

1. Miért írhatjuk le Galton-Watson folyamatként ezt az egészet?

Igazából tényleg nem írhatjuk és szerintem valóban nem is írjuk le Galton-Watsonként.

A folyamat végén pl. simán lehet, hogy csupa-csupa halott sejt közepette van épp egyetlen frissen megfertőződött sejt: innen bármi történik, ennek 1 valószínűséggel 0 utóda lesz, mert szó szerint nincs már egyetlen egészséges sem a pályán, akit megfertőzhetne. Ez egy nagyon extrém példa arra, hogy általában tényleg nem G-W.

Amit mondunk, az az, hogy a fertőzéses folyamat legeslegelső pár lépésében vélhetően majdnem-G-W (ld. a későbbi hisztogram), itt egy nem extrémén kicsi diffúzió mellett van annyi mozgás a rendszerben, hogy gyakorlatilag olyan, mintha függetlenül fertőzhetnének. Itt a legeslegelejen az első pár perc erejéig kb. csupa-csupa egészséges sejtek között van pár fertőzött, szóval nem probléma az, hogy akit megfertőzne, az esetleg más miatt már fertőződött.

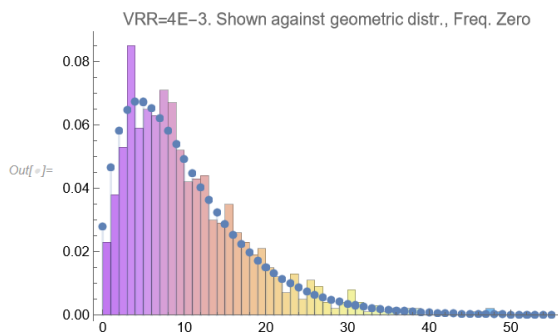
Ami miatt érdekes az első pár lépés közelítő G-W-szerűsége, az az, hogy a spontán kihalás pont a legelső lépésekhez kötődik (hacsak nem extrémén nagy a vírus removal rate). Azt láttuk, hogy a fertőzés vagy kihal 1-2 fertőzött sejt után, vagy pedig berobban (mondjuk ha egyszer elér 10 fertőzött sejtet), és akkor már kvázi nem is tud megállni. Szóval a legtöbb v.r.r. értékre nincs köztes kimenetel. Úgyhogy emiatt

$P(\text{spontán kihalás valaha}) \approx P(\text{spontán kihalás valamikor az elején})$.

De az elején G-W-szerűen viselkedik, ráadásul mondjuk $E(X)=1.5$ mellett a G-W kihalására is nagyjából igaz (nem tudom: igaz?), hogy "kihalás valaha" az kb ugyanaz, mint "kihalás valamikor az elején", mert $E(X) \gg 1$ mellett már nem nagyon fog kihalni, ha egyszer van 10 aktív sejt. Így a heurisztika mind a G-W, mind a mi folyamatunkra kicsit az, hogy a "valaha" az nagyjából az, mint a "legelejen", a legelejen viszont a mi folyamatunk nincs drasztikusan messze egy G-W folyamattól. Meg is néztem pl. 4-es vírus removal rate-re amit mondtál: mi történik, ha nem egy, hanem kettő kiinduló fertőzött sejtrel indulunk, teljesül-e kb. hogy két független geometriai összegének megfelelő utóeloszlást kapunk?

Csatolom hozzá a képet, szerintem nem elbátortalanító, de nyilván ehhez nem értek.

```
In[ ]:= Rasterize[Show[p1, p2]]
```



```
In[ ]:= KolmogorovSmirnovTest[cleanData, NegativeBinomialDistribution[2, 0.16747613465081226]]
```

⋯⋯ KolmogorovSmirnovTest: The p-value returned by the KolmogorovSmirnov test may not reflect the true size of the test for discrete test distributions.

⋯⋯ KolmogorovSmirnovTest: Ties exist in the data and will be ignored for the KolmogorovSmirnov test, which assumes unique values.

```
Out[ ]:= 0.853209
```

2. Miért válik az elméleti egyenesnél látott törés simává az experimental eredményeken?

A simává váló rész pont az, ahogy nagyon nagy a virus removal rate, az pedig pont az, ahol megszűnik az a tendenciális elvágólagosság, hogy vagy kihal a legelején, vagy pedig végigfut. Nagyon nagy virus removal rate-re olyan is előfordulhat, hogy mondjuk 10000 sejt elérése után hal ki a fertőzés, de ezt mi nem definiáljuk spontán kihalásként, tehát ez a mi count-unkban nem jelenik meg. A megfelelő elméleti G-W folyamatban ez egy kihalási esemény lenne, mi nem számítjuk annak, mert a véges domain miatt nekünk valahol határt kellett húznunk (pl $200 \times 200 = 40000$ -nél biztos kihál, de ez nem egy kihalásos esemény, csak véges a domain). Emiatt az igazán nagy virus removal rate-ekre a mi összeszámlálási eredményünk várhatóan kicsit alulbecsüli a PoE-t. Ez nem feltétlenül "A" válasz a kérdésre, de egy létező jelenség, ami pont a legnagyobb v.r.r. értékeknél jön be.

