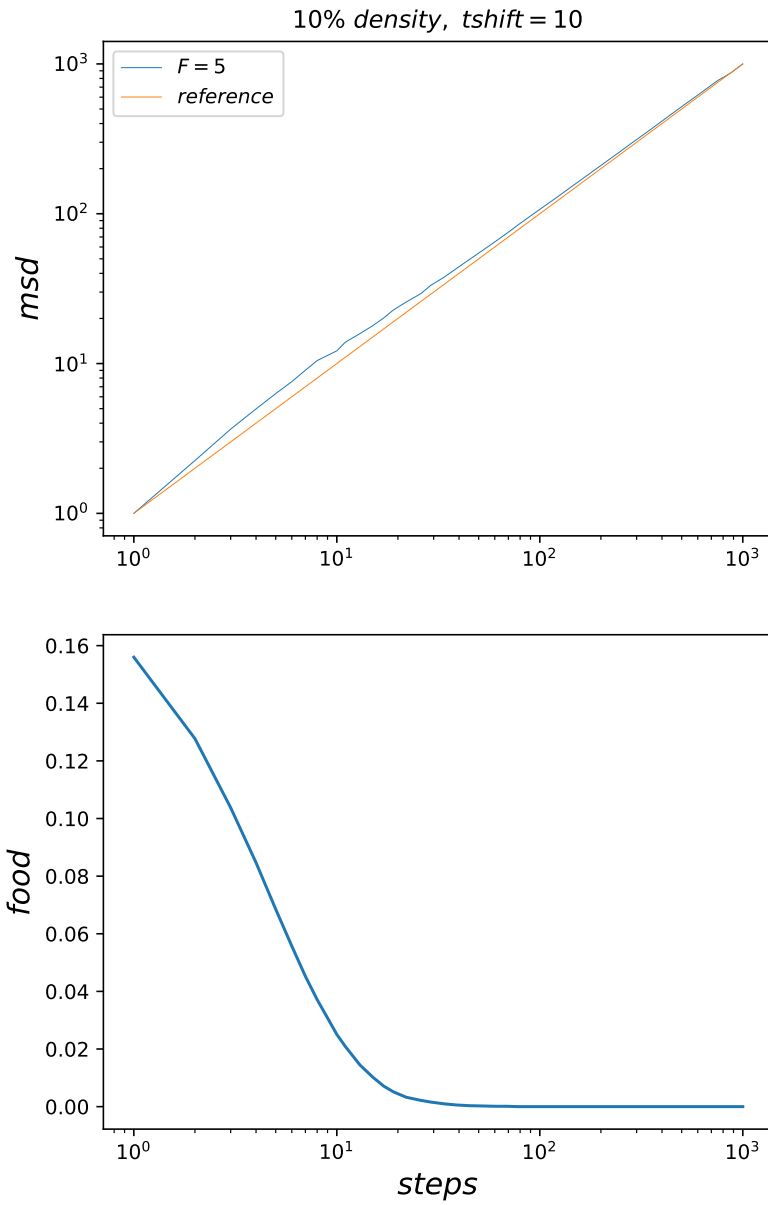


Abbildung 4.10:  $msd_{t_0=10}$  bei 10% Walkerdichte auf dem freien  $100 \times 100$  Gitter belegt mit Nahrung, im Vergleich zu dem freien 2D Random-Walk  $msd(t) = t$ .

Man erkennt nun eindeutig, dass der zuvor subdiffusive Bereich plötzlich superdiffusiv aussieht. Legen wir an den zuvor elften und zwölften Schritt ein Steigungsdreieck an, so ist die Steigung deutlich kleiner als 1, legen wir hier an den ersten und zweiten Schritt ein Steigungsdreieck an, so ist die Steigung deutlich über 1.

Die Walker breiten sich also nicht langsamer als die Diffusion in diesem Bereich aus, sondern eigentlich sogar etwas schneller. Da die Walker aber zuvor viel schneller waren (also sich viel stärker ausgebreitet haben) und somit schon deutlich größere mittlere Abstände zum jeweiligen Startpunkt haben, sieht es im *msd* Plot aus, als würden sich die Walker weniger als diffusiv ausbreiten.

Dies zeigt also, dass lokale Exponenten in transienten *msds* mit Vorsicht zu interpretieren sind. In Kapitel 6 wird die Diskussion vertieft und mit weiteren ähnlichen Beispielen (etwa [22]) in Zusammenhang gestellt.

## Kapitel 5

# Viele Random-Walker auf dem perkolierenden Cluster mit Nahrung (2D)

In diesem Kapitel wird die Dynamik vieler 'hungriger' Random Walker auf dem perkolierenden Cluster untersucht. Es wird also das 'Clearing out a Maze' Paper auf viele Walker erweitert. Wie zuvor, besteht zwischen den Walkern keine direkte Interaktion, sondern nur indirekt über 'Wegfressen' der Nahrung.

Auf dem freien Cluster wurde gefunden, dass die Dynamik nach einem superdiffusiven Regime zu Beginn in ein subdiffusives Regime wechselt (d.h. der Diffusionsexponent  $2\nu$  ist kleiner 1 und das  $msd$  liegt unter dem der freien Diffusion). Das  $msd$  nähert sich also auf lange Zeiten dem der freien Diffusion ( $F = 0$ ) von oben an.

Auf dem perkolierenden Cluster gibt es zwei Vergleichskurven, der einzelne Walker mit Nahrung auf dem perkolierenden Cluster ('Clearing out a Maze') und der Fall  $F = 0$ , also die anomale Diffusion auf dem perkolierenden Cluster ( $\nu \approx 0.347$  in zwei Raumdimensionen).

Zu beachten ist, dass der perkolierende Cluster immer unterschiedlich groß ist und daher unterschiedlich viele Walker für die gleiche Dichte benötigt werden. Hier wird bei der so errechneten Anzahl der Walker immer abgerundet (mittels der `int()`-Funktion in Python3).

## 5.1 Simulation von 10% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster

In diesem Abschnitt werden  $msd$ , Nahrungsvorrat und besonders der (doppelte) Diffusionsexponent von vielen Walkern auf dem perkolierenden Cluster diskutiert. Die Anzahl Gitterplätze auf dem perkolierenden Cluster in einem  $100 \times 100$  Gitter beträgt etwa 4000 (kann aber auch 2500 oder 5500 sein). Somit befinden sich etwa 400 hungrige Random-Walker (PAC-MANs) auf dem perkolierenden Cluster.

Man erwartet zu Beginn die aus [18] bekannte Kurzzeitdiffusion, da die PAC-MANs sich die ersten paar Schritte bei dieser Dichte wohl nicht 'sehen'. Sie bemerken nicht die Fressspuren der Anderen, da ihr mittlerer Abstand am Anfang zu groß dafür ist. Auf lange Zeiten erwartet man die anomale Diffusion auf dem perkolierenden Cluster aus [6], da irgendwann einmal alle Nahrung 'aufgefressen' worden ist und nun keine Interaktion mehr zwischen den Walkern vorliegt und auch die einzelnen Walker nicht mehr durch die Nahrung beeinflusst werden.

In diesem Abschnitt wird geprüft, ob dieses vermutete Verhalten eintritt und vor allem, wann der 'Wechsel der Kurven' stattfindet, also ob die Langzeitdiffusion der Ein-PAC-MAN Dynamik aus [18] erreicht wird oder nicht. Aus diesen Simulationsergebnissen kann man dann weitere Vorhersagen treffen, bei welcher Dichte wohl ein Wechsel der Langzeitdiffusionskurven zu erwarten ist.

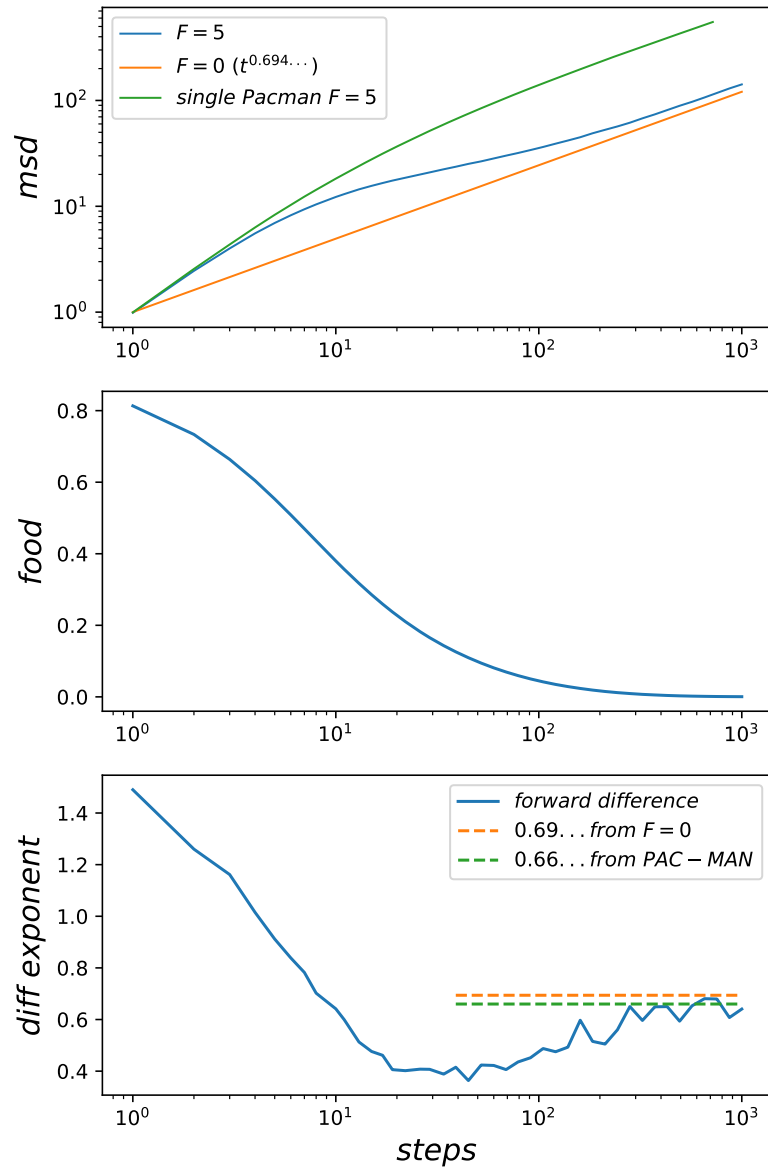


Abbildung 5.1: Oben beschriebenes Modell von 10% Walkerdichte auf perkolierendem Cluster. Es wurden 150 Matrizen/Cluster mit je 50 Läufen simuliert, um (bei im Schnitt ca. 400 Walkern) über  $10^5$  Samples zu mitteln.

Die Simulationsergebnisse zeigen, dass die Langzeitdiffusion mit 'neuem' Exponenten (aus [18]) nicht erreicht wird. Es wird vorher – aufgrund mangelnder neuer Nahrung welche die Walker 'biased' – auf die 'klassische' anomale Diffusionskurve des perkolierenden Clusters (also ohne Nahrung) gewechselt. Nach 8-10 Schritten ist der Wechsel deutlich zu sehen, und es liegen dort noch etwa 60%-40% der Nahrung vor.

