

Yule- und Kontaktprozess auf Small World Graphen

Diplomarbeit

von

Timo Baumgratz

eingereicht beim
Institut für Mathematik
der Goethe-Universität Frankfurt am Main

Betreuer: Prof. Dr. Ralph Neininger

November 2008

Erklärung

Hiermit versichere ich, Timo Baumgratz, die vorliegende Diplomarbeit selbständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt zu haben.

Zusammenfassung

Mit den Small World Graphen stehen seit Ende der Neunzigerjahre Modelle für soziale und ähnliche Netzwerke, die im Vergleich zu Erdős-Rényi-Graphen stärker Cluster ausbilden, zur Verfügung. Wir betrachten die Konstruktion dieser Graphen und untersuchen zwei der Modelle genauer im Zusammenhang mit stochastischen Prozessen.

Das stetige Modell betrachten wir hinsichtlich dem Abstand zweier Knoten. Der interessanteste Aspekt hierbei ist, dass man bei der Konstruktion des Graphen die entfernten Nachbarn mithilfe der Poissonverteilung wählt und in der Folge einen Yule-Prozess auf dem Graphen erhält.

Auf der Bollobás-Chung Small World lassen wir den Kontaktprozess ablaufen und untersuchen diesen bezüglich seiner Überlebenswahrscheinlichkeit. Wir sehen, dass er auf diesem Graphen zwei Phasenübergänge aufweist. Oberhalb des ersten überlebt er für immer mit positiver Wahrscheinlichkeit, oberhalb des zweiten ist zudem der Knoten, auf dem der Kontaktprozess gestartet ist, stets mit positiver Wahrscheinlichkeit infiziert.

Schließlich betrachten wir die Zeitdauer, die ein leicht modifizierter, superkritischer Kontaktprozess auf der Small World unter bestimmten Voraussetzungen überlebt. Die wesentliche Dynamik, die wir hierbei ausmachen können, ist, dass auf ein Absinken der Infektionen mit hoher Wahrscheinlichkeit wieder eine Verdopplung der Infektionen folgt.

Inhaltsverzeichnis

Einleitung	i
1. Small World Modelle	1
1.1. Diskrete Small World Modelle	2
1.1.1. Modell nach Watts und Strogatz	3
1.1.2. Modell nach Watts und Newman	4
1.1.3. Bollobás-Chung Small World	8
1.2. Das stetige Modell	10
2. Pfadlänge im stetigen Small World Netzwerk	14
2.1. Beweis in vier Schritten	17
2.1.1. Erster Beweisschritt	18
2.1.2. Zweiter Beweisschritt	22
2.1.3. Dritter Beweisschritt	28
2.1.4. Vierter Beweisschritt	29
3. Der Kontaktprozess auf der Small World	32
3.1. Verallgemeinerte BC Small World und Big World	33
3.2. Der Kontaktprozess	35
3.3. Phasenübergänge	37
3.4. Resultate	38
3.5. Beweise	41
3.5.1. Beweis von Satz 3.1	41
Beweis von Proposition 3.6	42
Beweis von Proposition 3.7	47
Rückblick	60
3.5.2. Beweis von Satz 3.2	60
3.5.3. Beweis von Satz 3.3	68
3.5.4. Beweis von Satz 3.4	72
Literaturverzeichnis	77
Abbildungsverzeichnis	79
A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen	80

Einleitung

Small World Netzwerke sind Graphen, die sich im Vergleich zu Erdős-Rényi-Graphen, bei denen jede Kante unabhängig mit Wahrscheinlichkeit p vorhanden ist, durch eine besonders hohe Clusterbildung auszeichnen, während die charakteristische Pfadlänge nur wenig von jener bei zufälligen Graphen abweicht. Dies sind Eigenschaften existierender Netzwerke, die mit den Erdős-Rényi-Graphen nicht modelliert werden können. Ein Beispiel für ein solches real vorkommendes Small World Netzwerk ist der *Film Actors Graph*, bei dem die Knotenmenge die Menge der Schauspieler ist, und zwei Knoten durch eine Kante verbunden werden, wenn die entsprechenden Schauspieler zusammen in einem Film gespielt haben.

Im Allgemeinen erreicht man diese hohe Clusterbildung, indem zu einer fixen Anzahl nächster Nachbarn zufallsgesteuert Kanten zwischen weit entfernten Knoten hinzugefügt werden. Diese werden als *Abkürzungen* oder *Shortcuts* bezeichnet. Das diskrete Modell kann derart zu einem stetigen Modell in Kreisform verallgemeinert werden, dass die Eigenschaften eines Small World Netzwerks bestehen bleiben. Im ersten Kapitel stellen wir diese Eigenschaften von Small World Graphen zusammen und betrachten Möglichkeiten ihrer Konstruktion.

Das zweite Kapitel beginnt mit einer Aussage über die Distanz zweier Knoten (Pfadlänge) im kontinuierlichen Modell. Hierbei wird zunächst eine größere Menge an Shortcuts erzeugt, als schließlich tatsächlich im Graphen verbleibt. Das Problem, vorhersagen zu müssen, welche der Shortcuts akzeptiert werden, führt uns zu einem Yule-Prozess, der als das Fundament des Beweises betrachtet werden kann.

Während im zweiten Kapitel ein stochastischer Prozess als Mittel zum Beweis auftritt, ist das dritte Kapitel ganz der Frage gewidmet, wie sich der Kontaktprozess auf einem Small World Graphen verhält, genauer gesagt, auf einem verallgemeinerten, mehrdimensionalen Modell der Bollobás-Chung Small World. Der Kontaktprozess gehört zu den interagierenden Partikelsystemen und hat seine Ursprünge in der Physik. Auf einem zugrundeliegenden Graphen S kann zu gegebener Zeit t auf jedem Knoten jeweils ein oder kein Partikel sitzen. Als vielleicht wichtigste Eigenschaft ist zu nennen, dass der auf dem Zustandsraum $\{0, 1\}^S$ ablaufende Kontaktprozess ein Markovprozess ist. Grundlegendes hierzu findet sich in [9].

Gerade den Kontaktprozess auf dem Small World Graphen zu betrachten

Einleitung

ist insofern sinnvoll, als dieser häufig als ein Modell für die Verbreitung von Viren interpretiert wird, und Small World Graphen oft als Modell für ein soziales Netzwerk. Wir werden das Vorhandensein zweier unterschiedlicher Phasenübergänge nachweisen, wobei wir den Großteil der Arbeit auf einem zweiten Graphen, der sogenannten Big World, und mit dem Branching Random Walk bestreiten. Mittels Verteilungskonvergenz übertragen wir anschließend die Ergebnisse für den Kontaktprozess auf der Big World auf den Kontaktprozess auf der Small World.

Das Vorgehen, sich zunächst den Branching Random Walk anzusehen, um eine Aussage über den Kontaktprozess zu erhalten, hat sich bereits in der Vergangenheit als nützlich erwiesen, wie das folgende Zitat aus [9], Seite 80, zeigt: „In general, one can say that results for the branching random walk are useful predictors of results for the contact process, though the proofs are substantially harder in the latter case. Certain results are more complete in the case of branching random walk.“ Die Intuition für diesen Sachverhalt wird dort ebenfalls formuliert (Seite 32): „The contact process can be thought of as a branching random walk in which particles at the same site coalesce. Alternatively, the branching random walk can be regarded as a contact process in which we keep track of the multiplicity of infections.“

Die Phasenübergänge geben uns in Abhängigkeit von den Wahrscheinlichkeiten, mit denen nächste Nachbarn sowie jene Knoten, die über Shortcuts erreichbar sind, infiziert werden, die Überlebenschancen des Kontaktprozesses an die Hand. Wenn wir einen Kontaktprozess haben, der nicht fast sicher ausstirbt, wie lange wird dieser dann überleben? Fassen wir den Kontaktprozess als Modell für die Ausbreitung einer Infektion auf, so ist dies das Problem, eine Prognose abzugeben zu müssen, wie lange man mindestens mit der Ausbreitung zu kämpfen haben wird. Diese Frage soll schließlich noch geklärt werden für einen aus beweistechnischen Gründen leicht modifizierten Kontaktprozess. Der modifizierte Kontaktprozess scheint indes sogar sinnvoller als Ausbreitung einer Infektion interpretiert werden zu können. Insbesondere werden hier Resultate vom Typ „Große Abweichungen“ für binomial verteilte und für identisch und unabhängig verteilte Zufallsvariablen zu geeigneten Abschätzungen führen.

1. Small World Modelle

Bevor wir uns der Konstruktion von Small World Graphen widmen, betrachten wir die beiden Begriffe des *Clusterkoeffizienten* c und der *charakteristischen Pfadlänge* ℓ , mit deren Hilfe Small World Netzwerke charakterisiert werden, vergleiche [16]. Sei dazu ein Graph mit n Knoten gegeben. Ein Knoten v habe k_v Nachbarn. Zwischen diesen k_v Nachbarn kann es höchstens $\binom{k_v}{2} = k_v(k_v - 1)/2$ Kanten geben. Bezeichne c_v die Anzahl der Kanten, die tatsächlich existieren. Dann definieren wir

$$c := \frac{1}{n} \sum_v \binom{k_v}{2}^{-1} c_v = \frac{2}{n} \sum_v \frac{c_v}{k_v(k_v - 1)}, \quad (1.1)$$

den Mittelwert über die Cluster-Anteile aller Knoten. Zu je zwei Knoten in einem (zusammenhängenden) Graphen gibt es einen kürzesten Pfad (Anzahl Kanten). Die charakteristische Pfadlänge ist die mittlere Kantenzahl im kürzesten Pfad zwischen zwei Knoten und wird mit ℓ bezeichnet. Sei ℓ_{ij} die Anzahl der Kanten im kürzesten Pfad zwischen den Knoten v_i und v_j . Es gibt $\binom{n}{2}$ Knotenpaare, die entsprechende Formel lautet also

$$\ell := \binom{n}{2}^{-1} \sum_{i=1}^n \sum_{j=i+1}^n \ell_{ij}.$$

Um für zufällige Graphen die Wahrscheinlichkeit p hervorzuheben, mit der eine Kante zwischen zwei Knoten existiert, schreibt man auch $c(p)$ beziehungsweise $\ell(p)$. Für Small World Netzwerke hat p dabei eine andere Bedeutung. Daher wurde an dieser Stelle auf diesen Parameter verzichtet.

Vergleicht man reale Small World Netzwerke mit zufälligen Graphen mit gleicher Knotenzahl und gleicher mittlerer Kantenzahl, so stellt man fest, dass sie einen deutlich höheren Clusterkoeffizienten aufweisen, während die charakteristische Pfadlänge nur minimal größer ist. Betrachtet man etwa den eingangs erwähnten *Film Actors Graph*, so lässt sich der hohe Clusterkoeffizient dadurch erklären, dass die Kanten gerade nach Kriterien der Bekanntschaft gewählt und eingefügt werden, und wenn zwei Schauspieler jeweils mit einem dritten zusammengespielt haben, so sind sie mit hoher Wahrscheinlichkeit miteinander bekannt und werden daher auch mit höherer Wahrscheinlichkeit zusammenarbeiten, also durch eine Kante verbunden sein. Da also viele Kanten lokal gebündelt sind,

1.1. Diskrete Small World Modelle

stehen weniger Kanten zur Verfügung, um Verbindungen zwischen den Clustern herzustellen. Anders beim zufälligen Graphen. Hier sind die Kanten zufällig vorhanden und die erwartete Kantenzahl, die zur Verbindung zweier Knoten nötig ist, ist unabhängig von den gewählten Knoten. Da die charakteristische Pfadlänge ein Mittelwert ist, ist sie beim zufälligen Graphen geringer. Dass sie meist nur minimal geringer ist, lässt sich dadurch erklären, dass durch die hohe Clusterbildung beim Small World Netzwerk viele betrachtete Knotenpaare direkt oder durch sehr wenige Kanten verbunden sind, was einen Ausgleich schafft zur relativ hohen Distanz von Knoten in verschiedenen Clustern.

Die Bezeichnung *Small World* kommt von einem Experiment aus dem Jahr 1967, in dem man versuchte, die mittlere Anzahl von Personen zu ermitteln, die nötig sind, um zwei beliebige Menschen durch direkte Bekanntschaften zu verbinden. Der Ausdruck *Six Degrees Of Separation* bedeutet, dass man dazu nur sechs Personen benötigt. Diese kleine Zahl wird zwar nicht immer stimmen, kann aber durchaus generell relativ klein sein. Man könnte sie anhand eines Small World Graphen wie folgt glaubhaft machen. Man stelle sich eine Menge kleiner Cluster vor, die untereinander durch wenige Kanten verbunden werden (zwei Freundschafts-Cliquen könnten zum Beispiel durch zwei Personen verbunden werden, die zusammen arbeiten). Zwischen zwei Clustern bestehe mindestens eine direkte Verbindung. Von einem Knoten aus einen anderen innerhalb desselben Clusters zu erreichen, ist mit wenigen Kanten möglich. Um einen Knoten in einem anderen Cluster zu erreichen, muss man nur den Knoten im eigenen Cluster erreichen, der eine Verbindung zum anderen Cluster unterhält. Die Pfadlänge reduziert sich damit im Mittel auf zweimal die Anzahl der Kanten, die nötig sind, um einen Knoten im eigenen Cluster zu erreichen, plus Eins.

Für die Menge *aller* Menschen ist eine Aussage wie *Six Degrees Of Separation* schwer oder gar nicht überprüfbar. Es besteht aber die Möglichkeit, sich auf soziale Ersatzgraphen zurückzuziehen, für die die Kantentopologie bekannt ist. Hierzu gehört etwa der eingangs erwähnte *Film Actors Graph*.

1.1. Diskrete Small World Modelle

Die Wahrscheinlichkeit, dass sich zwei Personen kennen, ist umso größer, je mehr gemeinsame Bekannte sie haben. Betrachtet man die Personen als Knoten und zeichnet eine Kante zwischen ihnen, wenn sie sich persönlich kennen, so ergibt dies einen zufälligen Graphen $G(n, p)$ mit variablem p ; p ist abhängig von den gerade betrachteten zwei Knoten. Auf diese Weise könnte man zwar ein Small World Netzwerk konstruieren, allerdings unter dem hohen Aufwand, für jeden Knoten eine Liste führen zu müssen, in der p bezüglich jedes anderen Knotens im Netzwerk gespeichert ist. Im Folgenden betrachten wir alternative

1.1. Diskrete Small World Modelle

Möglichkeiten, derartige Netzwerke zu modellieren.

1.1.1. Modell nach Watts und Strogatz

Ein erster Entwurf stammt von Watts und Strogatz (siehe [16]). Da hierbei mittels eines kleinen Algorithmus Kanten umverknüpft werden, werden n Knoten im Kreis angeordnet, wodurch eine natürliche Reihenfolge entsteht, in der die Knoten nacheinander durchlaufen werden können. Jeder Knoten wird mit k Nachbarn im Uhrzeigersinn verbunden. Dabei bezeichnen wir zwei Knoten als *Nachbarn*, wenn sie durch eine (hier ungerichtete) Kante verbunden sind. Ein k -Nachbar ist dann der Knoten, der auf dem Kreis k Kanten und Knoten weiter sitzt. Die *Nachbarschaft eines Knotens* ist die Menge aller Knoten, zu denen eine direkte oder indirekte Kantenverbindung besteht.

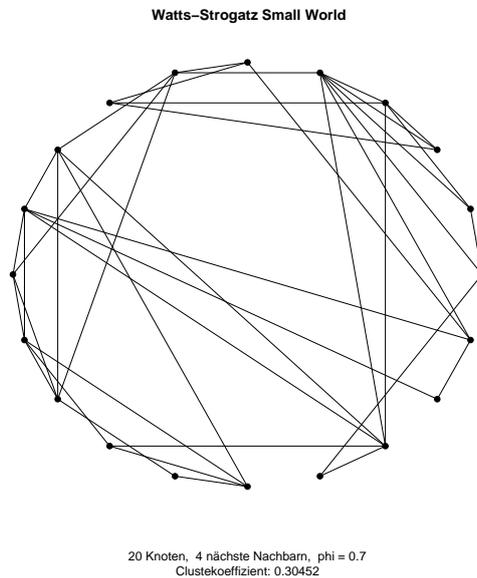


Abbildung 1.1. Realisierung einer Watts-Strogatz Small World.

Jeder Knoten besitzt also Kanten zu seinen $2k$ nächsten Nachbarn ($2k$ ist die sogenannte *Koordinationszahl*), jeweils k im beziehungsweise entgegen dem Uhrzeigersinn. In diesem Zustand ist das Netzwerk *regulär*. Nun werden die Knoten im Uhrzeigersinn durchlaufen und für jeden Knoten wird die Kante zu seinem im Uhrzeigersinn nächsten Nachbarn mit Wahrscheinlichkeit ϕ von diesem Nachbarn gelöst und mit einem anderen Knoten verbunden. Dieser wird gegebenenfalls zufällig uniform ausgewählt. Würde durch die Neuverknüpfung

1.1. Diskrete Small World Modelle

eine doppelte Verbindung zwischen zwei Knoten entstehen, wird die Kante nicht verändert. Dieses Vorgehen wiederholt man nun mit der Kante zum zweitnächsten Nachbarn, und so weiter, bis schließlich auch die Verbindungen zu den k -ten Nachbarn neu verknüpft wurden. Mit der Wahl von ϕ kann man nun den Grad der Zufälligkeit steuern. $\phi = 0$ bedeutet, dass keine Kante umverknüpft wird, das Netzwerk bleibt in seiner Ausgangskonfiguration und damit regulär. Hingegen bedeutet $\phi = 1$, dass jede Kante neu verknüpft wird und ein vollkommen zufälliges Netzwerk entsteht. (Diese Aussage ist nicht ganz richtig. Da doppelte Kanten verboten sind, werden eventuell selbst mit $\phi = 1$ nicht alle Kanten neu verknüpft.) Wählt man ϕ sehr klein, werden also kaum Knoten umverknüpft, so ändert sich an den Clustern wenig (Cluster lösen sich nicht auf, wenn man wenige Kanten ändert), jedoch verkürzen sich viele Pfade, so dass zwar der Clusterkoeffizient annähernd gleich bleibt, die charakteristische Pfadlänge aber stark abfällt. Abbildung 2 in [16] lässt dies für den Wert $\phi = 0,001$ gut erkennen. Ebenso lässt sich dort ablesen, dass ab $\phi = 0,1$ die charakteristische Pfadlänge kaum noch Veränderung erfährt.

Dieses Modell hat stets nk Kanten. Ein zufälliger Erdős-Rényi-Graph $G(n, p)$ hat eine mittlere Kantenanzahl von $\binom{n}{2}p$. Setzen wir diese Werte gleich, so erhalten wir

$$nk = \binom{n}{2}p \Leftrightarrow p = \frac{2k}{n-1}.$$

Damit $p \leq 1$ ist, muss $k \leq (n-1)/2$ bleiben. Für das neuronale Small World Netzwerk des Wurmes *Caenorhabditis elegans* ist $n = 282$ und $k = 7$ (vergleiche [16]). Konstruieren wir ein Watts-Strogatz Modell mit diesen Parametern, müssten wir

$$p = \frac{2 \cdot 7}{282 - 1} \approx 0,08$$

wählen, um einen Erdős-Rényi-Graphen mit n Knoten und einer mittleren Kantenanzahl zu erhalten, die den im Watts-Strogatz-Modell vorhandenen Kanten entspricht. Diese beiden Graphen kann man dann hinsichtlich Clusterkoeffizient und charakteristischer Pfadlänge vergleichen.

1.1.2. Modell nach Watts und Newman

Ein Problem des Watts-Strogatz Modells ist die Möglichkeit, dass ein Teil der Knoten vom Rest des Netzwerks isoliert wird. In diesem Fall gibt es zwei Knoten, deren Distanz zueinander man als unendlich definieren wird. Die mittlere Pfadlänge ist somit ebenfalls unendlich und enthält außer der Tatsache, dass eben ein Teil der Knoten isoliert ist, keine weitere Information.

1.1. Diskrete Small World Modelle

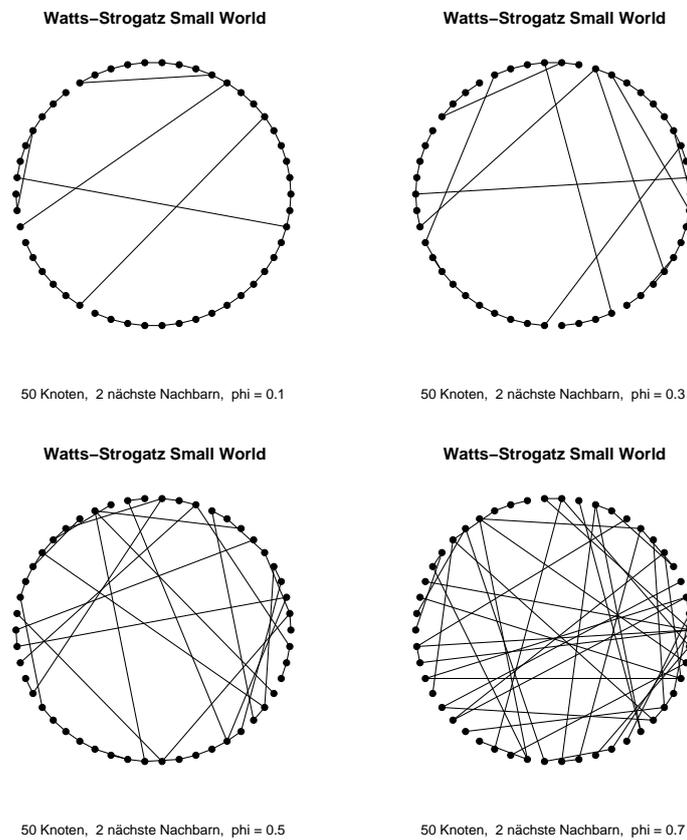


Abbildung 1.2. Vier Realisierungen einer Watts-Strogatz Small World. Der Übersichtlichkeit halber hat jeder Knoten nur einen Nachbarn im Uhrzeigersinn. Hier kann gut der Einfluss von ϕ , der Wahrscheinlichkeit, mit der eine Kante umverknüpft wird, beobachtet werden. Man beachte, dass alle Realisierungen die gleiche Anzahl an Kanten haben und dass mit Erhöhung von ϕ nicht unbedingt mehr Kanten umverknüpft werden. Dies ist nämlich auch davon abhängig, ob zu dem Knoten, zu dem die Kante verknüpft werden soll, bereits eine Kante besteht.

1.1. Diskrete Small World Modelle

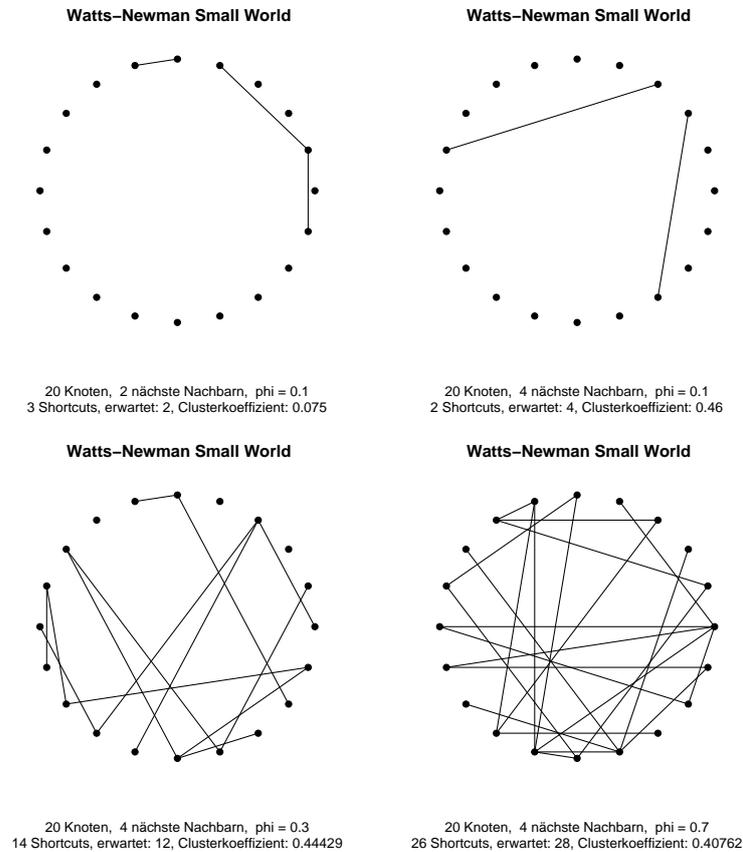


Abbildung 1.3. Vier Realisierungen der Watts-Newman Small World. Die Kanten zu den nächsten Nachbarn sind aus Gründen der Übersichtlichkeit nicht eingezeichnet. Man beachte, dass die Small World links oben nur zwei nächste Nachbarn hat, während die restlichen drei Graphen jeweils vier nächste Nachbarn besitzen. Der Clusterkoeffizient ist ein Wert in $[0; 1]$. Er ist umso größer, je mehr Cluster ausgebildet sind – und zwar im Sinne von Definition (1.1). Wir können hier beobachten, dass der Clusterkoeffizient nicht notwendigerweise mit der Anzahl der Kanten wächst. Um dies zu verstehen, betrachten wir einen Summanden $c_v / \binom{k_v}{2}$ aus Definition (1.1). Angenommen, wir erhöhen in einem Graphen die Anzahl der Kanten, dann gibt es Knoten v , für die $\binom{k_v}{2}$ (möglicherweise stark) vergrößert wird. Der Wert c_v ist aber nicht allein von der Anzahl der vorhandenen Kanten abhängig, sondern auch von ihrer Lage. In ungünstigen Fällen hat also ein Knoten viele Nachbarn hinzugewonnen, ohne dass diese untereinander (viel) stärker vernetzt sind als zuvor. Der Summand wird dann kleiner.

1.1. Diskrete Small World Modelle

Watts und Newman schlagen daher vor, die Kanten nicht neu zu verknüpfen (wodurch Isolation entstehen kann), sondern weitere hinzuzufügen, vergleiche [11]. Damit mit dem ursprünglichen Modell gewonnene Resultate weiterhin ihre Gültigkeit behalten, fügen sie pro vorhandener Kante mit Wahrscheinlichkeit ϕ eine weitere zwischen zwei zufällig und uniform gewählten Knoten hinzu. Dabei sind doppelte Kanten genauso erlaubt wie Kanten, die einen Knoten mit sich selbst verbinden. Für kleine ϕ verhält sich dieses Modell entsprechend jenem von Watts und Strogatz.

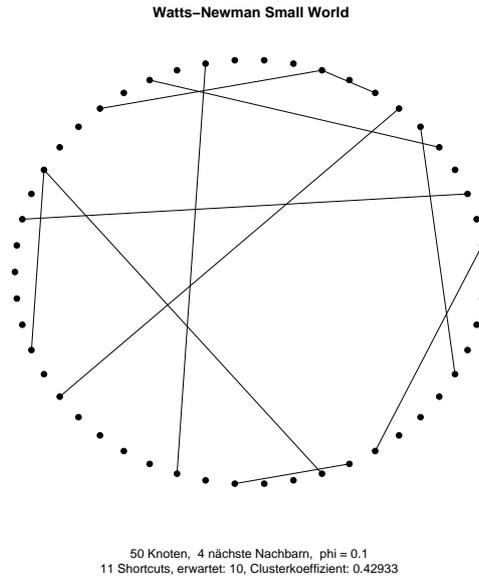


Abbildung 1.4. Realisierung einer Watts-Newman Small World. Die Kanten zu den nächsten Nachbarn sind wieder nicht eingezeichnet.

Für ℓ in diesem Netzwerk haben Watts, Newman und Moore mittels *Mean Field Approximations*

$$\ell = \frac{n}{k} f(\phi kn) \quad (1.2)$$

erhalten (siehe [10]), wobei ϕkn die erwartete Anzahl an *Shortcuts* (hinzugefügte Kanten) ist. f ist eine Skalierungsfunktion mit

$$f(u) = \frac{1}{2\sqrt{u^2 + 2u}} \tanh^{-1}\left(\frac{u}{\sqrt{u^2 + 4u}}\right) \sim \frac{\log(2u)}{4u} \quad (1.3)$$

für $u \rightarrow \infty$.

1.1.3. Bollobás-Chung Small World

Schon 1988 haben Bollobás und Chung eine Graph-Konstruktion gefunden, aus der ein Small World Graph entsteht, siehe [5]. Die Konstruktion ist simpel: Wir ordnen wieder n Knoten im Kreis an und bilden Kanten zu den direkten Nachbarn aus. Das ist gerade die Ausgangskonfiguration der oben beschriebenen Modelle mit $k = 1$. Unter allen möglichen Partitionen von $\{1, \dots, n\}$ in Paare wählen wir nun zufällig eine aus (bei ungeradem n lassen wir einen uniform gewählten Knoten außer Acht). Die Shortcuts erhalten wir nun, indem wir die Knoten eines jeden Paares durch eine Kante verbinden. Knoten, die ein Paar bilden, nennen wir *entfernte Nachbarn*.

Diesen Mechanismus kann man allgemeiner auf $1 \leq k \leq n/2$ anwenden. Sinnvollerweise sollte k aber viel kleiner als $n/2$ sein, denn sonst sind ohnehin fast alle Knoten nächste Nachbarn und die Shortcuts würden nur unwesentlich zur Clusterbildung beitragen. Natürlich beeinflusst auch in diesem Modell die Anzahl nächster Nachbarn wesentlich den Wert des Clusterkoeffizienten, siehe Abbildung 1.5. Durch die Paarbildung (*perfektes Matching*) haben wir $n/2$ Shortcuts hinzugefügt. Wählt man im Watts-Newman Modell $\phi = 1/2k$, so werden im Mittel $nk\phi = n/2$ Shortcuts eingefügt. Das heißt also, dass durch die Paarbildung eine mögliche Realisierung der Small World nach dem Modell von Watts und Newman mit $\phi = 1/2k$ gegeben ist. Wir betonen jedoch, dass diese Realisierung sehr speziell ist.

Gehen wir der Einfachheit halber davon aus, dass n gerade ist. Dann wird, verglichen mit der Konstruktion von Watts und Newman, genau die erwartete Anzahl an Shortcuts ausgebildet und keine zwei Shortcuts verbinden die gleichen Knoten. Fällt die Partitionierung in Paare also so aus, dass keine direkten Nachbarn als Paare ausgewählt werden, so hat jeder Knoten genau $2k + 1$ direkte Nachbarn, was, wie in [6] bemerkt, ein unrealistisches Modell für ein soziales Netzwerk ist. Zudem gleicht diese Small World für $k = 1$ lokal einem Baum. Für $k > 1$ gilt dies nicht.

In Anlehnung an [6] nennen wir eine auf diese Art gebildete Small World eine *Bollobás-Chung Small World* oder kürzer *BC Small World*. Auf diesem Modell werden wir im dritten Kapitel den Kontaktprozess untersuchen. In den Beweisen werden wir einen weiteren Graphen, den Big World Graphen, und eine Abbildung zwischen den beiden Netzwerken betrachten. Dies ist prinzipiell schwierig, wenn einer der beiden Graphen zufällig ist. Indem wir aber eine BC Small World wählen, wissen wir, dass jeder Knoten genau einen entfernten Nachbarn hat. Haben wir die Big World dann so definiert, dass es dort ebenfalls pro Knoten nur einen entfernten Nachbarn gibt, müssen wir in der BC Small World nur noch einen Knoten als Ursprungsknoten auszeichnen, und wir können die gewünschte

1.1. Diskrete Small World Modelle

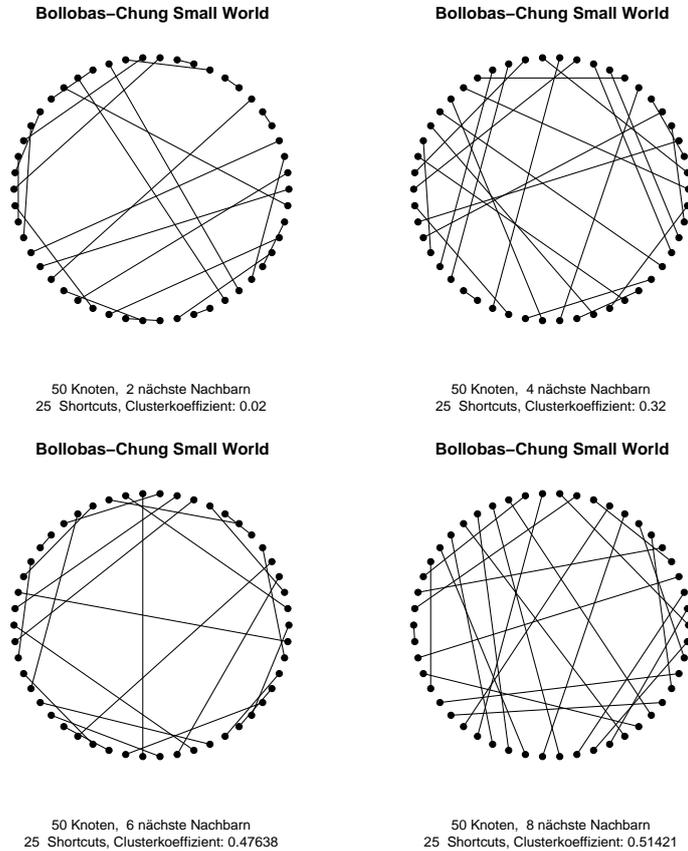


Abbildung 1.5. Realisierung einer Bollobás-Chung Small World. Die Kanten zu den nächsten Nachbarn sind nicht eingezeichnet. Jeder Knoten hat genau einen entfernten Nachbarn. Dieser Graph ist gut vernetzt. Der Clusterkoeffizient ist zwar von der Topologie der Kanten abhängig, aber die Simulationen zeigen, dass Fälle, in denen das Matching für die entfernten Nachbarn nur nahe Nachbarn verbindet, offenbar mit hoher Wahrscheinlichkeit nicht auftreten. So wird der Clusterkoeffizient hier insbesondere durch die Anzahl der nächsten Nachbarn beeinflusst.

1.2. Das stetige Modell

Abbildung angeben. Näheres zu dieser Abbildung unter Abschnitt 3.5.3.

