# Streszczenie

W rozprawie opracowano jednolite podejście do badania złożonych zjawisk, ściśle związanych z procesami gałązkowymi oraz procesami życia i śmierci, polegające na równoległych badaniach teoretycznych i symulacyjnych. Na bazie tego podejścia opracowano dwie klasy modeli skupionych wokół dwóch tematów: dynamiki na grafach losowych (rozd. 2-6) oraz procesów życia i śmierci w ciągłej przestrzeni i czasie (rozdz. 7-11).

Praca rozoczyna się wstępem (rozdz. 1), który zawiera wstęp wspólny dla obu tematyk i opisuje podstawowe zastosownia procesów gałązkowych oraz procesów życia i śmierci. Następnie, rozdział 2 zawiera wprowadzenie do procesów gałązkowych oraz ukazuje, jak mogą one zostać wykorzystane do matematycznego modelowania epidemii na nieskierowanych grafach losowych. W szczególności przedstawiona jest klasa grafów Bollobása–Jansona–Riordana (BJR). Rozdział 3 wykorzystuje grafy BJR do modelowania komunikacji w sieciach społecznych przy ograniczonym dostępnym czasie komunikacji. Otrzymane rezultaty to teoretyczny wzór na oszacowanie średniej ilości czasu dostępnego do komunikacji oraz numeryczne wyniki opisujące skuteczność rozprzestrzeniania się informacji w takich sieciach. Rozdział 4 zawiera uogólnienie modelu BJR na grafy skierowane, ich własności oraz szkice dowodów. Ponadto, okazuje się, że nowa klasa grafów ma znacznie bogatszą strukturę niż nieskierowane grafy BJR, a większość obliczeń teoretycznych i numerycznych jest nadal możliwa. Piąty rozdział przedstawia kilka algorytmów, które zostały stworzone, aby móc wykorzystać grafy BJR w rzeczywistych problemach. Zostały tutaj opisane sposoby na znalezienie modelu BJR, który najlepiej oddaje dany graf, a także sposób na generowanie i przechowywanie grafów BJR w pamięci komputera oraz algorytmy umożliwiające szybkie analizowanie struktury grafu pod kątem rozprzestrzeniania się epidemii. Szósty rozdział skupia się na analizie sieci *Twitter* przy pomocy grafów BJR i narzędzi przedstawionych w poprzednich rozdziałach. Z uzyskanych rezultatów wynika, że oba zbiory danych, które były poddane analizie dają się dobrze opisać przy pomocy grafów BJR, a wyniki uzyskane analitycznie nie różnią się znacznie od wyników uzyskiwanych przez przeprowadzenie mikrosymulacji, tym samym potwierdzając zasadność modelu BJR do analizy rzeczywistych grafów.

Procesy życia i śmierci w przestrzeni wielowymiarowej, które są także mocno związane z układami cząstek oddziałujących, są poruszane począwszy od rozdziału siódmego, gdzie zawarty jest wstęp do tej tematyki oraz znajduje się opis kilku podstawowych modeli kojarzonych z tym zagadnieniem. Ósmy rozdział to część wspólnej pracy przedstawiającej teoretyczne rezultaty oraz symulacje dotyczące kształtu i szybkości rozrostu układu, które zostały otrzymane dla pewnej klasy modeli procesów życia i śmierci zdefiniowanych w continuum. W kolejnym, dziewiątym rozdziale znajduje się zarys przebiegu ewolucji nowotworów i wprowadzenie do matematycznego modelowania tego zagadnienia. Ponadto, jest tutaj przedstawiony model mikrosymulacyjny, którego celem jest uzyskanie jakościowych wyników dotyczących struktury klonalnej nowotworów oraz stosowania terapii. Przedmiotem rozdziału 10 jest wydajny algorytm pozwalający na symulowanie procesów życia i śmierci w ciągłym czasie i przestrzeni. Został tutaj zawarty opis złożonych struktur danych, które mają niewielki narzut pamięci, a amortyzowany czas potrzebny na przetworzenie pojedynczego zdarzenia wynosi $O(\log N)$, gdzie $N$ to liczba cząstek w układzie. Wyniki działania algorytmu zastosowanego do symulacji przyjętego modelu są zaprezentowane w ostatnim, jedenastym rozdziale. Rozważane scenariusze obejmują zarówno nieograniczony wzrost nowotworu, jak i stosowanie leczenia. Przedstawione rezultaty pozwalają wyciągnąć nowe wnioski na temat struktury klonalnej nowotorów, takich jak przestrzennego rozmieszczenia klonów oraz rozkładu rozmiarów klonów. Ponadto ukazuje ich wpływ na skuteczność leczenia oraz prawdopodobieństwa i szybkości wznowy nowotworu.

22/2021 Tomasz Gwiazda

## Najważniejsze osiągnięcia w pracy

- W rozdziale 3 opracowano nieskierowany modelu grafów BJR dla opisanego problemu, uzyskano wzory na indeks komunikacyjny w sieciach bezskalowych, a także opracowano model BJR, który rozszerza graf o prawdopodobieństwa transmisji oraz zaprezentowano wyniki liczbowe uzyskane za pomocą procedury numerycznej.

- W rozdziale 4: zaproponowano uogólnienie modelu BJR na grafy skierowane. Poprzez zdefiniowanie procesów rozgałęzienia w przód i w tył zostały określone podstawowe właściwości nowej klasy grafów oraz obliczone parametry epidemii: prawdopodobieństwo wybuchu epidemii, chorobowość, warunek istnienia giganytcznej silnie spójnej składowej i jej wielkość. Dodatkowo otrzymano recepturę numeryczną, pozwalającą przeprowadzanie obliczeń na zadanych grafach.

- W rozdziale 5 wkład autora jest zawarty w podrozdziałach 5.2 oraz 5.3, gdzie w pierwszej z nich przedstawiono metody aproksymacji rzeczywistego grafu za pomocą modelu BJR przez estymację największego prawdopodobieństwa *a posteriori* i metodę momentów, a w drugiej opisano algorytmy wydajnej symulacji epidemii na dużych grafach.

- Rozdział 6 jest częścią niepublikowanej wspólnej pracy, w której wkładem autora jest wyprowadzenie wzoru na zasięg kaskady w sieci Twitter, przeanalizowanie dwóch zbiorów danych, estymacja ich przybliżeń jako skierowanego grafu BJR, uzyskanie wyników zarówno z obliczeń numerycznych, jak i symulacji.

- Rozdział 8 jest oparty na wspólnej pracy, która została opublikowana w [3], gdzie głównym wkładem autora jest opracowanie modelu do weryfikacji uzyskanych wyników, algorytmu symulacyjnego oraz prezentacji jego rezultatów.

- Rozdział 9 służy jako wprowadzenie do tematu ewolucji nowotworów. Wkładem autora jest propozycja nowego modelu nowotworów oraz opis jego parametrów (podrozdziały 9.3-9.5).

- W rozdziale 10 opracowano wydajny algorytm do symulacji procesów narodzin i śmierci w continuum oraz stworzono potok przetwarzania wyników. Pierwsza część polegała na zaprojektowaniu struktur danych, określeniu złożoności obliczeniowej podstawowych operacji, oszacowaniu złożoności pamięciowej oraz dostosowaniu modelu matematycznego do ram algorytmu. Druga część polegała na stworzeniu algorytmu przetwarzania terabajtów danych symulacyjnych dla celów podsumowania i wizualizacji wyników.

- Rozdział 11 przedstawia wyniki, które zostały obliczone dla proponowanego modelu i z wykorzystaniem opracowanego algorytmu.

Tomasz Gradzki