Diese Simulation dient gut zur Abschätzung, dass deutlich geringe Dichten gewählt werden müssen, um tatsächlich in die PAC-MAN Langzeitdiffusion zu gelangen und anschließend aufgrund fehlender Nahrung auf die  $F = 0$  Kurve zu wechseln.

Statt nach 8-10 Schritten soll erst nach ca 100 Schritten der Nahrungsvorrat soweit geschrumpft sein, dass die PAC-MAN Kurve 'verlassen wird'. Es braucht also eine Walkerdichte von etwa 1% oder auch 0.5%; dies wären im Fall des  $100 \times 100$  Simulationsgitter etwa 40 (beziehungsweise 20) Walker.

## 5.2 Mean-Squared-Displacement bei unterschiedlichen Walkerdichten

Wie zuvor angekündigt, wird in diesem Kapitel zunächst das Simulationsergebnis für das gleiche System wie im vorigen Kapitel, aber bei einer sehr geringen Walkerdichte von 0.5%, vorgestellt.

Anschließend wird – wie auf dem freien Gitter – (ohne geblockte Plätze) eine Graphik mit verschiedenen Dichten und Referenzsystemen präsentiert.

Die Hoffnung bei einer Walkerdichte von 0.5% war, dass das *msd* in den Bereich der sogenannten PAC-MAN Langzeitdiffusion kommt, also eine anomale Diffusion mit einem von der Nahrungspropensität  $F$  abhängigen Diffusionsexponenten ('power-law') unterhalb dem für den klassischen Random-Walk auf perkolierendem Cluster. Erneut wurde über etwa  $10^5$  Samples gemittelt.

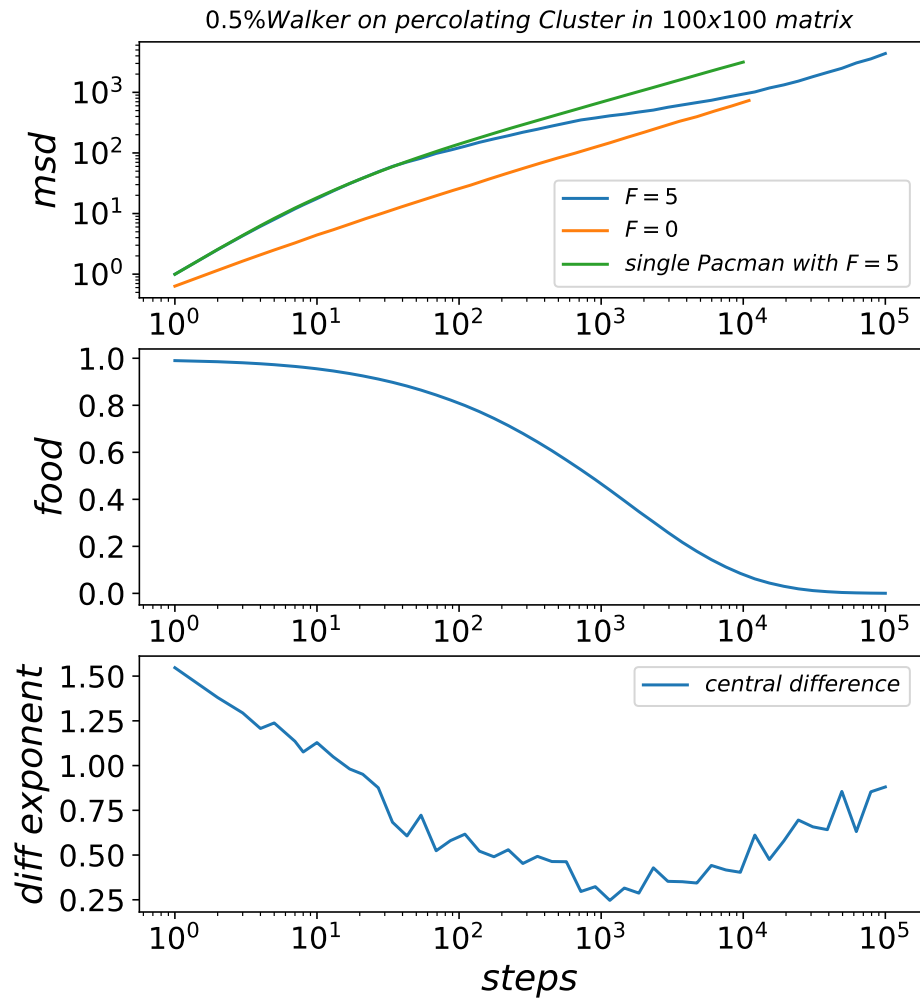


Abbildung 5.2: Oben beschriebenes Modell von 0.5% Walkerdichte auf perkolierendem Cluster. Es wurden 150 Matrizen/Cluster mit je 100 Läufen simuliert, um (bei im Schnitt ca. 20 Walkern) über  $10^5$  Samples zu mitteln.



Nun wird tatsächlich die PAC-MAN Langzeitdiffusion erreicht. Zu Beginn dieser Arbeit wurde diese diskutiert und insbesondere die Frage, wieso die Ausbreitung durch das Einführen der Nahrung, also ein starkes Bevorzugen zuvor nicht-besuchter Plätze langsamer wird. Das schlagende Argument war, dass der hungrige Walker (PAC-MAN) im Gegensatz zu einem normalen Random-Walker auf dem perkolierenden Cluster häufiger in Sackgassen (oder auch 'tote Enden' genannt) gezogen wird als der normale Random-Walker und sich anschließend langsam/diffusiv aus diesen 'herauskämpft', um wieder auf dem sogenannten 'Backbone' des perkolierenden Clusters zu sein.

Ich gebe in dieser Arbeit ganz bewusst keine genauere Definition des 'Backbone' außer, dass dieser der Bereich des perkolierenden Clusters ist, der zum schnellen Durchschreiten geeignet ist. Viele in der Literatur zu findende Definitionen und gar Algorithmen, um dieses 'Backbone' zu finden, sind mit großer Vorsicht zu genießen und enthalten einige Unstimmigkeiten. Der 'Backbone' wird oft als der Bereich, in dem der Strom bei beliebigem Blitzeinschlag auf dem perkolierenden Cluster abfließen würde, definiert und so auch bestimmt. Problematisch ist der beliebige Einschlagpunkt; liegt dieser in einem toten Ende oder in einem Umweg (eine loop oder ähnliches), so zählt man dies mit zum 'Backbone'.

Es gibt hier also einen fundamentalen Unterschied zum freien Cluster, und zwar, dass die Langzeitdiffusion durch das Einführen von Nahrung 'langsamer' wird. Hier könnten also tatsächlich überproportional viele Walker in Sackgassen laufen und die Ausbreitung verlangsamen.

Diese Frage wird im nächsten Kapitel wieder durch eine veränderte Aufpunktwahl, wie schon in der freien Ebene, versucht zu klären.

Um diesen Abschnitt abzuschließen, wird eine Graphik mit verschiedenen Walkerdichten auf dem perkolierenden Cluster gezeigt. Die Dichte beeinflusst erneut den Zeitpunkt zu dem auf die Langzeitreferenzkurve ohne Nahrung gewechselt wird, da die Anzahl der Walker natürlich bestimmt wie lange wie viel Nahrung vorhanden ist.

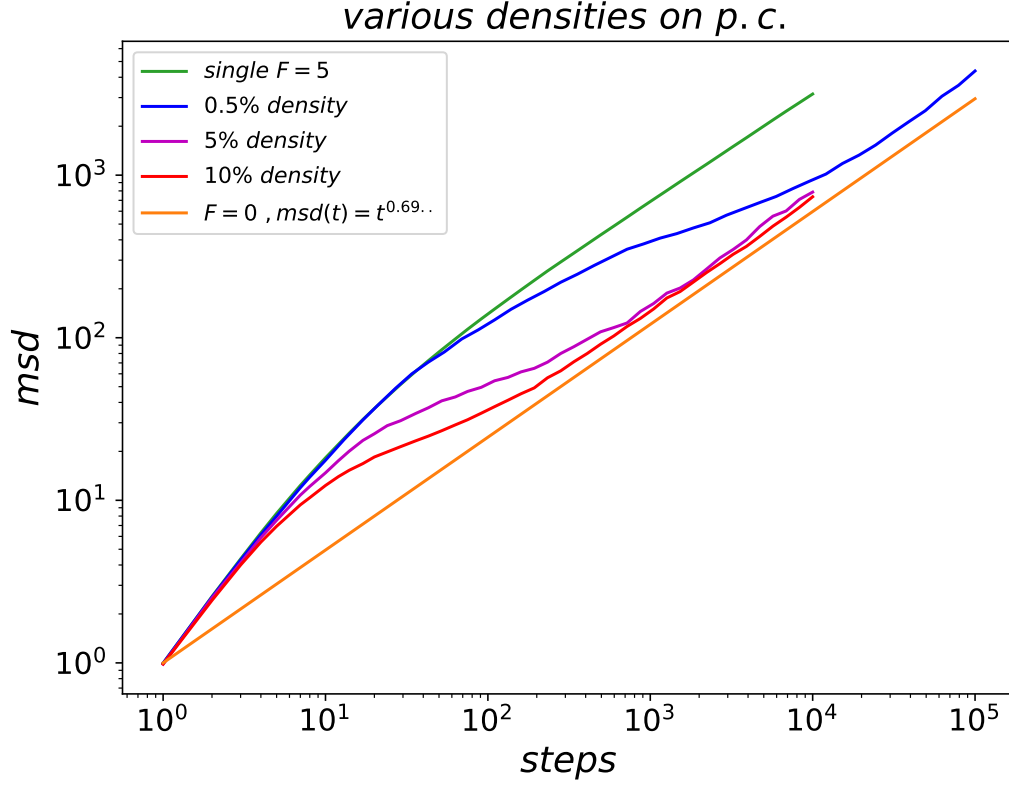


Abbildung 5.3:  $msd$  zu verschiedenen Walkerdichten auf dem perkolierenden Cluster im Vergleich zur Ein-Teilchen PAC-MAN Dynamik und zum  $F = 0$  Fall, also dem klassischen Random-Walk auf dem perkolierenden Cluster ohne Nahrung

### 5.3 Mean-Squared-Displacement auf dem perkolierenden Cluster mit neuem Aufpunkt

Die Simulation des 'biased' Random-Walk durch Nahrung ('PAC-MAN' Walk) auf dem perkolierenden Cluster mit mehreren indirekt interagierenden Walkern hat gezeigt, dass je nach Dichte der Walker verschieden lange das in [18] gefundene  $msd$  gehalten wird. Es wird je nach Dichte subdiffusiv (also mit geringerem Diffusionsexponenten als der freie Random-Walk in gleicher Umgebung) auf die freie  $F = 0$  Kurve gewechselt. Ähnlich wie auf dem freien Nahrungsgitter, soll nun auch hier dieser Bereich durch neue Aufpunktwahl

des  $msd$  untersucht werden. Durch diesen Wechsel des Aufpunktes lässt sich die Ausbreitung aus dem zu diesem Zeitpunkt vorliegenden Zustand (also Walker und Nahrungsverteilung) messen.