1.2. Das stetige Modell

Für die in Abschnitt 1.1.2 genannten Berechnungen wurde den im Kreis angeordneten Knoten ein stetiges Modell zugrunde gelegt. Dies ist gerechtfertigt, da das diskrete und das stetige Modell äquivalent sind, wenn die Anzahl an Shortcuts gering ist. Im Folgenden beschreiben wir dieses stetige Modell und orientieren uns dabei an [4].

Gegeben sei ein Kreis C mit Umfang L . Die hinzugefügten Kanten sind dann nichts anderes als Sehnen im Kreis. Es wird eine zum Parameter $L\rho/2$ Poisson ($\text{Poi}(L\rho/2)$) verteilte Anzahl an Sehnen hinzugefügt, im Mittel also $L\rho/2$ viele. Für $\rho = 2k\phi$ sind das im Mittel $Lk\phi$ Sehnen, so dass das oben geschilderte Modell angenähert werden kann. Da man im diskreten Modell in einem Schritt den k -ten Nachbarn erreichen kann, sind Pfadlängen noch durch k zu dividieren.

Der Aufbau dieses Netzwerks erfolgt dynamisch. Eine Sehne ist durch ihre beiden Endpunkte auf dem Kreis festgelegt. Zunächst wählt man eine $\text{Poi}(L\rho)$ verteilte Anzahl von Punkten auf C uniform und unabhängig. Die Menge dieser Punkte heie Q . Zu jedem $q \in Q$ wird nun ebenfalls uniform und unabhängig genau ein weiterer Punkt q' auf C angeordnet (es sind dann $|Q|$ Punktepaare auf C vorhanden). Die Paare $\{q, q'\}$ bilden die potentiellen Sehnen; potentiell, weil wir nun einen Mechanismus starten, der entscheidet, ob ein solches Paar eine Sehne bildet oder verworfen wird. Dazu whlen wir einen Punkt O auf C und betrachten $R(t)$, die Menge aller Punkte, die von O aus in Zeit t erreicht werden knnen. Zeit ist hier Distanz auf dem Kreis, also Lnge eines Bogenstcks. Insbesondere gilt $R(0) = \{O\}$. Sehnen werden mit Lnge 0 veranschlagt. Luft der Prozess gegen ein $q \in Q$ und liegt das zugehrige q' nicht in Reichweite t , das heit $q' \notin R(t-) := \sup\{R(x) \mid x < t\}$, so wird die Sehne (q, q') akzeptiert, andernfalls verworfen. Mit anderen Worten wird eine potentielle Sehne nur dann akzeptiert, wenn der Prozess q vor q' erreicht. Genauer gesagt pruft man, ob $q \in \partial R(t-)$, dem Rand von $R(t-)$, und $q' \notin R(t-)$. Dadurch steht die Sehne gegebenenfalls zum Zeitpunkt t schon zur Verfgung, was aus technischen Grnden fr die weitere Analyse hilfreich ist, wenn dieses Modell zu einem Geburtsprozess erweitert wird. Denn dann soll das neue Intervall schon zum Zeitpunkt t mitgezhlt werden. Sowie die erste Sehne akzeptiert wird, entsteht ein neues Intervall auf C , das einpunktige Intervall $[q'; q']$. Dann gibt es zwei Intervalle. Allgemeiner erzeugt die Akzeptanz einer neuen Sehne ein neues Intervall. Wachsen zwei Intervalle ineinander, so verringert sich die Anzahl der Intervalle um 1. Bezeichnet $B(t)$ die Anzahl der Intervalle zum Zeitpunkt t , so ist also $R(t)$ die Vereinigung der $B(t)$ Intervalle.

1.2. Das stetige Modell

Es werden im Mittel $L\rho$ Punkte auf dem Kreis mit Umfang L verteilt. In ein Intervall der Länge 1 fallen damit im Mittel ρ Punkte. Betrachtet man ein einpunktiges Intervall, so ist dieses nach Zeit 1 zu einem Intervall der Länge 2 gewachsen, umfasst also im Mittel 2ρ Punkte. $B(t)$ Intervalle können entsprechend $2\rho B(t)$ neue Punkte nach einer Zeiteinheit überdecken, allerdings können nur aus solchen Punkten $q \in Q$ neue Intervalle entstehen, deren zugehörige q' noch nicht in $R(t)$ enthalten sind. Es ist $\mathbb{P}(q' \notin R(t)) = 1 - \mathbb{P}(q' \in R(t)) = 1 - r(t)L^{-1}$, wobei $r(t)$ das Lebesgue-Maß von $R(t)$ bezeichnet. Die Intensität, mit der Sehnen erzeugt werden, also die mittlere Anzahl der Sehnen, die innerhalb einer Zeiteinheit erzeugt werden, ist daher $2\rho B(t)(1 - r(t)L^{-1})$. Es ist

$$r(t) = \int_0^t 2B(u) du.$$

Wir haben

$$r'(t) = 2B(t), \quad \text{also} \quad B(t) = \frac{1}{2} r'(t).$$

Es gilt weiterhin

$$\int_0^\infty r'(t)r(t) dt = r^2(t) \Big|_{t=0}^\infty - \int_0^\infty r'(t)r(t) dt.$$

Wir erhalten

$$2 \int_0^\infty r'(t)r(t) dt = r^2(t) \Big|_{t=0}^\infty = r^2(\infty) = L^2,$$

also

$$\int_0^\infty r'(t)r(t) dt = \frac{L^2}{2},$$

da zum einen zum Zeitpunkt 0 nur das einpunktige Intervall (eine Lebesgue-Nullmenge) existiert, zum andern der Zeitpunkt ∞ der Zeitpunkt $L/2$ ist. Denn dann ist das Intervall um $L/2$ im und um $L/2$ entgegen dem Uhrzeigersinn gelaufen. Dann muss dieses Intervall alle anderen überlappen, und da zwei Intervalle bei Überlappung im Prozess R eines werden, existiert zum Zeitpunkt $t = L/2$ nur $B(L/2) = 1$ Intervall. Das Lebesgue-Maß dieses Intervalls beträgt $2 \cdot L/2 = L$, und damit ist $r(\infty) = r(L/2) = L$.

Um herauszufinden, wieviele Sehnen im Mittel erzeugt werden, müssen wir

1.2. Das stetige Modell

die Intensität noch integrieren:

$$\begin{aligned}
 \int_0^\infty 2\rho B(t)(1 - r(t)L^{-1}) dt &= 2\rho \int_0^\infty B(t) dt - \frac{2\rho}{L} \int_0^\infty B(t)r(t) dt \\
 &= \rho \int_0^\infty r'(t) dt - \frac{\rho}{L} \int_0^\infty r'(t)r(t) dt \\
 &= \rho(r(\infty) - r(0)) - \frac{\rho}{L} \cdot \frac{L^2}{2} \\
 &= \rho L - \frac{\rho L}{2} = \frac{L\rho}{2}.
 \end{aligned}$$

Um zu sehen, dass die Anzahl akzeptierter Sehnen Poisson verteilt ist, verwenden wir das *Colouring Theorem*, vergleiche zum Beispiel [8]. Um das Colouring Theorem auf unsere Situation anwenden zu können, müssen wir zuvor noch feststellen, dass die zufällige Menge Q ein Poisson-Prozess ist. Dies erhalten wir mit dem folgenden Satz über die Konstruktion von Poisson-Prozessen.

Satz 1.1. *Sei λ ein endliches, atomfreies Maß auf dem messbaren Raum (S, \mathcal{B}) , wobei \mathcal{B} die Borelsche σ -Algebra auf der Menge S bezeichne. Sei N Poisson verteilt zum Parameter $\lambda(S)$ und seien Y_1, Y_2, \dots unabhängig und identisch verteilt nach $\lambda(\cdot)/\lambda(S)$ und unabhängig von N . Dann ist die zufällige Menge $\{Y_j \mid 1 \leq j \leq N\}$ ein Poisson-Prozess auf S mit Intensitätsmaß λ .*

Auf die Situation in unseren Kreis übertragen, ist $S = C$. Bezeichnet λ das Lebesgue-Maß, so ist $\lambda(C) = L < \infty$. Das Maß $\rho\lambda$ ist dann endlich und atomfrei. Die Anzahl der Punkte N ist $\text{Poi}(\rho L) = \text{Poi}(\rho\lambda(C))$ verteilt. Die Punkte $q \in Q$ werden unabhängig und uniform auf C angeordnet, das heißt für Mengen $B \in \mathcal{B}$ gilt $\mathbb{P}(q \in B) = \lambda(B)/L$. Nach Satz 1.1 ist somit Q ein Poisson-Prozess auf C mit Intensitätsmaß $\rho\lambda$.

Wir färben nun die $q \in Q$ unabhängig voneinander blau, wenn die zugehörige Sehne akzeptiert wird, und rot, wenn sie nicht akzeptiert wird. Gegeben eine Sehne $\{q, q'\}$, so wird diese akzeptiert, falls die Intervalle q vor q' erreichen. Da beide Endpunkte uniform gewählt sind, ist dies aber genauso wahrscheinlich, wie dass q' vor q erreicht wird, geschieht also mit Wahrscheinlichkeit $1/2$. So wird q mit Wahrscheinlichkeit $1/2$ blau beziehungsweise rot gefärbt. Nach dem Colouring Theorem ist die Menge blauer Punkte ein Poisson-Prozess mit Intensitätsmaß $\rho\lambda(\cdot)/2$.

Insbesondere ist die Menge akzeptierter Sehnen ein Poisson-Prozess, womit die Anzahl akzeptierter Sehnen Poisson verteilt ist zu Parameter $\rho\lambda(C)/2 = \rho L/2$. Die mittlere Anzahl akzeptierter Sehnen ist damit $\rho L/2$, in Übereinstimmung mit obiger Rechnung.

1.2. Das stetige Modell

Man kann nun fragen, warum man das Netzwerk vergleichsweise kompliziert aufbaut, wenn man eigentlich nur sicherstellen müsste, dass im Mittel $L\rho/2$ Sehnen vorhanden sind. Beispielsweise könnte man schlicht eine zum Parameter $L\rho/2$ Poisson oder zu den Parametern $L\rho$ und $1/2$ Binomial verteilte Anzahl Sehnen uniform im Kreis anordnen. Dass hier die Poisson-Verteilung gewählt wurde, ist für den Beweis des kommenden Satzes über die Pfadlänge in diesem Modell nötig. Die dynamische Entstehung der Sehnen (in Abhängigkeit vom Startpunkt des Prozesses R) hat ihre Entsprechung in realen Netzen. Betrachten wir dazu noch einmal ein Netzwerk von Personen, die bei direkter Bekanntschaft durch eine Kante verbunden werden. Wie schon bemerkt, ist eine Kante zwischen zwei Personen umso wahrscheinlicher vorhanden, je mehr gemeinsame Bekannte sie haben. Dieses Modell ist aber tatsächlich in Bewegung, denn neue Bekanntschaften werden geschlossen. Mit einer neuen Bekanntschaft, also einer neuen Kante, ändert sich aber die Wahrscheinlichkeit für einige Knotenpaare, eine gemeinsame Kante zu haben. Derartige Dynamik fangen wir mit diesem Modell ein.

Wir haben nun ein stetiges Modell, das analog zum diskreten aufgebaut ist.

2. Pfadlänge im stetigen Small World Netzwerk

In diesem Abschnitt beweisen wir die folgende Aussage über die Pfadlänge im stetigen Modell und orientieren uns dabei an [6].

Satz 2.1. *Seien die Bezeichnungen wie oben und O ein Punkt auf dem Kreis C . P sei ein zufällig gewählter Punkt und D bezeichne die Distanz zwischen den beiden Punkten. Für x fest und $\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty$ gilt*

$$\rho D - \frac{1}{2} \log(L\rho) \xrightarrow{\mathcal{L}} Y, \quad (2.1)$$

wobei die Verteilungsfunktion von Y gegeben ist durch

$$F_Y(x) = 1 - \mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \right]$$

mit zwei unabhängigen, zum Parameter 1 exponentialverteilten Zufallsvariablen W und W' . Desweiteren gilt

$$\mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \right] = \int_0^\infty \frac{e^{-y}}{1 + 2e^{2x} y} dy. \quad (2.2)$$

Bemerkung 2.2. Unsere Formulierung der Asymptotik von D in Satz 2.1 unterscheidet sich in den Voraussetzungen von den Quellen [4] und [6].

Als Motivation für die Zufallsvariable in (2.1) haben wir die Formel (1.2) für die charakteristische Pfadlänge ℓ im diskreten Modell. Dem Parameter n entspricht im stetigen Modell L , die Anzahl k der Nachbarn im Uhrzeigersinn in der Ausgangssituation wird man als 1 ansehen. Die erwartete Anzahl hinzugefügter Kanten $nk\phi$ entspricht hier $L\rho/2$. Setzt man das in die Formel ein, erhält man

$$\ell = L f(L\rho/2) \sim L \frac{\log(L\rho)}{2L\rho} = \frac{1}{\rho} \cdot \frac{1}{2} \cdot \log(L\rho).$$

So gelesen, ist (2.1) eine Aussage darüber, wie sich die Pfadlänge beim Übergang vom diskreten zum stetigen Modell verhält.

Beweisidee: Angenommen, wir starten den Prozess $R(t)$ am Punkt O und eine unabhängige Kopie von $R(t)$ am Punkt P . Dann ist das Ereignis $\{D > d\}$ ($d \geq 0$)

2. Pfadlänge im stetigen Small World Netzwerk

äquivalent dazu, dass sich die Intervalle der beiden Prozesse zum Zeitpunkt $d/2$ nicht überschneiden. Diesen Weg über die Intervalle beschreitet der Beweis.

Wie die potentiellen Sehnen auf dem Kreis angeordnet sind, ist zufällig, und welche von ihnen schließlich akzeptiert werden, hängt von der Wahl der Punkte O und P ab. Der Prozess R gibt uns also nicht viel an die Hand, mit dem wir arbeiten könnten. Die Frage ist daher, ob wir R derart modifizieren können, dass ein Prozess S entsteht, der bessere Vorhersagen bezüglich der akzeptierten Sehnen zulässt oder dessen Verhalten uns vielleicht sogar bekannt ist. Da die potentiellen Sehnen zufällig auf dem Kreis angeordnet sind, gibt es nur eine Möglichkeit, die Akzeptanz einer Sehne vorauszusagen: Wir akzeptieren einfach alle Sehnen! Wie sich herausstellt, erhalten wir sogar einen Yule-Prozess, wenn wir außerdem die Intervalle nicht zusammenwachsen, sondern auch bei Überschneidung weiter als Individuen laufen lassen, dazu später Genaueres. Unsere Aufgabe wird dann sein, zu zeigen, dass die Anzahl der Überschneidungen der Intervalle der unabhängigen Kopien sich nur begrenzt unterscheidet von der entsprechenden Anzahl, wenn wir zwei S -Prozesse starten. Im Idealfall finden wir Schranken, die gegen null konvergieren, wenn die Zeit gegen Unendlich geht. Auf einen Ersatzprozess zurückzugreifen, führt also dazu, dass wir $\mathbb{P}(D > d)$ nur asymptotisch bestimmen können.

Wir beschreiben zunächst noch einmal genauer den Prozess S und überlegen, warum es sich dabei um einen Yule-Prozess handelt. Dieser Prozess S starte wie der Prozess R , verhalte sich jedoch in zwei Punkten anders:

- Treffen zwei Intervalle aufeinander, bleiben sie weiterhin Individuen.
- Trifft ein Intervall auf ein $q \in Q$, so wird die zugehörige Sehne akzeptiert. Mit anderen Worten: Jede Sehne wird akzeptiert.

Analog zu den Bezeichnungen bezüglich R bezeichnen wir mit $S(t)$ die Menge der Punkte, die zum Zeitpunkt t vom Startpunkt aus erreicht werden können, und mit $s(t)$ ihr Lebesgue-Maß. Wie oben in Zusammenhang mit R beschrieben, umfasst ein zunächst einpunktiges Intervall nach Zeit 1 im Mittel 2ρ Punkte, die Ausgangspunkte für potentielle Sehnen sind. Mit den beiden Veränderungen erzeugt jedes Intervall weitere Intervalle gemäß eines homogenen Poissonprozesses mit Intensität 2ρ . Fasst man die Intervalle als Individuen auf, die Nachkommen des Intervalls $[P; P]$ sind, und jeweils Nachkommen mit Intensität 2ρ erzeugen, so verhält sich $M(t)$, die Anzahl der Intervalle in S zum Zeitpunkt t , wie ein Yule-Prozess mit pro Kopf Geburtsrate 2ρ und $M(0) = 1$.

Daraus ergeben sich folgende Eigenschaften: $M(t)$ ist geometrisch verteilt zum Parameter $e^{-2\rho t}$ und damit

$$\mathbb{E}[M(t)] = \frac{1}{e^{-2\rho t}} = e^{2\rho t}.$$

2. Pfadlänge im stetigen Small World Netzwerk

Weiter gilt für das Lebesgue-Maß $s(t) = \int_0^t 2M(r) dr$. Damit ist

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[s(t)] &= \mathbb{E}\left[\int_0^t 2M(r) dr\right] = 2 \int_0^t \mathbb{E}[M(r)] dr \quad (\text{Fubini}) \\ &= 2 \int_0^t e^{2\rho r} dr = 2 \left[\frac{1}{2\rho} e^{2\rho r}\right]_{r=0}^t \\ &= 2 \frac{1}{2\rho} e^{2\rho t} - 2 \frac{1}{2\rho} e^0 = \frac{1}{\rho} e^{2\rho t} - \frac{1}{\rho} \\ &= \frac{1}{\rho} (e^{2\rho t} - 1).\end{aligned}$$

Gegeben zwei Punkte auf dem Kreis, von denen jeweils ein solcher Prozess startet, erlaubt diese Identität eine erste Einschätzung der mittleren Anzahl von Sehnen, die zur Zeit t aus dem Cluster $S(t)$, das an einem der beiden Punkte entsteht, in das Cluster des anderen Punktes reichen. Nach Zeit t werden im Mittel $\rho\mathbb{E}[s(t)]$ Punkte $q \in Q$ überdeckt. Für die Wahrscheinlichkeit, dass ein zu einem solchen q zugehöriges q' im Cluster des anderen Punktes liegt, erwarten wir $\mathbb{E}[s(t)]/L$. Die erwartete Anzahl von Sehnen, die vom einen in das andere Cluster reichen, ist somit

$$\rho\mathbb{E}[s(t)] \frac{\mathbb{E}[s(t)]}{L} = \frac{\rho}{L} \mathbb{E}[s(t)]^2.$$

Für $\tau_0 := (2\rho)^{-1}(1/2) \log(L\rho)$ etwa ist $\mathbb{E}[s(\tau_0)] = (1/\rho)(\sqrt{L\rho} - 1)$, und wenn L groß ist, kann die -1 vernachlässigt werden, womit $\mathbb{E}[s(\tau_0)] \approx \sqrt{L/\rho}$. Die erwartete Anzahl Sehnen vom einen in das andere Cluster wäre damit 1.

Desweiteren erhält man folgende asymptotische Verteilung von $M(t)$. Da $M(t)$ geometrisch verteilt ist zum Parameter $e^{-2\rho t}$, folgt

$$\begin{aligned}\mathbb{P}(e^{-2\rho t} M(t) > \delta) &= \mathbb{P}(M(t) > \delta e^{2\rho t}) = (1 - e^{-2\rho t})^{\delta e^{2\rho t}} \\ &= \left(1 + \frac{-1}{e^{2\rho t}}\right)^{\delta e^{2\rho t}} \rightarrow \exp(-1)^\delta = e^{-\delta}.\end{aligned}$$

$e^{-2\rho t} M(t)$ ist also asymptotisch exponential verteilt zum Parameter 1, in Zeichen $e^{-2\rho t} M(t) \rightarrow W \sim \exp(1)$. Da $e^{-2\rho t} M(t)$ ein nichtnegatives Martingal ist, handelt es sich hierbei um fast sichere Konvergenz.

Wir starten nun an den Punkten O und P jeweils zwei unabhängige Kopien vom Typ des R -Prozesses, $R_O(t)$ und $R_P(t)$, sowie zwei unabhängige Kopien vom Typ des S -Prozesses, $S_O(t)$ und $S_P(t)$. Die Zeit (beziehungsweise Distanz) t drücken wir in der Form

$$\tau_x := \frac{1}{2\rho} \left(\frac{1}{2} \log(L\rho) + x \right)$$

2.1. Beweis in vier Schritten

aus, für die Anzahl der Intervallüberschneidungen der beiden S -Prozesse zum Zeitpunkt τ_x verwenden wir \widehat{V}_x , für die Überschneidungen der beiden R -Prozesse schreiben wir V_x . M_x sei die Anzahl der Intervalle im Prozess S_O zum Zeitpunkt τ_x , s_x sei das Lebesgue-Maß dieser Intervalle, also die Gesamtlänge der Intervalle. N_x und u_x seien für den Prozess S_P analog definiert.

Wir starten diese vier Prozesse dann auf derselben Menge potentieller Sehnen, wobei wir für die beiden R -Prozesse die Einschränkung vornehmen, dass eine Sehne $\{q, q'\}$ bei Erreichen von q nur dann akzeptiert wird, wenn weder R_O noch R_P zuvor q' erreicht haben, das heißt falls $q' \notin R_O(t-) \cup R_P(t-)$. Dies ändert nichts an der mittleren Anzahl erwarteter Sehnen, da sich die Intensität, mit der neue Sehnen erzeugt werden, nicht ändert.

Mit dieser Konstruktion gelingt folgender

2.1. Beweis in vier Schritten

Das Vorgehen lässt sich in die folgenden vier Schritte unterteilen:

1. Mittels Poissonapproximation erhalten wir die Abschätzung

$$\left| \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0) - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \leq \frac{8\tau_x}{L} \mathbb{E}[M_x + N_x].$$

2. Wir weisen eine obere Schranke nach für die Wahrscheinlichkeit, dass V_x von \widehat{V}_x abweicht.
3. Mit 1. und 2. erhalten wir für $\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty$ die Konvergenz

$$\left| \mathbb{P}(V_x = 0) - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \rightarrow 0.$$

4. Schließlich zeigen wir für $\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty$, dass

$$\mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \rightarrow \mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \right],$$

und dass Gleichung (2.2) gilt.

Wenn wir dies gezeigt haben, ist die Verteilungskonvergenz in (2.1) bewiesen, denn das Ereignis

$$\left\{ \rho D - \frac{1}{2} \log(L\rho) > x \right\} = \left\{ D > \frac{1}{\rho} \left(\frac{1}{2} \log(L\rho) + x \right) \right\} = \{D > 2\tau_x\}$$

ist äquivalent zu dem Ereignis $\{V_x = 0\}$, und wegen Punkt 3 und Punkt 4 muss auch $\mathbb{P}(V_x = 0)$ gegen $\mathbb{E}[\exp(-2e^{2x} W W')]$ konvergieren.

2.1. Beweis in vier Schritten

2.1.1. Erster Beweisschritt

Wir machen Gebrauch von folgendem

Satz 2.3. *Sei A eine Indexmenge, $(X_\alpha)_{\alpha \in A}$ eine Familie von Bernoulli-Variablen mit $\mathbb{P}(X_\alpha = 1) = p_\alpha$, $V = \sum_{\alpha \in A} X_\alpha$, $\lambda = \mathbb{E}[V]$, und Z (Poisson) $\text{Poi}(\lambda)$ -verteilt. Sei $B_\alpha \subset A$ mit $\alpha \in B_\alpha$ eine Menge derart, dass die Familie $\{X_\beta \mid \beta \notin B_\alpha\}$ unabhängig ist von $\{X_\gamma \mid \gamma \in B_\alpha\}$. Desweiteren seien*

$$\begin{aligned} b_1 &= \sum_{\alpha \in A} \sum_{\beta \in B_\alpha} p_\alpha p_\beta = \sum_{\alpha \in A} \sum_{\beta \in B_\alpha} \mathbb{E}[X_\alpha] \mathbb{E}[X_\beta], \\ b_2 &= \sum_{\alpha \in A} \sum_{\substack{\beta \in B_\alpha \\ \beta \neq \alpha}} \mathbb{E}[X_\alpha X_\beta]. \end{aligned}$$

Dann gilt für den Totalvariationsabstand

$$d_{\text{TV}}(\mathcal{L}(V), \mathcal{L}(Z)) \leq (b_1 + b_2) \frac{1 - e^{-\lambda}}{\lambda}. \quad (2.3)$$

B_α wird auch *Neighbourhood Of Dependence* genannt. Die Poissonapproximation kann mit der Steinschen Methode erreicht werden, vergleiche etwa [3].

Warum ist dieser Satz hilfreich für das vorliegende Problem? Zu gegebenem Zeitpunkt gibt es eine bestimmte Anzahl an Intervallen mit unterschiedlicher Länge. Sie sind umso kürzer, je später sie entstehen. Ob sich zwei Intervalle überschneiden, können wir in einer Bernoullivariablen ausdrücken. Die Anzahl der Überschneidungen ist dann die Summe solcher Bernoullivariablen. Satz 2.3 ist aufgrund der Abhängigkeit, die zwischen dem Parameter λ der Poissonverteilung von Z und der Summe der Bernoullivariablen besteht, nützlich für die vorliegende Situation. Dadurch, dass λ der Erwartungswert der Summe ist, bekommen wir die Anzahl der Intervalle und ihre Längen in obige Abschätzung, wenn wir die Verteilungen an einer bestimmten Menge $\{z\}$ auswerten. In unserem Fall wird $z = 0$ sein.

Wir wollen diesen Satz also anwenden für $A = \{(i, j) \mid i = 1, \dots, M_x, j = 1, \dots, N_x\}$, $\alpha = (i, j)$ und $V = \widehat{V}_x$. Dazu betrachten wir das Ergebnis zuerst für Intervalle I_1, \dots, I_m der Längen s_1, \dots, s_m und Intervalle J_1, \dots, J_n der Längen u_1, \dots, u_n , die unabhängig und uniform auf einem Kreis mit Umfang C verteilt sind. Sei

$$X_{ij} := \mathbf{1}_{\{I_i \cap J_j \neq \emptyset\}} \mathbf{1}_{\{I_i \not\subseteq J_j\}} \mathbf{1}_{\{I_j \not\subseteq I_i\}}, \quad (2.4)$$

so zählt $V := \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n X_{ij}$ die Überschneidungen. Dabei wird eine Überschneidung nur dann gezählt, wenn keines der beiden Intervalle ganz im anderen

2.1. Beweis in vier Schritten

enthalten ist, weil diese Situation nur dann eintreten kann, wenn das eine Intervall über ein q' gelaufen ist, und das andere anschließend über das zugehörige q . Das neu entstandene Intervall $[q'; q']$ ist dann ganz in ersterem enthalten. Dies kann aber bei den R -Prozessen nicht passieren, da bei diesen die betroffene Sehne nicht akzeptiert würde. Da wir mit \widehat{V}_x eine Aussage über V_x machen wollen, betrachten wir auch nur solche Überschneidungen, die in den R -Prozessen auch auftreten können. Entsprechend wird diese Einschränkung explizit im Beweis zu Lemma 2.5 verwendet, das die Wahrscheinlichkeit des Ereignisses $\{\widehat{V}_x \neq V_x\}$ abschätzt.

Es ist

$$p_{ij} := \mathbb{P}(X_{ij} = 1) = \frac{s_i + u_j}{L},$$

und mit $s := s_1 + \dots + s_m$ sowie $u := u_1 + \dots + u_n$ haben wir

$$\begin{aligned} \lambda = \mathbb{E}[V] &= \mathbb{E}\left[\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n X_{ij}\right] = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \mathbb{E}[X_{ij}] = \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n \mathbb{P}(X_{ij} = 1) \\ &= \frac{1}{L} \sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^n (s_i + u_j) = \frac{1}{L} \sum_{i=1}^m (ns_i + u) = \frac{1}{L} (ns + mu). \end{aligned}$$

Weiter sei $B_{ij} = \{(i, \ell) \mid \ell \neq j\} \cup \{(k, j) \mid k \neq i\} \cup \{(i, j)\}$. Insbesondere gilt für $(k, l) \notin B_{ij}$, dass X_{kl} und X_{ij} unabhängig sind und somit B_{ij} tatsächlich ein *Neighbourhood Of Dependence* ist. Wir können nun b_1 und b_2 berechnen. Es ist

$$\sum_{\substack{(k, \ell) \in B_{ij} \\ (k, \ell) \neq (i, j)}} p_{kl} \leq \sum_{\substack{(k, \ell) \in B_{ij} \\ (k, \ell) \neq (i, j)}} \max_{i, j} p_{ij} = (m + n - 2) \max_{i, j} p_{ij},$$

da in $B_{ij} \setminus \{(i, j)\}$ genau $m + n - 2$ Elemente enthalten sind: $|\{(i, \ell) \mid \ell \neq j\}| = m - 1$ und $|\{(k, j) \mid k \neq i\}| = n - 1$ und daher $|B_{ij} \setminus \{(i, j)\}| = (m - 1) + (n - 1) = m + n - 2$. Weiter gilt

$$\sum_{(i, j)} p_{ij}^2 \leq \max_{i, j} p_{ij} \sum_{(i, j)} p_{ij} = \lambda \max_{i, j} p_{ij},$$

2.1. Beweis in vier Schritten

und damit

$$\begin{aligned}
 b_1 &= \sum_{\alpha \in A} \sum_{\substack{\beta \in B_\alpha \\ \beta \neq \alpha}} p_\alpha p_\beta = \sum_{\alpha \in A} \left(\sum_{\substack{\beta \in B_\alpha \\ \beta \neq \alpha}} p_\alpha p_\beta + p_\alpha p_\alpha \right) = \sum_{\alpha \in A} \sum_{\substack{\beta \in B_\alpha \\ \beta \neq \alpha}} p_\alpha p_\beta + \sum_{\alpha \in A} p_\alpha^2 \\
 &= \sum_{(i,j)} \sum_{\substack{(k,\ell) \in B_{ij} \\ (k,\ell) \neq (i,j)}} p_{ij} p_{k\ell} + \sum_{(i,j)} p_{ij}^2 = \sum_{(i,j)} p_{ij} \sum_{\substack{(k,\ell) \in B_{ij} \\ (k,\ell) \neq (i,j)}} p_{k\ell} + \sum_{(i,j)} p_{ij}^2 \\
 &\leq \lambda(m+n-2) \max_{i,j} p_{ij} + \lambda \max_{i,j} p_{ij}.
 \end{aligned}$$

Die X_{ij} sind untereinander paarweise unabhängig. Ob sich zwei Intervalle überschneiden, und ob sich zwei weitere Intervalle überschneiden, hat keinen Einfluss aufeinander. Ist also $i \neq k$ und $j \neq \ell$, so sind X_{ij} und $X_{k\ell}$ unabhängig. Angenommen, wir haben die Position eines Intervalls gegeben und fragen, ob es sich mit einem zweiten überschneidet, so ist dies unabhängig davon, ob es sich mit einem dritten schneidet. Ist $i = k$, so sind also auch $X_{k,j}$ und $X_{k\ell}$ unabhängig, selbst wenn wir auf I_k bedingen.

