
ZWISCHEN SIMULATION UND BEWEIS -
EINE MATHEMATISCHE ANALYSE
DES BIENAYMÉ-GALTON-WATSON PROZESSES
UND SEIN EINSATZ INNERHALB
DES MATHEMATIKUNTERRICHTS
BACHELORARBEIT

MAX ANGEL RONAN ENGELHARDT

Fakultät Mathematisch-Naturwissenschaftliche Fakultät
Lehrstuhl Institut für Mathematik
Semester 6
Betreuer Dr. Peter Keller
Erstgutachter Dr. Peter Keller
Zweitgutachterin Prof. Dr. Sylvie Roelly



Soweit nicht anders gekennzeichnet, ist dieses Werk unter einem Creative-Commons-Lizenzvertrag Namensnennung 4.0 lizenziert.

Dies gilt nicht für Zitate und Werke, die aufgrund einer anderen Erlaubnis genutzt werden. Um die Bedingungen der Lizenz einzusehen, folgen Sie bitte dem Hyperlink:

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/deed.de>

Online veröffentlicht auf dem

Publikationsserver der Universität Potsdam:

<https://doi.org/10.25932/publishup-52447>

<https://nbn-resolving.org/urn:nbn:de:kobv:517-opus4-524474>

Inhaltsverzeichnis

1	Einleitung	3
2	Einführung in Verzweigungsprozesse	13
2.1	Voraussetzungen	13
2.1.1	Der bedingte Erwartungswert und die bedingte Varianz	13
2.1.2	Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion	20
2.1.3	Die zufällige Summe	25
2.2	Die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse	29
2.3	Beispiele	46
2.3.1	Die Entstehungsfragestellung	46
2.3.2	Die geometrische Reproduktionsverteilung	48
2.3.3	Eine Reproduktionsverteilung ohne Erwartungswert	49
2.3.4	Linear fractional case	51
2.3.5	Ein weiterführendes Beispiel aus der Biologie	56
3	Simulationen	61
3.1	Entstehungsfragestellung von Galton	62
3.2	Geometrische Reproduktionsverteilung	66
3.3	Die Analyse von Fibroblasten von Mäusen	69
4	Betrachtung der Fundamentalen Ideen und des gemeinsamen Rahmenlehrplans von Berlin und Brandenburg in Bezug auf die Behandlung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse	76
5	Anhang	100
	Literatur	112
	Abbildungsverzeichnis	116
	Eidesstattliche Erklärung	118

1 Einleitung

Die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse sind ein Modell, anhand dessen die Entwicklung spezifischer Populationen betrachtet werden kann (vgl. Athreya & Ney 1972: 1). In dem Modell wird angenommen, dass die Populationen aus mehreren Individuen zusammengesetzt sind. Diese Individuen pflanzen sich selbstständig, zufällig, identisch und unabhängig voneinander fort (vgl. Athreya & Ney 1972: 1). Darüber hinaus existieren die Populationsmitglieder für ausschließlich eine Generation (vgl. Athreya & Ney 1972: 1). Die angeführten Eigenschaften der Prozesse begründen sich durch die Entstehungsgeschichte. Zurückführen lässt sich diese auf eine Fragestellung, die schon im Jahre 1798 von Thomas Robert Malthus aufgeworfen wurde (vgl. Jagers 2011: 1). Die Besonderheit der Fragestellung ist, dass sie aus der Demographie und nicht der Mathematik stammt (vgl. Jagers 2020: 314). Malthus beobachtete, dass das exponentielle Wachstum einer Population nicht das Aussterben von Familien verhindern kann (vgl. Jagers 2011: 1). Er betrachtete das Abnehmen von 487 auf 109 verschiedenen Familiennamen aus der Bourgeoisie innerhalb des Zeitraums von 1583-1783 (vgl. Jagers 2011: 1). Die Untersuchung der Extinktion der Familien, die damit in Verbindung stehende Aussterbewahrscheinlichkeit der Prozesse und das Kritikalitätstheorem beschäftigten ab dem 19. Jahrhundert bis zum 20. Jahrhundert eine Vielzahl von renommierten Wissenschaftler:innen. Die Aussterbewahrscheinlichkeit ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein Prozess jemals aussterben und somit eine Populationsgröße von Null erreicht wird. Darüber hinaus ist die Aussterbewahrscheinlichkeit ein zentraler Aspekt des Kritikalitätstheorems. Dieses Theorem umfasst den Zusammenhang zwischen der zu erwartenden Anzahl an Nachkommen eines Mitglieds der Population und der Aussterbewahrscheinlichkeit. Somit gelangte man zu dem nachfolgenden Ergebnis: Wenn der zu erwartende Umfang an Nachkommen kleiner eins und somit der Prozess subkritisch oder im anderen Fall gleich eins und der Prozess somit kritisch ist, dann stirbt die Population mit Sicherheit aus. Sollte die erwartete Menge an Nachfahren jedoch größer als eins und die Population somit superkritisch sein, so kommt es nicht in jedem Fall zu dem Aussterben der Population. Die Herleitung der genannten und weiterer Erkenntnisse erfolgt im zweiten Kapitel. Im Nachfolgenden wird die Entwicklung des Konzepts der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse ausführlicher analysiert. Dabei werden die genauen Beweise der Wissenschaftler:innen nicht angebracht. Sie können im Buch „A Short History of Mathematical Population Dynamics“ nachgelesen werden.

Der gleiche Vorfall, den Malthus beobachten konnte, weckte auch in Frankreich Irénée Jules Bienaymé's Interesse im 19. Jahrhundert (vgl. Jagers 2011: 1). Die bisherige Betrachtung der Extinktion von Familiennamen erfolgte ohne die Miteinbeziehung der Namen des Proletariats. Zu dieser Zeit wurde davon ausgegangen, dass das Aussterben proletarischer Familiennamen den derzeitigen Umständen zu verschulden war (vgl. Guttorp 1992: 2). Bienaymé selbst wurde im Jahre 1796 in Paris geboren und studierte an der École Polytechnique (vgl. Bacaër 2011: 41).

Er hatte sich schon vor der Betrachtung der Prozesse mit der Wahrscheinlichkeitstheorie auseinandergesetzt und beispielsweise die Fehlerwahrscheinlichkeiten in den Gerichtssystemen und in der Versicherungstheorie analysiert (vgl. Bacaër 2011: 41). Die Auseinandersetzung von Bienaymé mit dem Themengebiet beruhte ebenfalls auf den Betrachtungen von Thomas Doubleday 1842 bezüglich dem stärkeren Verschwinden von Familien der Oberklasse und von Émile Littré 1844 eines ähnlichen Sachverhaltes aufbauend auf der positivistischen Philosophie von Auguste Comte und Benoiston de Châteauneuf (vgl. Bacaër 2011: 42). Letzterer war ein Freund von Bienaymé (vgl. Bacaër 2011: 42). 1845 veröffentlichte Bienaymé den Artikel „De la loi de multiplication et de la durée des familles probabilités“ über den Fortbestand von Familien (vgl. Bacaër 2011: 41). Darin untersuchte er innerhalb des Artikels eine Fragestellung, die zu den Überlegungen von Malthus ähnlich ist (vgl. Bacaër 2011: 42). Er bestimmte dabei die Voraussetzungen, die für heutige Bienaymé-Galton-Watson Prozesse gelten und oben genannt wurden (vgl. Bacaër 2011: 42). Die Analyse von Bienaymé lag nicht in mathematischer Form vor (vgl. Guttorp 1992: 2) und seine Errungenschaften wurden erst durch Christopher Heyde und Eugene Seneta in ihrem Buch „I.J. Bienaymé: Statistical Theory Anticipated“ 1977 festgestellt (vgl. Jagers 2020: 311). Dies erfolgte ungefähr einhundert Jahre nach dem Entstehen und Lösen der Fragestellung, obwohl die Bearbeitung durch Bienaymé vorher schon bekannt war (vgl. Jagers 2020: 311). Sie zeigten, dass Bienaymé der Begründer der Prozesse war und damit die erste Person, die die Fragestellung löste und das Kritikalitäts-Theorem aufstellte (vgl. Jagers 2020: 311). Augustin Cournot griff die Überlegungen von Bienaymé auf und stellte die Eigenschaften der Aussterbewahrscheinlichkeit und das Kritikalitäts-Theorem ebenfalls fest (vgl. Bacaër 2011: 42-43). Die Arbeiten von Cournot wurden ebenfalls erst 1970 bemerkt (vgl. Bacaër 2011: 43).

Die späte Feststellung von Bienaymés Erkenntnissen führte zu der Bearbeitung der Fragestellung von anderen Wissenschaftlern. Francis Galton und Henry William Watson betrachteten die Fragestellung aufgrund desselben Phänomens bezüglich Adligen in England (vgl. Jagers 2011: 1). Galton wurde 1822 geboren und studierte Medizin in Birmingham und in London 1838 (vgl. Bacaër 2011: 49). Er studierte danach von 1840-1844 am Trinity College der University of Cambridge und gab 1844 den Wunsch auf, Mediziner zu werden (vgl. Bacaër 2011: 49). Er begab sich nach dem Abbruch auf mehrere Reisen und begann sich mit der Vererbung von intellektuellen Fähigkeiten ab 1859 genauer auseinanderzusetzen (vgl. Bacaër 2011: 49). Die grundsätzliche Fragestellung betrachte Galton erst, als Alphonse de Candolle in seinem Buch „Histoire des sciences et des savants“ 1873 behauptete, dass keiner der derzeitigen Statistiker, einschließlich Galton, eine relevante Aussage über das vermeintliche Aussterben von Familiennamen getroffen hat (vgl. Galton & Watson 1875: 138 ; Guttorp 1992: 2-3). de Candolle nahm in seinem Buch den Rückgang der Anzahl der Familiennamen aufgrund einer Reduktion der Fruchtbarkeit wegen dem Anstieg des physischen Komforts und der Erhöhung der intellektuellen Kapazitäten an (vgl. Harris 1964: 1). Diese Hypothese kann erst durch die Untersuchung des Aussterbens von Familien betrachtet werden (vgl. Harris 1964: 1). Die Feststellung von de Candolle und die nachfolgenden Betrachtungen von Galton, weisen auf das Unwissen bezüglich der Arbeit von Bienaymé hin (vgl. Bacaër 2011: 50).

Galton betrachtete die Fragestellung und kam zu keiner zufriedenstellenden Antwort (vgl. Galton & Watson 1875: 138). Deswegen brachte er es als ein offenes Problem in der Zeitschrift *Educational Times* (vgl. Galton & Watson 1875: 139) mithilfe der folgenden Formulierung an.

Problem 4001: "A large nation, of whom we will only concern ourselves with adult males, N in number, and who each bear separate surnames colonise a district. Their law of population is such that, in each generation, a_0 per cent of the adult males have no male children who reach adult life; a_1 have one such male child; a_2 have two; and so on up to a_5 who have five. Find (1) what proportion of their surnames will have become extinct after r generations; and (2) how many instances there will be of the surname being held by m persons." (Galton & Watson 1875: 139).

Die Formulierung zeichnet sich dadurch aus, dass sie im Punkt (2) gegenüber der betrachteten Fragestellung von Bienaymé eine Erweiterung besitzt (vgl. Bacaër 2011: 50). Galton erhielt bezüglich des Problems keine Rückmeldung und bezog aufgrund der Komplexität Watson mit ein (vgl. Galton & Watson 1875: 138). Watson wurde im Jahr 1827 in London geboren und studierte an dem King's College (vgl. Bacaër 2011: 50). Im Nachhinein studierte er von 1846 bis 1850 Mathematik am Trinity College der University of Cambridge (vgl. Bacaër 2011: 50). Er wurde Professor für Mathematik an der Harrow School von 1857 bis 1865 und ab 1865 Rektor von Berkswell (vgl. Bacaër 2011: 50). Im Jahr 1875 haben Watson und Galton den Artikel „On the probability of extinction of families“ veröffentlicht (vgl. Bacaër 2011: 50). Sie hatten dieselben Voraussetzungen bezüglich des Prozesses gewählt wie Bienaymé (vgl. Galton & Watson 1875: 140). Watson stellte einen Zusammenhang mit der Aussterbewahrscheinlichkeit des Prozesses und der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion her, die die Anzahl der erzeugten Nachfahren darstellt (vgl. Galton & Watson 1875: 140). Die erzeugenden Funktionen werden im zweiten Kapitel eingeführt. Darüber hinaus erlangte Watson eine Rekursionseigenschaft der erzeugenden Funktion und berechnete für eine Beispielfunktion die Funktionen bis zur vierten Generation (vgl. Galton & Watson 1875: 141). Dabei unterlief ihm ein Fehler bei der Bestimmung der vierten wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion (vgl. Galton & Watson 1875: 141). Aufgrund des Fehlers und fehlgeleitet von den Aussagen von de Candolle ging Watson von dem Aussterben der Population bezüglich jeder Verteilung in jedem Kritikalitätsfall aus (vgl. Galton & Watson 1875: 143; Bacaër 2011: 53). Diese Annahmen und Erkenntnisse von Galton und Watson wurden kurz nach der Veröffentlichung, beispielsweise durch den Politikwissenschaftler Pontus Fahlbeck, mit Zweifeln begegnet (vgl. Jagers 2020: 313). Dieser Fehlschluss wurde aber erst 50 Jahre später aufgeklärt und widerlegt (vgl. González & Del Perto 2010: 108). Infolge der Ergebnisse hatte Galton die Möglichkeit angenommen, dass der Prozentsatz der aussterbenden Familien bestimmt werden kann (vgl. Galton & Watson 1875: 138). Des Weiteren führte er die Untersuchung der Extinktion einer Familie wegen einer geringen Fruchtbarkeit auf die Berechnung des Prozentsatzes zurück (vgl. Galton & Watson 1875: 138). Später stellte sich heraus, dass diese Unterteilung der Aussterbewahrscheinlichkeit nicht möglich ist, wenn man eine Untersuchung mit festgelegten Fruchtbarkeitsraten durchführt (vgl. Guttorp 1992: 3).

Fahlbeck untersuchte 1896 bis 1902 die Frage bezüglich des Aussterbens der Familien und lehnte die Ergebnisse von Galton und Watson ab (vgl. Guttorp 1992: 3). Er nahm die Reduktion der Populationsgröße aufgrund der Degeneration der Reproduktion an (vgl. Guttorp 1992: 3). Diese Hypothese ist auf die Gründe bezüglich der Extinktion einer Population zurückzuführen. Demnach stirbt eine Population in einer stabilen Umgebung ohne Fressfeinde aus, aufgrund einer Kombination von Variationen zwischen Individuen und einer zu geringen Reproduktionsrate (vgl. Jagers 2011: 2). Der Statistiker und Ökonom Harald Westergaard untersuchte 1900 die Arbeiten von Fahlbeck (vgl. Guttorp 1992: 3). Er gelangte zu dem Ergebnis, dass die Notwendigkeit einer Form von Degeneration nicht besteht und die Ergebnisse von Fahlbeck und Galton und Watson übereinstimmen (vgl. Guttorp 1992: 3-4). Außerdem zeigte der medizinische Statistiker Wilhelm Weinberg 1914, dass das sinkende Verhältnis von männlichen und weiblichen Geburten nicht auf eine Degeneration zurückzuführen ist (vgl. Guttorp 1992: 4). Darüber hinaus tritt das Abnehmen in allen Familien auf, in denen die männliche Linie ausstirbt (vgl. Guttorp 1992: 4).

Eine ähnliche Fragestellung wie die von Bienaymé, betrachteten auch Ronald Aylmer Fisher und John Burdon Sanderson Haldane bezüglich eines Konzeptes innerhalb der Biologie. Dabei ist unklar, ob Fisher über die Arbeiten von Galton und Watson Bescheid wusste (vgl. Guttorp 1992: 4). Im Gegensatz zu Familiennamen untersuchte Fisher im Jahre 1922 mutierte Gene (vgl. Fisher 1922: 325). Das Konzept der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse wird somit auf die Betrachtung von fitteren Mutanten in einer Resistenz-Population angewandt (vgl. Jagers 2020: 314). Fisher studierte Mathematik und Physik zwischen 1909 und 1913 (vgl. Bacaër 2011: 77). Vor der Analyse der Prozesse widmete er sich dem Zusammenhang zwischen dem Korrelationskoeffizienten und der mendelschen Genetik (vgl. Bacaër 2011: 77). Er stellte wie Watson eine Rekursionseigenschaft der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion fest (vgl. Fisher 1922: 325). Jedoch ist die Nützlichkeit der Eigenschaft von Fisher höher als die von Watson (vgl. Bacaër 2011: 98). Des Weiteren erkannte er, dass in diesem Zusammenhang ein mutiertes Gen mit keinem selektiven Vorteil langsam verschwindet (vgl. Fisher 1922: 326). Dabei wurde der Selektionsvorteil durch die erwartete Anzahl an Nachfolgern von der Größe eins erfasst (vgl. Fisher 1922: 326).

Haldane studierte ebenfalls Mathematik am New College von der Oxford University und war später als Biochemiker tätig (vgl. Bacaër 2011: 97). Er schrieb die Reihe von Artikeln „A mathematical theory of natural and artificial selection“ und stellte im fünften Artikel im Jahr 1927 die Besonderheiten bezüglich der Fixpunktgleichung und der Aussterbewahrscheinlichkeit bei einem superkritischen Prozess fest (vgl. Bacaër 2011: 98). Hierbei hat das Gen im superkritischen Fall einen selektiven Vorteil und es besteht die Möglichkeit des Ansiedelns des Gens in der Population (vgl. Haldane 1927: 839). Fisher und Haldane betrachteten im Gegensatz zu Galton und Watson von Anfang an die Möglichkeit von unendlich vielen Nachkommen (vgl. Haldane 1927: 839; Fisher 1922: 325). Darüber hinaus führten Fisher und Haldane das Kritikalitätstheorem nie an, obwohl sie Erkenntnisse bezüglich den nötigen Grundlagen erlangt haben (vgl. Guttorp 1992: 4).

Agner Krarup Erlang studierte Mathematik, Physik und Chemie an der Universität Kopenhagen und setzte sich vorrangig mit der Stochastik auseinander (vgl. Bacaër 2011: 101). Erlang hatte sich 1929 mit der grundsätzlichen Fragestellung der Prozesse auseinandergesetzt und wusste nicht über die erlangten Ergebnisse der Vorgänger Bescheid (vgl. Bacaër 2011: 101). Währenddessen konnte er Einsichten über die Fixpunktgleichung im superkritischen Fall erlangen, aber seine Arbeiten aufgrund seines Todes im selben Jahr nicht mehr vervollständigen (vgl. Bacaër 2011: 102).

Der Mathematiker Johann Frederik Steffensen griff 1930 die Arbeiten von Erlang auf und erlangte dieselben Resultate wie Bienaymé und Haldane für den superkritischen Fall (vgl. Bacaër 2011: 102). Er hatte ebenfalls die verbliebenden Fälle untersucht und somit das Kritikalitäts-Theorem gelöst (vgl. Bacaër 2011: 103). Des Weiteren erhielt er ein Ergebnis bezüglich der zu erwartenden Populationsgröße in der n -ten Generation (vgl. Bacaër 2011: 103). Nach einem Hinweis von dem Statistiker William Palin Elderton führte er einen Vergleich seiner Erkenntnisse mit denen von Galton und Watson im Jahr 1933 durch (vgl. Bacaër 2011: 103). Er stellte als Erster den Fehler von Watson fest, obwohl Karl Pearson 1924 die Arbeit von Galton und Watson zusammengefasst hatte (vgl. Bacaër 2011: 54). Die Fragestellung von Erlang wurde im selben Zeitraum wie dem von Steffensen von dem Lehrer Carl Marius Christensen gelöst (vgl. Albertsen & Kristensen 1995: 243). Christensen hatte dieselben Ergebnisse wie Steffensen erlangt und das Kritikalitäts-Theorem formuliert (vgl. Albertsen & Kristensen 1995: 243).

Ein weiterer Wissenschaftler, der die grundsätzliche Fragestellung untersuchte, war Hermann von Schelling. Er betrachtete zuerst 1944 die Verteilung von Enkeln und Großkelkindern in Abhängigkeit von der Verteilung der Großeltern im Zusammenhang mit den Prozessen (vgl. Guttorp 1992: 5). Dabei erkannte Schelling, dass Familien entweder aussterben oder eine Vielzahl von Nachfahren haben (vgl. Guttorp 1992: 5). Im selben Jahr veröffentlichte er abermals eine Arbeit bezüglich der Prozesse, wobei er das Kritikalitäts-Theorem bewies (vgl. Guttorp 1992: 5).

Die vorherigen Abschnitte zeigten das Interesse für die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse in verschiedensten Gebieten und die Lösung der Fragestellung durch eine Vielzahl von Wissenschaftlern auf. Nach den Betrachtungen von Steffensen und Christensen waren die Prozesse weiterhin von Relevanz in einer Vielzahl von Stoffgebieten und weitere Untersuchungen wurden mit ihnen durchgeführt. Galton und Watson wiesen in ihren Arbeiten darauf hin, dass weiterführende Untersuchungen der Fragestellung erst durchgeführt werden könnten, falls statistische Daten über die Wahrscheinlichkeit der Anzahl der Söhne eines Mannes erlangt wurden (vgl. Guttorp 1992: 6). Alfred James Lotka veröffentlichte 1939 diesbezüglich seine Erkenntnisse über die menschliche Demographie (57). Lotka wandte 1931 die Theorien auf die Daten der Volkszählung der weißen Bevölkerung in den USA im Jahre 1920 an (vgl. Guttorp 1992: 6). Die Daten wurden von der US Census Bureau in Abhängigkeit des Alters gesammelt (vgl. Guttorp 1992: 6). Er gelangte auf eine Aussterbewahrscheinlichkeit der männlichen Linie von 0.8797 und mithilfe von verbesserten Methoden auf 0.819 (vgl. Guttorp 1992: 6; Lotka 1938: 129).

Bei den Betrachtungen stieß Lotka darauf, dass die Anzahl der Söhne durch ein absteigendes geometrisches Gesetz approximiert werden kann (vgl. Bacaër 2011: 28).

Andrei Nikolajewitsch Kolmogorow betrachtete 1938 die Prozesse und ermittelte, wie groß die Wahrscheinlichkeit der Existenz einer Familie nach einer großen, aber endlichen Anzahl von Generationen ist (vgl. Gutterp 1992: 5). Des Weiteren setzten sich nach dem zweiten Weltkrieg Kolmogorow, die Zwillingbrüder Isaak und Akiwa Moissejewitsch Yaglom und Boris Aleksandrovich Sevastyanov mit den Bienaymé-Galton-Watson Prozessen auseinander und konnten keine ausschlaggebenden Erfolge erzielen (vgl. Jagers 2020: 314). Kolmogorow und Nikolai Aleksandrovich Dmitriev prägten im Jahre 1947 den Begriff der Verzweigungsprozesse, zu denen Bienaymé-Galton-Watson Prozesse hinzugezählt werden (vgl. González & Del Perto 2010: 107). 1935 analysierte Nikolai Semenoff Chemische Kettenreaktionen mithilfe des Bienaymé-Galton-Watson Modells (vgl. Harris 1964: 2). Darüber hinaus nutzten 1938 William Shockley und John Pierce das Modell, um die Multiplikation von Elektronen in Elektronenerkennungsgeräten zu untersuchen (vgl. Harris 1964: 2). Ab 1940 stieg das Interesse an den Prozessen und den Verallgemeinerungen stärker, da das Wachstum von Familien sehr ähnlich zu den nuklearen Kettenreaktionen ist (vgl. Harris 1964: 2). Daraufhin betrachtete Stanislaw Ulam einmal mit David Hawkins 1944 und noch einmal mit C. Everett 1948 die nuklearen Kettenreaktionen mit diesem Ansatz (vgl. Harris 1964: 2). Außerdem wurde das Konzept auf die Theorien bezüglich Warteschlangen von Maurice Bartlett 1949, William Feller 1958, David George Kendall 1949 und 1966 und Nathan Keyfitz 1968 angewendet (vgl. Gutterp 1992: 5; Kendall 1949: 240-243). Keyfitz untersuchte darüber hinaus 1967 in Zusammenarbeit mit Andrea Tyree 1968 dasselbe Problem wie Lotka (vgl. Gutterp 1992: 6). Dabei wurde die Betrachtung von Männern durch die Untersuchung von Frauen ersetzt (vgl. Gutterp 1992: 6). Das Voranschreiten der Entwicklung der Computer führte zu der Berechnungsmöglichkeit der untersuchten Wahrscheinlichkeiten (vgl. Gutterp 1992: 6). Die betrachteten Frauen waren zwischen 45 bis 49 Jahre alt. Die ermittelten Wahrscheinlichkeiten der weiblichen Linie sind in den USA 0.8206, in der Ukraine 0.7130, in Israel 0.5144, in Mexiko 0.4066 und in Japan 0.3242 (vgl. Gutterp 1992: 6; Keyfitz & Tyree 1968: 336). Das Bienaymé-Galton-Watson Modell konnte ebenfalls 1973 von K. Albertsen benutzt werden und stellte eine große Bedeutung für das Gebiet der Genealogie dar (vgl. Gutterp 1992: 5). Barbara Stoddard Burks hatte sich 1933 mit dem „kin number problem“ auseinandergesetzt und Wao Waugh übertrug das Problem 1981 auf Galton Watson Prozesse (vgl. Waugh 1981: 632). Die Analyse ist beispielsweise bei der Notwendigkeit von Häusern und der Beeinflussung des Status durch die Geburt und somit innerhalb der Sozialpolitik und Anthropologie von Bedeutung (vgl. Waugh 1981: 631). Innerhalb dieser Betrachtungen wird die Verteilung der Anzahl der Verwandten eines beliebigen Individuums näher untersucht (vgl. Waugh 1981: 631).

Historie Bienaymé-Galton-Watson Prozesse



Abbildung 1: Zeitstrahl der Historie der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse

Bienaymé-Galton-Watson Prozesse sind insbesondere Verzweigungsprozesse und der Ausgangspunkt der Entstehung der Verzweigungsprozesse. Darüber hinaus konnten sich die Verzweigungsprozesse mithilfe der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse gegenüber der deterministischen Populationstheorie durchsetzen, da die Ausgangsfragestellung nicht mit der Theorie bearbeitet werden konnte und die Betrachtungen mit den Prozessen simpel waren (vgl. Jagers 2020: 312). Der Grundgedanke der Verzweigungsprozesse besteht darin, dass eine Population aus Individuen besteht (vgl. Jagers 2020: 317). Die Populationsmitglieder agieren mithilfe einer Initiative, die durch die stochastische Unabhängigkeit ausgedrückt wird (vgl. Jagers 2020: 317). Dies ist jedoch eine Idealisierung, die in vielen Situationen nicht der Realität entspricht (vgl. Jagers 2020: 317).

In den meisten biologischen Prozessen stellt die Unabhängigkeit eine Einschränkung dar, jedoch ist sie in physikalischen Prozessen annähernd realitätsnah (vgl. Harris 1964: 3). Obwohl damit das Modell nur limitiert eingesetzt werden kann, wurden bisher noch keine Modelle entwickelt, die die Unabhängigkeit der Individuen vernachlässigen (vgl. Jagers 2020: 317). Die Verzweigungsprozesse sind außerdem kein rein mathematisches Objekt, denn sie entstanden durch mathematische, biologische, physikalische und demographische Betrachtungen (vgl. Jagers 2020: 312). Diese Einflüsse wurden ansatzweise in den vorhergehenden Betrachtungen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse ersichtlich. Die Verzweigungsprozesse sind darüber hinaus von Bedeutung für die Biologie innerhalb der Resistenztheorie, der Krebszellenforschung, der Zellkinetik, der Genetik, der Epidemiologie und bezüglich der Polymerase-Kettenreaktionen (PCR) (vgl. González & Del Perto 2010: 108).

Die Entwicklung der Verzweigungsprozesse erfolgte parallel und nach der hauptsächlichen Entwicklung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse. Theodore Harris forschte nach dem zweiten Weltkrieg bezüglich Galton-Watson-Prozessen mit einem stetigen Typ (vgl. Jagers 2020: 314). Des Weiteren führte Kendall 1948 ein Konzept ein, sodass die Individuen der Verzweigungsprozesse während ihrer Lebenszeit Kinder erzeugen konnten (vgl. Kendall 1948: 1-2). Danach entwickelten zwischen 1950 und 1960 Richard Bellman und Harris die altersabhängigen Prozesse (vgl. Jagers 2020: 314). Innerhalb dieser Art von Prozessen besitzen die Populationsmitglieder verschiedene Lebensspannen und bei ihrem Tod unterteilen sie sich in eine verschiedene Anzahl an Kindern (vgl. Athreya & Ney 1972: 137). Sevastyanov erweiterte 1971 den Ansatz, indem er die Anzahl der Kinder von dem Alter des Individuums abhängig machte (vgl. Jagers 2020: 314). Im Nachhinein wurde das Konzept von Kendall durch die Weiterentwicklung der Punktprozessentheorie realisiert, wodurch ebenfalls die Verzweigungsprozesse einfacher formuliert werden und die Individuen von verschiedener Art sein konnten (vgl. Jagers 2020: 315). Das Modell der verschiedenen Typen wurde durch K. S. Crump, C. J. Mode und Peter Jagers 1968 bis 1969 entwickelt (vgl. Jagers 2020: 315). Das Konzept der unterschiedlichen Typen umfasst die Möglichkeit, dass die einzelnen Populationsmitglieder abweichende probabilistische Verhaltensweisen besitzen (vgl. Athreya & Ney 1972: 181). Dabei können fünf Typräume für die Zufallsvariablen festgelegt werden, wobei die einzelnen Erweiterungen auch auf den Bienaymé-Galton-Watson Prozesse angewendet wurden (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 13). Außerdem wurden von Sevastyanov und Andrei Mikhailovich Zubkov 1974 kontrollierte Verzweigungsprozesse entwickelt, bei denen die Individuen in jeder Generation durch einen Kontrollprozess reguliert werden (vgl. González & Del Perto 2010: 114).

Die voranschreitende Entwicklung der Verzweigungsprozesse führten dazu, dass anhand dieser die gesamte mathematische Populationstheorie beschrieben werden kann (vgl. Jagers 2020: 315). Damit lösten sie das dominierende mathematische Werkzeug, die stabile Populationstheorie, ab (vgl. Jagers 2020: 315). Die Erkenntnisse der stabilen Populationstheorie konnten hierbei vollständig auf die Verzweigungsprozesse übertragen werden (vgl. Jagers 2020: 315-316).

Außerdem konnte die generelle Stabilisierung von Populationszusammensetzungen durch Jagers erweitert werden, indem die Relationen zwischen den einzelnen Individuen einer Population miteinbezogen werden (vgl. Jagers 2020: 316). Darauf aufbauend untersuchte seine Arbeitsgruppe die Stabilisierung von Familienstrukturen und Typverteilungen von Populationen mit Multitypen (vgl. Jagers 2020: 316-317). Die Fortschritte, die gleichzeitig im Gebiet der strukturierten Populationsdynamiken durch Oda Diekmann und Mats Gyllenberg erlangt wurden, brachten eine Weiterentwicklung der Verzweigungsprozesse (vgl. Jagers 2020: 317). Diese Entwicklung wurde von Sylvie Méléard, Nicholas Champagnat, Amaury Lambert und ihren Mitarbeitern 2006 bis 2008 realisiert (vgl. Jagers 2020: 317). Dabei wurden Verzweigungsprozesse entworfen, die den Geburt und Tod abbilden und Altersstrukturen erlaubten (vgl. Jagers 2020: 317). Des Weiteren erfolgte die Betrachtung von der Arbeitsgruppe von Jagers 2011 von Populationen mit Fassungsgrenzen, wobei ab dem Überschreiten einer Populationsgrenze der Prozess als subkritisch betrachtet wird (vgl. Jagers 2020: 317). Dabei kann das Kritikalitätstheorems bei jedwedem Verzweigungsprozess betrachtet werden (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 13).

Abschließend zu der Entwicklung der Verzweigungsprozesse kann festgestellt werden, dass aufgrund einer vergleichsweise simplen, demografischen Fragestellung und eines stark simplifizierten Modells, mit denen sich Wissenschaftler:innen auseinandergesetzt haben, eine komplexe und nützliche Theorie entstanden ist. Diese Theorie brachte Modelle hervor, die die führenden Werkzeuge der Populations-theorie wurden und mächtig genug sind, um eine Vielzahl von Problemen zu beschreiben.

Innerhalb der Entwicklung zeigte sich, dass die Verzweigungsprozesse auch eine Bedeutung für das Gebiet der Epidemiologie besitzen. Die Verwendung der Modelle während der Ebola-Pandemie 2014 in Westafrika illustriert dies (vgl. Drake, Kaul, Alexander, O'Regan, Kramer, Pullia, Ferrari & Park 2015: 1). Im Sommer 2014 waren die Entscheidungen bezüglich der Maßnahmen gegen die Epidemie noch nicht getroffen und es fehlten grundsätzliche Informationen über die Ansteckungen (vgl. Drake et al. 2015: 1). In Ermangelung der Informationen konnte ein Verzweigungsprozess mit Multitypen genutzt werden, der auch das Verhalten der Menschen berücksichtigte (vgl. Drake et al. 2015: 1). Das Modell verwies auf die Abhängigkeit der Entwicklung der Massenerkrankung von dem menschlichen Verhalten und den Kapazitäten des Gesundheitssystems und zeigte die Eindämmung der Pandemie, sobald eine medizinische Versorgung von 85 Prozent erreicht wird (vgl. Drake et al. 2015: 1-2). Des Weiteren wiesen die Verzweigungsprozesse einen Nutzen bezüglich der derzeit herrschenden Corona-Pandemie auf, die im November 2019 in Wuhan China ausgebrach und im März 2020 zu einer globalen Epidemie wurde (vgl. World Health Organisation 2019: 4; World Health Organisation 2020: 1). Die Verzweigungsprozesse wurden innerhalb des Themengebietes PCR verwendet und beruhend auf dem Konzept wurden die gleichnamigen PCR-Tests entwickelt. Ein Vorteil des Testes ist die Reduktion der Anzahl der Personen, die in Selbstisolation eingewiesen werden müssen (vgl. Grassly, Pons-Salort, Parker, White & Ferguson 2020: 1383). Außerdem können durch ein kontinuierliches Testen der Beitrag von Schlüsselpositionen zur Ansteckung von neuen Personen um 10 Prozent und der R-Wert um bis zu 26 Prozent reduziert werden (vgl. Grassly et al. 2020: 1387).

Des Weiteren zeichnen sich Verzweigungsprozesse gegenüber anderen verwendeten Modellen dahingehend aus, dass sie besser zur Analyse von individuellen Daten während der steigenden Entwicklungsphase der Massenerkrankung verwendet werden können (vgl. Bertozzi, Franco, Mohler, Short & Sledge 2020: 16732). Außerdem sind sie passgenauer und flexibler bei der Beschreibung der Krankheitsausbreitung als die Modelle der diskreten Zeit (vgl. Slavtchova-Bojkova 2020: 115). Darüber hinaus betrachtet ein Verzweigungsmodell nur infizierte Personen und die Anzahl der Neuinfektionen, die durch eine Person hervorgebracht werden (vgl. Panovska-Griffith, Kerr, Waites & Stuart 2021: 307). Durch die ausschließliche Analyse von Infizierten, können spezifische Eigenschaften der Gruppe miteinbezogen werden (vgl. Panovska-Griffith et al. 2021: 307). Die Eigenschaften umfassen das Alter und die Symptomatik (vgl. Hendy, Steyn, James, Plank, Hannah, Binny & Lustig 2021: 4).

Das Modellieren der Konzepte mithilfe der Prozesse ist hilfreich, um Entscheidungen innerhalb der Politik zu treffen (vgl. Panovska-Griffith et al. 2021: 322). Die getroffenen Überlegungen zeigten die erneute Ausbreitung der Krankheiten ohne eine pharmazeutische Intervention (vgl. Bertozzi et al. 2020: 16732). Die Vorteile bezüglich des Fällens eines politischen Entschlusses führten zu der Betrachtung der Pandemie innerhalb von verschiedenen Ländern. Hinsichtlich der Situation in Griechenland wurde ein klassischer Bienaymé-Galton-Watson Prozess und ein Verzweigungsprozess für die Untersuchung des Ausbruchs der Krankheit in den Anfangsphasen verwendet (vgl. Mitrofani & Koutras 2021: 63 und 68). Hierbei wurde die Effizienz der verwendeten Maßnahmen gezeigt (vgl. Mitrofani & Koutras 2021: 63 und 68). Diese Anwendung zeigte, dass Bienaymé-Galton-Watson Prozesse auch heutzutage noch von Relevanz für die Betrachtungen sind. Verzweigungsprozesse haben ebenfalls den Vorteil, dass Populationen mit einem geringen Umfang betrachtet werden können und eine konkrete Aussage getroffen werden kann (vgl. Hendy et al. 2021: 4). Innerhalb von Neuseeland wurden ebenso Analysen mithilfe von Verzweigungsprozessen durchgeführt. Dabei gelangte man zu Ergebnissen für die Aussterbewahrscheinlichkeit und führte eine Beratung wegen der Anzahl der anzunehmenden Infektionen und der Wahrscheinlichkeit eines regionalen Ausbruches durch (vgl. Hendy et al. 2021: 15). Auch wurden unter Berücksichtigung verschiedener Parameter die Situationen für Bulgarien, Belgien und Südkorea anhand von Simulationen von Verzweigungsprozessen untersucht (vgl. Slavtchova-Bojkova 2020: 116). Hierbei betrachtete man die Entwicklung der Fallzahlen unter einer pessimistischen, normalen und optimistischen Wahl der Parameter (vgl. Slavtchova-Bojkova 2020: 116). Es konnten aber auch konkretere Aussagen über die Gestaltung des Arbeitsumfeldes mithilfe von den Prozessen getroffen werden. Dabei wird mit einem Modell das Verständnis der Entscheidungen der Eindämmungsstrategien bei dem Beginn eines Ausbruches unterstützt (vgl. Levesque, Maybury & Shaw 2020: 1). Es wird ein allgemeiner Rahmen geboten, der an den Arbeitsplatz angepasst werden kann und die Kontaktrückverfolgung und Isolation berücksichtigt (vgl. Levesque, Maybury & Shaw 2020: 11-14). Des Weiteren kann die Betrachtung von spezifischen Phänomenen, wie dem super spreader event erfolgen (vgl. Müller & Hösel 2020: 2). Hierbei erfolgt bei dem Vorfall eine Infektion über die Luft (vgl. Müller & Hösel 2020: 1). Der Einfluss des Ereignisses auf die Kontaktrückverfolgung wird mithilfe von Verzweigungsprozessen untersucht (vgl. Müller & Hösel 2020: 2).