Wir nehmen hier erneut die 0.5% Dichte (auf dem  $L = 100$  Simulationsgitter) und verschieben den Aufpunkt einmal um 100 Schritte, denn dort beginnt der Walker etwa die 'PAC-MAN-Kurve' zu verlassen und unter den  $F = 0$  Exponenten von  $2\nu \approx 0.694...$  zu fallen.

Zudem wird an gleichem System eine Simulation mit um 1000 MC-Schritte verschobenem Aufpunkt durchgeführt, also in dem Bereich zwischen den beiden Referenzkurven (PAC-MAN und  $F = 0$ ).

Abschließend wird noch einmal das System mit einem um 10000 Schritte verschobenem Aufpunkt betrachtet, folglich zu einem Zeitpunkt, wo das ursprüngliche  $msd$  auf der  $F = 0$  Referenzkurve liegt.

Durch diese drei Verschiebungen des Aufpunktes können Aussagen über die tatsächlichen Ausbreitungsgeschwindigkeiten der hungrigen Random-Walker getroffen werden.

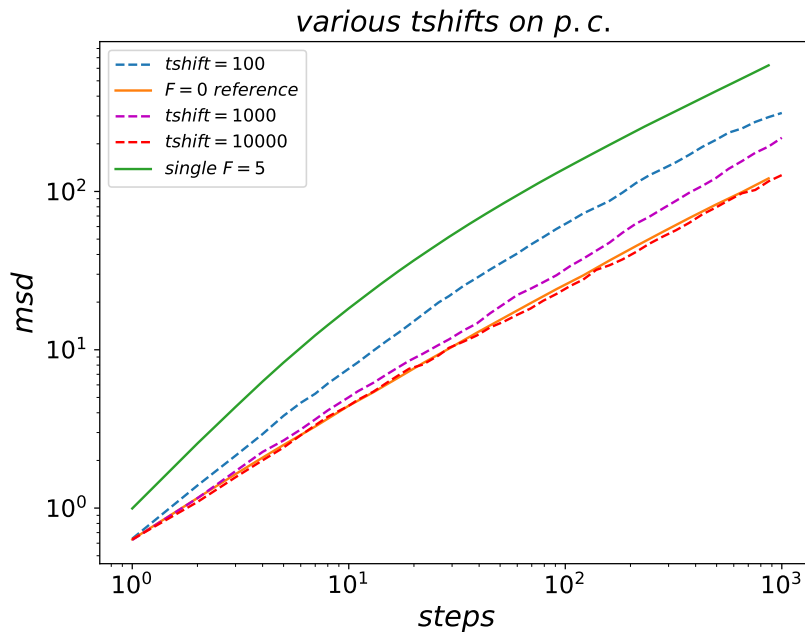


Abbildung 5.4:  $msd$  zu verschiedenen verschobenen Aufpunkten im Vergleich zu der PAC-MAN Kurve und der  $F = 0$  Referenz (anomale Diffusion auf dem perkolierenden Cluster)

Es ist sehr Ähnlich wie in Kapitel 4 auf dem freien Gitter ohne Hindernisse zu sehen, dass keine echte Subdiffusion stattfindet. Erneut scheinen die Walker sich nur der  $F = 0$  Referenz anzupassen. Ihre Ausbreitung ist auch nach 100 und 1000 Schritten (wo noch jeweils ungefähr 80% und 40% der Nahrung vorhanden sind) noch immer schneller als die Referenz völlig ohne Nahrung. Diese ergibt sich auch nach 10000 Schritten, bei unter 20% Nahrungsvorrat erneut.

Letzteres Ergebnis stellt die Aussage von [18], dass durch die Nahrung die Walker mehr Zeit als 'üblich' (also ohne Nahrung) in Sackgassen/toten Enden des perkolierenden Clusters verbringen in Frage. Wären tatsächlich mehr Walker als 'üblich' in Sackgassen, so könnte man erwarten, dass diese Verteilung auch nach einer großen Anzahl an Schritten vorläge, wo nahezu alle Nahrung weggefressen ist. Diese Startverteilung mit mehr Walkern in Sackgassen als üblich sollte zu einem *msd* zwischen 'percolating-cluster average' und 'all-cluster average' führen. Diese Vermutung ist aber eine sehr vage und wird – wie zuvor bereits erklärt – nicht weiter diskutiert. Um Aussagen dieser Art zu diskutieren, muss zuvor eine neue und strengere Definition des sogenannten 'Backbone' (siehe oben) gegeben werden und ein Algorithmus zum Auffinden dieses neu definierten 'Backbone' entwickelt werden. Beide Aufgaben sollen kein Teil dieser Arbeit sein.

# Kapitel 6

## Transiente Mean-Squared-Displacements

### 6.1 Beispiele für transiente msd

Dieses Kapitel widmet sich transienten, also vergänglichen, mean-squared-displacements. Hiermit sind nicht stationäre, sich ständig verändernde Prozesse, wie in den beiden letzten Kapiteln untersucht, gemeint. In diesen Prozessen kann es im *msd* zu sub- oder superdiffusiven Bereichen kommen, ohne jedoch, dass dies die tatsächliche Ausbreitungsgeschwindigkeit der Teilchen/Walker (oder eines einzelnen Teilchens/Walkers) korrekt beschreibt.

So wurde zum Beispiel in Kapitel 4 ein subdiffusives Regime gesehen, in welchem man durch veränderte Aufpunktwahl des *msds* (numerisch durch Monte-Carlo-Simulation) zeigen konnte, dass sich die Walker weiterhin stärker als diffusiv aus ihrer aktuellen Konfiguration ausbreiten und unter diesem Aufpunkt sogar superdiffusive Dynamik aufweisen.

Dieses Beispiel zeigt schon, dass in Prozessen, welche nicht stationär sind, sondern sich ständig mit der Zeit verändern, das *msd* und auch insbesondere der unter Vermutung eines Potenzgesetzes/'power-law' bestimmte Diffusionsexponent  $\nu$  beziehungsweise  $2\nu$  nicht die volle Aussagekraft hat, die ihm oft (insbesondere in einführenden Vorlesungen über statistische Physik und Systeme weicher Materie) zugesprochen wird.

Ein weiteres sehr spannendes Beispiel für einen transienten Prozess ist die Dynamik von kolloidalen Flüssigkeiten unter Scherung, wie beispielsweise in dem Paper [22] diskutiert. Hier wird die Dynamik durch die Scherung vergänglich (transient) beeinflusst. Ein kolloidales System nahe dem Glasübergang erfährt eine fortlaufende Scherung. Ab einer bestimmten Stärke der

Scherung wird eine superdiffusive Dynamik beobachtet. Auch hier besteht die Frage, ob dieser Superdiffusion eine tatsächlich schnellere Ausbreitung der Teilchen zugrunde liegt, oder dies nur ein Effekt ist, der zuvor – bei geringer Scherung – zu langsame Ausbreitung und anschließender Anpassung an die Diffusionskurve, welche sich auf lange Zeiten einstellen muss.

## 6.2 Minimalmodell eines Walkers auf einem Nahrungsquadrat, echte Subdiffusion

Es wird nun im Gegensatz zu den vorherigen Modellen ein transienter Prozess vorgestellt, der zunächst superdiffusive Dynamik aufweist und anschließend ein echt subdiffusives Regime zeigt. Mit echt subdiffusiv ist eine *msd* gemeint, welches tatsächlich unter der Diffusionskurve liegt, zumindest nach Wahl des Aufpunktes zu Beginn dieses Regimes. So kann man mit Gewissheit sagen, dass die Ausbreitung zu einem gewissen Zeitpunkt tatsächlich geringer ist als bei dem vergleichbaren Diffusionsprozess.

Ein leicht zu verstehendes und auch leicht zu implementierendes Minimalmodell für einen solchen transienten Prozess ist es, einen einzelnen Walker in die Mitte eines kleinen, mit Nahrung besetzten Quadrates, innerhalb einer größeren Matrix zu setzen. Hier wird zum Beispiel in die Mitte einer  $L = 100$  Matrix ein  $l = 20$  Quadrat mit Nahrung belegt (das heißt auf die  $x$  und  $y$  Indices 40 bis einschließlich 59), der Walker startet bei  $x_0 = y_0 = 50$ .

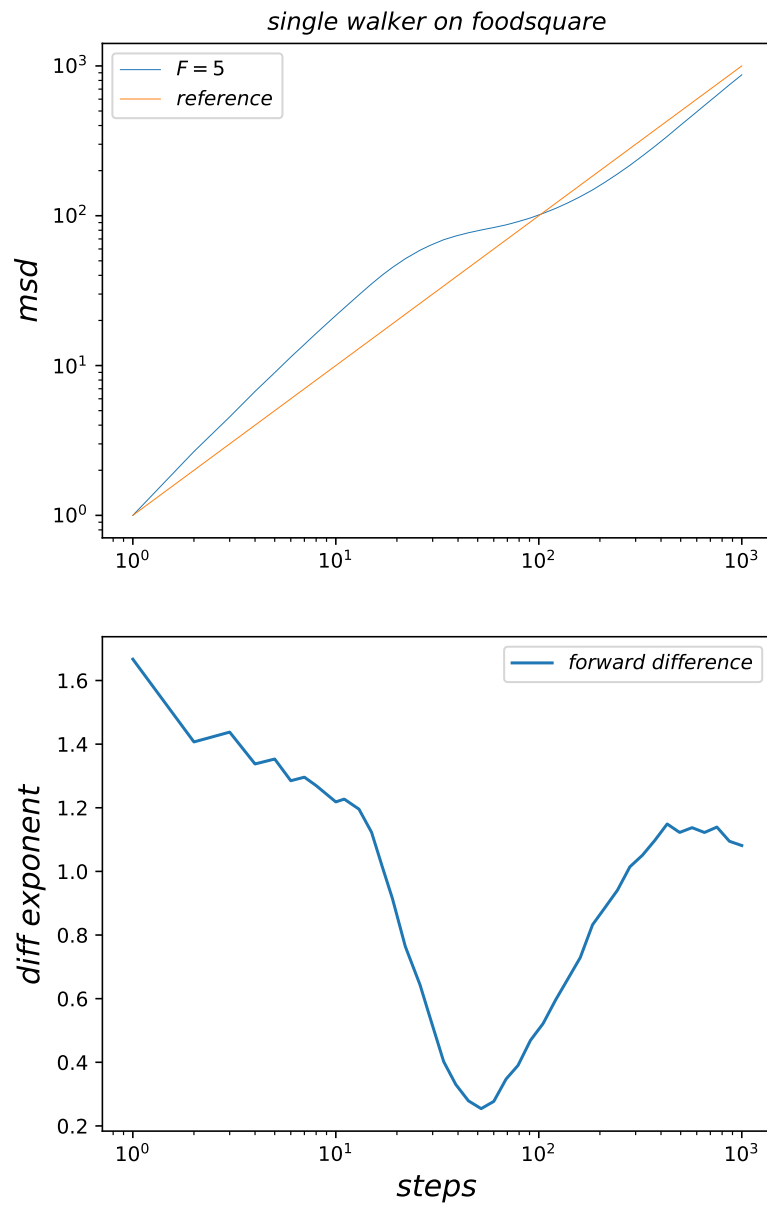


Abbildung 6.1: Ergebnis der MC-Simulation des oben vorgestellten Minimalmodells. Es wurde über  $10^5$  Samples gemittelt.