Daher haben wir $\mathbb{E}[X_{ij}X_{k\ell}] = \mathbb{E}[X_{ij}] \mathbb{E}[X_{k\ell}]$ für $(i,j) \neq (k,\ell)$ und damit

$$\begin{aligned}
 b_2 &= \sum_{\alpha \in A} \sum_{\substack{\beta \in B_\alpha \\ \beta \neq \alpha}} \mathbb{E}[X_\alpha X_\beta] = \sum_{(i,j)} \sum_{\substack{(k,\ell) \in B_{ij} \\ (k,\ell) \neq (i,j)}} \mathbb{E}[X_{ij}X_{k\ell}] \\
 &= \sum_{(i,j)} \sum_{\substack{(k,\ell) \in B_{ij} \\ (k,\ell) \neq (i,j)}} \mathbb{E}[X_{ij}] \mathbb{E}[X_{k\ell}] = \sum_{(i,j)} p_{ij} \sum_{\substack{(k,\ell) \in B_{ij} \\ (k,\ell) \neq (i,j)}} p_{k\ell} \\
 &\leq \lambda(m+n-2) \max_{i,j} p_{ij}.
 \end{aligned}$$

Es folgt

$$\begin{aligned}
 b_1 + b_2 &\leq \lambda(m+n-2) \max_{i,j} p_{ij} + \lambda \max_{i,j} p_{ij} + \lambda(m+n-2) \max_{i,j} p_{ij} \\
 &= 2\lambda(m+n-2) \max_{i,j} p_{ij} + \lambda \max_{i,j} p_{ij} \\
 &= 2\lambda(m+n) \max_{i,j} p_{ij} - 4\lambda \max_{i,j} p_{ij} + \lambda \max_{i,j} p_{ij} \\
 &= 2\lambda(m+n) \max_{i,j} p_{ij} - 3\lambda \max_{i,j} p_{ij} \\
 &\leq 2\lambda(m+n) \max_{i,j} p_{ij},
 \end{aligned}$$

da λ, p_{ij} nichtnegativ sind. Wir haben nun alles beisammen, um Ungleichung (2.3) anzuwenden. Da $1 - e^{-\lambda} \leq 1$ folgt mit Z $\text{Poi}(\lambda)$ -verteilt

$$d_{\text{TV}}(\mathcal{L}(V), \mathcal{L}(Z)) \leq 2\lambda(m+n) \max_{i,j} p_{ij} \frac{1 - e^{-\lambda}}{\lambda} \leq 2(m+n) \max_{i,j} p_{ij}.$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Für die Analyse der S -Prozesse benötigen wir eine Formel, die den Zeitparameter t enthält. Dies gelingt wie folgt. Wir haben eine gewisse Anzahl an Intervallen uniform auf dem Kreis verteilt. Dies ist die Situation der Intervalle im Prozess S zu einem gegebenen Zeitpunkt t . Intervalle, die bis zum Zeitpunkt t entstanden sind, haben höchstens Länge $2t$. Damit ist

$$\max_{i,j} p_{ij} = \max_{i,j} \frac{s_i + u_j}{L} \leq \frac{2t + 2t}{L} = \frac{4t}{L}.$$

Unser Augenmerk liegt auf dem Ereignis $\{V = 0\}$. Da

$$d_{\text{TV}}(\mathcal{L}(V), \mathcal{L}(Z)) = \sup_{C \subset \mathbb{Z}} |\mathcal{L}(V)(C) - \mathcal{L}(Z)(C)|,$$

bleibt obige Abschätzung auch dann erhalten, wenn wir die Verteilung an der Menge $\{0\}$ betrachten. Wir haben damit

$$\begin{aligned} |\mathbb{P}(V = 0) - e^{-\lambda}| &= |\mathbb{P}(V = 0) - \mathbb{P}(Z = 0)| = |\mathcal{L}(V)(\{0\}) - \mathcal{L}(Z)(\{0\})| \\ &\leq 2(m+n) \max_{i,j} p_{ij} \leq \frac{8(m+n)t}{L}. \end{aligned}$$

Nun verwenden wir diese Ergebnisse für die Zufallsvariablen M_x, N_x, s_x, u_x . Da s_x und u_x als Lebesgue-Maß gerade die Längen der Intervalle sind, ist alles passend. Für die bisherigen Ergebnisse waren die Anzahl und Längen fest. Um die Ergebnisse für Zufallsvariablen anzuwenden, müssen wir auf die Anzahl und Längen der Intervalle bedingen. Wenn wir noch λ einsetzen, lautet die Abschätzung

$$\left| \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0 \mid M_x, N_x, s_x, u_x) - \exp\left(-\frac{1}{L}(N_x s_x + M_x u_x)\right) \right| \leq \frac{8(M_x + N_x)\tau_x}{L}.$$

Wegen

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0 \mid M_x, N_x, s_x, u_x) &= \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0 \mid \sigma(M_x, N_x, s_x, u_x)) \\ &= \mathbb{E}[\mathbf{1}_{\{\widehat{V}_x=0\}} \mid \sigma(M_x, N_x, s_x, u_x)] \end{aligned}$$

ist

$$\begin{aligned} \mathbb{E}\left[\mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0 \mid M_x, N_x, s_x, u_x)\right] &= \mathbb{E}\left[\mathbb{E}[\mathbf{1}_{\{\widehat{V}_x=0\}} \mid \sigma(M_x, N_x, s_x, u_x)]\right] \\ &= \mathbb{E}[\mathbf{1}_{\{\widehat{V}_x=0\}}] = \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0). \end{aligned}$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Durch Anwenden des Erwartungswertes erhält man

$$\begin{aligned}
& \left| \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0) - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \\
&= \left| \mathbb{E} \left[\mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0 \mid M_x, N_x, s_x, u_x) \right] - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \\
&= \left| \mathbb{E} \left[\mathbb{P}(\widehat{V}_x \mid M_x, N_x, s_x, u_x) - \exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \\
&\leq \mathbb{E} \left[\frac{8(M_x + N_x)\tau_x}{L} \right] \\
&= \frac{8\tau_x}{L} \mathbb{E}[M_x + N_x].
\end{aligned}$$

2.1.2. Zweiter Beweisschritt

Um die Wahrscheinlichkeit für das Ereignis $\{\widehat{V}_x \neq V_x\}$ abzuschätzen, nutzen wir aus, dass sich in einem S -Prozess ein Intervall mit anderen aus demselben Prozess überschneiden kann, was innerhalb eines R -Prozesses nicht passieren kann, da hier zwei Intervalle zu einem zusammenwachsen, wenn sich zwei ihrer Endpunkte berühren. Wir gehen dazu wie folgt vor.

Um die Anzahl der Kollisionen der wachsenden Intervalle, die im Prozess S_O entstehen, abzuschätzen, nummerieren wir die Intervalle in der Reihenfolge ihres Entstehens. Sei $Y_{ij} := \mathbf{1}_{\{I_i \cap I_j \neq \emptyset\}}$. $Y_{ij} = 0$ heißt dann, dass sich I_i und I_j nicht überschneiden, und daher ist $G_i := \{Y_{ij} = 0 \text{ für alle } j < i\}$ das Ereignis, dass sich das i -te Intervall mit keinem der vor ihm entstandenen Intervalle überschneidet. Jedes Intervall I_i mit $i > 1$ geht aus einer Sehne hervor, und hat somit einen direkten Vorfahren, das Intervall das die Sehne initialisiert hat. Sei $H_1 := 0$ und

$$H_i := \begin{cases} 0 & \text{auf } G_i \cap \{H_{P(i)} = 0\}, \\ 1 & \text{sonst.} \end{cases}$$

$H_i = 1$ bedeutet, dass I_i selbst oder eines seiner Vorfahren kollidiert ist. Es gilt folgendes

Lemma 2.4. *Gilt $\mathbb{P}(Y_{ij} = 1) \leq p$ für alle i, j , dann ist $\mathbb{P}(H_i = 1) \leq 2(i-1)p$.*

Beweis. Bezeichne $P^k(i)$ den Index des k -ten Vorfahren von I_i , also $P^1(i) := P(i)$, $P^k(i) := P^{k-1}(P(i))$. Hat das i -te Intervall k Vorfahren, so bedeutet

2.1. Beweis in vier Schritten

$H_i = 1$, den Eintritt des Ereignisses

$$\begin{aligned} G_i^c \cup \{H_{P(i)} = 1\} &= G_i^c \cup G_{P(i)}^c \cup \{H_{P^2(i)} = 1\} \\ &= \dots \\ &= G_i^c \cup G_{P(i)}^c \cup G_{P^2(i)}^c \cup \dots \cup G_{P^{k-1}(i)}^c \cup \{H_1 = 1\}. \end{aligned}$$

Es ist

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(G_i^c) &= \mathbb{P}(I_i \text{ kollidiert mit einem seiner Vorgänger}) \\ &= \mathbb{P}\left(\bigcup_{j=1}^{i-1} \{Y_{ij} = 1\}\right) \leq \sum_{j=1}^{i-1} \mathbb{P}(Y_{ij} = 1) \\ &\leq \sum_{j=1}^{i-1} p = (i-1)p. \end{aligned}$$

Da nicht bekannt ist, welche Indizes die Vorgänger haben, muss man für den Rest des Ereignisses jedes einzelne Intervall, das vor I_i entstanden ist, betrachten, und hinsichtlich der Wahrscheinlichkeit überprüfen, mit der es Vorfahr von I_i ist und selbst kollidiert ist. Die Intervalle sind in der Reihenfolge ihres Entstehens nummeriert. Das bedeutet, je größer der Index, desto kürzer das Intervall. Ein Intervall ist Erzeuger von I_i , wenn es als erstes über die Sehne gewachsen ist, aus der I_i hervorgegangen ist. Angenommen, wir wüßten, dass die Intervalle $I_{j+1}, \dots, I_{\ell-1}$ nicht Erzeuger des Intervalls I_ℓ sind. Wären alle Intervalle I_1, \dots, I_j gleich lang, wäre die Wahrscheinlichkeit für ein beliebiges unter ihnen, Erzeuger von I_ℓ zu sein, $1/j$. Da jedoch Intervalle mit wachsendem Index kürzer werden, ist die Wahrscheinlichkeit, dass I_j der Erzeuger von I_ℓ ist, kleiner oder gleich $1/j$ (Gleichheit tritt nur dann ein, wenn die ersten j Intervalle zur gleichen Zeit entstehen).

Es gilt nun, die Wahrscheinlichkeit für das Ereignis festzustellen, dass ein Intervall I_j Vorfahr, nicht bloß Erzeuger, von i ist. Dazu notieren wir alle Vorfahren von I_i in Reihenfolge ihres Entstehens:

$$I_1 \quad I_{P^{k-1}(i)} \quad \dots \quad I_{P^2(i)} \quad I_{P(i)}$$

Unter diesen Vorfahren betrachten wir nun jenes Intervall mit dem größten Index kleiner gleich j . Dieser Index sei $P^{k-s}(i)$ für ein $s \in \{0, \dots, k-1\}$. Die Frage, ob I_j ein Vorfahre von I_i ist, ist also die Frage, ob $j = P^{k-s}(i)$. Dies wiederum ist gleich der Frage, ob I_j der Erzeuger von $I_{P^{k-s-1}(i)}$ ist. Da Intervalle, die zeitlich zwischen I_j und $I_{P^{k-s-1}(i)}$ erzeugt werden, nicht Erzeuger dieses Intervalls sein

2.1. Beweis in vier Schritten

können, muss dieser unter den ersten j Intervallen zu finden sein. Nach dem oben Gesagten ist also

$$\mathbb{P}(I_j \text{ Vorfahr von } I_i) \leq \frac{1}{j}.$$

Nach Definition hat das Ereignis $\{H_1 = 1\}$ Wahrscheinlichkeit 0. Damit ist

$$\begin{aligned} & \mathbb{P}(G_{P(i)}^c \cup G_{P^2(i)}^c \cup \dots \cup G_{P^{k-1}(i)}^c \cup \{H_1 = 1\}) \\ &= \sum_{\ell=1}^k \mathbb{P}(G_{P^\ell(i)}^c) = \sum_{\ell=1}^{i-1} \mathbb{P}(G_\ell^c, I_\ell \text{ Vorfahr von } I_i) \\ &\leq \sum_{\ell=1}^{i-1} \frac{(\ell-1)p}{\ell} = \sum_{\ell=1}^{i-1} p - \sum_{\ell=1}^{i-1} \frac{p}{\ell} \\ &\leq \sum_{\ell=1}^{i-1} p = (i-1)p. \end{aligned}$$

Es folgt

$$\mathbb{P}(H_i = 1) \leq (i-1)p + (i-1)p = 2(i-1)p. \quad \square$$

Nun zeigen wir, dass die Wahrscheinlichkeit für unterschiedlich viele Überschneidungen in den Prozessen R und S eine obere Schranke besitzt.

Lemma 2.5. *Es gilt*

$$\mathbb{P}(\widehat{V}_x \neq V_x) \leq \frac{32\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x].$$

Beweis. Analog zu oben definieren wir $Y'_{ij} = \mathbf{1}_{\{J_i \cap J_j \neq \emptyset\}}$ und H'_i für den Prozess, der in P startet. Da in \widehat{V}_x Intervalle nicht zusammenwachsen, gilt $V_x \leq \widehat{V}_x$, und da beide Zufallsvariablen Werte in \mathbb{N} annehmen, gilt

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(\widehat{V}_x \neq V_x) &= \mathbb{P}(\widehat{V}_x - V_x \geq 1) = \sum_{k \geq 1} \mathbb{P}(\widehat{V}_x - V_x = k) \\ &\leq \sum_{k \geq 1} k \mathbb{P}(\widehat{V}_x - V_x = k) = \mathbb{E}[\widehat{V}_x - V_x] \\ &\leq \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} (\mathbf{1}_{\{H_i=1\}} + \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}}) \right]. \end{aligned}$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Diese letzte Ungleichung ist wie folgt begründet. Die beiden S -Prozesse verhalten sich zunächst wie die beiden R -Prozesse, nur dass in ihnen Intervalle aus Sehnen entstehen, die in den R -Prozessen nicht akzeptiert wurden. Angenommen, es gibt eine Überschneidung in den R -Prozessen. Dann gibt es diese auch in den S -Prozessen. In $\widehat{V}_x - V_x$ wird diese daher nicht gezählt. In der Summe wird diese nur dann gezählt, wenn mindestens eines der beteiligten Intervalle oder einer seiner Vorfahren mit einem zuvorgeborenen aus dem eigenen Prozess kollidiert ist. Je größer τ_x , desto wahrscheinlicher wird diese Überschneidung in einem S -Prozess gezählt, womöglich auch zweimal.

Betrachten wir eine Sehne, die in den R -Prozessen nicht akzeptiert wird. Dann ist auch schon ein Intervall aus einem S -Prozess, sagen wir S_O , über das zu dieser Sehne gehörige q' gelaufen. Läuft nun ein Intervall aus dem S_P -Prozess über das entsprechende q , so ist das neu entstehende Intervall in einem Intervall enthalten, das zu S_O gehört. Einer Kollision des S_P -Intervalls mit einem S_O -Intervall geht dann stets eine Kollision innerhalb des S_O -Prozesses voraus.

(Ein Intervall, das als $[q'; q']$ neu entsteht und sogleich bei seiner Geburt in einem anderen Intervall enthalten ist, gilt nicht als Überschneidung, vergleiche Definition (2.4) von X_{ij} . Beweistechnisch ist diese Festlegung aus folgendem Grund nötig: Wird eine Sehne $\{q, q'\}$ nicht akzeptiert, so ist entweder R_O oder R_P zuerst über q' gelaufen. Dann ist aber auch schon S_O oder S_P über q' gelaufen. Nehmen wir an, R_O und S_O seien schon darüber gelaufen. In den beiden R -Prozessen wird diese Sehne nun nicht mehr akzeptiert, in den beiden S -Prozessen schon. Läuft nun S_P über q , so kollidiert das neue Intervall $[q'; q']$ sofort bei seiner Geburt mit jenem Intervall aus dem S_O -Prozess, das schon über q' gelaufen ist. Diese Kollision würde daher von \widehat{V}_x registriert, während V_x unverändert bleibt. Daher würde diese Kollision in $\widehat{V}_x - V_x$ gezählt, aber in $X_{ij}(\mathbf{1}_{\{H_i=1\}} + \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}})$ nur, wenn vorher eines der beteiligten Intervalle schon innerhalb des eigenen Prozesses kollidiert ist. In diesem Fall könnte man nicht die Monotonie des Erwartungswertes ausnutzen.)

Zum Zeitpunkt τ_x hat ein Intervall höchstens Länge $2\tau_x$ und daher ist

$$\mathbb{P}(Y_{ij} = 1) = \mathbb{P}(I_i \cap I_j \neq \emptyset) \leq \frac{2\tau_x + 2\tau_x}{L} = \frac{4\tau_x}{L}.$$

Lemma 2.4 liefert somit

$$\mathbb{P}(H_i = 1) \leq 2(i-1) \frac{4\tau_x}{L}.$$

Mit derselben Begründung gilt auch

$$\mathbb{P}(H'_j = 1) \leq 2(j-1) \frac{4\tau_x}{L}.$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Wir bedingen im Folgenden auf die Zerlegung zum Zeitpunkt τ_x , also auf die Anzahl der Intervalle und auf ihre Längen. Sei dazu $E = \{M_x = m, N_x = n, s_1 = k_1, \dots, s_m = k_m, u_1 = \ell_1, \dots, u_n = \ell_n\}$. Wir haben

$$\begin{aligned} \mathbb{E}[X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid E] &= \mathbb{P}(X_{ij} = 1, \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} = 1 \mid E) \\ &\leq \frac{4\tau_x}{L} 2(i-1) \mathbb{P}(X_{ij} = 1 \mid E) = \frac{4\tau_x}{L} 2(i-1) \frac{k_i + \ell_j}{L} \\ &\leq \frac{4\tau_x}{L} 2(i-1) \frac{4\tau_x}{L} = \frac{16\tau_x^2}{L^2} 2(i-1), \end{aligned}$$

wobei für die erste Ungleichung ausgenutzt wurde, dass X_{ij} und $\mathbf{1}_{\{H_i=1\}}$ unabhängig sind, da S_O und S_P unabhängig voneinander laufen. Ob sich dann ein Intervall aus S_O mit einem weiteren Intervall aus dem eigenen Prozeß überschneidet ist daher unabhängig von einer Überschneidung mit einem Intervall aus dem Prozess S_P . Wir formulieren diese Ungleichung noch als

$$\mathbb{E}[X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid M_x = m, N_x = n] \leq \frac{16\tau_x^2}{L^2} 2(i-1) \quad \text{für alle } i \leq m, j \leq n.$$

Mit

$$\sum_{i=1}^k 2(i-1) = 2 \sum_{i=1}^{k-1} i = 2 \frac{k(k-1)}{2} = k(k-1)$$

kann man weiter berechnen

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \right] &= \mathbb{E} \left[\mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid M_x \right] \right] \\ &= \sum_{m \geq 1} \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^m \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid M_x = m \right] \mathbb{P}(M_x = m) \\ &= \sum_{m \geq 1} \sum_{i=1}^m \mathbb{E} \left[\sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid M_x = m \right] \mathbb{P}(M_x = m) \\ &= \sum_{m \geq 1} \sum_{i=1}^m \sum_{n \geq 1} \sum_{j=1}^n \mathbb{E} \left[X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \mid M_x = m, N_x = n \right] \mathbb{P}(N_x = n) \mathbb{P}(M_x = m) \\ &\leq \sum_{m \geq 1} \sum_{i=1}^m \sum_{n \geq 1} \sum_{j=1}^n \mathbb{E} \left[\frac{16\tau_x^2}{L^2} 2(i-1) \right] \mathbb{P}(N_x = n) \mathbb{P}(M_x = m) \\ &= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \sum_{m \geq 1} \mathbb{P}(M_x = m) \sum_{i=1}^m 2(i-1) \sum_{n \geq 1} \mathbb{P}(N_x = n) \sum_{j=1}^n 1 \end{aligned}$$

2.1. Beweis in vier Schritten

$$\begin{aligned}
&= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \sum_{m \geq 1} \mathbb{P}(M_x = m) \sum_{i=1}^m 2(i-1) \sum_{n \geq 1} \mathbb{P}(N_x = n) n \\
&= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \sum_{m \geq 1} \mathbb{P}(M_x = m) \sum_{i=1}^m 2(i-1) \mathbb{E}[N_x] \\
&= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[N_x] \sum_{m \geq 1} \mathbb{P}(M_x = m) m(m-1) \\
&= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[N_x] \mathbb{E}[M_x(M_x - 1)] \\
&= \frac{16\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x] \quad (\text{da } M_x, N_x \text{ unabhängig}).
\end{aligned}$$

Mit analoger Rechnung erhält man

$$\mathbb{E}[X_{ij} \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}} \mid M_x = m, N_x = n, s_1, \dots, s_m, u_1, \dots, u_n] \leq \frac{16\tau_x^2}{L} 2(j-1)$$

und

$$\mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}} \right] \leq \frac{16\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E} \left[N_x(N_x - 1)M_x \right].$$

Damit können wir nun die Rechnung abschließen:

$$\begin{aligned}
&\mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} (X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} + X_{ij} \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}}) \right] \\
&= \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} + \sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}} \right] \\
&= \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H_i=1\}} \right] + \mathbb{E} \left[\sum_{i=1}^{M_x} \sum_{j=1}^{N_x} X_{ij} \mathbf{1}_{\{H'_j=1\}} \right] \\
&\leq \frac{16\tau_x^2}{L^2} \left(\mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x] + \mathbb{E}[N_x(N_x - 1)M_x] \right) \\
&= \frac{32\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x],
\end{aligned}$$

da $\mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x] = \mathbb{E}[N_x(N_x - 1)M_x]$. □

2.1. Beweis in vier Schritten

2.1.3. Dritter Beweisschritt

Eine zum Parameter q geometrisch verteilte Zufallsvariable G hat erzeugende Funktion ($|s| \leq 1$)

$$\begin{aligned}\phi(s) = \mathbb{E}[s^G] &= \sum_{x=0}^{\infty} s^x \mathbb{P}(G = x) = \sum_{x=1}^{\infty} s^x q(1-q)^{x-1} = sq \sum_{x=1}^{\infty} (s(1-q))^{x-1} \\ &= sq \sum_{x=0}^{\infty} (s(1-q))^x = \frac{sq}{1-s(1-q)}.\end{aligned}$$

Damit ist

$$\phi'(s) = \frac{q}{(1-s(1-q))^2} \quad \text{und} \quad \phi''(s) = \frac{2q(1-q)}{(1-s(1-q))^3},$$

und also

$$\mathbb{E}[G] = \phi'(1) = \frac{1}{q} \quad \text{und} \quad \mathbb{E}[G(G-1)] = \phi''(1) = \frac{2(1-q)}{q^2} \leq \frac{2}{q^2}.$$

Da M_x geometrisch verteilt ist zum Parameter $e^{-2\rho\tau_x}$, gilt

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[M_x] &= e^{2\rho\tau_x} = \exp\left(2\rho \frac{1}{2\rho} \left(\frac{1}{2} \log(L\rho) + x\right)\right) \\ &= \exp\left(\log((L\rho)^{1/2}) + x\right) \\ &= (L\rho)^{1/2} e^x\end{aligned}$$

und

$$\begin{aligned}\mathbb{E}[M_x(M_x - 1)] &\leq 2(e^{2\rho\tau_x})^2 = 2 \exp\left(4\rho \frac{1}{2\rho} \left(\frac{1}{2} \log(L\rho) + x\right)\right) \\ &= 2 \exp(\log(L\rho) + 2x) = 2L\rho e^{2x}.\end{aligned}$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Nach den Lemmata 2.4 und 2.5 ist nun

$$\begin{aligned}
& \left| \mathbb{P}(V_x = 0) - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| \\
& \leq \left| \mathbb{P}(\widehat{V}_x = 0) - \mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} (N_x s_x + M_x u_x) \right) \right] \right| + \mathbb{P}(\widehat{V}_x \neq V_x) \\
& \leq \frac{8\tau_x}{L} \mathbb{E}[M_x + N_x] + \frac{32\tau_x^2}{L^2} \mathbb{E}[M_x(M_x - 1)N_x] \\
& = \frac{4 \log(L\rho) + 8x}{(L\rho)^{1/2}} e^x + \frac{4 \log^2(L\rho) + 16x \log(L\rho) + 16x^2}{(L\rho)^{1/2}} e^{3x}. \quad (2.5)
\end{aligned}$$

Für $x \leq (1/7) \log(L\rho)$ ist

$$\frac{e^{3x}}{(L\rho)^{1/2}} \leq \frac{(L\rho)^{3/7}}{(L\rho)^{1/2}} = \frac{1}{(L\rho)^{1/14}}.$$

Unter dieser Voraussetzung konvergiert die Summe in (2.5) gegen 0 bereits für $L\rho \rightarrow \infty$.

2.1.4. Vierter Beweisschritt

Es gilt

$$\begin{aligned}
\frac{s(t)}{M(t)} &= 2 \int_0^t \frac{M(r)}{M(t)} dr = 2 \int_0^t \frac{e^{2\rho r} e^{-2\rho r} M(r)}{e^{2\rho t} e^{-2\rho t} M(t)} dr \\
&= 2 \int_0^t e^{2\rho(r-t)} \frac{e^{-2\rho r} M(r)}{e^{-2\rho t} M(t)} dr \\
&= \int_0^{2t} e^{-u\rho} \frac{e^{-2\rho(t-u/2)} M(t-u/2)}{e^{-2\rho t} M(t)} du \quad (\text{Substitution: } u = 2t - 2r) \\
&= \int_0^\infty \mathbf{1}_{\{u \leq 2t\}} e^{-u\rho} \frac{e^{-2\rho(t-u/2)} M(t-u/2)}{e^{-2\rho t} M(t)} du \\
&\rightarrow \int_0^\infty e^{-u\rho} du = \left[-\frac{1}{\rho} e^{-u\rho} \right]_{u=0}^{u=\infty} = \frac{1}{\rho} \quad \text{f.s.}
\end{aligned}$$

für $t \rightarrow \infty$ mittels majorisierter Konvergenz. Denn da zu einem Zeitpunkt kleiner t höchstens so viele Intervalle vorhanden sind wie zum Zeitpunkt t , ist $M(t-u/2)/M(t)$ kleiner oder gleich 1, und daher gilt für alle $t \in [0; \infty)$

$$\left| \mathbf{1}_{\{u \leq 2t\}} e^{-u\rho} \frac{e^{-2\rho(t-u/2)} M(t-u/2)}{e^{-2\rho t} M(t)} \right| \leq e^{-u\rho} \frac{e^{-2\rho(t-u/2)}}{e^{-2\rho t}} = e^{-u\rho} e^{u\rho} = 1.$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Für $\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty$ gilt $\tau_x \rightarrow \infty$ und damit

$$M_x u_x = M_x N_x \frac{u_x}{N_x} \sim \frac{1}{\rho} M_x N_x \quad \text{f.s.}$$

wie auch

$$N_x s_x = M_x N_x \frac{s_x}{M_x} \sim \frac{1}{\rho} M_x N_x \quad \text{f.s.},$$

und somit

$$-\frac{1}{L}(N_x s_x + M_x u_x) \sim -\frac{2}{L\rho} M_x N_x \quad \text{f.s.}$$

Wegen $e^{-2\rho t} M(t) \rightarrow W \exp(1)$ -verteilt und

$$\begin{aligned} (e^{-2\rho\tau_x})^2 &= \left(\exp\left(-2\rho \frac{1}{2\rho} \left(\frac{1}{2} \log(L\rho) + x\right)\right) \right)^2 \\ &= \left(\exp(\log(L\rho)^{-1/2} - x) \right)^2 \\ &= ((L\rho)^{-1/2} e^{-x})^2 = (L\rho)^{-1} e^{-2x} \end{aligned}$$

folgt als weitere asymptotische Verteilung

$$\begin{aligned} -\frac{2}{L\rho} M_x N_x &= -\frac{2}{L\rho} \cdot \frac{(e^{-2\rho\tau_x})^2}{(L\rho)^{-1} e^{-2x}} M_x N_x \\ &= -2e^{2x} (e^{-2\rho\tau_x})^2 M_x N_x \\ &\rightarrow -2e^{2x} W W' \quad \text{f.s.} \quad (\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty) \end{aligned}$$

mit jeweils $\exp(1)$ -verteilten, unabhängigen Zufallsvariablen W, W' . Aufgrund der Stetigkeit der Exponentialfunktion gilt dann

$$\exp\left(-\frac{1}{L}(N_x s_x + M_x u_x)\right) \rightarrow \exp(-2e^{2x} W W') \quad \text{f.s.} \quad (\log(L\rho)/\rho \rightarrow \infty).$$

N_x und M_x sind Anzahlen, s_x und u_x Längen; diese Parameter nehmen also sämtlich Werte größer gleich null an. Gleiches gilt für L , so dass ein Wert $-L^{-1}(N_x s_x + M_x u_x)$ kleiner gleich null wird. Die Exponentialfunktion an dieser Stelle hat also einen Wert in $(0; 1]$, womit wir folgende Abschätzung bekommen:

$$\left| \exp\left(-\frac{1}{L}(N_x s_x + M_x u_x)\right) \right| = \exp\left(-\frac{1}{L}(N_x s_x + M_x u_x)\right) \leq 1.$$

2.1. Beweis in vier Schritten

Mit majorisierter Konvergenz erhalten wir nun

$$\mathbb{E} \left[\exp \left(-\frac{1}{L} N_x s_x + M_x u_x \right) \right] \rightarrow \mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \right].$$

Damit ist Behauptung (2.1) bewiesen. Es bleibt Behauptung (2.2) zu zeigen.

Die Laplace-Transformierte der Exponentialverteilung zum Parameter λ ist

$$\varphi(\vartheta) := \mathbb{E}[e^{-\vartheta X}] = \frac{\lambda}{\lambda + \vartheta}.$$

Für W ist $\lambda = 1$ und daher

$$\varphi(\vartheta) = \frac{1}{1 + \vartheta}.$$

Mit ihrer Hilfe erhalten wir, wenn wir auf W bedingen,

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \right] &= \mathbb{E} \left[\mathbb{E} \left[\exp(-2e^{2x} W W') \mid W \right] \right] \\ &= \mathbb{E} \left[\frac{1}{1 + 2e^{2x} W} \right] \\ &= \int_0^\infty \frac{e^{-y}}{1 + 2e^{2x} y} dy, \end{aligned}$$

denn die Dichte von W ist e^{-y} . □

3. Der Kontaktprozess auf der Small World

Der Kontaktprozess wird oft als ein Modell für die Ausbreitung einer Infektion angesehen und sein Verhalten wird durch die Wahrscheinlichkeit, mit der Individuen infiziert werden, bestimmt. Für das Überleben dieses Prozesses ist aber außerdem die Anzahl an Individuen ausschlaggebend, die mit dem infizierten Individuum in Kontakt stehen. Mittels Graphen ausgedrückt, sind die Individuen wieder Knoten in einem Graphen und der Kontaktprozess zum Zeitpunkt t eine Menge von Partikeln auf diesen Knoten. Eine Infektion ist ein Partikel auf einem Knoten. Die Anzahl der Individuen, die in einem Zeitschritt infiziert werden können, ist dann durch die Nachbarschaftsbeziehungen im Graphen gegeben.

Wie hoch müssen die Infektionsraten sein, damit der Kontaktprozess (a) nicht fast sicher ausstirbt und (b) die Infektion am Wurzelknoten des Prozesses mit positiver Wahrscheinlichkeit bestehen bleibt? Sind die beiden Phasenübergänge überhaupt unterschiedlich? Diesen Fragen werden wir in diesem Kapitel nachgehen, und zwar wird der Graph, auf dem der Kontaktprozess abläuft, wie bereits angekündigt ein hinsichtlich der Anzahl nächster Nachbarn verallgemeinertes und zudem mehrdimensionales Modell der BC Small World (vergleiche Abschnitt 1.1.3) sein. Bei unseren Ausführungen folgen wir Durrett und Jung ([7]).

Für jede Realisierung der BC Small World wissen wir genau, wieviele Nachbarn ein Knoten hat. Das ist weit mehr, als wir von den Realisierungen des Watts-Newman Modells wissen, aber die BC Small World ist immer noch ein zufälliger Graph. Wir müssen also mit einem zufälligen Prozess auf einem zufälligen Graphen umgehen. Ähnlich wie im voranstehenden Kapitel, wo wir den Zufall im stetigen Modell reduziert haben, indem jede erzeugte Sehne akzeptiert wurde, ist unsere Absicht auch hier, den Zufall zunächst an einer Stelle beiseite zu schieben. Dazu definieren wir einen zweiten, nicht zufälligen Graphen, die sogenannte *Big World*, der so beschaffen ist, dass sich mittels einer geeigneten Abbildung die Ergebnisse auf die Small World übertragen lassen. Dieser Graph gibt uns zudem die Motivation, die Existenz zweier Phasenübergänge zu vermuten.

In den folgenden beiden Abschnitten beschreiben wir zunächst die beiden Graphen und anschließend den Kontaktprozess.

3.1. Verallgemeinerte BC Small World und Big World

In der Absicht, eine einfache Abbildung zwischen Big World und Small World zur Verfügung zu haben, werden wir den Big World Graphen so definieren, dass ein Knoten genauso viele nächste und entfernte Nachbarn hat, wie ein Knoten in der Small World. Dabei ist es hilfreich, die Knoten in beiden Graphen auf ähnliche Weise darzustellen. Um dies zu tun, beschreiben wir bei der nun folgenden Konstruktion der Small World die Knoten vermöge Restklassen, wo wir einfacher einen festen Wert n als Anzahl an Knoten vorgeben könnten.

Seien $d, R \in \mathbb{N}$ und R gerade. Wir betrachten $\mathbb{Z}_R^d = (\mathbb{Z}/R\mathbb{Z})^d$, und jede Restklasse repräsentiere einen Knoten der Small World. \mathbb{Z}_R ist die Menge der Restklassen $[0], \dots, [R-1]$, somit repräsentiert \mathbb{Z}_R^d die Knotenmenge eines Graphen mit $n = R^d$ Knoten. Wir können also in jede Komponente eines Knotens eine beliebige ganze Zahl schreiben, sie wird stets durch ihre Restklasse ersetzt, oder einfach durch den Repräsentanten r der Restklasse $[r]$. Schließlich ist jeder Knoten von der Form

$$z = (z_1, \dots, z_d), \quad z_j \in \{0, \dots, R-1\}.$$

Nächste Nachbarn (*Short Range Neighbours*) eines Knotens z seien alle Knoten z' mit

$$\|z - z'\|_\infty := \max_{1 \leq j \leq d} |z_j - z'_j| \leq m.$$

Halten wir zunächst fest, dass im eindimensionalen Fall für $m \geq 1$ die Knoten 0 und $R-1$ stets direkte Nachbarn sind. Denn $\|0 - (-1)\|_\infty = 1$ und $-1 \bmod R = R-1$. Das heißt, für $d = 1$ können wir die Knoten des Graphen wie bisher im Kreis anordnen, und mit der Bezeichnung aus Kapitel 1 ist die Anzahl k der nächsten Nachbarn im Uhrzeigersinn gleich $m/2$ beziehungsweise m die Koordinationszahl.

Wieviele nächste Nachbarn hat ein Knoten z für allgemeines d und $m < R/2$? In jeder der d Komponenten gibt es $2m+1$ mögliche Werte, die z'_j annehmen kann, so dass $|z_j - z'_j| \leq m$, nämlich $z'_j = z_j - m, \dots, 0, \dots, z_j + m$. Das macht $(2m+1)^d$ mögliche Kombinationen. Eine dieser Kombinationen, z selbst, dürfen wir aber nicht mitzählen, so dass jeder Knoten $(2m+1)^d - 1$ nächste Nachbarn hat.

Nun fügen wir die Kanten für die entfernten Nachbarn (*Long Range Neighbours*) hinzu. Dazu müssen wir unter allen Partitionen der R^d Knoten in Paare eine zufällig und uniform auswählen. Bei dieser Partitionierung bleibt kein Knoten übrig, denn, da wir R gerade gewählt haben, ist auch R^d gerade. Die Paare bilden die entfernten Nachbarn. Wir halten fest, dass auch im mehrdimensionalen Modell jeder Knoten genau einen entfernten Nachbarn hat und dass es

3.1. Verallgemeinerte BC Small World und Big World

passieren kann, dass ein entfernter Nachbar gleichzeitig nächster Nachbar ist, je nachdem welche der Partition in Paare zufällig ausgewählt wird. Dies kommt zum Tragen, wenn wir die Abbildung zwischen Big und Small World betrachten (siehe Lemma 3.15).