Die Ergebnisse zeigten, dass es bei den Events von Bedeutung ist, die Infizierten direkt ausfindig zu machen und dass in nicht synchronen Abläufen die Prävention wichtiger ist (vgl. Müller & Hösel 2020: 3).

Die abschließende Analyse zeigte die derzeitige Bedeutung der Verzweigungsprozesse und die Vielzahl an Anwendungsmöglichkeiten innerhalb von mehreren Gebieten auf. Die Verzweigungsprozesse können für brisante Entscheidungen innerhalb der Politik zu Rate gezogen werden und Aufschluss über verschiedenste Situationen geben. Aufgrund der genannten Vorteile und der hohen Anzahl an Anwendungsmöglichkeiten liegt die Vermutung nahe, dass das Modell auch weiterhin von großer Bedeutung sein wird.

2 Einführung in Verzweigungsprozesse

2.1 Voraussetzungen

Die Behandlung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse wird durch die Einführung und die Kenntnis über verschiedene Werkzeuge der Stochastik vereinfacht und ermöglicht. Dafür werden im nachfolgenden der bedingte Erwartungswert, die bedingte Varianz, die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion, die zufällige Summe und die mit den Themen zusammenhängenden, benötigten Erkenntnisse eingeführt. Die Betrachtung der Themengebiete setzt ein grundlegendes Verständnis von stochastischen Konzepten voraus. Darunter versteht sich beispielsweise der Wahrscheinlichkeitsraum, das Wahrscheinlichkeitsmaß, die bedingte Wahrscheinlichkeit, die Zufallsvariable, die Verteilung, der Erwartungswert und die Varianz.

2.1.1 Der bedingte Erwartungswert und die bedingte Varianz

Der bedingte Erwartungswert ist ein Konzept, welches bezüglich beliebigen Wahrscheinlichkeitsräumen definiert werden kann und schon im 17. Jahrhundert bei der Analyse des Punktproblems durch Fermat und Pascal verwendet wurde (vgl. Ethier 2010: 76). Dabei erfolgt die Definition mithilfe einer Zufallsvariable. Die betrachtete Bedingung ist eine Sub- σ -algebra der σ -Algebra. Für die nachfolgende Analyse der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse sind ausschließlich die Betrachtungen von diskreten Zufallsvariablen und somit diskrete Wahrscheinlichkeitsräume relevant. Die Bedingung wird hierbei auf ein Ereignis der σ -Algebra reduziert. Weitere Analysen bezüglich der beliebigen Wahrscheinlichkeitsräume stellen die Bedeutung des bedingten Erwartungswertes, etwa bei der Untersuchung von bedingten Erwartungswerten von stetigen Zufallsvariablen, dar (vgl. Privault 2018: 25-27; Henze 2019: 196-176). Die nachfolgende Untersuchung des Themengebietes erfolgt anfangs mit der Betrachtung der Bedingung bezüglich eines Ereignisses und wird im Nachhinein auf die Bedingungen mithilfe von Zufallsvariablen ausgeweitet.

Dabei wird die Analyse der Eigenschaften des bedingten Erwartungswertes, die Einführung der bedingten Erwartung und der bedingten Varianz durchgeführt. Die Betrachtungen beruhen auf Ethier (vgl. Ethier 2010: 75-88).

Definition 2.1.1.1 (Bedingter Erwartungswert (vgl. Ethier 2010: 75)). Sei (Ω, \mathcal{A}, P) ein diskreter Wahrscheinlichkeitsraum, $D \subset \Omega$ ein Ereignis mit $P(D) > 0$ und Y eine diskrete Zufallsvariable auf Ω mit positiven Werten und existierendem Erwartungswert. Dann sei

$$E[Y | D] := \sum_{y \in [0, \infty]} yP(\{Y = y\} | D) \text{ der bedingte Erwartungswert von } Y \text{ unter der Bedingung } D.$$

Dabei gilt für jede reelle Zahl p aus dem Intervall $[0,1]$ die Konvention $p \cdot \infty = \infty$, falls $p > 0$ ist und für $p = 0$ gilt $p \cdot \infty = 0$.

Anhand der Definition wird der Zusammenhang im diskreten Wahrscheinlichkeitsraum zwischen dem bedingten Erwartungswert und dem Erwartungswert deutlich. Diese Vernetzung wird in dem nachfolgenden Lemma festgehalten.

Lemma 2.1.1.2. Sei (Ω, \mathcal{A}, P) ein diskreter Wahrscheinlichkeitsraum, $D \subset \Omega$ ein Ereignis mit $P(D) > 0$, Y eine diskrete Zufallsvariable auf Ω mit positiven Werten und existierendem, bedingtem Erwartungswert unter der Bedingung D und 1_D die Indikatorfunktion bzgl. D mit $1_D(\omega) = \begin{cases} 1 & \omega \in D \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}$ (vgl. Henze 2019: 15), dann gilt

$$E[Y | D] = \frac{E[Y1_D]}{P(D)}.$$

Beweis. Aufgrund der Definition 2.1.1.1 und der Definition der bedingten Wahrscheinlichkeit (vgl. Henze 2019: 50) ist

$$\begin{aligned} E[Y | D] &= \sum_{y=0}^{\infty} yP(\{Y = y\} | D) \\ &= \sum_{y=0}^{\infty} y \frac{P(\{Y = y\} \cap D)}{P(D)}. \end{aligned}$$

Außerdem gilt aufgrund der Definition der Indikatorfunktion $(\{Y = y\} \cap D) = \{Y \cdot 1_D = y\}$ für $y \neq 0$ und der Linearität von konvergenten Reihen (vgl. Deitmar 2021: 60)

$$\begin{aligned} \sum_{y=0}^{\infty} y \frac{P(\{Y = y\} \cap D)}{P(D)} &= \sum_{y=0}^{\infty} y \frac{P(\{Y1_D = y\})}{P(D)} \\ &= \frac{1}{P(D)} \sum_{y=0}^{\infty} yP(\{Y1_D = y\}). \end{aligned}$$

Somit gilt aufgrund der Definition des Erwartungswertes einer Zufallsvariable (vgl. Henze 2019: 85)

$$\begin{aligned} E[Y | D] &= \frac{1}{P(D)} \cdot \sum_{y=0}^{\infty} y P(\{Y1_D = y\}) \\ &= \frac{E[Y1_D]}{P(D)}. \end{aligned}$$

□

Bemerkung 2.1.1.3. Eine weitere Verknüpfung erlangt man durch die Betrachtung der bedingten Verteilung P_D . Dabei erhält man $E_P[Y | D] = E_{P_D}[Y]$ (vgl. Henze 2019: 106).

Mithilfe des Lemmas kann nicht nur der bedingte Erwartungswert berechnet werden, sondern auch der Erwartungswert einer Zufallsvariable Y .

Satz 2.1.1.4 (Formel oder das Gesetz der totalen Erwartung). *Sei I eine endliche oder abzählbar unendliche Indexmenge und (Ω, \mathcal{A}, P) der zugrunde liegende Wahrscheinlichkeitsraum. Des Weiteren seien $D_i \in \Omega$ mit $P(D_i) > 0$ für $i \in I$ paarweise disjunkt und $\bigcup_{i \in I} D_i$ ein Ereignis mit $P(\bigcup_{i \in I} D_i) = 1$. Falls nun Y eine endliche Erwartung besitzt, gilt*

$$E[Y] = \sum_{i \in I} P(D_i) E[Y | D_i].$$

Beweis. Es gilt

$$\begin{aligned} E[Y] &= E[Y1_{\Omega}] \\ &= E\left[\sum_{i \in I} Y1_{D_i}\right] \\ &= \sum_{i \in I} E[Y1_{D_i}]. \end{aligned}$$

Dabei gilt die erste Gleichheit aufgrund der Definition der Indikatorfunktion und die zweite Gleichheit wegen der Additivität des Erwartungswertes (vgl. Henze 2019: 86), falls I endlich ist, und dem Umordnungssatz für Reihen, infolge der absoluten Konvergenz des Erwartungswertes (vgl. Deitmar 2021: 65), falls I abzählbar unendlich ist. Die absolute Konvergenz ergibt sich, da nach Voraussetzung $E[Y]$ existiert und durch die Definition des Erwartungswertes (vgl. Henze 2019: 85) und der Nichtnegativität des Wahrscheinlichkeitsmaßes P (vgl. Henze 2019: 17) alle Summanden positiv sind.

Wendet man nun eine nahrhafte Eins und das Lemma 2.1.1.2 an, erlangt man

$$\begin{aligned}
 E[Y] &= \sum_{i \in I} E[Y 1_{D_i}] \\
 &= \sum_{i \in I} \frac{P(D_i)}{P(D_i)} E[Y 1_{D_i}] \\
 &= \sum_{i \in I} P(D_i) E[Y | D_i].
 \end{aligned}$$

□

Die bisherigen Ergebnisse können nicht für die Betrachtung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse angewendet werden, weil bei diesen die Bedingung mithilfe einer Zufallsvariable definiert ist. Die damit zusammenhängende Anpassung wird nachfolgend betrachtet.

Die mittels einer Zufallsvariable definierte Bedingung, kann auf die Bedingung mit einem Ereignis D zurückgeführt werden. Analysiert man dafür beispielhaft den Satz 2.1.1.4 und seien die Zufallsvariablen X und Y gemeinsam auf dem diskreten Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) definiert. Des Weiteren seien die $D_i := \{X = x_i\}$ für $i \in I$ so definiert, dass I endlich oder abzählbar unendlich, die Werte x_i für $i \in I$ paarweise disjunkt, $P(X = x_i) > 0$ für $i \in I$ und $P(X = x_i \text{ für ein } i \in I) = 1$ sind. Falls Y eine endliche Erwartung hat gilt nun für Satz 2.1.1.4

$$\begin{aligned}
 E[Y] &= \sum_{i \in I} P(D_i) E[Y | D_i] \\
 &= \sum_{i \in I} P(\{X = x_i\}) E[Y | \{X = x_i\}] \\
 &= \sum_x P(\{X = x\}) E[Y | \{X = x\}].
 \end{aligned}$$

Dabei ergibt sich die letzte Gleichheit, indem $x_i = x$ gesetzt wird und somit über die verschiedenen x summiert werden. Damit ist der bedingte Erwartungswert von Y unter einer gegebenen Bedingung anhand einer Zufallsvariablen definiert. Die Definition mithilfe einer Zufallsvariablen ermöglicht die Definition der bedingten Erwartung. Die bedingte Erwartung ist eine Zufallsvariable die im Definitionsbereich mit der Zufallsvariable X übereinstimmt.

Definition 2.1.1.5 (Die bedingte Erwartung (vgl. Klenke 2020: 193-194 und 201)). Es seien die Zufallsvariablen Y und X gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt, dann ist $h(X) = E[Y | X] := E[Y | \sigma(X)]$ die *bedingte Erwartung* von Y unter der Bedingung X . Die erzeugte σ -Algebra von X , $\sigma(X)$ wird mittels der Ereignisse $\{X = x\}$ definiert, wodurch eine Definition von $h(X)$ ausgehend von dem Wert $E[Y | \{X = x\}]$ erfolgen kann. Dabei ist $h(x) = E[Y | \{X = x\}]$, $h(X)$ ist bezüglich $\sigma(X)$ messbar und falls $P(\{X = x\}) = 0$ gilt, ist $E[Y | X]$ willkürlich für das Ereignis $\{X = x\}$ definiert. Des Weiteren existiert $h(X)$ und ist bis auf Gleichheit fast sicher, sodass die bedingte Erwartung nicht eindeutig ist.

Durch die Definition von der bedingten Erwartung und die Anpassung der Definition des Satzes der totalen Erwartung, lässt sich Turmformel ermitteln.

Satz 2.1.1.6 (Turmformel). *Seien die Zufallsvariablen Y und X gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt und besitze Y eine endliche Erwartung, dann gilt*

$$E[Y] = E[E[Y | X]].$$

Beweis. Infolge der bisherigen Ergebnisse, erhält man

$$\begin{aligned} E[Y] &= \sum_x P(\{X = x\}) E[Y | \{X = x\}] \\ &= \sum_x P(\{X = x\}) h(x) \\ &= E[h(X)] \\ &= E[E[Y | X]]. \end{aligned}$$

Dabei ergibt sich die erste Gleichheit mithilfe der Anpassung der Definition des Satzes der totalen Erwartung und die zweite Gleichheit mithilfe der Definition 2.1.1.5. \square

Um die Mächtigkeit der definierten Konzepte ausnutzen zu können, werden nachfolgend die für die Betrachtungen notwendigen Eigenschaften des bedingten Erwartungswertes bewiesen. Die aufgeführten Eigenschaften sind nicht vollständig (vgl. Ethier 2010: 81-85; Henze 2019: 106-107).

Satz 2.1.1.7 (Multilinearität des bedingten Erwartungswertes). *Es seien die Zufallsvariablen Y, Y_1, \dots, Y_l und X mit l aus \mathbb{N} gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt und die reelle Zahl a gegeben. Außerdem seien die Erwartungen der Variablen Y, Y_1, \dots, Y_l und somit auch die Erwartung von $Y_1 + \dots + Y_l$ endlich, dann gelten*

$$i) \ E[aY | X] = aE[Y | X]$$

$$ii) \ E[Y_1 + \dots + Y_l | X] = E[Y_1 | X] + \dots + E[Y_l | X]$$

Beweis. Da die bedingte Erwartung mithilfe der Werte von X definiert wurde, reicht es aus im Folgenden die Betrachtungen bedingt bezüglich dem spezifischen Ereignis $\{X = x\}$ durchzuführen. Durch die Analyse aller möglichen Werte die X annehmen kann, gilt die Aussage für die bedingte Erwartung.

Zu i): Aufgrund des Lemmas 2.1.1.2 und der Multilinearität des Erwartungswertes gilt für alle $\{X = x\}$

$$\begin{aligned} E[aY \mid \{X = x\}] &= \frac{E[aY1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= a \frac{E[Y1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= aE[Y \mid \{X = x\}]. \end{aligned}$$

Zu ii): Dieselbe Begründung wie bei i) liefert für alle $\{X = x\}$

$$\begin{aligned} E[Y_1 + \dots + Y_l \mid \{X = x\}] &= \frac{E[(Y_1 + \dots + Y_l)1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= \frac{E[Y_11_{\{X=x\}} + \dots + Y_l1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= \frac{E[Y_11_{\{X=x\}}] + \dots + E[Y_l1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= \frac{E[Y_11_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} + \dots + \frac{E[Y_l1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= E[Y_1 \mid \{X = x\}] + \dots + E[Y_l \mid \{X = x\}]. \end{aligned}$$

□

Lemma 2.1.1.8 (vgl. Ethier 2010: 81). *Seien die Zufallsvariablen Y und X stochastisch unabhängig und sei die reellwertige Funktion f , deren Definitionsbereich der Wertebereich von Y ist, definiert. Außerdem seien die Erwartungen der Variable Y und $f(Y)$ endlich, dann gilt*

$$E[f(Y) \mid X] = E[f(Y)].$$

Beweis. Die Untersuchung kann aus demselben Grund wie bei dem Lemma 2.1.1.7 bezüglich $\{X = x\}$ durchgeführt werden. Infolge des Lemmas 2.1.1.2, des Erwartungswertes der Indikatorfunktion (vgl. Henze 2019: 86), der Multilinearität des Erwartungswertes und der stochastischen Unabhängigkeit von X und Y und somit der Unabhängigkeit von $f(Y)$ und $1_{\{X=x\}}$ gilt für alle $\{X = x\}$

$$\begin{aligned} E[f(Y) \mid X = x] &= \frac{E[f(Y)1_{\{X=x\}}]}{P(X = x)} \\ &= \frac{E[f(Y)]E[1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= \frac{E[f(Y)]P(\{X = x\})}{P(\{X = x\})} \\ &= E[f(Y)]. \end{aligned}$$

□

Lemma 2.1.1.9 (Herausziehen des Bekannten (vgl. Ethier 2010: 81)). Seien die Zufallsvariablen Y und X gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt und sei die reellwertige Funktion f , deren Definitionsbereich der Wertebereich von X ist, definiert. Außerdem seien die Erwartungen der Variablen Y und $f(X)Y$ endlich, dann gilt

$$E[f(X)Y | X] = f(X)E[Y | X].$$

Beweis. Die Untersuchung wird wegen demselben Grund wie bei dem Lemma 2.1.1.7 bezüglich $\{X = x\}$ durchgeführt. Aufgrund des Lemmas 2.1.1.2, der Multilinearität des Erwartungswertes und der Definition der Indikatorfunktion gilt für alle $\{X = x\}$:

$$\begin{aligned} E[f(X)Y | \{X = x\}] &= \frac{E[f(X)Y 1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= \frac{E[f(x)Y 1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= f(x) \frac{E[Y 1_{\{X=x\}}]}{P(\{X = x\})} \\ &= f(x)E[Y | \{X = x\}]. \end{aligned}$$

□

Die Definition eines bedingten Erwartungswertes legt die Definition einer bedingten Varianz nahe. Dieses Konzept wird mit der nachfolgenden Definition erfasst.

Definition 2.1.1.10 (Die bedingte Varianz (vgl. Ethier 2010: 87)). Seien die Zufallsvariablen Y und X gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt und besitze Y eine endliche Varianz. Dann ist die Zufallsvariable $Var[Y | X] = E[(Y - E[Y | X])^2 | X]$ die *bedingte Varianz* der Zufallsvariable Y unter der Bedingung X .

Die bedingte Varianz kann nun ähnlich der Varianz mithilfe des bedingten Erwartungswertes ermittelt werden. Zudem kann auch die Varianz ähnlich dem Erwartungswert mithilfe der bedingten Varianz bestimmt werden.

Satz 2.1.1.11 (vgl. Ethier 2010: 87). Es seien die Zufallsvariablen Y und X gemeinsam auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) verteilt und besitzen Y und Y^2 eine endliche Erwartung dann gelten die folgenden zwei Gleichungen

- i) $Var[Y | X] = E[Y^2 | X] - E[Y | X]^2$
- ii) $Var[Y] = E[Var[Y | X]] + Var[E[Y | X]].$

Beweis. Zu i): Aufgrund der Definition 2.1.1.10 der bedingten Varianz, der zweiten binomischen Formel, dem Satz 2.1.1.7 und dem Lemma 2.1.1.8 gilt

$$\begin{aligned}
 \text{Var}[Y | X] &= E[(Y - E[Y | X])^2 | X] \\
 &= E[Y^2 - 2YE[Y | X] + E[Y | X]^2 | X] \\
 &= E[Y^2 | X] - E[2YE[Y | X] | X] + E[E[Y | X]^2 | X] \\
 &= E[Y^2 | X] - 2E[Y | X]^2 + E[Y | X]^2 \\
 &= E[Y^2 | X] - E[Y | X]^2.
 \end{aligned}$$

Zu ii): Wegen i), der Multilinearität des Erwartungswertes und des Satzes 2.1.1.6 erhält man

$$\begin{aligned}
 E[\text{Var}[Y | X]] &= E[E[Y^2 | X] - E[Y | X]^2] \\
 &= E[E[Y^2 | X]] - E[E[Y | X]^2] \\
 &= E[Y^2] - E[E[Y | X]^2].
 \end{aligned}$$

Des Weiteren gilt aufgrund der Definition der Varianz (vgl. Henze 2019: 90) und des Satzes 2.1.1.6

$$\begin{aligned}
 \text{Var}[E[Y | X]] &= E[E[Y | X]^2] - E[E[Y | X]]^2 \\
 &= E[E[Y | X]^2] - E[Y]^2.
 \end{aligned}$$

Somit folgt mit der Definition der Varianz und einer nahrhaften Null

$$\begin{aligned}
 \text{Var}[Y] &= E[Y^2] - E[Y]^2 \\
 &= E[Y^2] - E[E[Y | X]^2] + E[E[Y | X]^2] - E[Y]^2 \\
 &= E[\text{Var}[Y | X]] + \text{Var}[E[Y | X]].
 \end{aligned}$$

□

2.1.2 Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion

Ein weiteres Hilfsmittel innerhalb der Stochastik ist die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion. Sie erweist sich als nützlich bei der Berechnung des Erwartungswertes und der Varianz, dem Bestimmen der Verteilung einer Zufallsvariable und dem Vergleichen von Verteilungen von Zufallsvariablen. Die Analyse der Funktion beruht auf den Betrachtungen von Henze (vgl. Henze 2019: 112-113).

Definition 2.1.2.1 (Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion). Für eine diskrete Zufallsvariable X auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) mit dem Wertebereich \mathbb{N}_0 heißt die durch

$g_X(t) = \sum_{i=0}^{\infty} t^i P(\{X = i\})$ mit $t \in [-1, 1]$ definierte Potenzreihe, die *wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion* von X .

Bemerkung 2.1.2.2. Die Betrachtungen könnten bezüglich eines anderen Definitionsbereiches der Zufallsvariable, beispielsweise einer endlichen Menge und mithilfe von einem anderen Definitionsbereich der Potenzreihe, beispielsweise \mathbb{C} , erfolgen. Darüber hinaus kann die Analyse anstatt für Zufallsvariablen bezüglich reellen Zahlenfolgen durchgeführt werden. Da diese Untersuchungen für die Analyse der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse jedoch nicht von Relevanz sind, werden die weiteren Analysemöglichkeiten nicht weiter angebracht.

Des Weiteren ist die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion wohldefiniert, denn der Konvergenzradius der Funktion ist 1. Dies gilt, da $g_X(1) = \sum_{i=0}^{\infty} 1^i P(\{X = i\}) = \sum_{i=0}^{\infty} P(\{X = i\}) = 1$. Die letzte Gleichheit ergibt sich, weil P ein Wahrscheinlichkeitsmaß ist und damit der Grenzwert 1 entsprechend der Kolmogoroff-Axiome folgt (vgl. Henze 2019: 17). Somit ist $\sum_{i=0}^{\infty} P(\{X = i\})$ eine konvergente Reihe und der Abelsche Grenzwertsatz (vgl. Deitmar 2021: 150) liefert die zweite Gleichheit. Das Majorantenkriterium zeigt dann die Konvergenz der Reihe $g_X(t)$ für $t \in [-1, 1]$ (vgl. Deitmar 2021: 63).

Darüber hinaus ist g_X unendlich oft differenzierbar (vgl. Deitmar 2021: 145) und dadurch unendlich oft stetig differenzierbar (vgl. Deitmar 2021: 145).

Die Namensgebung der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion ist auf das nachfolgende Lemma zurückzuführen.

Lemma 2.1.2.3 (Grundlage des Eindeutigkeitsatz). *Es seien X eine \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariable, j aus \mathbb{N}_0 und g_X die zugehörige, wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion wie in Definition 2.1.2.1 gegeben, dann gilt*

$$\left. \frac{d^j g_X(t)}{dt^j j!} \right|_{t=0} = P(\{X = j\}).$$

Beweis. Aufgrund der Linearität der Differentialrechnung (vgl. Deitmar 2021: 97) und des Differenzierens von Potenzreihen (vgl. Deitmar 2021: 145), die wegen der Differenzierbarkeit von g_X angewendet werden können (vgl. Bemerkung 2.1.2.2), gilt

$$\begin{aligned} \left. \frac{d^j g_X(t)}{dt^j j!} \right|_{t=0} &= \frac{1}{j!} \left. \frac{d^j}{dt^j} \sum_{i=0}^{\infty} t^i P(\{X = i\}) \right|_{t=0} \\ &= \frac{1}{j!} \left. \sum_{i=0}^{\infty} i \dots (i - j + 1) t^{i-j} P(\{X = i\}) \right|_{t=0}. \end{aligned}$$

Zudem kann durch die Stetigkeit der Potenzreihe der Grenzwert eingesetzt werden.

Wegen der Eigenschaften $0^n = 0$ für n aus \mathbb{N} und $0^0 = 1$ erhält man somit:

$$\begin{aligned} \frac{1}{j!} \sum_{i=0}^{\infty} i \dots (i-j+1) t^{i-j} P(\{X=i\}) \Big|_{t=0} &= \frac{1}{j!} \sum_{i=0}^{\infty} i \dots (i-j+1) 0^{i-j} P(\{X=i\}) \\ &= \frac{1}{j!} \sum_{i=j}^{\infty} i \dots (i-j+1) 0^{i-j} P(\{X=i\}) \\ &= \frac{1}{j!} j \dots (j-j+1) 0^{j-j} P(\{X=j\}) \end{aligned}$$

und durch kürzen $\frac{d^j}{dt^j} \frac{g_X(t)}{j!} \Big|_{t=0} = P(\{X=j\})$. □

Infolge des Lemmas kann mithilfe der Betrachtung der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion die Verteilung der Zufallsvariable ermittelt werden. Dieser Zusammenhang ermöglicht die Äquivalenz der Aussagen, dass zwei Zufallsvariablen dieselbe Verteilung besitzen und die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen der Zufallsvariablen übereinstimmen. Die damit erlangte Eindeutigkeit der Zufallsvariablen und das obere Lemma liefern in Kombination den Beweis des Eindeutigkeitsatzes.

Satz 2.1.2.4 (Eindeutigkeitsatz (vgl. Schmidt 2010: 370-372)). *Es seien X und Y \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariablen, g_X und g_Y die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion wie in Definition 2.1.2.1 und die Verteilungen der Zufallsvariablen P_X und P_Y gegeben, dann sind äquivalent:*

- i) $P_X = P_Y$,
- ii) $g_X = g_Y$.

Außerdem kann ein Zusammenhang zwischen dem Erwartungswert und der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion festgestellt werden.

Lemma 2.1.2.5. *Sei die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion g_X einer diskreten Zufallsvariable X wie in Definition 2.1.2.1 gegeben, dann gilt*

$$g_X(t) = E[t^X].$$

Beweis. Nach Definition 2.1.2.1 und der allgemeinen Transformationsformel (auch bekannt als LOTUS) (vgl. Henze 2019: 89) gilt:

$$\begin{aligned} g_X(t) &= \sum_{i=0}^{\infty} t^i P(X=i) \\ &= E[t^X]. \end{aligned}$$

□

Diese Verknüpfung ermöglicht die Betrachtung einer wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion von einer Summe zweier Zufallsvariablen.

Satz 2.1.2.6 (Multiplikationsformel). *Seien zwei diskrete, stochastisch unabhängige und \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariablen X und Y auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen g_X und g_Y wie in Definition 2.1.2.1 gegeben. Dann ergibt sich*

$$g_{X+Y}(t) = g_X(t)g_Y(t).$$

Beweis. Nach dem Lemma 2.1.2.4, der Multiplikationsregel des Erwartungswertes für unabhängige Zufallsvariablen (vgl. Henze 2019: 89) und dem Blockungslemma (vgl. Henze 2019: 60), gilt

$$\begin{aligned} g_{X+Y}(t) &= E[t^X t^Y] \\ &= E[t^X]E[t^Y] \\ &= g_X(t)g_Y(t). \end{aligned}$$

Dabei wird das Blockungslemma mit $Z_1 = t^X$ und $Z_2 = t^Y$ angewendet und liefert die Unabhängigkeit von t^X und t^Y . □

Das Ergebnis kann auf eine beliebige, aber endliche Anzahl von Summanden übertragen werden.

Korollar 2.1.2.7. *Es seien die diskreten, stochastisch unabhängigen und \mathbb{N}_0 -wertigen Zufallsvariablen Y_1, \dots, Y_n auf dem Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen g_{Y_1}, \dots, g_{Y_n} wie in Definition 2.1.2.1, mit n aus \mathbb{N} und $n \geq 2$, gegeben. Dann gilt*

$$g_{Y_1+\dots+Y_n}(t) = g_{Y_1}(t)\dots g_{Y_n}(t).$$

Beweis. Der Beweis wird mithilfe einer Induktion geführt.

Induktionsanfang: Für $n=2$ gilt die Behauptung, aufgrund des Satzes 2.1.2.5.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt, der Definition der Zufallsvariable $Z = Y_1 + \dots + Y_n$ und des Satzes 2.1.2.5, erlangt man

$$\begin{aligned} g_{Y_1+\dots+Y_n+Y_{n+1}}(t) &= g_{Y_1+\dots+Y_n}(t)g_{Y_{n+1}}(t) \\ &= g_{Y_1}(t)\dots g_{Y_{n+1}}(t) \end{aligned}$$

und somit die Aussage für $n + 1$. □

Zusätzlich kann ein Zusammenhang zwischen den faktoriellen Momenten $E[X(X-1)\dots(X-r+1)]$ mit $r \in \mathbb{N}$ (vgl. Henze 2019: 113) und der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion hergestellt werden.

Satz 2.1.2.8. *Seien X eine diskrete \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariable mit der zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g_X wie in Definition 2.1.2.1 und r aus \mathbb{N} gegeben. Dann sind die folgenden Aussagen äquivalent:*

- i) $E[X(X-1)\dots(X-r+1)] < \infty$,
- ii) $g_X^{(r)}(1^-) := \lim_{t \rightarrow 1} \frac{d^r}{dt^r} g_X(t)$ existiert.

Außerdem gilt $E[X(X-1)\dots(X-r+1)] = g_X^{(r)}(1^-)$.

Beweis. Wegen der allgemeinen Transformationsformel für den Erwartungswert ist die erste Aussage äquivalent zu der Ungleichung

$$\sum_{i=r}^{\infty} i(i-1)\dots(i-r+1)P(\{X=i\}) < \infty.$$

Dieser Ausdruck ist äquivalent dazu, dass die Potenzreihe

$$\frac{d^r}{dt^r} g_X^{(r)}(t) = \sum_{i=r}^{\infty} i(i-1)\dots(i-r+1)P(\{X=i\})t^{i-r}$$

einen Grenzwert besitzt und somit konvergent im Randpunkt $t = 1$ des Intervalls $(-1,1)$ ist. Aufgrund dessen, dass die Reihe $\sum_{i=r}^{\infty} i(i-1)\dots(i-r+1)P(\{X=i\})$ konvergent ist und reelle Einträge besitzt, wodurch der Abelsche Grenzwertsatz (vgl. Deitmar 2021: 150) angewendet werden kann, erhält man $\sum_{i=r}^{\infty} i(i-1)\dots(i-r+1)P(\{X=i\}) = \lim_{t \rightarrow 1} \frac{d^r}{dt^r} g_X(t)$ und somit

$$E[X(X-1)\dots(X-r+1)] = g_X^{(r)}(1^-).$$

Damit existiert $g_X^{(r)}(1^-)$. □

Mithilfe dieses Resultats kann nun die Berechnung des Erwartungswertes und der Varianz mit der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion vernetzt werden.

Korollar 2.1.2.9. *Es seien die diskrete und \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariable X mit der zugehörigen Wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g_X wie in Definition 2.1.2.1 gegeben. Weiterhin seien die Varianz und der Erwartungswert von X endlich, dann gelten*

- i) $E[X] = g'_X(1^-)$,
- ii) $Var[X] = g''_X(1^-) + g'_X(1^-) - (g'_X(1^-))^2$.

Beweis. Zu i): Wendt man den Satz 2.1.2.7 mit $r = 1$ an, erhält man $E[X] = g'_X(1^-)$.

Zu ii): Aufgrund der elementaren Berechnungsmöglichkeit der Varianz mithilfe des Erwartungswertes (vgl. Henze 2019: 90), einer nahrhaften Eins und der Linearität des Erwartungswertes gilt

$$\begin{aligned} Var[X] &= E[X^2] - E[X]^2 \\ &= E[X^2] - E[X] + E[X] - E[X]^2 \\ &= E[X^2 - X] + E[X] - E[X]^2 \\ &= E[X(X - 1)] + E[X] - E[X]^2. \end{aligned}$$

Wendt man den Satz 2.1.2.7 mit $r = 1$ und $r = 2$ an, erlangt man somit

$$Var[X] = g''_X(1^-) + g'_X(1^-) - (g'_X(1^-))^2.$$

□

2.1.3 Die zufällige Summe

Das letzte Werkzeug welches betrachtet werden soll, ist die zufällige Summe. Kennzeichnend, ist bei ihr, dass die Obergrenze der Zählvariable der Summe durch eine positive Zufallsvariable bestimmt ist. Somit können Summen mit einer zufälligen Anzahl an Summanden beschrieben werden. Die Analyse des Konzeptes beruht auf den Betrachtungen von Henze (vgl. Henze 2019: 114-116).

Definition 2.1.3.1 (Zufällige oder randomisierte Summe). Seien eine stochastisch unabhängige Folge gleichverteilter \mathbb{N}_0 -wertiger Zufallsvariablen $(X_l)_{l \in \mathbb{N}}$ und eine \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariable N gegeben. Dabei seien die Zufallsvariablen X_l und N stochastisch unabhängig und auf demselben Wahrscheinlichkeitsraum definiert. Ferner sei S_i definiert mit i aus \mathbb{N}_0 , $S_0 = 0$ und $S_k = X_1 + \dots + X_k$ mit k aus \mathbb{N} . Dann wird die \mathbb{N}_0 -wertige Zufallsvariable S_N mit $S_N(\omega) := S_{N(\omega)}(\omega) = \sum_{l=1}^{N(\omega)} X_l(\omega)$ als *zufällige Summe* bezeichnet.

Die Definition der zufälligen Summe mithilfe der Zufallsvariable N als Obergrenze der Zählvariable ermöglicht die Berechnung der Wahrscheinlichkeit in Abhängigkeit der Werte, die N annimmt.

Lemma 2.1.3.2. *Seien die Zufallsvariable N und S_N wie in Definition 2.1.3.1 gegeben, dann gilt*

$$P(\{S_N = j\}) = \sum_{k=0}^{\infty} P(\{N = k\})P(\{S_N = j\}).$$

Beweis. Wendet man den Satz der totalen Wahrscheinlichkeit (vgl. Henze 2019: 51) durch die Zerlegung des Ereignisses $\{S_N = j\}$ bezüglich der möglichen Werte von N auf die Wahrscheinlichkeit $P(\{S_N = j\})$ an, erlangt man mittels der Definition der bedingten Wahrscheinlichkeit:

$$\begin{aligned} P(\{S_N = j\}) &= \sum_{k=0}^{\infty} P(\{N = k\})P(\{S_N = j\} \mid \{N = k\}) \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} P(\{N = k\}) \frac{P(\{S_k = j\} \cap \{N = k\})}{P(\{N = k\})} \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} P(\{S_k = j\} \cap \{N = k\}) \\ &= \sum_{k=0}^{\infty} P(\{N = k\})P(\{S_N = j\}). \end{aligned}$$

Aufgrund des Blockungslemmas angewandt auf $Z_1 = X_1 + \dots + X_k = S_k$ und $Z_2 = N$ und der stochastischen Unabhängigkeit der X_1, \dots, X_k, N und somit $X_1 + \dots + X_k$ gilt S_k und N sind stochastisch unabhängig, wodurch sich die letzte Gleichheit ergibt. \square

Anhand bisheriger Erkenntnisse lässt sich die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion der zufälligen Summe auf die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen der für die Definition verwendeten Zufallsvariablen zurückführen.

Satz 2.1.3.3. *Seien die zufällige Summe S_N , die Zufallsvariable N , die Folge von Zufallsvariablen $(X_l)_{l \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.1.3.1 und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen g_{X_1}, g_N und g_{S_N} wie in Definition 2.1.2.1 gegeben. Des Weiteren sei die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion der Zufallsvariable S_k als g_{S_k} wie in Definition 2.1.2.1 mit k aus \mathbb{N} gegeben, dann gilt:*

$$g_{S_N}(t) = g_N(g_{X_1}(t)).$$

Beweis. Infolge des Korollars 2.1.2.6 und der Definition von S_k nach Definition 2.1.3.1 gilt $g_{S_k} = g_{X_1}^k$. Grund dafür ist die Gleichverteilung der X_l , wodurch sie nach dem Eindeutigkeitssatz auch diesselbe wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion besitzen (vgl. Satz 2.1.2.4).

Damit gilt mithilfe des Lemmas 2.1.3.2, der Linearität von konvergenten Reihen, dem Vertauschen der Summen von Doppelfolgen (vgl. Deitmar 2021: 329), der allgemeinen Transformationsformel für den Erwartungswert und der Definition der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion (vgl. Definition 2.1.2.1):

$$\begin{aligned}
g_{S_N}(t) &= \sum_{j=0}^{\infty} t^j P(\{S_N = j\}) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} t^j \sum_{i=0}^{\infty} P(\{N = i\}) P(\{S_i = j\}) \\
&= \sum_{j=0}^{\infty} \sum_{i=0}^{\infty} t^j P(\{N = i\}) P(\{S_i = j\}) \\
&= \sum_{i=0}^{\infty} \sum_{j=0}^{\infty} t^j P(\{N = i\}) P(\{S_i = j\}) \\
&= \sum_{i=0}^{\infty} P(\{N = i\}) \sum_{j=0}^{\infty} t^j P(\{S_i = j\}) \\
&= \sum_{i=0}^{\infty} P(\{N = i\}) g_{S_k}(t) \\
&= \sum_{i=0}^{\infty} P(\{N = i\}) g_{X_1}(t)^i \\
&= E[g_{X_1}(t)^N] \\
&= g_N(g_{X_1}(t)).
\end{aligned}$$

□

Überdies ist die zufällige Summe selbst eine Zufallsvariable, weswegen der Erwartungswert und die Varianz bestimmt werden können. Die Berechnung der beiden Kennwerte kann mithilfe der Erwartungswerte und der Varianzen der Zufallsvariablen, die für die Definition der zufälligen Summe verwendet wurden, erfolgen. Diese Vernetzung wird innerhalb des nächsten Satzes dargestellt.