Es ist in der nachfolgenden Abbildung zu sehen, dass der Walker bei etwa  $\sqrt{msd} \approx 10$  streng subdiffusiv wird; dies passt genau mit dem Erreichen von dem Rand des Nahrungsquadrat zusammen. Nach ungefähr 200 bis 300 MC-Schritten läuft der Walker wieder fast diffusiv beziehungsweise sogar leicht superdiffusiv (siehe unten), da er sich 'freigefressen' hat. Das Nahrungsquadrat ist nahezu leer, und der Walker hat kein mit Nahrung benachbartes Feld um sich.

Interessant ist es auch zu erwähnen, dass nach dem subdiffusiven Regime wieder ein leicht superdiffusives Regime aufzutreten scheint. Nach den vorherigen Diskussionen ist es aber möglich, dass dem nicht der Fall, sondern dies erneut nur der umgekehrte Effekt von Kapitel 4 ist. Nach dem subdiffusiven Regime ist die Ausbreitung hinter der der normalen Diffusion zurück; ein anschließender normaler Random-Walk (da auch keine Nahrung mehr vorhanden ist, muss es sich um einen solchen handeln) erscheint hier superdiffusiv. Eine Verschiebung des Aufpunktes für das  $msd$  um 300 Schritte zeigt also in den Bereich, wo der doppelte Diffusionsexponent über 1.0 zu sein scheint. Damit lässt es sich klären, ob tatsächlich eine Superdiffusion vorliegt und die Random-Walker sich stärker als diffusiv ausbreiten oder nur ein diffusives Verhalten, welches nur durch den 'Rückstand' gegenüber  $msd(t) = t$  superdiffusiv erscheint.

Die nachfolgenden Ergebnisse zur Simulation des  $msds$  mit um 300 Schritte verschobenem Aufpunkt bestätigen eine leichte Superdiffusion für ungefähr weitere 100 Schritte. Anschließend findet die übliche (wie schon in Kapitel 4 gesehen) Anpassung auf die Diffusionskurve statt, denn der Prozess muss auf sehr lange Zeiten natürlich wieder diffusive Dynamik zeigen.



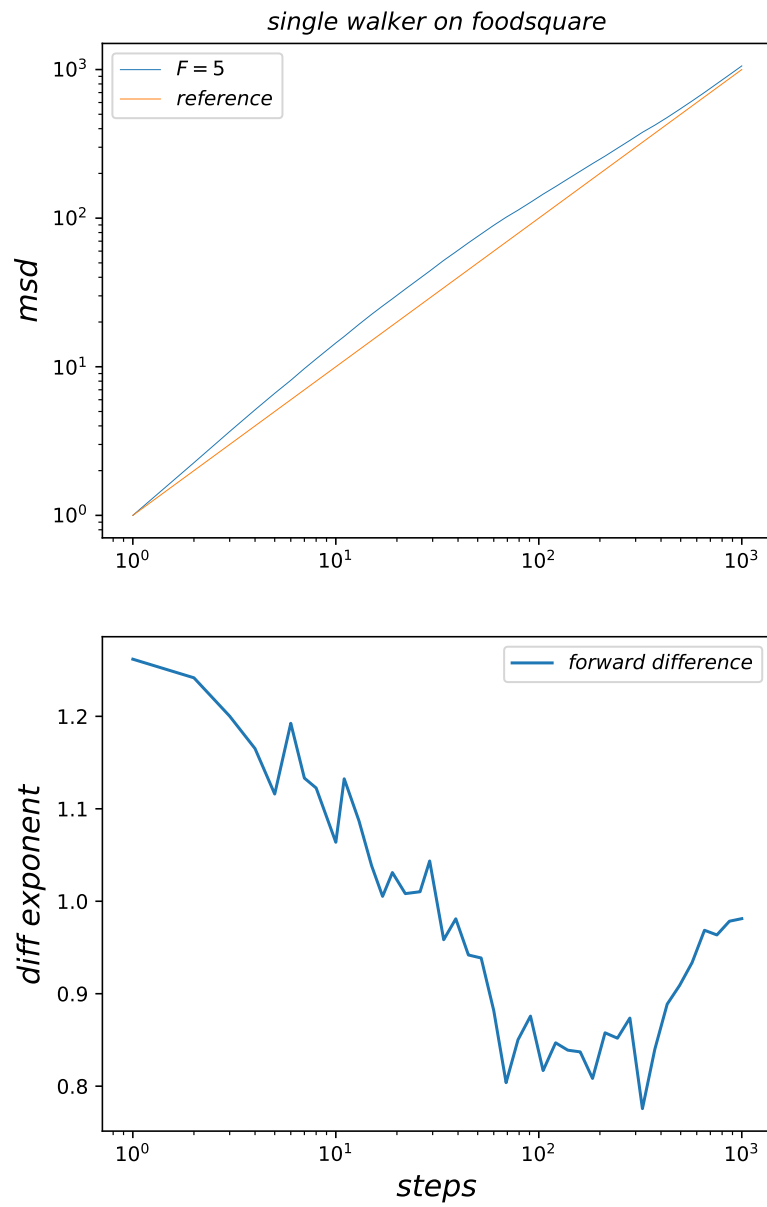


Abbildung 6.2: Ergebniss der MC-Simulation des oben vorgestellten Minimalmodells, mit um 300 Schritte verschobenem Aufpunkt. Es wurde über  $10^5$  Samples gemittelt.

Nachfolgende Abbildungen zeigen, dass der Effekt sich (zeitlich) verschieben lässt, wenn das Nahrungsquadrat eine andere Größe besitzt. In jedem Fall ist es klar zu sehen, dass zum Zeitpunkt des Wechsels zwischen Superdiffusion nach strenger/echter Subdiffusion der Abstand zum Rand der Nahrung etwa mit der Wurzel aus dem  $msd$  übereinstimmt.

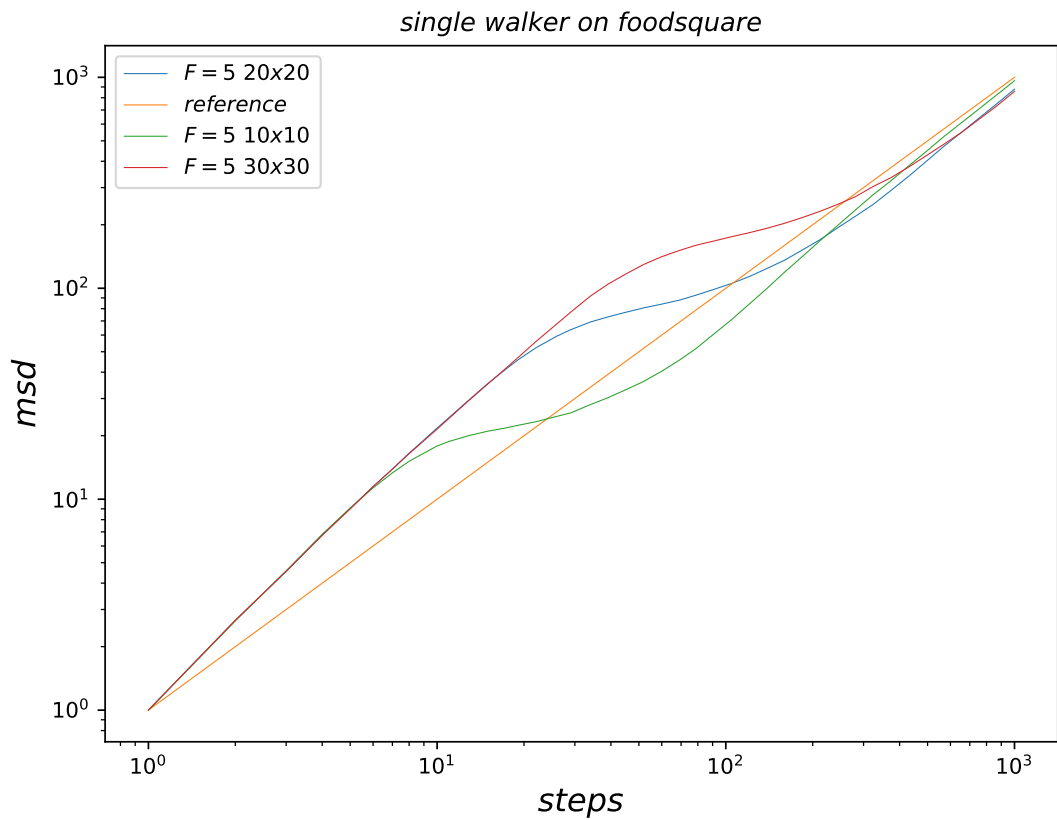


Abbildung 6.3: Ergebniss der MC-Simulation eines einzelnen Walkers auf Nahrungsquadraten unterschiedlicher Größe

## 6.3 PAC-MAN Verhalten als unendliche Transiente

Die vorangegangenen Diskussionen dieses Kapitels und auch insbesondere von Kapitel 5 haben gezeigt, dass die Nahrung den Prozess und auch damit das *msd* transient macht. Dieses transiente *msd* – und insbesondere die Steigung des *msd* im doppelt logarithmischen Plot – waren sehr mit Vorsicht zu analysieren.

Meistens werden *msds* von nicht transienten Prozessen im Gleichgewicht betrachtet, wie zum Beispiel der klassische Random-Walk oder der Random-Walk auf dem perkolierenden Cluster [6]; hier lassen sich aus dem *msd* und der Steigung des *msd* im doppelt logarithmischen Plot klare Aussagen über die Ausbreitung der Teilchen (beziehungsweise Walker) treffen. Bei transienten Prozessen ist dem nicht so. In Kapitel 4 wurde durch Simulation gezeigt, dass auch in Bereichen, wo der Exponent, also die Steigung des *msd* im doppelt logarithmischen Plot kleiner als 1 ist, aber die Walker sich trotzdem stärker als diffusiv ausbreiten. In dem Limes langer Zeiten  $t \rightarrow \infty$  muss sich jedes Mal durch das Verschwinden der Nahrung Diffusion einstellen, und zu Beginn muss durch die Nahrung, durch welche zuvor unbesuchte Felder bevorzugt werden, der Prozess superdiffusiv (also bei mittleren Dichten, wo sich die Walker ein paar Schritte zumindest gegenseitig nicht spüren) ablaufen. Es ergibt sich aus diesen beiden Grundlagen schon automatisch, dass es einen mittleren Zeitabschnitt mit einer Steigung kleiner als 1 im *msd* geben muss, wobei aber zunächst die wahre Dynamik/Ausbreitung hier nicht offensichtlich ist. Dieser Zeitbereich war von dem Nahrungsvorrat und damit der Walkerdichte abhängig.