Durch die Mehrdimensionalität geht die Small World Eigenschaft nicht verloren. Es werden in der mehrdimensionalen BC Small World $R^d/2$ Shortcuts hinzugefügt, und dies ist die erwartete Anzahl an Shortcuts im Watts-Newman Modell mit $\phi = 1/2((2m+1)^d - 1)$, denn

$$R^d((2m+1)^d - 1)\phi = \frac{R^d}{2}.$$

Wir kommen nun zur Beschreibung der Big World. Wie bei der Small World wird jeder Knoten der Big World $(2m+1)^d - 1$ nächste Nachbarn und genau einen entfernten Nachbarn haben. Der Graph besteht aus einem positiven Teil und einem negativen Teil. Diese sind identisch bis auf die Tatsache, dass den Knoten des positiven Teils ein „+“ und den Knoten des negativen Teils ein „-“ vorangestellt wird. Die Big World ist ein unendlicher Graph, positiver und negativer Teil bestehen jeweils aus den Ebenen $1, 2, \dots$. Ein Knoten auf Ebene ℓ hat ℓ Komponenten, jede Komponente ist ein Element von \mathbb{Z}^d , wobei die ersten $\ell - 1$ Komponenten ungleich dem Nullvektor sind. Der Knoten $+(0)$ ist der Ursprung des positiven Teils, $-(0)$ der Ursprung des negativen Teils. In dem positiven Teil hat ein Knoten auf Ebene ℓ also die Form

$$+(z_1, \dots, z_\ell), \quad z_j \in \mathbb{Z}^d, \quad z_j \neq 0 \text{ für } j \in \{1, \dots, \ell - 1\}.$$

Eine Komponente eines solchen Knotens ist wie ein Knoten der Small World also ein Element aus \mathbb{Z}^d , nur dass bei der Small World nicht ganz \mathbb{Z}^d zur Verfügung steht, sondern lediglich die R möglichen Zahlen (Repräsentanten) $0, \dots, R - 1$. Damit die Anzahl nächster Nachbarn in Small World und Big World gleich ist, werden die nächsten Nachbarn eines Knotens der Big World nur mittels der jeweils letzten Komponente festgelegt, genauer: Die nächsten Nachbarn eines Knotens $+(z_1, \dots, z_\ell)$ sind alle Knoten $+(z_1, \dots, z_\ell + y)$ mit $0 < \|y\|_\infty \leq m$. Der entfernte Nachbar ist

$$\begin{aligned} &+(z_1, \dots, z_\ell, 0) && \text{falls } z_\ell \neq 0, \\ &+(z_1, \dots, z_{\ell-1}) && \text{falls } z_\ell = 0, \ell > 1, \\ &-(0) && \text{falls } z_\ell = 0, \ell = 1. \end{aligned}$$

Der entfernte Nachbar sitzt also jeweils auf der nächsten oder der vorhergehenden Ebene beziehungsweise ist der Ursprung des positiven oder negativen Teils der Big World.

3.2. Der Kontaktprozess

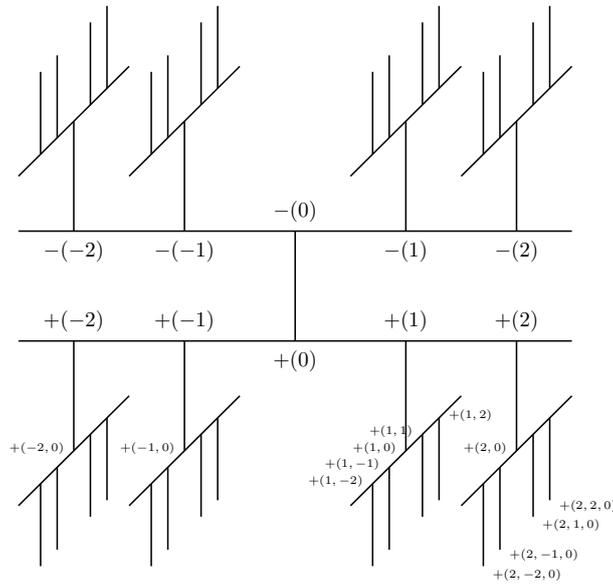


Abbildung 3.1. Der Big World Graph für $m = 1$. (Nachzeichnung der entsprechenden Grafik in [7]. Dort finden sich auch Zeichnungen weiterer Graphen, auf die wir im Folgenden noch zu sprechen kommen.)

Wir bezeichnen die zufällige Small World mit \mathcal{S}_m^R und die nicht zufällige Big World mit \mathcal{B}_m , ihren positiven und negativen Teil mit \mathcal{B}_m^+ beziehungsweise \mathcal{B}_m^- . Die Abbildung zwischen den beiden Graphen beschreiben wir an Ort und Stelle, wenn wir sie brauchen. Dies ist der Beweis von Satz 3.3 in Abschnitt 3.5.3, wo wir die Ergebnisse für \mathcal{B}_m auf \mathcal{S}_m^R übertragen.

3.2. Der Kontaktprozess

Wir werden den Kontaktprozess auf \mathcal{S}_m^R beziehungsweise auf \mathcal{B}_m in diskreter Zeit betrachten. Zu Beginn gibt es eine gewisse Menge von Knoten, auf denen ein Partikel sitzt, die *Initialmenge*. Jedes Partikel lebt für eine Zeiteinheit, während der es weitere Partikel auf die nächsten und den entfernten Nachbarn des Knotens, auf dem es sitzt, sowie auf diesen selbst, platzieren kann. Dabei ist höchstens ein Partikel pro Knoten erlaubt, das heißt wenn zwei infizierte Knoten einen gemeinsamen Nachbarn haben und beide diesen infizieren, so wird trotzdem nur ein Partikel auf dem Nachbarn gezählt.

Alternativ können wir anstelle von Knoten, auf denen ein Partikel sitzt, von infizierten Individuen sprechen. Dann bedeutet, wie bereits bemerkt, ein

3.2. Der Kontaktprozess

Partikel auf einem Knoten, dass dieser Knoten infiziert ist, wieder für eine Zeiteinheit. Dieser Knoten kann nun seine nächsten Nachbarn und seinen entfernten Nachbarn infizieren, sowie sich selbst reinfizieren. Die Infektionen finden dabei unabhängig voneinander statt.

Die Wahrscheinlichkeit, dass ein Knoten einen seiner nächsten Nachbarn oder sich selbst infiziert, sei $\alpha/(2m+1)^d$. Ein Knoten infiziere seinen entfernten Nachbarn mit Wahrscheinlichkeit β . Die mittlere Anzahl von Partikeln, die ein infizierter Knoten in einer Zeiteinheit generiert, ist durch den *Infektionsparameter* $\lambda := \alpha + \beta$ gegeben. Die *Rate*, mit der ein Knoten infiziert wird, ist λ mal die Anzahl infizierter Nachbarn beziehungsweise diese Anzahl plus Eins, falls der Knoten selbst bereits infiziert ist.

Wir bezeichnen den Kontaktprozess auf \mathcal{S}_m^R mit ξ_t und den Kontaktprozess auf \mathcal{B}_m mit B_t . Der Zustand des Kontaktprozesses zur Zeit $t+1$ ist nur vom Zustand zum Zeitpunkt t abhängig, das heißt der Kontaktprozess erfüllt die Markov-Eigenschaft. Da jedoch keine Mehrfachbesetzungen zugelassen sind, ist die Anzahl der Partikel zur Zeit $t+1$ nicht nur von der Anzahl der Partikel zum Zeitpunkt t abhängig, sondern auch von ihrer Anordnung, also davon, ob mehrere Partikel gemeinsame Nachbarn haben. Daher sind $|\xi_t|$ und $|B_t|$ keine Markov-Prozesse.

Formaler kann ein diskreter Kontaktprozess A_t auf einem Graphen G beschrieben werden als ein Markov-Prozess auf dem Zustandsraum $\{0,1\}^G$, der Menge der $\{0,1\}$ -wertigen Funktionen auf G . Das bedeutet, für jedes $t \in \mathbb{N}$ ist A_t eine Funktion

$$A_t : G \rightarrow \{0,1\}, \quad g \mapsto \begin{cases} 0 & \text{falls } g \text{ nicht infiziert,} \\ 1 & \text{falls } g \text{ infiziert.} \end{cases}$$

Ein Zustand $A_t \in \{0,1\}^G$ kann dann, betrachtet als Infektion einer Menge von Knoten, identifiziert werden mit der Teilmenge $\{g \in G \mid A_t(g) = 1\}$ von G .

Im Exponenten wird häufig die bei Start des Kontaktprozesses infizierte Menge an Knoten angegeben. Enthält diese Menge nur ein Element, wird meist nur dieses eine ohne Mengenklammern geschrieben.

Vereinbarung: Um Symbole für den Kontaktprozess auf der Big World übersichtlich zu gestalten, werden wir im Exponenten 0 an Stelle von $+(0)$, -0 statt $-(0)$ und -1 statt $-(1)$ schreiben.

Wir notieren noch eine Eigenschaft, die in den Beweisen benötigt wird.

Additivität des Kontaktprozesses: Sei A_t ein Kontaktprozess auf einem Graphen mit Knotenmenge V , und V_1, V_2 seien Teilmengen von V . Dann gilt

$$A_t^{V_1 \cup V_2} = A_t^{V_1} \cup A_t^{V_2}.$$

3.3. Phasenübergänge

Für diese und weitere Ausführungen zum Kontaktprozess siehe zum Beispiel [9].

3.3. Phasenübergänge

Der Kontaktprozess wurde schon auf verschiedenen Graphen untersucht. Können wir Gemeinsamkeiten der Big World mit einem dieser Graphen feststellen, so könnten wir vermuten, dass wir die Phasenübergänge betreffend ähnliche Resultate erhalten. Um Aussterbewahrscheinlichkeiten zu untersuchen, muss man das Verhalten des Prozesses in großen Zeiträumen betrachten. Gegeben ein infizierter Knoten, ist also unabhängig von der Infektionsrate die Frage interessant, wieviele Knoten in t Zeitschritten von dem infizierten Knoten aus erreicht werden können. Wenn sich eine Infektion in einer Zeiteinheit nur auf die nächsten Nachbarn ausdehnen kann, so ist die Anzahl der in t Zeitschritten erreichbaren Knoten die Menge der Knoten mit Distanz t zu dem infizierten Knoten. Wir sehen wie folgt, dass diese Anzahl an Knoten exponentiell schnell wächst.

Der Übersichtlichkeit wegen betrachten wir nur den Fall $m = 1$ und $d = 1$. Da sich die Anzahl an Nachbarn für größere m und d erhöht, erhalten wir daraus auch exponentielles Wachstum in höheren Dimensionen. Mit dieser Wahl von m und d hat jeder Knoten 3 Nachbarn. Da dies eine symmetrische Beziehung ist, zählen wir jeweils nur zwei davon. Innerhalb der Distanz 1 zu einem gegebenen Knoten zählen wir somit 3 Knoten. Da uns eine untere Schranke genügt, zählen wir zudem nur die äußeren Knoten, also nur 2. Innerhalb der Distanz 2 zählen wir entsprechend nur jeweils die Knoten an den beiden Nachbarn. Innerhalb der Distanz t erreichen wir dann mindestens 2^t Knoten, haben also exponentielles Wachstum. Wir sehen sogar, dass die Big World im eindimensionalen Fall ein Baum ist.

Das gibt uns Anlass, zwei verschiedene Phasenübergänge zu vermuten (vergleiche etwa [12]). Die Phasenübergänge werden in Abhängigkeit vom Infektionsparameter λ ausgedrückt. Bezeichne A_t^0 den Kontaktprozess, der mit einem infizierten Knoten 0 startet. Für ein gegebenes Verhältnis α/β setzen wir

$$\lambda_1 := \inf \left\{ \lambda \mid \mathbb{P}(\exists t_0 \geq 1: |A_t^0| = 0 \text{ für alle } t \geq t_0) < 1 \right\}, \quad (3.1)$$

$$\lambda_2 := \inf \left\{ \lambda \mid \liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}(0 \in A_t^0) > 0 \right\}. \quad (3.2)$$

λ_1 heißt *kritischer Wert für schwaches Überleben* und λ_2 *kritischer Wert für starkes Überleben*. Oberhalb von λ_1 stirbt der Prozess nicht fast sicher aus, oder anders gesagt, er überlebt für immer mit positiver Wahrscheinlichkeit.

3.4. Resultate

Das Ereignis $\{0 \in A_t^0\}$ bedeutet, dass der Knoten, mit dem der Kontaktprozess gestartet ist, zum Zeitpunkt t infiziert ist. Der Ausdruck $\liminf \mathbb{P}(0 \in A_t^0) > 0$ bedeutet, dass dieses Ereignis zu beliebig spätem Zeitpunkt mit positiver Wahrscheinlichkeit eintritt. Ist $\lambda > \lambda_2$, so ist der Prozess also derart „ansteckend“, dass die Wurzel stets mit positiver Wahrscheinlichkeit reinfiziert wird.

Wir haben dabei ein bestimmtes Verhältnis α/β vorgegeben, da wir Werte von α und β derart abändern könnten, dass sich der Wert λ nicht ändert. Der Kontaktprozess jedoch würde sich anders verhalten.

Es gilt $\{0 \in A_t^0\} \subset \{|A_t^0| \neq 0\}$, also $\mathbb{P}(0 \in A_t^0) \leq \mathbb{P}(|A_t^0| \neq 0)$, und daher $\lambda_2 \in [\lambda_1; \infty)$. Unser Ziel ist zu zeigen, dass $\lambda_2 \in (\lambda_1; \infty)$. Im folgenden Abschnitt formulieren wir die entsprechenden Aussagen.

3.4. Resultate

Im Folgenden sei stets $r := \alpha/\beta$. Der erste Satz, den wir formulieren, gibt uns für jedes r die Existenz verschiedener Phasenübergänge, gesetzt den Fall, wir wählen die Anzahl der nächsten Nachbarn groß genug. Dies lässt vermuten, dass hauptsächlich die Größe von α ausschlaggebend für das Überleben des Kontaktprozesses ist, was man im Allgemeinen auch erwarten würde, da mit β nur die Infektion eines einzigen Knotens beeinflusst wird, während α die Infektion von $(2m+1)^d$ Knoten steuert. Andererseits ist die Wirkung von β nicht zu unterschätzen, denn ein einziger infizierter entfernter Nachbar infiziert im nächsten Zeitschritt gemäß dem Parameter α seine nächsten Nachbarn. Der Parameter β kann daher als Zuarbeiter von α betrachtet werden, der überhaupt erst die Infektion auf weitere Ebenen trägt.

Satz 3.1. *Für jedes $\beta < 1$ und $0 < r < \infty$ mit $r\beta \leq (2m+1)^d$ gibt es ein \bar{m} , so dass für alle $m \geq \bar{m}$ gilt: $\lambda_1 < \lambda_2$ für den Kontaktprozess auf der Big World \mathcal{B}_m .*

Die Einschränkung an das Produkt $r\beta$ ist wie folgt begründet. Da $\alpha/(2m+1)^d$ eine Wahrscheinlichkeit ist, muss $r\beta = \alpha \leq (2m+1)^d$ sein. Je nach Wert von \bar{m} wird α beziehungsweise die Infektionswahrscheinlichkeit für die nächsten Nachbarn sogar stärker eingeschränkt. Da nämlich $\beta < 1$, ist $\alpha < r$. Im Fall von $r < (2\bar{m}+1)^d$ gilt dann $\alpha/(2\bar{m}+1)^d < r/(2\bar{m}+1)^d < 1$.

Mit Satz 3.1 ist die Existenz zweier verschiedener Phasenübergänge für den Kontaktprozesses auf der Big World geklärt. Der nächste Satz gibt uns Auskunft über die erwartete Anzahl an Partikeln.

Satz 3.2. *Es existieren Konstanten $C_1 > 0$ und C_2 , so dass für alle $t \in \mathbb{N}$*

$$\exp(C_2 t) \leq \mathbb{E}[|B_t^0|] \leq \frac{1}{C_1} \exp(C_2 t). \quad (3.3)$$

3.4. Resultate

Desweiteren gelten folgende Implikationen:

$$\begin{aligned}\lambda < \lambda_1 &\Rightarrow C_2 < 0, \\ \lambda = \lambda_1 &\Rightarrow C_2 = 0, \\ \lambda > \lambda_1 &\Rightarrow C_2 > 0.\end{aligned}$$

Aus diesem Satz folgt auch, was man im superkritischen Fall erwartet, nämlich dass $\mathbb{E}[|B_1^0|] > 1$ ist, falls $\lambda > \lambda_1$ ist.

Nun geht es darum, diese Ergebnisse auf den Kontaktprozess auf der Small World zu übertragen. Zum Zeitpunkt $t = 0$ gibt es immer eine Menge infizierter Knoten (die Initialmenge). In unserem Fall besteht sie aus einem einzigen Element. Ab dem Zeitpunkt $t = 1$ kann der Prozess aussterben oder es kann das initiale Element reinfiziert werden. Wir berücksichtigen dies und definieren in Hinblick auf λ_1 und λ_2 die folgenden Zufallsvariablen:

$$\begin{aligned}\tau_{\mathcal{B}} &:= \min\{t \geq 1 \mid B_t^0 = \emptyset\}, \\ \tau_{\mathcal{S}} &:= \min\{t \geq 1 \mid \xi_t^0 = \emptyset\}, \\ \sigma_{\mathcal{B}} &:= \min\{t \geq 1 \mid B_t^0 = \emptyset \text{ oder } 0 \in B_t^0\}, \\ \sigma_{\mathcal{S}} &:= \min\{t \geq 1 \mid \xi_t^0 = \emptyset \text{ oder } 0 \in \xi_t^0\}.\end{aligned}$$

Dabei gilt die Festlegung $\min \emptyset := \infty$. Betrachten wir zunächst, was Satz 3.2 über den Aussterbezeitpunkt $\tau_{\mathcal{B}}$ aussagt. Ist $\lambda \leq \lambda_1$, so ist $C_2 \leq 0$ und damit $\exp(C_2 t) \leq \exp(0) = 1$. Für alle t gilt dann

$$0 < \mathbb{E}[|B_t^0|] \leq \frac{1}{C_1}.$$

Dass der Erwartungswert nach oben beschränkt ist, bedeutet insbesondere, dass $|B_t^0|$ fast sicher endlich ist und damit

$$\mathbb{P}(\tau_{\mathcal{B}} < \infty) = 1 \quad \text{falls } \lambda \leq \lambda_1.$$

Betrachten wir nun das Verhalten der Zufallsvariablen $\tau_{\mathcal{B}}$ und $\sigma_{\mathcal{B}}$ in den unterschiedlichen Regionen für λ unabhängig von Satz 3.2.

Fall 1) $\lambda < \lambda_1$: Es ist $\mathbb{P}(\exists t_0 \geq 0: |B_t^0| = 0 \text{ für alle } t \geq t_0) = 1$. Dann sind $\tau_{\mathcal{B}}$ und $\sigma_{\mathcal{B}}$ fast sicher endlich.

Fall 2) $\lambda_1 < \lambda < \lambda_2$: Es ist $\mathbb{P}(\exists t_0 \geq 0: |B_t^0| = 0 \text{ für alle } t \geq t_0) < 1$. Damit ist $\tau_{\mathcal{B}}$ unendlich mit positiver Wahrscheinlichkeit. Wegen $\lambda < \lambda_2$ ist $\mathbb{P}(0 \in B_t^0) = 0$, das heißt, mit positiver Wahrscheinlichkeit tritt weder $\{B_t^0 = \emptyset\}$ noch $\{0 \in B_t^0\}$ ein, anders ausgedrückt: $\sigma_{\mathcal{B}} = \infty$ mit positiver Wahrscheinlichkeit.

3.4. Resultate

Fall 3) $\lambda > \lambda_2$: Wegen $\lambda_2 > \lambda_1$ verhält sich $\tau_{\mathcal{B}}$ wie in Fall 2), ist also unendlich mit positiver Wahrscheinlichkeit. Anders bei $\sigma_{\mathcal{B}}$. Wegen $\liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}(0 \in B_t^0) > 0$ tritt das Ereignis $\{0 \in B_t^0 \text{ für ein } t \geq 1\}$ fast sicher ein. Das heißt, $\sigma_{\mathcal{B}}$ ist fast sicher endlich.

Man kann also mittels der Endlichkeit oder Unendlichkeit von $\tau_{\mathcal{B}}$ beziehungsweise $\sigma_{\mathcal{B}}$ erkennen, ob ein Phasenübergang vorliegt. $\tau_{\mathcal{B}}$ wechselt zwischen endlich und unendlich an λ_1 , $\sigma_{\mathcal{B}}$ wechselt an λ_1 von endlich nach unendlich und an λ_2 wieder zu endlich. Wenn wir also für den Kontaktprozess auf der Small World eben dieses Verhalten verifizieren könnten, hätten wir die beiden Phasenübergänge auch hier erhalten. Dies gelingt uns zumindest als asymptotische Aussage.

Die Big World ist ein unendlicher Graph, die Small World hingegen ist endlich. Um hier Vergleiche anzustellen, werden wir Grenzwerte betrachten müssen. Das heißt, wir müssen die Anzahl der Knoten in \mathcal{S}_m^R (also den Parameter R) gegen Unendlich gehen lassen. Es zeigt sich, dass wir dann folgende Beziehungen erhalten.

Satz 3.3. *Es gilt*

- (a) $\tau_{\mathcal{S}}$ ist stochastisch beschränkt durch $\tau_{\mathcal{B}}$ und $\tau_{\mathcal{S}} \xrightarrow{\mathcal{L}} \tau_{\mathcal{B}} \ (R \rightarrow \infty)$.
- (b) $\sigma_{\mathcal{S}}$ ist stochastisch beschränkt durch $\sigma_{\mathcal{B}}$ und $\sigma_{\mathcal{S}} \xrightarrow{\mathcal{L}} \sigma_{\mathcal{B}} \ (R \rightarrow \infty)$.

Nachdem wir nun wissen, dass in Small World Graphen mit hoher Knotenanzahl der Kontaktprozess zwei Phasenübergänge aufweist, fragen wir danach, wie lange er überlebt, wenn er den ersten überschreitet, wenn er also nicht fast sicher ausstirbt. Dazu nehmen wir eine kleine Änderung an ξ_t vor. Die Verbindungen zu den entfernten Nachbarn sind dazu da, die Infektionen an entfernten Stellen zu initiieren. Angenommen, alle infizierten Knoten sind entfernte Nachbarn von Knoten, die ihrerseits nächste Nachbarn sind. Dann können sie natürlich die Infektion nicht weit verbreiten. Daher soll ein infizierter Knoten zusätzlich einen zufällig uniform gewählten Knoten mit Wahrscheinlichkeit γ infizieren. Denken wir uns die Small World noch einmal als ein soziales Netzwerk, so entspricht dies zufälligen Begegnungen. Etwa hat man in einer Universität oder einem Restaurant kurzfristig Kontakt zu Menschen, mit denen man ansonsten keine Verbindung hat. Daher macht dieser Zusatz das bisherige Modell eigentlich noch besser interpretierbar als soziales Netzwerk und stellt zumindest unter diesem Gesichtspunkt keine Einschränkung dar.

Satz 3.4. *Für den modifizierten Small World Kontaktprozess mit Zufalls-Infektions-Wahrscheinlichkeit $\gamma > 0$ gilt: Ist $\lambda > \lambda_1$ und sind beim Start des Prozesses alle Knoten infiziert, dann gibt es eine Konstante $c > 0$, so dass*

$$\mathbb{P}(\text{Kontaktprozess überlebt bis Zeit } \exp(cR^d)) \rightarrow 1 \quad (R \rightarrow \infty).$$

3.5. Beweise

3.5.1. Beweis von Satz 3.1

Die Existenz zweier Phasenübergänge bedeutet, dass es ein λ gibt mit $\lambda_1 < \lambda < \lambda_2$. Wir zeigen dies, indem wir die Existenz zweier Zahlen U und L nachweisen mit

$$\limsup_{m \rightarrow \infty} \lambda_1 \leq U < \lambda < L \leq \liminf_{m \rightarrow \infty} \lambda_2.$$

Daraus folgt, dass es ein \bar{m}_1 gibt, so dass

$$\sup_{k \geq m} \lambda_1 \leq U \text{ für alle } m \geq \bar{m}_1,$$

und ein \bar{m}_2 , so dass

$$\inf_{k \geq m} \lambda_2 \geq L \text{ für alle } m \geq \bar{m}_2.$$

Für alle $m > \bar{m} := \max(\bar{m}_1, \bar{m}_2)$ gilt dann

$$\lambda_1 \leq U < L \leq \lambda_2,$$

die Behauptung von Satz 3.1.

Für die Nachweise der beiden Schranken werden wir einen Vergleich des Kontaktprozesses mit dem Branching Random Walk ζ_t bemühen. Dieser verhält sich wie B_t , nur kann er mehrere Partikel gleichzeitig auf einem Knoten platzieren. Daher ist es bezüglich des Branching Random Walk weniger geeignet, von Infektionen zu sprechen. Jedoch ist diese Sprechweise oftmals weniger umständlich.

Für den Vergleich muss ζ_t mit den selben Parametern ausgestattet sein wie B_t , das heißt er setzt Partikel auf seine nächsten und entfernten Nachbarn ebenfalls mit den Wahrscheinlichkeiten $\alpha/(2m+1)^d$ beziehungsweise β . Auf einem bestimmten Knoten dominiert daher die Anzahl der Partikel von ζ_t die Anzahl der Partikel von B_t stochastisch. Wir machen folgende

Beobachtung 3.5. Überlebt der Kontaktprozess schwach, so auch der Branching Random Walk. Ebenso impliziert das starke Überleben von B_t das starke Überleben von ζ_t .

Die unten stehende Proposition 3.7 zeigt uns, wie L gewählt werden kann. Für ihren Beweis können wir diese Implikation für starkes Überleben verwenden. Ein geeignetes U erhalten wir aus Proposition 3.6. Hier benötigen wir für den Beweis

3.5. Beweise

die umgekehrte Implikation. Wir setzen unsere Ergebnisse in einem Abschnitt im Anschluss an die Beweise dieser Propositionen zusammen.

Die Analyse des Branching Random Walk ist prinzipiell leichter als die Analyse des Kontaktprozesses, da sich die Nachkommen von verschiedenen Vorfahren aufgrund der Möglichkeit von Mehrfachbesetzungen unabhängig voneinander entwickeln. Vorausgesetzt, für den Branching Random Walk lässt sich zeigen, was bezüglich des Kontaktprozesses benötigt wird, so ist das Problem nun dahingehend verlagert, die Resultate auf den Kontaktprozess zu übertragen. Für den vorliegenden Fall gelingt dies. Es sei aber erwähnt, dass dies nicht immer möglich ist. Zum Beispiel gibt es Galton-Watson Bäume, auf denen der Branching Random Walk nur einen Phasenübergang aufweist, der Kontaktprozess hingegen zwei, siehe [13].

Wir verwenden die Bezeichnungen $\lambda_1^{\zeta^t}(\mathcal{B}_m)$ für den kritischen Wert für schwaches Überleben für den Branching Random Walk auf \mathcal{B}_m und $\lambda_1^{B^t}$ für den kritischen Wert für schwaches Überleben für den Kontaktprozess. Bei letzterem ist kein Zusatz nötig, da wir diesen nur auf der Big World betrachten.

Proposition 3.6. *Falls $\lambda = \alpha + \beta > 1$, dann gibt es ein $m_0(\alpha, \beta)$ so, dass für alle $m > m_0(\alpha, \beta)$ der Kontaktprozess schwach überlebt.*

Proposition 3.7. *Falls $\alpha + \beta^2 < 1$, dann gibt es ein $m_1(\alpha, \beta)$ so, dass es für alle $m > m_1(\alpha, \beta)$ kein starkes Überleben für den Kontaktprozess auf der Big World \mathcal{B}_m gibt.*

Noch eine letzte Bemerkung, bevor wir mit den Beweisen beginnen. Da $\beta < 1$, ist $1 - \beta < 1 - \beta^2$. Somit gibt es immer ein α mit $1 - \beta < \alpha < 1 - \beta^2$, also mit $\lambda = \alpha + \beta > 1$ und $\alpha + \beta^2 < 1$. Mit einer solchen Wahl von α und β überlebt der Kontaktprozess dann schwach, aber nicht stark.

Beweis von Proposition 3.6

Wir nennen Knoten der Gestalt $+(z_1, \dots, z_{\ell-1}, 0)$ auf Ebene ℓ im Folgenden *Startknoten*, weil Partikel auf solchen Knoten als einelementige Initialmengen disjunkter Prozesse, die sich auf die Ebenen $\ell + 1, \ell + 2, \dots$ ausbreiten, dienen können. Um festzustellen, dass diese Prozesse nicht ineinander laufen können, betrachten wir kurz zwei solcher Knoten, die sich ohne Einschränkung nur in einer Komponente unterscheiden, und ihre Nachbarn.

Gegeben seien $+(z_1, \dots, z_{\ell-2}, z_{\ell-1}, 0)$ und $+(z_1, \dots, z_{\ell-2}, z'_{\ell-1}, 0)$ mit $z_{\ell-1} \neq z'_{\ell-1}$. Die nächsten Nachbarn sind $+(z_1, \dots, z_{\ell-1}, y)$ und $+(z_1, \dots, z'_{\ell-1}, y)$ mit $0 < \|y\|_\infty \leq m$. Wir sehen, dass die Komponente, in der sich die Startknoten unterscheiden, bei den Nachbarn, auf die die Partikel überspringen können,

3.5. Beweise

erhalten bleibt, so dass die Nachbarn nie gleich sein können. Dies pflanzt sich auch bei deren nächsten Nachbarn fort. Genauso bleiben die unterschiedlichen Komponenten erhalten, wenn Geburten über Verbindungen zu entfernten Nachbarn auf die höheren Ebenen getragen werden. Daher laufen die Prozesse auf disjunkten Teilgraphen ab.

Das Einzige, was den Branching Random Walk vom Kontaktprozess unterscheidet, ist die Möglichkeit von Mehrfachbesetzungen von Knoten. Wir werden feststellen, dass die Wahrscheinlichkeit für diese Mehrfachbesetzungen beliebig klein wird, wenn nur m hinreichend groß gewählt wird. Anders ausgedrückt bedeutet das, dass es beim Kontaktprozess mit beliebig kleiner Wahrscheinlichkeit zu einer Kollision kommt.

Um diese Erkenntnis gewinnbringend zu nutzen, zeigen wir, dass es beim Branching Random Walk zu einem bestimmten Zeitpunkt t auf einer gewissen Ebene e mindestens 3 erwartete Partikel auf Startknoten gibt. Der entfernte Nachbar dieser Startknoten sitzt auf der vorhergehenden Ebene. Da wir nur die Entwicklung in die höheren Ebenen betrachten wollen, ist jeder dieser Knoten in derselben Situation wie der Startknoten $+(0)$. Die disjunkten Prozesse, die von diesen 3 Partikeln aus starten, finden alle gemäß den Infektionswahrscheinlichkeiten des Branching Random Walk statt. Daher erwarten wir je Partikel zum Zeitpunkt $2t$ auf Ebene $2e$ wieder 3 Partikel auf Startknoten. Anders ausgedrückt erzeugt jeder dieser Partikel Nachkommen gemäß derselben Verteilung. Auf diese Weise haben wir einen Galton-Watson Prozess in den Branching Random Walk eingebettet, dessen malthusischer Parameter größer als 1 ist und der somit mit positiver Wahrscheinlichkeit überlebt. In der Terminologie unserer Phasenübergänge heißt das, dass der eingebettete Galton-Watson Prozess schwach überlebt.

Wir wählen dann m so groß, dass die Kollisionswahrscheinlichkeit so klein ist, dass wir im Kontaktprozess mindestens 2 Partikel auf Startknoten auf Ebene e erwarten. Die Prozesse, die von diesen Knoten ausgehen, sind wieder unabhängig voneinander, so dass wir auch hier je Knoten zur Zeit $2t$ auf Ebene $2e$ mindestens 2 Partikel auf Startknoten erwarten. Wir haben dann aus der in den Branching Random Walk eingebetteten Struktur eine analoge Struktur im Kontaktprozess gefolgert. Die mindestens erwartete Anzahl der Partikel ist zwar um 1 geringer als beim Branching Random Walk, aber immer noch größer als 1. Somit ist der in den Kontaktprozess eingebettete Galton-Watson Prozess ebenfalls superkritisch, und sein schwaches Überleben sichert das schwache Überleben des gesamten Kontaktprozesses. Nun zu den Details.

Da für die disjunkten Prozesse die Ausdehnung in höhere Ebenen erfolgt, können wir uns auf \mathcal{B}_m^+ beschränken. Der Branching Random Walk ζ_t ist wegen $\alpha + \beta > 1$ superkritisch, weshalb wir ihn zu einem hinreichend späten Zeitpunkt

3.5. Beweise

betrachten können, so dass eine gewisse Anzahl an Partikeln mit positiver Wahrscheinlichkeit vorhanden ist. (Dies ist der wesentliche Aspekt für die Voraussetzung $\alpha + \beta > 1$. Mit ihr erhalten wir unten eine Abschätzung für die erwartete Anzahl an Partikeln auf einer bestimmten Ebene.)

Um auf einer gewissen Ebene nur Partikel zu haben, die als Ursprung von Branching Random Walks auf disjunkten Teilgraphen dienen, gehen wir wie folgt vor. Die entfernten Nachbarn von Startknoten sitzen stets auf der vorhergehenden Ebene. Daher erlauben wir, nachdem wir eine gewisse Anzahl an Partikeln auf beliebigen Knoten einer gewissen Ebene sitzen haben, in einem Schritt zunächst nur Geburten auf nächsten Nachbarn, das heißt wir verbreiten die Partikel auf dieser Ebene. Im nächsten lassen wir dann nur Geburten auf entfernte Nachbarn auf der nächst höheren Ebene zu. Auf dieser Ebene sitzen dann nur Partikel auf Startknoten.

Bezüglich der Geburten auf entfernte Nachbarn wäre es gut zu wissen, dass alle Partikel auf der betrachteten Ebene auch tatsächlich ihren entfernten Nachbarn auf der nächsten Ebene haben. Dies trifft gerade für jene Knoten zu, die keine Startknoten sind. Bei den nun folgenden Erörterungen zur erwarteten Anzahl von Partikeln schließen wir daher explizit Geburten zu nächsten Nachbarn dieser Gestalt aus. Das bedeutet auch, dass wir die Anzahl erwarteter Partikel nur nach unten abschätzen.

