

# Inlämningsuppgift 2. Simuleringar

David Tonderski (davton)

## 1 Uppgift 1

### 1a, 1b

Jag bestämmer sannolikheten att smittan överlever efter  $N$  generationer för 100 punkter i intervallet  $p \in [0.4, 0.6]$  för  $N \in 20, 40, 60, 100$ . För att effektivisera koden dras i varje generation antalet smittade ur fördelningen  $Z_n \sim \text{Bin}(2 \cdot Z_{n-1}, p)$ , där  $Z_{n-1}$  är antalet smittade i den förra generationen. Detta är ekvivalent med att dra  $Z_{n-1}$  prover från fördelningen  $X_n \sim \text{Bin}(2, p)$  och sedan summera dem, vilket ju är det som egentligen händer. Jag använder approximationen att  $Z_n > 1000$  för någon generation  $n$  innebär att smittan inte kommer att dö ut. Sannolikheten är egentligen andelen överlevande träd för 10000 testade träd. Resultaten visas i figur 1.

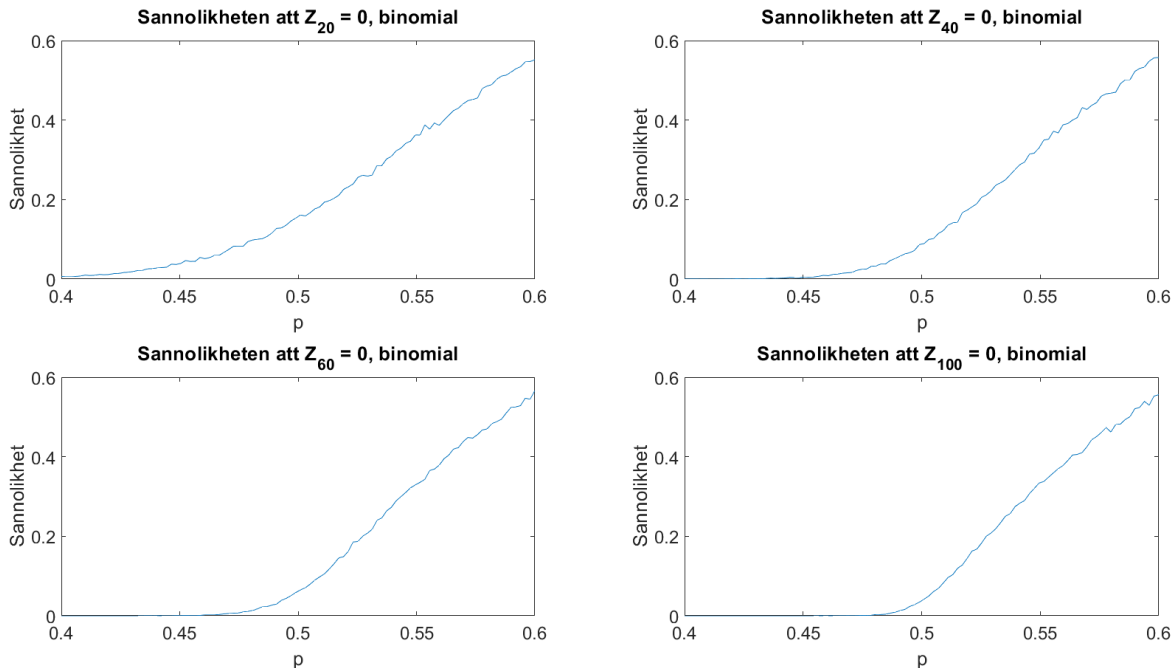


Figure 1: Sannolikheten att smittan överlever som funktion av  $p$  för den binomiala modellen.

Kurvorna börjar bli nollskilda för större  $p$  när man låter antalet generationer öka. Jag förväntar mig att om man inte approximerar oändligheten med 100 utan går i gräns så kommer sannolikheten att smittan överlever bli 0 för  $p < 0.5$ , och graferna verkar stödja den hypotesen.

### 1c

När jag skulle rita ut histogrammen så märkte jag att min kod tog orimligt lång tid att köra med MATLABs inbyggda *binornd*. Därför använde jag istället paketet [Binomial Random Number Generator](#), som gjorde min kod över tre storleksordningar snabbare. Jag räknade ut  $Z_{100}^{1/100}$  för 10000 träd, och resultaten visas i figur 2.