In Kapitel 5 wurden ähnliche Resultate gefunden, auch hier konnte man finden, dass die Walker auf lange Zeiten, je nach der Dichte, auf der Referenzkurve  $F = 0$  also der des Random-Walk auf dem perkolierenden Clusters (siehe oben) liegen müssen, wohingegen erneut die Dynamik auf kurzen Zeiten ungefähr derer des Self-Avoiding Walks entsprechen muss (für große  $F$  wie  $F = 5$  zumindest), siehe Abbildung 2.18 aus [18]. Es gibt sich demnach wieder eine mittlere Zeitskala, welche eine Steigung kleiner als diejenige der Referenzkurve  $F = 0$  haben muss. In Kapitel 5 wurde herausgefunden, dass diese Zeitskala durch Verringern der Dichte nach hinten geschoben werden kann. In dem Paper [18] wird mit einem 'hash-table' gearbeitet. Es existiert nur ein einziger Walker und keine periodischen Kopien, die Dichte ist dementsprechend 0. Man kann den neu gefunden Exponenten der PAC-MAN Dynamik auch als eine unendliche Transiente auffassen.

# Kapitel 7

## Nachfüllen der Nahrung

### 7.1 Einleitung/Idee

Die vorangegangenen Kapitel haben (numerisch) gezeigt, dass *msds* des PAC-MAN Prozesses und seiner weiteren Varianten transient sind. Dieses transiente Verhalten wird durch das 'leerfressen' der Nahrung verursacht. Man kann also für Dichten  $\rho > 0$  nur eine dauerhafte Dynamik erhalten (quasi eine unendlich lange Transiente, wie in [18]), in dem man künstlich, also durch zufälliges Nachfüllen, einen annähernd konstanten Nahrungsvorrat schafft.

Hier wird die offensichtliche Variante gewählt, dass für jeden Walker in der Simulationsbox nach jedem Schritt einmal versucht wird, eine neue Nahrungseinheit  $F$  zu platzieren. Dazu wird nach jedem Schritt pro Walker eine zufällige Position (auf dem perkolierenden Cluster natürlich) gewählt und, falls keine Nahrungseinheit vorhanden ist, mit Nahrung aufgefüllt. So wird sich je nach Walkerdichte immer ein gewisser Nahrungsvorrat einstellen. Ist die Nahrungsmatrix schon stark geleert, so werden viele Auffüllversuche akzeptiert; bei hingegen stark gefüllter Nahrungsmatrix werden die Auffüllversuche mit hoher Wahrscheinlichkeit abgelehnt. Dies entspricht also einer Art konstantes chemisches Potential Simulation für die Nahrung.

Wichtig ist zu erwähnen, dass nicht zu viele Auffüllversuche unternommen werden sollten, da es schlecht ist, wenn man quasi immer die gerade 'leergefressenen' Felder wieder befüllt werden. So sind immer wieder alle Felder befüllt und man hat quasi den  $F = 0$  Fall, denn keine Felder werden mehr anderen gegenüber bevorzugt.

In diesem Kapitel soll diese Simulation – erneut mit dem gleichzeitigen Zugalgorithmus – für mehrere Walkerdichten durchgeführt werden. Interessant sind speziell der sich einstellende Nahrungsanteil, denn dieser lässt Rückschlüsse darauf zu, wieviel Nahrung sich die Walker gegenseitig 'wegfressen'

(beziehungsweise wie die Anzahl der 'neu besuchten' Gitterplätze von der Dichte abhängt).

## 7.2 Simulation bei verschiedenen Walkerdichten

In diesem Abschnitt werden die Simulationsergebnisse für  $\rho = 10\%$  und  $\rho = 1\%$  vorgestellt, diskutiert und verglichen.

### 7.2.1 10% Walkerdichte

In der nachfolgenden Abbildung sind die Simulationsergebnisse von 100 Läufen auf  $L = 100$  Simulationsboxen bei einer Walkerdichte von 10 % zu sehen, es wurde also über ungefähr  $3 \cdot 10^5$  Realisierungen gemittelt (das *msd*). Es wurden 1000 Schritte simuliert. Die Nahrungspropensität ist  $F = 5$ .

Es ergibt sich ein transientes (da sich das Nahrungslevel noch einstellen muss und der Prozess in dieser Zeit transient ist) *msd* zwischen der ein PAC-MAN Kurve aus [18] und der Dynamik ohne Nahrung aus [6].

Diese Dynamik ist insofern einleuchtend, da der Nahrungsvorrat ungefähr auf 52% gehalten wird. Somit gibt es sowohl immer wieder Bereiche (zeitlich sowie räumlich), in denen sich Walker nach der ein PAC-MAN Dynamik verhalten als auch andere, in denen sich Walker nach der  $F = 0$  Dynamik verhalten.

Wie zuvor erwähnt, stellt sich der Nahrungsvorrat bei ungefähr 52% ein. Bei diesem Wert werden also ungefähr genau so viele neue Gitterplätze besucht (also Nahrungseinheiten gefressen) wie eingefügt werden. Es ist interessant zu sehen, wie dieser Wert im Vergleich zu anderen Walkerdichten ist. Dieser Wert stellt sich nach grob 30 Schritten ein; ohne die Auffüllversuche ist zu diesem Zeitpunkt schon der Nahrungsvorrat auf unter 20%.

Der ab Schritt 40 gemittelte (doppelte) Diffusionsexponent beträgt  $2\nu = 0.672$  mit einer Varianz von  $\sigma^2 \approx 0.001$ . Dies ist leicht oberhalb von dem  $F = 5$  Wert aus [18] und meiner eigenen Simulation mit einem Walker (aber periodischen Kopien, welche aber auf diesen Zeitskalen noch keinen Einfluss haben). Dieser Wert ist mit 'average' (in Grün) ebenfalls in der Graphik enthalten.

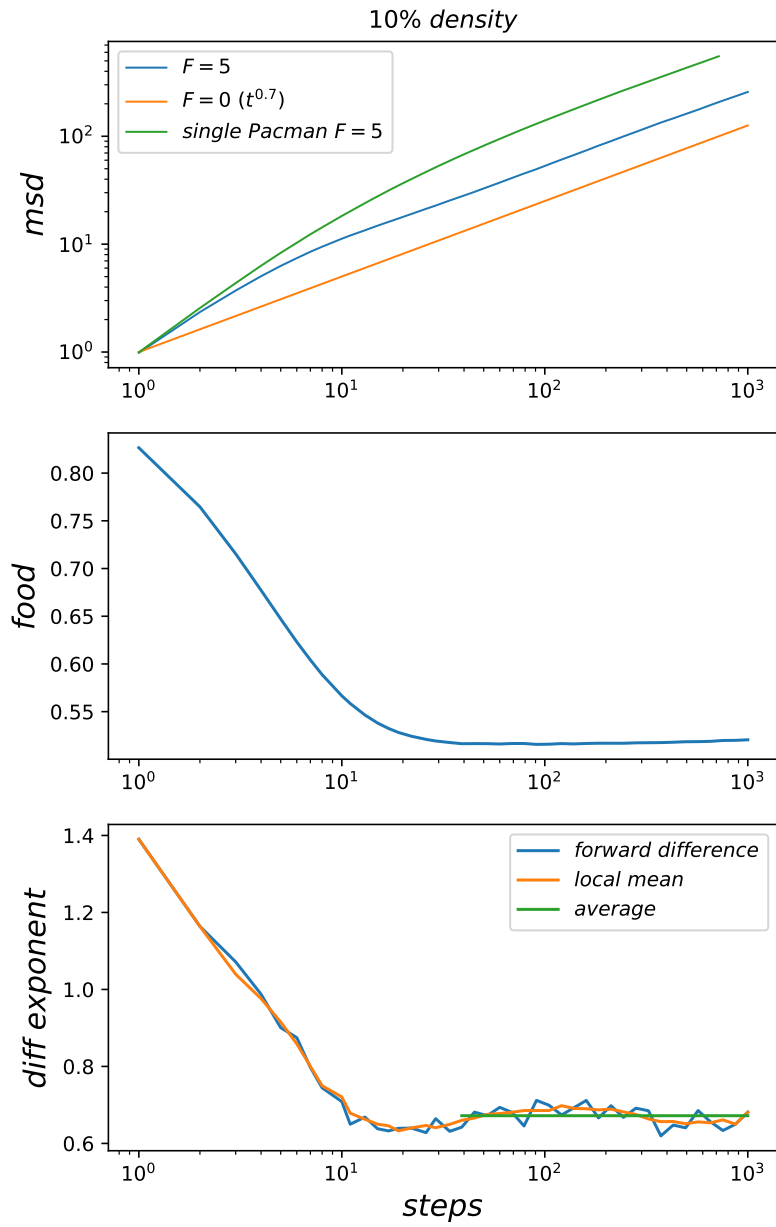


Abbildung 7.1: Ergebniss der MC-Simulation von 10% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster mit einem Auffüllversuch pro Walker und Zeitschritt

Dies war aber erneut das transiente *msd*, da der Prozess nicht 'equilibriert' war, also bei (nahezu) konstantem Nahrungslevel ablief. Nun soll ebenfalls das stationäre *msd* vorgestellt werden. Dazu wird der Aufpunkt um 100 Schritte verschoben. Nach diesen 100 Schritten ist das Nahrungslevel (nahezu) konstant, man kann also sagen, dass das System 'equilibriert' ist. Man erhält nun ein deutlich 'schnelleren' Diffusionsexponenten von  $\sigma^2 \approx 0.001$  mit einer Varianz von  $\sigma^2 \approx 0.001$ . Da dies ein stationäres *msd* ist, kann man einen cross-over mit dem PAC-MAN Prozess ( $2\nu \approx 0.66$ ) erwarten, welcher ebenfalls quasi stationär (bei Dichte  $\rho = 0$ ) bzw. unendlich lang transient ist, da der Nahrungsvorrat unendlich groß ist.