Ein Partikel kann auf gleicher Ebene Nachkommen auf $(2m + 1)^d$ Knoten setzen. Höchstens einer dieser Knoten hat die Gestalt $+(z_1, \dots, z_{t-1}, 0)$, oder andersherum ausgedrückt, mindestens $(2m + 1)^d - 1$ von ihnen haben nicht diese Gestalt. Gegeben ein einzelner Partikel, mit dem der Prozess startet, erwarten wir also im ersten Schritt mindestens

$$((2m + 1)^d - 1) \frac{\alpha}{(2m + 1)^d} = \alpha \left(1 - \frac{1}{(2m + 1)^d} \right) =: \tilde{\alpha}$$

Partikel. Wir starten mit einem Partikel auf dem Knoten $+(0)$, und dessen entfernter Nachbar ist $-(0)$. Da wir den Prozess aber nur auf \mathcal{B}_m^+ betrachten, können wir im ersten Schritt die Infektion des entfernten Nachbarn gewichtet mit der Wahrscheinlichkeit ihres Auftretens also nicht mitzählen.

Im zweiten Schritt kann nun jeder der $\tilde{\alpha}$ erwarteten Partikel wieder $(2m + 1)^d - 1$ Nachkommen auf nächste Nachbarn setzen, nun aber zusätzlich jeweils einen Nachkommen auf den entfernten Nachbarn, der sich auf der zweiten Ebene und damit in \mathcal{B}_m^+ befindet. Das macht mindestens $\tilde{\alpha}(\tilde{\alpha} + \beta)$ erwartete Partikel im zweiten Schritt. Allgemein erhalten wir

$$\mathbb{E}[|\zeta_t|] \geq \tilde{\alpha}(\tilde{\alpha} + \beta)^{t-1}.$$

3.5. Beweise

Bei Start auf Ebene 1 können sich die Partikel in t Schritten höchstens bis auf Ebene $t + 1$ erstrecken. Man wird aber auf den ersten Ebenen mehr Partikel erwarten, als auf den hinteren Ebenen. Wären die Partikel gleichmäßig auf alle Ebenen verteilt, so würden wir im Mittel auf jeder Ebene $\tilde{\alpha}(\tilde{\alpha} + \beta)^{t-1}/(t + 1)$ Partikel erwarten. Alles was wir sagen können ist, dass es unter den ersten $t + 1$ Ebenen eine Ebene $\ell(t)$ gibt, auf der wir $\tilde{\alpha}(\tilde{\alpha} + \beta)^{t-1}/(t + 1)$ Partikel zur Zeit t erwarten.

Für $m \rightarrow \infty$ gilt $1/(2m + 1)^d \rightarrow 0$, womit $\tilde{\alpha} \rightarrow \alpha$. Da $\alpha + \beta > 1$, gibt es ein m so, dass auch $\tilde{\alpha} + \beta > 1$. Für dieses m ist $(\tilde{\alpha} + \beta)^{t-1}$ monoton wachsend in t und der Wert $3/\tilde{\alpha}\beta$ fest. Daher gibt es ein T und eine Ebene $\ell(T)$, auf der die erwartete Anzahl an Partikeln folgender Ungleichung genügt:

$$\frac{\tilde{\alpha}(\tilde{\alpha} + \beta)^{T-1}}{T + 1} > \frac{3}{\tilde{\alpha}\beta}.$$

Nun starten wir die oben beschriebene Modifikation von ζ_t . Im Zeitschritt von T nach $T + 1$ lassen wir nun nur Geburten über die Verbindungen zu nächsten Nachbarn auf Ebene $\ell(T)$ stattfinden, und zwar wiederum nur zu Knoten, die nicht von der Form $+(z_1, \dots, z_{\ell(T)-1}, 0)$ sind. Ein Partikel hat dann im Mittel, wie schon oben beschrieben, mindestens $\tilde{\alpha}$ Nachkommen. Wir erwarten demnach mindestens

$$\frac{3}{\tilde{\alpha}\beta} \tilde{\alpha} = \frac{3}{\beta}$$

infizierte Knoten auf Ebene $\ell(T)$ zur Zeit $T + 1$, deren entfernte Nachbarn sich sämtlich auf Ebene $\ell(T) + 1$ befinden. Nun lassen wir im Zeitschritt von $T + 1$ nach $T + 2$ nur Geburten auf entfernte Nachbarn auf der Ebene $\ell(T) + 1$ stattfinden. Von den $3/\beta$ erwarteten Partikeln infiziert jeder seinen entfernten Nachbarn mit Wahrscheinlichkeit β . Wir erwarten also mindestens

$$\frac{3}{\beta} \beta = 3$$

Partikel auf Ebene $\ell(T) + 1$ zur Zeit $T + 2$, die als Startknoten für disjunkte Branching Random Walks dienen können.

Bezeichne $\bar{\zeta}_t$ den Branching Random Walk, bei dem stets eine Geburt auf einen der nächsten Nachbarn ausgeschlossen wird. Wegen $\tilde{\alpha} < \alpha$ gilt dann

$$\mathbb{E}\left[|\bar{\zeta}_t|\right] < \mathbb{E}\left[|\zeta_t|\right].$$

Es gibt also ein $\varepsilon > 0$, so dass

$$\mathbb{E}\left[|\bar{\zeta}_t|\right] = (1 - \varepsilon)\mathbb{E}\left[|\zeta_t|\right].$$

3.5. Beweise

Für jeden Zeitpunkt $t \leq T$ gilt

$$\mathbb{E}[|\zeta_t|] \leq (\alpha + \beta)^T.$$

Wir betrachten nun das Ereignis, dass die tatsächliche Anzahl an Partikeln diesen Wert nicht um ein Vielfaches übersteigt. Sei

$$E_K := \left\{ |\zeta_t| \leq K(\alpha + \beta)^T \text{ für alle } t \leq T \right\}.$$

Dann gibt es ein K mit

$$\mathbb{E}\left[|\zeta_T| \mathbf{1}_{E_K}\right] \geq (1 - \varepsilon) \mathbb{E}\left[|\zeta_T|\right] = \mathbb{E}\left[|\bar{\zeta}_T|\right].$$

Die Beschreibung des Erwartungswertes mittels dem Ereignis E_K ist nun geeignet, den Vergleich mit dem Kontaktprozess herzustellen. So müssen wir nicht auch hier eine Rechnung anstellen, bei der jeweils eine Geburt auf einen der nächsten Nachbarn verboten wird.

Der Kontaktprozess soll auf Ebene $\ell(T) + 1$ im Mittel mindestens auf 2 Startknoten Partikel haben. Wir überlegen, wieviele Kollisionen es maximal gibt. Dazu lassen wir die Infektionen sukzessive erfolgen und beobachten, wie oft ein Partikel auf einen schon besetzten Knoten platziert wird. Infektionen von entfernten Nachbarn können nicht zu Kollisionen führen, da keine zwei Knoten einen gemeinsamen entfernten Nachbarn haben. Gegeben E_K , haben wir auch im Kontaktprozess höchstens $K(\alpha + \beta)^T$ Partikel zu jeder Zeit $t \leq T$. Es gibt $(2m + 1)^d$ Knoten, auf diese kann ein Partikel gesetzt werden. Wenn wir die Infektionen sukzessive stattfinden lassen, so ist (in einem Zeitschritt) die Wahrscheinlichkeit für eine Kollision beim Setzen des letzten Partikels am größten. Die Wahrscheinlichkeit, ein Partikel auf einen schon besetzten Knoten zu setzen, ist also höchstens $K(\alpha + \beta)^T / (2m + 1)^d$. Die Wahrscheinlichkeit für eine Kollision in einem einzelnen Zeitschritt ist kleiner gleich der Wahrscheinlichkeit, dass einer von den höchstens $K(\alpha + \beta)^T$ Partikeln eine Kollision verursacht, also höchstens

$$K(\alpha + \beta)^T \frac{K(\alpha + \beta)^T}{(2m + 1)^d} = \frac{K^2(\alpha + \beta)^{2T}}{(2m + 1)^d}.$$

Also ist die Wahrscheinlichkeit, dass in einem der Schritte $t = 1, \dots, T$ eine Kollision eintritt, höchstens

$$T \frac{K^2(\alpha + \beta)^{2T}}{(2m + 1)^d}. \quad (3.4)$$

Diese Wahrscheinlichkeit geht also gegen null, wenn m wächst. Dies scheint zunächst widersprüchlich, denn je größer die Anzahl m der Nachbarn ist, desto

3.5. Beweise

mehr gemeinsame Nachbarn können zwei nahe genug beieinander liegende Knoten haben. Dies würde prinzipiell die Chance erhöhen, dass Partikel auf solchen zwei Knoten jeweils einen Nachkommen auf einen gemeinsamen Nachbarknoten setzen. Dass die Wahrscheinlichkeit für eine Kollision dennoch für $m \rightarrow \infty$ gegen null geht, liegt an dem Umstand, dass dabei die Wahrscheinlichkeit $\alpha/(2m+1)^d$, mit der ein Knoten infiziert wird, ebenfalls gegen null geht.

Wir wählen nun ein m_0 so groß, dass für alle $m > m_0$ die Wahrscheinlichkeit für eine Kollision nahezu null ist und wir für B_t mindestens 2 Partikel auf Startknoten auf Ebene $\ell(T)+1$ zur Zeit $T+2$ erwarten, die als Initialmengen für disjunkte Kontaktprozesse in die höheren Ebenen dienen. Aus dem Term (3.4) ist ersichtlich, dass diese Wahl von m_0 wie behauptet abhängig ist von α und β . Aus den eingangs gemachten Erläuterungen zur Einbettung des Galton-Watson Prozesses folgt, dass B_t schwach überlebt, das heißt $\lambda > \lambda_1^{B_t}$.

Beweis von Proposition 3.7

Wir zeigen, dass es für den Branching Random Walk mit $\alpha + \beta^2 < 1$ kein starkes Überleben gibt. Nach Beobachtung 3.5 folgt daraus, dass es auch für den Kontaktprozess kein starkes Überleben gibt. Wir müssen also in der folgenden Analyse den Kontaktprozess nicht mehr betrachten.

Zunächst betrachten wir den Phasenübergang für den Branching Random Walk auf einem Teilgraphen von \mathcal{B}_m , dem *Kamm* \mathcal{C}_m (hier gibt es keine Phase zwischen schwachem und starkem Überleben). Dieser Graph besteht aus den Knoten $\{+(z), +(z, 0), -(0)\}$ und allen Kanten zwischen diesen Knoten, das heißt aus Ebene 1 von \mathcal{B}_m^+ und den entfernten Nachbarn dieser Knoten inklusive der Kanten. Insbesondere haben Knoten auf Ebene 2 keine nächsten Nachbarn. Klappt man im Fall $m = 1$ die Kante zu $-(0)$ herunter, so sieht dieser Graph aus wie ein Kamm, daher der Name.

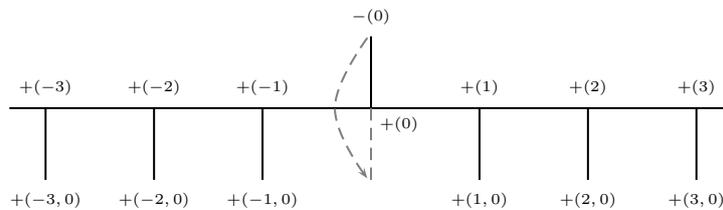


Abbildung 3.2. Der Kamm \mathcal{C}_m (hier $m = 1$) besteht nur aus den Knoten $\{+(z), +(z, 0), -(0)\}$ und allen Kanten zwischen diesen Knoten. Den Knoten $-(0)$ und die zugehörige Kante denken wir uns heruntergeklappt auf Ebene 2.

Betrachten wir kurz die Verbindung zwischen dem Kamm und der zu be-

3.5. Beweise

weisenden Proposition. Fassen wir Partikel auf Ebene 1 als Typ-1-Partikel auf und Partikel auf Ebene 2 als Typ-2-Partikel, so zeigt sich ζ_t auf \mathcal{C}_m als 2-Typ-Verzweigungsprozess. Sei $\zeta_{1j}^{(i)}$ die Anzahl an Typ- j -Nachkommen eines Typ- i -Partikels in einer Generation. Gilt dann für den größten Eigenwert ψ der Mittelwert-Matrix

$$\begin{pmatrix} \mathbb{E}[\zeta_{11}^{(1)}] & \mathbb{E}[\zeta_{12}^{(1)}] \\ \mathbb{E}[\zeta_{11}^{(2)}] & \mathbb{E}[\zeta_{12}^{(2)}] \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \alpha & \beta \\ \beta & 0 \end{pmatrix},$$

dass $\psi > 1$, so überlebt der Branching Random Walk mit positiver Wahrscheinlichkeit, vergleiche [2]. Es stellt sich heraus, dass

$$\psi = \frac{\alpha + \sqrt{\alpha^2 + 4\beta^2}}{2}$$

und damit $\psi > 1$, falls $\alpha + \beta^2 > 1$. Über den genauen Wert des Phasenübergangs gibt das folgende Lemma Auskunft. Wie gehabt sei $r = \alpha/\beta$.

Lemma 3.8. *Der (einzige) kritische Wert für den Branching Random Walk auf dem Kamm \mathcal{C}_m ist unabhängig von m und gleich*

$$\frac{2(r+1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}}.$$

Wir verzichten hier auf den kompletten Beweis und verweisen auf [7] sowie die dort referenzierte Literatur. Eine kurze Rechnung entnehmen wir jedoch aus dem Beweis, da wir weiter unten auf dieses Ergebnis zurückgreifen.

Der Hintergrund für die Rechnung ist eine Irrfahrt auf \mathcal{C}_m , bei der das Partikel vom Kamm herunterfällt, wenn es versucht, auf Ebene 2 zu bleiben. Ist $p_{ij} := \mathbb{P}(\text{Partikel wechselt von Ebene } i \text{ auf Ebene } j)$, so hat die Matrix für die Übergangswahrscheinlichkeiten zwischen den beiden Ebenen die Gestalt

$$\begin{pmatrix} p_{11} & p_{12} \\ p_{21} & p_{22} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{\alpha}{\alpha+\beta} & \frac{\beta}{\alpha+\beta} \\ \frac{\beta}{\alpha+\beta} & 0 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{r}{r+1} & \frac{1}{r+1} \\ \frac{1}{r+1} & 0 \end{pmatrix}.$$

Wir suchen den größten Eigenwert dieser Matrix und berechnen daher

$$\begin{aligned} \det \begin{pmatrix} \frac{r}{r+1} - x & \frac{1}{r+1} \\ \frac{1}{r+1} & -x \end{pmatrix} &= \left(\frac{r}{r+1} - x \right) (-x) - \frac{1}{(r+1)^2} \\ &= x^2 - \frac{r}{r+1} x - \frac{1}{(r+1)^2}. \end{aligned} \quad (3.5)$$

Die Nullstellen dieses Polynoms sind

$$\frac{r \pm \sqrt{r^2 + 4}}{2(r+1)}, \quad (3.6)$$

3.5. Beweise

der größte Eigenwert ist also

$$\frac{r + \sqrt{r^2 + 4}}{2(r + 1)} = \frac{1}{\lambda} \cdot \frac{\alpha + \sqrt{\alpha^2 + 4\beta^2}}{2}. \quad (3.7)$$

Wir hätten diese Rechnungen auch am Ende des Beweises von Proposition 3.7 unabhängig von \mathcal{C}_m durchführen können, sehen so dann aber noch einmal den Zusammenhang mit \mathcal{C}_m .

Da es sich bei dem Kamm um einen Teilgraphen der Big World handelt, dominiert der Branching Random Walk $\zeta_t^{\mathcal{B}}$ auf \mathcal{B}_m den Branching Random Walk $\zeta_t^{\mathcal{C}}$ auf \mathcal{C}_m . Tritt also das Ereignis $\{0 \in \zeta_t^{\mathcal{C}}\}$ mit positiver Wahrscheinlichkeit ein, so auch das Ereignis $\{0 \in \zeta_t^{\mathcal{B}}\}$. Diese Implikation gilt dann auch für den Limes inferior, in Zeichen

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}(0 \in \zeta_t^{\mathcal{C}}) > 0 \Rightarrow \liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}(0 \in \zeta_t^{\mathcal{B}}) > 0.$$

Bezeichne $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m)$ den kritischen Wert für starkes Überleben für den Branching Random Walk auf dem Kamm und $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m)$ den kritischen Wert für starkes Überleben für die Big World. Dann ist

$$\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m) \in \left\{ \lambda \mid \liminf_{t \rightarrow \infty} \mathbb{P}(0 \in \zeta_t^{\mathcal{B}}) > 0 \right\},$$

oder anders ausgedrückt

$$\frac{2(r + 1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}} = \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m) \geq \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m). \quad (3.8)$$

Verwenden wir die Voraussetzung $\alpha + \beta^2 < 1$ in der Form $\beta^2 < 1 - \alpha$, so erhalten wir

$$\begin{aligned} \frac{2(r + 1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}} &= \frac{2(\frac{\alpha}{\beta} + 1)}{\frac{\alpha}{\beta} + \sqrt{\frac{\alpha^2}{\beta^2} + 4}} = \frac{2(\alpha + \beta)}{\alpha + \sqrt{\alpha^2 + 4\beta^2}} \\ &> \frac{2(\alpha + \beta)}{\alpha + \sqrt{\alpha^2 + 4(1 - \alpha)}} = \frac{2(\alpha + \beta)}{\alpha + \sqrt{(2 - \alpha)^2}} \\ &= \alpha + \beta = \lambda. \end{aligned}$$

Wir benötigen also die umgekehrte Ungleichung von (3.8) für $m > m_1(\alpha, \beta)$, denn dann wäre unter der Voraussetzung $\alpha + \beta^2 < 1$

$$\lambda < \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m) \leq \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m), \quad (3.9)$$

3.5. Beweise

was gerade bedeutet, dass es ab m_1 kein starkes Überleben für den Branching Random Walk auf der Big World gibt.

Da Ungleichung (3.8) die offensichtliche Ungleichung ist, wird die umgekehrte Richtung auf direktem Wege nur schwer nachzuweisen sein, insbesondere weil damit $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m) = \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m)$ ist, und Gleichheit der beiden Phasenübergänge für unterschiedliche Graphen im Allgemeinen nicht zu erwarten ist, auch wenn es sich dabei um eine Teilgraphen-Beziehung handelt. Diese Gleichheit ist ein Nebenprodukt des Beweises, das nicht benötigt wird.

Die Idee ist nun, einen weiteren Graphen \mathcal{K}_M , $M = (2m + 1)^d$, zu betrachten, für den der kritische Wert für starkes Überleben asymptotisch höchstens so groß ist wie jener für die Big World, gleichzeitig aber mindestens so groß wie $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{C}_m)$. Entsprechend seiner Verwendung nennen wir \mathcal{K}_M den *Vergleichsgraphen*.

Der Vergleichsgraph habe folgende Struktur. Wir denken uns \mathcal{B}_m , lassen die nächsten Nachbarn von $+(0)$ weg, und ersetzen $z_j \in \mathbb{Z}^d$ in (z_1, \dots, z_n) durch den vollständigen Graphen mit M Knoten, das heißt durch den Graphen mit M Knoten, bei dem alle möglichen $\binom{M}{2}$ Kanten vorhanden sind. Siehe hierzu auch Abbildung 4 in [7].

Sei $\zeta_t^{\mathcal{K}}$ der Branching Random Walk auf \mathcal{K}_M und $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M)$ sein zugehöriger kritischer Wert für starkes Überleben. Bei $\zeta_t^{\mathcal{K}}$ bleiben Partikel, die zu nächsten Nachbarn gesendet würden, auf 0. Koppelt man diese beiden Prozesse, so gilt für die Anzahl der Partikel auf 0, dass $\zeta_t^{\mathcal{B}}(0) \leq \zeta_t^{\mathcal{K}}(0)$, und damit

$$\liminf_{M \rightarrow \infty} \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M) \leq \liminf_{m \rightarrow \infty} \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m),$$

wobei $M \rightarrow \infty$ gleichbedeutend ist mit $m \rightarrow \infty$ nach Definition von M . Es genügt also zu zeigen, dass

$$\frac{2(r+1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}} \leq \liminf_{M \rightarrow \infty} \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M), \quad (3.10)$$

denn dann gibt es ein m_1 , so dass Gleichung (3.9) für alle $m > m_1$ gilt.

Die Anzahl ℓ der Partikel zur Zeit t kann man auch als Zustände von ℓ unabhängigen Kopien einer Irrfahrt S_k auf \mathcal{K}_m auffassen. Ein Partikel auf dem Ursprungsknoten entspricht bei dieser Sichtweise dem Ereignis $\{S_k = 0\}$. Für eine stimmige Interpretation müssen dabei die Übergangswahrscheinlichkeiten von S_k einerseits entsprechend den Infektionswahrscheinlichkeiten des Branching Random Walk gewählt werden, andererseits müssen sie sich zu 1 aufaddieren. Daher legen wir fest, dass S_k mit Wahrscheinlichkeit $\alpha/M(\alpha + \beta)$ zu nächsten Nachbarn springt oder in seinem Zustand verweilt, und mit Wahrscheinlichkeit $\beta/(\alpha + \beta)$ zu nächsten Nachbarn übergeht.

3.5. Beweise

Der weitere Plan ist nun folgender. In einem ersten Schritt geben wir eine untere Schranke an für den kritischen Wert für starkes Überleben auf \mathcal{K}_M , die vermöge der ersten Rückkehrzeit von S_k zum Ursprung auf diesem Graphen ausgedrückt werden kann. In einem zweiten Schritt gilt es dann, S_k in Hinblick auf die Rückkehrzeit näher zu untersuchen. Mithilfe der Definitionen

$$\tau := \inf\{k \geq 1 \mid S_k = 0\}$$

und

$$F^\lambda := \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}(\tau = k)$$

formulieren wir den ersten Teil des Plans.

Lemma 3.9. $\lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M) \geq \sup\{\lambda \mid F^\lambda < 1\}$.

Beweis. Ein einzelnes Partikel in ζ_t infiziert im Mittel pro Zeitschritt $\lambda = \alpha + \beta$ Partikel. Die erwartete Anzahl an Partikeln zur Zeit t ist λ^t . Unter oben geschilderter Sichtweise gilt für den Branching Random Walk, gestartet mit einem Partikel, dass

$$\mathbb{E}[\zeta_k^{\mathcal{K}}(0)] = \mathbb{E}[c_k^{\mathcal{K}}] \mathbb{P}(S_k = 0) = \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0).$$

Wir definieren nun, indem wir über k summieren,

$$G^\lambda := \sum_{k \geq 0} \mathbb{E}[\zeta_k^{\mathcal{K}}(0)] = \sum_{k \geq 0} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0),$$

und zeigen die Implikation

$$F^\lambda < 1 \Rightarrow G^\lambda < \infty. \quad (3.11)$$

Die Konvergenz von G^λ beinhaltet, dass $(\mathbb{P}(S_k = 0))_k$ eine Nullfolge ist, dass der Prozess sich also nicht erneuert und daher (lokal) ausstirbt. Aus Implikation (3.11) folgt damit, dass für alle λ mit $F^\lambda < 1$ gilt: $\lambda \leq \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M)$. Das ist die Aussage des Lemmas.

Zu einem Zeitpunkt $k \geq 1$ kann S_k zum ersten oder zum wiederholten Male zur 0 zurückkehren, lässt sich also darstellen durch

$$\mathbb{P}(S_k = 0) = \sum_{\ell=1}^k \mathbb{P}(\tau = \ell) \mathbb{P}(S_{k-\ell} = 0). \quad (3.12)$$

3.5. Beweise

Aus Gleichung 3.12 erhalten wir, indem wir zunächst mit λ^k multiplizieren und anschließend über $1 \leq k < \infty$ summieren,

$$\sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0) = \sum_{k \geq 1} \sum_{\ell=1}^k \lambda^k \mathbb{P}(\tau = \ell) \mathbb{P}(S_{k-\ell} = 0). \quad (3.13)$$

Für die linke Seite dieser Gleichung erhalten wir

$$\sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0) = \left(\sum_{k \geq 0} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0) \right) - \lambda^0 \mathbb{P}(S_0 = 0) = G^\lambda - 1,$$

denn S_k startet in 0. Da τ die erste Rückkehrzeit zur 0 bezeichnet, ist $\mathbb{P}(\tau = 0) = 0$. Damit sehen wir, dass die rechte Seite von Gleichung (3.13) gleich $F^\lambda G^\lambda$ ist:

$$\begin{aligned} F^\lambda G^\lambda &= \left(\sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}(\tau = k) \right) \left(\sum_{k \geq 0} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0) \right) \\ &= \left(\sum_{k \geq 0} \lambda^k \mathbb{P}(\tau = k) \right) \left(\sum_{k \geq 0} \lambda^k \mathbb{P}(S_k = 0) \right) \\ &= \sum_{k \geq 0} \sum_{\ell=0}^k \lambda^\ell \mathbb{P}(\tau = \ell) \lambda^{k-\ell} \mathbb{P}(S_{k-\ell} = 0) \\ &= \sum_{k \geq 1} \sum_{\ell=1}^k \lambda^k \mathbb{P}(\tau = \ell) \mathbb{P}(S_{k-\ell} = 0), \end{aligned}$$

wobei im letzten Schritt wieder $\mathbb{P}(\tau = 0) = 0$ verwendet wurde, und dass dann für $k = 0$ die leere Summe entsteht. Wir erhalten aus (3.13) also die Gleichung

$$G^\lambda - 1 = F^\lambda G^\lambda,$$

womit $G^\lambda = 1/(1 - F^\lambda) < \infty$, da $F^\lambda < 1$. □

Um Gleichung (3.10) zu erhalten, müssen wir nun eine Beziehung herstellen zwischen $\sup\{\lambda \mid F^\lambda < 1\}$ und $2(r+1)/(r + \sqrt{r^2 + 2})$. Das heißt, wir müssen F^λ und damit das Ereignis $\{\tau = k\}$ einschätzen. Dazu definieren wir eine Abbildung φ von \mathcal{K}_M in die Menge der nichtnegativen ganzen Zahlen \mathbb{Z}_+ und betrachten eine Geburts- und Todeskette auf \mathbb{Z}_+ mit $R_k = \varphi(S_k)$. φ bilde 0 in \mathcal{K}_M auf 0 ab. Für $n \geq 2$ bilde φ wie folgt ab:

$$(z_1, \dots, z_n) \mapsto \begin{cases} 2n - 3 & z_n = 0, \\ 2n - 2 & z_n \neq 0. \end{cases}$$

3.5. Beweise

Betrachten wir die Übergangswahrscheinlichkeiten κ von R_k . Sei $R_{k-1} = 0$. Damit $R_k = \varphi(S_k) \neq 0$, muss S_k selbst ungleich 0 sein. 0 in \mathcal{K}_M kann nur über den entfernten Nachbarn verlassen werden. Die Wahrscheinlichkeit, auf 0 zu bleiben, ist daher die Wahrscheinlichkeit, dass S_k nicht zum nächsten Nachbarn springt. Sei $u := 1/(1+r)$, dann ist

$$\begin{aligned}\kappa(0,0) &= 1 - \frac{\beta}{\alpha + \beta} = \frac{\alpha}{\alpha + \beta} = \frac{\alpha/\beta}{(\alpha + \beta)/\beta} = \frac{\alpha/\beta}{1 + \alpha/\beta} \\ &= \frac{r}{r+1} = \frac{1+r-1}{r+1} = 1 - \frac{1}{r+1} = 1 - u.\end{aligned}$$

Da es für R_k auf 0 sitzend nur die beiden Möglichkeiten gibt, auf 0 zu bleiben oder zur 1 zu springen, ist

$$\kappa(0,1) = 1 - \kappa(0,0) = u.$$

Ist j ungerade, also $j = 2n - 3$ für ein $n \geq 2$, dann besteht die Urbildmenge $\varphi^{-1}(2n - 3)$ aus Knoten von der Form $(z_1, \dots, z_{n-1}, 0)$. Die nächsten Nachbarn sind $(z_1, \dots, z_{n-1}, y_n)$ mit $0 < \|y_n\|_\infty \leq m$, werden also sämtlich auf $2n - 2$ abgebildet. Der entfernte Nachbar ist (z_1, \dots, z_{n-1}) , dieser wird auf $2(n-1) - 2 = 2n - 4$ abgebildet. R_k kann also nur dann auf $j = 2n - 3$ verweilen, wenn S_k auf seinem Knoten verweilt, das heißt

$$\begin{aligned}\kappa(j,j) &= \frac{\alpha}{M\alpha + M\beta} = \frac{1}{M} \cdot \frac{\alpha/\beta}{(\alpha + \beta)/\beta} = \frac{1}{M} \cdot \frac{\alpha/\beta}{1 + \alpha/\beta} \\ &= \frac{1}{M} \cdot \frac{r}{1+r} = \frac{1}{M} \cdot \frac{1+r-1}{1+r} = \frac{1}{M} \left(1 - \frac{1}{1+r}\right) = \frac{1}{M}(1 - u).\end{aligned}$$

Die Übergangswahrscheinlichkeit $\kappa(j, j - 1) = \kappa(2n - 3, 2n - 4)$ ist dann die Wahrscheinlichkeit, dass S_k auf den entfernten Nachbarn springt, also

$$\kappa(j, j - 1) = \frac{\beta}{\alpha + \beta} = \frac{1}{(\alpha + \beta)/\beta} = \frac{1}{1 + \alpha/\beta} = \frac{1}{1+r} = u.$$

Die Übergangswahrscheinlichkeit $\kappa(j, j + 1) = \kappa(2n - 3, 2n - 2)$ entspricht der Wahrscheinlichkeit, dass S_k auf einen nächsten Nachbarn springt. Davon gibt es $M - 1$ Stück, womit

$$\begin{aligned}\kappa(j, j + 1) &= (M - 1) \frac{\alpha}{M(\alpha + \beta)} = \frac{\alpha + \beta - \beta}{\alpha + \beta} \cdot \frac{M - 1}{M} \\ &= \left(1 - \frac{\beta}{\alpha + \beta}\right) \left(1 - \frac{1}{m}\right) = (1 - u) \left(1 - \frac{1}{M}\right).\end{aligned}$$

3.5. Beweise

Ist j gerade, also $j = 2n - 2$ für ein $n \geq 2$, so besteht die Urbildmenge $\varphi^{-1}(j)$ aus Knoten der Gestalt (z_1, \dots, z_n) mit $z_n \neq 0$. Für die nächsten Nachbarn $z = (z_1, \dots, z_n + y)$ mit $0 < \|y\|_\infty \leq m$ gilt

$$\varphi(z) = \begin{cases} 2n - 2 & \text{falls } z_n + y \neq 0, \\ 2n - 3 & \text{falls } z_n + y = 0. \end{cases}$$

Der zweite Fall tritt dabei höchstens für einen der nächsten Nachbarn ein, und zwar genau dann, wenn $m \geq \|z_n\|_\infty$, so dass $y = z_n$ möglich ist. Da wir an dem Fall $m \rightarrow \infty$ interessiert sind, gehen wir im Folgenden davon aus, dass m so groß ist, dass dieser zweite Fall eintritt. Dann gibt es also $M - 1$ mögliche Übergänge von S_k , so dass die Kette R_k in ihrem Zustand verweilt, nämlich der Sprung zu einem von $M - 2$ nächsten Nachbarn mit $z_n \neq 0$ oder das Verweilen auf dem momentan besetzten Knoten.