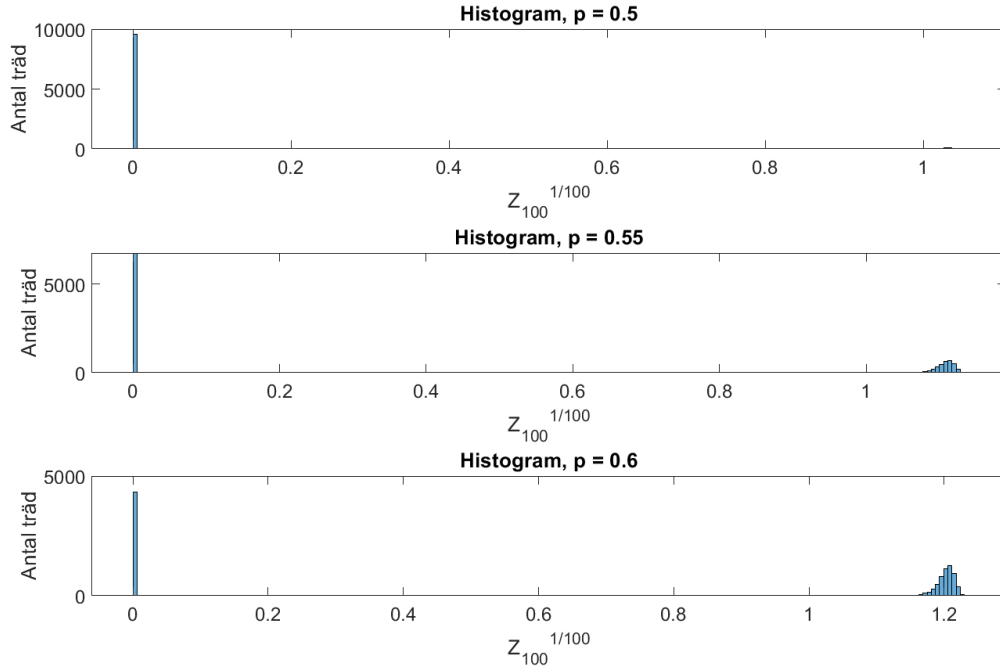


Figure 2: Histogram för den binomiala modellen.

Vi vet vidare att  $\mathbb{E}[X_{1,1}] = p \cdot n$  för den binomiala modellen, alltså i vårt fall  $\mathbb{E}[X_{1,1}] \in 1, 1.1, 1.2$ . Från histogrammet kan vi då dra slutsatsen  $\lim_{n \rightarrow \infty} Z_n^{1/n} = \mathbb{E}[X_{1,1}]$ , men endast för träd som överlever.

## 2 Uppgift 2

### 2a,2b

Med samma idé som i uppgift 1 drar vi antalet smittade ur fördelningen  $Z_n \sim \text{Poi}(\lambda \cdot Z_{n-1})$  för 100 punkter i intervallet  $\lambda \in [0.8, 2]$ . Samma approximation som i uppgift 1 användes, och sannolikheten är precis som i uppgift 1a och 1b egentligen andelen av träd som överlevde för 10000 träd. Resultaten av simuleringarna visas i figur 3.