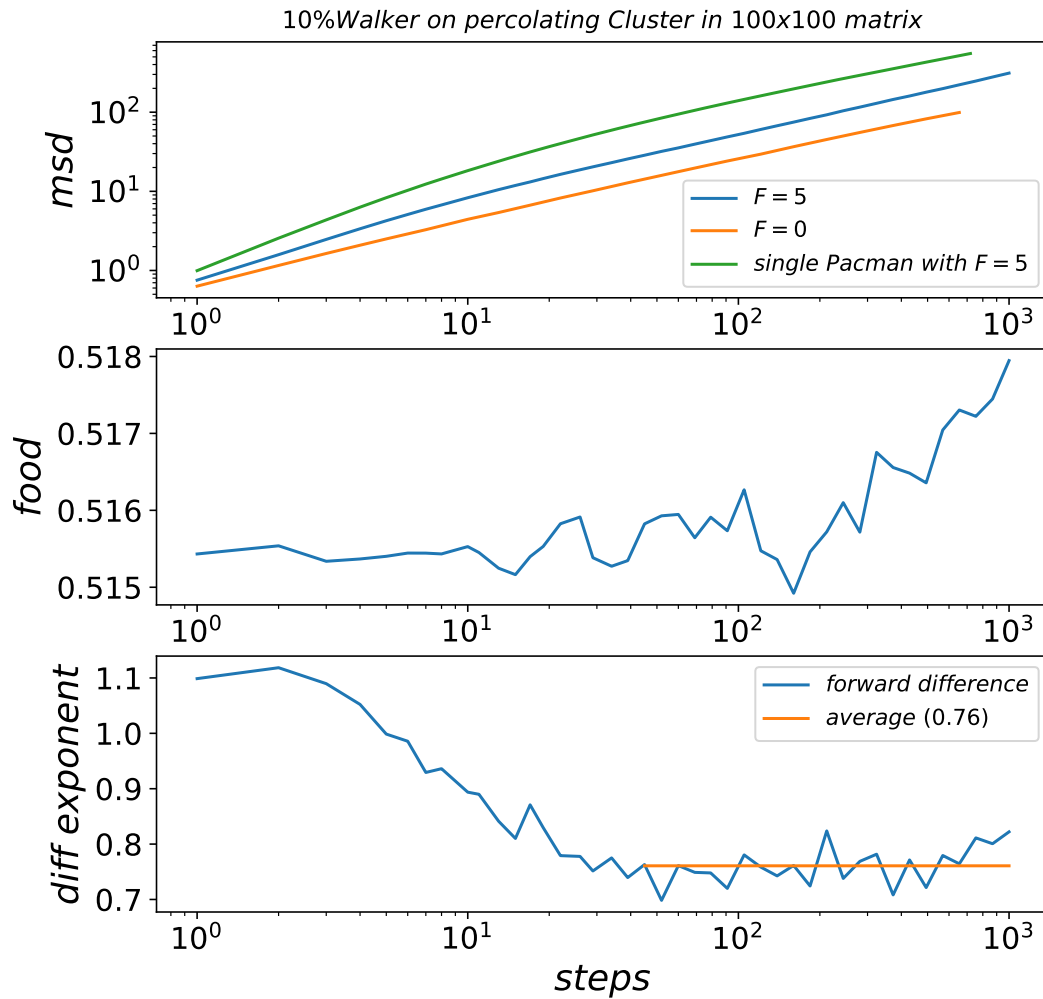


Abbildung 7.2: Ergebniss der equilibrierten MC-Simulation (100 Schritte equilibriert) von 10% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster mit einem Auffüllversuch pro Walker und Zeitschritt



### 7.2.2 1% Walkerdichte

In diesem Unterabschnitt werden die Simulationsergebnisse von 200 Läufen auf 10 Matrizen der Größe  $L = 100$  vorgestellt. Im Gegensatz zu dem vorangegangenen Unterabschnitt liegt die Walkerdichte bei 1%, und es werden 10000 Schritte simuliert. Damit ergibt sich eine Mittelung über etwa  $2 \cdot 10^4$  Realisierungen für das  $msd$  und den Diffusionsexponenten.

Wie aus den Ergebnissen bei 10% Walkerdichte zu erwarten war, ergibt sich erneut ein transientes  $msd$  zwischen der ein PAC-MAN Kurve aus [18] und der Dynamik ohne Nahrung aus [6]. Nur ist es in diesem Fall deutlich näher an der ein PAC-MAN Kurve, welche den Fall  $\rho \rightarrow 0$  widerspiegelt, wobei nicht aufgefüllt wird. Anzumerken ist, dass im Fall eines einzigen Walkers in einem unendlich großen perkolierenden Clusters, die Auffüllrate nach 0 geht, da nur endlich viele Felder (aus unendlich vielen) keine Nahrung enthalten. Die Nahrung stellt sich oberhalb von 75% ein und scheint etwas stärker als im Fall von 10% Walkerdichte zu schwanken. Die Schwankungen lassen sich daran erklären, dass weniger Auffüllversuche unternommen werden und so die Anzahl der angenommenen Auffüllversuche stärker schwankt.

Erneut kann man einen Diffusionsexponenten während der annähernd konstanten Nahrung bestimmen, dazu mittelt ich die Diffusionsexponenten ab dem 495. Schritt (dieser Speicherpunkt liegt auf meinem logarithmischen Grid) und erhält einen Mittelwert von  $2\nu = 0.607$  bei einer Varianz von  $\sigma^2 \approx 0.01$ .

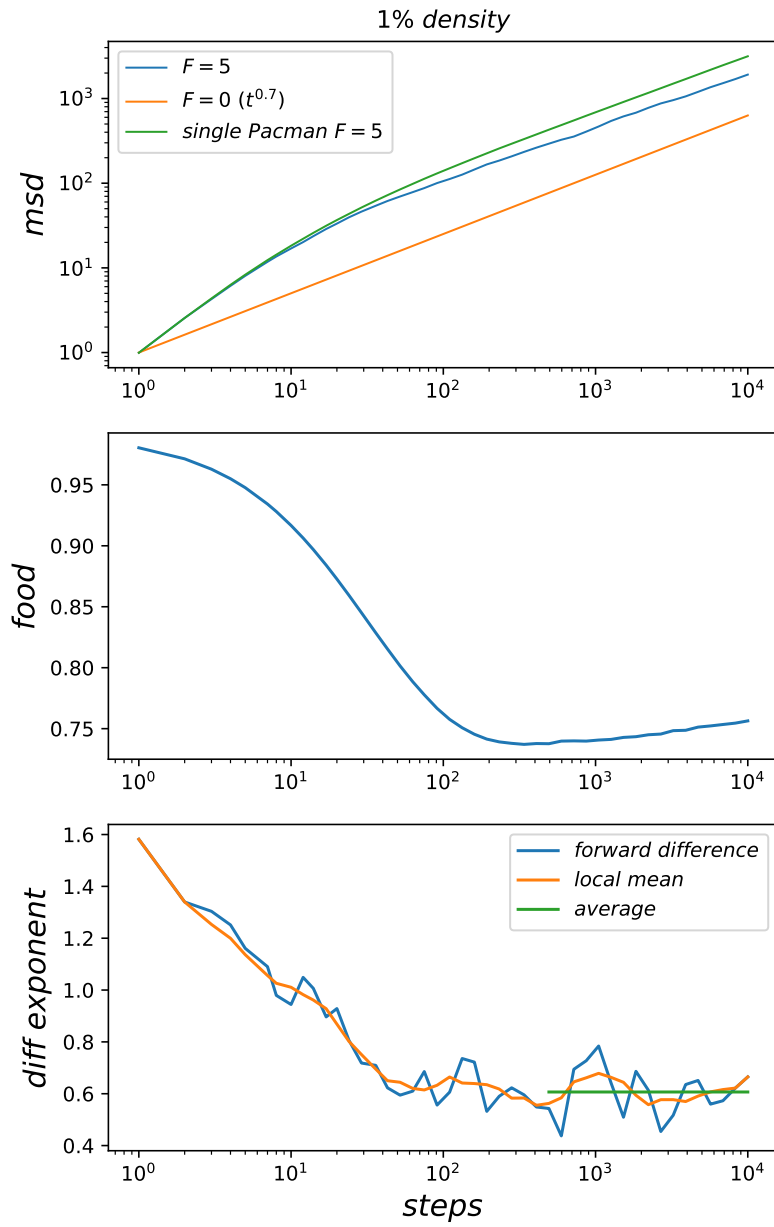


Abbildung 7.3: Ergebniss der MC-Simulation von 1% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster mit einem Auffüllversuch pro Walker und Zeitschritt

### 7.2.3 Vergleich

Aus dem Vergleich der beiden Simulationen mit 10% und 1% Walkerdichte haben wir gesehen, dass sich bei 1% Walkerdichte ein wesentlich höherer Nahrungsvorrat einstellt und das *msd* auch (dementsprechend?) näher an dem eines einzelnen Walkers (Dichte  $\rho \rightarrow 0$ ) ist. Die Frage ist nun, ob ein dichteres System (also zum Beispiel wieder die 10%), auf welchen zum Beispiel durch mehr Auffüllversuche der Nahrungsvorrat höher gehalten wird, auch näher an das *msd* der PAC-MAN Simulation (also [18]) kommt. So könnte man zeigen, dass die Interaktion über das 'Wegfressen der Nahrungseinheiten', durch das Auffüllen verringert wird.

Auch die Einstellung des Nahrungsvorrats im Bezug auf die Walkerdichte möchte ich in diesem Unterabschnitt darstellen. Dazu wurden Simulationen bei 0.5%, 1%, 2%, 3%, 4%, 5%, 6%, 8%, 10%, 15% und 20% durchgeführt und ihre sich einstellenden Nahrungsniveaus (foodlevels) durch einen Polygonenzug verbunden.

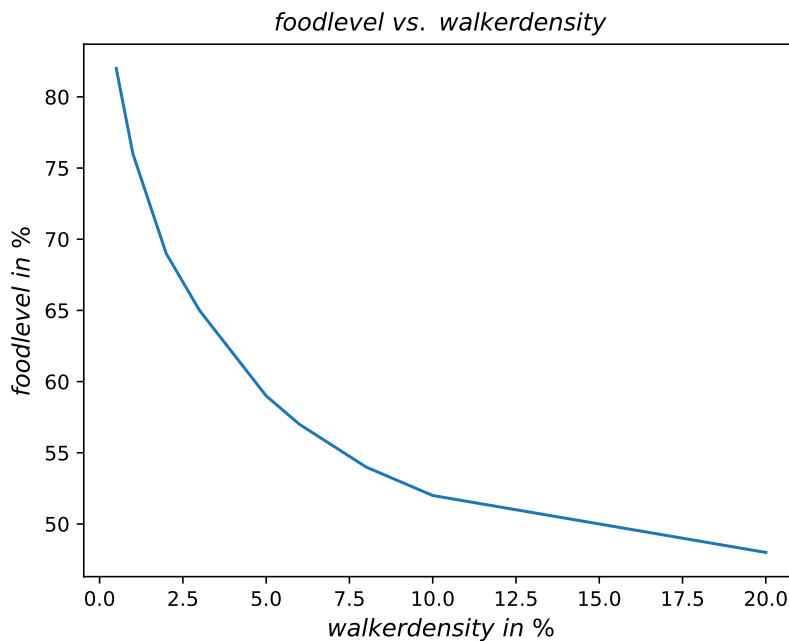


Abbildung 7.4: Das sich einstellende Nahrungslevel in Prozent gegen die Walkerdichte in Prozent aufgetragen, bei einem Auffüllversuch pro Walker

### 7.3 Mehrere Auffüllversuche pro Walker

In diesem Kapitel soll untersucht werden, in wie weit das Nahrungslevel den dominanten Einfluss auf das *msd* hat. Konkret soll bei einer Dichte  $\rho$  durch mehrere (z.B. zwei oder drei) Auffüllversuche ein höheres Nahrungslevel geschaffen werden, wie es sich mit einem Auffüllversuch pro Walker zu einer Dichte  $\hat{\rho} < \rho$  ergibt.

Zunächst möchte ich mein 'Standardsystem', also 10% Walkerdichte auf einem perkolierenden Cluster in einer  $100 \times 100$  Matrix, mit zwei Auffüllversuchen pro Walker simulieren. Hierbei wurden wie zuvor 100 Läufe auf 10 Matrizen simuliert. Nachfolgende Graphik zeigt, dass sich ein höheres Nahrungslevel als zu zuvor, bei einem Auffüllversuch pro Walker, ergibt. Man findet ein Nahrungslevel von ungefähr 67%, aus der obigen Graphik 7.4 bei einem Auffüllversuch und 2% Walkerdichte. Auch die Simulationsergebnisse der 2% Walkerdichte, mit einem Auffüllversuch pro Walker, werden unten gezeigt.

Um die *msds* miteinander richtig vergleichen zu können, sollten allerdings equilibrierte, also mit verschobenem Aufpunkt berechnete, *msds* betrachtet werden.