Satz 2.1.3.4 (Wald-Identität und Blackwell-Girshick-Gleichung (vgl. Wald 1944: 285 und 295; Henze 2018: 196)). *Seien die zufällige Summe S_N , die Zufallsvariable N und die Folge von Zufallsvariablen $(X_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.1.3.1 und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen g_{X_k}, g_N und g_{S_N} gegeben. Zudem seien die Erwartungswerte $E[N], E[X], E[X^2]$ und $E[N^2]$ endlich, dann gelten die Gleichungen:*

- i) $E[S_N] = E[N]E[X_1]$,
- ii) $Var[S_N] = Var[N]E[X_1]^2 + E[N]Var[X_1]$.

Beweis. Zu i): Wegen des Satzes 2.1.2.9 kann der Erwartungswert mithilfe der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion dargestellt werden, wodurch man mittels des Satzes 2.1.3.3 zu der folgenden Darstellung gelangt:

$$\begin{aligned} E[S_N] &= g'_{S_N}(1^-) \\ &= (g_N(g_{X_1}(t)))'(1^-). \end{aligned}$$

Aufgrund der Differenzierbarkeit der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion (vgl. Bemerkung 2.1.2.2) lässt sich die Kettenregel anwenden (vgl. Deitmar 2021: 100). Benutzt man zusätzlich, dass die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion an der Stelle Eins, den Wert Eins annimmt (vgl. Bemerkung 2.1.2.2), erhält man

$$\begin{aligned} (g_N(g_{X_1}(t)))'(1^-) &= g'_N(g_{X_1}(1^-))g'_{X_1}(1^-) \\ &= g'_N(1^-)g'_{X_1}(1^-) \\ &= E[N]E[X_1]. \end{aligned}$$

Somit gilt $E[S_N] = E[N]E[X_1]$.

Zu ii): Um die Varianz zu berechnen, benutze die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion entsprechend des Satzes 2.1.2.9. Des Weiteren wendet man die Kettenregel und die Produktregel (vgl. Deitmar 2021: 97) der Differentialrechnung, i) und die Eigenschaften der wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion (vgl. Bemerkung 2.1.2.2) an und erhält

$$\begin{aligned} \text{Var}[S_N] &= g''_{S_N}(1^-) + g'_{S_N}(1^-) - (g'_{S_N}(1^-))^2 \\ &\stackrel{2.1.3.3}{=} (g_N(g_{X_1}(t)))''(1^-) + g'_{S_N}(1^-) - (g'_{S_N}(1^-))^2 \\ &= (g_N(g_{X_1}(t)))''(1^-) + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &= (g'_N(g_{X_1}(t))g'_{X_1}(t))'(1^-) + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &= g''_N(g_{X_1}(1^-))g'_{X_1}(1^-)^2 + g'_N(g_{X_1}(1^-))g''_{X_1}(1^-) + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &\stackrel{2.1.2.8}{=} g''_N(1^-)g'_{X_1}(1^-)^2 + g'_N(1^-)g''_{X_1}(1^-) + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &= E[N(N-1)]E[X_1]^2 + E[N]E[X_1(X_1-1)] + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &\stackrel{\text{Mult. Lin}}{=} (E[N^2] - E[N])E[X_1]^2 + E[N](E[X_1^2] - E[X_1]) + E[N]E[X_1] - (E[N]E[X_1])^2 \\ &= (E[N^2] - E[N]^2)E[X_1]^2 + E[N](E[X_1^2] - E[X_1]^2) - E[N]E[X_1] + E[N]E[X_1] \\ &= \text{Var}[N]E[X_1]^2 + E[N]\text{Var}[X_1]. \end{aligned}$$

Dabei werden bei der zweiten Gleichheit der Satz 2.1.3.3, bei der sechsten Gleichheit der Satz 2.1.2.8 und bei der achten Gleichheit die Multilinearität des Erwartungswertes angewendet. \square

Die Wald-Identität wurde von Abraham Wald im Jahr 1944 aufgestellt. Dabei wurde das allgemeine Ergebnis mit einer Stoppzeit N bezüglich der zu den Zufallsvariablen X_l gehörenden Filtration erlangt. Hierbei muss der Erwartungswert $E[N]$ ebenfalls endlich sein. Die Arbeit von Wald umfasst aufgrund dieser verallgemeinerten Betrachtung weiterführende Überlegungen bezüglich den Stoppzeiten (vgl. Wald 1944: 283-296).

2.2 Die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse

Ein Bienaymé-Galton-Watson Prozess besteht aus einer Population von Individuen, die über einen Zeitablauf hinweg betrachtet wird. Der Zeitablauf wird mithilfe von Generationen erfasst und beginnt bei einer Anfangspopulation mit einem vorgeschriebenen Umfang größer als Null. Dabei entwickelt sich der Prozess nach dem folgenden Muster: Jedes Individuum der n -ten Generation mit n aus \mathbb{N}_0 erzeugt unabhängig von den anderen Partikel und der vorherigen Populationsgröße eine beliebige Anzahl an Nachkommen, die in der $(n + 1)$ -ten Generation existieren. Die Individuen der n -ten Generation werden dabei nicht in der $(n + 1)$ -ten Generation berücksichtigt, das heißt sie existieren innerhalb des Modells eine Zeiteinheit lang. Sollten in einer Generation alle Individuen Null Nachfahren hervorbringen, dann wird die Populationsgröße aller nachfolgenden Generationen als Null festgelegt. Die Anzahl der erzeugten Abkömmlinge eines Individuums ist zufällig und wird durch eine Wahrscheinlichkeitsverteilung bestimmt. Dabei stimmen die Wahrscheinlichkeitsverteilungen aller Partikel überein. Diese Beschreibung wird mit der nachfolgenden Definition mathematisch erfasst.

Definition 2.2.0.1 (Der Bienaymé-Galton-Watson Prozess (vgl. Privault 2018: 1-2; Athreya & Ney 1972: 1-2)). Seien die Folgen von diskreten \mathbb{N}_0 -wertigen Zufallsvariablen $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}}$ und $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ mit der Ausgangspopulationsgröße $X_0^{(m)} = m$ gegeben, wobei die $X_n^{(m)}$ die Populationsgröße der n -ten Generation, die Y_k die Anzahl der Kinder des k -ten Individuums der jeweiligen Generation und $m \in \mathbb{N}$ sind. Dabei seien die Y_k für alle k stochastisch unabhängig und gleichverteilt bezüglich der Reproduktionsverteilung P mit $\sum_{l=1}^{\infty} P(\{Y_n^k = l\}) = 1$. Zudem seien die $X_n^{(m)}$ und Y_k für alle k stochastisch unabhängig. Darüber hinaus gelte die Reproduktionsgleichung $X_{n+1} = \sum_{k=1}^{X_n} Y_k$, dann wird die Folge $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$ als *Bienaymé-Galton-Watson Prozess* bezeichnet.

Es sei im Folgenden $(X_n)_{n \in \mathbb{N}} := (X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$, falls $m=1$.

Bemerkung 2.2.0.2 (Wohldefiniertheit). Um nun Zufallsvariablen der Form $X_{n,k}^j$, die die Anzahl der Nachkommen der k -ten Generation des j -ten Individuums der n -ten Generation beschreiben, zu definieren und die nachfolgende Analyse wohldefiniert durchführen zu können, muss der Wahrscheinlichkeitsraum (Ω, \mathcal{A}, P) definiert werden. Damit Ω zur Beschreibung von den angeführten Zufallsvariablen benutzt werden kann, muss der Grundraum eine gesamte Familienstruktur repräsentieren.

Die Konstruktion eines solchen Grundraumes wurde von Harris 1963 in dem Buch „The Theory of Branching Processes“ im Kapitel VI durchgeführt (vgl. Harris 1964: 122-128). In Kapitel VI wird der Grundraum für einen altersabhängigen Verzweigungsprozess und keinen Bienaymé-Galton-Watson Prozess vorgestellt, jedoch ist das Konzept übertragbar (vgl. Athreya & Ney 1972: 3). Der explizite Entwurf umfasst die Definition mithilfe eines Beschriftungsmusters, wobei jeder mögliche Ablauf der Entwicklung des Prozesses als Sequenz von endlichen Sequenzen dargestellt wird. Ferner werden die σ -Algebra \mathcal{A} als die Borel-Erweiterung der Zylindermenge von Ω definiert und P auf dieser Menge vorgegeben.

Bemerkung 2.2.0.3 (Ausgangspopulationsgröße). Es wurde angeführt, dass die Ausgangspopulationsgröße m eines Prozesses beliebig gewählt werden kann. Dabei ist festzuhalten, falls $m > 1$ ist, dann kann der Prozess als Summation von k unabhängigen Kopien eines Bienaymé-Galton-Watson Prozesses mit der Populationsgröße $m = 1$ definiert werden (vgl. Athreya & Ney 1972: 3). Die Feststellung ist gleichbedeutend mit der Gleichung $X_n^{(m)} = \sum_{i=0}^m X_n^i$, wobei X_n^i die Populationsgröße des i -ten Prozesses in der n -ten Generation beschreibt, wobei die X_n^i stochastisch unabhängig und $n \in \mathbb{N}_0$ sind (vgl. Athreya & Ney 1972: 3). Dies ist auf die Definition des Wahrscheinlichkeitsmaßes für den Prozess zurückzuführen, da sich das Wahrscheinlichkeitsmaß für $m > 1$ als m -fache Faltung des Wahrscheinlichkeitsmaßes P für $m = 1$ ergibt (vgl. Athreya & Ney 1972: 3). Dadurch ist die gemeinsame Verteilung der Zufallsvariablen $\{X_{n_1}^{(m)}, \dots, X_{n_k}^{(m)}\}$ für einen Prozess mit $m > 1$, die i -fache Faltung der gemeinsamen Verteilung $\{X_{n_1}, \dots, X_{n_k}\}$ für einen Prozess mit $m = 1$. Dabei gilt $1 \leq n_1 \leq \dots \leq n_k$.

Die Festlegung und das Einbeziehen der Ausgangspopulationsgröße resultiert in einer Vorüberlegung, damit die Konzepte des ersten Abschnittes verwendet werden können.

Bemerkung 2.2.0.4. Die Berücksichtigung der Ausgangspopulationen bei den Bienaymé-Galton-Watson Prozessen führt zu der Betrachtung der Funktion $G_{X_n^{(m)}}(t) = E[t^{X_n^{(m)}} | \{X_0^{(m)} = m\}]$ anstatt der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion der Zufallsvariable $X_n^{(m)}$ bezüglich der Verteilung P (vgl. Privault 2018: 192). Die Funktion $G_{X_n^{(m)}}(t)$ ist dabei die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion der Zufallsvariable $X_n^{(m)}$ bezüglich des Wahrscheinlichkeitsraums $(\Omega, \mathcal{A}, P_{X_0^{(m)}=m})$. Somit erfüllt die Funktion die im Abschnitt 2.1.2 aufgeführten Aspekte, denn es gilt

$$G_{X_n^{(m)}}(t) = E[t^{X_n^{(m)}} | \{X_0^{(m)} = m\}] = E_{P_{X_0^{(m)}=m}}[t^{X_n^{(m)}}] \text{ nach Bemerkung 2.1.1.3.}$$

Bei der Untersuchung einer zufälligen Summe wird dieselbe Anpassung vorgenommen. Dies ergibt aufgrund derselben Begründung die Anwendungsmöglichkeit der erlangten Ergebnisse des Abschnittes 2.1.3. Die bedingte Varianz wird hierbei analog zu dem bedingten Erwartungswert auf die Varianz der bedingten Verteilung zurückgeführt (vgl. Bemerkung 2.1.1.3).

Außerdem wird die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion der bedingten Verteilung $P_{X_0=1}$ als $G_{X_n}(t)$ nachfolgend bezeichnet.

Das anschließende Lemma führt grundlegende Eigenschaften der angeführten Funktion für die Zufallsvariablen des Bienaymé-Galton-Watson Prozesses mit einer Ausgangspopulationsgröße $m = 1$ auf (vgl. Privault 2018: 192).

Lemma 2.2.0.5. *Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Zufallsvariable Y_1 wie in Definition 2.2.0.1, die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen bezüglich der bedingten Verteilungen $G_{X_n}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4) und die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion $g_{Y_1}(t)$ von Y_1 wie in Definition 2.1.2.1 gegeben. Dann gilt für X_1*

- i) $G_{X_1}(t) = g_{Y_1}(t)$,
- ii) $G_{X_1}(0) = P(\{Y_1 = 0\})$,
- iii) $G_{X_1}(1) = 1$,
- iv) $G'_{X_1}(1^-) = E[Y_1]$

und für X_n mit $n > 1$ gelten die Eigenschaften

- v) $G_{X_n}(t) = \sum_{k=0}^{\infty} t^k P(\{X_n = k\} | \{X_0 = 1\})$,
- vi) $G_{X_n}(1) = 1$,
- vii) $G_{X_n}(0) = P(\{X_n = 0\} | \{X_0 = 1\})$,
- viii) $G'_{X_n}(1^-) = E[X_n | \{X_0 = 1\}]$.

Beweis. Zu i): Es gilt nach Definition von $G_{X_1}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4), dass $G_{X_1}(t) = E[t^{X_1} | \{X_0 = 1\}]$. Wende nun die Reproduktionsgleichung von X_1 an (vgl. Definition 2.2.0.1) und setze aufgrund der Eigenschaften des bedingten Erwartungswertes und der Indikatorfunktion (vgl. Lemma 2.1.1.2) für X_0 den Wert Eins ein, dann gilt:

$$\begin{aligned} E[t^{X_1} | \{X_0 = 1\}] &= E[t^{\sum_{k=1}^{X_0} Y_k} | \{X_0 = 1\}] \\ &= E[t^{\sum_{k=1}^1 Y_k} | \{X_0 = 1\}] \\ &= E[t^{Y_1} | \{X_0 = 1\}]. \end{aligned}$$

Infolge der stochastischen Unabhängigkeit von X_0 und Y_1 (vgl. Definition 2.2.0.1) und der Eigenschaft des bedingten Erwartungswertes (vgl. Lemma 2.1.1.8) gilt:

$$E[t^{Y_1} | \{X_0 = 1\}] = E[t^{Y_1}]$$

und somit nach der Berechnungsmöglichkeit der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion (vgl. Lemma 2.1.2.5) $G_{X_1}(t) = g_{Y_1}(t)$.

Zu ii), iii), iv): Aufgrund von i) können die Eigenschaften der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion

übertragen werden, wodurch $G_{X_1}(0)=P(\{Y_1 = 0\})$ nach Lemma 2.1.2.3, $G_{X_1}(1) = 1$ nach Bemerkung 2.1.2.2 und $G'_{X_1}(1^-) = E[Y_1]$ nach Korollar 2.1.2.9 gelten. Zu v), vi), vii), viii): Die Bemerkung 2.2.0.4 führt zu der Übereinstimmung von $G_{X_n}(t)$ bezüglich P und $g_{X_n}(t)$ bezüglich $P_{X_0=1}$. Somit können die Eigenschaften der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion ebenfalls übertragen werden und es gelten $G_{X_n}(t) = \sum_{k=0}^{\infty} t^k P(\{X_n = k\} | \{X_0 = 1\})$ nach Definition 2.1.2.1, $G_{X_n}(1) = 1$ und $G_{X_n}(0) = P(\{X_n = 0\} | \{X_0 = 1\})$ nach Bemerkung 2.1.2.2 und $G'_{X_n}(1) = E[X_n | \{X_0 = 1\}]$ nach Korollar 2.1.2.9 und Bemerkung 2.1.1.3. \square

Zudem lässt sich die der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion der Zufallsvariablen $X_n^{(m)}$ auf die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion bezüglich der Ausgangspopulationsgröße $m = 1$ aufgrund des nachfolgenden Korollars zurückzuführen (vgl. Privault 2018: 192-193).

Korollar 2.2.0.6. *Seien die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$ und $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ wie in Definition 2.2.0.1 und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen bezüglich der bedingten Verteilungen $G_{X_n^{(m)}}(t)$ und $G_{X_n}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4) gegeben, dann gilt:*

$$G_{X_n^{(m)}}(t) = G_{X_n}(t)^m.$$

Beweis. Nach der Bemerkungen 2.2.0.3 und 2.2.0.4 gilt

$$\begin{aligned} G_{X_n^{(m)}}(t) &= E[t^{X_n^{(m)}} | \{X_0^{(m)} = m\}] \\ &= E[t^{\sum_{i=0}^m X_n^i} | \{\sum_{i=0}^m X_0^i = m\}]. \end{aligned}$$

Da von einer minimalen Ausgangspopulationsgröße von 1 ausgegangen wird (vgl. Definition 2.2.0.1), gilt $\{\sum_{i=0}^m X_0^i = m\} = \bigcap_{i=0}^m \{X_0^i = 1\}$. Da die X_0^i beziehungsweise X_n^i stochastisch unabhängig (vgl. Bemerkung 2.2.0.4), kann die Multiplikationsformel des Erwartungswertes mithilfe der Übereinstimmung des bedingten Erwartungswertes und des Erwartungswertes der bedingten Verteilung (vgl. Bemerkung 2.1.1.3) angewendet werden. Aufgrund des Blockungslemmas gilt die Unabhängigkeit der $t^{X_n^i}$, wodurch folgt:

$$\begin{aligned} E[t^{\sum_{i=0}^m X_n^i} | \{\sum_{i=0}^m X_0^i = m\}] &= E[t^{\sum_{i=0}^m X_n^i} | \bigcap_{i=0}^m \{X_0^i = 1\}] \\ &= E[\prod_{i=0}^m t^{X_n^i} | \bigcap_{i=0}^m \{X_0^i = 1\}] \\ &= \prod_{i=0}^m E[t^{X_n^i} | \bigcap_{i=0}^m \{X_0^i = 1\}] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \prod_{i=0}^m E[t^{X_n^i} \mid \{X_0^i = 1\}] \\
&= E[t^{X_n} \mid \{X_0 = 1\}]^m.
\end{aligned}$$

Dabei gilt die vorletzte Gleichheit aufgrund der stochastischen Unabhängigkeit der Prozesse und somit des Ereignisses $\{X_0^i = 1\}$ und der Zufallsvariable X_n^j mit $i, j \in \{0, \dots, m\}$ und $i \neq j$. Des Weiteren gilt die letzte Gleichheit, da die Prozesse und somit auch alle Erwartungswerte nach Bemerkung 2.2.0.4 übereinstimmen. Abschließend erhält man in Folge der Definition von $G_{X_n}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4) die Gleichheit $G_{X_n^{(m)}}(t) = G_{X_n}(t)^m$. \square

Durch die angeführte Übertragung der Ergebnisse in Bemerkung 2.2.0.4 kann mithilfe der Betrachtung als zufällige Summe, die folgende Eigenschaft für die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion festgestellt werden (vgl. Henze 2018: 195-196).

Lemma 2.2.0.7. *Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ wie in Definition 2.2.0.1 und die zugehörigen wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen bezüglich der bedingten Verteilungen $G_{X_n}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4) gegeben, dann gilt:*

$$G_{X_{n+1}}(t) = G_{X_n}(g_{Y_1}(t)).$$

Somit gilt $G_{X_{n+1}}$ ist die $(n+1)$ -malige Verknüpfung von g_{Y_1} und $G_{X_{n+1}}(t) = g_{Y_1}(G_{X_n}(t))$.

Beweis. Die angeführte Reproduktionsgleichung in 2.2.0.1 erfüllt die Definition einer zufälligen Summe (vgl. Definition 2.1.3.1), da die Y_j mit $j \in \mathbb{N}$ alle gleichverteilt und Y_j und X_n stochastisch unabhängig sind nach Definition 2.2.0.1. Führe nun eine Induktion durch, um zu zeigen, dass $G_{X_{n+1}}$ die $(n+1)$ -malige Verknüpfung von g_{Y_1} ist.

Induktionsanfang: Sei $n = 0$, dann gilt

$$G_{X_{0+1}}(t) = G_{X_1}(t) = g_{Y_1}(t).$$

Dabei gilt die letzte Gleichheit aufgrund von Lemma 2.2.0.5 i).

Induktionsschritt: $n \rightarrow n+1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und des Satzes 2.1.3.3, gilt:

$$\begin{aligned}
G_{X_{n+1}}(t) &= G_{X_n}(g_{Y_1}(t)) \\
&= g_{Y_1}(\dots(g_{Y_1}(t))\dots).
\end{aligned}$$

Somit gilt durch die erste Gleichheit $G_{X_{n+1}}(t) = G_{X_n}(g_{Y_1}(t))$ und durch die zweite Gleichheit $G_{X_{n+1}}$ ist die $(n+1)$ -malige Verknüpfung von g_{Y_1} . Wendet man nun das erhaltene Ergebnis auf die inneren n -Verknüpfung der Funktion g_{Y_1} an, erhält man $G_{X_{n+1}}(t) = g_{Y_1}(G_{X_n}(t))$. \square

Die Anwendung der erlangten Eigenschaften bezüglich den zufälligen Summen können auch auf die Erwartungswerte und die Varianz der Zufallsvariablen übertragen werden (vgl. Henze 2018: 196-197).

Satz 2.2.0.8. Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Zufallsvariablen $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 gegeben und die Erwartungswerte $\mu := E[Y_1]$ und $E[Y_1^2]$ endlich. Überdies seien $\sigma^2 = \text{Var}[Y_1]$ und $\sigma_n^2 := \text{Var}[X_n \mid \{X_0 = 1\}]$, wobei $\sigma_0^2 := \text{Var}[X_0]$. Dann gelten die Gleichungen

$$\begin{aligned} \text{i)} \quad & E[X_n \mid \{X_0 = 1\}] = \mu^n < \infty \\ \text{ii)} \quad & \sigma_n^2 = \begin{cases} n\sigma^2 & \mu = 1 \\ \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{1-\mu^n}{1-\mu} & \text{sonst} \end{cases} \end{aligned}$$

Beweis. Zu i): Beweise die Aussage mithilfe einer Induktion.

Induktionsanfang: Sei $n=1$, dann gilt analog zu dem Beweis von i) bei Lemma 2.2.0.5, dass

$$E[X_1 \mid \{X_0 = 1\}] = E[Y_1] = \mu.$$

Somit ist $E[X_1 \mid \{X_0 = 1\}]$ endlich, da $E[Y_1]$ nach Voraussetzung endlich ist.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n+1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und der Wald-Identität (vgl. Satz 2.1.3.3 i)), denn $\mu := E[Y_1]$ und $E[X_n \mid \{X_0 = 1\}]$ sind endlich, gilt:

$$\begin{aligned} E[X_{n+1} \mid \{X_0 = 1\}] &= E[X_n \mid \{X_0 = 1\}] \mu \\ &= \mu^{n+1}. \end{aligned}$$

Zu ii): Beweise zuerst mithilfe einer Induktion, dass σ_n^2 existiert und endlich ist und die Gleichung $\sigma_{n+1}^2 = \sigma^2 \mu^n + \mu^2 \sigma_n^2$ erfüllt.

Induktionsanfang: Sei $n=0$, dann gilt analog zu dem Beweis von i) bei Lemma 2.2.0.5, wobei aufgrund des Blockungslemmas mit $Z_1 = Y_1^2$ und $Z_2 = X_0$ die Unabhängigkeit von Y_1^2 und X_0 genutzt wird, und der Berechnung der bedingten Varianz mithilfe des bedingten Erwartungswertes (vgl. Satz 2.1.1.11), dass

$$\begin{aligned} \sigma_1^2 &= \text{Var}[X_1 \mid \{X_0 = 1\}] \\ &= E[X_1^2 \mid \{X_0 = 1\}] - (E[X_1 \mid \{X_0 = 1\}])^2 \\ &= E[Y_1^2] - E[Y_1]^2 \\ &= \sigma^2 \\ &= \sigma^2 \mu^0 + \mu^2 \sigma_0^2 \end{aligned}$$

und somit ist $\sigma_1^2 < \infty$, denn $E[Y_1^2]$ und $E[Y_1]^2$ sind nach Voraussetzung endlich. Dabei ergibt sich die letzte Gleichheit, da X_0 eine Konstante ist und somit nach den Eigenschaften der Varianz

$\sigma_0^2 = \text{Var}[X_0] = 0$ (vgl. Henze 2019: 90).

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt, und mithilfe der Blackwell-Girshick-Gleichung (vgl. Satz 2.1.3.3 ii)) und i) gilt:

$$\begin{aligned}\sigma_{n+1}^2 &= \text{Var}[X_n | \{X_0 = 1\}]\mu^2 + E[X_n | \{X_0 = 1\}]\sigma^2 \\ &= \sigma_n^2\mu^2 + \mu^n\sigma^2,\end{aligned}$$

denn $\mu := E[Y_1]$, $\mu := E[Y_1^2]$ und $\text{Var}[X_n | \{X_0 = 1\}]$ sind nach Voraussetzung und $E[X_n | \{X_0 = 1\}]$ ist nach i) endlich. Somit existiert σ_{n+1}^2 und ist endlich.

Zeige nun die gesuchte Gleichung mithilfe einer Fallunterscheidung bezüglich μ .

1.Fall: Sei $\mu = 1$: Beweise die Gleichung mithilfe einer Induktion.

Induktionsanfang: Sei $n = 0$, dann gilt analog zu oben $\sigma_0^2 = 0 = 0\sigma^2$.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und der obigen Gleichung erhält man

$$\begin{aligned}\sigma_{n+1}^2 &= \sigma^2\mu^n + \mu^2\sigma_n^2 \\ &= \sigma^2 + \sigma_n^2 \\ &= \sigma^2 + n\sigma^2 \\ &= (n + 1)\sigma^2.\end{aligned}$$

2.Fall: Sei $\mu \neq 1$: Verwende eine Induktion, um die Aussage zu beweisen.

Induktionsanfang: Sei $n = 0$, dann gilt analog zu oben $\sigma_0^2 = 0 = \sigma^2\mu^{0-1}\frac{1-\mu^0}{1-\mu}$.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und der obigen Gleichung für σ_{n+1}^2 , folgt nun:

$$\begin{aligned}\sigma_{n+1}^2 &= \sigma^2\mu^n + \mu^2\sigma_n^2 \\ &= \sigma^2\mu^n + \mu^2\sigma^2\mu^{n-1}\frac{1-\mu^n}{1-\mu} \\ &= \sigma^2\mu^n\left(1 + \mu\frac{1-\mu^n}{1-\mu}\right) \\ &= \sigma^2\mu^n\left(\frac{1-\mu}{1-\mu} + \mu\frac{1-\mu^n}{1-\mu}\right) \\ &= \sigma^2\mu^n\frac{1-\mu + \mu - \mu^{n+1}}{1-\mu} \\ &= \sigma^2\mu^{(n+1)-1}\frac{1-\mu^{n+1}}{1-\mu}.\end{aligned}$$

□

Aufgrund der bei dem Korollar 2.2.0.6 aufgeführten Eigenschaft der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion eines Prozesses mit einer Ausgangspopulationsgröße höher als eins kann der Erwartungswert und die Varianz bezüglich $\{X_0^{(m)} = m\}$ mit $m \in \mathbb{N}$ betrachtet werden.

Korollar 2.2.0.9. *Seien die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$ und $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ wie in Definition 2.2.0.1, die zugehörigen Erwartungswerte $E[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}]$, die Varianzen $Var[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}]$ und die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen bezüglich der bedingten Verteilungen $G_{X_n^{(m)}}(t)$ und $G_{X_n}(t)$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.4) gegeben. Darüber hinaus seien σ_n^2 und μ wie in Satz 2.2.0.8 definiert und endlich, dann gilt:*

- i) $E[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}] = m\mu^n$,
- ii) $Var[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}] = m\sigma_n^2$.

Beweis. Da die Gesetzmäßigkeiten der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen angewendet werden können (vgl. Bemerkung 2.2.0.4), wird für die nachfolgenden Beweise das Korollar 2.1.2.9 genutzt. Zu i): Es gilt mithilfe von Korollar 2.2.0.6:

$$\begin{aligned}
 E[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}] &= G'_{X_n^{(m)}}(1^-) \\
 &= (G_{X_n}(t)^{(m)})'(1^-) \\
 &= mG'_{X_n}(1^-)G_{X_n}(1^-)^{(m-1)} \\
 &= mG'_{X_n}(1^-) \\
 &= mE[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}] \\
 &= m\mu^n.
 \end{aligned}$$

Dabei gilt die dritte Gleichheit aufgrund der Kettenregel, die vierte Gleichheit wegen der Bemerkung 2.1.2.2 und die letzte Gleichheit wegen des Satzes 2.2.0.8 i).

Zu ii): Es gilt mithilfe von Korollar 2.2.0.6, des Erwartungswertes von X_n (vgl. Satz 2.2.0.8 i)), der Berechnung der bedingten Varianz mithilfe des bedingten Erwartungswertes (vgl. Satz 2.1.1.11 i)) und i):

$$\begin{aligned}
 Var[X_n^{(m)} | \{X_0^{(m)} = m\}] &= G''_{X_n^{(m)}}(1^-) + G'_{X_n^{(m)}}(1^-) - (G'_{X_n^{(m)}}(1^-))^2 \\
 &= G''_{X_n}(1^-) + m\mu^n - m^2\mu^{2n} \\
 &= (G_{X_n}(t)^{(m)})''(1^-) + m\mu^n - m^2\mu^{2n} \\
 &= (mG'_{X_n}(t)G_{X_n}(t)^{(m-1)})'(1^-) + m\mu^n - m^2\mu^{2n} \\
 &= mG''_{X_n}(1^-)G_{X_n}(1^-)^{(m-1)} + m(m-1)(G'_{X_n}(1^-))^2G_{X_n}(1^-)^{(m-2)} \\
 &\quad + m\mu^n - m^2\mu^{2n} \\
 &= mG''_{X_n}(1^-) + m(m-1)\mu^{2n} + m\mu^n - m^2\mu^{2n}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= mG''_{X_n}(1^-) + m\mu^n - m\mu^{2n} + m^2\mu^{2n} - m^2\mu^{2n} \\
&= m(G''_{X_n}(1^-) + G'_{X_n}(1^-) - (G'_{X_n}(1^-))^2) \\
&= m\sigma_n^2.
\end{aligned}$$

□

Die Betrachtungen bezüglich den Berechnungsmöglichkeiten der Varianz und des Erwartungswertes sind somit abgeschlossen. Als nächstes wird das in der Einleitung angebrachte Kritikalitätstheorem näher untersucht. Das Kritikalitätstheorem berücksichtigte die drei Fälle: superkritisch, kritisch und subkritisch. Dabei wird zwischen den Fällen anhand des Erwartungswertes der Zufallsvariablen unterschieden, die die Nachkommenanzahl darstellen (vgl. Privault 2018: 194-195).

Definition 2.2.0.10 (Der superkritische, kritische und subkritische Fall). Der *superkritische Fall* tritt ein, falls der Erwartungswert der Nachkommenanzahl eines Individuums $\mu := E[Y_1]$ größer als Eins ist. Es tritt der *kritische Fall* ein, sofern $\mu = 1$ gilt und der *subkritische Fall*, wenn $\mu < 1$ zutrifft. Dabei ist Y_1 wie in Definition 2.2.0.1 gegeben.

Bemerkung 2.2.0.11. Die Unterscheidung erfolgt nur anhand des Erwartungswertes von Y_1 , da die Y_k aus der Definition 2.2.0.1 alle gleichverteilt sind.

Des Weiteren können in den drei Fällen die folgenden Besonderheiten bezüglich des Grenzverhaltens festgestellt werden (vgl. Privault 2018: 194-195). Betrachtet man den Grenzwert des Erwartungswertes der Populationsgröße, ergibt sich nach Satz 2.2.0.8, $\lim_{n \rightarrow \infty} E[X_n | \{X_0 = 1\}] = \mu^n$. Dabei seien die Variablen wie im Satz 2.2.0.8 gegeben und weiterführend die Voraussetzungen für den Satz 2.2.0.8 erfüllt. Somit erhält man für die einzelnen Fälle infolge der Größe von μ (vgl. Deitmar 2021: 50):

$$\mu^n = \begin{cases} 0 & \mu < 1 \\ 1 & \mu = 1 \\ \infty & \mu > 1 \end{cases}.$$

Im superkritischen und subkritischen Fall können damit weitere Rückschlüsse über und mit der Zufallsvariable Y_1 getroffen werden. Im subkritischen Fall erhält man $P(\{Y_1 = 0\}) > 0$, denn es gilt nach der Definition 2.2.0.10 und der Definition des Erwartungswertes:

$$\begin{aligned}
1 > \mu &= \sum_{l=1}^{\infty} lP(\{Y_1 = l\}) \\
&\geq \sum_{l=1}^{\infty} P(\{Y_1 = l\})
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= P(\{Y_1 \geq 1\}) \\
&= 1 - P(\{Y_1 = 0\}).
\end{aligned}$$

Hierbei erhält man die Ungleichheit mithilfe der Monotonie des Limes (vgl. Deitmar 2021: 53), denn für alle $l \in \mathbb{N}$ gilt $P(\{Y_1 = l\}) \leq lP(\{Y_1 = l\})$. Somit gilt durch umstellen, $P(\{Y_1 = 0\}) > 0$. Falls nun $P(\{Y_1 \geq 1\}) = 1$ und $P(\{Y_1 \geq 2\}) > 0$ gilt, liegt der superkritische Fall vor. Um dies zu zeigen, wende die Definition des Erwartungswertes und wiederum die Monotonie des Limes an, denn dann gilt

$$\begin{aligned}
\mu &= \sum_{l=1}^{\infty} lP(\{Y_1 = l\}) \\
&\geq P(\{Y_1 = 1\}) + 2 \sum_{l=2}^{\infty} P(\{Y_1 = l\}) \\
&= P(\{Y_1 = 1\}) + 2P(\{Y_1 \geq 2\}) \\
&> P(\{Y_1 \geq 1\}) = 1.
\end{aligned}$$

Aus $P(\{Y_1 \geq 2\}) > 0$ ergibt sich die letzte Ungleichung, weshalb $\mu > 1$ ist.

Bevor das Kritikalitätstheorem bewiesen werden kann, muss zuerst die Aussterbewahrscheinlichkeit definiert werden.

Definition 2.2.0.12 (Die Aussterbewahrscheinlichkeit (vgl. Henze 2019: 115)). Die *Aussterbewahrscheinlichkeit* w eines Bienaymé-Galton-Watson Prozesses wird definiert als $w_m = P(\bigcup_{n=1}^{\infty} \{X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\})$, wobei m die Ausgangspopulationsgröße ist und $w := w_m$ gesetzt wird, falls $m=1$ gilt.

Analog zu der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion wird ein Zusammenhang zwischen der Aussterbewahrscheinlichkeit w_m und w festgestellt.

Satz 2.2.0.13 (vgl. Privault 2018: 196). *Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Zufallsvariablen $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 und die Aussterbewahrscheinlichkeit wie in Definition 2.2.0.12 gegeben. Dann gilt:*

$$w_m = w^m.$$

Beweis. Betrachte zuerst die einzelnen Mengen $\{X_n = 0\}$. Es ergibt sich die Teilmengenrelation $\{X_n = 0\} \subset \{X_{n+1} = 0\}$, denn für jedes Ereignis, bei dem $X_n = 0$ erfüllt ist, gilt nach Definition 2.2.0.1 ebenfalls $X_{n+1} = 0$. Da es zudem Ereignisse gibt, bei denen $X_{n+1} = 0$ und $X_n \neq 0$ gilt, handelt es sich um eine echte Teilmenge.

Wende nun die Stetigkeit von unten des Wahrscheinlichkeitsmaßes P (vgl. Henze 2019: 24) an und erhalte für die Aussterbewahrscheinlichkeit nach Definition 2.2.0.12:

$$\begin{aligned}
w_m &= P\left(\bigcup_{n=1}^{\infty} \{X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\}\right) \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} P(\{X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\}) \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} P(\{X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\})^m \\
&= w^m.
\end{aligned}$$

Dabei gilt die vorletzte Gleichheit, denn das Wahrscheinlichkeitsmaß für $m > 1$ ist die m -fache Faltung des Wahrscheinlichkeitsmaßes für $m = 1$ (vgl. Bemerkung 2.2.0.3). Außerdem ergibt sich die letzte Gleichheit durch das Produkt von konvergenten Folgen (vgl. Deitmar 2021: 50). \square

Durch die Einführung der Aussterbewahrscheinlichkeit kann nun das Kritikalitätstheorem betrachtet werden. Dabei werden die Fälle $P(\{Y_1 = n\}) = 1$ mit $n \in \mathbb{N}_0$ und $P(\{Y_1 = 0\}) = 0$ nicht weiterführend betrachtet, um Trivialitätsfälle zu vermeiden. Im ersten Fall ist für $n = 0$ die Aussterbewahrscheinlichkeit Eins, weil jedes Individuum somit Null Nachkommen hat und der Prozess sofort ausstirbt. In den restlichen betrachteten Fällen ist $w = 0$, denn ein Individuum kann niemals Null Nachkommen besitzen und somit kann der Prozess nicht aussterben.

Hauptsatz 2.2.0.14 (Das Kritikalitätstheorem (vgl. Henze 2018: 197-198; Privault 2018: 197-198)). *Es seien der Bienayme-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge von Zufallsvariablen $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 gegeben. Des Weiteren seien $\mu = E[Y_1]$, w wie in Definition 2.2.0.12 und die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen G_{X_n} und g_{Y_1} wie in Bemerkung 2.2.0.4 und Definition 2.1.2.1 gegeben. Dabei sei $E[Y_1]$ endlich. Außerdem seien $P(\{Y_1 = l\}) \neq 1$ mit $l \in \mathbb{N}_0$ und $P(\{Y_1 = 0\}) \neq 0$. Dann gelten die folgenden Aussagen:*

- i) Die Aussterbewahrscheinlichkeit w ist der kleinste nicht negative Fixpunkt der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g_{Y_1} .
- ii) Falls $\mu \leq 1$, gilt $w = 1$.
- iii) Falls $\mu > 1$, gilt $P(\{Y_1 = 0\}) < w < 1$.