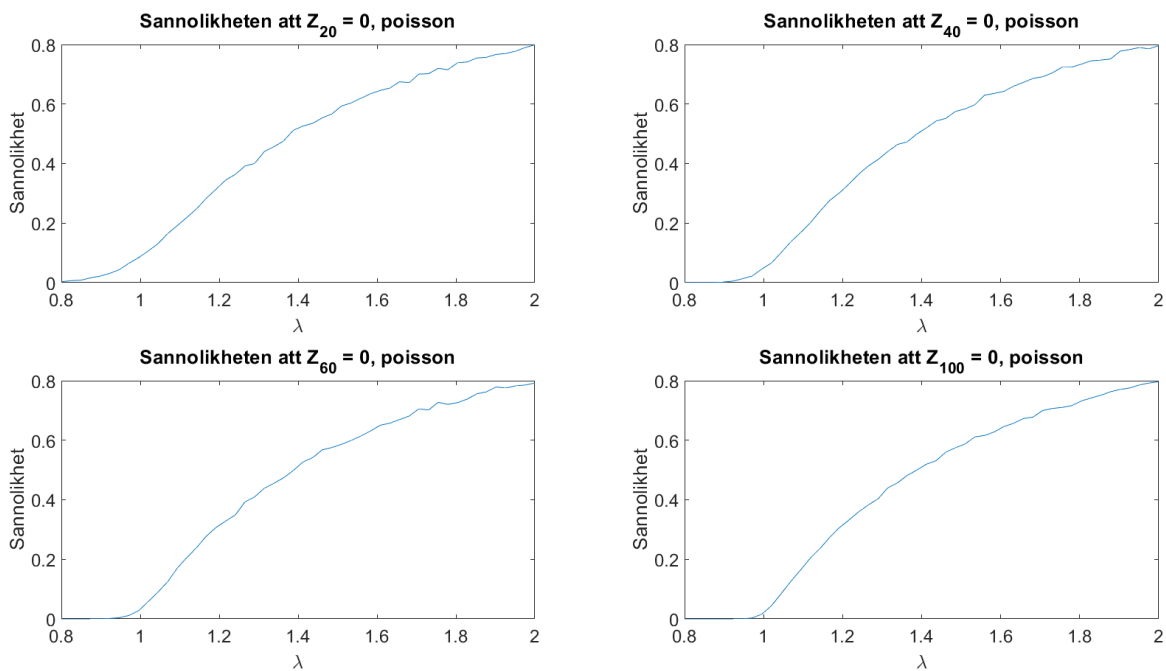


Figure 3: Sannolikheten att smittan överlever som funktion av  $\lambda$  för poisson-modellen.

## 2c

För histogrammen med poissonfördelningarna använde jag  $\lambda \in 1, 1.5, 2$ , och räknade ut  $Z_{100}^{1/100}$  för 10000 träd. Resultaten visas i figur 4.

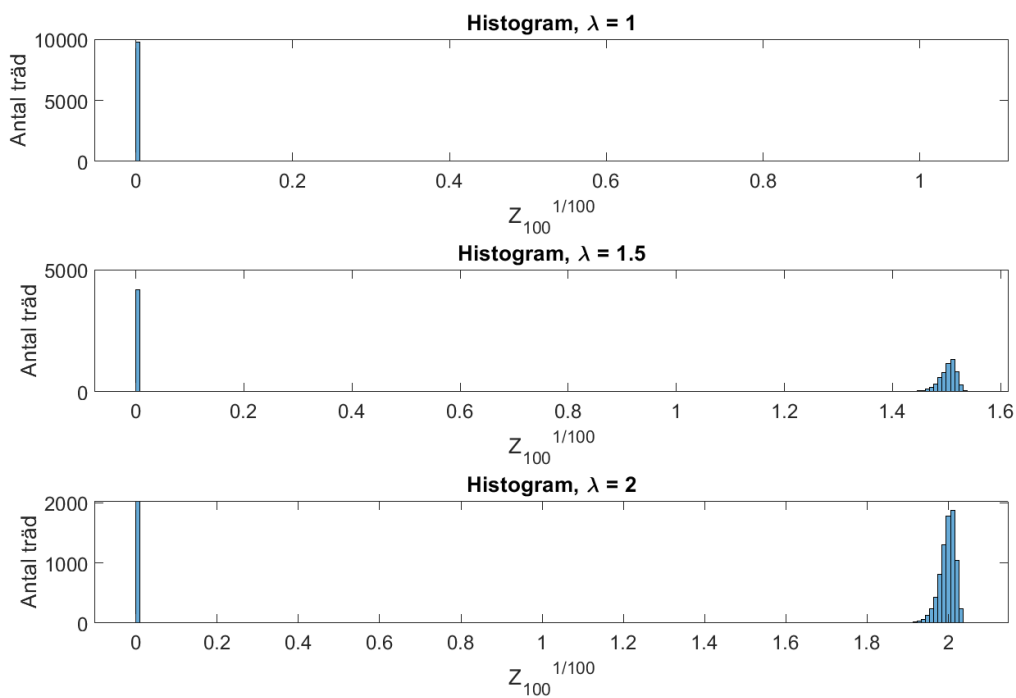


Figure 4: Histogram för poisson-modellen.

För Poisson-modellen har vi  $\mathbb{E}[X_{1,1}] = \lambda$ , alltså i vårt fall  $\mathbb{E}[X_{1,1}] \in 1, 1.5, 2$ . Vi ser nu i histogrammet att  $\lim_{n \rightarrow \infty} Z_n^{1/n} = \mathbb{E}[X_{1,1}]$ , men endast för träd som överlever. För  $\lambda = 1$  är det alltså inga träd.