Der entfernte Nachbar ist $(z_1, \dots, z_n, 0)$ und wird abgebildet auf $2(n+1) - 3 = 2n - 1$. Also gelten die Identitäten

$$\kappa(j, j) = \kappa(2n - 2, 2n - 2) = (M - 1) \frac{\alpha}{M(\alpha + \beta)} = (1 - u) \left(1 - \frac{1}{M}\right),$$

$$\kappa(j, j - 1) = \kappa(2n - 2, 2n - 3) = \frac{\alpha}{M(\alpha + \beta)} = \frac{1 - u}{M},$$

$$\kappa(j, j + 1) = \kappa(2n - 2, 2n - 1) = \frac{\beta}{\alpha + \beta} = u.$$

Nach Definition ist R_k genau dann gleich null, wenn S_k gleich null ist. Daher haben wir $\tau = \{k \geq 1 \mid R_k = 0\}$. Wir setzen

$$h(0) := 1 \quad \text{und} \quad h(x) := \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_x(\tau = k).$$

Unter Beachtung von $\mathbb{P}_y(\tau = 0) = 0$ für alle $y \in \mathbb{N}$ nach Definition von τ erhalten wir durch Zerlegung nach dem ersten Schritt

$$\begin{aligned} & \sum_{k \geq 1} \lambda^k \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) \mathbb{P}_y(\tau = k - 1) \\ &= \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_y(\tau = k - 1) \\ &= \lambda \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) \sum_{k \geq 1} \lambda^{k-1} \mathbb{P}_y(\tau = k - 1) \end{aligned}$$

3.5. Beweise

$$\begin{aligned}
&= \lambda \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_y(\tau = k) \\
&= \lambda \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) h(y),
\end{aligned}$$

kurz

$$h(x) = \lambda \sum_{y \in \{x-1, x, x+1\}} \kappa(x, y) h(y). \quad (3.14)$$

Wir erhalten für $x = 2n$, $2n - 1$ und $2n + 1$ die Beziehungen

$$\begin{aligned}
\text{I. } h(2n) &= \lambda \kappa(2n, 2n - 1) h(2n - 1) + \lambda \kappa(2n, 2n) h(2n) \\
&\quad + \lambda \kappa(2n, 2n + 1) h(2n + 1) \\
\text{II. } h(2n - 1) &= \lambda \kappa(2n - 1, 2n - 2) h(2n - 2) + \lambda \kappa(2n - 1, 2n - 1) h(2n - 1) \\
&\quad + \lambda \kappa(2n - 1, 2n) h(2n) \\
\text{III. } h(2n + 1) &= \lambda \kappa(2n + 1, 2n) h(2n) + \lambda \kappa(2n + 1, 2n + 1) h(2n + 1) \\
&\quad + \lambda \kappa(2n + 1, 2n + 2) h(2n + 2)
\end{aligned}$$

Durch Einsetzen von II in den ersten Summanden der rechten Seite von Gleichung I und Einsetzen von III in den dritten Summanden von I erhalten wir die Identität

$$\begin{aligned}
h(2n) \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M} \right) &= \lambda^2 h(2n - 2) \kappa(2n, 2n - 1) \kappa(2n - 1, 2n - 2) \\
&\quad + \lambda^2 h(2n + 2) \kappa(2n, 2n + 1) \kappa(2n + 1, 2n + 2) \\
&\quad + h(2n) \left(\lambda \kappa(2n, 2n) \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M} \right) \right. \\
&\quad \left. + \lambda^2 \kappa(2n, 2n - 1) \kappa(2n - 1, 2n) + \lambda^2 \kappa(2n, 2n + 1) \kappa(2n + 1, 2n) \right). \quad (3.15)
\end{aligned}$$

Zur Abkürzung setzen wir

$$\begin{aligned}
a &:= \lambda^2 u(1-u) \left(1 - \frac{1}{M} \right), \\
b &:= 1 - \frac{\lambda(1-u)}{M} - \left(\lambda - \frac{\lambda^2(1-u)}{M} \right) (1-u) \left(1 - \frac{1}{M} \right) \\
&\quad - \frac{\lambda^2(1-u)^2 \left(1 - \frac{1}{M} \right)}{M} - \lambda^2 u^2, \\
c &:= \frac{\lambda^2 u(1-u)}{M}.
\end{aligned}$$

3.5. Beweise

Unter Beachtung der Beziehungen

$$\begin{aligned}\kappa(2n-1, 2n-1) &= \kappa(2n+1, 2n+1) = \kappa(2n, 2n-1) = \frac{1-u}{M}, \\ \kappa(2n, 2n) &= \kappa(2n+1, 2n+2) = \kappa(2n-1, 2n) = (1-u) \left(1 - \frac{1}{M}\right), \\ \kappa(2n, 2n+1) &= \kappa(2n-1, 2n-2) = \kappa(2n+1, 2n) = u,\end{aligned}$$

ist

$$\begin{aligned}\lambda^2 h(2n-2) \kappa(2n, 2n-1) \kappa(2n-1, 2n-2) \\ &= \lambda^2 h(2n-2) \frac{1-u}{M} u = h(2n-2) \frac{\lambda^2 u(1-u)}{M} \\ &= ch(2n-2)\end{aligned}$$

sowie

$$\begin{aligned}\lambda^2 h(2n+2) \kappa(2n, 2n+1) \kappa(2n+1, 2n+2) \\ &= \lambda^2 h(2n+2) u(1-u) \left(1 - \frac{1}{M}\right) \\ &= ah(2n-2).\end{aligned}$$

Weiter ist

$$\begin{aligned}b_1 &:= \lambda \kappa(2n, 2n) \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M}\right) \\ &= (1-u) \left(1 - \frac{1}{M}\right) \left(\lambda - \frac{\lambda^2(1-u)}{M}\right)\end{aligned}$$

und

$$\begin{aligned}b_2 &:= \lambda^2 \kappa(2n, 2n-1) \kappa(2n-1, 2n) \\ &= \lambda^2 \frac{1-u}{M} (1-u) \left(1 - \frac{1}{M}\right) \\ &= \frac{(1-u)^2 \left(1 - \frac{1}{M}\right)}{M}\end{aligned}$$

und

$$b_3 := \lambda^2 \kappa(2n, 2n-1) \kappa(2n-1, 2n)$$

3.5. Beweise

$$= \lambda^2 uu = \lambda^2 u^2,$$

womit

$$-b = \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M}\right) + b_1 + b_2 + b_3.$$

Damit folgt

$$\begin{aligned} & h(2n) \left(\lambda \kappa(2n, 2n) \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M}\right) \right. \\ & \quad \left. + \lambda^2 \kappa(2n, 2n-1) \kappa(2n-1, 2n) + \lambda^2 \kappa(2n, 2n+1) \kappa(2n+1, 2n) \right) \\ & \quad - h(2n) \left(1 - \frac{\lambda(1-u)}{M}\right) \\ & = -bh(2n). \end{aligned}$$

Gleichung (3.15) schreibt sich nun als

$$ah(2n+2) - bh(2n) + ch(2n-2) = 0. \quad (3.16)$$

Die Lösungen dieser Gleichungen sind von der Form $C_1 \theta_1^n + C_2 \theta_2^n$, wobei θ_1 und θ_2 die Lösungen der Gleichung $a\theta^2 - b\theta + c = 0$ sind. Siehe hierzu etwa [8], Appendix I oder die dort angegebene Literatur. Also ist

$$\theta_1 = \frac{b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a} \quad \text{und} \quad \theta_2 = \frac{b - \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}.$$

Da wir den Fall $F^\lambda < 1$ betrachten, ist $\lambda < 1$. Wie folgt sehen wir, dass dann $h(2n)$ monoton fallend ist. Mit δ bezeichnen wir die Zeit, die die Geburts- und Todeskette R_k länger benötigt, um zu 0 zu gelangen, wenn sie in $2n+2$ statt in $2n$ startet. Dann haben wir

$$\begin{aligned} h(2n+2) &= \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_{2n+2}(\tau = k) = \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_{2n}(\tau = k - \delta) \\ &= \lambda^\delta \sum_{k \geq 1} \lambda^{k-\delta} \mathbb{P}_{2n}(\tau = k - \delta) = \lambda^\delta h(2n). \end{aligned}$$

Somit ist $h(2n)$ monoton fallend und daher $h(2n) = \theta_2^n$. Wir haben

$$\theta_2 = \frac{b - \sqrt{b^2(1 - \frac{4ac}{b^2})}}{2a} = \frac{b - b\sqrt{1 - \frac{4ac}{b^2}}}{2a} = b \frac{1 - \sqrt{1 - \frac{4ac}{b^2}}}{2a}.$$

3.5. Beweise

Fassen wir $h(x)$ als Funktion in λ auf, so haben wir eine analytische Funktion und es gilt $h(2n) = \theta_2^n$ für alle λ innerhalb des Konvergenzradius. Wir betrachten die Taylorentwicklung der Funktion $f(x) = \sqrt{1-x}$ um den Entwicklungspunkt 0:

$$f(x) = 1 + \frac{1}{2}x - \frac{1}{4}x^2 + \dots,$$

insbesondere

$$f\left(\frac{4ac}{b^2}\right) = 1 + \frac{2ac}{b^2} - \frac{4(ac)^2}{b^4} + \dots.$$

Für $M \rightarrow \infty$ gilt

$$\begin{aligned} a &\rightarrow \lambda^2 u(1-u), \\ b &\rightarrow 1 - \lambda(1-u) - \lambda^2 u^2, \\ c &\rightarrow 0. \end{aligned}$$

Damit folgt

$$\theta_2 \sim b \frac{1 - (1 + \frac{2ac}{b^2})}{2a} = \frac{b - (b + \frac{2ac}{b})}{2a} = \frac{-\frac{2ac}{b}}{2a} = -\frac{c}{b} \rightarrow 0,$$

womit $h(2) = \theta_2 \rightarrow 0$ für $M \rightarrow \infty$. Damit erhalten wir auch eine Konvergenzaussage für $h(1)$. Nach Gleichung (3.14) ist

$$h(1) = \lambda \sum_{y \in \{0,1,2\}} \kappa(x, y) h(y) = \lambda \kappa(1, 0) h(0) + \lambda \kappa(1, 1) h(1) + \lambda \kappa(1, 2) h(2).$$

Wir formen um zu

$$h(1) = \frac{\lambda \kappa(1, 0) h(0) + \lambda \kappa(1, 2) h(2)}{1 - \lambda \kappa(1, 1)}$$

und setzen die oben berechneten Übergangswahrscheinlichkeiten ein:

$$h(1) = \frac{\lambda u + \lambda(1-u)(1 - \frac{1}{M})h(2)}{1 - \frac{1-u}{M}} \rightarrow \lambda u \quad (M \rightarrow \infty).$$

Nun sind wir so weit, einen tieferen Einblick in das Verhalten von F^λ zu gewinnen. Dazu verwenden wir einerseits, dass τ die erste Durchgangszeit durch 0 sowohl für S_k wie auch für R_k ist, und andererseits Gleichung (3.14). Wir haben

$$F^\lambda = \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}(\tau = k) = \sum_{k \geq 1} \lambda^k \mathbb{P}_0(\tau = k)$$

3.5. Beweise

$$\begin{aligned}
&= \lambda \sum_{y=0}^1 \kappa(0, y)h(y) && \text{(Situation nach erstem Schritt)} \\
&= \lambda(\kappa(0, 0)h(0) + \kappa(0, 1)h(1)) \\
&= \lambda(1 - u + uh(1)).
\end{aligned}$$

Daraus erhalten wir die Asymptotik

$$F^\lambda \rightarrow \lambda(1 - u) + \lambda^2 u^2 \quad (M \rightarrow \infty).$$

Da S_k in 0 startet und nach Definition $h(0) = 1$ ist, haben wir via φ auch $F^\lambda = 1$. Dann gilt aber asymptotisch in M , dass

$$\lambda(1 - u) + \lambda^2 u^2 = 1. \quad (3.17)$$

Für die Lösung $\bar{\lambda}$ dieser Gleichung gilt nun $\bar{\lambda} = \sup\{\lambda \mid F^\lambda < 1\}$. Wenn wir erinnern, dass $u = 1/(1 + r)$, können wir Gleichung (3.17) schreiben als

$$1 - \lambda \frac{r}{1 + r} - \lambda^2 \frac{1}{(1 + r)^2} = 0$$

beziehungsweise äquivalent

$$\frac{1}{\lambda^2} - \frac{r}{1 + r} \cdot \frac{1}{\lambda} - \frac{1}{(1 + r)^2} = 0.$$

Setzen wir nun $\lambda = 1/x$, so sehen wir, dass es sich bei der Lösung dieser Gleichung um die Nullstellen des Polynoms (3.5) handelt, und diese sind gegeben durch (3.6). Da F^λ nichtnegativ ist, ist die Lösung von Gleichung (3.17) gegeben durch (3.7), das heißt wir haben

$$\bar{\lambda} = \frac{1}{x} = \frac{1}{\frac{r + \sqrt{r^2 + 4}}{2(r+1)}} = \frac{2(r+1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}}.$$

Damit erhalten wir Gleichung (3.10), denn

$$\liminf_{M \rightarrow \infty} \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{K}_M) \geq \liminf_{M \rightarrow \infty} \sup\{\lambda \mid F^\lambda < 1\} = \frac{2(r+1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}}.$$

Somit ist Proposition 3.7 bewiesen.

3.5. Beweise

Rückblick

Um nach diesen langen Beweisen den Überblick wieder herzustellen, fassen wir die Ergebnisse kurz zusammen. Wir sind nun auch in der Lage, explizitere Ausdrücke für die Schranken U und L anzugeben.

Sei ein Verhältnis $r = \alpha/\beta$ gegeben und $\beta < 1$. Sei α so gewählt, dass $\lambda = \alpha + \beta > 1$ und $\alpha + \beta^2 < 1$. Nach Beobachtung 3.5 impliziert auf der Big World schwaches Überleben des Kontaktprozesses schwaches Überleben des Branching Random Walk. Aus dem Beweis von Proposition 3.6 geht hervor, dass für hinreichend große m auch die umgekehrte Implikation gilt. Wir können also

$$U := \lambda_1^{\zeta_t} = \lambda_1^{B_t}$$

setzen. Die Aussage von Proposition 3.6 selbst gibt uns dann $U < \lambda$. Aus dem Beweis von Proposition 3.7 entnehmen wir, dass – wieder für hinreichend große m – durch

$$L := \frac{2(r+1)}{r + \sqrt{r^2 + 4}}$$

eine geeignete Wahl für die untere Schranke des kritischen Werts für starkes Überleben getroffen werden kann. Denn es ist $L < \lambda_2^{\zeta_t}(\mathcal{B}_m)$ und nach Beobachtung 3.5 damit $L < \lambda_2^{B_t}(\mathcal{B}_m)$. Proposition 3.7 liefert dann $\lambda < \lambda_2^{B_t}$. Wir erhalten also, dass es zu gegebenem β ein α gibt, so dass

$$\lambda_1 < \lambda < \lambda_2.$$

Das bedeutet, dass zwei Phasenübergänge für den Kontaktprozess auf der Big World existieren.

3.5.2. Beweis von Satz 3.2

Gleichung (3.3) erhalten wir aus den (noch zu beweisenden) sub- beziehungsweise supermultiplikativen Beziehungen

$$\mathbb{E}[|B_{t+s}^0|] \leq \mathbb{E}[|B_t^0|] \mathbb{E}[|B_s^0|] \quad (3.18)$$

und

$$\mathbb{E}[|B_{t+s}^0|] \geq C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|] \mathbb{E}[|B_s^0|] \quad (3.19)$$

für ein positives C_1 . Durch Logarithmieren dieser Größen erhalten wir sub- beziehungsweise superadditive Beziehungen, aus denen wir mithilfe des Lemmas von Fekete (siehe [15]) die gewünschten Wachstumsschranken erhalten. Der

3.5. Beweise

Weg über die Sub- beziehungsweise Superadditivität ist insbesondere deshalb vorteilhaft, weil wir aus diesen Beziehungen die Unter- und Oberhalbstetigkeit der Funktion $\lambda \mapsto C_2(\lambda)$ erhalten, woraus $C_2(\lambda_1) = 0$ folgt, die dritte der behaupteten Implikationen.

Um Gleichung (3.19) zu beweisen, müssen wir erst noch etwas Vorarbeit leisten. Wir beginnen mit einer allgemeinen Aussage über Bäume mit Knotengrad 3.

Lemma 3.10. *Sei T_r^3 der gewurzelte Binärbaum, in dem die Wurzel Grad 1 hat und alle anderen Knoten Grad 3. T^3 habe I infizierte Knoten. Dann gibt es mindestens $I + 2$ Kopien von T_r^3 , die höchstens die Wurzel als gemeinsamen Knoten haben und deren einziger infizierter Knoten die Wurzel ist.*

Beweis. Wir verfahren per Induktion über I . Sei zunächst $I = 1$. Wenn jeder Knoten drei Kanten besitzt, so gilt dies insbesondere für den einzigen infizierten Knoten. Diese bildet somit eine Wurzel für $3 = I + 2$ T_r^3 -Bäume, die bis auf die Wurzel disjunkt sind und außer der Wurzel keinen infizierten Knoten haben.

Für den Induktionsschritt überlegen wir uns, was passiert, wenn ein weiterer Knoten infiziert wird. Dabei können zwei verschiedene Fälle eintreten. Sei $I > 1$. Im ersten Fall befindet sich der zusätzlich infizierte Knoten in einem der disjunkten T_r^3 mit der Wurzel als einzigem infizierten Knoten. Dieser ist dann kein T_r^3 mehr, bei dem nur die Wurzel infiziert ist. Dafür ist der neue Knoten infizierte Wurzel für ansonsten disjunkte T_r^3 . Wir haben in diesem Fall einen T_r^3 verloren und zwei neue hinzugewonnen. Hatten wir also I infizierte Knoten und mindestens $I + 2$ geeignete T_r^3 , so sind es nun $I + 1$ infizierte Knoten und mindestens $(I + 2) - 1 + 2 = (I + 1) + 2$ geeignete T_r^3 .

Im zweiten Fall wird ein Knoten infiziert, der durch infizierte Knoten „eingekesselt“ ist. In diesem Fall bekommen wir zwar einen infizierten Knoten hinzu, aber an der Zahl der vorhandenen T_r^3 ändert sich nichts. Wir müssen also herausfinden, dass in diesem Fall genug T_r^3 vorhanden sind, um dies zu kompensieren. Überlegen wir, wie ein solcher Teilgraph von eingekesselten Knoten aussieht. Angenommen, der Teilgraph hat E Knoten. Diese sind untereinander über $E - 1$ Kanten verbunden. Da jede Kante zwei Knoten bindet, sind also $2E - 2$ Kanten belegt. Es bleiben $3E - (2E - 2) = E + 2$ Kanten, die zu infizierten Knoten führen müssen. Anders ausgedrückt: Gibt es einen solchen Teilgraphen, so gibt es mindestens $E + 2$ infizierte Knoten. Das wiederum bedeutet, dass es mindestens $2E + 4$ disjunkte T_r^3 gibt. (Befinden sich in diesen T_r^3 weitere infizierte Knoten, so wissen wir nach dem ersten Fall, dass sich die Anzahl an T_r^3 höchstens erhöht.) Gehen wir von dem schlechtesten Fall aus, dass es genau $I = E + 2$ infizierte Knoten gibt. Wir können also E Knoten infizieren, die keine weiteren T_r^3 erzeugen, und haben trotzdem noch mindestens $I + 2$ disjunkte T_r^3 . Denn

3.5. Beweise

dann haben wir $I + E = 2E + 2$ infizierte Knoten und $2E + 4$ disjunkte T_r^3 . E ist aber die Anzahl der eingekesselten Knoten. Das beendet die Induktion. \square

Folgerung 3.11. Unter Voraussetzungen wie in Lemma 3.10 gibt es bei I infizierten Knoten mindestens $(I + 2)/3$ *komplett disjunkte* T_r^3 , deren einziger infizierter Knoten die Wurzel ist. Denn es können höchstens drei T_r^3 eine gemeinsame Wurzel haben, da der Knotengrad gleich 3 ist. Wenn wir jeweils – wo überhaupt drei eine gemeinsame Wurzel haben – nur einen dieser T_r^3 behalten, so haben die verbleibenden $(I + 2)/3$ Teilbäume keinen Knoten mehr gemeinsam.

Wir sind an der Anzahl der Partikel zur Zeit $t + s$ interessiert. Da der Kontaktprozess ein Markovprozess ist, können wir die Menge infizierter Knoten zur Zeit t als Initialmenge betrachten und den Kontaktprozess von neuem starten und die Infektionen zur Zeit s betrachten. In dieser Initialmenge werden im Allgemeinen infizierte Knoten sitzen, die über alle ihre Kanten an Teilgraphen der Big World angebunden sind, die infizierte Knoten enthalten. Diese infizierten Knoten werden höchstens dann zur Verbreitung der Infektion beitragen, wenn sie die Infektionen in einen Teilgraphen tragen, in dem die Infektion, die von infizierten Knoten in diesem Teilgraphen ausgeht, ausstirbt. Dieses Szenario ist aber nicht handhabbar. Daher suchen wir jene infizierten Knoten in dieser Initialmenge, die wenigstens über eine Kante mit einem Teilgraphen der Big World verbunden sind, der keine infizierten Knoten enthält. Das folgende Lemma 3.12 gibt Auskunft über die Mindestgröße dieser Teilmenge. Auf dieser Grundlage können wir dann eine gewisse Anzahl disjunkter Kontaktprozesse mit einelementiger Initialmenge auf diesen Teilgraphen betrachten.

Ein infizierter Knoten kann entweder über eine Kante zu einem nächsten Nachbarn mit einem solchen nicht infizierten Teilgraphen verbunden sein, oder über eine Kante zu einem entfernten Nachbarn. Somit gibt es auch nur zwei Strukturen für diese Teilgraphen. Genauer gilt

Lemma 3.12. *Sei $B \subset \mathcal{B}_m$ eine endliche Teilmenge infizierter Knoten. Dann gibt es eine Teilmenge $D \subset B$ mit $|D| \geq \frac{1}{c_d} |B|$ (wobei d die Dimension der Big World ist), so dass jedes $x \in D$ entweder (a) benachbart ist zu einer nicht infizierten Kopie von \mathcal{B}_m^+ mit x auf $-(0)$, oder (b) benachbart ist zu einer nicht infizierten Kopie von $\mathcal{B}_m^+ \cup \{-(0)\}$ mit x auf einem Knoten, der nächster Nachbar ist von $-(0)$.*

Bemerkung 3.13. Bei dem nächsten Nachbarn von $-(0)$ kann ohne Einschränkung angenommen werden, dass es sich um $-(1)$ handelt.

Beweis. Wir betten einen T_r^3 in die Big World ein und verwenden Lemma 3.10. Sei zunächst $d = 1$. Bereits für $m = 1$ hat jeder Knoten in \mathcal{B}_m zwei nächste

3.5. Beweise

Nachbarn und einen entfernten Nachbarn. Für jedes $m \geq 1$ hat also jeder Knoten mindestens drei Nachbarn, zu denen eine Kante besteht, und damit den Knotengrad größer oder gleich 3. Somit können wir T^3 in die Big World einbetten.

Sei B eine Menge infizierter Knoten aus \mathcal{B}_m . Dann gibt es nach Folgerung 3.11 $(|B| + 2)/3$ komplett disjunkte T_r^3 . Sei D die Menge der infizierten Wurzelknoten dieser T_r^3 . Dann haben wir

$$|D| = \frac{1}{3} (|B| + 2) \geq \frac{1}{3} |B|,$$

womit durch $c_d = c_1 = 3$ die behauptete Beziehung zwischen den Mengen B und D gegeben ist.

Falls eine (infizierte) Wurzel, das heißt ein $x \in D$, und ihr (einziges) Kind entfernte Nachbarn sind, so bildet der (nicht infizierte) T^3 , der zusammen mit x ein T_r^3 ist, eine Kopie von \mathcal{B}_m^+ und wir befinden uns in Situation (a). Sind sie nächste Nachbarn, so übernimmt das Kind von x die Rolle von $-(0)$ in einer nicht infizierten Kopie von \mathcal{B}_m^+ und wir befinden uns in Situation (b).

Da mit Erhöhung von d die Anzahl direkter Nachbarn höchstens steigt, haben wir für alle d die Möglichkeit zur Einbettung von T^3 . Wir betrachten dennoch den Fall $d = 2$ explizit, um eine Ahnung davon zu bekommen, wie sich der Wert von c_d dabei ändert.

Für $d = 2$ hat ein Knoten die Gestalt

$$(z_1, \dots, z_n) = \left((z_{11}, z_{12}), \dots, (z_{n1}, z_{n2}) \right), \quad z_{ij} \in \mathbb{Z}.$$

Das heißt jede Komponente eines Knotens ist ein Element der Ebene. Für die Nachbarschaftsbeziehungen ist nun jeweils nur die letzte Komponente ausschlaggebend (beziehungsweise für den entfernten Nachbarn auch die vorletzte). Wir betrachten den Punkt $+(0, 0)$. Dieser hat vier direkte nächste Nachbarn: $+(1, 0)$, $+(-1, 0)$, $+(0, 1)$ und $+(0, -1)$. An der Seite des Knotens $+(1, 0)$ gehen wir wie folgt weiter. Wir verbinden die Knoten $+(k, 0)$, $k \geq 1$, mit $+(k+1, 0)$ und $+(k, 1)$. Hingegen verbinden wir Knoten $+(k, j)$, $j \geq 1$ nur mit $+(k, j+1)$.

Analog kann diese Art der Verbindung in die Richtungen der anderen drei Knoten fortgeführt werden. Dann hat jeder Knoten mindestens Grad 2. Nehmen wir nun noch jeweils den entfernten Nachbarn hinzu, hat jeder Knoten mindestens Grad 3.

Somit haben wir eine passende Topologie für die erste Komponente, also die erste Ebene gefunden. Über die Kante zum entfernten Nachbarn gelangt man nun zu Knoten der Form $+(k, j), (0, 0)$, wo man das Vorgehen wiederholt für

3.5. Beweise

die zweite Ebene. So kann also der unendliche T_3 in die Big World mit $d = 2$ eingebettet werden.

Wählt man wieder eine Menge D infizierter Wurzelknoten, so folgt, wie oben, dass die Knoten in D entweder wie in (a) oder (b) positioniert sind.

Der größte vorhandene Knotengrad ist dabei 5, zum Beispiel hat der Knoten $+((0, 0))$ vier nächste Nachbarn und einen entfernten Nachbarn. Jeder Knoten in D ist somit Wurzel von höchstens 5 T_r^3 . Behält man nur einen davon, so bleibt ein T_r^3 übrig, der zu jedem anderen vorhandenen T_r^3 disjunkt ist. Analog zu obiger Folgerung heißt das, dass $c_2 = 5$ ist. Möglicherweise ist es ein wenig kleiner, aber wir müssen von dem schlechtesten Fall ausgehen, dass sich in D ausschließlich Knoten mit Grad 5 befinden. \square

Wie wir gesehen haben, erhalten wir bei $d > 1$ einen Baum mit variablem Kantengrad. Der größte Kantengrad ist schließlich ausschlaggebend für den Wert von c_d . Wir können festhalten, dass $c_d \geq 3$ für alle $d = 1, 2, \dots$. Im weiteren genügt uns aber die Existenz von c_d .

Wir sind nun soweit, Gleichung (3.19) nachzuweisen.

Lemma 3.14. *Für den Kontaktprozess B_t^0 auf \mathcal{B}_m gibt es ein C_1 , so dass*

$$\mathbb{E}[|B_{t+s}^0|] \geq C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|] \mathbb{E}[|B_s^0|].$$

Beweis. Zum Zeitpunkt t gibt es $|B_t^0|$ infizierte Knoten. Aufgrund der Markoveigenschaft können wir den Prozess neu starten mit diesen Partikeln als Initialmenge. Nach Lemma 3.12 gibt es eine Menge D infizierter Knoten, die die Infektion in disjunkte Kopien von \mathcal{B}_m^+ oder $\mathcal{B}_m^+ \cup \{-(0)\}$ verbreiten, mit $|D| \geq |B_t^0|/c_d$ für ein positives c_d . Auch wenn es sich um eine Kopie von $\mathcal{B}_m^+ \cup \{-(0)\}$ handelt, werden wir im Folgenden nur die Anzahl an Partikeln in \mathcal{B}_m^+ zählen, und zwar verwenden wir die Bezeichnung $|B_t^{+,-(j)}|$, $j = 0, 1$, für die Anzahl der Partikel in \mathcal{B}_m^+ , wenn der Prozess mit einem einzelnen Partikel auf $-(j)$ gestartet ist. Da wir im einzelnen nicht entscheiden können, ob ein $x \in D$ auf $-(0)$ oder $-(1)$ sitzt (relativ zu der Kopie von \mathcal{B}_m^+), betrachten wir jeweils die kleinere der beiden möglichen Mengen.

Da $|D|$ ganzzahlig ist, gilt sogar

$$|D| \geq \left\lceil \frac{1}{c_d} |B_t^0| \right\rceil.$$

Da wir die Partikel in disjunkten Kopien zählen, erhalten wir aus der Additivität des Kontaktprozesses

$$|B_{t+s}^0| \geq \sum_{i=1}^{\left\lceil \frac{1}{c_d} |B_t^0| \right\rceil} \min\left\{|B_s^{+,-(0)}(i)|, |B_s^{+,-(1)}(i)|\right\},$$

3.5. Beweise

wobei $|B_t^{+,-(j)}(i)|$ die Anzahl Partikel in der Kopie von \mathcal{B}_m^+ bezeichne, wenn der Prozess mit einem Partikel dem i -ten Knoten aus D startet. Sei

$$M_t := \min \left\{ \mathbb{E} \left[|B_t^{+,-(0)}| \right], \mathbb{E} \left[|B_t^{+,-(1)}| \right] \right\}.$$

Da die Anzahl der Summanden und die Summanden selbst unabhängige Größen sind, und die Summanden identisch verteilt sind, ergibt sich mit der Wald'schen Identität

$$\mathbb{E} \left[|B_{t+s}^0| \right] \geq \frac{1}{c_d} \mathbb{E} \left[|B_t^0| \right] M_s.$$

Wir zeigen nun, dass es ein $C > 0$ gibt mit $M_s \geq C \mathbb{E} \left[|B_s^0| \right]$. Mit Wahl von $C_1 := C/c_d$ ist dann das Lemma bewiesen.

Zunächst beobachten wir, dass

$$\mathbb{E} \left[|B_t^{+,\{0,-0\}}| \right] = \frac{1}{2} \mathbb{E} \left[|B_t^{\{0,-0\}}| \right]. \quad (3.20)$$

Dies folgt daraus, dass die Big World symmetrisch ist in dem Sinne, dass B_m^- derselbe Graph ist wie B_m^+ , nur dass vor jedem Knoten ein „-“ steht, und dass die Initialmenge gerade aus den Ursprungsknoten der beiden Teilgraphen besteht.

Startet der Prozess mit dem infizierten Knoten $-(1)$, so erreicht er einen Zustand, in dem $+(0)$ und $-(0)$ infiziert sind, indem im ersten Schritt $-(0)$ infiziert wird (dies geschieht mit Wahrscheinlichkeit $\alpha/(2m+1)^d$), und im zweiten Schritt $-(0)$ sich selbst infiziert (dies geschieht ebenfalls mit Wahrscheinlichkeit $\alpha/(2m+1)^d$) und $+(0)$ infiziert (mit Wahrscheinlichkeit β). In beiden Schritten können weitere Knoten infiziert werden. Wenn wir diese möglichen Infektionen nicht beachten, erhalten wir folgende Ungleichung:

$$\begin{aligned} \mathbb{E} \left[|B_t^{+,-1}| \right] &\geq \frac{\alpha}{(2m+1)^d} \cdot \beta \cdot \frac{\alpha}{(2m+1)^d} \cdot \mathbb{E} \left[|B_{t-2}^{+,\{0,-0\}}| \right] \\ &= \beta \cdot \frac{\alpha^2}{(2m+1)^{2d}} \cdot \mathbb{E} \left[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}| \right]. \end{aligned}$$

Starten wir in $-(0)$, so können wir genauso das Ereignis betrachten, dass im ersten Schritt $-(0)$ sich selbst infiziert, und im zweiten Schritt erneut sich selbst und $+(0)$. Damit erhalten wir analog die Ungleichung

$$\mathbb{E} \left[|B_t^{+,-0}| \right] \geq \beta \cdot \frac{\alpha^2}{(2m+1)^{2d}} \cdot \mathbb{E} \left[|B_{t-2}^{+,\{0,-0\}}| \right].$$

3.5. Beweise

Mit Gleichung (3.20) erhalten wir für $j \in \{0, 1\}$

$$\mathbb{E}[|B_t^{+,-j}|] \geq \frac{\beta}{2} \cdot \frac{\alpha^2}{(2m+1)^{2d}} \cdot \mathbb{E}[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}|]. \quad (3.21)$$

Ein einzelner Knoten infiziert in einem Schritt im Mittel λ Knoten. Daraus erhalten wir

$$\mathbb{E}[|B_t^0|] \leq \lambda^2 \mathbb{E}[|B_{t-2}^0|] \leq \lambda^2 \mathbb{E}[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}|]. \quad (3.22)$$

Dabei ergibt sich die erste Ungleichung daraus, dass im Kontaktprozess keine multiplen Infektionen möglich sind, und die zweite daraus, dass wir die Initialmenge vergrößert haben.

Wir können nun die mittlere Anzahl der Partikel in den Kopien von \mathcal{B}_m^+ vergleichen mit der mittleren Anzahl an Partikeln im gesamten Graphen. Es ist

$$\begin{aligned} \frac{\mathbb{E}[|B_t^{+,-j}|]}{\mathbb{E}[|B_t^0|]} &\geq \frac{\mathbb{E}[|B_t^{+,-j}|]}{\lambda^2 \mathbb{E}[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}|]} && \text{(nach (3.22))} \\ &\geq \frac{\frac{\beta}{2} \cdot \frac{\alpha^2}{(2m+1)^{2d}} \cdot \mathbb{E}[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}|]}{\lambda^2 \mathbb{E}[|B_{t-2}^{\{0,-0\}}|]} && \text{(nach (3.21))} \\ &= \frac{\beta}{2} \left(\frac{\alpha}{\lambda(2m+1)^d} \right)^2, \end{aligned}$$

und damit

$$\liminf_{t \rightarrow \infty} \frac{\mathbb{E}[|B_t^{+,-j}|]}{\mathbb{E}[|B_t^0|]} \geq \frac{\beta}{2} \left(\frac{\alpha}{\lambda(2m+1)^d} \right)^2.$$

Da diese Ungleichung für $j \in \{0, 1\}$ gilt, folgt für hinreichend große s , dass

$$\frac{M_s}{\mathbb{E}[|B_s^0|]} \geq \frac{\beta}{2} \left(\frac{\alpha}{\lambda(2m+1)^d} \right)^2 =: C > 0,$$

und damit

$$M_s \geq CE[|B_s^0|]. \quad \square$$

Mit dieser Vorarbeit beschließen wir nun den Beweis von Satz 3.2. Mit der Markov-Eigenschaft und der Additivität des Kontaktprozesses ergibt sich

$$B_{t+s}^0 = \bigcup_{x \in B_t^0} B_s^x.$$

Die Big World ist so beschaffen, dass ein beliebiger Knoten als Ursprung betrachtet werden kann. (Das ist die *Transitivität* der Big World. Aufgrund der

3.5. Beweise

Unendlichkeit von \mathcal{B}_m müssen wir dazu nur den gesamten Graphen mit dem Ursprung auf x schieben, um den entsprechenden Automorphismus auf \mathcal{B}_m zu finden.) Aus obiger Gleichung erhalten wir daher

$$|B_{t+s}^0| \leq \sum_{x \in B_t^0} |B_s^0|.$$

Wieder mit der Wald'schen Identität folgt daraus

$$\mathbb{E}[|B_{t+s}^0|] \leq \mathbb{E}[|B_t^0|] \mathbb{E}[|B_s^0|].$$

Durch Logarithmieren erhalten wir die subadditive Beziehung

$$\log \mathbb{E}[|B_{t+s}^0|] \leq \log \mathbb{E}[|B_t^0|] + \log \mathbb{E}[|B_s^0|],$$

und nach Feketes Lemma existiert dann

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log \mathbb{E}[|B_t^0|] = \inf_{t > 0} \frac{1}{t} \log \mathbb{E}[|B_t^0|] =: C_2. \quad (3.23)$$

Dies liefert die behauptete untere Schranke in Gleichung (3.3), denn für alle $t > 0$ gilt

$$\exp(C_2 t) = \exp\left(t \inf_{s > 0} \frac{1}{s} \log \mathbb{E}[|B_s^0|]\right) \leq \exp\left(t \frac{1}{t} \log \mathbb{E}[|B_t^0|]\right) = \mathbb{E}[|B_t^0|].$$

Mit Lemma 3.14 und Superadditivität erhalten wir analog die Existenz von

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log\left(C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|]\right) = \sup_{t > 0} \frac{1}{t} \log\left(C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|]\right). \quad (3.24)$$

Nun ist aber

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{t} \log\left(C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|]\right) = \lim_{t \rightarrow \infty} \left(\frac{\log C_1}{t} + \frac{\log \mathbb{E}[|B_t^0|]}{t}\right) = C_2, \quad (3.25)$$

was uns die obere Schranke in Gleichung (3.3) gibt:

$$\begin{aligned} \frac{1}{C_1} \exp(C_2 t) &= \frac{1}{C_1} \exp\left(t \sup_{s > 0} \frac{1}{s} \log\left(C_1 \mathbb{E}[|B_s^0|]\right)\right) \\ &\geq \frac{1}{C_1} \exp\left(t \frac{1}{t} \log C_1 \mathbb{E}[|B_t^0|]\right) = \mathbb{E}[|B_t^0|]. \end{aligned}$$

Damit ist die erste Aussage von Satz 3.2 bewiesen. Es bleibt der Einfluss von λ auf C_2 zu untersuchen.