Beweis. Als erstes lässt sich für g_{Y_1} feststellen, dass $g_{Y_1}(w) = w$, denn nach Definition der Aussterbewahrscheinlichkeit (vgl. Definition 2.2.0.12) und der Stetigkeit von unten von P (vgl. Henze 2019: 24) gilt

$$\begin{aligned}
g_{Y_1}(w) &= g_{Y_1}\left(\lim_{n \rightarrow \infty} P(\{X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\})\right) \\
&= g_{Y_1}\left(\lim_{n \rightarrow \infty} G_{X_n}(0)\right)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \lim_{n \rightarrow \infty} g_{Y_1}(G_{X_n}(0)) \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} (G_{X_{n+1}}(0)) \\
&= w.
\end{aligned}$$

Dabei ergeben sich die zweite und die fünfte Gleichheit aufgrund des Lemmas 2.2.0.5 vii), die dritte Gleichheit in Folge der Stetigkeit von g_{Y_1} (vgl. Bemerkung 2.1.2.2) und somit der Vertauschbarkeit von dem Limes und der Funktion (vgl. Deitmar 2021: 74) und die vierte Gleichheit wegen des Lemmas 2.2.0.7.

Somit gilt w ist ein Fixpunkt von g_{Y_1} . Außerdem gilt für jeden weiteren Fixpunkt $x \in [0,1]$ von g_{Y_1} , dass $x = g_{Y_1}(x) \geq g_{Y_1}(0)$. Dies gilt aufgrund der Monotonie des Limes (vgl. Deitmar 2021: 53) und somit der Monotonie der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen, denn für x und $n \in \mathbb{N}_0$ gilt $x^n P(\{Y_1 = 0\}) \geq 0^n P(\{Y_1 = 0\})$.

Zeige nun mithilfe von einer Induktion, dass $x = G_{X_n}(x) \geq G_{X_n}(0)$ gilt.

Induktionsanfang: Sei $n = 1$, dann gilt nach Lemma 2.2.0.5 i) $G_{X_1}(x) = g_{Y_1}(x)$. Somit gilt die Behauptung für $n = 1$, aufgrund der Vorüberlegung.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt, erhält man mithilfe von Lemma 2.2.0.7 und der Monotonie der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen:

$$\begin{aligned}
x &= G_{X_{n+1}}(x) \\
&= g_{Y_1}(G_{X_n}(x)) \\
&\geq g_{Y_1}(G_{X_n}(0)) \\
&= G_{X_{n+1}}(0).
\end{aligned}$$

Dabei gilt die erste Gleichheit, weil x ein Fixpunkt von g_{Y_1} ist und wegen des Lemmas 2.2.0.7, denn $G_{X_{n+1}}$ ist die $(n + 1)$ -malige Verknüpfung von g_{Y_1} . Somit ist w der kleinste, nicht negative Fixpunkt von g_{Y_1} . i) ist gezeigt.

Führe nun eine Fallunterscheidung bezüglich der Größe von $P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = 1\})$ durch.

1. Fall: $P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = 1\}) = 1$: Durch die Betrachtung, dass ein Individuum nur maximal einen Nachfahren bekommen kann, ergibt sich $P(\{X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) = 1 - P(\{Y_1 = 1\})^n$. Dabei wird das Gegenereignis verwendet, bei dem n -mal ein Nachfahre erzeugt wird und somit die Populationsgröße X_n in der n -ten Generation Eins ist. Damit gilt für die Aussterbewahrscheinlichkeit nach der Definition 2.2.0.12 und der Stetigkeit von unten von P

$$\begin{aligned}
w &= \lim_{n \rightarrow \infty} P(\{X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) \\
&= \lim_{n \rightarrow \infty} 1 - P(\{Y_1 = 1\})^n
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= 1 - \lim_{n \rightarrow \infty} P(\{Y_1 = 1\})^n \\
&= 1 - 0 \\
&= 1.
\end{aligned}$$

Dabei gilt die vierte Gleichheit, denn $P(\{Y_1 = 1\}) < 1$ und somit ist der Grenzwert 0 (vgl. Deitmar 2021: 50). Hierbei ist die Wahrscheinlichkeit kleiner als Eins, weil sie nach Voraussetzung nicht Eins sein kann. Darüber hinaus erhält man die dritte Gleichheit, durch die Anwendung der Eigenschaft des Limes bezüglich der Summe von konvergenten Folgen (vgl. Deitmar 2021: 50). Für den Erwartungswert von Y_1 gilt mithilfe der Definition des Erwartungswertes und der Voraussetzung $P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = 1\}) = 1$, dass

$$\begin{aligned}
\mu &= \sum_{l=1}^{\infty} lP(\{Y_1 = l\}) \\
&= P(\{Y_1 = 1\}).
\end{aligned}$$

Somit folgt $\mu < 1$ und nach Definition 2.2.0.10 liegt der subkritische Fall vor.

2.Fall: $P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = 1\}) < 1$: Als Erstes werden anhand der Bedingung die Eigenschaften der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g_{Y_1} betrachtet. Analysiert man die ersten beiden Ableitungen der Potenzreihe erlangt man für $t \in (0,1)$ (vgl. Deitmar 2021: 145)

$$g'_{Y_1}(t) = \sum_{l=1}^{\infty} lt^{l-1}P(\{Y_1 = l\}) > 0$$

und

$$g''_{Y_1}(t) = \sum_{l=2}^{\infty} l(l-1)t^{l-2}P(\{Y_1 = l\}) > 0.$$

Die Ungleichungen ergeben sich, da nach Voraussetzung mindestens ein $l \in \mathbb{N}$ mit $P(\{Y_1 = l\}) > 0$ existieren muss und die Vorfaktoren der Wahrscheinlichkeiten nie Null sein können, denn $t \neq 0$. Somit gilt g_{Y_1} ist streng monoton wachsend und streng konvex auf $[0,1]$ und somit ist auch g'_{Y_1} streng monoton wachsend auf $[0,1]$ (vgl. Deitmar 2021: 103; Arens, Busam, Hettlich, Karpfinger & Stachel 2013: 583). Um nun abschließend Aussagen über die Aussterbewahrscheinlichkeit treffen zu können, führe eine Fallunterscheidung bezüglich μ durch und definiere die Hilfsfunktion $f_{Y_1}(t) = g_{Y_1}(t) - t$. Dabei gilt in Folge der Voraussetzung, dass $P(\{Y_1 = 0\}) \neq 0$ und von ii) des Lemmas 2.2.0.5 $f_{Y_1}(0) = g_{Y_1}(0) = P(\{Y_1 = 0\}) > 0$. Außerdem gilt wegen des Lemmas 2.2.0.5 iii) die Aussage $f_{Y_1}(1) = g_{Y_1}(1) - 1 = 0$.

2.1.Fall: $\mu \leq 1$: Aufgrund der strengen Monotonie von g'_{Y_1} gilt für $t \in [0,1)$, $g'_{Y_1}(t) < g'_{Y_1}(1)$. Darüber hinaus gilt durch die Voraussetzung und Lemma 2.2.0.5: $g'_{Y_1}(t) < \mu \leq 1$.

Somit gilt für die Hilfsfunktion mit der Summenregel der Differentialrechnung (vgl. Deitmar 2021: 97), dass $f'_{Y_1}(t) = g_{Y_1}(t)' - 1 < 0$ für $t \in [0,1]$. Durch die erhaltene Ungleichung ist f_{Y_1} streng monoton fallend auf $[0,1]$ (vgl. Deitmar 2021: 103). Wende die strenge Monotonie und die Eigenschaft der Hilfsfunktion $f_{Y_1}(0) > 0 = f_{Y_1}(1)$ an und erhalte, dass g_{Y_1} in dem Intervall $[0,1)$ nie den Wert t annehmen kann, denn f_{Y_1} nimmt in dem gesamten Intervall den Wert Null nicht an. Dies bedeutet der Fixpunkt von g_{Y_1} im Intervall $[0,1]$ kann nur Eins sein. Zusätzlich ist Eins ein Fixpunkt von g_{Y_1} nach Lemma 2.2.0.5 iii). Somit gilt $w = 1$ für den subkritischen und kritischen Fall (vgl. Definition 2.2.0.10), weil $\mu \leq 1$ nach Voraussetzung gilt und w der kleinste Fixpunkt im Intervall $[0,1]$ ist nach i).

2.2.Fall: $\mu > 1$: In diesem Fall gilt für die Hilfsfunktion, aufgrund derselben Begründung wie bei dem Fall 2.1, $f'_{Y_1}(1) = g_{Y_1}(1)' - 1 = \mu - 1 > 0$. Darüber hinaus ist f'_{Y_1} stetig (vgl. Deitmar 2021: 74), denn g'_{Y_1} ist nach Bemerkung 2.1.2.2 stetig. Wendet man nun die Linearisierung der Funktion f_{Y_1} im Punkt Eins an (vgl. Arens et al. 2013: 554), erhält man mit einer an der Stelle Eins stetigen Funktion h , für die gilt $h(t) \rightarrow 0$ für $t \rightarrow 1$, dass $f_{Y_1}(t) = f_{Y_1}(1) + (f'_{Y_1}(1) + h(t))(t - 1)$ und somit aufgrund der Eigenschaften von f_{Y_1} , dass $f_{Y_1}(t) = (f'_{Y_1}(1) + h(t))(t - 1)$. Damit gilt in einer Umgebung links von der Eins infolge der Stetigkeit von den Funktionen, dass $(f'_{Y_1}(1) + h(t)) > 0$ und $(t - 1) < 0$ gilt, denn $(t - 1) < 0$ gilt für $t \in [0,1)$ und $(f'_{Y_1}(1) + h(t)) > 0$ gilt, weil $f'_{Y_1}(1) > 0$ und $h(t)$ gegen 0 geht für $t \rightarrow 1$. Wegen der Linearisierung erhält man in dieser Umgebung $f_{Y_1}(t) < 0$ und dadurch $g_{Y_1}(t) < t$. Des Weiteren gilt $g_{Y_1}(t) > t$ für eine Umgebung rechts von der Null, weil $g_{Y_1}(0) > 0$ (siehe oben) und g_{Y_1} stetig ist (vgl. Bemerkung 2.1.2.2). Damit ergibt sich für f_{Y_1} , dass $f_{Y_1}(t) > 0$ in dieser Umgebung gilt. Wendet man nun den Nullstellensatz für stetige Funktionen (vgl. Arens et al. 2013: 336) auf $f_{Y_1}(t)$ entsprechend der Umgebungen an, dann erhält man $f_{Y_1}(t) = 0$ und somit $g_{Y_1}(t_0) = t_0$ für mindestens ein t_0 in $(0,1)$. Dieses t_0 stellt einen Fixpunkt von g_{Y_1} dar. Angenommen es gäbe einen weiteren Fixpunkt t_1 , der die obige Gleichung erfüllt. Ohne Beschränkung der Allgemeinheit sei $0 < t_0 < t_1 < 1$. Dann gelte aufgrund der Eigenschaften von f_{Y_1} , dass $f_{Y_1}(t_0) = f_{Y_1}(t_1) = f_{Y_1}(1) = 0$. Wendet man nun den Satz von Rolle (vgl. Deitmar 2021: 102) zweimal an, dann erhält man a, b mit $t_0 < a < t_1 < b < 1$ und $f'_{Y_1}(a) = f'_{Y_1}(b) = 0$. Somit würde man mit der Ableitung von f'_{Y_1} die Gleichung $g'_{Y_1}(a) = g'_{Y_1}(b)$ erlangen. Dies wäre ein Widerspruch bezüglich der strengen Monotonie von g'_{Y_1} . Deswegen besitzt g_{Y_1} genau einen Fixpunkt im Intervall $(0,1)$. Der Fixpunkt ist somit der kleinste Fixpunkt von g_{Y_1} im Intervall $[0,1]$, denn analog zu i) erhält man für $g_{Y_1}(0) > 0$ und obwohl 1 ein Fixpunkt ist, gilt $1 > t_0$. Damit gilt $w = t_0 < 1$.

Durch die Definition der Aussterbewahrscheinlichkeit (vgl. Definition 2.2.0.12) und mit $l \in \mathbb{N}$ erhält man:

$$\begin{aligned}
w &= P\left(\bigcup_{n=1}^{\infty} \{X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\}\right) \\
&\geq P(\{X_1 = 0\} \cup (\{X_1 > 0\} \cap \{X_2 = 0\}) \mid \{X_0 = 1\}) \\
&= P(\{X_1 = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) + P(\{X_1 > 0\} \cap \{X_2 = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) \\
&\geq P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = l\})P(\{Y_1 = 0\})^l.
\end{aligned}$$

Dabei gilt die erste Ungleichung wegen der Monotonie des Wahrscheinlichkeitsmaßes (vgl. Henze 2019: 22), denn es gilt die Relation $\{X_1 = 0\} \cup (\{X_1 > 0\} \cap \{X_2 = 0\}) \subseteq \bigcup_{n=1}^{\infty} \{X_n = 0\}$. Die zweite Gleichheit folgt dann aus der Disjunktheit der beiden Mengen und der σ -Additivität von P (vgl. Henze 2019: 22). Die letzte Ungleichung erhält man durch die Betrachtung, dass die Population in der ersten Generation ausstirbt, wenn das erste Individuum Null Nachkommen erzeugt und die Population erst in der zweiten Generation ausstirbt, falls das erste Individuum mehr als Null Nachfahren erzeugt und diese jeweils Null Abkömmlinge hervorbringen. Dabei wird dann dasselbe Argument wie bei der ersten Ungleichung verwendet, um nur ein mögliches Ereignis zu betrachten. Wähle nun ein $l \in \mathbb{N}$, sodass $P(\{Y_1 = l\}) > 0$, dies existiert nach Voraussetzung, denn $P(\{Y_1 = 0\}) + P(\{Y_1 = 1\}) < 1$. Somit gilt durch Umstellen $w - P(\{Y_1 = l\})P(\{Y_1 = 0\})^l \geq P(\{Y_1 = 0\})$ und dadurch $w > P(\{Y_1 = 0\})$.

Damit sind durch Betrachtung der Fallunterscheidungen ii) und iii) erfüllt. \square

Bemerkung 2.2.0.15. Die Ergebnisse des Kritikalitätstheorems bezüglich der verschiedenen Werte von μ können auch bei der Betrachtung eines Graphen mit der Winkelhalbierenden des ersten Quadranten und der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g der Zufallsvariablen, die die Anzahl der erzeugten Nachkommen beschreiben, erkannt werden.

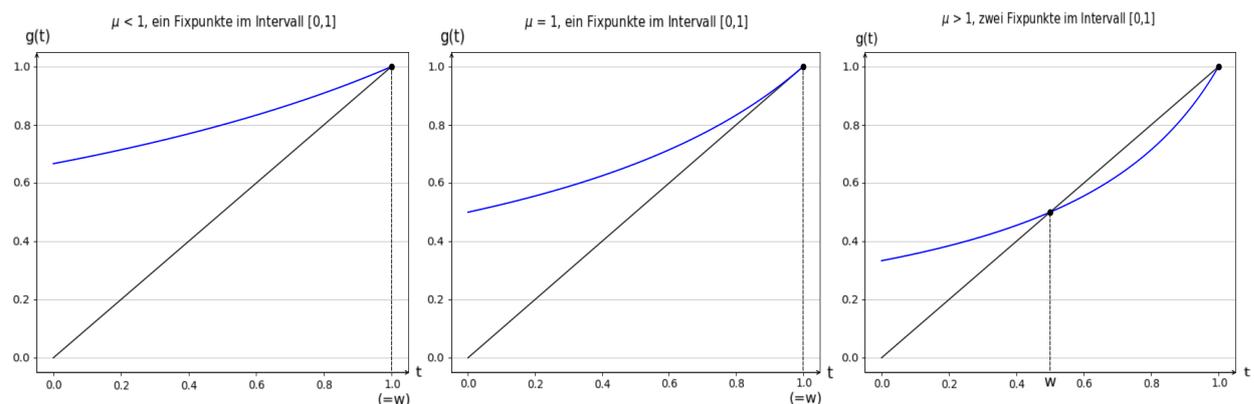


Abbildung 2: Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion in den verschiedenen Fällen bezüglich μ .

Die bisherigen Ergebnisse können auf die Betrachtung der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g mit einem komplexen Definitionsbereich übertragen werden (vgl. Athreya & Ney 1972: 8).

Als letztes Konzept bezüglich der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse wird die Instabilität des Prozesses beziehungsweise die Extinktions-Explosions-Dichotomie untersucht. Diese Eigenschaft wird als Instabilität bezeichnet, weil sie zeigt, dass sich bei den Prozessen im Gegensatz zu beispielsweise biologischen Prozessen die Populationsgröße in Abhängigkeit von den gegebenen Variablen nicht stabilisiert (vgl. Harris 1964: 9).

Satz 2.2.0.16 (Extinktions-Explosions-Dichotomie (vgl. Henze 2018: 200-201)). *Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$, die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 und die Aussterbewahrscheinlichkeit w wie in Definition 2.2.0.12 gegeben. Dann gilt*

$$P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) = w, \quad P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty\} \mid \{X_0 = 1\}) = 1 - w.$$

Beweis. Definiere für den Beweis die Zufallsvariablen $T_k := \sup\{n \geq 1 \mid X_n = k\}$ für $k \in \mathbb{N}$, die den letzten Zeitpunkt erfassen, zu dem die Populationsgröße k auftrat. Dabei kann T_k aufgrund der Definition auch den Wert ∞ annehmen. Analog zu den Überlegungen bei dem Kritikalitätstheorem wird der Fall, dass $P(\{Y_1 = 0\}) = 0$ nicht betrachtet, weil dann $w = 0$ ist und die Populationsgröße unendlich groß wird oder wenn nur ein Nachkomme möglich ist, bei Eins stagniert. Dann gilt mittels einer nahrhaften Eins, der Definition der bedingten Wahrscheinlichkeit und der Definition des Ereignisses $\{T_k = n\}$, dass

$$\begin{aligned} P(\{T_k = n\} \mid \{X_0 = 1\}) &= P(\{X_n = k\} \cap \bigcap_{j=1}^{\infty} \{X_{n+j} \neq k\} \mid \{X_0 = 1\}) \\ &= P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}) \frac{P(\{X_n = k\} \cap \bigcap_{j=1}^{\infty} \{X_{n+j} \neq k\} \mid \{X_0 = 1\})}{P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\})} \\ &= P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}) P(\bigcap_{j=1}^{\infty} \{X_{n+j} \neq k\} \mid \{X_0 = 1, X_n = k\}) \\ &\geq P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}) P(\{X_{n+1} = 0\} \mid \{X_0 = 1, X_n = k\}) \\ &= P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}) P(\{Y_1 = 0\})^k. \end{aligned}$$

Dabei ergibt sich die Ungleichung, denn die natürliche Zahl k wird nicht mehr angenommen, wenn der Prozess ausstirbt. Des Weiteren erhält man die letzte Gleichheit, weil $X_{n+1} = 0$ unter der Bedingung $\{X_n = k\}$ nur dann erreicht werden kann, wenn jedes Individuum der n -ten Generation Null Nachkommen besitzt. Da die Zufallsvariablen Y_k nach Definition 2.2.0.1 gleichverteilt und stochastisch unabhängig sind, erhält man die letzte Gleichheit. Summiert man nun über n , folgt mithilfe der Eigenschaften von Reihen bezüglich Konstanten (vgl. Deitmar 2021: 60)

$$\begin{aligned} 1 &\geq \sum_{n=1}^{\infty} P(\{T_k = n\} \mid \{X_0 = 1\}) \\ &= \sum_{n=1}^{\infty} P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}) P(\{Y_1 = 0\})^k \\ &= P(\{Y_1 = 0\})^k \sum_{n=1}^{\infty} P(\{X_n = k\} \mid \{X_0 = 1\}). \end{aligned}$$

Damit gilt insbesondere $\sum_{n=1}^{\infty} P(\{X_n = k\} | \{X_0 = 1\}) < \infty$, denn $P(\{Y_1 = 0\})^k$ ist für ein beliebig aber fest gewähltes k konstant. Somit erhält man einerseits $\lim_{n \rightarrow \infty} P(\{X_n = k\} | \{X_0 = 1\}) = 0$ (vgl. Deitmar 2021: 62). Andererseits erlangt man mit dem Lemma von Borel-Cantelli (vgl. Henze 2019: 64)

$$P\left(\bigcap_{l=1}^{\infty} \bigcup_{n=l}^{\infty} \{X_n = k\} | \{X_0 = 1\}\right) = 0.$$

Wendet man die Regel von De-Morgan an, erhält man das komplementäre Ereignis (vgl. Henze 2019: 11), wodurch sich die nachfolgende Gleichung ergibt

$$P\left(\bigcup_{l=1}^{\infty} \bigcap_{n=l}^{\infty} \{X_n \neq k\} | \{X_0 = 1\}\right) = 1.$$

Aufgrund dessen, dass der Schnitt von abzählbar vielen Eins-Mengen eine Eins-Menge ist, gilt

$$P\left(\bigcap_{k=1}^{\infty} \bigcup_{l=1}^{\infty} \bigcap_{n=l}^{\infty} \{X_n \neq k\} | \{X_0 = 1\}\right) = 1.$$

Infolge der σ -Additivität von P (vgl. Henze 2019: 22) gilt die Aussage über Eins-Mengen, denn das Komplement des Schnittes von abzählbar vielen Eins-Mengen ist die Vereinigung von abzählbar vielen Nullmengen und diese ist wiederum eine Nullmenge (vgl. Henze 2019: 336). Definiere das zuletzt betrachtete Ereignis mit Ω_0 . Dann gilt, aufgrund der Definition des Ereignisses, für $\omega \in \Omega_0$, dass die zugehörige Folge bezeichnet als $(X_n(\omega))_{n \in \mathbb{N}_0}$ jedes k nur endlich oft als Folgenglied besitzt. Somit existiert für $\omega \in \Omega_0$ entweder ein n mit $X_n(\omega) = 0$ und damit gilt aufgrund der Definition 2.2.0.1 $\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0$ oder es gilt $\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty$, denn dann werden die Zahlen innerhalb der Folge beliebig groß. Mithilfe dieser Eigenschaft des Ereignisses kann die folgende Inklusion festgestellt werden:

$$\Omega_0 \subset \left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0 \right\} \cup \left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty \right\}.$$

Die Teilmengeninklusion liefert unter Berücksichtigung der Monotonie des Wahrscheinlichkeitsmaßes $P(\left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0 \right\} \cup \left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty \right\} | \{X_0 = 1\}) = 1$. Aufgrund der Disjunktheit der beiden betrachteten Mengen, nach Definition, gilt

$P(\left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0 \right\} | \{X_0 = 1\}) + P(\left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty \right\} | \{X_0 = 1\}) = 1$. Betrachtet man das erste der beiden Ereignisse genauer erlangt, lässt sich feststellen, dass es das Aussterben des Prozesses beschreibt nach Definition 2.2.0.12 der Aussterbewahrscheinlichkeit. Somit stimmt die erste Wahrscheinlichkeit mit der Aussterbewahrscheinlichkeit w überein und durch umstellen erhält man

$$P(\left\{ \lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty \right\} | \{X_0 = 1\}) = 1 - w. \quad \square$$

Die erlangte Instabilität kann auch für Prozesse mit einer größeren Ausgangspopulationsgröße gezeigt werden.

Korollar 2.2.0.17. Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 und die Aussterbewahrscheinlichkeit w_m wie in Definition 2.2.0.12 gegeben. Dann gilt

$$P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0\} \mid \{X_0 = 1\}) = w^m, \quad P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty\} \mid \{X_0 = 1\}) = 1 - w^m.$$

Beweis. Führe den Beweis von 2.2.0.16 mit dem Wahrscheinlichkeitsmaß $P(\cdot \mid \{X_0 = m\})$ analog durch. Damit erlangt man $P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\}) = w_m$ und $P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty\} \mid \{X_0 = m\}) = 1 - w_m$. Wendet man nun die erlangte Erkenntnis über w_m an (vgl. Satz 2.2.0.13), gilt $P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = 0\} \mid \{X_0 = m\}) = w^m$ und $P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty\} \mid \{X_0 = m\}) = 1 - w^m$. \square

Die Untersuchungen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse sind somit abgeschlossen. Es könnten im Anschluss dieser grundlegenden Erkenntnisse das Wachstumsverhalten der Prozesse in den einzelnen Kritikalitätsfällen analysiert werden (vgl. Athreya & Ney 8-47; Harris 1964: 11-29). Dies soll jedoch im Rahmen der vorliegenden Bachelorarbeit nicht erfolgen. Stattdessen werden nachfolgend einige grundlegende und weiterführende Beispiele angebracht.

2.3 Beispiele

2.3.1 Die Entstehungsfragestellung

Das erste Beispiel ist der beschriebene Prozess aus der in der Einleitung angeführten Fragestellung von Galton. Sei der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 gegeben. Dabei sei die Verteilung von den Y_k gegeben als $P(\{Y_k = l\}) = a_l$ mit $l \in \{0, \dots, 5\}$, $\sum_{l=0}^5 a_l = 1$ und $a_l > 0$. Dann ergibt sich nach Korollar 2.2.0.9 für den Erwartungswert $\mu_m := E[X_n^{(m)} \mid \{X_0^{(m)} = 1\}] = m\mu^n$, wobei $\mu = E[Y_1]$ und für die Varianz $\sigma_{m,n}^2 := \text{Var}[X_n^{(m)} \mid \{X_0^{(m)} = 1\}] = m\sigma_n^2$. Hierbei wird σ_n^2 wie in Satz 2.2.0.8 ii), in Abhängigkeit von μ bestimmt und $\sigma^2 = \text{Var}[Y_1]$. Des Weiteren ist die Aussterbewahrscheinlichkeit $w_m = w^m$ (vgl. Satz 2.2.0.13), wobei w der kleinste Fixpunkt von der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion g_{Y_1} (vgl. Hauptsatz 2.2.0.14) ist und die Funktion wie in Definition 2.1.2.1 gegeben ist. Außerdem kann nach Korollar 2.2.0.17 die Wahrscheinlichkeit, dass die Population unendlich groß wird, berechnet werden. Korollar 2.2.0.9, Hauptsatz 2.2.0.14 und Satz 2.2.0.8 sind anwendbar, da die notwendigen Erwartungswerte und Varianzen aufgrund der endlichen Anzahl an Werten von Y_k , bei denen die Wahrscheinlichkeit ungleich Null ist, existieren.

Seien nun beispielsweise die folgenden Werte gegeben:

$$a_0 = \frac{2}{10}, \quad a_1 = \frac{5}{10}, \quad a_2 = \frac{3}{10}, \quad a_3 = a_4 = a_5 = 0, \quad m = 10.$$

Somit wird ein Prozess betrachtet, dessen Anfangspopulation zehn Individuen umfasst und bei dem Null bis zwei Nachkommen durch ein Partikel erzeugt werden können. Dann gilt aufgrund der obigen Überlegungen für die Erwartungswerte:

$$\mu = \sum_{l=0}^2 l a_l = \frac{5}{10} + 2 \frac{3}{10} = \frac{11}{10},$$

$$\mu_{10} = m \mu^n = 10 \left(\frac{11}{10} \right)^n.$$

Somit gilt nach der Definition der Kritikalitätsfälle, dass der Prozess superkritisch ist, denn $\mu = \frac{11}{10} > 1$ (vgl. Definition 2.2.0.10). Dadurch erhält man, wegen der oberen Betrachtungen:

$$\sigma^2 = E[(Y_1 - E[Y_1])^2] = \sum_{l=0}^2 \left(l - \frac{11}{10} \right)^2 a_l = \frac{1}{10} \left(\frac{121}{100} 2 + \frac{1}{100} 5 + \frac{81}{100} 3 \right) = \frac{49}{100},$$

$$\sigma_n^2 = \sigma^2 \mu^{n-1} \frac{1 - \mu^n}{1 - \mu} = \frac{49}{100} \left(\frac{11}{10} \right)^{n-1} \frac{1 - \left(\frac{11}{10} \right)^n}{1 - \frac{11}{10}} = -\frac{49}{10} \left(\frac{11}{10} \right)^{n-1} \left(1 - \left(\frac{11}{10} \right)^n \right),$$

$$\sigma_{10,n}^2 = m \sigma_n^2 = -10 \frac{49}{10} \left(\frac{11}{10} \right)^{n-1} \left(1 - \left(\frac{11}{10} \right)^n \right) = -49 \left(\frac{11}{10} \right)^{n-1} \left(1 - \left(\frac{11}{10} \right)^n \right).$$

Damit ergibt sich für den Erwartungswert und die Varianz, dass für n gegen unendlich die beiden Werte beliebig groß werden. Somit können die Familiennamen in der n -ten Generation beliebig oft vertreten sein und die Anzahl der Namensträger kann großen Schwankungen unterliegen. Für die Aussterbewahrscheinlichkeit erhält man nach Hauptsatz 2.2.0.14 einen Wert kleiner als Eins, weil es sich um einen superkritischen Prozess handelt. Um die Wahrscheinlichkeit zu berechnen, betrachte zuerst die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion g_{Y_1} .

$$g_{Y_1}(t) = \sum_{l=0}^2 t^l a_l = \frac{3}{10} t^2 + \frac{5}{10} t + \frac{2}{10}.$$

Der Fixpunkt kann nun mithilfe der Fixpunktgleichung $g_{Y_1}(t) = t$ ermittelt werden. Dabei kann entweder die Gleichung umgestellt und die pq -Formel angewendet werden, oder man verwendet, dass die Funktion im Intervall $[0,1]$ zwei Fixpunkte besitzt (vgl. Beweis Fall 2.2 Hauptsatz 2.2.0.14). Der kleinere der beiden Fixpunkte ist die Aussterbewahrscheinlichkeit und der größere ist Eins. Somit ist $g_{Y_1}(t) = t$ identisch mit $\frac{3}{10} t^2 + \frac{5}{10} t + \frac{2}{10} = t$ und damit soll gelten $\frac{3}{10} t^2 - \frac{5}{10} t + \frac{2}{10} = 0$. Dividiert man nun die Gleichung auf beiden Seiten mit $\frac{3}{10}$ und klammert die erste Nullstelle aus, erhält man $(t - 1)(t - \frac{2}{3}) = 0$. Somit folgt für die Aussterbewahrscheinlichkeit und die Wahrscheinlichkeit, dass die Population unendlich groß wird:

$$w = \frac{2}{3}, \quad w_{10} = w^m = \frac{2^{10}}{3} = \frac{1024}{59049},$$

$$P(\{\lim_{n \rightarrow \infty} X_n = \infty\} \mid \{X_0 = m\}) = 1 - w^m = 1 - \frac{1024}{59049} = \frac{58025}{59049}.$$

Damit ist die Wahrscheinlichkeit, dass der Populationsumfang beliebig groß wird, bedeutend größer als die Wahrscheinlichkeit des Aussterbens des Prozesses. Das bedeutet, dass die Existenz mindestens einer der Familiennamen wahrscheinlicher als das Aussterben von allen Familiennamen ist. Die angebrachten Ergebnisse könnten nun für die jeweilige betrachtete Population mit den angegebenen Wahrscheinlichkeiten interpretiert werden. Dabei lässt sich das angebrachte Beispiel nicht ausschließlich für die Demographie, sondern auch für andere Themengebiete wie die Informatik und die Biologie deuten. Innerhalb der Biologie könnte man das Modell auf eine Zellpopulation übertragen, bei dem eine Zelle ausstirbt, stagniert oder sich teilt. Innerhalb der Informatik kann das Beispiel angewendet werden, indem ein Programm betrachtet wird, das für die Abarbeitung eines Algorithmus einen Prozess aufruft. Dieser Prozess kann entweder keinmal, einmal oder zweimal einen weiteren Prozess triggern, um denselben Algorithmus für die Berechnung auszuführen. Damit können beispielsweise in der Biologie die Stabilität der Zellpopulation und in der Informatik die Auslastung des Systems untersucht werden.

2.3.2 Die geometrische Reproduktionsverteilung

Das zweite Beispiel innerhalb dieses Abschnittes betrifft einen Bienaymé-Galton-Watson Prozess bei dem die Anzahl der Nachkommen eines Individuums geometrisch verteilt sind (vgl. Henze 2018: 198-199). Sei der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 gegeben. Dabei liegt die Verteilung von Y_1 als $P(\{Y_1 = l\}) = \frac{1}{\mu+1} \left(\frac{\mu}{\mu+1}\right)^l$ mit $l \in \mathbb{N}_0$ und $\mu \in \mathbb{R}^+$ vor. Darüber hinaus sei $\mu \neq 0$ um den trivialen Fall $P(\{Y_1 = 0\}) = 1$ nicht weiterführend zu betrachten. Dann gilt für den Erwartungswert und die Varianz von Y_1 (vgl. Henze 2019: 95) mit $p = \frac{1}{\mu+1}$, dass

$$E[Y_1] = \frac{1 - \frac{1}{\mu+1}}{\frac{1}{\mu+1}} = \frac{\mu + 1 - 1}{\mu + 1}(\mu + 1) = \mu,$$

$$Var[Y_1] = \frac{1 - \frac{1}{\mu+1}}{\left(\frac{1}{\mu+1}\right)^2} = \frac{\mu + 1 - 1}{\mu + 1}(\mu + 1)^2 = \mu^2 + \mu.$$

Somit ist der Prozess in Abhängigkeit von μ subkritisch, kritisch oder superkritisch. Um die Aussterbewahrscheinlichkeit zu ermitteln, betrachte die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion g_{Y_1} nach Definition 2.1.2.1. und erhalte

$$g_{Y_1}(t) = \sum_{l=0}^{\infty} t^l \frac{1}{\mu+1} \left(\frac{\mu}{\mu+1}\right)^l$$

$$= \frac{1}{\mu+1} \sum_{l=0}^{\infty} \left(t \frac{\mu}{\mu+1}\right)^l$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{1}{\mu + 1} \frac{1}{1 - \frac{t\mu}{\mu+1}} \\
&= \frac{1}{\mu + 1} \frac{\mu + 1}{\mu - t\mu + 1} \\
&= \frac{1}{1 + \mu - t\mu}.
\end{aligned}$$

Dabei wurde bei der dritten Gleichheit der Grenzwert der geometrischen Reihe eingesetzt (vgl. Deitmar 2021: 60), denn aufgrund der Definition von t gilt: $|t \frac{\mu}{\mu+1}| < 1$. Betrachtet man nun die Fixpunktgleichung $g_{Y_1}(t) = t$, erhält man nach dem Einsetzen von $g_{Y_1}(t)$, Multiplizieren mit $1 + \mu - t\mu$ und durch Umstellen die Gleichung: $\mu t^2 - (1 + \mu)t + 1 = 0$. Dividiert man diese durch μ ($\mu \neq 0$ nach Voraussetzung) und berücksichtigt man den Fixpunkt von g_{Y_1} bei Eins nach Lemma 2.2.0.5 iii), erhält man die Gleichung $(t - \frac{1}{\mu})(t - 1) = 0$. Dadurch ergibt sich die Aussterbewahrscheinlichkeit als

$$w = \min(\frac{1}{\mu}, 1) = \begin{cases} \frac{1}{\mu} & \mu > 1 \\ 1 & \text{sonst} \end{cases} \text{ durch Anwendung des Hauptsatzes 2.0.14, da } E[Y_1] \text{ endlich ist.}$$

2.3.3 Eine Reproduktionsverteilung ohne Erwartungswert

Das dritte Beispiel betrachtet die Möglichkeit, auch ohne die Existenz des Erwartungswertes die Aussterbewahrscheinlichkeit mithilfe von einer Iteration anzunähern (vgl. Henze 2018: 200). Dabei wird ein Bienaymé-Galton-Watson-Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 analysiert, wobei die Reproduktionsverteilung von Y_1 gegeben ist als $P(\{Y_1 = l\}) = \frac{1}{(l+1)(l+2)}$ mit $l \in \mathbb{N}_0$. Für den Erwartungswert $E[Y_1]$ erhält man

$$\begin{aligned}
E[Y_1] &= \sum_{l=0}^{\infty} l \frac{1}{(l+1)(l+2)} \\
&= \sum_{l=0}^{\infty} \frac{l}{l^2 + 3l + 2}.
\end{aligned}$$

Betrachtet man die zuletzt erhaltene Reihe in Kombination mit der Divergenz der harmonischen Reihe (vgl. Deitmar 2021: 62) und dem Grenzwertkriterium für Reihen (vgl. Arens et al. 2013: 358), gilt, dass die Reihe divergiert, denn man erlangt:

$$\begin{aligned}
\lim_{l \rightarrow \infty} \frac{\frac{l}{l^2+3l+2}}{\frac{1}{l}} &= \lim_{l \rightarrow \infty} \frac{l^2}{l^2 + 3l + 2} \\
&= \lim_{l \rightarrow \infty} \frac{1}{1 + \frac{3}{l} + \frac{2}{l^2}} \\
&= 1.
\end{aligned}$$

Dieser Grenzwert ist größer als 0 und deswegen ist das Grenzwertkriterium anwendbar. Somit gilt $E[Y_1] = \infty$. Analysiert man die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion g_{Y_1} nach Definition 2.1.2.1 mit $|t| < 1$ und $t \neq 0$, dann gilt

$$\begin{aligned}
g_{Y_1}(t) &= \sum_{l=0}^{\infty} t^l \frac{1}{(l+1)(l+2)} \\
&= \sum_{l=0}^{\infty} t^l \left(\frac{1}{l+1} - \frac{1}{l+2} \right) \\
&= \sum_{l=0}^{\infty} \frac{t^l}{l+1} - \sum_{l=0}^{\infty} \frac{t^l}{l+2} \\
&= \sum_{l=1}^{\infty} \frac{t^{l-1}}{l} - \sum_{l=2}^{\infty} \frac{t^{l-2}}{l} \\
&= \frac{1}{t} \sum_{l=1}^{\infty} \frac{t^l}{l} - \frac{1}{t^2} \sum_{l=2}^{\infty} \frac{t^l}{l} \\
&= \frac{1}{t} \sum_{l=1}^{\infty} \frac{t^l}{l} - \frac{1}{t^2} \sum_{l=2}^{\infty} \frac{t^l}{l} - \frac{1}{t} + \frac{1}{t} \\
&= \frac{1}{t} \sum_{l=1}^{\infty} \frac{t^l}{l} - \frac{1}{t^2} \sum_{l=1}^{\infty} \frac{t^l}{l} + \frac{1}{t} \\
&= \frac{1}{t} (-\log(1-t)) - \frac{1}{t^2} (-\log(1-t)) + \frac{1}{t} \\
&= \frac{1}{t} \left(1 + \left(\frac{1}{t} - 1 \right) (\log(1-t)) \right).
\end{aligned}$$

Dabei ergibt sich die zweite Gleichheit mithilfe der Gleichung $\frac{1}{(l+1)(l+2)} = \frac{a}{l+1} + \frac{b}{l+2}$ und einem Koeffizientenvergleich bezüglich l , wodurch man $a = 1$ und $b = -1$ erhält. Die dritte Gleichheit erlangt man durch die Linearkombination von konvergenten Reihen (vgl. Deitmar 2021: 60) und die Vierte mithilfe der zweimaligen Anwendung eines Indexshifts. Des Weiteren ergibt sich die achte Gleichheit mithilfe des Grenzwertes der Logarithmus-Reihe (vgl. Deitmar 2021: 150). Darüber hinaus gilt für $t = 0$,

$$\begin{aligned}
g_{Y_1}(0) &= \sum_{l=0}^{\infty} 0^l \frac{1}{(l+1)(l+2)} \\
&= 0^0 \frac{1}{(0+1)(0+2)} \\
&= \frac{1}{2}.
\end{aligned}$$

Die Fixpunktgleichung $g_{Y_1}(t) = t$ kann damit mit einem Iterationsverfahren untersucht werden und man erlangt für die Aussterbewahrscheinlichkeit nach Definition 2.2.0.12 und Satz 2.2.0.14 i) rund $w \approx 0.6838$ (vgl. Henze 2018: 200). Der Abschnitt i) von 2.2.0.14 kann angewendet werden, da für den Beweis die Existenz von $E[Y_1]$ nicht notwendig ist.

