

Model Chandrasekhara / Smoluchowskiego - 2 pudła

Piotr Piękos

22 sierpnia 2019

W tym przypadku rozpatrujemy przypadek z dwoma pudłkami.

Osoba "rodzi się" na podstawie procesu Poissona z częstotliwością a_N trafiając do pudelka 1, spędza tam czas będący zmienną losową o rozkładzie wykładniczym z parametrem a_{S_1} . Następnie przechodzi do drugiego pudelka w którym spędza czas będący zmienną losową o rozkładzie wykładniczym z parametrem a_{S_2} .

1 Prawa Ewolucji

Prawa ewolucji są naturalnym rozszerzeniem praw ewolucji z procesu dla jednego pudelka. W szczególności pierwsze pudelko musi operować na dokładnie tych samych zasadach co poprzednio.

$$P(X_1(t+h) = x_1+1, X_2(t+h) = x_2 | X_1(t) = x_1, X_2(t) = x_2) = a_N h + o(h)$$

$$P(X_1(t+h) = x_1-1, X_2(t+h) = x_2+1 | X_1(t) = x_1, X_2(t) = x_2) = a_{S_1} x h + o(h)$$

$$P(X_1(t+h) = x_1, X_2(t+h) = x_2-1 | X_1(t) = x_1, X_2(t) = x_2) = a_{S_2} x h + o(h)$$

$$P(X_1(t+h) = x_1, X_2(t+h) = x_2 | X_1(t) = x_1, X_2(t) = x_2) = 1 - (a_{S_1} + a_{S_2}) x h + o(h)$$

dla każdego innego przejścia prawdopodobieństwo to $o(h)$

Przy naturalnych założeniach $x_1 > 0$ lub $x_2 > 0$ kiedy się zmniejsza.

2 Algorytm

Algorytm jest naturalnym rozszerzeniem algorytmu symulacji jednego pudełka

Gen $N \sim Poiss(a_N t)$

for $i = 1$ to N do Gen $U_i \sim U(0, t)$, Gen $L1_i \sim Exp(1/a_{S1})$, Gen $L2_i \sim Exp(1/a_{S2})$

$(T_1, \dots, T_n) = \text{Sort}(U_1, \dots, U_n)$ otrzymujemy proces Poissona, czasy narodzin

$(D1_1, \dots, D1_n) = (T_1 + L1_1, \dots, T_n + L1_n)$ - dodajemy niezależne czasy życia do czasów narodzin i mamy czasy przejścia do drugiego pudełka.

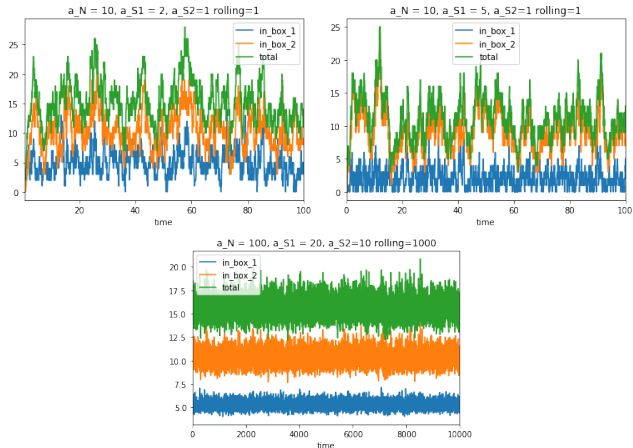
$(D2_1, \dots, D2_n) = (D1_1 + L2_1, \dots, D1_n + L2_n)$ - dodajemy niezależne czasy życia do czasów narodzin i mamy czasy śmierci.

Czyli od poprzedniego algorytmu różni się jedynie tym że losujemy dodatkowo czasy przebywania w drugim pudełku.

3 Przykładowe trajektorie

Wygenerowane wykresy są sparametryzowane 4 parametrami:

- t - długość symulacji
- $a_N - a_N$
- $a_S - a_S$
- rolling - długość horyzontu średniej kroczącej, średnia krocząca jest konieczna dla wielu wykresów ze względu na ogromną ilość punktów na wykresie. Pokazuje jednak ona "gęstość" punktów.



Rysunek 1: Przykładowe trajektorie symulacji. Dwie górne to niewyglądzone trajektorie dla $t = 100$. Na niewyglądzonych trajektoriach o wiele lepiej widać relację między ilością elementów w jednym i drugim pudełku. Na rysunkach widać ilość elementów w pierwszych pudełku (niebieska linia), ilość elementów w drugim pudełku (pomarańczowa linia) i łączna ilość (suma) elementów (zielona linia). Na dolnym wykresie przedstawiona jest trajektoria symulacji o $t = 10000$ z wyglądzeniem 1000 (przedstawiona średnia krocząca = 1000) ma ona bardzo podobny kształt do trajektorii z jednym pudełkiem z odpowiadającymi intensywnościami.

4 Rozkład

Zacznijmy od wartości oczekiwanych. Licząc podobnie jak dla pojedynczego pudełka można zauważyć, że

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}X_1 = \frac{a_N}{a_{S1}}$$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \mathbb{E}X_2 = \frac{a_N}{a_{S2}}$$

Zgadza się to z oczekiwaniami: X_1 zachowuje się dokładnie tak samo jak w przypadku jednego pudła, więc wynik jest ten sam. $\mathbb{E}X_2$ bierze się stąd, że pierwsze pudło jedynie opóźnia trafienie cząstek do pudełka 2. Czyli można na to patrzeć również jak na model z jednym pudłem tylko teraz cząstka rodzi się z intensywnością a_N . Następnie czeka jakiś czas (czekanie spowodowane pierwszym pudełkiem) i trafia do pudełka numer 2. Czekanie nie wpływa jednak na średnią ilość cząstek będących w pudełku numer 2.

4.1 Estymacja kowariancji

Kowariancję estymujemy ze wzoru

$$COV(X, Y) = \mathbb{E}XY - \mathbb{E}X\mathbb{E}Y$$

Umiemy policzyć $\mathbb{E}Y$ i $\mathbb{E}X$. Potrzebujemy jedynie $\mathbb{E}XY$ które liczymy w ten sam sposób - ważąc długością występowania danej wartości. Czyli

$$COV(\hat{X}, \hat{Y}) = \mathbb{E}\hat{X}\hat{Y} - \mathbb{E}\hat{X}\mathbb{E}\hat{Y}$$

Generuje to problemy z obciążeniem, (stopnie swobody estymatora wariancji). Jednak skorzystamy tutaj zgodności i oszacujemy to za pomocą dostatecznie dużej próbki, żeby obciążenie było zanedbywalne

Po symulacjach z różnymi parametrami doszedłem do wniosku, że zawartości pudełek są nieskorelowane, tzn

$$COV(X, Y) = 0$$

5 Uruchamianie symulacji

kod do uruchamiania symulacji - w folderze dwa_pudla:

```
$ python3 sym.py t a_N a_S1 a_S2 output_file
```

gdzie:

- t - czas trwania symulacji
- a_N - intensywność procesu narodzin
- a_{S1} - Parametr rozkładu czasu przebywania w pierwszym pudle
- a_{S2} - Parametr rozkładu czasu przebywania w drugim pudle
- `output_file` - nazwa pliku do którego ma się zapisać symulacja (csv)

wykresy zostały stworzone w notebooku (`dwa_pudla/`)`simulate.ipynb`