## 3 Uppgift 3

### 3a

Det huvudsakliga resultatet är att ifall en individ förväntas smitta mindre än en annan person ( $p < 0.5$  och  $\lambda < 1$ ) så kommer smittan att dö ut. Vi ser också att det räcker med att man smittar i genomsnitt 1.5 annan person för att chansen att smittan inte dör ut ska bli större än 0.5 (detta är för Poisson-modellen, för binomial-modellen räcker det att man smittar ungefär 1.2 person).

### 3b

Med  $\lambda = 2.5$  får vi ca  $10^4$  smittade individer i generation 10. Med  $\lambda = 5$  får vi istället  $10^7$  smittade individer. Detta innebär alltså en ökning med 3 storleksordningar.

### 3c

Den största kritiken är att mekanismerna inte har någon "broms", dvs smittan dör antingen ut tidigt eller växer allt snabbare. I verkligheten så finns det ju olika mekanismer som gör att alla smittor till slut dör ut, mest drastiskt när alla individer har blivit smittade. Dessutom antas det att individen i generation 2 bara kan smitta någon i generation 3, vilket inte heller är sant i verkligheten. Kanske lägga till en sannolikhet att smittade individer "stannar kvar" till nästa generation? Man skulle också kunna lägga till någon mekanism som simulerar immunitet, kanske till exempel genom en global sannolikhet att en individ som smittas inte kan föra smittan vidare, och låta denna globala sannolikhet öka med generationstalet. Dessutom försummas helt den geografiska aspekten i modellen som den är nu. Detta skulle kunna simuleras genom att göra flera parallella modeller (som till exempel representerar städer) och låta individer röra sig mellan dessa modeller efter varje generation. Då skulle man till exempel kunna studera vilken effekt en karantän har.

## A MATLAB-kod

```
1 %% Uppgift 1a, b
2 clc
3 n = 2; % Parameter till binomialdistributionen
4 N_gen_arr = [20, 40, 60, 100]; % Antalet generationer
5 N_prov_bin_a = 10000; % Antal testade infektionsträd
6 p_arr_bin = linspace(0.4, 0.6); % Värderna av p
7 N_doda_arr_bin = zeros([length(p_arr) length(N_gen_arr)]);
8
9
10 for N_gen_index = 1:length(N_gen_arr)
11     N_gen = N_gen_arr(N_gen_index);
12     for p_index = 1:length(p_arr_bin)
13         p = p_arr_bin(p_index);
14         N_doda = 0;
15         disp(strcat('Uppgift 1a,b, N_gen = ', int2str(N_gen), ', p = ',
16                     ', ...
17                     num2str(p)))
18         for prov = 1:N_prov_bin_a % initiala antalet smittade
19             for gen = 1:N_gen
20                 N_smittade_gen = bnldev(N_smittade*n, p); % antalet
21                     smittade i generationen
```

```

21
22         if N_smittade_gen > 1000
23             break
24         end
25
26         if N_smittade_gen == 0      % 0 nya smittningar betyder dö
27             tt träd
28             N_doda = N_doda + 1;
29             break
30         end
31     end
32     N_doda_arr_bin(N_gen_index, p_index) = N_doda;
33 end
34
35 end
36 %% Uppgift 1a, 1b – plottar
37 figure(1)
38 subplot(2,2,1)
39 plot(p_arr_bin, 1-N_doda_arr_bin(1,:)/N_prov_bin_a)
40 title("Sannolikheten att  $Z_{20} = 0$ , binomial")
41 xlabel("p")
42 ylabel("Sannolikhet")
43 set(gca, 'FontSize', 18)
44
45 subplot(2,2,2)
46 plot(p_arr_bin, 1-N_doda_arr_bin(2,:)/N_prov_bin_a)
47 title("Sannolikheten att  $Z_{40} = 0$ , binomial")
48 xlabel("p")
49 ylabel("Sannolikhet")
50 set(gca, 'FontSize', 18)
51
52 subplot(2,2,3)
53 plot(p_arr_bin, 1-N_doda_arr_bin(3,:)/N_prov_bin_a)
54 title("Sannolikheten att  $Z_{60} = 0$ , binomial")
55 xlabel("p")
56 ylabel("Sannolikhet")
57 set(gca, 'FontSize', 18)
58
59 subplot(2,2,4)
60 plot(p_arr_bin, 1-N_doda_arr_bin(4,:)/N_prov_bin_a)
61 title("Sannolikheten att  $Z_{100} = 0$ , binomial")
62 xlabel("p")
63 ylabel("Sannolikhet")
64 set(gca, 'FontSize', 18)
65
66 %% Uppgift 1c
67 close all
68 n = 2;
69 p_arr = [0.5, 0.55, 0.6];
70 N_gen = 100;
71 N_prov_bin_2 = 10000;