2.3.4 Linear fractional case

Der *linear fractional case* stellt das nächste Beispiel dar, denn er ist der grundsätzlich einzige nicht triviale Fall, bei dem die allgemeine Repräsentation für G_{X_n} ermittelt wurde (vgl. Athreya & Ney 1972: 6). Außerdem können mithilfe dieses Falles die weiteren Beispiele, bei denen die allgemeine Darstellung bestimmbar ist, hergeleitet werden (vgl. Harris 1964: 10). Die Betrachtungen erfolgen analog zu den Untersuchungen von Athreya & Ney (Athreya & Ney 1972: 6-7).

Seien der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n)_{n \in \mathbb{N}_0}$ und die Folge $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ wie in Definition 2.2.0.1 gegeben. Zusätzlich seien die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion g_{Y_1} nach Definition 2.1.2.1 und die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen G_{X_n} wie in Bemerkung 2.2.0.4 gegeben und die Reproduktionsverteilung sei wie folgt definiert

$$p_l := P(\{Y_1 = l\}) = bc^{l-1}, \quad p_0 := P(\{Y_1 = 0\}) = 1 - \sum_{l=1}^{\infty} p_l.$$

Dabei seien $l \in \mathbb{N}$, $b, c \in (0,1)$ und $b \leq 1 - c$. Somit ergibt sich für p_0 , durch das Einsetzen von p_l :

$$\begin{aligned} p_0 &= 1 - \sum_{l=1}^{\infty} bc^{l-1} \\ &= 1 - b \sum_{l=0}^{\infty} c^l \\ &= 1 - b \frac{1}{1-c} \\ &= \frac{1-c-b}{1-c}. \end{aligned}$$

Dafür wurden bei der zweiten Gleichheit die Linearkombination von konvergenten Reihen (vgl. Deitmar 2021: 60) und ein Indexshift verwendet. Die dritte Gleichheit erlangt man mithilfe des Grenzwertes der geometrischen Reihe (vgl. Deitmar 2021: 60), denn $c \in (0,1)$ nach Voraussetzung. Um die wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen G_{X_n} betrachten zu können, untersuche zuerst g_{Y_1} .

Es gilt nach Definition der erzeugenden Funktion und der erlangten Darstellung von p_0 , dass

$$\begin{aligned}
 g_{Y_1}(t) &= \sum_{l=0}^{\infty} t^l p_l \\
 &= \sum_{l=1}^{\infty} t^l b c^{l-1} + p_0 \\
 &= t b \sum_{l=0}^{\infty} (t c)^l + p_0 \\
 &= t b \frac{1}{1 - t c} + p_0 \\
 &= \frac{t b}{1 - t c} + \frac{1 - c - b}{1 - c}.
 \end{aligned}$$

Dabei werden ebenfalls die Linearkombination von konvergenten Reihen, ein Indexshift und der Grenzwert der geometrischen Reihe genutzt. Der Grenzwert kann verwendet werden, wenn $|t c| < 1$ und somit $|t| < \frac{1}{c}$ gilt. Somit ergibt sich für den Erwartungswert $\mu := E[Y_1]$ mithilfe vom Lemma 2.2.0.5 iv):

$$\begin{aligned}
 \mu &= g'_{Y_1}(1^-) \\
 &= \left(\frac{t b}{1 - t c} + \frac{1 - c - b}{1 - c} \right)' (1^-) \\
 &= \frac{b(1 - t c) - t b(-c)}{(1 - t c)^2} (1^-) \\
 &= \frac{b}{(1 - c)^2}.
 \end{aligned}$$

Dafür wurden die Linearität und die Quotientenregel der Differentialrechnung verwendet (vgl. Deitmar 2021: 97). Mithilfe der erlangten Darstellung der Funktion und des Erwartungswertes kann eine allgemeine Darstellung für die Funktion G_{X_n} ermittelt werden. Hierfür müssen weitere Vorbetrachtungen bezüglich der Funktion g_{Y_1} erfolgen. Berechne zuerst die Lösungen der Fixpunktgleichung $g_{Y_1}(t) = t$. Setze dafür $g_{Y_1}(t)$ ein, multipliziere mit $(1 - t c)$, stelle nach Null um und dividiere durch c , damit man die Gleichung $t^2 + t \frac{c^2 + b - 1}{c(1 - c)} + \frac{1 - c - b}{c(1 - c)} = 0$ erhält. Verwendet man nun die Eigenschaft $g_{Y_1}(1) = 1$ nach Lemma 2.2.0.5 i) und klammert $(t - 1)$ aus, erlangt man die Gleichung $(t - 1) \left(t - \left(\frac{1 - c - b}{c(1 - c)} \right) \right) = 0$. Damit sind die Fixpunkte der Funktion 1 und $t_0 := \frac{1 - c - b}{c(1 - c)}$. Der zweite Fixpunkt ist positiv, denn $c \in (0, 1)$ und $b \leq 1 - c$ und über ihn können in Abhängigkeit des Erwartungswertes μ weitere Aussagen getroffen werden. Aufgrund des Hauptsatzes 2.2.0.14, wegen der Endlichkeit von μ , gilt für $\mu > 1$, dass $t_0 < 1$. Falls $\mu < 1$ erlangt man $b < (1 - c)^2$. Dividiert man diese Ungleichung mit $\frac{-1}{c(1 - c)}$ und addiert man $\frac{1}{c}$ gilt $\frac{-b}{c(1 - c)} + \frac{1}{c} > 1$ und somit $t_0 > 1$. In dem letzten Fall führt man die Betrachtung analog durch und erhält aufgrund der Gleichheit $t_0 = 1$.

Um diesen Fixpunkt nutzen zu können zeige zuerst die Gleichung

$$\frac{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(u)}{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(v)} = \frac{t - u}{t - v} \frac{1 - vc}{1 - uc}$$

mit $v, u \in (0, \frac{1}{c})$ und $v \neq t$, sodass $t - v$ und $1 - uc$ jeweils ungleich Null sind. Für den Beweis nutzt man die erhaltene Gleichung für g_{Y_1} und kürzt die konstanten Werte $\frac{1-c-b}{1-c}$ mit $-\frac{1-c-b}{1-c}$. Danach kürzt man b im Zähler mit dem b im Nenner und bildet den Hauptnenner. Dadurch erhält man die folgende Gleichheit,

$$\begin{aligned} \frac{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(u)}{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(v)} &= \frac{\frac{tb}{1-tc} - \frac{ub}{1-uc}}{\frac{tb}{1-tc} - \frac{vb}{1-vc}} \\ &= \frac{\frac{t(1-uc) - u(1-tc)}{(1-tc)(1-uc)}}{\frac{t(1-vc) - v(1-tc)}{(1-tc)(1-vc)}} \\ &= \frac{t - u}{t - v} \frac{1 - vc}{1 - uc}. \end{aligned}$$

Die allgemeine Darstellung kann nun mithilfe von einer Fallunterscheidung bezüglich μ erlangt werden. Dabei können die erhaltenen Gleichungen mit den Fixpunkten als v und u angewendet werden, denn $t_0 = \frac{-b}{c(1-c)} + \frac{1}{c} < \frac{1}{c}$ und $1 < \frac{1}{c}$ gelten, weil $b, c \in (0, 1)$.

1. Fall: $\mu \neq 1$: Seien $u = t_0$ und $v = 1$ dann entsteht durch Umstellen der obigen Gleichung $\frac{1-vc}{1-uc} = \frac{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(u)}{g_{Y_1}(t) - g_{Y_1}(v)} \frac{t-u}{t-v}$. Aufgrund der Unabhängigkeit des linken Terms der Gleichung von t , kann somit eine Grenzwertbetrachtung bezüglich t durchgeführt werden. Es gilt durch Grenzwertbildung und Einsetzen der Werte u und v :

$$\begin{aligned} \frac{1 - vc}{1 - uc} &= \lim_{t \rightarrow 1} \frac{g_{Y_1}(t) - t_0}{g_{Y_1}(t) - 1} \frac{t - 1}{t - t_0} \\ &= \lim_{t \rightarrow 1} \frac{g_{Y_1}(t) - t_0}{t - t_0} \left(\frac{g_{Y_1}(t) - 1}{t - 1} \right)^{-1} \\ &= \frac{1 - t_0}{1 - t_0} \frac{1}{g'_{Y_1}(1^-)} \\ &= \frac{1}{\mu}. \end{aligned}$$

Hierbei wurde bei der dritten Gleichheit die Definition der Ableitung in einer Stelle t verwendet (vgl. Deitmar 2021: 95) und die letzte Gleichheit erlangt man mithilfe von Lemma 2.2.0.5 iv), da μ endlich ist. Somit gilt durch Einsetzen in die ursprüngliche Gleichung

$$\frac{g_{Y_1}(t) - t_0}{g_{Y_1}(t) - 1} = \frac{t - t_0}{t - 1} \frac{1}{\mu}.$$

Führe mithilfe dieser Gleichung eine Induktion über $n \in \mathbb{N}$ durch und beweise $\frac{G_{X_n}(t) - t_0}{G_{X_n}(t) - 1} = \frac{1}{\mu^n} \frac{t - t_0}{t - 1}$.

Induktionsanfang: Sei $n=1$, dann gilt aufgrund der bisherigen Ergebnisse und weil nach Lemma 2.2.0.5

i) $G_{X_1}(t) = g_{Y_1}(t)$ gilt, dass $\frac{G_{X_1}(t)-t_0}{G_{X_1}(t)-1} = \frac{1}{\mu}$.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n+1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und mithilfe der Iterationseigenschaft von $G_{X_n}(t)$ (vgl. Lemma 2.2.0.7) und der oben erlangten Gleichung für g_{Y_1} folgt

$$\begin{aligned} \frac{G_{X_{n+1}}(t) - t_0}{G_{X_{n+1}}(t) - 1} &= \frac{g_{Y_1}(G_{X_n}(t)) - t_0}{g_{Y_1}(G_{X_n}(t)) - 1} \\ &= \frac{1}{\mu} \frac{G_{X_n}(t) - t_0}{G_{X_n}(t) - 1} \\ &= \frac{1}{\mu} \frac{1}{\mu^n} \frac{t - t_0}{t - 1} \\ &= \frac{1}{\mu^{n+1}} \frac{t - t_0}{t - 1}. \end{aligned}$$

Stellt man diese Gleichung nach $G_{X_n}(t)$ um, indem man mit $G_{X_n}(t) - 1$ auf beiden Seiten der Gleichung multipliziert, dann $G_{X_n}(t) \frac{1}{\mu^n} \frac{t-t_0}{t-1}$ auf beiden Seiten subtrahiert und zuletzt $\frac{\mu^n(t-1)+t_0-t}{\mu^n(t-1)}$ auf beiden Seiten dividiert, erlangt man die allgemeine Darstellung

$$G_{X_n}(t) = \frac{\mu^n(t-1)t_0 + t_0 - t}{\mu^n(t-1) + t_0 - t}.$$

Diese Gleichung gilt auch für $t = 1$, obwohl der Wert aus der Analyse ausgeschlossen wurde, denn $G_{X_n}(1) = 1$ nach Lemma 2.2.0.5 vi) und es gilt

$$\begin{aligned} G_{X_n}(1) &= \frac{\mu^n(1-1)t_0 + t_0 - 1}{\mu^n(1-1) + t_0 - 1} \\ &= \frac{t_0 - 1}{t_0 - 1} \\ &= 1. \end{aligned}$$

Durch Umformungen dieser Gleichung erhält man auch die in der Literatur angeführte Gleichung (vgl. S.7 Athreya&Ney)

$$G_{X_n}(t) = 1 - \frac{\mu^n - t_0\mu^n}{\mu^n - t_0} + \frac{\mu^n \left(\frac{1-t_0}{\mu^n-t_0} \right)^2 t}{1 - \left(\frac{\mu^n-1}{\mu^n-t_0} \right) t},$$

denn es gilt

$$\begin{aligned} \frac{\mu^n(t-1)t_0 + t_0 - t}{\mu^n(t-1) + t_0 - t} &= \frac{(t_0 - \mu^n)(\mu^n(t-1)t_0 + t_0 - t)}{(t_0 - \mu^n)(\mu^n(t-1) + t_0 - t)} \\ &= \frac{(t_0\mu^n - t_0)(\mu^n + t - t_0 - t\mu^n) + t\mu^n(1-t_0)^2}{(t_0 - \mu^n)(\mu^n(t-1) + t_0 - t)} \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{t_0\mu^n - t_0}{\mu^n - t_0} + \frac{t\mu^n(1-t_0)^2}{(\mu^n - t_0)(\mu^n(1-t) + t - t_0)} \\
&= 1 - \frac{\mu^n - t_0\mu^n}{\mu^n - t_0} + t\mu^n \left(\frac{1-t_0}{\mu^n - t_0} \right)^2 \frac{\mu^n - t_0}{(\mu^n(1-t) - t_0 + t)} \\
&= 1 - \frac{\mu^n - t_0\mu^n}{\mu^n - t_0} + \frac{\mu^n \left(\frac{1-t_0}{\mu^n - t_0} \right)^2 t}{1 - \left(\frac{\mu^n - 1}{\mu^n - t_0} \right) t}.
\end{aligned}$$

2.Fall: $\mu = 1$: Aufgrund der Definition von μ und den obigen Überlegungen gilt $b = (1-c)^2$ und $t_0 = 1$. Somit folgt wegen der erlangten Gleichung für g_{Y_1} und durch das Einsetzen von b , dass

$$\begin{aligned}
g_{Y_1}(t) &= \frac{tb}{1-tc} + \frac{1-c-b}{1-c} \\
&= \frac{t(1-c)^2}{1-tc} + \frac{1-c-(1-c)^2}{1-c} \\
&= \frac{t(1-c)^2}{1-tc} + \frac{c(1-c)}{1-c} \\
&= \frac{t(1-c)^2 + c(1-tc)}{1-tc} \\
&= \frac{c+t-2tc}{1-tc}.
\end{aligned}$$

Wende nun ebenfalls eine Induktion über n an, um die Gültigkeit der Gleichung $G_{X_n}(t) = \frac{nc-(nc+c-1)t}{1-c+nc-nct}$ zu beweisen.

Induktionsanfang: Sei $n = 1$, dann erlangt man aufgrund der Ergebnisse für g_{Y_1} und weil nach Lemma 2.2.0.5 i) $G_{X_1}(t) = g_{Y_1}(t)$ gilt, dass

$$g_{Y_1}(t) = \frac{c+t-2tc}{1-tc} = \frac{1c - (1c+c-1)t}{1-c+1c-1ct}$$

und somit für $n = 1$ die Behauptung.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n+1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und mithilfe der Iterationseigenschaft von $G_{X_n}(t)$ (vgl. Lemma 2.2.0.7) und der obigen Gleichung für g_{Y_1} erhält man

$$\begin{aligned}
G_{X_{n+1}}(t) &= g_{Y_1}(G_{X_n}(t)) \\
&= \frac{c + G_{X_n}(t) - 2G_{X_n}(t)c}{1 - G_{X_n}(t)c} \\
&= \frac{c + \frac{nc-(nc+c-1)t}{1-c+nc-nct} - 2\frac{nc-(nc+c-1)t}{1-c+nc-nct}c}{1 - \frac{nc-(nc+c-1)t}{1-c+nc-nct}c} \\
&= \frac{(n+1)c - (n+1)c^2 + (n+2)c^2t - (n+3)ct + t}{1-c+nc-nct} \\
&\quad \cdot \frac{1-c+nc-nct}{1+(n-1)c - (n+1)ct - nc^2 + (n+1)c^2t}
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{((n+1)c - (n+1)ct - ct + t)(1-c)}{(1-c + (n+1)c - (n+1)ct)(1-c)} \\
&= \frac{(n+1)c - ((n+1)c + c - 1)t}{1-c + (n+1)c - (n+1)ct}.
\end{aligned}$$

Somit wurde in beiden Fällen eine allgemeine Darstellung für $G_{X_n}(t)$ erlangt. Wie in der Einleitung angeführt hatte Lotka bezüglich der Aussterbewahrscheinlichkeit Untersuchungen durchgeführt. Dabei benutzte er die obige Verteilung als Modell zur Beschreibung und berechnete für die Variablen, die Werte $b = 0.2126$, $c = 0.5893$, $p_0 = 0.4825$ und damit eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w = 0.819$ (vgl. Harris 1964: 10). Anhand dieser Werte wird der betrachtete Prozess als superkritisch eingestuft, weil:

$$\begin{aligned}
\mu &= \frac{b}{(1-c)^2} \\
&= \frac{0.2126}{(1-0.5893)^2} \\
&\approx 1.2502 \\
&> 1.
\end{aligned}$$

Somit kann die allgemeine Darstellung für G_{X_n} für diesen speziellen Fall bestimmt werden, denn dann ist $t_0 = 0.819$ und somit $G_{X_n}(t) = \frac{1.2502^n(t-1)0.819+0.819-t}{1.2502^n(t-1)+0.819-t}$.

2.3.5 Ein weiterführendes Beispiel aus der Biologie

Das letzte Beispiel, welches näher betrachtet werden soll, zeigt die Anpassungsmöglichkeiten des Modells der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse auf. Dabei wird im Nachfolgenden der Prozess um einen Individuentyp erweitert, sodass die Erzeugung von Nachkommen nicht gleichverteilt erfolgt. Dieses Konzept wurde schon in der Einleitung bei der Betrachtung von Verzweigungsprozessen als Verzweigungsprozesse mit Multitypen angeführt. Die Analyse beruht auf den Untersuchungen von Kimmel und Axelrod (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 37-38 und 41-45). Um die Betrachtungen durchführen zu können und zu vereinfachen, müssen erst einige Anpassungen des grundlegenden Modells durchgeführt werden. Der in Kapitel 2.2 eingeführte Ansatz ist bekannt als die *Forward Equation*, eine weitere Betrachtungsmöglichkeit wird mithilfe der *Backward Equation* repräsentiert (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 38). Dabei wird der Grundgedanke verwendet, dass jedes Partikel ausgenommen die Individuen der Ausgangspopulation, auf einen Subprozess zurückgeführt werden kann. Diese Subprozesse werden von den Individuen der ersten Generation erzeugt. Durch die Betrachtung kann der gesamte Prozess als Vereinigung von Subprozessen aufgefasst werden. Das Zusammenfügen wird ausgedrückt, indem die Populationsgröße X_{n+1} der $(n+1)$ -ten Generation des Prozesses als die Summe der Individuen X_n der n -ten Generation aller Subprozesse aufgefasst wird.

Um den Ansatz zu formalisieren sei nun $X_{1,n+1}^{(j)}$ die Anzahl der Individuen zum Zeitpunkt $(n + 1)$ des initiierten Subprozesses des j -ten Individuums der ersten Generation. Dabei seien die $X_{1,n+1}^{(j)}$ mit $n \in \mathbb{N}$ und $j \leq m$ unabhängig und gleichverteilt, wobei m die Populationsgröße der ersten Generation ist. Somit gilt für X_{n+1} , dass

$$X_{n+1} = \begin{cases} \sum_{j=1}^{X_1} X_{1,n+1}^{(j)} & X_1 > 0 \\ 0 & \text{sonst} \end{cases}.$$

Aufgrund dessen, dass die Zufallsvariablen $X_{1,n+1}^{(j)}$ unabhängig und gleichverteilt sind, dass der Subprozess als eigener Prozess aufgefasst werden kann und dass somit die Variablen $X_{1,n+1}^{(j)}$ dieselbe Verteilung besitzen wie X_n , kann die obere Summe auch geschrieben werden als

$$X_{n+1} = \sum_{j=1}^{X_1} X_n^{(j)}.$$

Der Prozess wird damit als Folge von Zufallsvariablen $(X_n)_{n \in \mathbb{N}}$ definiert. In Folge der Darstellung als zufällige Summe erhält man, dass $G_{X_{n+1}}(t)$ als $(n + 1)$ -fache Verknüpfung von G_{X_1} dargestellt werden kann und damit die iterative Eigenschaft $G_{X_{n+1}}(t) = G_{X_1}(G_{X_n}(t)) = G_{X_n}(G_{X_1}(t))$ erfüllt ist (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 39).

Eine weitere Anpassung erfolgt bezüglich der betrachteten wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion. Es müssen zwei Zufallsvariablen mit unterschiedlichen Verteilungen miteinbezogen werden und somit wird die multivariate, wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion für zwei Zufallsvariablen X und Y als

$$\begin{aligned} G_{XY}(t) &= E[t_1^X t_2^Y] \\ &= \sum_{i=0, j=0}^{\infty} t_1^i t_2^j P(\{X = i\} \cap \{X = j\}) \end{aligned}$$

definiert. Dabei ist $t = (t_1, t_2)$ ein zweidimensionaler Vektor mit Werten in $[0,1] \times [0,1]$ (vgl. Zocher 2005: 7-8). Das betrachtete Beispiel umfasst die Analyse einer Zellpopulation mithilfe eines mathematischen Modells, welches als „Cell Cycle Model with Death and Quiescence“ bezeichnet wird (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 41-45). Dabei beinhaltet die Population zwei verschiedene Arten von Zellen, beginnend mit einer sich vermehrenden Zelle, die sich in zwei weitere sich vermehrende Zellen aufspaltet. Die beiden Zellen stellen die Ausgangspopulation dar. Die Varianten der Individuen sind die stagnierenden und die sich vermehrenden Zellen. Die sich vermehrenden Zellen sterben mit der Wahrscheinlichkeit p_0 , werden eine stagnierende Zelle mit der Wahrscheinlichkeit p_1 und teilen sich mit Wahrscheinlichkeit p_2 . Dabei gilt $p_0 + p_1 + p_2 = 1$. Des Weiteren erfolgt keine Veränderung bei den stagnierenden Zellen. Innerhalb von Zellpopulationen könnte es zu einer Anpassung der stagnierenden Zelle nach einem gewissen Zeitraum kommen.

Dies wird bei dem vorliegenden Modell vernachlässigt. Sei nun V_n die Anzahl der sich vermehrenden und S_n die Anzahl der stagnierenden Zellen. Dann werden die Zufallsvariablen $V_{1,n+1}^{(j)}$ und $S_{1,n+1}^{(j)}$ wie oben definiert. Somit ergeben sich nach der Backward Equation und der Berücksichtigung von stagnierenden Zellen der ersten Generation die Gleichungen:

$$V_{n+1} = \sum_{j=1}^{V_1} V_n^{(j)}, \quad S_{n+1} = \sum_{j=1}^{V_1} S_n^{(j)} + S_1.$$

Dabei werden die randomisierten Summen jeweils mit V_1 definiert, denn nur in den Subprozessen der sich vermehrenden Zellen tritt eine Veränderung auf. Sei nun die multivariate erzeugende Funktion $G_{V_n S_n}$ wie oben definiert, dann kann sie mithilfe einer Rekursionsgleichung ermittelt werden. Die Gleichung wird mithilfe einer Bedingung der Zufallsvariablen (V_{n+1}, S_{n+1}) bezüglich der möglichen Werte von (V_1, S_1) bestimmt. Die verschiedenen Fälle und die damit in Verbindung stehenden Wahrscheinlichkeiten der Werte (V_1, S_1) , Werte der (V_{n+1}, S_{n+1}) und erzeugenden Funktionen sind in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

(V_1, S_1)	Wahrscheinlichkeit	(V_{n+1}, S_{n+1})	$G_{V_{n+1} S_{n+1}}((v, s))$
(0,0)	p_0^2	(0,0)	1
(0,1)	$2p_0 p_1$	(0,1)	s
(0,2)	p_1^2	(0,2)	s^2
(1,0)	$2p_2 p_0$	$(V_{1,n+1}^{(1)}, S_{1,n+1}^{(1)})$	$G_{V_{n+1} S_{n+1}}((v, s))$
(1,1)	$2p_2 p_1$	$(V_{1,n+1}^{(1)}, S_{1,n+1}^{(1)} + 1)$	$s G_{V_{n+1} S_{n+1}}((v, s))$
(2,0)	p_2^2	$(V_{1,n+1}^{(1)} + V_{1,n+1}^{(2)}, S_{1,n+1}^{(1)} + S_{1,n+1}^{(2)})$	$G_{V_{n+1} S_{n+1}}((v, s))^2$

Tabelle 1: Die möglichen Populationszusammensetzungen der ersten Generation, die zugehörigen Wahrscheinlichkeiten und die dadurch resultierenden erzeugenden Funktionen für die Herleitung der Rekursionseigenschaft (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 42).

Multipliziert man die Wahrscheinlichkeiten der verschiedenen Ereignisse mit den zugehörigen Wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen, kann man die Rekursionseigenschaft der erzeugenden Funktion ermitteln. Somit gilt für $t = (v, s)$ und mithilfe der ersten binomischen Formel:

$$\begin{aligned} G_{V_{n+1} S_{n+1}}((v, s)) &= p_0^2 + 2p_0 p_1 s + p_1^2 s^2 + 2p_2 p_0 G_{V_n S_n}((v, s)) \\ &\quad + 2p_1 p_2 s G_{V_n S_n}((v, s)) + p_2^2 G_{V_n S_n}((v, s))^2 \\ &= (p_0 + p_1 s)^2 + 2p_2 p_0 G_{V_n S_n}((v, s)) + 2p_1 p_2 s G_{V_n S_n}((v, s)) + p_2^2 G_{V_n S_n}((v, s))^2 \\ &= (p_0 + p_1 s + p_2 G_{V_n S_n}((v, s)))^2. \end{aligned}$$

Schränkt man sich nun auf die Betrachtung der sich vermehrenden Zellen ein, erhält man wiederum einen Bienaymé-Galton-Watson Prozess.

Zelltyp	NIH	NIH(ras)
<i>Kennwerte</i>		
Zeitspanne (h)	96	96
Anzahl der Populationen	52	45
<i>Populationsgrößen</i>		
Minimum	10	8
Maximum	116	214
Median	33	70

Tabelle 2: Kennwerte der Zellpopulationen von NIH- und NIH(ras)-Zellen (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 43).

Dies kann man auch anhand der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion erkennen, indem man $s = 1$ setzt und somit die marginale wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion $G_{V_{n+1}}(v) = (p_0 + p_1 + p_2 G_{V_n}(v))^2$ für die Randverteilung von V_n erhält (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 42). Sie ergibt sich aus der Iteration der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion $G_{V_1}(v) = (p_0 + p_1 + p_2 v)^2$. Führe den Beweis mithilfe einer Induktion und der angeführten Iterationseigenschaft.

Induktionsanfang: Sei $n = 2$, dann gilt

$$\begin{aligned} G_{V_2}(v) &= G_{V_1}(G_{V_1}(v)) \\ &= (p_0 + p_1 + p_2 G_{V_1}(v))^2. \end{aligned}$$

Somit gilt die Behauptung für $n = 2$.

Induktionsschritt: $n \rightarrow n + 1$: Unter der Annahme, dass die Behauptung für n gilt und mithilfe der Iterationseigenschaft von $G_{V_{n+1}}(v)$ folgt

$$\begin{aligned} G_{V_{n+1}}(v) &= G_{V_1}(G_{V_n}(v)) \\ &= (p_0 + p_1 + p_2 G_{V_n}(v))^2. \end{aligned}$$

Die Anwendung des Modells erfolgte bei der Untersuchung von zwei verschiedenen Fibroblasten von Mäusen. Die erste Variation war unverändert und wurde als NIH-Zellen bezeichnet und die zweite Variante wurde als NIH(ras)-Zellen benannt, da in die NIH-Zellen das ras-Onkogen transferiert wurde. Dieses Onkogen wurde findet man in manchen bösartigen Tumoren vor und ist daher ein sinnvoller Marker. Der Sinn des Experimentes bestand darin, das unterschiedliche Wachstum der Zellpopulationen festzustellen. Dafür sollten nicht die Aussterbewahrscheinlichkeiten, sondern die zu den empirisch gewonnenen Werten passenden Wahrscheinlichkeiten p_0 , p_1 und p_2 bestimmt werden. Die zugrunde liegenden empirischen Daten erlangten Axelrod und Kimmel bei einer Vielzahl an Versuchen, welche unter den gleichen Bedingungen und über die gleiche Zeitspanne hinweg durchgeführt wurden. Diese Daten umfassen die endgültigen Populationsgrößen nach acht Teilungen und sind in der nachfolgenden Tabelle aufgeführt.

Unter Berücksichtigung der hohen Anzahl an unterschiedlichen Populationsgrößen wird nun die Verwendung des oben angeführten stochastischen Modells begründet. Da Axelrod & Kimmel nicht bei ihren Beobachtungen nicht zwischen den sich vermehrenden und den stagnierenden Zellen unterscheiden konnten, betrachteten sie die Verteilung $V_n + S_n$ (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 43). Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion dieser Zufallsvariable kann ebenfalls auf die erzeugende Funktion $G_{V_n S_n}$ zurückgeführt werden. Nutzt man diese Gleichheit und die erhaltene Rekursionsgleichung für $G_{V_n S_n}$, kann man die Verteilung der Populationsgrößen in Abhängigkeit von p_0, p_1 und p_2 bestimmen (vgl. Kimmel & Axelrod 2015: 44). Dabei wurde bezüglich dem Ereignis bedingt, dass die Populationsgröße nicht kleiner als zehn sein durfte. Das wurde darin begründet, dass Populationen mit einem engültigen Populationsumfang geringer als zehn nicht in dem Experiment berücksichtigt werden konnten. Insgesamt wurden acht Teilungen und somit acht Generationen der Population untersucht. Durch die Betrachtung mithilfe des Konzeptes erlangten sie die folgenden Werte für die Wahrscheinlichkeiten der beiden betrachteten Zellpopulationen:

NIH(ras)-Zellen: Durch die Modifikation der Zellen mit den Onkogen war eine Stagnation der Zelle nicht mehr wahrscheinlich. Damit wurde $p_1 = 0$ angenommen und $p_0 = 0.15$ und somit $p_2 = 0.85$ gesetzt, sodass die in den Simulationen erlangten Werte von den empirischen Werten so wenig wie möglich abweichen.

NIH-Zellen: Die Wahrscheinlichkeit des Todes $p_0 = 0.15$ wurde übernommen für die NIH-Zellen und die Werte $p_1 = 0.1$ und somit $p_2 = 0.75$ wurden für die geringst mögliche Abweichung bestimmt. Das Fazit von Axelrod und Kimmel war, dass der angepasste Bienaymé-Galton-Watson Prozess die Variabilität der Zellpopulationen akkurat reproduzierte.

3 Simulationen

Es werden nachfolgend mehrere verschiedene Beispiele betrachtet, um die Möglichkeit der Simulation von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen darzustellen und die erlangten Ergebnisse an den Simulationen beispielhaft zu prüfen. Der den Simulationen zugrunde liegende Quellcode wurde in der Programmiersprache Python geschrieben und befindet sich für die Entstehungsfragestellung im Anhang. Es wird die Python-Version 3.5 verwendet.

Die Veranschaulichung der Prozesse erfolgt auf drei verschiedene Arten. Der Prozess wird als Polygonzug dargestellt, sodass die Populationsgrößen zu den einzelnen Generationen betrachtet werden können. Dabei wird bei einer größeren Anzahl an Simulationen die durchschnittliche Populationsgröße zu den einzelnen Zeitpunkten mithilfe von einer schwarzen Kurve angegeben. Der Durchschnitt kann dann mit der zu erwartenden Größe verglichen werden. Die zweite Art der Repräsentation umfasst ein Histogramm, das die Häufigkeiten der Populationsgrößen visualisiert. Innerhalb des Histogramms wird die durchschnittliche Anzahl des Auftretens ebenfalls mithilfe einer schwarzen Kurve dargestellt. Des Weiteren umfassen die beiden Graphen die wichtigsten Kenndaten der zugrunde liegenden Populationen. Hierbei werden die Aussterbewahrscheinlichkeit, der Erwartungswert bezüglich der Anzahl der Nachkommen eines Individuums und die durchschnittliche Populationsgröße von allen Populationen angegeben. Der erste Graph dient der Betrachtung der grundsätzlichen Fragestellung und der beispielhaften Untersuchung von den einzelnen Verläufen. Der zweite Graph wird für die Analyse der Fragestellung von Galton verwendet. Sie umfasst die Überlegung, wie häufig die Populationsgröße m innerhalb eines Prozesses auftritt. Auf Grundlage der vorhergehenden, mathematischen Überlegungen und einer Betrachtung innerhalb des Beweises der Extinktions-Explosions-Dichotomie gilt, dass diese Anzahl endlich ist.

Die Repräsentation eines Prozesses erfolgt mit zwei weiteren graphischen Darstellungen, falls genau eine Simulation durchgeführt wird. Die erste Repräsentation ist die Veranschaulichung des Prozesses innerhalb einer Baumstruktur. Dabei werden die Generationen hierarchisch dargestellt, wobei die Kanten eine Erzeuger-Nachfahre-Beziehung repräsentieren. Darüber hinaus können die Kanten und Knoten des Graphen erweitert, gelöscht oder modifiziert werden, um verschiedenen Zwecken zu entsprechen. Eine weitere Illustration erfolgt mithilfe eines sich schrittweise entwickelnden Graphen. Diese Darstellungen werden nicht in der vorliegenden Arbeit bildlich angeführt, denn sie besitzen gegenüber den anderen Repräsentationen keine weiterführende mathematische Relevanz. Die Veranschaulichungen können jedoch bei Schwierigkeiten bezüglich der Vorstellung verwendet werden, denn sie können nützlich sein, um die Abstraktheit des Konzeptes zu reduzieren. Die einzelnen Entwicklungsstufen werden nach der Ausführung als Bilddatei in dem Ordner des Programmes abgelegt und können damit vom Nutzer verwendet werden. Außerdem werden der Graph des Polygonzuges und das Histogramm als Bilddatei in dem jeweiligen Verzeichnis abgespeichert. Die angesprochenen Graphen der Polygonzüge und die Histogramme werden für alle nachfolgenden Simulationen genutzt.

Die Unterschiede des Quellcodes bezüglich der Entstehungsfragestellung, der geometrischen Reproduktionsverteilung und dem Beispiel aus der Biologie liegen in der Berechnungsvorschrift und den Beschriftungen innerhalb der Diagramme. Die Verschiedenheiten werden bei den Beispielen angeführt. Die Simulationen beruhen auf einem Algorithmus aus dem Buch „Stochastik für Informatiker“ von Noemi Kurt (vgl. S. 198 Kurt 2020).

Algorithmus Bienaymé-Galton-Watson Prozess: Sei der Bienaymé-Galton-Watson Prozess $(X_n^{(m)})_{n \in \mathbb{N}_0}$, die Folge von Zufallsvariablen $(Y_k)_{k \in \mathbb{N}}$ und die Reproduktionsverteilung $p_l := P(\{Y_1 = l\})$ mit $k \in \mathbb{N}_0$ wie in Definition 2.2.0.1 vorgegeben. Die Schrittfolge werde mit i bezeichnet, wobei $i \in \mathbb{N}_0$ gilt.

1. $i = 0$: Wähle m aus \mathbb{N} und somit setze $X_0^m = m$.
2. $i \rightarrow i + 1$: Erzeuge $X_i^{(m)}$ unabhängige Zufallsvariablen mit der Reproduktionsverteilung $(p_k)_{k \in \mathbb{N}}$ und setze X_{i+1}^m als die Summe der erzeugten Zufallsvariablen.
3. Wiederhole 2. bis zum ersten Mal $X_i^m = 0$ eintritt, oder bis eine vorher festgelegte maximale Anzahl an Schritten erreicht wurde.

3.1 Entstehungsfragestellung von Galton

Es werden nachfolgend drei Betrachtungen angeführt, die beispielhaft die Entwicklung der Prozesse in den verschiedenen Kritikalitätsfällen darstellen. Die Untersuchungen umfassen bei dem Polygonzug 50 Simulationen mit jeweils 50 Generationen, bei dem Histogramm zehn Simulationen im superkritischen und kritischen Fall sowie 25 Simulationen im subkritischen Fall mit jeweils 25 Generationen. Die Ausgangspopulationsgröße wird wie von Galton angesprochen auf zehn gesetzt. Die Berechnungen der Kenndaten erfolgt bei der Entstehungsfragestellung analog zu dem im Hauptteil vorgestellten Vorgehen.