3.5. Beweise

Sei zunächst $\lambda > \lambda_1$. Dann gilt $\mathbb{P}(\exists t_0 \geq 0 : |B_t^0| = 0 \text{ für alle } t \geq t_0) < 1$ und damit

$$\mathbb{P}(|B_t^0| \geq 1 \text{ für alle } t \geq 0) > 0.$$

Unter dieser Bedingung gilt $\mathbb{P}(\lim_{t \rightarrow \infty} |B_t^0| = \infty) = 1$. $\mathbb{E}[|B_t^0|]$ wird also bei wachsendem t beliebig groß. Aufgrund der oberen Schranke in Gleichung (3.3) folgt, dass dann auch $\exp(C_2 t)$ gegen Unendlich gehen muss. Dies aber ist gleichbedeutend mit $C_2 > 0$, denn für $C_2 \leq 0$ bleibt $\exp(C_2 t) \leq 1$ für alle $t \geq 0$.

Sei nun $\lambda < \lambda_1$. Das Modell mit infizierten Knoten, die einige ihrer Nachbarn infizieren, kann man auch durch ein Kantenperkolationsmodell ausdrücken, bei dem wir jede Kante mit Wahrscheinlichkeit p erhalten und mit Wahrscheinlichkeit $1 - p$ zerstören. Als Anwendung von Ergebnissen über Phasenübergänge in Perkolationsmodellen finden wir in [1], Seite 521, Theorem 8.1.i), folgende Aussage. Sei t_x die Gesamtzeit, die der Knoten x infiziert ist. Für den Kontaktprozess in diskreter Zeit, der mit einer einelementigen Initialmenge startet, gilt dann im subkritischen Fall $\sum_x \mathbb{E}[t_x] < \infty$. Dann muss aber auch

$$\sum_{t \geq 0} \mathbb{E}[|B_t^0|] < \infty$$

gelten. Das heißt, es muss $\mathbb{E}[|B_t^0|]$ gegen null gehen. Wegen der unteren Abschätzung in Gleichung (3.3) muss in diesem Fall auch $\exp(C_2 t)$ gegen null gehen. Dazu muss aber $C_2 < 0$ sein.

Schließlich betrachten wir den Fall $\lambda = \lambda_1$. Die Funktion

$$\lambda \mapsto \frac{1}{t} \log \mathbb{E}[|B_t^0|]$$

ist eine stetige Funktion in $\lambda > 0$. Mit den Gleichungen (3.23) und (3.24) zusammen mit (3.25) folgt, dass die Funktion $\lambda \mapsto C_2(\lambda)$ unter- und oberhalbstetig ist, also stetig. Da wir bereits wissen, dass diese Funktion links von λ_1 kleiner als 0 ist, und rechts von λ_1 größer als 0, folgt aus dieser Stetigkeit, dass $C_2 = 0$ ist, wenn $\lambda = \lambda_1$.

3.5.3. Beweis von Satz 3.3

Um das Verhalten des Kontaktprozesses auf der Small World und der Big World zu vergleichen, müssen wir eine Beziehung zwischen den beiden Graphen herstellen. Wie angekündigt, beschreiben wir dazu nun eine geeignete Abbildung.

Gegeben eine Realisierung von \mathcal{S}_m^R , zeichnen wir ein Element von \mathcal{S}_m^R aus, auf das der Knoten $+(0)$ von \mathcal{B}_m abgebildet wird. Die Kante zum entfernten Nachbarn von $+(0)$ identifizieren wir mit der Kante zum entfernten Nachbarn

3.5. Beweise

des ausgezeichneten Elements in \mathcal{S}_m^R . Die weiteren Knoten von \mathcal{B}_m werden ebenso entsprechend der Nachbarschaftsbeziehungen, also entsprechend der Kanten zu den entfernten und nächsten Nachbarn, mit den Knoten von \mathcal{S}_m^R identifiziert. Beispielsweise werden im Fall $m = 1$ die Knoten $+(1)$ und $+(-1)$ auf die direkten Nachbarn links und rechts von dem in \mathcal{S}_m^R ausgezeichneten Element abgebildet. Allgemeiner gilt: Sind in der Big World zwei Knoten *auf derselben Ebene* k -Nachbarn, so sind ihre Bilder in der Small World ebenfalls k -Nachbarn. Distanzen über mehrere Ebenen hinweg können nicht erhalten werden, da die Big World ein unendlicher, die Small World hingegen ein endlicher Graph ist.

Die entscheidende Beobachtung ist nun, dass wenn man die Abbildung der Knoten sukzessive vornimmt, beginnend mit $+(0)$, erst nachdem man eine gewisse Anzahl Knoten in die Small World abgebildet hat, ein Knoten der Big World auf einen Knoten der Small World abgebildet wird, auf den schon ein anderer Knoten abgebildet wurde. Wir sagen dann, es trete eine *Selbstüberschneidung* der Big World ein. Man kann dies auch so ausdrücken, dass es innerhalb einer Distanz K , wieder gemessen als Anzahl der Kanten zwischen zwei Knoten, keine Selbstüberschneidung auftritt. Schränken wir die Abbildung auf die Menge der Knoten innerhalb Distanz K ein, so ist die Abbildung bijektiv. Innerhalb dieser Distanz (oder auch Radius) können wir also die Big World und die Small World als gleich betrachten. Statt der $+(0)$ könnte man diese Identifizierung auch von einem anderen beliebigen Knoten der Small World starten. Daher gilt das eben Gesagte für einen beliebigen Knoten der Big World beziehungsweise Small World.

Keine Selbstüberschneidung innerhalb eines Radius K ist gleichbedeutend damit, dass es in der Small World keinen Zyklus der Länge $2K$ gibt, der die Null enthält. Wir wollen zunächst überlegen, wie sich die Wahrscheinlichkeit für solche Selbstüberschneidungen asymptotisch in R verhält. Wir verwenden dafür folgende

Sprechweise: Ein Knoten x heie *gut*, wenn Big und Small World innerhalb eines vorgegebenen Radius K identisch sind, das heit wenn es keine Selbstüberschneidung gibt. Andernfalls heie er *schlecht*.

Damit formulieren wir das folgende Lemma, das auch zum Beweis von Satz 3.4 von Nutzen sein wird.

Lemma 3.15. *Sei x ein Knoten der Big World und ein Radius K vorgegeben. Dann gilt*

$$\mathbb{P}(x \text{ ist nicht gut}) \rightarrow 0 \quad (R \rightarrow \infty).$$

3.5. Beweise

Beweis. Bezeichne N_K die Anzahl Knoten in der Big World innerhalb Radius K um x . Wir zeigen, dass die Wahrscheinlichkeit, dass x nicht gut ist, nach oben abgeschätzt werden kann durch N_K^3/R^d . Dieser Ausdruck geht gegen null für $R \rightarrow \infty$, was das Lemma beweist.

Wir gehen so vor, dass wir zunächst x und seine nächsten Nachbarn betrachten, die Kugel langsam um x bis zum Radius K wachsen lassen, und in drei Schritten abschätzen, wie groß die Wahrscheinlichkeit für Selbstüberschneidung ist.

Bezeichne x' den Knoten in der Small World, auf den x abgebildet wird. Wir bilden zunächst die nächsten Nachbarn von x ab und nehmen dann den entfernten Nachbarn hinzu. Dies führt zu einer Selbstüberschneidung, wenn der entfernte Nachbar von x' gleichzeitig ein nächster Nachbar von x' innerhalb Distanz K zu x' ist. Dann wird der entfernte Nachbar von x auf einen nächsten Nachbarn von x' abgebildet. Aber auf diesen Knoten wird ja bereits ein nächster Nachbar von x abgebildet.

Da uns Abschätzungen nach oben genügen, können wir aber gröber vorgehen. Die Anzahl der nächsten Nachbarn in Distanz K ist kleiner als N_K und die Small World hat R^d Knoten. Die Wahrscheinlichkeit, dass der entfernte Nachbar auf einen bereits besetzten Knoten abgebildet wird, ist damit höchstens N_K/R^d .

Nun nehmen wir die nächsten Nachbarn des entfernten Nachbarn von x hinzu. Für jeden dieser nächsten Nachbarn können wir wie oben argumentieren und die Wahrscheinlichkeit für eine Selbstüberschneidung bei Hinzufügen eines nächsten Nachbarn nach oben abschätzen durch N_K/R^d . (Für den ersten, den wir hinzufügen, ist die Wahrscheinlichkeit, eine Kollision zu verursachen, kleiner als für den nächsten, und so weiter, weil jeweils ein Knoten mehr besetzt wird, auf den man sich doppelt setzen könnte. Es können aber nie mehr als N_K solcher Knoten, auf die man sich eventuell doppelt setzt, vorhanden sein.) Auch hier ersetzen wir die Anzahl zu betrachtender nächster Nachbarn durch die obere Schranke N_K . Damit erhalten wir, dass die Wahrscheinlichkeit, dass der entfernte Nachbar von x oder einer von dessen nächsten Nachbarn eine Selbstüberschneidung verursacht, höchstens

$$N_K \frac{N_K}{R^d} = \frac{N_K^2}{R^d}$$

beträgt. Da sich innerhalb des Radius K in der Big World N_K Knoten befinden, müssen wir diese Wahrscheinlichkeit für höchstens N_K hinzuzufügende Knoten in Betracht ziehen, was zu einer Gesamtwahrscheinlichkeit von höchstens N_K^3/R^d führt. Wir fassen zusammen:

$$\mathbb{P}(x \text{ ist nicht gut}) \leq \frac{N_K^3}{R^d} \rightarrow 0 \quad (R \rightarrow \infty). \quad \square$$

3.5. Beweise

Nun kommen wir zum eigentlichen Beweis von Satz 3.3. Wir beginnen mit der ersten Behauptung von Teil (a).

Sei ξ_t^0 der Kontaktprozess auf \mathcal{S}_m^R , der mit einem Partikel auf dem ausgezeichneten Element startet. Gegeben eine Realisierung von \mathcal{S}_m^R , starten wir die beiden Prozesse jeweils im Ursprungspunkt ihres Graphen und lassen sie gekoppelt ablaufen. Das bedeutet, dass für ein $x \in \mathcal{B}_m$, das auf $x' \in \mathcal{S}_m^R$ abgebildet wird, gilt: Sind Bild und Urbild infiziert, und infiziert x einen seiner Nachbarn, so infiziert auch x' denjenigen seiner Nachbarn, der das Bild des ersteren ist.

Jede Infektion in ξ_t^0 ist somit eine Infektion in B_t^0 . Da \mathcal{B}_m im Gegensatz zu \mathcal{S}_m^R unendlich ist, gilt die Umkehrung davon nicht. Daher kann es sein, dass in der Big World zwei oder mehr Knoten infiziert sind, die auf denselben Knoten in der Small World abgebildet werden. Diese werden in ersterem Graphen mehrfach gezählt, in letzterem aber nur einmal. Daraus folgt, dass $|\xi_t^0| \leq |B_t^0|$, womit wir die stochastische Beschränktheit erhalten: $\mathbb{P}(\tau_S \leq \tau_B) = 1$.

Wir kommen nun zur Konvergenz in Verteilung. Sei

$$G_{R,K} = \{\text{In } \mathcal{S}_m^R \text{ gibt es keinen Zyklus der Länge } 2K, \text{ welcher } 0 \text{ enthält}\}.$$

Es gilt für K fest nach Lemma 3.15

$$\mathbb{P}(G_{R,K}) = \mathbb{P}(x \text{ ist gut}) = 1 - \mathbb{P}(x \text{ ist nicht gut}) \rightarrow 1 \quad (R \rightarrow \infty).$$

Für jedes K und $\varepsilon > 0$ gibt es also ein R_0 , so dass für alle $R \geq R_0$ gilt

$$\mathbb{P}(G_{R,K}) > 1 - \varepsilon. \quad (3.26)$$

Tritt $G_{R,K}$ ein, so bedeutet das, dass keine zwei Knoten innerhalb Distanz K zu $+(0)$ in \mathcal{B}_m identifiziert werden. Wie bereits bemerkt heißt das, dass wir die in diesem Bereich zugrundeliegende Big World und Small World als gleich betrachten können, also sind wegen ihrer Kopplung auch B_t^0 und ξ_t^0 in diesem Bereich gleich. Wegen Ungleichung (3.26) ist somit auch

$$\mathbb{P}(B_t^0 = \xi_t^0 \text{ für alle } t \leq K) > 1 - \varepsilon,$$

also

$$\mathbb{P}(\tau_s \leq k) = \mathbb{P}(\tau_B \leq k) \quad \text{für } k \leq K.$$

Da dies für jedes K gilt, wenn nur R genügend groß ist, folgt daraus auch

$$\mathbb{P}(\tau_s \leq k) \rightarrow \mathbb{P}(\tau_B \leq k) \quad (R \rightarrow \infty).$$

Für Teil (b) müssen wir ein zweites Ereignis, $\{0 \in B_t^0\}$ beziehungsweise $\{0 \in \xi_t^0\}$, betrachten. Es kann passieren, dass $+(0)$ von einem Knoten infiziert

3.5. Beweise

wird, der außerhalb Radius K liegt, so dass $G_{R,K}$ nicht eintritt und durch die Kopplung der beiden Prozesse nicht auch die 0 in \mathcal{S}_m^R infiziert sein muss. Daraus folgt

$$\mathbb{P}(0 \in \xi_t^0) \leq \mathbb{P}(0 \in B_t^0).$$

Wieder mittels Ungleichung (3.26) erhalten wir, dass wir für $R \rightarrow \infty$ den Radius K beliebig groß wählen können, das heißt

$$\mathbb{P}(0 \in \xi_t^0) \rightarrow \mathbb{P}(0 \in B_t^0) \quad (R \rightarrow \infty).$$

Zusammen mit Teil (a) ergeben sich damit die behaupteten Beziehungen für σ_S und σ_B .

3.5.4. Beweis von Satz 3.4

In diesem letzten Beweis müssen wir mehrmals abschätzen, wie groß die Wahrscheinlichkeit ist, dass gegeben eine gewisse Anzahl Partikel, diese im nächsten Schritt unter einen bestimmten Wert fällt beziehungsweise diesen überschreitet. Dazu können wir sehr grob vorgehen und nur betrachten, wieviele Knoten von einem einzigen infizierten Knoten infiziert werden. Diese Anzahl ist binomial verteilt und wir können die folgende Aussage über große Abweichungen verwenden.

Lemma 3.16. *Sei X binomial verteilt mit Parametern n und p und bezeichne H die Ratenfunktion von X :*

$$H(a) := a \log \frac{a}{p} + (1-a) \log \frac{1-a}{1-p}.$$

Dann gelten die verfeinerten Chernoff-Schranken

(a) $\mathbb{P}(X \leq nb) \leq \exp(-H(b)n)$ für $b < p$ und

(b) $\mathbb{P}(X \geq nc) \leq \exp(-H(c)n)$ für $c > p$.

Wir müssen die Funktion H nicht explizit ausrechnen, es genügt uns zu wissen, dass sie eine Nullstelle in $a = p$ hat und ansonsten positiv ist. Die Aussage, die wir beweisen wollen, ist wieder eine asymptotische. Nach Satz 3.3 können wir darum erneut bei der Analyse auf die Big World ausweichen, oder genauer auf alle Knoten innerhalb eines bestimmten Radius, in dem beide Graphen als identisch betrachtet werden können.

Für ein $x \in \mathcal{S}_m^R$ sei $\bar{\xi}_t^x$ der Kontaktprozess, der auf alle Knoten in der Kugel mit Radius K um x beschränkt ist. Weiter sei $\delta := \alpha\gamma/8(2m+1)^d$ und es bezeichne N_K wie in Lemma 3.15 die Anzahl der Punkte in der Kugel um $+(0)$ mit Radius K . Nach Voraussetzung ist der Kontaktprozess superkritisch, insbesondere auch

3.5. Beweise

dann, wenn $\gamma = 0$. Dieser Umstand ist deshalb von Bedeutung, weil wir den Parameter γ auf 0 setzen, nachdem wir die Partikel weit genug verstreut haben. Es gibt also einen Zeitpunkt T , so dass $\mathbb{E}[|\xi_T^0|] \geq 5/\delta$. Dann gibt es aber auch ein K mit $\mathbb{E}[|\xi_T^0|] \geq 4/\delta$. Wir wählen ein η so, dass

$$\eta \frac{\alpha \gamma N_{2K}}{4((2m+1)^d)} \leq \frac{1}{5}. \quad (3.27)$$

Dabei kommt der Faktor $1/4$ durch zweimaliges Anwenden von Lemma 3.16 (a). Die Idee ist, eine hinreichend große Anzahl an Partikeln zu erhalten, die mittels des Parameters γ so weit verstreut sind, dass sie jeweils als Initialmenge für unabhängige, auf den Radius K beschränkte, Kontaktprozesse dienen können.

Sei E das Ereignis, dass die Anzahl der Partikel unter ηR^d fällt und sich dann wieder verdoppelt. Wir werden zeigen, dass $\mathbb{P}(E^c) \leq \exp(-bR^d)$ für ein $b > 0$ und damit

$$\mathbb{P}(E) \geq 1 - \exp(-bR^d) \rightarrow 1 \quad (R \rightarrow \infty).$$

Daraus folgt die Behauptung, denn sei $0 < c < b$, dann ist die Wahrscheinlichkeit, dass $\exp(cR^d)$ mal das Ereignis E eintritt, größer gleich der $\exp(cR^d)$ -ten Potenz von $1 - \exp(-bR^d)$, und diese geht gegen 1 für $R \rightarrow \infty$. Da für jedes Eintreten von E mindestens ein Zeitschritt vergeht, geht auch die Wahrscheinlichkeit, dass der Kontaktprozess bis Zeit $\exp(cR^d)$ überlebt, gegen 1.

Angenommen, die Anzahl der Partikel fällt unter ηR^d , wie tief fällt sie dann höchstens? Wir zeigen, dass die Wahrscheinlichkeit für einen allzu großen Abfall gering ist (in jedem Fall für große R). Dazu betrachten wir nur Reinfektionen, also bedeutend weniger Infektionen, als eigentlich möglich sind. Es seien mindestens ηR^d Partikel vorhanden. Jede Reinfektion geschieht mit Wahrscheinlichkeit $\alpha/(2m+1)^d$, und die Reinfektionen der verschiedenen Partikel finden unabhängig voneinander statt. Die Anzahl der Reinfektionen in einem Zeitschritt ist dann nach unten beschränkt durch eine mit den Parametern $n = \eta R^d$ und $p = \alpha/(2m+1)^d$ binomial verteilte Zufallsvariable X . Aus Lemma 3.16 (a) mit $b = p/2$ folgt

$$\mathbb{P}\left(X \leq \frac{\eta R^d \alpha}{2(2m+1)^d}\right) \leq \exp(-b_1 R^d)$$

mit

$$b_1 := H\left(\frac{\alpha}{2(2m+1)^d}\right) \frac{\eta \alpha}{2(2m+1)^d} > 0.$$

Wir müssen uns noch vergewissern, dass dies nicht sofort eintritt, sondern dass der Prozess lange genug läuft, ohne unter $\eta R^d \alpha / 2(2m+1)^d$ Partikel zu fallen. Nach Voraussetzung starten wir mit allen R^d Partikeln als Initialmenge. Sei $U(t)$ das Ereignis, dass die Anzahl der Partikel vor dem Zeitpunkt t unter

3.5. Beweise

$\eta R^d \alpha / 2(2m+1)^d$ fällt. Sei weiter $V(t)$ das Ereignis, dass die Anzahl der Partikel bei Zeit t unter diesen Wert fällt. Wir haben

$$\begin{aligned} \mathbb{P}(U(t_0)) &= \mathbb{P}\left(\bigcup_{t=1}^{t_0} V(t)\right) \leq \sum_{t=1}^{t_0} \mathbb{P}(V(t)) \\ &\leq \sum_{t=1}^{t_0} \exp(-b_1 R^d) = t_0 \exp(-b_1 R^d). \end{aligned}$$

Daran können wir ablesen, dass die Wahrscheinlichkeit für $U(t_0)$ mit $t_0 = \exp(b_1 R^d)$ kleiner als oder gleich 1 ist. Wir müssen einen früheren Zeitpunkt wählen, zu dem die Wahrscheinlichkeit, dass $U(t_0)$ eintritt, klein ist. Etwa ist diese Wahrscheinlichkeit mit $t_0 = \exp(b_1 R^d / 2)$ höchstens $\exp(-b_1 R^d / 2)$, also sehr klein für große R (über b_1 wissen wir nur, dass es positiv ist, nicht aber wie groß).

Im nächsten Schritt geht es darum, die Partikel, die wir haben, im Graphen zu verteilen. Dazu betrachten wir nur die Infektionen gemäß dem Parameter γ . Angenommen also, die Anzahl der Partikel ist nicht unter $\eta R^d \alpha / 2(2m+1)^d$ gefallen zur Zeit $t+1$. Wenn diese Partikel nur Partikel auf zufällige Knoten mit Wahrscheinlichkeit γ setzen, so ist die Anzahl infizierter Knoten zur Zeit $t+2$ erneut binomial verteilt. Wieder nach Lemma 3.16 (a) mit $n = \eta R^d \alpha / 2(2m+1)^d$, $p = \gamma$ und $b = \gamma/2$ erhalten wir analog wie oben, dass die Wahrscheinlichkeit, weniger als $\eta R^d \alpha \gamma / 4(2m+1)^d$ Partikel zur Zeit $t+2$ zu haben, kleiner ist als $\exp(-b_2 R^d)$ für ein $b_2 > 0$. Nun, da die Orte, auf denen die Partikel sitzen, randomisiert sind, setzen wir $\gamma = 0$, das heißt wir ignorieren ab nun die zufälligen Geburten.

Auch hier sind wir wieder daran interessiert, dass Prozesse mit jeweils einem dieser randomisierten Knoten als Initialmenge bis zu einem gewissen Zeitpunkt unabhängig voneinander ablaufen. Darum suchen wir eine Teilmenge dieser Knoten, die weit genug voneinander entfernt sind.

Lassen wir dazu die zufälligen Geburten, von denen wir nun wissen, dass mit hoher Wahrscheinlichkeit mindestens $\eta R^d \alpha \gamma / 4(2m+1)^d$ vorhanden sind, sukzessive passieren, und sehen, wieviele uns bleiben, wenn wir nur solche Geburten akzeptieren, die erstens auf einen guten Knoten (im Sinne obiger Sprechweise) fallen und zweitens außerhalb des Radius $2K$ um einen Knoten fallen, auf den bereits eine zufällige Geburt gesetzt wurde (so können zwei Prozesse jeweils innerhalb Radius K unabhängig voneinander laufen). Für die erste Geburt mit Wahrscheinlichkeit γ gibt es noch keine Zone, in die dieser Partikel nicht fallen darf. Wir akzeptieren ihn, wenn er auf einen guten Knoten gesetzt wird. Die zweite Geburt mit Wahrscheinlichkeit γ akzeptieren wir, wenn

3.5. Beweise

sie auf einen guten Knoten fällt und außerhalb der Kugel mit Radius $2K$ um den ersten Partikel. So verfahren wir auch mit den restlichen Geburten. Die Menge der akzeptierten randomisierten Geburten nennen wir G .

Als nächstes widmen wir uns der Frage, mit welcher Wahrscheinlichkeit eine randomisierte Geburt verworfen wird, nachdem eine gewisse Anzahl an Geburten akzeptiert wurde. Lemma 3.15 erlaubt uns, bei genügend großem R eine Realisation von \mathcal{S}_m^R zu erhalten, bei der der Anteil schlechter Knoten $1/20$ nicht überschreitet. Angenommen, es haben j erfolgreiche Geburten stattgefunden. Die Anzahl der Knoten in Kugeln mit Radius $2K$ um diese j Knoten beträgt dann jN_{2K} . Wenn wir von obiger Anzahl an Knoten zum Zeitpunkt $t + 2$ ausgehen, ist

$$j \leq \frac{\eta R^d \gamma \alpha}{4(2m+1)^d},$$

und somit nach Wahl von η (siehe Ungleichung (3.27))

$$jN_{2K} \leq R^d \eta \frac{\alpha \gamma N_{2K}}{4(2m+1)^d} \leq R^d \frac{1}{5}.$$

Die Anzahl der Knoten in der Small World ist R^d . Die Wahrscheinlichkeit, dass die nächste Geburt in die verbotene Zone fällt, ist somit höchstens

$$\frac{R^d \frac{1}{5}}{R^d} = \frac{1}{5}.$$

Angenommen, es kommt gemäß der Wahrscheinlichkeit γ zu einer weiteren Geburt, so gilt

$$\begin{aligned} & \mathbb{P}(\text{Geburt wird verworfen}) \\ &= \mathbb{P}(\text{Partikel fällt in verbotene Zone oder auf schlechten Knoten}) \\ &\leq \frac{1}{5} + \frac{1}{20} = \frac{1}{4}. \end{aligned}$$

Das bedeutet, dass die Wahrscheinlichkeit für die verworfenen Geburten unter den ersten $\eta R^d \gamma \alpha / 4(2m+1)^d$ erfolgreichen randomisierten Geburten nach oben beschränkt ist durch eine binomial verteilte Zufallsvariable mit Erfolgsparameter $p = 1/4$. Mit Lemma 3.16 (b) mit $c = 2p$ folgt, dass die Wahrscheinlichkeit für mindestens

$$\frac{\eta R^d \gamma \alpha}{8(2m+1)^d} = \delta \eta R^d$$

verbleibende Partikel höchstens $\exp(-b_3 R^d)$ ist.

Die Menge G ist nun gerade so beschaffen, dass sich die Kontaktprozesse $\bar{\xi}_t^x$, $x \in G$, unabhängig voneinander entwickeln. Aufgrund der Transitivität von \mathcal{B}_m

3.5. Beweise

können wir anstelle von x auch $+(0)$ als Initialmenge annehmen. Nach Wahl von K ist $3/\delta < \mathbb{E}[|\xi_T^0|]$. Dann haben wir $\delta\eta R^d$ unabhängige, identisch verteilte Zufallsvariablen $|\xi_T^0|$, deren momentenerzeugende Funktion endlich ist. Sei ihre Summe mit S bezeichnet und I die Ratenfunktion von S . Nach dem Satz von Cramér ist dann

$$\mathbb{P}(S \leq 2\eta R^d) \leq \mathbb{P}\left(S \leq \frac{3}{\delta} \delta\eta R^d\right) = \exp(-b_4 R^d),$$

mit $b_4 := (I(3/\delta) + o(1))\delta\eta > 0$.

Wir fassen nun die Einzelergebnisse zusammen. Die Wahrscheinlichkeit, dass die Anzahl an Partikeln vor Zeit $\exp(-b_1 R^d/2)$ unter den Wert $\eta R^d \alpha/2(2m+1)^d$ fällt, dann im nächsten Zeitschritt unter $\eta R^d \alpha/4(2m+1)^d$ fällt und von diesen Partikeln weniger als $\delta\eta R^d$ Partikel auf guten Knoten jeweils außerhalb Radius $2K$ der anderen landen, und die Anzahl sich dann im nächsten Zeitschritt nicht wieder auf mindestens $2\eta R^d$ Partikel erhöht, ist höchstens

$$\exp(-b_1 R^d/2) \exp(-b_2 R^d) \exp(-b_3 R^d) \exp(-b_4 R^d) = \exp(-b R^d)$$

für ein $b > 0$.

Literaturverzeichnis

- [1] M. Aizenmann and D. J. Barsky. Sharpness of the phase transition in percolation models. *Commun. Math. Phys.*, 108(3):489–526, 1987.
- [2] K. B. Athreya and P. E. Ney. *Branching Processes*. Number 196 in Die Grundlehren der mathematischen Wissenschaften in Einzeldarstellungen. Springer-Verlag, Berlin, Heidelberg, New York, 1972.
- [3] A. D. Barbour, L. Holst, and S. Janson. *Poisson Approximation*. Number 2 in Oxford Studies in Probability. Oxford Science Publications. The Clarendon Press. Oxford University Press, New York, first edition, 1992.
- [4] A. D. Barbour and G. Reinert. Small worlds. *Rand. Struct. Alg.*, 19(1):54–74, 2001.
- [5] B. Bollobás and F. R. K. Chung. The diameter of a cycle plus a random matching. *SIAM J. Discret Math.*, 1(3):328–333, 1988.
- [6] R. Durrett. *Random Graph Dynamics*. Number 20 in Cambridge Series in Statistical and Probabilistic Mathematics. Cambridge University Press, New York, first edition, 2007.
- [7] R. Durrett and P. Jung. Two phase transitions for the contact process on small worlds. *Stochastic Processes and their Applications*, 117(12):1910–1927, Dec 2007.
- [8] G. R. Grimmett and D. R. Stirzaker. *Probability and Random Processes*. Oxford University Press, New York, third edition, 2001.
- [9] T. M. Liggett. *Stochastic Interacting Systems: Contact, Voter and Exclusion Processes*. Number 324 in Grundlehren der mathematischen Wissenschaften. Springer, Berlin, Heidelberg, first edition, 1999.
- [10] M. E. J. Newman, C. Moore, and D. J. Watts. Mean-field solution of the small-world network model. *Phys. Rev. Lett.*, 84(14):3201–3204, Apr 2000.
- [11] M. E. J. Newman and D. J. Watts. Scaling and percolation in the small-world network model. *Phys. Rev. E*, 60(6):7332–7342, Dec 1999.

Literaturverzeichnis

- [12] R. Pemantle. The contact process on trees. *The Annals of Probability*, 20(4):2089–2116, 1992.
- [13] R. Pemantle and A. M. Stacey. The branching random walk and contact process on galton-watson and nonhomogeneous trees. *The Annals of Probability*, 29(4):1563–1590, Oct 2001.
- [14] R Development Core Team. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2008. ISBN 3-900051-07-0, <http://www.R-project.org>.
- [15] J. M. Steele. *Probability Theory and Combinatorial Optimization*. Number 69 in CBMS-NSF regional conference series in applied mathematics. Soc. for Industrial and Applied Math., Philadelphia, Pa., 1997.
- [16] D. J. Watts and S. H. Strogatz. Collective dynamics of 'small-world' networks. *Nature*, 393:440–442, Jun 1998.