```

```

72 N_smittade_gen_100_bin_arr = zeros([length(p_arr) N_prov_bin_2]);
73
74 tic
75 for i = 1:length(p_arr)
76     p = p_arr(i);
77     for prov = 1:N_prov_bin_2
78         disp(strcat('Uppgift 1c, p = ', num2str(p), ', prov = ', ...
79                     num2str(prov)))
80         N_smittade = 1; % Initiala antalet smittade
81         for gen = 1:N_gen
82             N_smittade_gen = bnldev(N_smittade*n, p); % Antalet smittade
83                 i generationen
84             if N_smittade_gen == 0 || gen == 100
85                 N_smittade_gen_100_bin_arr(i, prov) = N_smittade_gen;
86                 break
87             end
88             N_smittade = N_smittade_gen;
89         end
90     end
91 end
92 toc
93
94 %% Uppgift 1c – plottar
95 figure(2)
96 subplot(3,1,1)
97 histogram(N_smittade_gen_100_bin_arr(1,:).^(1/100), 200)
98 title("Histogram, p = 0.5")
99 xlabel("{Z-100}^{1/100}")
100 ylabel("Antal träd")
101 set(gca, 'FontSize', 18)
102
103 subplot(3,1,2)
104 histogram(N_smittade_gen_100_bin_arr(2,:).^(1/100), 200)
105 title("Histogram, p = 0.55")
106 xlabel("{Z-100}^{1/100}")
107 ylabel("Antal träd")
108 set(gca, 'FontSize', 18)
109
110 subplot(3,1,3)
111 histogram(N_smittade_gen_100_bin_arr(3,:).^(1/100), 200)
112 title("Histogram, p = 0.6")
113 xlabel("{Z-100}^{1/100}")
114 ylabel("Antal träd")
115 set(gca, 'FontSize', 18)
116 %% Uppgift 2a, b
117 clc
118 lambda_arr_a = linspace(0.8, 2, 50); % Valda lambda
119 N_prov_poi = 10000; % Antal testade infektionsträd
120 N_gen_arr = [20, 40, 60, 100]; % Antalet generationer
121 N_doda_arr_poi = zeros([length(lambda_arr) length(N_gen_arr)]);
122

```

```

123 tic
124 N_doda_arr = []; % Antal infektionsträd som dog ut
125 for N_gen_index = 1:length(N_gen_arr)
126     N_gen = N_gen_arr(N_gen_index);
127     for lambda_index = 1:length(lambda_arr_a)
128         lambda = lambda_arr_a(lambda_index);
129         N_doda = 0;
130         disp(strcat('Uppgift 1a,b, N_gen = ', int2str(N_gen), ...
131                     ', lambda = ', num2str(lambda)))
132         for prov = 1:N_prov_poi
133             N_smittade = 1; % Initiala antalet smittade
134             for gen = 1:N_gen
135                 N_smittade_gen = poissrnd(N_smittade*lambda); % Antalet
136                                     smittade i generationen
137
138                 if N_smittade_gen > 1000
139                     break
140                 end
141
142                 if N_smittade_gen == 0 % 0 nya smittningar betyder dö
143                     tt träd
144                     N_doda = N_doda + 1;
145                     break
146                 end
147                 N_smittade = N_smittade_gen;
148             end
149             N_doda_arr_poi(N_gen_index, lambda_index) = N_doda;
150         end
151     end
152
153 toc
154 %% Uppgift 2a, 2b - plottar
155 figure(3)
156 subplot(2,2,1)
157 plot(lambda_arr_a, 1-N_doda_arr_poi(1,:)/N_prov_poi)
158 title("Sannolikheten att  $Z_{20} = 0$ , poisson")
159 xlabel("\lambda")
160 ylabel("Sannolikhet")
161 set(gca, 'FontSize', 18)
162
163 subplot(2,2,2)
164 plot(lambda_arr_a, 1-N_doda_arr_poi(2,:)/N_prov_poi)
165 title("Sannolikheten att  $Z_{40} = 0$ , poisson")
166 xlabel("\lambda")
167 ylabel("Sannolikhet")
168 set(gca, 'FontSize', 18)
169
170 subplot(2,2,3)
171 plot(lambda_arr_a, 1-N_doda_arr_poi(3,:)/N_prov_poi)
172 title("Sannolikheten att  $Z_{60} = 0$ , poisson")