Der subkritische Fall: Die Reproduktionsverteilung ist gegeben als $p_0 = 0.65$, $p_1 = 0.15$, $p_2 = 0.1$, $p_3 = 0.07$, $p_4 = 0.02$ und $p_5 = 0.01$. Somit ergibt sich $E[Y_1] = 0.69$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = 1$.

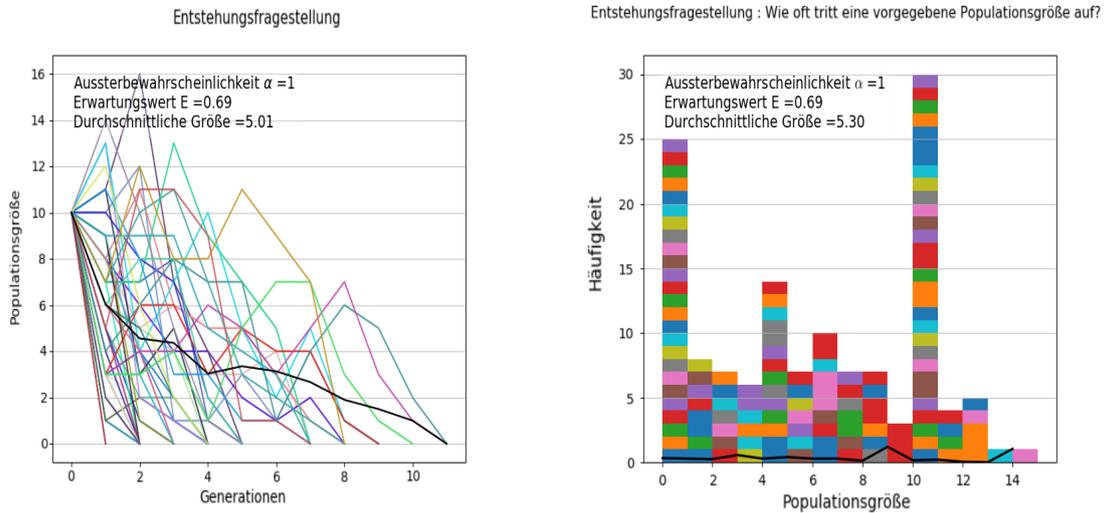


Abbildung 3: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im subkritischen Fall.

Der kritische Fall: Die Reproduktionsverteilung stellt sich wie folgt dar $p_0 = 0.5$, $p_1 = 0.25$, $p_2 = 0.1$, $p_3 = 0.07$, $p_4 = 0.05$ und $p_5 = 0.025$. Damit erhält man $E[Y_1] = 1$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = 1$.

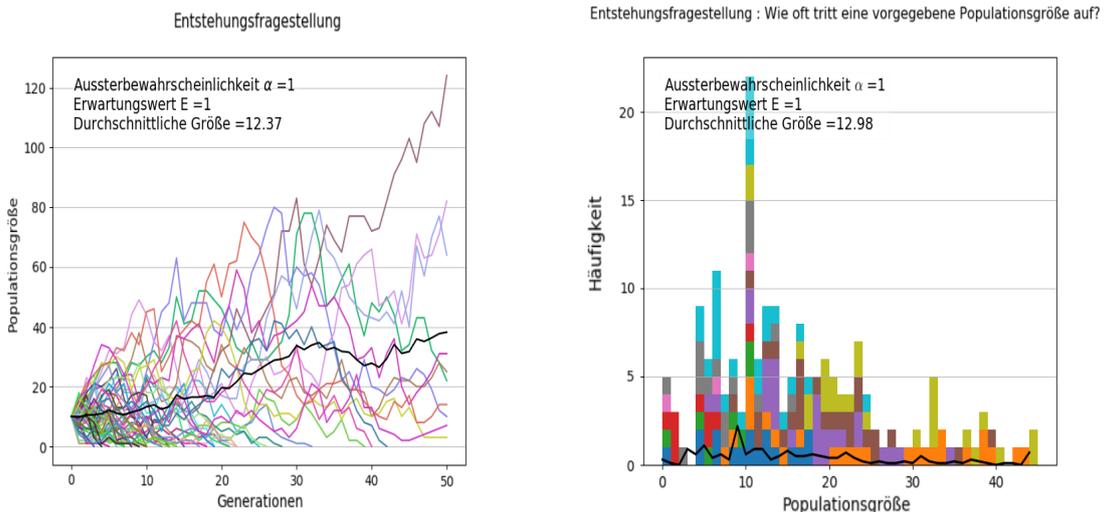


Abbildung 4: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im kritischen Fall.

Der *superkritische Fall*: Die Reproduktionsverteilung wird mithilfe der Werte $p_0 = 0.5$, $p_1 = 0.2$, $p_2 = 0.15$, $p_3 = 0.075$, $p_4 = 0.05$ und $p_5 = 0.025$ festgelegt. Dadurch erlangt man $E[Y_1] = 1.05$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = 0.9442$.

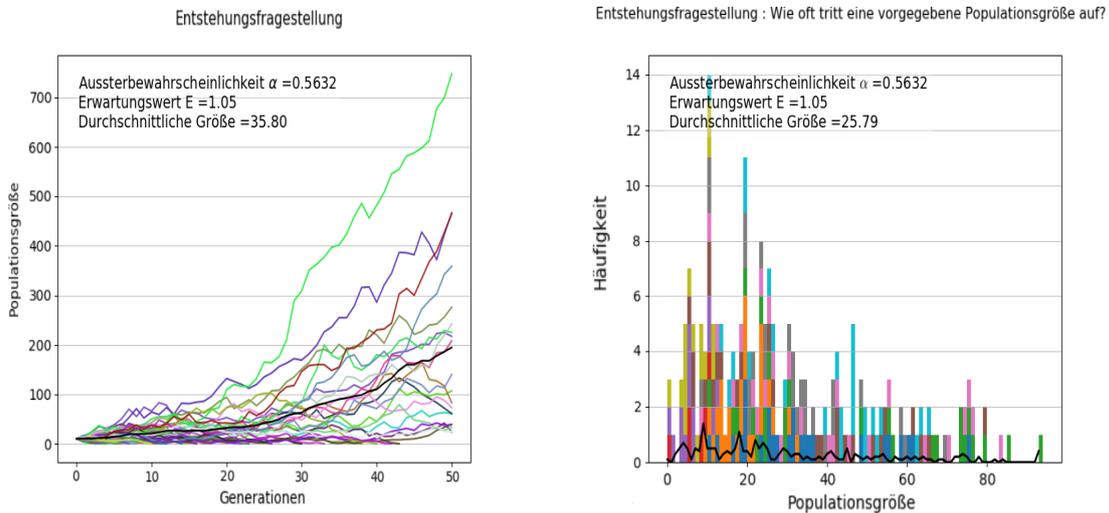


Abbildung 5: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im superkritischen Fall.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Subkritisch	5.01	11	16
Kritisch	12.37	50	125
Differenz	7.36	-	109

Tabelle 3: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit subkritischen und kritischen Prozessen.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Subkritisch	5.01	11	16
Superkritisch	35.8	50	750
Differenz	40.79	-	734

Tabelle 4: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit subkritischen und superkritischen Prozessen.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Kritisch	12.37	50	125
Superkritisch	35.8	50	750
Differenz	23.43	-	625

Tabelle 5: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit kritischen und superkritischen Prozessen.

Die in den Tabellen aufgeführten Werte sind den Abbildungen 3 bis 5 entnommen. Dabei werden die Differenzen von der Anzahl der Generationen nicht berücksichtigt, denn dadurch kann keine relevante Aussage gewonnen werden. Die ermittelten Werte zeigen vehemente Unterschiede bezüglich dem Wachstumsverhalten und der Populationsgröße innerhalb der einzelnen Kritikalitätsfälle und bilden somit die erlangten Ergebnisse des Hauptteils ab. Der superkritische Fall umfasst ebenfalls Prozesse, die vor der fünfzigsten Generation eine Populationsgröße von null besitzen. Dies bestätigt, dass die Aussterbewahrscheinlichkeit nicht null sein kann. Außerdem lässt sich ein Trend bezüglich des Wachstumsverhaltens anhand der schwarzen Kurve erkennen. Innerhalb des subkritischen Falls ist die Funktion monoton fallend, wohingegen in dem kritischen und superkritischen Fall die Funktion monoton steigend ist. Hierbei werden die kleineren Schwankungen der schwarzen Kurve werden außer Acht gelassen, um ein allgemeines Verhalten zu erkennen. Dabei ist die stärkere Schwankung der schwarzen Kurve bei dem kritischen Fall in Gegensatz zu der Kurve bei dem superkritischen Fall anzumerken.

Alle Histogramme (vgl. Abb. 3-5) weisen eine gleichmäßige Verteilung der Populationsgrößen auf, wobei die höchste Häufigkeit jeweils die Ausgangspopulationsgröße besitzt. Die schwarze Kurve ist bei jeder Populationsgröße in jedem Fall nahe der Null. Dies bekräftigt die Ergebnisse der endlichen Anzahl der Häufigkeiten innerhalb des Satzes der Extinktions-Explosions-Dichotomie (vgl. Beweis Satz 2.2.0.16). Die Histogramme weisen eine geringere Populationsgröße als die Polygonzüge des jeweiligen Falles auf. Der Unterschied entsteht wegen der geringeren Anzahl an Generationen, die dargestellt werden. Die durchschnittlich aufgeführten Populationsgrößen in den Polygonzügen stimmen dabei in dem jeweiligen Fall mit den zugehörigen Histogrammen überein. Des Weiteren befinden sich die Differenzen der maximalen Populationsgrößen in derselben Größenordnung wie bei den Polygonzügen. Die Differenzen liegen bei ungefähr: subkritisch-kritisch: 30, subkritisch-superkritisch: 80 und kritisch-superkritisch: 50.

Die Simulation der benötigten Zufallsvariablen erfolgt mithilfe der Inversionsmethode und der Verteilungsfunktion der Zufallsvariablen. Die Inversionsmethode wird verwendet, weil in Python nur typische Verteilungen wie beispielsweise die Gleichverteilung simuliert werden können. Die Methode wird in der Funktion *berechnungUndKonstruktion*, in den Zeilen 120-129 angewandt (siehe Anhang).

Dabei wird die gleichverteilte Zufallsvariable *whk* in Zeile 120 simuliert und die Umkehrfunktion der Verteilungsfunktion der Zufallsvariable Y_1 in den Zeilen 126-129 für die Verwendung der Inversionsmethode benutzt (vgl. Müller-Gronbach, Novak & Ritter 2012: 76). Die Verteilungsfunktion für Y_1 ist hierbei definiert als $F(t) := \sum_{l=0}^{\min(5, \lfloor t \rfloor)} P(\{Y_1 = l\})$ (vgl. Henze 2019: 127). Die Definition ist möglich, infolge der Definition der Verteilung von Y_1 , wobei $P(\bigcup_{l=1}^5 \{Y_1 = l\}) = 1$ und $\{0, \dots, 5\}$ abzählbar ist.

3.2 Geometrische Reproduktionsverteilung

Um die Übertragung des Konzeptes bezüglich jeder Verteilung zu verdeutlichen, werden die durchgeführten Betrachtungen der Entstehungsfragestellung bei der geometrischen Reproduktionsverteilung wiederholt. Die Untersuchungen erfolgen unter denselben Voraussetzungen wie bei der Entstehungsfragestellung für den kritischen und subkritischen Fall. Im superkritischen Fall wird bei dem Polygonzug die Anzahl an Simulationen auf 30 und die Anzahl der Generationen auf 15 reduziert. Ferner wird bei dem superkritischen Fall die Visualisierung mithilfe eines Histogramms nicht realisiert. Dies begründet sich in der Vielzahl an Populationsgrößen und der daraus resultierenden undeutlichen Darstellung mittels eines Histogramms. Die Berechnungen der Kenndaten der geometrischen Reproduktionsverteilung werden analog zu dem im Hauptteil vorgestellten Vorgehen ausgeführt.

Der subkritische Fall: Die Reproduktionsverteilung ist gegeben mit $\mu = \frac{2}{3}$ als $p_l = \frac{3}{5} \left(\frac{2}{5}\right)^l$. Somit ergibt sich $E[Y_1] = \frac{2}{3}$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = 1$.

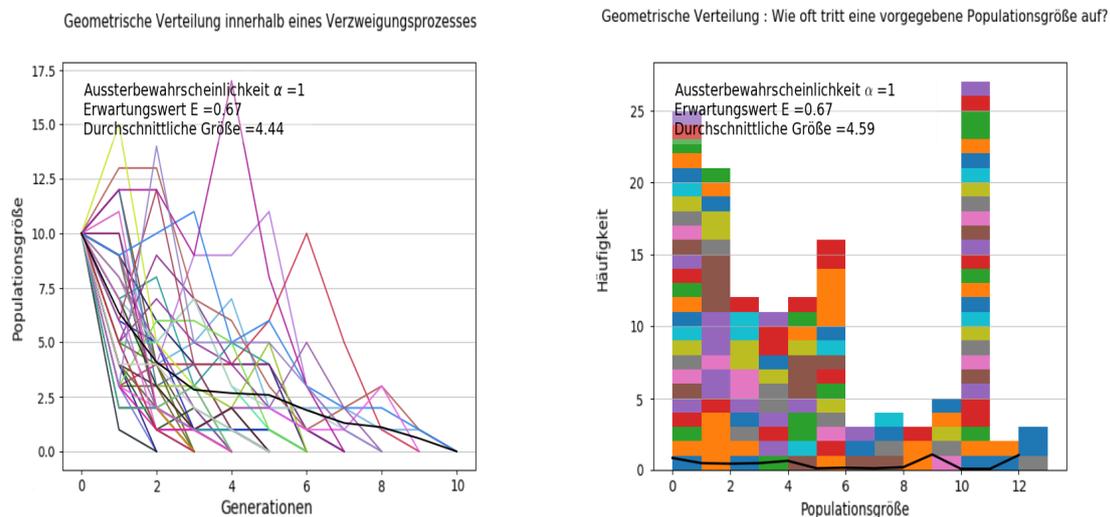


Abbildung 6: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im subkritischen Fall.

Der kritische Fall: Die Reproduktionsverteilung stellt sich mit $\mu = 1$ als $p_l = \left(\frac{1}{2}\right)^{l+1}$ dar. Damit erhält man $E[Y_1] = 1$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = 1$.

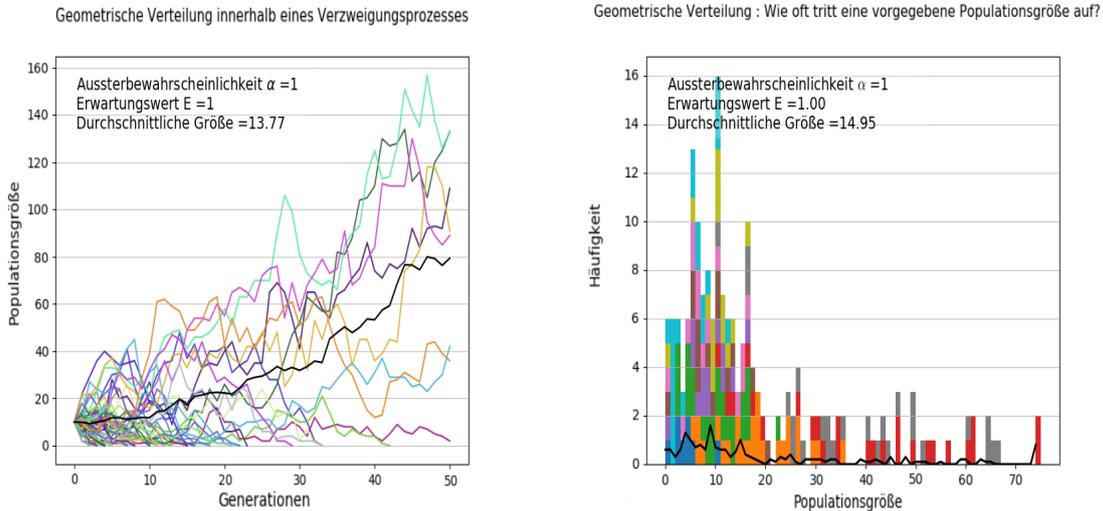


Abbildung 7: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im kritischen Fall.

Der superkritische Fall: Die Reproduktionsverteilung wird mithilfe der Werte $p_l = \frac{2}{5} \left(\frac{3}{5}\right)^l$ und $\mu = \frac{3}{2}$ festgelegt. Dadurch erlangt man $E[Y_1] = \frac{3}{2}$ und die Aussterbewahrscheinlichkeit $w = \frac{2}{3}$.

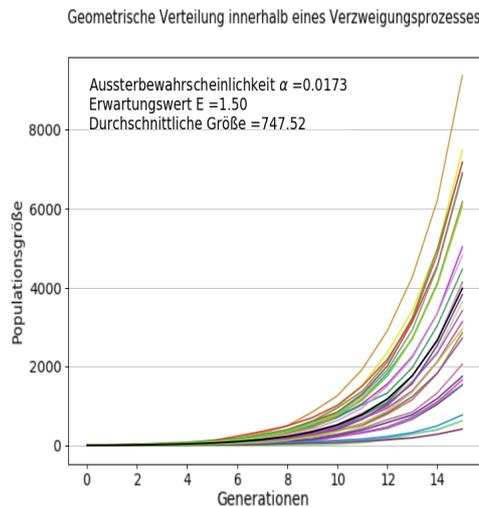


Abbildung 8: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im superkritischen Fall.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Subkritisch	4.44	10	17
Kritisch	13.77	50	155
Differenz	9.33	-	138

Tabelle 6: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit subkritischen und kritischen Prozessen.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Subkritisch	4.44	10	17
Superkritisch	747.52	15	9500
Differenz	743.08	-	9483

Tabelle 7: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit subkritischen und superkritischen Prozessen.

	Durchschnittliche Größe	Maximale Anzahl an Generationen	Maximale Populationsgröße
Kritisch	13.77	50	155
Superkritisch	747.52	15	9500
Differenz	724.09	-	9345

Tabelle 8: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Kennwerten der Simulationen mit kritischen und superkritischen Prozessen.

Die erlangten Differenzen und Diagramme weisen auf dieselben Gegebenheiten hin, die bei der Entstehungsfragestellung beobachtet werden konnten. Die geometrische Reproduktionsverteilung zeigt im superkritischen Fall ein schnelleres Wachstum der Populationen im Gegensatz zur Entstehungsfragestellung. Das bedeutend schnellere Wachstum ist auf die geometrische Verteilung zurückzuführen, denn ein Individuum kann innerhalb einer Generation bedeutend mehr als fünf Nachfahren erzeugen. Überdies weisen die schwarzen Kurven der Graphen der Polygonzüge in den jeweiligen Fällen dasselbe Monotonieverhalten auf, das bei der Entstehungsfragestellung beobachtet werden konnte. Die schwarzen Kurven der Histogramme visualisieren diese Erkenntnisse bezüglich der Extinktions-Explosions-Dichotomie, weil sie wie bei der Entstehungsfragestellung bezüglich jeder Größe, Funktionswerte nahe der Null annehmen. Die maximalen Populationsgrößen sind innerhalb der Histogramme kleiner als diejenigen in den Graphen der zugehörigen Polygonzüge. Dies ist auf die geringere Anzahl an Generationen bei den aufgeführten Simulationen der Histogramme zurückzuführen. Die durchschnittlichen Populationsgrößen stimmen bei den Abbildungen weitestgehend überein. Darüber hinaus bekräftigen die empirischen Ergebnisse die Resultate des Hauptteils, dass die Erkenntnisse bezüglich jedweder Reproduktionsverteilung gelten.

Der im Anhang angefügte Quellcode kann für die Simulation des Bienaymé-Galton-Watson Prozesses der geometrischen Reproduktionsverteilung angepasst werden. Die Funktion *simulationen* wird modifiziert, indem die Berechnungen der Aussterbewahrscheinlichkeit und des Erwartungswertes in den Zeilen 15-27 durch die Gleichungen $E[Y_1] = \mu$ und $w = \min(\frac{1}{\mu}, 1)$ ersetzt werden. Dafür muss der Funktion der Parameter μ übergeben werden, der in der Funktion *parameterEingabe* ebenfalls als Input, anstatt der *whkV* in den Zeilen 433-440, aufgeführt werden muss. Zudem muss bei der Funktion *berechnungUndKonstruktion* die Simulation der Zufallsvariablen in Zeile 126-129 durch die Berechnungsvorschrift $\lfloor \frac{\ln(U)}{\ln(1-p)} \rfloor$ ersetzt werden. Die Simulation der Zufallsvariable Y_1 erfolgt ebenfalls mithilfe der Inversionsmethode und der Verteilungsfunktion. Um den Berechnungsaufwand zu reduzieren, wird dabei ein Zusammenhang zwischen der Exponentialverteilung und der geometrischen Verteilung ausgenutzt. Die Vernetzung stellt sich dar, indem die Anwendung der oberen Gaußklammer auf eine exponentialverteilte Zufallsvariable eine geometrisch verteilte Zufallsvariable liefert (vgl. Müller-Gronbach, Novak & Ritter 2012: 77). Somit kann diese zum Parameter p mithilfe der Berechnung $\lfloor \frac{\ln(U)}{\ln(1-p)} \rfloor$ simuliert werden (vgl. Müller-Gronbach, Novak & Ritter 2012: 78). Diese Berechnungsvorschrift wird ausgehend von der Simulation einer gleichverteilten Zufallsvariable angewandt, um die Simulation einer geometrisch verteilten Zufallsvariable durchführen zu können. Außerdem sollten die bezeichnenden Parameter in den Funktionen *grafikFuerPopulationswachstum*, *histogrammFuerPopulationswachstum*, *erzeugenEinesGraphenBilder*, *erzeugenEinesWandelndenGraphen*, *schleife* und *erstellenDesInteraktivenGraphen* in den Zeilen 171, 203, 221, 256, 286, 288, 309, 383 und 417 für eine angemessene Beschriftung in den und für die grafischen Darstellungen angepasst werden.

3.3 Die Analyse von Fibroblasten von Mäusen

Kimmel und Axelrod haben Variationen von Fibroblasten von Mäusen betrachtet. Dabei wurde die Möglichkeit der Simulation der Populationen mithilfe eines Bienaymé-Galton-Watson Prozesses angebracht, wenn die stagnierenden Zellen nicht berücksichtigt werden. Nachfolgend werden die zugehörigen Prozesse näher untersucht und das Populationswachstum anhand der Wahl der jeweiligen Wahrscheinlichkeiten analysiert. Die Berechnung der angepassten Wahrscheinlichkeiten für den Bienaymé-Galton-Watson Prozess beruht auf den erlangten Ergebnissen des Hauptteils. Dabei wird anstatt der Backward Equation die Forward Equation verwendet. Dafür wird die Verteilung einer sich vermehrenden Zelle für die Verteilung der Y_k und die Ausgangspopulationsgröße $m = 2$ verwendet. Mithilfe dieser Festlegungen gilt dann nach Definition des Bienaymé-Galton-Watson Prozesses in Definition 2.2.0.1, der Definition der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen in Bemerkung 2.2.0.4 und der Multiplikationseigenschaft von wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen bezüglich unabhängigen Zufallsvariablen (vgl. Satz 2.1.2.6):

$$G_{X_1^2}(t) = G_{\sum_{k=1}^2 Y_k}(t) = G_{Y_1+Y_2}(t) = G_{Y_1}(t)^2.$$

Wendet man nun die Iterationseigenschaft an, erhält man die Gleichheit der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen der betrachteten Zufallsvariablen X_n der Forward und der Backward Equation. Somit erhält man mithilfe des Eindeutigkeitsatzes (vgl. Satz 2.1.2.4) die Gleichheit der Zufallsvariablen und dadurch die Gleichheit der betrachteten Bienaymé-Galton-Watson Prozesse. Es wurden acht Teilungen und somit acht Generationen bei den empirisch gesammelten Daten beobachtet. Bei den NIH(ras)-Zellen wurden 45 Simulationen und bei den NIH-Zellen wurden 52 Simulationen durchgeführt. Die theoretischen Grundlagen stimmen mit denen der Entstehungsfragestellung überein, da eine endliche Anzahl an Wahrscheinlichkeiten untersucht wird. Die verwendeten empirischen Daten, die für die nachfolgenden Vergleiche der erlangten Daten benutzt werden, stammen von den Analysen von Kimmel und Axelrod und werden im Kapitel 2 bei dem Beispiel 5 in der Tabelle 2 aufgeführt.

NIH(ras)-Zellen:

Aufgrund der Eigenschaften der NIH(ras)-Zellen wurde die Wahrscheinlichkeit des Stagnierens einer Zelle auf Null gesetzt (vgl. 2.3.5). Zudem wurde die Wahrscheinlichkeit des Sterbens einer Zelle entsprechend der empirischen Daten modifiziert. Die nachfolgenden Konstellationen der Reproduktionsverteilung wurden beispielhaft betrachtet.

Konstellation 1: Die Reproduktionsverteilung ist gegeben als $p_0 = 0.15, p_1 = 0, p_2 = 0.85$. Somit ergibt sich $E[Y_1] = 1.7$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w_2 = 0.0312$.

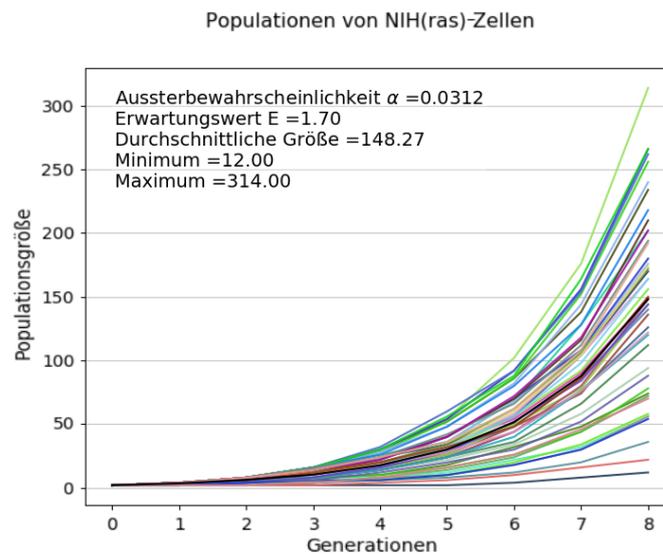


Abbildung 9: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die erste Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 1	12	314	148.27
Empirische Daten	8	214	70
Differenz	4	100	78.27

Tabelle 9: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH(ras)-Zellen der ersten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Konstellation 2: Die Reproduktionsverteilung stellt sich wie folgt dar: $p_0 = 0.25$, $p_1 = 0$ und $p_2 = 0.75$. Damit erhält man $E[Y_1] = 1.5$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w = 0.1111$.

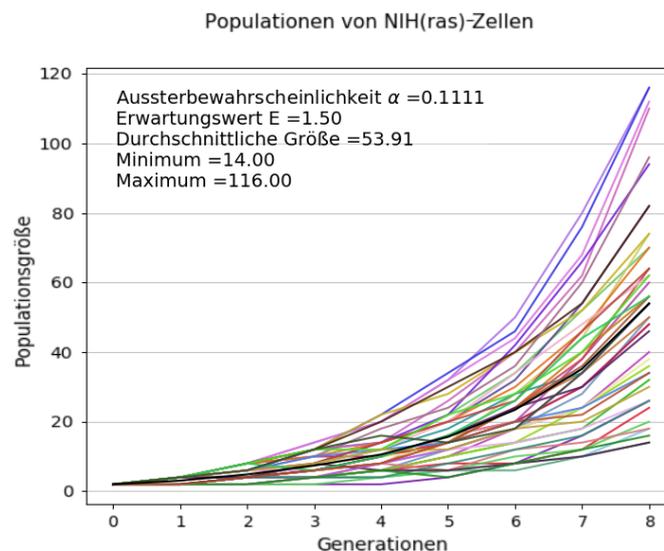


Abbildung 10: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die zweite Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 2	14	116	53.91
Empirische Daten	8	214	70
Differenz	6	98	16.09

Tabelle 10: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH(ras)-Zellen der zweiten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Konstellation 3: Die Reproduktionsverteilung wird mithilfe der Werte $p_0 = 0.2$, $p_1 = 0$ und $p_2 = 0.8$ festgelegt. Dadurch erlangt man $E[Y_1] = 1.6$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w = 0.0625$.

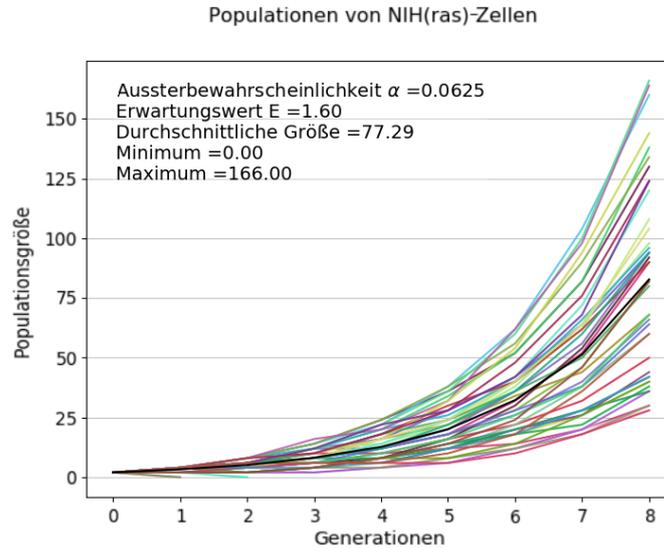


Abbildung 11: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die dritte Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 3	0	166	77.29
Empirische Daten	8	214	70
Differenz	8	48	7.29

Tabelle 11: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH(ras)-Zellen der dritten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Die erlangten Daten der NIH(ras)-Zellpopulationen weisen darauf hin, dass die Konstellation der Wahrscheinlichkeiten von Kimmel und Axelrod bezüglich der maximalen Populationsgröße die beste Annäherung darstellt. Die Erhöhung der Aussterbewahrscheinlichkeit führt zu einer Verringerung der Differenz der minimalen und durchschnittlichen Größen. Die bedeutend geringere Differenz führt zu der besseren Approximation und wird somit gegenüber den anderen beiden Simulationen vorwiegend betrachtet. Die dritte Wahl der Wahrscheinlichkeiten ist damit den beiden anderen vorzuziehen.

NIH-Zellen:

Die Wahrscheinlichkeit des Sterbens einer Zelle wurde bei den Konstellationen 2 und 3 von den NIH(ras)-Zellen als $p_0 = 0.2$ übernommen, nur die Wahrscheinlichkeit des Stagnierens wurde modifiziert. Die Modifikation erfolgte aus demselben Grund wie bei den NIH(ras)-Zellen. Es wurden drei verschiedene Konstellationen der Reproduktionsverteilung beispielhaft betrachtet.

Konstellation 1: Die Reproduktionsverteilung ist gegeben als $p_0 = 0.15$, $p_1 = 0.1$ und $p_2 = 0.75$. Somit ergibt sich $E[Y_1] = 1.6$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w_2 = 0.04$.

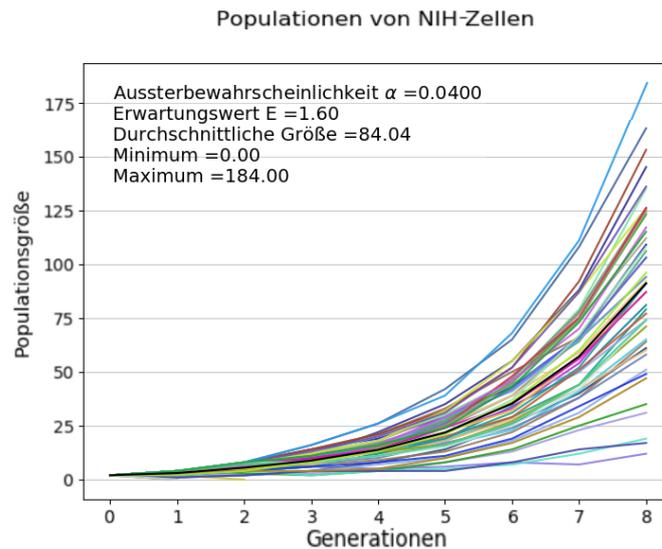


Abbildung 12: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopulationen für die erste Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 1	0	184	84.04
Empirische Daten	10	116	33
Differenz	10	68	51.04

Tabelle 12: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH-Zellen der ersten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Konstellation 2: Die Reproduktionsverteilung stellt sich als $p_0 = 0.2$, $p_1 = 0.1$ und $p_2 = 0.7$ dar. Damit erhält man $E[Y_1] = 1.5$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w = 0.0816$.

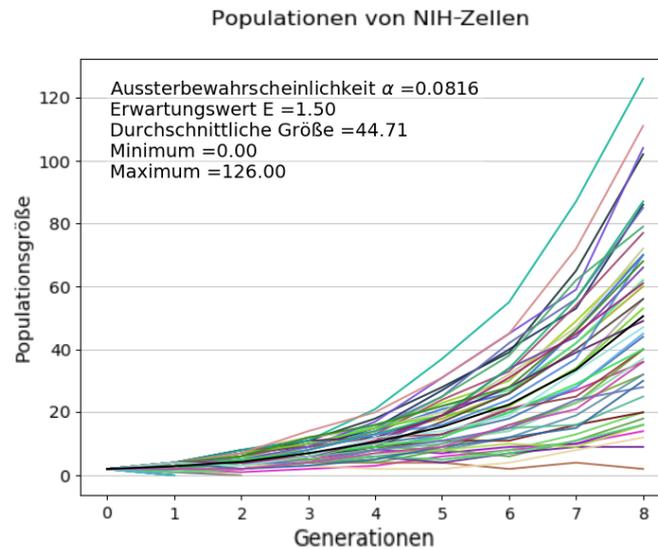


Abbildung 13: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopualtionen für die zweite Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 2	0	126	44.71
Empirische Daten	10	116	33
Differenz	10	10	11.71

Tabelle 13: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH-Zellen der zweiten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Konstellation 3: Die Reproduktionsverteilung wird mithilfe der Werte $p_0 = 0.2$, $p_1 = 0.15$ und $p_2 = 0.65$ festgelegt. Dadurch erhält man $E[Y_1] = 1.45$ und eine Aussterbewahrscheinlichkeit von $w = 0.0947$.

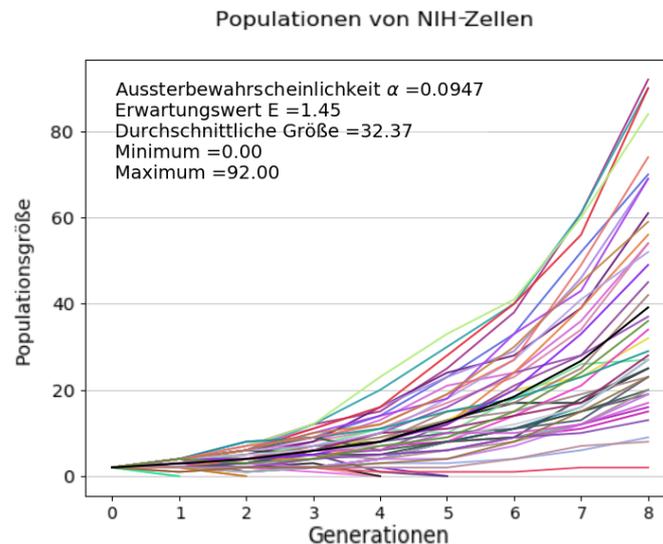


Abbildung 14: Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopulationen für die dritte Reproduktionsverteilung.

	Minimale Größe	Maximale Größe	Durchschnittliche Größe
Konstellation 3	0	92	32.37
Empirische Daten	10	116	33
Differenz	10	24	0.63

Tabelle 14: Die Unterschiede zwischen den ermittelten Populationsgrößen der Simulationen mit NIH-Zellen der dritten Reproduktionsverteilung und den empirischen Daten von Axelrod und Kimmel.

Die Resultate deuten auf die bessere Annäherung der Minima und Maxima der Größen der Populationen bei der zweiten Wahrscheinlichkeitsverteilung hin. Nichtsdestotrotz erfolgt die beste Approximation der durchschnittlichen Populationsgröße bei der dritten Konstellation der Wahrscheinlichkeiten. Die erste Verteilung mit den festgestellten Werten von Axelrod und Kimmel erzielt die höchsten Differenzen bei allen betrachteten Größen.

Aufgrund der geringsten Abweichung der durchschnittlichen Populationsgröße zu den empirisch erlangten Daten werden jeweils die dritte Wahrscheinlichkeitsverteilung gegenüber den weiteren Verteilungen ausgewählt. Die ermittelten Wahrscheinlichkeiten p_0 und p_1 weichen von den Ergebnissen von Kimmel und Axelrod um jeweils 0.05 ab. Die Abweichung ist auf das Vernachlässigen der stagnierenden Zellen zurückzuführen.

Damit zeigen die Resultate beispielhaft, dass die Modellierung eines komplexeren Problems mithilfe von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen unter minimalen Abweichungen zu den eigentlichen Werten, realisiert werden kann und somit Bienaymé-Galton-Watson Prozesse bei komplizierteren Situationen als zugrundeliegendes Modell verwendet werden können.

Die Verwendung des Quellcodes für die Simulation der Prozesse erfordert ebenfalls eine Anpassung. Die Modifikationen der Beschriftungen erfolgen analog zu denen bei der geometrischen Reproduktionsverteilung. Außerdem werden bei der Funktion *simulationen* die minimal aufgetretene, die maximal aufgetretene und die durchschnittliche Populationsgröße bestimmt, damit diese Werte den anderen Funktionen übergeben werden können. Die Kennwerte können von den anderen Funktionen in den Zeilen 166, 214, 264, 296, 384 aufgeführt werden, damit die grafische Darstellung erweitert wird.