Abbildungsverzeichnis

1.1. Watts-Strogatz Small World mit 20 Knoten	3
1.2. Watts-Strogatz Small Worlds im Vergleich	5
1.3. Watts-Newman Small Worlds im Vergleich	6
1.4. Watts-Newman Small World mit 50 Knoten	7
1.5. Bollobás-Chung Small Worlds im Vergleich	9
3.1. Big World Graph	35
3.2. Der Kamm-Graph	47

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

Der folgende Quelltext ist in der Sprache R verfasst. Nähere Informationen hierzu unter [14].

```
startAdjm <- function(n, k)
{
  # -----
  # Berechnung der Adjazenzmatrix fuer Startkonfiguration
  # der Small World.
  # -----
  # Bezeichne adjm die Adjazenzmatrix. Falls eine Kante
  # zwischen i und j besteht, so ist
  # adjm[i, j] = adjm[j, i] = 1, sonst 0.
  #
  # n: Anzahl an Knoten
  # k: Anzahl an naechsten Nachbarn im Uhrzeigersinn
  # -----

  adjm <- matrix(0, nrow=n, ncol=n)

  # Falls k=0, so gibt es keine Kanten. Jeder Eintrag der
  # Matrix ist dann 0. In diesem Fall muessen wir nichts
  # mehr tun. Andernfalls ...
  if (k > 0)
  {
    for (i in 1:n) # Fuer jeden Knoten ...
    {
      # Indizes der Nachbarn im Uhrzeigersinn
      nachbarn <- i + (1:k)

      # Wir muessen ggf. die Indizes anpassen, da in
      # unserem Kreismodell z.B. der erste Knoten gleich
      # dem (n+1)-ten Knoten ist.
      groesserN <- which(nachbarn > n)
      nachbarn[groesserN] <- nachbarn[groesserN] %% n

      adjm[i, nachbarn] <- 1
      adjm[nachbarn, i] <- 1
    }
  }
}
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```

    }
  }
  return(adjm)
}

wsAdjm <- function(adjm, phi)
{
  # -----
  # Berechnung der Adjazenzmatrix fuer
  # Watts-Strogatz Small World.
  # -----
  #
  # adjm: Adjazenzmatrix der Ausgangskonfiguration
  # phi : Wahrscheinlichkeit, mit der eine Kante
  #       umverkneupft wird
  # -----

  n <- dim(adjm)[1]      # Anzahl Knoten
  k <- sum(adjm[1,]) / 2 # Anz. Nachbarn im Uhrzeigersinn

  # Umverkneupfen:
  for (j in 1:k) # Fuer alle k-Nachbarn ...
  {
    for (i in 1:n) # ... gehe eine Runde durch Knoten
    {
      # ... und loese Kante mit Wahrscheinlichkeit phi.
      if (rbinom(1, 1, phi) == 1)
      {
        # Waehle zufaelligen Knoten. Da wir Kanten eines
        # Knotens zu sich selbst verbieten, ziehen wir
        # aus Indizes[-i].
        zufaelligerKnoten <- sample((1:n)[-i], size=1)

        # Teste, ob Kante zu diesem Knoten besteht.
        # Falls nicht, verkneupfe um.
        if (adjm[i, zufaelligerKnoten] == 0)
        {
          # Index des Knotens, von dem Kante geloest wird.
          zuLoesen <- i + j

          # Wir muessen ggf. den Index anpassen.
          if (zuLoesen > n)
          {
            zuLoesen <- zuLoesen %% n
          }
        }
      }
    }
  }
}

```


A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```

{
  # Waehle zwei zufaellige Knoten knoten1 und knoten2.
  # Es kann passieren, dass knoten1 = knoten2. Dies ist
  # so gewollt, da im Watts–Newman Modell ein Knoten
  # eine Kante zu sich selbst haben kann. In diesem
  # Fall ist
  #  $\text{adjm}[\text{knoten1}, \text{knoten2}] = \text{adjm}[\text{knoten2}, \text{knoten1}]$ .
  # Es wird also nur ein Eintrag auf der Diagonalen
  # vorgenommen. Daher kann es passieren, dass die
  # Anzahl der Einsen in der Matrix ungerade ist.
  # Die Anzahl der Kanten ermittelt man dann mit
  #  $(\text{sum}(\text{adjm}) + \text{sum}(\text{diag}(\text{adjm}))) / 2$ , vergleiche
  # Kommentar in Funktion anzahlVorhandenerKanten.
  knoten1 <- sample(1:n, 1)
  knoten2 <- sample(1:n, 1)

  adjm[knoten1, knoten2] <- 1
  adjm[knoten2, knoten1] <- 1
}
}
return(adjm)
}

```

```

bcAdjm <- function(startadjm, sr=FALSE)
{
  # -----
  # Berechnung der Adjazenzmatrix fuer
  # Bollobas–Chung Small World.
  # -----
  #
  # startadjm: Adjazenzmatrix der Ausgangskonfiguration.
  # Falls die Matrix eine ungerade Anzahl an
  # Knoten repraesentiert, so erhaelt ein
  # zufaelliger Knoten keinen entfernten
  # Nachbarn.
  # sr : TRUE fuer Matrix, die auch die Short Range
  # Verbindungen enthaelt
  # -----

  n <- dim(startadjm)[1] # Anzahl Knoten
  k <- sum(startadjm[1,]) / 2 # Nachbarn im Uhrzeigersinn

  if (sr)
  {

```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```

    adjm <- startadjm
  }
  else
  {
    adjm <- matrix(0, nrow=n, ncol=n)
  }
  # Paarbildung durch Permutation. Jeweils zwei
  # aufeinanderfolgende Zahlen stellen Indizes eines
  # Paares dar.
  paare <- sample(1:n, n, replace=FALSE)

  # Falls Anzahl Knoten ungerade, lassen wir einen weg
  # (z.B. den ersten).
  if (n %% 2 != 0)
  {
    paare <- paare[-1]
  }
  # Vermerke neue Nachbarschaftsbeziehung in Matrix
  for (i in seq(1, length(paare), 2))
  {
    knoten1 <- paare[i]
    knoten2 <- paare[i + 1]

    adjm[knoten1, knoten2] <- 1
    adjm[knoten2, knoten1] <- 1
  }
  return(adjm)
}

pfadlaenge <- function(adjm, n, x, y)
{
  # -----
  # Berechnet die Pfadlaenge von x nach y.
  # -----
  # Besteht keine Verbindung von x nach y, so wird die
  # Pfadlaenge als unendlich betrachtet und Inf ausgegeben.
  # Besteht eine Verbindung, so ist die Pfadlaenge
  # mindestens 1 und hoechstens so gross wie die Anzahl
  # der Knoten.
  #
  # adjm: Adjazenzmatrix
  # n    : Anzahl an Zeilen der Adjazenzmatrix bzw. Anzahl
  #        an Knoten. Wird bei jedem rekursiven Aufruf um 1
  #        verringert und dient so als Abbruchbedingung im

```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
#      Fall eines nicht vorhandenen Pfades.
# x   : Index des Knotens, von dem die Pfadsuche startet
# y   : Index des Knotens, zu dem der Pfad fuehren soll
#-----

# Sind alle Eintraege einer Zeile gleich 0, so gehen
# keine Kanten von x ab, der Knoten ist isoliert. In
# diesem Fall ist die Pfadlaenge unendlich.
if (sum(adjm[x,]) == 0)
{
  return(Inf)
}
# Als naechstes betrachten wir den Fall, dass es eine
# direkte Kante gibt.
else if (sum(adjm[x, y]) >= 1)
{
  # Wir haben hier >=1 anstelle von ==1 abgefragt, da
  # bei einem rekursiven Aufruf x im Allgemeinen ein
  # Vektor sein wird. Es genuegt, dass von einem der
  # Knoten in x eine Kante zu y besteht.
  return(1)
}
# Falls keine Verbindung zwischen x und y besteht, so
# koennen wir nach dem (n-1)-ten rekursiven Aufruf
# abbrechen. Denn wir wissen, die Pfadlaenge ist <=n
# oder unendlich.
else if (n==1)
{
  return(Inf)
}
# Falls keiner der vorherigen Faelle zutrifft, so ist
# die Pfadlaenge groesser als 1 und wir schauen mittels
# eines rekursiven Aufrufs unserer Funktion, ob wir von
# den Nachbarn von x zu y gelangen.
else
{
  # Ab dem zweiten rekursiven Aufruf kann x schon ein
  # Vektor sein. Dann muessen wir die Nachbarn der
  # Nachbarn bestimmen.
  xx <- c()
  for (i in x)
  {
    # fuer jeden Knoten i in x bestimme Nachbarn
    nachbarn <- which(adjm[i,]==1)
    # Verschiedene Knoten koennen gemeinsame Nachbarn
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```

# haben. Wir behalten nur solche, die wir noch nicht
# haben.
nachbarn <- nachbarn[!(nachbarn %in% xx)]
xx <- append(xx, nachbarn)
}
# Falls nun die neuen Nachbarn gleich den alten sind,
# so koennen wir die Berechnung ebenfalls abbrechen.
# Denn dann wird die verbleibenden Male stets dasselbe
# berechnet.
sort(xx) # x ist dann stets sortiert
if (length(x) == length(xx) &&
      sum(x == xx) == length(x))
{
  return(Inf)
}
else
{
  x <- xx
  return(1 + pfadlaenge(adjm, n-1, x, y))
  # Irgendwann wird ein Aufruf von pfadlaenge entweder
  # mit 1 oder mit Inf enden. Wir haben dann als
  # Ergebnis entweder die Summe 1 + 1 + ... + 1 <= n
  # oder die Summe 1 + ... + 1 + Inf = Inf.
}
}
}

```

```

charakteristischePfadlaenge <- function(adjm)
{
  # -----
  # Berechnet die charakteristische Pfadlaenge fuer ein
  # Small World Netzwerk.
  # -----
  # Die Ausgabe dieser Funktion kann auch bezueglich dem
  # Vorhandensein isolierter Teilgraphen interpretiert
  # werden. Ist das Resultat Inf, so gibt es mindestens
  # zwei voneinander isolierte Teilgraphen. Ist das
  # Resultat eine Zahl, so ist die Small World
  # zusammenhaengend.
  #
  # adjm: Adjazenzmatrix
  # -----

  # Zur Berechnung der charakteristischen Pfadlaenge rufen

```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
# wir die Funktion pfadlaenge() fuer alle Knotenpaare
# auf. Dazu muessen wir wissen, wieviele Knoten n es
# gibt.
n <- dim(adjm)[1]

gesamtlaenge <- 0

# Da Small Worlds symmetrische Adjazenzmatrizen haben,
# muessen wir fuer jedes Knotenpaar jeweils nur eine
# Richtung des Pfades betrachten. Wir verwenden die
# Formel aus dem Skript, beachten jedoch, dass nach
# Definition die Summe ueber n+1 nach n gleich null ist,
# im Programm aber einen Indexfehler ausloest.
for (i in 1:(n-1))
{
  for (j in (i+1):n)
  {
    gesamtlaenge <- gesamtlaenge +
      pfadlaenge(adjm, n, i, j)

    # Falls eine Pfadlaenge gleich Inf ist, so auch die
    # charakteristische. In diesem Fall koennen wir die
    # Berechnung abbrechen.
    if (gesamtlaenge == Inf)
    {
      break
    }
  }
  # Falls die innere Schleife abgebrochen wird, koennen
  # wir auch die aeussere Schleife abbrechen.
  if (gesamtlaenge == Inf)
  {
    break
  }
}
# Nun muessen wir noch den Mittelwert bilden
gesamtlaenge <- gesamtlaenge / choose(n, 2)
return(gesamtlaenge)
}

anzahlMoeglicherKanten <- function(adjm)
{
  # -----
  # Berechnet fuer jeden Knoten, wieviele Kanten unter
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
# seinen Nachbarn moeglich sind.
# -----
#
# adjm: Adjazenzmatrix
# -----

# Zuerst erstellen wir eine Liste, in die wir fuer jeden
# Knoten die Anzahl der Nachbarn eintragen.
anzahlNachbarn <- rowSums(adjm)

# Dann gilt (siehe Kapitel 1):
moeglicheKanten <- choose(anzahlNachbarn, 2)
return(moeglicheKanten)
}

anzahlVorhandenerKanten <- function(adjm)
{
# -----
# Berechnet fuer jeden Knoten, wieviele Kanten unter
# seinen Nachbarn tatsaechlich vorhanden sind.
# -----
#
# adjm: Adjazenzmatrix
# -----

n <- dim(adjm)[1] # Anzahl der Knoten
vorhandeneKanten <- replicate(n, 0)

for (i in 1:n) # Fuer jeden Knoten ...
{
  kanten <- 0

  # ... bestimme Nachbarn.
  nachbarListe <- which(adjm[i,] == 1)

  # Zaehle Kanten, die unter den Nachbarn bestehen
  for (nachbar in nachbarListe)
  {
    kanten <- kanten + sum(
      adjm[nachbar, nachbarListe] == 1)

    # Bei diesem Vorgehen zaehlen wir jede Kante doppelt,
    # da die Matrix symmetrisch ist. Nur Kanten die
    # einen Knoten mit sich selbst verbinden, zaehlen
  }
}
}
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
# wir dabei nur einmal. Damit wir fuer die
# tatsaechliche Kantenanzahl nur durch 2 dividieren
# muessen, zaehlen wir auch Schleifen doppelt.
# Im Watts–Strogatz Modell sind diese Eintraege
# saemtlich 0, da dort Schleifen verboten sind.
kanten <- kanten + adjm[nachbar, nachbar]
}
vorhandeneKanten[i] <- kanten / 2
}
return(vorhandeneKanten)
}

clustercoeff <- function(adjm)
{
# -----
# Berechnung des Clusterkoeffizienten
# eines ungerichteten Graphen.
# -----
# Die Funktion berechnet auch das Ergebnis fuer nicht
# zusammenhaengende Graphen. Der relative Anteil fuer
# einzelne isolierte Knoten wird dabei auf 0 gesetzt.
# Hat ein Knoten keine Nachbarn, so gibt es gemaess der
# Formel aus Kapitel 1 einen Summanden, bei dem durch
# "0 ueber 2" = 0 dividiert wird. Der Clusterkoeffizient
# ist in diesem Fall eigentlich nicht definiert.
# Fuer eine geeignete Interpretation des Ergebnisses
# sollte der Graph daher zusammenhaengend sein. Dies
# kann man ggf. im Voraus mit der Funktion zur Berechnung
# der charakteristischen Pfadlaenge feststellen. Ist das
# Ergebnis Inf, so gibt es isolierte Teilgraphen.
# Siehe auch Problematik im Modell von Watts und Strogatz
# bezueglich isolierter Knoten. Das Watts–Newman und das
# Bollobas–Chung Modell sind per Konstruktion
# zusammenhaengend.
#
# In der Ausgangskonfiguration mit k=1 gibt es keine
# Kanten zwischen den Nachbarn eines Knotens. Dann
# berechnet die Funktion anzahlVorhandenerKanten den
# Nullvektor, womit fuer den Clusterkoeffizient der Wert
# 0 berechnet wird. Fallen die Shortcuts unguenstig,
# aendert sich an dieser Situation nichts.
#
# adjm: Adjazenzmatrix
# -----
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
n <- dim(adjm)[1] # Anzahl der Knoten

moeglicheKanten <- anzahlMoeglicherKanten(adjm)
vorhandeneKanten <- anzahlVorhandenerKanten(adjm)

relativerAnteil <- vorhandeneKanten / moeglicheKanten
# Falls ein Knoten i keine Nachbarn hat, so koennen
# auch keine Kanten vorhanden sein. In diesem Fall
# haben wir 0/0 berechnet und nun einen Eintrag
# NaN im Vektor stehen. Diesen setzen wir auf 0.
relativerAnteil[is.nan(relativerAnteil)] <- 0

# Jetzt erhalten wir den Clusterkoeffizienten durch
cc <- sum(relativerAnteil) / n
return(cc)
}

knotenKoordinaten <- function(n, mp=0+0i, r=1)
{
  # -----
  # Erzeugt Liste mit den Koordinaten der Knoten auf dem
  # Kreis als komplexe Zahlen.
  # -----
  #
  # n : Anzahl Knoten
  # mp: Mittelpunkt (als komplexe Zahl)
  # r : Radius des Kreises, auf dem die Knoten angeordnet
  #     werden sollen
  # -----

  schrittweite <- 2*pi / n

  # Waehle noetige Stellen im Intervall [0; 2pi].
  # Wir beginnen bei 0+schrittweite, da wir sonst einen
  # Punkt zuviel erzeugen und der letzte gleich dem
  # ersten waere.
  t <- seq(0+schrittweite, 2*pi, schrittweite)

  z <- mp + r * exp(1i * t)
  return(z)
}
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
plotKnoten <- function(z, farbe)
{
  # -----
  # Plot der Knoten eines Graphen.
  # -----
  # Dies ist die geeignete Stelle, um das voreingestellte
  # Erscheinungsbild der Knoten in allen Plotfunktionen zu
  # aendern.
  #
  # z      : Vektor mit den Koordinaten der Knoten als
  #           komplexe Zahlen
  # farbe: Farbe fuer Knoten
  # -----
  points(z, pch=16, # ausgefuelle Knoten
          col=farbe) # Fuellfarbe
}

plotKanten <- function(adjm, koord, farbe)
{
  # -----
  # Plot der Kanten eines ungerichteten Graphen.
  # -----
  #
  # adjm : Adjazenzmatrix
  # koord: Vektor mit den Koordinaten der Knoten
  #           als komplexe Zahlen
  # farbe: Farbe fuer Kanten
  # -----

  n <- dim(adjm)[1] # Anzahl Knoten

  for (i in 1:n) # Zeilen
  {
    # Die Adjazenzmatrix eines ungerichteten Graphen ist
    # symmetrisch. Daher muessen wir nur die obere
    # Dreiecksmatrix durchgehen.
    for (j in i:n) # Spalten
    {
      if (adjm[i,j] == 1)
      {
        lines( c( Re(koord[i]), Re(koord[j]) ),
                c( Im(koord[i]), Im(koord[j]) ),
                col=farbe )
      }
    }
  }
}
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
}  
}  
}
```

```
plotWattsStrogatzSW <- function(  
  n=20, k=1, phi=.3, farbeShortcuts="green",  
  farbeKnoten="red", speichern=FALSE,  
  name="WattsStrogatzSW.pdf", info=TRUE, ueberschrift=TRUE,  
  ausgangsKonfiguration=FALSE, berechneClusterCoef=TRUE)  
{  
  # -----  
  # Plot der Watts-Strogatz Small World.  
  # -----  
  #  
  # n:  
  # Anzahl Knoten  
  # k:  
  # Anzahl Short Range Neighbours im Uhrzeigersinn,  
  # Zahl groesser oder gleich 1 (2k ist die  
  # Koordinationszahl = Anzahl Short Range Nachbarn)  
  # phi :  
  # Wahrscheinlichkeit, mit der im Watts-Strogatz  
  # Modell eine Kante vom Nachbar geloest wird und  
  # mit einem uniform gewaehlten Knoten verbunden  
  # wird (existiert schon eine Kante zu diesem  
  # Knoten, wird die Kante nicht umverknuepft)  
  # farbeShortcuts:  
  # Farbe fuer Kanten bzw. Shortcuts  
  # farbeKnoten:  
  # Farbe fuer Knoten  
  # speichern:  
  # Falls TRUE, wird eine pdf-Datei im  
  # Arbeitsverzeichnis gespeichert  
  # name:  
  # Name fuer gespeicherte pdf-Datei  
  # info:  
  # TRUE fuer Informationen zu Kanten, Nachbarn und  
  # phi auf x-Achse  
  # ueberschrift:  
  # TRUE fuer Ueberschrift  
  # ausgangsKonfiguration:  
  # TRUE fuer zusaetzlichen Plot der  
  # Ausgangskonfiguration  
  # berechneClusterCoef:
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
#      TRUE fuer Berechnung des Clusterkoeffizienten
#      (braucht lange fuer grosse n; wird nicht
#      berechnet, falls info=FALSE)
#-----

#      B E R E C H N U G E N

z <- knotenKoordinaten(n, mp=0+0i, r=1)

# Ob die Ausgangskonfiguration geplottet wird oder
# nicht, auf jeden Fall brauchen wir die
# Adjazenzmatrix der Ausgangskonfiguration.
startadjm <- startAdjm(n, k)

# Erstelle Adjazenzmatrix des umverknuepften Modells
adjm <- wsAdjm(startadjm, phi)

# Falls Informationen gewuenscht und Clusterkoeffizient
# berechnet werden soll:
if(berechneClusterCoef && info)
{
  cc <- clustercoeff(adjm)
  # Fuer die Ausgabe runden wir bei fuenf
  # Nachkommastellen.
  cc <- round(cc, digits=5)
}

#      G R A F I K

# Falls die Ausgangskonfig. geplottet werden soll ...
if (ausgangsKonfiguration)
{
  # ... aendern wir die Grafikparameter, so dass zwei
  # Plots in einem Fenster erstellt werden. Dabei
  # speichern wir die aktuellen Grafikparameter, um sie
  # nach den beiden Plots wieder zurueckzusetzen.
  grafikParameter <- par( mfrow=c(1, 2) )

  plot.new()
  plot.window(xlim=c(-1, 1), ylim=c(-1, 1))

  plotKnoten(z, farbe=farbeKnoten)
  plotKanten(startadjm, koord=z, farbe=farbeShortcuts)

  title(main="Ausgangskonfiguration",
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```

        xlab=paste(n, "Knoten,", "\u03c6", 2*k, "n\u00e4chste_Nachbarn"),
        ylab="")
    }

# Plot des umverknuepften Modells
plot.new()
plot.window(xlim=c(-1, 1), ylim=c(-1, 1))
plotKanten(adjm, koord=z, farbe=farbeShortcuts)
plotKnoten(z, farbe=farbeKnoten)

if (ueberschrift) # Falls Ueberschrift gewuenscht
{
    title(main="Watts-Strogatz_Small_World")
}
if (info) # Falls Informationen gewuenscht
{
    title(xlab=paste(n, "Knoten,", "\u03c6", 2*k,
        "n\u00e4chste_Nachbarn,", "\u03c6", "phi=", phi), ylab="")

    # Falls Clusterkoeffizient angezeigt werden soll, so
    # wurde dieser oben schon berechnet.
    if (berechneClusterCoef)
    {
        title( sub=paste("Clusterkoeffizient:", cc) )
    }
}
if (speichern)
{
    dev.print(device=pdf, file=name)
}
if (ausgangsKonfiguration)
{
    # In diesem Fall wurden Grafikparameter geandert.
    # Wir setzen sie zurueck.
    par(grafikParameter)
}
}

plotWattsNewmanSW <- function(
    n=20, k=1, phi=.3, farbeShortRange="blue",
    farbeShortcuts="green", farbeKnoten="red",
    speichern=FALSE, name="WattsNewmanSW.pdf",
    info=TRUE, ueberschrift=TRUE,
    plotteShortRangeKanten=FALSE, berechneClusterCoef=TRUE)

```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
{
# -----
# Plot der Watts–Newman Small World.
# -----
# Falls die im Plot angegebene Anzahl an Shortcuts
# geringer ist als die tatsaechlich angezeigten, so ist
# die Diskrepanz durch nicht geplottete Schleifen gegeben.
# In der Konsole wird eine Nachricht ueber die Anzahl an
# Schleifen angezeigt.
#
# n:
#     Anzahl Knoten
# k:
#     Anzahl Short Range Neighbours im Uhrzeigersinn,
#     groesser oder gleich 1 (2k ist die
#     Koordinationszahl = Anzahl Short Range Nachbarn)
# phi:
#     Wahrscheinlichkeit, mit der pro vorhandener
#     Kante ein Shortcut hinzugefuegt wird
# farbeShortRange:
#     Farbe fuer Kanten zu naechsten Nachbarn
# farbeShortcuts:
#     Farbe fuer Shortcuts
# farbeKnoten:
#     Farbe fuer Knoten
# speichern:
#     Falls TRUE, wird eine pdf-Datei im
#     Arbeitsverzeichnis gespeichert
# name:
#     Name fuer gespeicherte pdf-Datei
# info:
#     TRUE fuer Informationen zu Kanten, Nachbarn und
#     den Paramter phi
# ueberschrift:
#     TRUE fuer Ueberschrift
# plotteShortRangeKanten:
#     TRUE fuer Plot mit Short Range Verbindungen
# berechneClusterCoef:
#     TRUE fuer Berechnung des Clusterkoeffizienten
#     (braucht lange fuer grosse n; wird nicht
#     berechnet, falls info=FALSE)
# -----

#                               B E R E C H N U G E N
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
z <- knotenKoordinaten(n, mp=0+0i, r=1)

# Adjazenzmatrix der Ausgangskonfiguration
startadjm <- startAdjm(n, k)
# Adjazenzmatrix mit den Shortcuts (ohne Short Range
# Verbindungen!)
adjm <- wnAdjm(startadjm, phi)

# Anzahl Shortcuts.
# Die Adjazenzmatrix enthaelt nur die Shortcuts.
# Beim Watts–Newman Modell ist es erlaubt, dass Knoten
# Verbindungen zu sich selbst haben (Schleifen). Das sind
# dann Eintraege auf der Diagonalen. Wenn wir einmal ueber
# alle Elemente der Matrix summieren, zaehlen wir Kanten
# zwischen verschiedenen Knoten doppelt, Verbindungen
# von Knoten mit sich selbst nur einmal. Wir summieren
# daher zusaetzlich die Elemente auf der Diagonalen
# auf. Nun haben wir jede Kante zweimal gezaehlt und
# erhalten die tatsaechliche Anzahl, indem wir durch
# 2 dividieren.
anzSchleifen <- sum(diag(adjm))
anzShortcuts <- ( sum(adjm) + anzSchleifen ) / 2

# Falls der Clusterkoeffizient berechnet werden soll ...
if (berechneClusterCoef && info)
{
  # ... so muessen wir dabei die Short Range Neighbours
  # beruecksichtigen. Wir nehmen die
  # Ausgangskonfiguration, ...
  adjmKomplett <- startadjm
  # ... fuegen die Shortcuts hinzu ...
  adjmKomplett[adjmKomplett != adjm] = 1
  # ... und berechnen nun den Clusterkoeffizienten.
  cc <- clustercoeff(adjmKomplett)
  # Fuer die Ausgabe runden wir bei fuenf
  # Nachkommastellen.
  cc <- round(cc, digits=5)
}

#           G R A F I K

plot.new()
plot.window(xlim=c(-1, 1), ylim=c(-1, 1))

# Wir zeichnen Short Range Verbindungen, falls gewuenscht.
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
if (plotteShortRangeKanten)
{
  plotKanten(startadjm, koord=z, farbe=farbeShortRange)
}
# Wir plotten die Shortcuts ...
plotKanten(adjm, koord=z, farbe=farbeShortcuts)
# ... und die Knoten.
plotKnoten(z, farbe=farbeKnoten)

if (ueberschrift) # Falls Ueberschrift gewuenscht
{
  title(main="Watts-Newman_Small_World")
}

if (info) # Falls Informationen gewuenscht ...
{
  # Je nachdem, wieviele Shortcuts erzeugt wurden,
  # passen wir die Beschriftung bezueglich Einzahl-/
  # Mehrzahl an.
  if (anzShortcuts == 1)
  {
    einzahlMehrzahl <- "_Shortcut,_"
  }
  else
  {
    einzahlMehrzahl <- "_Shortcuts,_"
  }
  bildunterschrift1 <- paste(n, "Knoten,_", 2*k,
    "naechste_Nachbarn,_", "phi_=", phi)

  # Falls Clusterkoeffizient angezeigt werden soll, so
  # wurde dieser oben schon berechnet.
  if (berechneClusterCoef)
  {
    ccInfo <- paste("_Clusterkoeffizient:", cc)
  }
  else
  {
    ccInfo <- ""
  }

  bildunterschrift2 <- paste(anzShortcuts,
    einzahlMehrzahl, "erwartet:_", n*k*phi,
    ccInfo, sep="")
}
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
title(xlab=bildunterschrift1 , ylab="",
      sub=bildunterschrift2)

# Schleifen sind im Plot nicht sichtbar. Wir geben
# Auskunft ueber ihre Anzahl auf der Konsole.
cat(paste("\n\Anzahl\Schleifen:", anzSchleifen , "\n\n"))
}

if (speichern)
{
  dev.print(device=pdf, file=name)
}
}

plotBollobasChungSW <- function(
  n=20, k=1, farbeShortRange="blue", farbeShortcuts="green",
  farbeKnoten="red", speichern=FALSE,
  name="SmallWorld.pdf", info=TRUE, ueberschrift=TRUE,
  plotteShortRangeKanten=FALSE, berechneClusterCoef=TRUE)
{
  # -----
  # Plot der Bollobas-Chung Small World.
  # -----
  #
  # n:
  #     Anzahl Knoten, mindestens 2
  # k:
  #     Anzahl Short Range Neighbours im Uhrzeigersinn,
  #     groesser oder gleich 1 (2k ist die
  #     Koordinationszahl = Anzahl Short Range Nachbarn)
  # farbeShortRange:
  #     Farbe fuer Kanten zu naechsten Nachbarn
  # farbeShortcuts:
  #     Farbe fuer Shortcuts
  # farbeKnoten:
  #     Farbe fuer Knoten
  # speichern:
  #     Falls TRUE, wird eine pdf-Datei im
  #     Arbeitsverzeichnis gespeichert
  # name:
  #     Name fuer gespeicherte pdf-Datei
  # info:
  #     TRUE fuer Informationen zu Kanten, Nachbarn und
  #     phi auf x-Achse
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
# ueberschrift:
#     TRUE fuer Ueberschrift
# plotteShortRangeKanten:
#     TRUE fuer Plot mit Short Range Verbindungen
# berechneClusterCoef:
#     TRUE fuer Berechnung des Clusterkoeffizienten
#     (braucht lange fuer grosse n; wird nicht
#     berechnet, falls info=FALSE)
# -----

#           B E R E C H N U G E N

z <- knotenKoordinaten(n, mp=0+0i, r=1)
startadjm <- startAdjm(n, k)

# Adjazenzmatrix mit den Shortcuts
adjm <- bcAdjm(startadjm)

# Falls Clusterkoeffizient berechnet werden soll ...
if (berechneClusterCoef && info)
{
  # ... so muessen auch die Short Range Neighbours
  # beruecksichtigt werden. Wir duerfen aber nicht erneut
  # bcAdjm mit plotteShortRangeKanten=TRUE aufrufen, da
  # dies im Allgemeinen eine andere Realisierung ergaebe.
  # Daher nehmen wir die Ausgangskonfiguration ...
  adjmKomplett <- startadjm
  # ... und fuegen die Shortcuts hinzu ...
  adjmKomplett[adjmKomplett != adjm] = 1
  # ... und berechnen nun den Clusterkoeffizienten
  cc <- clustercoeff(adjmKomplett)
  # Fuer die Ausgabe runden wir bei fuenf
  # Nachkommastellen.
  cc <- round(cc, digits=5)
}

#           G R A F I K

plot.new()
plot.window(xlim=c(-1, 1), ylim=c(-1, 1))

# Wir zeichnen Short Range Verbindungen, falls gewuenscht.
if (plotteShortRangeKanten)
{
  plotKanten(startadjm, koord=z, farbe=farbeShortRange)
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
}  
# Wir plotten die Shortcuts ...  
plotKanten(adjm, koord=z, farbe=farbeShortcuts)  
# ... und die Knoten.  
plotKnoten(z, farbe=farbeKnoten)  
  
if (ueberschrift) # Falls Ueberschrift gewuenscht  
{  
  title(main="Bollobas-Chung_Small_World")  
}  
  
if (info) # Falls Informationen gewuenscht ...  
{  
  bildunterschrift1 <- paste(n, "Knoten,",  
    2*k, "nächste_Nachbarn")  
  
  # Falls Clusterkoeffizient angezeigt werden soll, so  
  # wurde dieser oben schon berechnet.  
  if (berechneClusterCoef)  
  {  
    ccInfo <- paste("Clusterkoeffizient:", cc)  
  }  
  else  
  {  
    ccInfo <- ""  
  }  
  # Falls die Small World nur aus 2 oder 3 Knoten  
  # besteht, so wird nur 1 Shortcut erzeugt. In diesem  
  # Fall passen wir die Bildunterschrift bezueglich  
  # Einzahl-/Mehrzahl an.  
  anzahlShortcuts <- floor(n/2)  
  if (anzahlShortcuts == 1)  
  {  
    shortcutInfo <- paste(anzahlShortcuts, "_Shortcut")  
  }  
  else  
  {  
    shortcutInfo <- paste(anzahlShortcuts, "_Shortcuts")  
  }  
  
  bildunterschrift2 <- paste(shortcutInfo,  
    ccInfo, sep="")  
  
  title(xlab=bildunterschrift1, ylab="",  
    sub=bildunterschrift2)
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
}

if (speichern)
{
  dev.print(device=pdf, file=name)
}
}

vergleichsPlot <- function(wsanz=3, wnanz=3, bcanz=3,
  speichern=FALSE, name="SmallWorlds.pdf",
  n=20, k=1, phi=.3, farbeShortRange="blue",
  farbeShortcuts="green", farbeKnoten="red",
  info=TRUE, ueberschrift=TRUE,
  plotteShortRangeKanten=FALSE)
{
  # -----
  # Mehrere Small World Plots von Realisierungen
  # mit gleichen Parametern.
  # -----
  #
  # wsanz      : Anzahl Realisierungen Watts-Strogatz Modell
  # wnanz      : Anzahl Realisierungen Watts-Newman Modell
  # bcanz      : Anzahl Realisierungen Bollobas-Chung
  # Small World
  # speichern: Falls TRUE, wird eine pdf-Datei im
  # Arbeitsverzeichnis gespeichert
  # name       : Name fuer gespeicherte pdf-Datei
  #
  # Die folgenden Parameter sind die gleichen wie bei
  # den Plot-Funktionen fuer die einzelnen Small World
  # Modelle. Sie erlauben die Einstellung der Anzahl an
  # Knoten, Nachbarn, phi, etc. Auf die Parameter zum
  # Speichern, Plotten der Ausgangskonfiguration und zur
  # Berechnung des Clusterkoeffizienten kann hier kein
  # Einfluss genommen werden. Der Parameter 'name' bezieht
  # sich auf die evtl. zu speichernde Datei mit allen Plots.
  #
  # n:
  # Anzahl Knoten
  # k:
  # Anzahl Short Range Neighbours im Uhrzeigersinn,
  # groesser oder gleich 1 (2k ist die
  # Koordinationszahl = Anzahl Short Range Nachbarn)
  # phi:
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
#      Wahrscheinlichkeit, mit der im Watts–Newman
#      Modell pro vorhandener Kante ein Shortcut
#      hinzugefuegt wird
# farbeShortRange:
#      Farbe fuer Kanten zu naechten Nachbarn im Watts
#      Newman Modell
# farbeShortcuts:
#      Farbe fuer Shortcuts
# farbeKnoten:
#      Farbe fuer Knoten
# info:
#      TRUE fuer Informationen zu Kanten, Nachbarn und
#      phi auf x-Achse
# ueberschrift:
#      TRUE fuer Ueberschrift
# plotteShortRangeKanten:
#      TRUE fuer Plot mit Short Range Verbindungen
# -----

# Wir bestimmen zuerst die noetige Groesse des Fensters.
summe <- wsanz + wnanz + bcanz
w <- sqrt(summe)
u <- floor(w)
o <- ceiling(w)

if (u * o >= summe)
{
  # dann genuegt ein kleineres Fenster
  grafikParameter <- par( mfrow=c(o, u) )
}
else
{
  # sonst brauchen wir ein groesseres
  grafikParameter <- par( mfrow=c(o, o) )
}

# Ist xxanz=0, so ist 1:xxanz = [1, 0]. Es soll in
# diesem Fall aber kein Plot erstellt werden. Daher
# schalten wir der for-Schleife eine if-Abfrage vor.

if (wsanz > 0)
{
  for (j in 1:wsanz)
  {
    plotWattsStrogatzSW(n, k, phi, farbeShortcuts,
```

A. R-Quelltext zur Simulation der Small World Graphen

```
    farbeKnoten , speichern=FALSE, name, info ,
    ueberschrift , ausgangsKonfiguration=FALSE,
    berechneClusterCoef=FALSE)
  }
}

if (wnanz > 0)
{
  for (j in 1:wnanz)
  {
    plotWattsNewmanSW(n, k, phi, farbeShortRange ,
    farbeShortcuts , farbeKnoten , speichern=FALSE,
    name, info , ueberschrift , plotteShortRangeKanten ,
    berechneClusterCoef=FALSE)
  }
}

if (bcanz > 0)
{
  for (j in 1:bcanz)
  {
    plotBollobasChungSW(n, k, farbeShortRange ,
    farbeShortcuts , farbeKnoten , speichern=FALSE,
    name, info , ueberschrift , plotteShortRangeKanten ,
    berechneClusterCoef=FALSE)
  }
}

if (speichern)
{
  dev.print(device=pdf, file=name)
}

# Wir setzen die Grafikparameter zurueck
par(grafikParameter)
}
```