```



```

173 xlabel("\lambda")
174 ylabel("Sannolikhet")
175 set(gca,'FontSize',18)
176
177 subplot(2,2,4)
178 plot(lambda_arr_a, 1-N_doda_arr_poi(4,:)/N_prov_poi)
179 title("Sannolikheten att  $Z_{100} = 0$ , poisson")
180 xlabel("\lambda")
181 ylabel("Sannolikhet")
182 set(gca,'FontSize',18)
183 %% Uppgift 2c
184 lambda_arr = [1, 1.5, 2]; % Valda värden av lambda
185 N_gen = 100; % Antal generationer
186 N_prov = 10000; % Antal provade träd
187
188 N_smittade_gen_100_poi_arr = zeros([length(p_arr) N_prov]);
189
190 tic
191 for i = 1:length(lambda_arr)
192     lambda = lambda_arr(i);
193     for prov = 1:N_prov
194         disp(strcat('Uppgift 1c, lambda = ', num2str(lambda), ', prov = ',
195                     ', ...
196                     num2str(prov)))
197         N_smittade = 1; % Initiala antalet smittade
198         for gen = 1:N_gen
199             N_smittade_gen = poissrnd(lambda*N_smittade); % Antalet
200                 smittade i generationen
201             if N_smittade_gen == 0 || gen == 100 % Trädet är "
202                 klart"
203                 N_smittade_gen_100_poi_arr(i, prov) = N_smittade_gen;
204                 break
205             end
206         end
207         N_smittade = N_smittade_gen;
208     end
209 end
210 toc
211
212 %% Uppgift 2c - plottar
213 figure(4)
214 subplot(3,1,1)
215 histogram(N_smittade_gen_100_poi_arr(1,:).^ (1/100), 200)
216 title("Histogram, \lambda = 1")
217 xlabel(" $\{Z_{100}\}^{\{1/100\}}$ ")
218 ylabel("Antal träd")
219 set(gca,'FontSize',18)
220
221 subplot(3,1,2)
222 histogram(N_smittade_gen_100_poi_arr(2,:).^ (1/100), 200)
223 title("Histogram, \lambda = 1.5")

```

```

222 xlabel("Z_{100}^{1/100}")
223 ylabel("Antal träd")
224 set(gca, 'FontSize', 18)
225
226
227 subplot(3,1,3)
228 histogram(N_smittade_gen_100_poi_arr(3,:).^(1/100), 200)
229 title("Histogram, \lambda = 2")
230 xlabel("Z_{100}^{1/100}")
231 ylabel("Antal träd")
232 set(gca, 'FontSize', 18)
233
234 %% Uppgift 3b
235 N_gen = 10;
236 N_prov = 100;
237
238 lambda_1 = 2.5;
239 N_smittade_1 = [];
240 for prov = 1:N_prov
241     N_smittade = 1; % Initiala antalet smittade
242     for gen = 1:N_gen
243         N_smittade_gen = poissrnd(lambda_1*N_smittade); % Antalet
244             smittade i generationen
245         if N_smittade_gen == 0 || gen == 100
246             N_smittade_gen_100_poi_arr(i, prov) = N_smittade_gen;
247             break
248         end
249         N_smittade = N_smittade_gen;
250     end
251     N_smittade_1 = [N_smittade_1, N_smittade];
252 end
253 disp(mean(N_smittade_1))
254
255 lambda_2 = 5;
256 N_smittade_2 = [];
257 for prov = 1:N_prov
258     N_smittade = 1; % Initiala antalet smittade
259     for gen = 1:N_gen
260         N_smittade_gen = poissrnd(lambda_2*N_smittade); % Antalet
261             smittade i generationen
262         if N_smittade_gen == 0 || gen == 100
263             N_smittade_gen_100_poi_arr(i, prov) = N_smittade_gen;
264             break
265         end
266         N_smittade = N_smittade_gen;
267     end
268     N_smittade_2 = [N_smittade_2, N_smittade];
269 end
270 disp(mean(N_smittade_2))

```