4 Betrachtung der Fundamentalen Ideen und des gemeinsamen Rahmenlehrplans von Berlin und Brandenburg in Bezug auf die Behandlung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse

Die Einleitung stellte die Besonderheit der historischen Entwicklung und die innermathematische und außermathematische Relevanz der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse dar. Die Bedeutsamkeit des Themengebietes innerhalb der Mathematik kann die Fragestellung aufwerfen, ob die Prozesse in der Schule eingeführt und betrachtet werden können. Die grundsätzliche Frage nach dem Sinn der zu behandelnden mathematischen Begriffe ist eine zentrale Aufgabe der Mathematikdidaktik (vgl. Borovcnik 1997: 17). Aus diesem Grund erfolgen die nachfolgenden Betrachtungen auf der Grundlage von mathematikdidaktischen und allgemeindidaktischen Überlegungen. In der Untersuchung, ob die Anwendung von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen sinnvoll ist, werden die Fundamentalen Ideen innerhalb der Stochastik analysiert. Dies kann spezifisch für die Stochastik erfolgen, da die Ideen für explizite Fachgebiete innerhalb der Mathematik und für Umsetzungen des Mathematikunterrichts entwickelt werden können. Dabei führt beispielsweise Heitele 1975 die Ideen der Stochastik, Tietze 1979 die Ideen für die Lineare Algebra, Bender und Schreiber 1985 die Ideen der Geometrie, Borovcnik 1987 die Ideen der beschreibenden Statistik und Reichel 1994 die Ideen der angewandten Mathematik ein (vgl. Borovcnik 1997: 20 und 22; Heitele 1975: 194-202).

Im Folgenden werden die Fundamentalen Ideen aufgrund der Überlegungen von Vohns und Borovcnik berücksichtigt. Vohns beschreibt 2007 die Ideen als Mittel zur begründeten Stoffauswahl und als Möglichkeit zum Erlangen von Reflexionsansätzen (vgl. Vohns 2007: 62 und 129). Die dadurch erreichte Legitimation der Inhalte ist auf die Eigenschaft des Tragens von pädagogischen Zwecken von Unterrichtsinhalten zurückzuführen (vgl. Vohns 2007: 85). Borovcnik hingegen betrachtet die Fundamentalen Ideen als Konzept, welches die Bestimmung von Begriffen ermöglicht sowie die didaktischen und unterrichtlichen Tätigkeiten als zielorientiert erscheinen lässt (vgl. Borovcnik 1997: 30).

Sie stellen dabei ein Metawissen um die Kriterien für die Bearbeitung und die Einschätzung der Notwendigkeit der Begriffe bereit (vgl. Borovcnik 1997: 29-30). Die Aufbereitung der Inhalte stellt neben der Auswahl ebenfalls einen Aspekt der Fundamentalen Ideen dar (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 91). Die angeführten Verwendungen werden durch die Analyse von Bezugsrahmen und die daraus resultierenden Metagesichtspunkte realisiert (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 91). Die Bezugsrahmen können methodologisch, innermathematisch oder kognitiv sein und somit die Methoden, die Axiomatik oder die individuelle Sinnkonstruktion berücksichtigen (vgl. Borovcnik 1997: 21).

Die Vorteile von Fundamentalen Ideen umfassen nicht nur die Unterstützung des begründeten Auswählens und Anwendens von Inhalten, sondern auch die nachfolgenden Faktoren. Bruner führt 1970 die Reduktion der Differenz zwischen elementarem und fortgeschrittenem Wissen an (vgl. Bruner 1970 37). Sechs Jahre später ergänzt Fischer dies um die Darstellung einer unverfälschten Repräsentation des Faches durch die Fundamentalen Ideen (vgl. Fischer 1976: 185). Außerdem verhindert die Berücksichtigung der Fundamentalen Ideen im Unterricht nach Schreiber 1983 eine brüchige Darstellung der Mathematik und nach Picker 1985 wird der Unterricht durch sie interessanter gestaltet (vgl. Schreiber 1983: 66; Picker 1985: 70). 1992 stellt Schweiger die Erhöhung der Transparenz des Unterrichts durch die Verwendung von Fundamentalen Ideen fest (vgl. Schweiger 1992: 207). Humenberger und Reichel postulieren 1995 ein besseres Verständnis durch angemessene Vorstellungen fest (vgl. Humenberger & Reichel 1995: 28). Die genannte Vielzahl an Vorteilen und Anwendungsmöglichkeiten begründet die generelle Berücksichtigung der Fundamentalen Ideen innerhalb der Mathematikdidaktik und in der vorliegenden Arbeit.

Die hohe Anzahl an Wissenschaftler:innen hat eine starke Divergenz der entwickelten Ideenkataloge und Definitionen der Fundamentalen Ideen zur Folge (vgl. von der Bank 2016: 5). Aufgrund der späteren Betrachtung des Vernetzungspentagrammen wird innerhalb der vorliegenden Arbeit die Definition der Fundamentalen Ideen nach von der Bank verwendet. Dabei beschreibt von der Bank die Fundamentalen Ideen als Brücke zwischen der Wissenschaft Mathematik und dem dazugehörigen Schulfach (vgl. von der Bank 2016: 6). Von der Bank bringt die folgende Begriffsbestimmung an:

„Fundamentale Ideen sind für die Mathematik und das Mathematiktreiben zentrale Aspekte wie Inhalte, Handlungen und Einstellungen. Ihr Zusammenspiel macht das Wesen der Mathematik aus. Im Mathematikunterricht dienen sie der begründeten Stoffauswahl und der Vernetzung von unterrichtsrelevanten Aspekten von Mathematik wie Inhalten, Repräsentationen, Aktivitäten, Genese und den Aspekten, welche die Person des Schülers betreffen.“ (von der Bank 2016: 6)

Dabei hebt von der Bank die Möglichkeit der Vernetzung zwischen mathematischen Inhalten, mathematischen Inhalten und deren Genese und der Mathematik und der Alltagswelt durch Fundamentale Ideen hervor. Die Betonung der Verknüpfungen wurde auch von Bender und Schreiber 1985 und von Schweiger 2010 durchgeführt (vgl. von der Bank 2016: 225; Bender & Schreiber 1985: 99). Diese Verknüpfungen ermöglichen die Konstruktion der gesamten Fülle eines Fachbereiches aus den Fundamentalen Ideen und führen zu einer Stoffbündelung (vgl. von der Bank 2016: 4).

Somit wird die Stofffülle und –isolation eingeschränkt (vgl. von der Bank 2016: 4). Die Aspekte werden später bei dem Vernetzungspentagrammen berücksichtigt und begründen dessen Konzeption. Die Festlegung bringt die angeführten Überlegungen von Vohns an und stellt eine weitere Begründung für die Verwendung der Fundamentalen Ideen für die Analyse des Einsatzes der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse dar. Trotz der angesprochenen Bedeutsamkeit stellte Schreiber 2011 die geringe Beeinflussung des Mathematikunterrichts durch die Fundamentalen Ideen fest (vgl. Schreiber 2011: 91), obwohl die Ideen der Schlüsselbegriff der New-Math-Reform waren und zur Entwicklung von neuen Konzepten führten (vgl. Borovcnik 1997: 17). Wittmann führt beispielsweise 1973 das Spiralprinzip aufgrund der Begriffskonzeption entlang der Fundamentalen Ideen ein (vgl. Wittmann 1973: S.84-87). Die geringe Berücksichtigung könnte auf das geringe Alter des Konzeptes und die verschiedenen Bezugspunkte zurückzuführen sein. Der Begriff der Fundamentalen Ideen wurde erst im Jahr 1960 von Bruner bei der Woodshole-Konferenz geprägt (vgl. Borovcnik 1997: 18). Bruner fokussiert sich bei seinen Aussagen auf die Vermittlung des Faches und die Struktur der Fundamentalen Ideen (vgl. Borovcnik 1997: 19). Des Weiteren führt Schreiber 1979 die Interpretation an, dass kein axiomatischer Bezugspunkt für die Ideen benötigt wird, sondern eher die geschichtliche und kulturelle Anbindung der Ideen betrachtet werden soll (vgl. Borovcnik 1997: 19). Die Entwicklungen führten zu der allgemeineren Gestaltung der Ideen und dem Verwurf der Gleichstellung von axiomatischen und mentalen Strukturen (vgl. Borovcnik 1997: 20). Außerdem stellte man die Eigenschaft der Subjektivität (vgl. Borovcnik 1997: 20), der Beeinflussung durch den Verwendungszweck (vgl. von der Bank 2016: 5), der Ausbaufähigkeit und der Strukturierung von Inhalten der Ideen bei der Entwicklung des Konzeptes fest (vgl. Borovcnik 1997: 22). Die genannten Charakteristika sind grundlegend für die Durchführung von didaktischen Grundsatzüberlegungen (vgl. Borovcnik 1997: 20). Die subjektive Bedingtheit beeinflusst nicht die Bedeutung der Fundamentalen Ideen für die aktive Gestaltung von Unterricht (vgl. Borovcnik 1997: 30). Dabei wird der Verwendungszweck der Ideen anhand von drei grundlegenden Orientierungen von Fischer formuliert (vgl. Borovcnik 1997: 21). Fischer führt 1984 die offene Mathematik, die explorative Mathematik und das Visualisieren als Orientierungsgrundlagen ein (vgl. Borovcnik 1997: 21-22). Die offene Mathematik stellt die Entstehung der Themenbereiche in den Vordergrund (vgl. Borovcnik 1997: 21). Die explorative Mathematik beinhaltet ein überwiegend theoriefreies Experimentieren und das Visualisieren umfasst hauptsächlich die optische Struktur und Symbolik der Mathematik (vgl. Borovcnik 1997: 21-22). Die Strukturierung der Begriffe auf einer Metaebene führt zu der Unterstützung der Transferierung, Rekonstruktion und Antizipation von Wissen und der Beeinflussung der curricularen Zielsetzung (vgl. Borovcnik 1997: 22). Die Fundamentalen Ideen stellen somit ein Organisationsprinzip der Mathematikdidaktik dar (vgl. Borovcnik 1997: 30). Die unterschiedlichen Auslegungen der Bezugsrahmen, der Fähigkeit zur Strukturierung, der Verwendungszwecke, der Einflüsse der Subjektivität und der zu dem Entstehungszeitpunkt vorrangig anerkannten Strukturen der Fundamentalen Ideen lassen sich bei dem Vergleich der Ideenkataloge von Heitele und Borovcnik für die Stochastik feststellen.

Die Kataloge der beiden Wissenschaftler sollen nachfolgend betrachtet werden, um anhand von ihnen die Einsatzmöglichkeiten der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse zu untersuchen. Die Analyse erfolgt an den Katalogen, denn die Entwürfe können für die Diskussion der Inhalte innerhalb des Unterrichts verwendet werden (vgl. von der Bank 2016: 118). Die Möglichkeit der Orientierung anhand der Ideen von Heitele und die Möglichkeit der Diskussion des Nutzens von Begriffen mittels der Ideen von Borovcnik sind dabei der Ausgangspunkt für die Untersuchung.

Der Katalog von Heitele basiert auf der Beschreibung der Fundamentalen Ideen als ein Konzept, welches in jeder Phase der Entwicklung eines Individuums ein erläuterndes Modell bereitstellt (vgl. Heitele 1975: 188). Dabei unterscheidet sich in Abhängigkeit der Entwicklungsstufe die Elaboration der Modelle (vgl. Heitele 1975: 188). Heitele betrachtet die Stochastik als einen Modelllieferant für die Beschreibung der Umwelt (vgl. von der Bank 2016: 115). Er fokussiert mathematische Sätze, Begriffe und Verfahren und erachtet diese als fundamental (vgl. von der Bank 2016: 115-116). Die folgenden zehn Aspekte werden unter der Perspektive von Heitele als Fundamentale Ideen aufgeführt (vgl. Heitele 1975: 194-202):

1. Norming the expressions of our belief (Normierung unseres Erwartungsgefühls)
2. The probability field (Wahrscheinlichkeitsfeld)
3. Combining probabilities – the addition rule (Disjunkte Vereinigung von Ereignissen - Additionsregel)
4. Combining probabilities – independence (Verknüpfung von Zufallsexperimenten - Unabhängigkeit)
5. Equidistribution and symmetry (Gleichverteilung und Symmetrie)
6. Combinatorics (Kombinatorik)
7. Urn model and simulation (Urnenmodell und Simulationen)
8. The idea of stochastic variable (Die Idee der Zufallsvariable)
9. The laws of large numbers (Gesetz der Großen Zahlen)
10. The idea of sample (Die Idee der Stichprobenentnahme)

Die nachfolgenden Grundgedanken führte Heitele bezüglich den einzelnen Ideen an. Innerhalb der ersten Idee wird die Metrisierung von Eigenschaften stärker hervorgehoben (vgl. Heitele 1975: 194). Die Idee „Wahrscheinlichkeitsfeld“ umfasst die Betrachtung der Definition des Grundraumes und der σ -Algebra (vgl. Heitele 1975: 194). Das Additionsgesetz beinhaltet die Faszination von Heitele gegenüber den Berechnungen innerhalb der Stochastik (vgl. Heitele 1975: 195). Die Untersuchung der Unabhängigkeit beruht auf der Analyse der bedingten Wahrscheinlichkeit und der Revidierung von Aussagen aufgrund von neuerlangten Informationen (vgl. Heitele 1975: 195-196).

Dabei bezieht sich Heitele auf die axiomatische Theorie von Kolmogorow und nutzt diese als Grundlage (vgl. Borovcnik 1997: 25). Die Berechnung von Wahrscheinlichkeiten mithilfe einer heuristischen Idee kann nach Heitele nur durch die Berücksichtigung von Symmetrie erlangt werden (vgl. Heitele 1975: 196). Darüber hinaus nahm Heitele an, dass die Gleichverteilung die natürlichste Arbeitshypothese ist (vgl. Heitele 1975: 197). Diese Ansätze begründen die Existenz der fünften Idee. Die Kombinatorik wird aufgrund ihres Nutzens bei der Herleitung der Binomialverteilung und der Berechnung von Wahrscheinlichkeiten als fundamental erachtet (vgl. Heitele 1975: 197-199). Außerdem werden die Urnenmodelle und Simulationen berücksichtigt, weil Heitele die Beschreibung des Stichprobenziehens, das simulative Nachspielen von komplexen Experimenten und die Simulation von Zufallsexperimenten und Glücksspielen als fundamental ansieht (vgl. Heitele 1975: 199). Des Weiteren empfand Heitele das Konzept der Zufallsvariablen als grundlegend, um die Verteilung, den Erwartungswert und die Verknüpfung von Ereignissen näher betrachten zu können (vgl. Heitele 1975: 199-200). Aufgrund der innermathematischen Bedeutung des Gesetzes der Großen Zahlen führt es Heitele als eine Fundamentale Idee auf (vgl. Heitele 1975: 201). Die letzte Idee der Stichprobenentnahme wird von Heitele angebracht, da er das statistische Denken und Urteilen nur in der Betrachtung von Stichproben begründet sieht (vgl. Heitele 1975: 202).

Die Entwicklung des Kataloges erfolgte 1975 und somit vor den Interpretationen von Schweiger. Dies und der Fakt, dass die Orientierung an mathematischen Sätzen, Begriffen und Verfahren erfolgte, lässt auf einen zugrunde liegenden axiomatischen Bezugspunkt und somit einen axiomatischen Bezugsrahmen schließen. Die Ausrichtung führte zu einer geringen Berücksichtigung von Tätigkeiten innerhalb der Fundamentalen Ideen und zu einer Strukturierung der zu behandelnden Inhalte anhand der Ideen (vgl. Borovcnik 1997: 23). Dadurch ermöglichen die gewählten Fundamentalen Ideen eine wissenschaftliche Herangehensweise (vgl. von der Bank 2016: 72). Die stärkere Betrachtung der technischen Aspekte führt zum Verlust einer allgemeinen Orientierung innerhalb des Fachgebietes und der besonderen Eigenart der Information (vgl. Borovcnik 1997: 23). Dahingehend brachte Fischbein 1975 an, dass der Stochastikunterricht nicht auf das Lehren von Verfahren und Werkzeugen zum Aufgabenlösen reduziert werden kann (vgl. Bruder, Hefendel-Hebeker, Schmidt-Thieme & Weigand 2015: 235). Durch die expliziten Formulierungen liefert Heiteles Katalog auf inhaltlicher Ebene genaue Orientierungspunkte und eine Übersicht über die wesentlichen Begriffe und Modellbildungen der Stochastik (vgl. von der Bank 2016: 118). Die Konkretheit der zehn Ideen von Heitele ist ein wesentlicher Bestandteil der geschlossenen Mathematik (vgl. von der Bank 2016: 118), wodurch eine komplementäre Orientierung zu den grundlegenden Verwendungszwecken von Fischer festgestellt werden kann. Die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse können aufgrund der Ausrichtung bezüglich einer geschlossenen Mathematik und des strikten Entwurfes von Heitele nicht angebracht werden. Die aufgeführten Ideen von Heitele umfassen aber Themen, die die Voraussetzung für die Behandlung der Prozesse sind. Die zugrunde liegenden Ideen sind das Wahrscheinlichkeitsfeld, die Unabhängigkeit und die Idee der Zufallsvariable.

Im Gegensatz zu Heitele ist Borovcniks Katalog 1997 und somit nach den angebrachten Interpretationen von Schweiger entstanden. Dabei fokussiert Borovcnik in seinen Ausführungen die offene Mathematik als Verwendungszweck, wobei er sich jedoch auf die Arbeiten von Heitele bezieht und diese anpasst (vgl. Borovcnik 1997: 28 und 30). Borovcnik kritisiert explizit die Rechtfertigung der Interpretation eines Begriffes als fundamental, aufgrund der Bedeutung des Begriffes innerhalb des Fachgebietes (vgl. Borovcnik 1997: 29-30). Hinzu bringt er den Nutzen von Heiteles Ideen aus Sicht von anderen Perspektiven an (vgl. Borovcnik 1997: 30). Die Distanzierung zu der Wahl eines axiomatischen Bezugspunktes und die Berücksichtigung des Sinnes der einzelnen Themengebiete führen zu der Vermutung, dass Borovcnik einen kognitiven Bezugsrahmen gewählt hat. Die allgemeineren Formulierungen und die notwendige Konkretisierung der Ideen für die Erlangung von zu unterrichtenden Inhalten reduzieren die Verwendungsmöglichkeit als Orientierungsgrundlage (vgl. von der Bank 2016: 118). Jedoch ermöglichen die Fundamentalen Ideen von Borovcnik die Reflexion und Diskussion von Begriffsbildungen und die Bewertung der Schwerpunktsetzung bezüglich der Begriffe im Unterricht durch die stärkere Interpretationsfreiheit (vgl. von der Bank 2016: 118). Nachfolgend sind die sieben Leitlinien von Borovcnik angeführt, wobei die jeweiligen, zusammengefassten Ideen von Heitele dahinter in Klammern genannt werden. Die Idee der Kombinatorik und der Additionsregel werden von Borovcnik nicht aufgegriffen, da er sie für trivial erachtet (vgl. Borovcnik 1997: 24-26 und 28-29). Die Additionsregel empfindet Borovcnik aufgrund des Fehlens der Einführung eines neuen Begriffes als trivial (vgl. Borovcnik 1997: 24). Die Kombinatorik betrachtet Borovcnik wegen der ersatzweisen rekursiven Berechnung mithilfe von Baumdiagrammen, wie von Huygens durchgeführt, nicht als eine grundlegende Idee (vgl. Borovcnik 1997: 24; vgl. Freudenthal 1980 114-117).

1. Ausdruck von Informationen über eine unsichere Sache (1,2,5,8)
2. Revidieren von Informationen unter neuen Fakten (4,5)
3. Offenlegen verwendeter Information (7)
4. Verdichten von Informationen (8)
5. Präzision von Information – Variabilität (8)
6. Repräsentativität partieller Informationen (10)
7. Verbesserung der Präzision (9)

Nachfolgend werden ebenfalls die Inhalte der jeweiligen Ideen genannt. Die erste Idee umfasst den Gedanken des transparenten Treffens von Entscheidungen unter Unsicherheit mithilfe von Wahrscheinlichkeiten (vgl. Borovcnik 1997: 29). Dabei werden die Unsicherheit und Sicherheit mithilfe von diskreten und stetigen Verteilungen ausgedrückt (vgl. Borovcnik 1997: 28-29). Innerhalb der Idee des Revidierens von Informationen unter neuen Fakten werden die bedingte Wahrscheinlichkeit und als Spezialfall die Unabhängigkeit betrachtet (vgl. Borovcnik 1997: 29). Des Weiteren wird die Laplace'sche Gleichverteilung innerhalb der Idee aufgegriffen und als spezielle Art von Information über eine Situation interpretiert (vgl. Borovcnik 1997: 29).

Das Offenlegen von Informationen erfolgt nach Borovcnik nur mithilfe der Durchführung von Simulationen und resultiert in der Überprüfung des Modells bezüglich der Eignung für die jeweilige Situation (vgl. Borovcnik 1997: 29). Außerdem wird das Verdichten von Informationen mithilfe von Kennziffern wie beispielsweise dem Erwartungswert realisiert und führt zu der Repräsentation der vorliegenden Informationen (vgl. Borovcnik 1997: 29). Die vorletzte Idee umfasst die Standardabweichung als Nebenprodukt zur Bewertung der Präzision einer Information (vgl. Borovcnik 1997: 29). Hierbei ist die Standardabweichung nach Borovcnik die Kennziffer für die Verteilung von Zufallsvariablen (vgl. Borovcnik 1997: 29). Die letzte Idee beinhaltet die Analyse der Stichprobengröße (vgl. Borovcnik 1997: 29). Borovcnik führte dazu an, dass die kleineren Stichproben weniger präzise Informationen liefern und bei größeren Stichproben der Informationsgewinn spekulativ geschmälert wird (vgl. Borovcnik 1997: 29).

Aufgrund des Aussterbens von superkritischen Bienaymé-Galton-Watson Prozessen innerhalb von Simulationen und der Möglichkeit der Existenz eines subkritischen und kritischen Prozesses in einer vorgeschriebenen Anzahl an Generationen kann das Endergebnis eines solchen Versuches nicht vorhergesagt werden. Es erfolgt somit die Betrachtung einer unsicheren Sache und die Berücksichtigung von den damit in Verbindung stehenden Wahrscheinlichkeiten. Diese Aspekte werden in der ersten Fundamentalen Idee von Borovcnik aufgegriffen. Die kontinuierliche Betrachtung von bedingten Wahrscheinlichkeiten aufgrund der Berücksichtigung der Ausgangspopulationsgröße führt zu der Integration der zweiten Fundamentalen Idee. Das Offenlegen von verwendeten Informationen kann anhand von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen durchgeführt werden. Ein Beispiel für die Einbindung ist innerhalb des Kapitels Simulationen bezüglich der Betrachtung von Fibroblasten gegeben. Außerdem wird die Verdichtung von Informationen als Gedankengang aufgrund der kontinuierlichen Beachtung des Erwartungswertes und der Varianz aufgegriffen. Die angeführten Aspekte weisen darauf hin, dass ein Großteil der entwickelten Ideen von Borovcnik bei der Untersuchung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse integriert wird. Somit ist die Anwendung des Gebietes der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse entsprechend des Kataloges von Borovcnik möglich.

Abschließend kann der Nutzen der Kataloge aus unterschiedlichen Perspektiven und die Verwendung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse als weiterführendes Konzept angeführt werden. Aufgrund der geringen Kompatibilität mit den Ideen von Heitele können die Prozesse kein fundamentales Konzept darstellen, welches in früheren Klassenstufen und über die gesamte Schullaufbahn hinweg betrachtet werden sollte. Die hohe Passungsfähigkeit bezüglich den aufgeführten Fundamentalen Ideen von Borovcnik, die Komplexität und die Vielzahl an mathematischen Voraussetzungen des Konzeptes legen daher die Verwendung des Themas innerhalb der Sekundarstufe II nahe.

Die Einführung innerhalb der Sekundarstufe II soll nun exemplarisch am gemeinsamen Rahmenlehrplan von Berlin und Brandenburg erfolgen.

Die Untersuchung des Planes setzt die Auseinandersetzung und die Definition von den, dem Rahmenlehrplan zugrunde liegenden Leitideen und die Untersuchung der didaktischen Überlegungen voraus. Die Leitideen wurden 2003 von der KMK eingeführt und sind das Strukturierungsmittel der bundesweit verbindlichen Bildungsstandards (vgl. KMK 2003: 9-12). Dabei dienen die Leitideen der Bildungsstandards nicht dazu die Lern- und Lehrsituationen zu standardisieren, sie decken auch nicht die gesamte Breite des Faches, sondern nur den Kernbereich ab (vgl. KMK 2004: 11). Die Relevanz der Leitideen besteht darin, dass die Ausrichtung des Mathematikunterrichts an ihnen und nicht an den Fundamentalen Ideen erfolgt (vgl. von der Bank 2016: 223). Für den Stochastikunterricht stellen die Leitideen Konzepte dar, die anwendungsorientierte Lehrgänge für die Stochastik prägen (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 92). Die Leitidee für die Stochastik wird innerhalb der Sekundarstufe II als Daten und Zufall bezeichnet (vgl. MBS 2018: S.23).

Die Konzepte „Daten“ und „Zufall“ werden angeführt, denn es werden strukturelle Aussagen bezüglich Daten getroffen, die das Nicht-Wissen berücksichtigen (vgl. Kortenkamp & Kurle 2018: 2). Dabei wird innerhalb des Themenbereiches Daten der Zusammenhang zwischen Mengen von Messwerten und ihren Kennwerten gebildet und im Themengebiet des Zufalls die Verbindung zwischen Wahrscheinlichkeiten und Zufallsexperimenten aufgegriffen (vgl. Kortenkamp & Kurle 2018: 2). Die Ideen sollen innerhalb des Rahmenlehrplans zur Beschreibung der vielfältigen und auf konkrete mathematische Inhalte bezogene Kompetenzen dienen (vgl. MBS 2018: 11). Des Weiteren soll wie bei den Fundamentalen Ideen der Schwerpunkt die Auseinandersetzung mit mathematischen Fragen und die Vernetzung von Inhaltsbereichen bilden (vgl. MBS 2018: 11). Die zu erlangenden Kernkompetenzen stellen die Datenerhebung, die Datenrepräsentation, die Auswertung von statistischen Erhebungen, das Anwenden von Zählstrategien und die Bestimmung von Wahrscheinlichkeiten von Ereignissen dar (vgl. Kortenkamp & Kurle 2018: 3). Darüber hinaus wird in dem Rahmenlehrplan als dritter Aspekt der Leitidee die Kombinatorik aufgeführt, denn nach der AK Stochastik 2003 ergänzt es die beiden anderen Teilgebiete (vgl. AK Stochastik 2003: 22). Als grundsätzliches Ziel der Leitidee wird das Sammeln, das Dokumentieren, das grafische Repräsentieren und das Zusammenfassen, das Beschreiben und das Interpretieren mittels statistischer Kennwerte von Daten aufgeführt (vgl. MBS 2015: 9). Außerdem sollen Zufallserscheinungen in alltäglichen Situationen ausgehend von Wahrscheinlichkeitseinschätzungen und experimentellen Untersuchungen beschrieben werden (vgl. Kortenkamp & Kurle 2018: 3). Hierbei werden die kombinatorischen Überlegungen und Verfahren sowie die Begriffe der Wahrscheinlichkeitsrechnung nach der MBS im Jahr 2015 als Grundlage der Betrachtung einer Zufallserscheinung erachtet (vgl. MBS 2015: 9). Die angesprochenen Ziele und Kompetenzen deuten auf einen überwiegenden Fokus bezüglich der statistischen Überlegungen hin. Die Konzeption der Leitidee für die Stochastik wird mit dem nachfolgenden Modell der LISUM gestützt (vgl. Kortenkamp & Kurle 2018: 3-4).

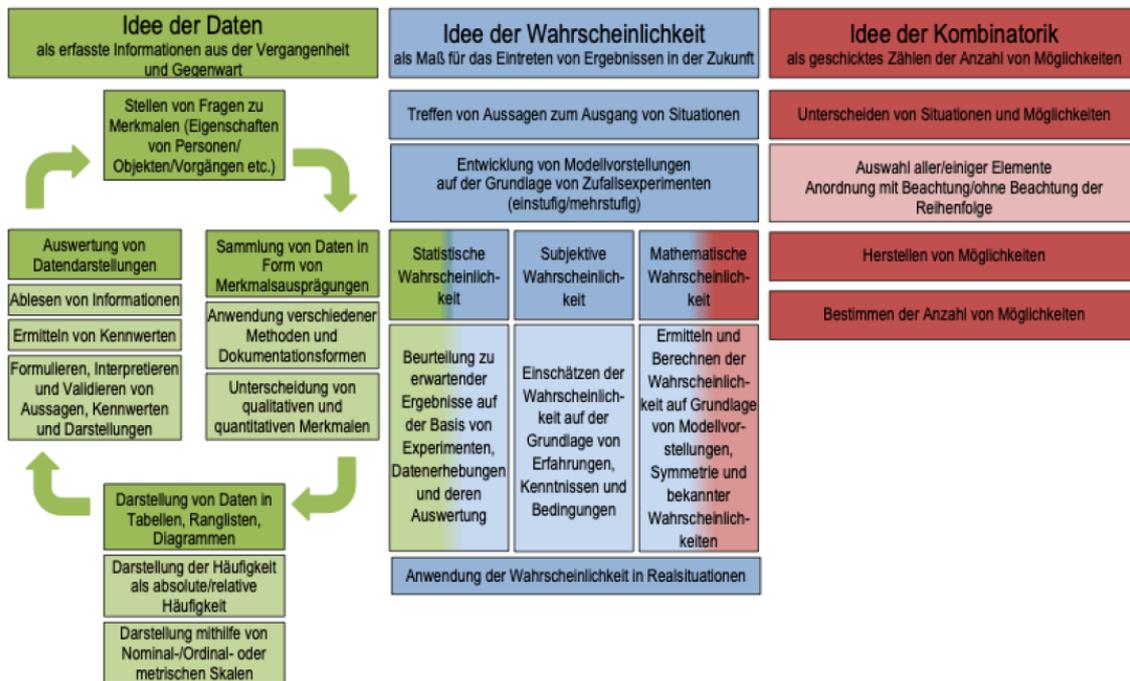


Abbildung 15: Übersicht über die Leitidee Daten und Zufall, LISUM, CC-BY-SA 4.0 (vgl. Kortenkamp & Kuzle 2018: 4)

Innerhalb des Modells wird der Zusammenhang zwischen den drei festgestellten, grundlegenden Aspekten dargestellt. Dabei wird die Beeinflussung der Idee der Wahrscheinlichkeit durch die Ideen der Daten und der Kombinatorik verdeutlicht. Die Idee der Daten umfassen einen Zyklus, der bei der Untersuchung von statistischen Daten durchlaufen wird und in jeder Phase beginnen kann (vgl. Kortenkamp & Kuzle 2018: 4). Außerdem wird bei der Idee der Wahrscheinlichkeit das Experimentieren als die wichtigste praktische Tätigkeit festgelegt (vgl. Kortenkamp & Kuzle 2018: 5). Dies stimmt mit den vorherigen Überlegungen bezüglich eines anwendungsorientierten Unterrichts überein. Des Weiteren wird die Kombinatorik als Grundlage für die Entwicklung allgemeiner geistiger Fähigkeiten nach Herbart 1841 und zum Berechnen von Wahrscheinlichkeiten nach der AK Stochastik 2003 angenommen (vgl. Herbart 1841: 196; AK Stochastik 2003: 22). Hierbei wird die Verwendung der Kombinatorik als drittes Teilgebiet wegen des Nutzens als Übungsfeld für das Problemlösen und Modellieren, der vielfältigen Möglichkeiten der Differenzierung und dem spielerisch-experimentellen Vorgehen begründet (vgl. Kortenkamp & Kuzle 2018: 8). Darüber hinaus werden innerhalb der didaktischen Betrachtungen die Ergebnismenge, die Reduktion auf Kennwerte, die Berechnung von Kennwerten und die Thematisierung des Datenverlustes bei den grafischen Überführungen als relevant angesehen. Ein weiterer Fokus stellen die Perspektiven dar, dass die Schüler:innen die mathematische Kompetenzen im Stochastikunterricht erlangen sollen, die sie im Alltag, im Beruf und in der Hochschule benutzen können. Zudem sollen sie die Kompetenzen beim Umgang mit digitalen Werkzeugen für die sachgerechte Verwendung in Problemstellungen erwerben (vgl. MBSJ 2018: 12).

Die angebrachten didaktischen Gedankengänge und die zugrunde liegende Konzeption der Leitidee lassen sich im Rahmenlehrplan für den Grundkurs und dem Leistungskurs bei der Ausformulierung der Leitidee Daten und Zufall wiedererkennen (vgl. MBS 2018: 23). Dabei werden die Betrachtungen der statistischen Daten und der zufallsabhängigen Situationen und die beurteilende Statistik angesprochen (vgl. MBS 2018: 23). Als weiterführende Aspekte werden die Vertiefung der stochastischen Vorstellungen mithilfe von mehrstufigen Zufallsexperimenten, die Nutzung von Verteilungen und die Simulation mittels einschlägiger Software angeführt (vgl. MBS 2018: 23). Die zu erlangenden Kompetenzen sind anhand der oben genannten Grundkompetenzen entworfen und wurden spezifiziert (vgl. MBS 2018: 18). Die Konkretisierung erfolgte mithilfe der Erwähnung des empirischen Gesetzes der Großen Zahlen, dem Bestimmen der Wahrscheinlichkeiten mithilfe von der Laplace-Regel, Baumdiagrammen, Binomialkoeffizienten und Fakultäten und dem Nutzen von Häufigkeiten für das Schätzen von Wahrscheinlichkeiten (vgl. MBS 2018: 18). Die konkreten Ausformulierungen der Leitidee und der zu erlangenden Kompetenzen ermöglichen wie bei Heiteles Katalog der Fundamentalen Ideen, nicht die Anwendung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse. Dabei werden wie zuvor grundlegende Aspekte für die Behandlung der Prozesse angebracht. Beispielsweise werden die Potenzfunktionen, die Grenzwertbetrachtungen, das Konzept des Differenzierens, die Nullstellenberechnungen, das Monotonieverhalten, die Verkettungen von ganzrationalen Funktionen, das Krümmungsverhalten, der Erwartungswert, die Varianz, die diskrete Verteilung, die Zufallsvariablen, die Grundbegriffe der Mengenlehre, die bedingten Wahrscheinlichkeiten, das Axiomensystem von Kolmogorow, die stochastische Unabhängigkeit und die Verwendung von Zufallsgeneratoren genannt (vgl. MBS 2018: 25-30).

Die geringe Möglichkeit der Anwendung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse, die enge theoretische Gestaltung wie bei Heitele und die mögliche Anwendung bei Borovcnik führen zu der weiterführenden Analyse des grundsätzlichen Aufbaus des Rahmenlehrplans anhand der Überlegungen von weiteren WissenschaftlerInnen. Die Anführung des Wahrscheinlichkeitsraumes innerhalb des Lehrplans ist nach Tietze, Klika und Wolpers möglich (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 93) und erzeugt eine formale Strenge, wodurch die Einschränkung des Verständnisses der Schüler:innen berücksichtigt werden muss (vgl. Eichler & Vogel 2013: 170-171). Somit ist die maßvolle Verwendung des Begriffes von Vorteil bei der Darstellung und der Operationen mit Ereignissen und deren Wahrscheinlichkeiten (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 93). Die Einführung des Wahrscheinlichkeitsraumes ist damit verbunden, dass der Nutzen des Raumes nicht vollständig ausgenutzt werden kann, denn das Abstraktionsniveau der Sekundarstufe II ist zu gering (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 104). Weiterführend dazu sieht Borovcnik die Betrachtung des Wahrscheinlichkeitsfeldes als fundamentalen Aspekt der Stochastik als fehlerhaft an, denn es existiert eine grundraumfreie Stochastik ausgehend von Zufallsvariablen und Erwartungswerten (vgl. Borovcnik 1997: 24; Freudenthal 1980: 114-117). Des Weiteren führt Borovcnik die Möglichkeit der Durchführung von einem Großteil der in der Schule betrachteten Anwendungen und Wahrscheinlichkeitsrechnungen ohne die Untersuchung eines Grundraumes an (vgl. Borovcnik 1997: 24).