Hier lässt sich erkennen, dass sich nahezu dasselbe Nahrungslevel und auch nahezu derselbe Diffusionsexponent einstellt. Es lässt sich also die äußerst plausible Vermutung aufstellen, dass das Nahrungslevel die Dynamik bestimmt. Plausibel ist diese Vermutung daher, da die einzelnen Walker die anderen Walker direkt gar nicht spüren, sondern nur die Nahrung, somit ist die Dichte der Walker nur insofern entscheidend, wie sie sich auf das Nahrungslevel auswirkt.

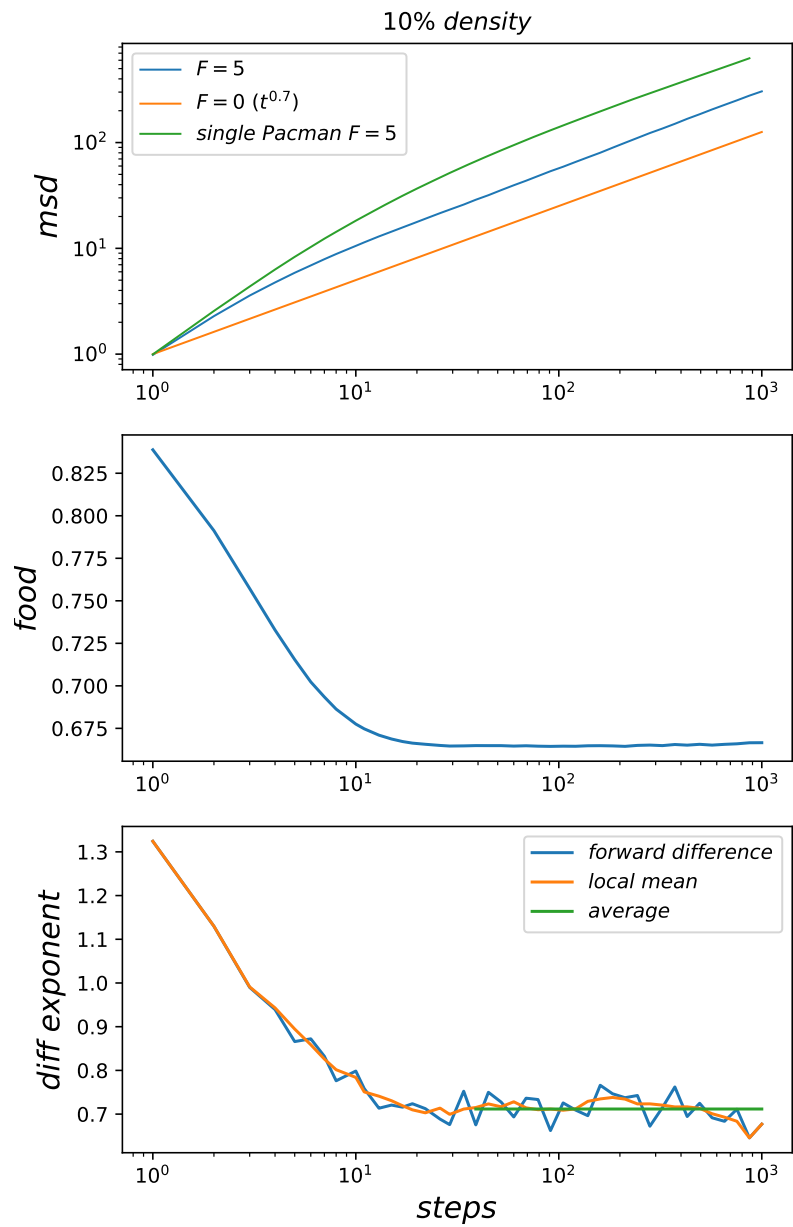


Abbildung 7.5: Ergebniss der MC-Simulation von 10% Walkerdichte auf dem perkolierenden Cluster mit zwei Auffüllversuchen pro Walker und Zeitschritt

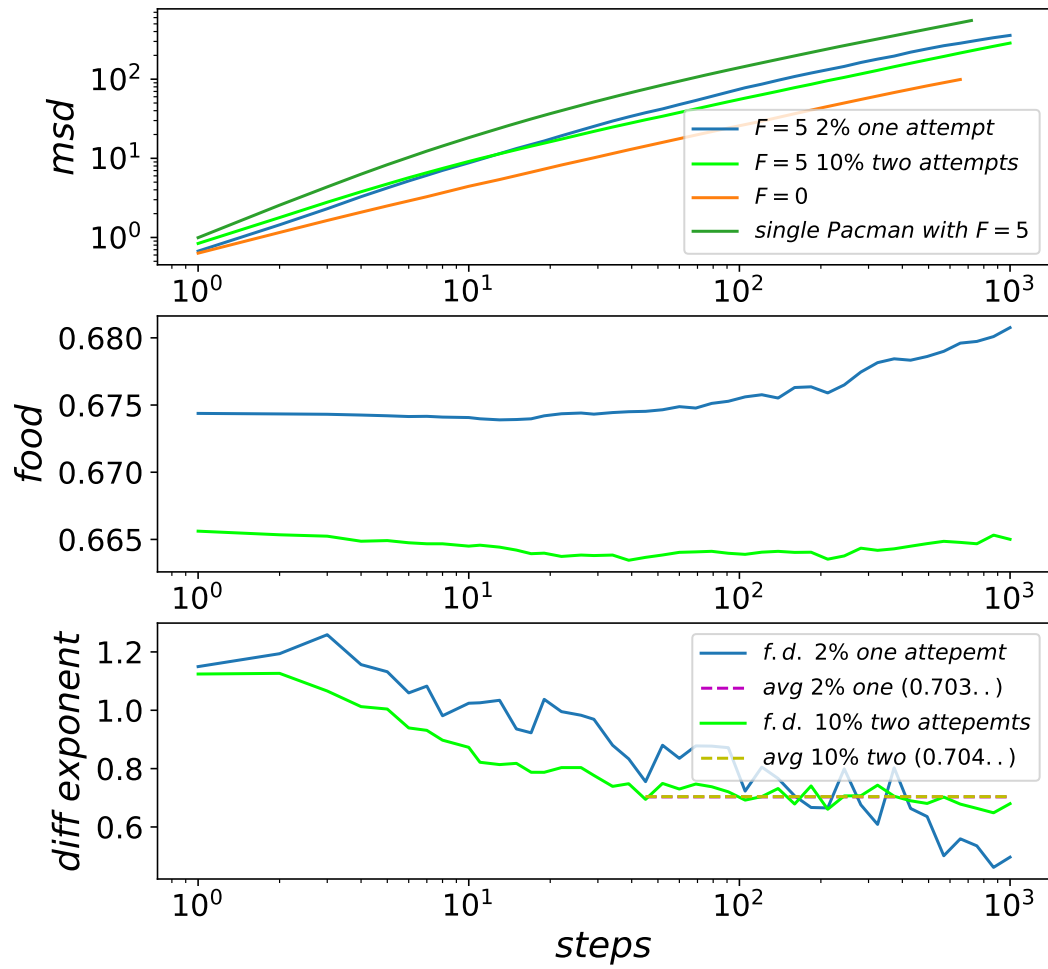


Abbildung 7.6: Equilibrierter Vergleich von 10% zwei Auffüllversuche gegen 2% mit einem Auffüllversuch

Diese zunächst plausibel erscheinende Vermutung, hat allerdings auch eine Schwachstelle. Die Nahrung, welche über Auffüllversuche hinzugefügt wird ist an bereits besuchten Stellen, damit ist es nicht wie im originalen PAC-MAN Modell aus [18], wo sichergestellt wird, das der einzelne Walker immer neue Nahrung finden kann und immer neue Gitterplätze besucht. Eine hohe Dichte und viele Auffüllversuche bedeutet, dass wir quasi einfach immer alle Gitterplätze mit Nahrung belegen und so einen  $F = 0$  Walk erhalten, mit dem Unterschied, dass man keine moves ablehnen muss. Wir erhalten also einfach den 'myopic ants' Fall. Eine geringe Dichte und seltenes Nachfüllen (was sich ergibt, da nur wenige Walker und damit wenige Versuche) ergibt hingegen tatsächlich wie Abbildung 7.3 zeigt eine PAC-MAN ähnliche Dynamik. Diese Behauptung sieht man sehr schön am nachfolgenden Vergleich von 1% Dichte mit einem Auffüllversuch pro Walker (also etwa 40 Auffüllversuche pro MC-Schritt) versus 10% Dichte und drei Auffüllversuche (etwa 1200 Auffüllversuche pro MC-Schritt). Man beachte auch besonders den ersten Schritt, in der 10% drei Auffüllversuche Simulation wird dieser zu über 80% akzeptiert, während die 1% Simulation nur zu etwa 60% akzeptiert (wie die 'blind ants'). Daraus kann man folgern, dass die 10% drei Auffüllversuche viel häufiger benachbarte Gitterplätze mit Nahrung bei sich haben. Alle Ergebnisse beziehen sich auf das equilibrierte System.

# Kapitel 8

## Zusammenfassung/Ausblick

In dieser Arbeit wurden diverse Varianten des Random-Walks mit Nahrung simuliert. Der 'klassische' PAC-MAN Prozess aus [18] wurde vorgestellt und erweitert auf viele, indirekt wechselwirkende Walker, auf der freien Ebene sowie auf dem perkolierenden Cluster.

Zuerst wurde versucht, den 1D Random-Walk mit Nahrung analytisch zu lösen und eine vollständige Wahrscheinlichkeitsverteilung anzugeben. Hierbei wurde der 1D Walk mit Nahrung zur rechten Seite in einen Markov-Prozess eingebettet, in diesem gehört auch die Nahrungsfront zum Zustand. Es wurde die Mastergleichung aufgestellt und versucht diese in einen Kontinuumslimites zu einer partiellen Differentialgleichung zu überführen. Hierbei hat sich schon das Problem ergeben, dass zwischen der Wahrscheinlichkeit  $p_{i,i}$  (Walker an Gitterplatz  $i$  und Nahrungsfront auch an Gitterplatz  $i$ ) und  $p_i$  (Walker an Gitterplatz  $i$  und Nahrungsfront an Gitterplatz  $r \geq i$ ) unterschieden werden muss (siehe  $p$  und  $\hat{p}$ ). Zudem musste auch die Diskretisierung für die beiden Limits  $F = 0$  und  $F = \infty$  unterschiedlich gewählt werden. Bei einer Wahl ergab sich im deterministischen  $F = \infty$  Fall ein diffusiver Term (ähnlich wie bei der Lax-Stabilisation des 'FTCS'-Schemas). Ebenfalls konnte ich eine kombinatorische Formel herausarbeiten, welche den Fall  $i = r$  (oder auch  $x = r$  genannt) löst und diese für ein paar Beispiele anhand der Methode der Übergangsmatrix (von diskreten Markov-Prozessen) unterlegen (siehe dazu auch das Mathematica Notebook im Anhang).

Es wurde festgestellt, dass die vielen Walker auf der freien Ebene (2D) sich durch das gegenseitige 'Wegfressen' gleichmäßiger auf dem Gitter verteilen (siehe §4.2.4).

Die Simulationen mit vielen Walkern (unendlich vielen, Dichte  $\rho > 0$ ) haben eine gewisse Skepsis an den *msds* und die dazu vermuteten Potenzgesetze (engl. 'power-law') und zugehörigen Diffusionsexponenten hervorgebracht. Lokale Exponenten von transienten *msds* zeigen nicht immer zwin-



gend (wie zu stationären *msds*) die 'wahre' Ausbreitungsgeschwindigkeit der Teilchen/Walker. Der lokale Exponent bei dem Prozess mit Nahrung auf der freien Ebene hat ein subdiffusives Regime nahegelegt, welches durch eine verschobene Aufpunktswahl widerlegt werden konnte, die 'wahre' Ausbreitung war sogar stärker als diffusiv.

Solche transienten *msds* finden sich auch in anderen Simulationen der Physik weicher Materie wie zum Beispiel in dem Paper von Zausch et al. [22], in dem die Dynamik kolloidaler Flüssigkeiten unter Scherung untersucht wird. Auch dort wird unter fortlaufender Scherung (transient) ab einem gewissen Punkt eine superdiffusive Dynamik beobachtet.

Den Abschluss dieser Arbeit bilden Untersuchungen einer Variante des Prozesses mit vielen Walkern auf dem perkolierenden Cluster, in welcher immer versucht wird Nahrung nachzufüllen. Durch das Nachfüllen stellt sich ein gewisses Gleichgewicht ein, das Nahrungsniveau wird ungefähr konstant. Somit liegt dann ein stationärer Prozess vor, hier kann man aus dem *msd* und dem Diffusionsexponenten die klassischen Schlussfolgerungen ziehen und Vergleiche anstellen.

# Anhang A

## Mathematica Notebook zum 1D Walk

In diesem Anhang möchte ich ein Mathematica Notebook vorstellen, welches die Implementation der in Kapitel 3 beschriebenen Matrixmethode zeigt. Zudem hat mir dieses Notebook geholfen, meine kombinatorische  $r = x$  Formel zu verifizieren.

Testbed for the 1d hungry walker model. Map the process onto a Markov process with state space  $(i,r)$ , where  $i$  is the position of the walker,  $r$  is the position of the food front. (Such that  $i=r$  means the walker is just at the food front and will have jump rates that are biased.) We write the bias towards food as  $1-\epsilon$ .

```
In[39]:= maxSteps = 12;
```

```
In[40]:= lattice = Range[-maxSteps, maxSteps];
offset = 1 - Min[lattice];
dim = Length[lattice];
```

The trick to deal with this: sparse arrays. Otherwise, the matrices become too big to handle, and we're storing zeros mostly for nothing. But this means we need to map  $(i,r)$  to a onedimensional index. Helper functions:

```
In[43]:= idx[i_, r_] := (i + offset - 1) dim + (r + offset);
rx[idx_] := Mod[idx - 1, dim] - offset + 1;
ix[idx_] := Quotient[idx - 1, dim] - offset + 1;
```

Helpers to map back and forth between a matrix and its functional representation: if  $T$  is a function taking four arguments  $(i,r,id,rd)$ , then  $\text{mat}[T]$  makes a matrix out of it. Reverse,  $\text{ind}[T\text{mat}]$  takes such a matrix and gives a function object that we can access with four arguments.

```
In[46]:= mat[T_] := Table[T[ix[idx], rx[idx], ix[idxd], rx[idxd]], {idx, dim^2}, {idxd, dim^2}]
```

```
In[47]:= ind[Tmat_] := Function[{i, r, id, rd}, Tmat[[idx[i, r], idx[id, rd]]]]
```

We need  $n$ -th powers of the  $T$  matrix of the stochastic process. Trick: break down  $T^{2n} = T^n \cdot T^n$  for integer  $n$  and  $T^{2n+1} = T^n \cdot T^n \cdot T$ , and perform the exponentiation recursively, storing all intermediate results. This way, we will save ourselves repeated reevaluation of the matrix powers.

The first power is set to the  $T$  matrix itself.

(mat here is the bottleneck: should the initial matrix already be too big to store as a non-sparse array, we have to think about creating it as a sparse array right in the beginning.)

```
In[60]:= ClearAll[TtoN];
TtoN[n_] := With[{n2 = Quotient[n, 2]},
  If[2 n2 == n, (TtoN[n] = TtoN[n2].TtoN[n2]), (TtoN[n] = TtoN[n2].TtoN[n2].TtoN[1])];
TtoN[0] = SparseArray[mat[Function[{i, r, id, rd},
  KroneckerDelta[i, id] KroneckerDelta[r, rd]]]];
TtoN[1] = SparseArray[mat[Function[{i, r, id, rd},
  1/2 KroneckerDelta[id, i - 1] KroneckerDelta[rd, r] +
  (1 - ε) KroneckerDelta[id, i - 1] KroneckerDelta[rd, r - 1] KroneckerDelta[id, rd] +
  ε KroneckerDelta[id, i + 1] KroneckerDelta[rd, r] KroneckerDelta[id, rd] +
  1/2 KroneckerDelta[id, i + 1] KroneckerDelta[rd, r] UnitStep[r - 2 - i]]]]];
```

Test: probability to be at  $i=n$  with  $r=n$ , after  $t=n$  steps. This should be  $(1 - \epsilon)^n$ .

Note our finite lattice: since the walker in  $n$  steps can at most go from  $i=0$  to  $i=n$  or  $i=-n$ , we are good if  $n$  is less or equal the lattice extension, if the process starts at  $i=0$ .

```
In[52]:= Table[ind[TtoN[n]]][n, n, 0, 0], {n, maxSteps}]
```

```
Out[52]= {1 - ε, (1 - ε)2, (1 - ε)3, (1 - ε)4, (1 - ε)5,  
(1 - ε)6, (1 - ε)7, (1 - ε)8, (1 - ε)9, (1 - ε)10, (1 - ε)11, (1 - ε)12}
```

This is the formula for which Sebastian has derived a closed form, it would be nice to check!

```
In[57]:= With[{n = maxSteps / 2}, Table[ind[TtoN[2 n]][2 (n - k), 2 (n - k), 0, 0], {k, 0, n}]] // Simplify
```

```
Out[57]= {(-1 + ε)12,  $\frac{11}{2} (-1 + ε)^{10} ε$ ,  $\frac{9}{8} (-1 + ε)^8 ε (1 + 10 ε)$ ,  
 $\frac{7}{16} (-1 + ε)^6 ε (1 + 8 ε + 24 ε^2)$ ,  $\frac{5}{128} (-1 + ε)^4 ε (5 + 30 ε + 84 ε^2 + 112 ε^3)$ ,  
 $\frac{3}{256} (-1 + ε)^2 ε (7 + 28 ε + 60 ε^2 + 80 ε^3 + 56 ε^4)$ ,  $\frac{ε (21 + 42 ε + 56 ε^2 + 56 ε^3 + 40 ε^4 + 16 ε^5)}{1024}$ }
```

```
In[59]:= Table[ind[TtoN[2 n]][0, n, 0, 0], {n, maxSteps / 2}]
```

```
Out[59]= {(1 - ε) ε,  $\frac{1}{2} (1 - ε)^2 ε$ ,  $\frac{1}{4} (1 - ε)^3 ε$ ,  $\frac{1}{8} (1 - ε)^4 ε$ ,  $\frac{1}{16} (1 - ε)^5 ε$ ,  $\frac{1}{32} (1 - ε)^6 ε$ }
```

# Literaturverzeichnis

- [1] <https://de.wikipedia.org/wiki/fraktal>.
- [2] [https://en.wikipedia.org/wiki/box\\_counting](https://en.wikipedia.org/wiki/box_counting).
- [3] Arshia Atashpendar, Tanja Schilling, and Thomas Voigtmann. Sequencing chess. *EPL (Europhysics Letters)*, 116(1):10009, oct 2016.
- [4] Viktoria Blavatska and Wolfhard Janke. Multifractality of self-avoiding walks on percolation clusters. *Phys. Rev. Lett.*, 101:125701, Sep 2008.
- [5] B Derrida, M R Evans, V Hakim, and V Pasquier. Exact solution of a 1d asymmetric exclusion model using a matrix formulation. *Journal of Physics A: Mathematical and General*, 26(7):1493–1517, apr 1993.
- [6] Yuval Gefen, Amnon Aharony, and Shlomo Alexander. Anomalous diffusion on percolating clusters. *Phys. Rev. Lett.*, 50:77–80, Jan 1983.
- [7] P Grassberger. Monte carlo simulation of 3d self-avoiding walks. *Journal of Physics A: Mathematical and General*, 26(12):2769–2776, jun 1993.
- [8] Peter Grassberger. Conductivity exponent and backbone dimension in 2-d percolation. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 262(3):251 – 263, 1999.
- [9] S. Havlin and D. Ben-Avraham. Diffusion in disordered media. *Adv. Phys.* 36, 695, 1987.
- [10] <https://de.wikipedia.org/wiki/Perkolationstheorie>.
- [11] <https://mathworld.wolfram.com/BufferonLaplaceNeedleProblem.html>.
- [12] 21.10.2019 <https://www.ocf.berkeley.edu/~friecke/projects/hoshenkoselman/hoshenkoselman.html>.

- [13] Axel Kammerer, Felix Höfling, and Thomas Franosch. Cluster-resolved dynamic scaling theory and universal corrections for transport on percolating systems. *EPL (Europhysics Letters)*, 84(6):66002, dec 2008.
- [14] Götz Lehmann. Numerical simulations 2 [https://github.com/TP1-HHU/assignments/blob/master/PDE\\_chapter.pdf](https://github.com/TP1-HHU/assignments/blob/master/PDE_chapter.pdf). 2020.
- [15] Matthias Löwe. [https://www.uni-muenster.de/stochastik/loewe/stochastik\\_ba\\_1fach.pdf](https://www.uni-muenster.de/stochastik/loewe/stochastik_ba_1fach.pdf).
- [16] Nicholas Metropolis, Arianna W. Rosenbluth, Marshall N. Rosenbluth, Augusta H. Teller, and Edward Teller. Equation of state calculations by fast computing machines. *The Journal of Chemical Physics*, 21(6):1087–1092, 1953.
- [17] Nicolas P. Rougier. <https://gist.github.com/rougier/e5eafc276a4e54f516ed5559df4242c0>.
- [18] Tanja Schilling and Thomas Voigtmann. Clearing out a maze: A model of chemotactic motion in porous media. *The Journal of Chemical Physics*, 147(21):214905, 2017.
- [19] B. Smit. Phase diagrams of lennard-jones fluids. *The Journal of Chemical Physics*, 96(11):8639–8640, 1992.
- [20] Dietrich Stauffer. *Perkolationstheorie*. Taylor & Francis, London, 1994.
- [21] R F Voss. The fractal dimension of percolation cluster hulls. *Journal of Physics A: Mathematical and General*, 17(7):L373–L377, may 1984.
- [22] J Zausch, J Horbach, M Laurati, S U Egelhaaf, J M Brader, Th Voigtmann, and M Fuchs. From equilibrium to steady state: the transient dynamics of colloidal liquids under shear. *Journal of Physics: Condensed Matter*, 20(40):404210, sep 2008.