Darüber hinaus sollten die benötigten Aspekte für die Stochastik der Mengenalgebra, Kombinatorik, Analysis und die lineare Algebra nur so weit entwickelt werden, dass die Anwendungen im stochastischen Kontext möglich sind (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 94-95). Die Kombinatorik stellt bei dieser Untersuchung ein unentbehrliches Werkzeug, aber keinen grundsätzlichen Aspekt der Leitidee dar (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 93-94). Kütting sprach 1990 die Verknüpfung von Stochastik mit der Kombinatorik mithilfe von Wahrscheinlichkeiten an (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 111). Dabei sieht Kütting die Kombinatorik allenfalls als ein weiteres Gebiet an, welches kein Teil der Stochastik ist, sondern nur in Beziehung zur Stochastik steht. Außerdem führten Biehler, Eichler, Engel und Warmuth Überlegungen bezüglich der Leitidee Daten und Zufall in der Sekundarstufe II an. Diese Gedankengänge umfassen jedoch nicht eine stärkere Berücksichtigung der Kombinatorik als dritten Aspekt der Leitidee oder die Behandlung der Kombinatorik und der Mengenlehre. Sie bringen als zu erlangende Kompetenzen das Schätzen und Testen an und stellen analog zum Rahmenlehrplan die Simulation als ein wesentliches Hilfsmittel hervor (vgl. Biehler, Eichler, Engel & Warmuth 2010: 5 und 7). Dabei sollen zu den empirischen Daten die passenden Modellparameter bestimmt werden (vgl. Biehler et al. 2010: 5). Das Offenlegen der verwendeten Annahmen wird auch von Borovcnik als die Stärke der Methode des Simulierens interpretiert (vgl. Borovcnik 1997: 26). Hierbei sollen die Simulationsmodelle selbstständig erstellt und mithilfe des Rechners simuliert werden (vgl. Biehler et al. 2010: 7). Die zu betrachtenden Simulationen müssen keine Kernthemen der Schule umfassen und somit nicht zum Kernrepertoire gehören (vgl. Biehler et al. 2010: 7). Diese Untersuchung beinhaltet auch exemplarische Probleme, die nicht mit schulmathematischen Mitteln gelöst werden können (vgl. Biehler et al. 2010: 8). Dabei wird das Lösen von Problemen, das nicht mithilfe von analytischen Herangehensweisen, sondern mittels Simulationen bewältigt werden kann, auch von Tietze et al. als Möglichkeit innerhalb des Stochastikunterrichts erachtet (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 96). Des Weiteren sollen die Schüler:innen den Umgang mit der stochastischen Unabhängigkeit lernen und die bedingte Wahrscheinlichkeit soll thematisiert werden (vgl. Biehler et al. 2010: 3 und 6). Die Analyse der stochastischen Unabhängigkeit soll durch die kritische Beurteilung des Einsatzes bei stochastischen Modellen erfolgen (vgl. Biehler et al. 2010: 6). Dabei wird die Betrachtung der Unabhängigkeit und der bedingten Wahrscheinlichkeit ebenfalls als Mindestziel eines Stochastikunterrichts in der Sekundarstufe II von dem AK der Stochastik angeführt (vgl. AK Stochastik 2003: 25). Darüber hinaus werden die Verwendung des Erwartungswertes und die Untersuchung der geometrischen Verteilung angebracht (vgl. Biehler et al. 2010: 7).

Die angeführten Analysen von den Wissenschaftler:innen unterstützen das Hinterfragen der didaktischen und inhaltlichen Konzeption des Rahmenlehrplans. Es werden die Kombinatorik und die Mengenlehre nicht vollständig ausgeschlossen, aber im Gegensatz zum Rahmenlehrplan schwächer gewichtet. Die unterschiedliche Fokussierung führt zu einer ausführlicheren Behandlung von verschiedenen Inhalten. Die angesprochenen Überlegungen von Biehler et al. führen zu der Anwendungsmöglichkeit der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse. Diese Schlussfolgerung liegt in der Auswertung der einzelnen Aspekte bezüglich der Prozesse begründet.

Die Anwendung innerhalb der Schule kann in Simulationen erfolgen, da diese wie oben genannt nicht die Kernthemen des Unterrichts behandeln müssen. Die Bestimmung von Modellparametern kann mithilfe von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen untersucht werden, denn ein Beispiel dafür wurde bei dem Kapitel der Simulationen angebracht. Die Simulation mittels des Rechners ist ebenfalls möglich und kann mit den Routinebefehlen von Python realisiert werden, wie der Quellcode im Anhang zeigt. Falls die Komplexität des Themengebietes für die jeweilige Klasse als zu hoch eingeschätzt wird, kann die schulmathematische Betrachtung wegfallen und es als exemplarisches Problem wie oben vorgestellt, behandelt werden. Überdies ist die stochastische Unabhängigkeit eine Voraussetzung der Prozesse und kann durch die Vielzahl an Anwendungsmöglichkeiten der Prozesse in verschiedensten Konstellationen diskutiert werden. Außerdem stellt der Erwartungswert einen Grundaspekt des Kritikalitätstheorems dar und wird somit bei jeder Analyse der Prozesse bezüglich des Aussterbens berücksichtigt. Zudem kann durch die Analyse der geometrischen Reproduktionsverteilung die geometrische Verteilung näher untersucht werden.

Ein weiterer Kritikpunkt, der bezüglich des brandenburgischen Rahmenlehrplans angebracht werden kann, ist die grundsätzliche Orientierung anhand von Leitideen. Die Leitideen stellen nur eine ausgedünnte Variation der Fundamentalen Ideen dar und blenden wichtige Aspekte der Mathematik und des Mathematiktreibens aus (vgl. von der Bank 2016: 2). Die damit verbundene Reduktion der Fundamentalen Ideen führt zu dem Verlust von wichtigen Funktionen wie beispielsweise der Schaffung von Ordnung im Denken und die Vermittlung eines angemessenen Bildes der Mathematik (vgl. von der Bank 2016: 26). Dieses Fehlen von mathematischen Begriffen und innermathematischen Tätigkeiten zeigt sich auch bei den bundesdeutschen Bildungsstandards, indem der Kern des Faches nur in Teilen abgebildet wird und die Breite des Faches nicht wie bei den Fundamentalen Ideen rekonstruiert werden kann (vgl. von der Bank 2016: 16). Außerdem waren die Bildungsstandards eine Reaktion auf die als unbefriedigend empfundenen Ergebnisse der PISA-Studie und sie umfassen die im Rahmenlehrplan angesprochenen Leitideen (vgl. von der Bank 2016: 15). Diese Standards wurden 2004 von der KMK festgelegt, um von einer Input- zu einer Output-Orientierung überzugehen (vgl. KMK 2004: 6). Vohns führte 2007 die Berücksichtigung von nur einem Erklärungsfaktor der Resultate von PISA durch die KMK an (vgl. Vohns 2007: 46-47). Die KMK berücksichtigte nicht die vorliegenden Kritiken und vollzog einen inkonsequenten Wechsel von einer Input- zu einer Output-Orientierung (vgl. von der Bank 2016: 16). Darüber hinaus kritisierte Führer 2009 die von PISA zugrunde liegende „literacy“ in Bezug auf ihre Anwendung als Leitideen in Deutschland zur Vermittlung von Bildung (vgl. von der Bank 2016: 20). Dies begründet Führer mit der nach ihm nicht vorhandenen Überprüfbarkeit von Bildung mittels standardisierter Tests (vgl. von der Bank 2016: 21). Der standardisierte Entwurf ist eine Begründungsmöglichkeit der exakten Trennung der angeführten Leitideen der Bildungsstandards (vgl. von der Bank 2016: 29). Damit besteht für Führer die Frage, ob durch die erfolgreiche Bearbeitung der Testitems in den voneinander getrennten Gebieten das Verständnis für die jeweiligen Themenbereiche erlangt wird (vgl. Führer 2009: 18).

Ein weiterer Aspekt den Führer anbringt, ist der kurzfristige Beobachtungs- und Beobachtbarkeitszwang, der den Kompetenzen und Leitideen in Deutschland zugrunde liegt (vgl. Führer 2009: 27). Somit wird nicht die Grundhaltung der Subjekte einbezogen, die einen unauflösbaren Bezug zu dauerhaften internen Bildungsprozessen schaffen (vgl. Führer 2009: 27). Des Weiteren wurden anhand der Leitideen die Unterrichtsinhalte nicht bezüglich ihrer Relevanz für die betrachtete Idee überprüft und begründet ausgewählt, sondern es wurden die traditionell vertretenen Inhalte zu den am besten passenden Leitideen zugeordnet (vgl. von der Bank 2016: 30). Deswegen erfolgte trotz der Überarbeitung des grundlegenden Konzeptes keine Neuauswahl und Überdenkung von den zu vermittelnden Inhalten (vgl. Vohns 2007: 61). Die innerhalb der Rahmenlehrpläne angebrachte Vernetzung mittels der Leitideen ist nach von der Bank fragwürdig, da die Ideen inhaltlich die Themen der klassischen Stoffgebiete bündeln und nicht mehr, wie bei den Fundamentalen Ideen gefordert, quer dazu liegen (vgl. von der Bank 2016: 29).

Die angeführten Kritikpunkte werfen die Frage bezüglich der Modifikation der Leitideen und der darin resultierenden Umorientierung des Planes auf. Diese Neuordnungen wurden in Nordrhein-Westfalen schon im Jahr 2004 umgesetzt (vgl. von der Bank 2016: 29). Dabei wurden im Gegensatz zu Brandenburg die ersten standardisierten Kernlehrpläne verabschiedet und die Kompetenzen und Leitideen der KMK neu strukturiert (vgl. von der Bank 2016: 29). Die dadurch resultierten Modifikationen und die angepasste Schwerpunktsetzung werden nachfolgend betrachtet. Die Mathematik soll innerhalb des Kernlehrplans als historisch gewachsene Kulturleistung und intellektuelle Herausforderung gesehen werden und die Leitideen werden durch sogenannte Inhaltsfelder in dem Plan ersetzt (vgl. MSB 2014: 12 und 14). Diese Inhaltsfelder sollen die unverzichtbaren Gegenstände systematisieren und Hinweise bezüglich der Ausrichtung des Lehrens geben (vgl. MSB 2014: 15). Das Inhaltsfeld Stochastik wird ebenfalls mithilfe der Konzepte der Daten und des Zufalls definiert (vgl. MSB 2014: 18). Hierbei werden die Themengebiete mithilfe des Auswertens von Stichproben und dem Simulieren von stochastischen Vorgängen verbunden (vgl. MSB 2014: 18). Die Konzepte, die in dem Inhaltsfeld aufgeführt werden, sind stochastische Methoden und Begriffe wie Wahrscheinlichkeitsverteilungen und Hypothesentests (vgl. MSB 2014: 18). Des Weiteren wird das Treffen von Entscheidungen unter Unsicherheit analog zu den fundamentalen Ideen hervorgehoben (vgl. MSB 2014: 18). Die Definition des Inhaltsfeldes besitzt somit überwiegend stochastische Überlegungen. Die angeführten Konzepte stimmen zum Großteil mit denen des Rahmenlehrplans für Berlin und Brandenburg überein (vgl. MSB 2014: 16-27). Dabei wird ein inhaltlicher Schwerpunkt auf die Betrachtung der bedingten Wahrscheinlichkeiten gelegt. Des Weiteren sollen Zufallsexperimente simuliert und Erwartungsbetrachtungen durchgeführt werden. Die Inhalte des Grundkurses und des Leistungskurses umfassen beispielsweise den Erwartungswert, die Varianz, die stochastischen Prozesse, Übergangsmatrizen und Zustandsvektoren bei stochastischen Prozessen, die Matrixmultiplikation und die Betrachtung von diskreten Zufallsgrößen (vgl. MSB 2014: 30 und 33-34).

Die Auswirkungen der abweichenden Grundlagen zeigen sich nun in der Untersuchung der beider Pläne. Die grundsätzliche Definition der Leitidee beziehungsweise des Inhaltsfeldes unterscheidet sich dahingehend, dass im brandenburgischen Lehrplan vorrangig statistische und im Plan für Nordrhein-Westfalen hauptsächlich stochastische Überlegungen angeführt werden. Die Inhalte der Pläne stimmen größtenteils überein, obwohl die Definitionen einen unterschiedlichen Fokus besitzen. Die bestehenden Verschiedenartigkeiten zwischen den Plänen und die darauf beruhende abweichende Themenbehandlung existieren aus demselben Grund wie bei den Katalogen von Heitele und Borovcnik und weisen somit auf eine unterschiedliche Orientierung hin. Dabei umfasst der Kernlehrplan im Gegensatz zu dem Rahmenlehrplan die Analyse der stochastischen Prozesse und die damit in Verbindung stehenden algebraischen Konzepte wie die Betrachtung von Matrizen und den Operationen mit ihnen. Außerdem werden im Kernlehrplan die Grundmenge in keinerlei Hinsicht und die Kombinatorik nur in Hinsicht der Bedeutung des Binomialkoeffizienten angeführt. Die Aufführung nicht jeder einzelnen Kompetenz und die Festlegung von inhaltlichen Schwerpunkten des Kernlehrplans dienen als Hinweise für die Lehrenden und ermöglichen somit gegenüber dem Rahmenlehrplan mehr Freiraum für individuelle Entscheidungen.

Der Vergleich der Pläne weist auf Differenzen im Stochastikunterricht in Deutschland hin. Diese Unterschiede können auch auf die Einbringung von mehreren verschiedenen Wissenschaftler:innen zurückzuführen sein (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 91). Die innerhalb des nordrhein-westfälischen Kernlehrplans aufgeführten stochastischen Prozesse, die nicht in dem Rahmenlehrplan von Berlin und Brandenburg angeführt wurden, werden mithilfe des Konzeptes der Markov-Ketten in diskreter Zeit näher betrachtet. Dabei werden die Markov-Ketten auch von der AK Stochastik als Möglichkeit zur Vertiefung der stochastischen Inhalte angebracht (vgl. AK Stochastik 2003: 26). Die didaktische Untersuchung der Vorteile der Markov-Ketten als weiterführendes Konzept wird für die Betrachtung des Einsatzes der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse aufgrund der Berücksichtigung der Entscheidungsgrundlage nachfolgend verwendet.

Die didaktische Analyse der Markov-Ketten in diskreter Zeit innerhalb des Stochastikunterrichts setzt deren Definition und Einführung voraus. Markov-Ketten in diskreter Zeit sind stochastische Prozesse und somit mehrstufige, stochastische Vorgänge in diskreter Zeit mit abzählbarem Zustandsraum, deren zukünftiges Verhalten nur von der Gegenwart, nicht aber der Vergangenheit abhängt (vgl. Henze 2019: 65). Diese informale Einführung wird nun in einen formalen Rahmen überführt.

Die stochastischen Prozesse in diskreter Zeit werden mathematisch als Folge $(X_n)_{n \geq 0}$ von Zufallsvariablen auf der Grundmenge Ω definiert (vgl. Henze 2019: 65). Dabei ist der Index n der Zeitpunkt, zu dem der Zustand den Wert von X_n annimmt (vgl. Henze 2019: 65). Der Prozess beginnt somit zur Zeit Null und entwickelt sich zu dem Zeitpunkt n aus \mathbb{N} weiter (vgl. Henze 2019: 65). Die Zufallsvariablen nehmen Werte aus einem vordefinierten Zustandsraum S an, der eine abzählbare nichtleere Menge ist (vgl. Henze 2019: 65).

Die Wahrscheinlichkeit für den Verlauf ist durch die Anfangswahrscheinlichkeit $P(\{X_0 = i_0\})$ und die Übergangswahrscheinlichkeiten $P(\{X_k = i_k\} | \{X_0 = i_0, \dots, X_{k-1} = i_{k-1}\})$ bestimmt (vgl. Henze 2019: 65). Ein stochastischer Prozess ist nun eine Markov-Kette, falls für jedes n aus \mathbb{N}_0 und jede Wahl von i_0, \dots, i_{n+1} aus S mit $P(\{X_0 = i_0, \dots, X_n = i_n\}) > 0$ gilt, dass

$$P(\{X_{n+1} = i_{n+1}\} | \{X_0 = i_0, \dots, X_n = i_n\}) = P(\{X_{n+1} = i_{n+1}\} | \{X_n = i_n\})$$

(vgl. Henze 2019: 65). Die Definition ist unabhängig vom Zeitpunkt n und somit gilt

$$P(\{X_{n+1} = j\} | \{X_n = i\}) = P(\{X_1 = j\} | \{X_0 = i\}),$$

da die Markov-Kette als homogen definiert und somit diese Unabhängigkeit vorausgesetzt wird (vgl. Henze 2019: 65). Diese Markov-Eigenschaft wurde von Andrej Andrejewitsch Markov aufgestellt und stellt eine Gedächtnislosigkeit des Prozesses dar, welche auf die Beeinflussung des Verhaltens zum Zeitpunkt $n + 1$ des Systems nur durch das Verhalten zum Zeitpunkt n und nicht durch die gesamte Vorgeschichte des Systems zurückgeführt wird (vgl. Henze 2019: 65). Das Konzept der Markov-Ketten in diskreter Zeit umfasst eine Vielzahl an Beweisen und Themengebieten, darunter die Repräsentation mithilfe der Übergangsmatrix und der Startverteilung oder des Übergangsgraphen, der Ergodensatz, die First Step Analysis, welche Trefferzeiten und Rückkehrzeiten bezüglich Mengen von Zuständen umfasst, die Klassifikation von Zuständen wie die Irreduzibilität, die Aperiodizität, die Rekurrenz und die Transienz, das Langzeitverhalten und die Rapidly Mixing Chains (vgl. Henze 2019: 65-72; Privault 2018: 89-180 und 211-256; Behrends 2000: 1-171). Die Konzepte können in dem Buch „Stochastik: Eine Einführung mit Grundzügen der Maßtheorie“ von Henze grundsätzlich und in den Büchern „Understanding Markov Chains“ von Privault und „Introduction to Markov Chains with Special Emphasis on Rapid Mixing“ von Behrends weiterführend betrachtet werden. Zudem beinhalten Übergangsmatrizen die Wahrscheinlichkeiten aller möglichen Zustandsübergänge (vgl. Henze 2019: 66). Die Übergangsmatrix P wird mittels der Einträge $(p_{ij})_{i,j \in S}$ definiert, wobei $p_{ij} = P(\{X_{n+1} = i\} | \{X_n = j\})$ (vgl. Henze 2019: 66). Des Weiteren wird die Verteilung $P(\{X_0 = i\})$ mit i aus S als Startverteilung der Folge $(X_n)_{n \geq 0}$ definiert (vgl. Henze 2019: 66). Die Übergangsmatrix und die Startverteilung legen aufgrund der ursprünglichen Definition einer Markov-Kette mit einer Zustandsmenge, einer Anfangswahrscheinlichkeit und den Übergangswahrscheinlichkeiten die Markov-Kette eindeutig fest (vgl. Henze 2019: 66). Dabei erfüllt Übergangsmatrix die Eigenschaft, dass sie eine stochastische Matrix ist, da keine negativen Einträge vorhanden und die Summe der Wahrscheinlichkeiten einer Spalte beziehungsweise einer Zeile eins sind (vgl. Henze 2019: 66). Weiterführend können von Markov-Ketten in diskreter Zeit die mehrstufigen Übergangswahrscheinlichkeiten und somit das Langzeitverhalten mithilfe der Verknüpfung von den Matrizen und dem damit zusammenhängenden Grenzwert und der Eigenwerte und Eigenvektoren der Übergangsmatrizen untersucht werden (vgl. Henze 2019: 67-72).

Die Umsetzung der Definition ermöglicht nun das Verständnis bezüglich der Vorteile der Behandlung des Themengebietes. Als Erstes ist die unverfälschte Darstellung von dem Prinzip der stochastischen Prozesse mithilfe der Betrachtung von elementaren Sonderfällen der Markov-Ketten anzubringen (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 258).

Des Weiteren kann mithilfe der Markov-Ketten der Zusammenhang zwischen der elementaren Wahrscheinlichkeitstheorie und der linearen Algebra dargestellt werden (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 258). Diese Erzeugung von Bezügen zur linearen Algebra mittels der Untersuchung von Markov-Ketten führte auch Kütting 1990 an (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 111). Somit kann die Entwicklung von Mathematik aufgrund des Zusammenwirkens von mehreren Theorien aus verschiedenen Gebieten erfahren werden (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 258). Dieser Vorteil trägt zu einer adäquaten Repräsentation der Wissenschaft Mathematik bei und hebt die Wahrscheinlichkeitstheorie als eine der wichtigsten Anwendungen der Analysis und Algebra hervor (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 259). Dies ist grundlegend für einen Stochastikunterricht in der Sekundarstufe II (vgl. AK Stochastik 2003: 25). Die Verwendung von Themen aus den angeführten Gebieten und die darauf beruhende Verzweigung des Lösungsweges kann somit den Schüler:innen näher gebracht werden (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 259). Die Analyse der Übergangsmatrix und die darin resultierende Vermutung über die Gestalt des Grenzwertes, die keine Begründung für den expliziten Grenzwert liefert, ist ebenfalls ein charakteristischer Punkt der Mathematik und wird somit angesprochen (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 259). Dabei müssen die Eigenwerte und Eigenvektoren der Übergangsmatrizen und die Grenzwerte nicht unbedingt besprochen werden, sie gehören aber zum Repertoire der Lehrenden dazu (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 259). Das Vorwissen der Lehrkraft kann dann bezüglich der Nachfragen der Schüler:innen und für eine angemessene Darstellung der Markov-Ketten verwendet werden. Außerdem können die Markov-Ketten als repräsentatives Beispiel der gewünschten Abfolge: „Übersetzen des Problems in die Sprache der Mathematik - Lösen des Problems innerhalb der Mathematik - Interpretation der Lösung im Kontext mit dem ursprünglichen Problem“ genutzt werden (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 259).

Die angesprochenen Vorteile der Markov-Ketten können auf die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse übertragen werden, weil die Prozesse insbesondere Markov-Ketten sind (vgl. Athreya & Ney). Damit kann durch die Betrachtung der Entstehungsfragestellung als elementares Beispiel ebenfalls das Prinzip der stochastischen Prozesse nachvollzogen werden. Des Weiteren können Themengebiete der Analysis wie die Grenzwertbetrachtung anhand der Berechnung der Aussterbewahrscheinlichkeiten und der Anwendung von Potenzreihen einbezogen werden. Darüber hinaus wird aufgrund der Berücksichtigung der Konvexität die Geometrie aufgegriffen und somit ein adäquates Bild durch die Darstellung der Entwicklung der Mathematik vermittelt. Für die Unterstützung der angemessenen Repräsentation der Entwicklung der Mathematik durch das Zusammenwirken von mehreren verschiedenen Wissenschaftler:innen und unter Berücksichtigung von alltagsnahen Fragen kann die Entstehungsgeschichte angeführt werden. Der Zusammenhang zwischen der Algebra und der Wahrscheinlichkeitstheorie wird nicht hervorgehoben. Dies ist ein Nachteil der Einführung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse gegenüber der oben angeführten Betrachtung von diskreten Markov-Ketten. Der Nachteil kann reduziert werden, indem die Algorithmen zur Erzeugung der Zufallszahlen bei der Simulation der Prozesse berücksichtigt werden. Die Algorithmen verbinden die Stochastik mit algebraischen und analytischen Inhalten (vgl. von der Bank 2016: 188).

Das benötigte Vorwissen bezüglich der Grundräume, der Zufallsvariablen, den wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktionen, dem Erwartungswert, der Varianz, den Potenzreihen und der Grenzwertbetrachtung stehen den Lehrkräften zur Verfügung und falls nicht die mathematische Untersuchung, sondern die Simulation der Prozesse erfolgt, kann dieses Wissen wie oben angesprochen angewendet werden. Die Modellierung von passenden Situationen erfolgt ebenfalls mithilfe der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse, da es sich um ein stochastisches Modell handelt. Beispiele für die Simulation wurden im Abschnitt Simulationen angeführt.

Die Besonderheiten bei der Untersuchung der Markov-Ketten besteht in der Möglichkeit die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse mithilfe der Theorie der Markov-Ketten einzuführen (vgl. Athreya und Ney). Die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse könnten somit aufbauend auf der Behandlung der Markov-Ketten eingeführt werden. Aufgrund des Übereinstimmens eines Großteils der Vorteile der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse mit denen der Markov-Ketten ist die Bearbeitung der Prozesse mit der weiterführenden innermathematischen Betrachtung des bedingten Erwartungswertes, der zufälligen Summen und der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion zu begründen. Die Abstraktheit der Konzepte und der geringe didaktische Vorteil führen zu der Fragwürdigkeit der anschließenden Behandlung.

Um die Begründungen der möglichen Anwendung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse innerhalb des Unterrichts zu vervollständigen, muss die Betrachtung der expliziten Vermittlung erfolgen. Dafür wird aufgrund der Parallelen zwischen den Vorteilen der Markov-Ketten und der Bienaymé-Galton-Watson Prozessen ein beispielhafter Entwurf für die Behandlung der Markov-Ketten betrachtet. Der nachfolgend angeführte Sequenzentwurf für die Untersuchung von Markov-Ketten wurde von einer Gruppe von Lehrkräften erstellt (vgl. Brauner, Eickels, Hammelrath, Heming, Jankord, Klappert & Lippert 2016: 1). Die Sequenz beinhaltet als erstes die Behandlung eines Beispiels der Diffusion, um die Grundidee des Themas und die verschiedenen Repräsentationen nachvollziehen zu können (vgl. Brauner et al. 2016: 2 und 6). Danach erfolgt die Betrachtung eines weiteren alltagsnahen Beispiels, wobei die benötigten algebraischen Themengebiete aufgegriffen und mithilfe eines Infoblattes eingeführt werden (vgl. Brauner et al. 2016: 2 und 7-8). Anschließend wird der Übergang zwischen den verschiedenen Visualisierungen aktiv geübt (vgl. Brauner et al. 2016: 2 und 9). Weiterführende Konzepte werden nach dem Üben der Darstellungswechsel mithilfe eines Gruppenpuzzles behandelt und abschließend zu der Sequenz sollen eigene Aufgaben konstruiert und konzipierte Aufgaben gelöst werden (vgl. Brauner et al. 2016: 2). Die didaktischen Hinweise für die Umsetzung sind die kontinuierliche Sicherung und Besprechung der Inhalte im Plenum und die Begründung für die Anwendung des Konzeptes sind die Modellierung, Validierung und die Mathematisierung (vgl. Brauner et al. 2016: 2-3). Die Vielzahl der Anwendungen durch die Schüler:innen liegt in dem Bereitstellen von möglichst vielen Gelegenheiten zur Eigenaktivität begründet (vgl. AK Stochastik 2003: 25). Diese Eigenaktivitäten umfassen die Durchführung von eigenen Experimenten und Simulationen und die Konstruktion und Interpretation von Modellen (vgl. AK Stochastik 2003: 25).

Die von der Lehrer:innengruppe angebrachten Vorteile können für die Umsetzung von Bienaymé-Galton-Watson Prozessen berücksichtigt werden. Die Mathematisierung erfolgt dabei durch die Analyse der formalen Definition und dem Anführen der Beweise. Sie wird von der Einführung der dafür benötigten analytischen und stochastischen Konzepte, die im Rahmenlehrplan angeführt wurden, unterstützt. Des Weiteren stellt sich die Verwendung als mathematisches Modell innerhalb von verschiedenen Fachbereichen dar (siehe Einleitung), wodurch die Konstruktion von eigenen Systemen und die Konzipierung der Modelle innerhalb des Unterrichts angesprochen werden können. Die Validierung kann beispielsweise durch die Berücksichtigung der Unabhängigkeit als Voraussetzung oder die Interpretation eines Modells innerhalb von mehreren Gebieten, wie bei der Entstehungsfragestellung im Kapitel 2, erfolgen. Darüber hinaus kann die Validierung, wie bei dem Beispiel aus der Biologie, bezüglich der Verwendung von passenden Parametern eingebunden werden. Die Sequenz der Einführung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse kann dabei entsprechend dem angeführten Muster erstellt und muss dementsprechend angepasst werden. Die Einführung der Prozesse kann mithilfe eines genetischen Ansatzes durch die Betrachtung der Entstehungsfragestellung realisiert werden. Dabei ist auf die grundlegende und repräsentative Darstellung des Konzeptes zu achten.

Ein für die Schüler:innen alltagsnahes Beispiel stellen Kettenbriefe dar. Kettenbriefe wurden 1992 in der Zeitschrift „Stochastik in der Schule“ von Dietmar Pfeifer mathematisch analysiert (vgl. Pfeifer 1992: 37-42). Dabei erhält jede:r Schüler:in ein Blatt mit sechs Namen und Adressen. Man schreibe an jede Adresse eine Postkarte, wobei man die eigene Adresse anfügt und darum bittet, dass die Person einen Brief an die ursprüngliche Adresse zurücksendet und innerhalb eines Tages an sechs weitere Personen die Information weiterleitet (vgl. Pfeifer 1992: 37). Das Versprechen der Kettenbriefe ist nun, dass jede:r Schüler:in innerhalb von sechs Tagen 6^6 und somit 46.656 Briefe erhalten (vgl. Pfeifer 1992: 37). Dieses Problem kann mithilfe der Verwendung der Binomialverteilung und der bedingten Wahrscheinlichkeiten untersucht werden, um die Wahrscheinlichkeit der Teilnahme in einer Runde und den erwarteten Postrücklauf zu untersuchen (vgl. Pfeifer 1992: 38-40). Hierbei wird ein bekanntes Modell verwendet und somit die Zugänglichkeit des Problems für die Schüler:innen erhöht. Die Analyse mithilfe der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse wird durch die Untersuchung der Möglichkeit einer Runde ohne aktive Teilnehmer und somit des Aussterbens des Prozesses durchgeführt (vgl. Pfeifer 1992: 43-45). Die Runden werden dabei hinsichtlich des Versendens der Briefe eingeteilt und damit ist der:die jeweilige Schüler:in in der ersten Runde als Einzige:r vertreten (vgl. Pfeifer 1992: 38). Die dafür benötigten Themen reichen bis zu dem Kritikalitätstheorem im Kapitel 2. Für die weiterführende mathematische Betrachtung sei auf den Abschnitt innerhalb der Zeitschrift verwiesen (vgl. Pfeifer 1992: 37-42). Das System der Kettenbriefe kann nun von den Schüler:innen selbstständig durchgeführt werden und danach können die erlangten Daten mit einem passenden Bienaymé-Galton-Watson Prozess angenähert werden. Die Approximation kann mithilfe von eigenen Simulationen wie dem vorher erwähnten biologischen Beispiel erfolgen. Durch die Verwendung von realen Daten wird eine Anwendungsorientierung und Umwelterschließung im Unterricht möglich, die Relevanz und Nützlichkeit von stochastischen Modellen wird betont (vgl. Bruder et al. 2015: 236 und 242).

Die Anwendung von Simulationen ist auf die Unterstützung der Erlebbarkeit der stochastischen Prozessen und somit der Erleichterung des Verständnisses von dem Konzept der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse zurückzuführen (vgl. Bruder et al. 2015: 243). Dabei können durch die Simulationen auch ein intuitives Verständnis für die Prozesse hergestellt werden (vgl. Eichler & Vogel 2013: 173). Des Weiteren konfrontieren sie die Fehlvorstellungen und sind ein geeignetes Mittel zum Aufzeigen von alternativen Modellannahmen (vgl. Bruder et al. 2015: 243). Außerdem wird durch die interaktive Bearbeitung der realitätsnahen Situation mithilfe des Computerprogramms nach Bea 1995 der Unterrichtserfolg verbessert (vgl. Tietze, Klika & Wolpers 2002: 170) sowie die für eine:n Mathematiker:in unabdingbare Fähigkeit des Programmierens geschult (vgl. Gebhardt & Borovcnik 2011: 32). Obwohl eine Vielzahl an Vorteilen für die Durchführung von Simulationen im Zusammenhang mit Bienaymé-Galton-Watson Prozessen bestehen, kann der Unterricht nicht ausschließlich mit ihnen erfolgen. Dies liegt an der Notwendigkeit des Kompetenzerwerbs ohne digitale Hilfsmittel (vgl. MBS 2018: 12).

Abschließend zu der Untersuchung einer beispielhaften Unterrichtssequenz wird der angesprochene Vernetzungspentagraph nach von der Bank verwendet, um die Vernetzungsmöglichkeiten bezüglich des Themengebietes der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse aufzuzeigen. Diese Eventualitäten können durch die Analyse mit dem Pentagraphen aufgedeckt werden, da der Graph dafür und für das Feststellen der enthaltenen Fundamentalen Ideen konzipiert wurde (vgl. von der Bank 2016: 8). Die Konzeption umfasst die Begründung der einzelnen Faktoren mithilfe des dazu nötigen Materials, denn der Pentagraph kann nur für die Untersuchung von Unterrichtsmaterialien verwendet werden (vgl. von der Bank 2016: 247). Hierbei ist zu berücksichtigen, dass die angeführten Argumente möglicherweise nicht bei jeder Lerngruppe und von jeder Lehrkraft eingebunden werden können, da die individuelle Sichtweise des jeweiligen Nutzers einen Einfluss auf den Graphen besitzt (vgl. von der Bank 2016: 242-243). Der Pentagraph beruht auf einer unterrichtspragmatischen Reduktion der Ideenkategorien von Anselm Lambert 2012, erweitert um die Personenideen (vgl. von der Bank 2016: 150-151). Die folgende Übersicht fasst den Vernetzungsgraphen zusammen und wird für die Analyse verwendet.

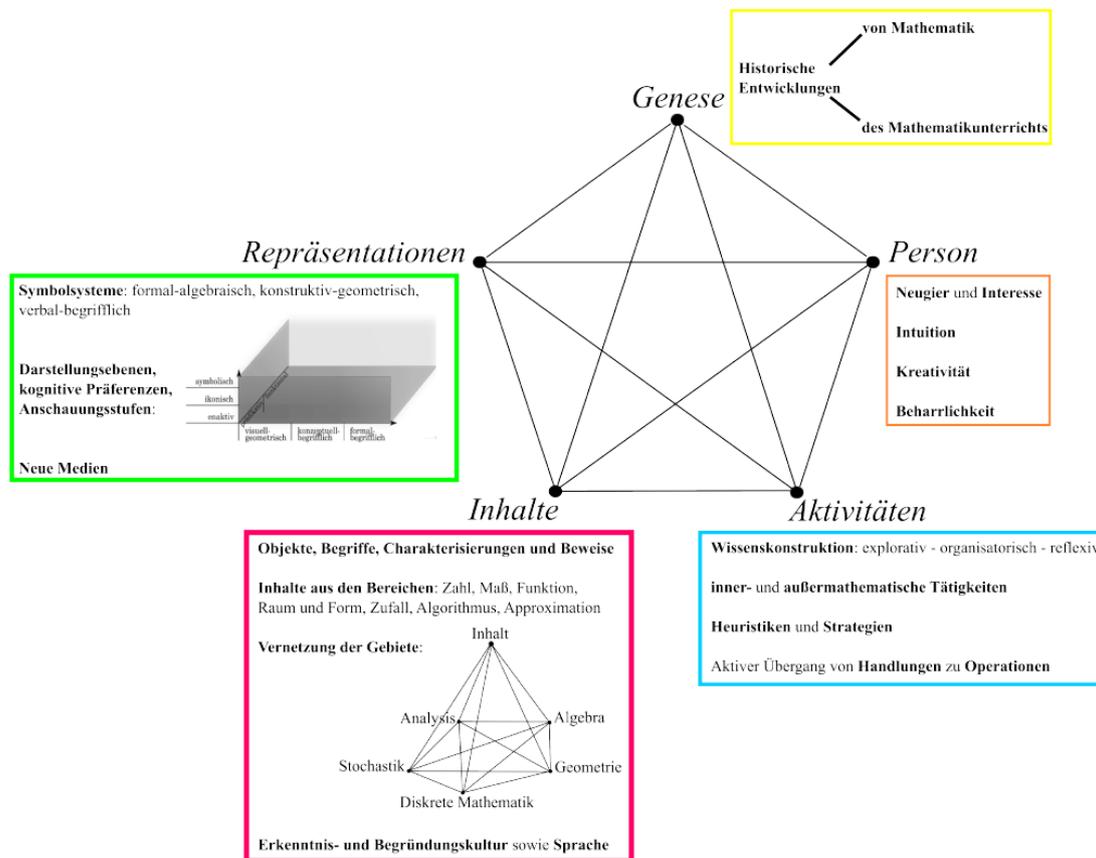


Abbildung 16: Übersicht über den Aufbau des Vernetzungspentagrammen nach von der Bank (vgl. von der Bank 2016: 242)

Die aufgegriffenen Inhalte basieren unter Anderem auf den Bereichen Maß (Wahrscheinlichkeitsmaß), Funktion (wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion), Zufall (Wahrscheinlichkeiten), Algorithmen (siehe Simulationen) und Approximation (siehe Berechnung der Aussterbewahrscheinlichkeit mittels der Iteration). Die zu führenden Beweise wurden im Hauptteil angeführt. Kernbegriffe und ihre Zusammenhänge sind in der Concept Map im Anhang der Arbeit aufgeführt. Darauf aufbauend stellt sich die Verknüpfung zwischen den inhaltlichen Hauptgebieten innerhalb des Mathematikunterrichts wie in Abbildung 17 veranschaulicht, dar. Die Vernetzung der diskreten Mathematik mit dem Themengebiet ist aufgrund der Betrachtung von abzählbaren Mengen und diskreten Zufallsvariablen vorhanden (vgl. Grötschel).

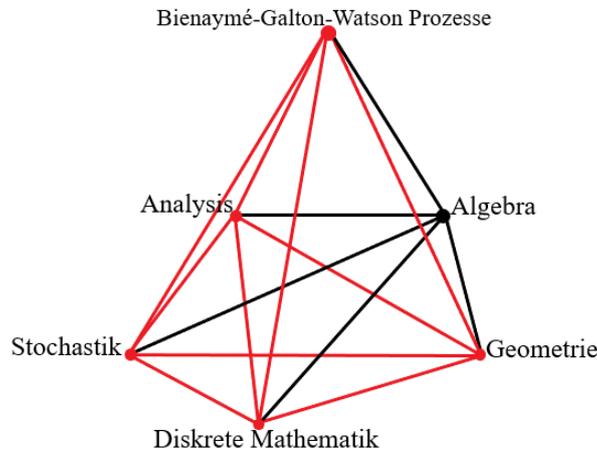


Abbildung 17: Darstellung der Verknüpfungen zwischen den Inhalten der Mathematik. Rote Kanten stellen die Vernetzung der Gebiete dar.

Die Repräsentation der Inhalte mittels der Berücksichtigung der Anschauungsstufen kann durch die Betrachtung von konkreten Beispielen und der anschließenden Untersuchung der theoretischen Überlegungen umgesetzt werden. Die formal-algebraischen Rechnungen und Herleitungen können dann mithilfe einer Darstellung begleitet werden. Beispielsweise kann der Graph der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion und der Winkelhalbierenden für die Analyse des Fixpunktes genutzt werden. Dabei sollte man auch eine verbal-begriffliche Erläuterung miteinbeziehen, um die Komplexität zu reduzieren. Die ikonische Betrachtung der Prozesse kann wie im Abschnitt bezüglich der Simulationen, mithilfe von Histogrammen, Graphen, Polygonzügen und Tabellen realisiert werden. Durch die angesprochene grafische Darstellung kann der Trias Enaktiv-Ikonisch-Symbolisch beispielsweise mittels der Kettenbriefe behandelt werden, da die enaktiven und symbolischen Überlegungen bezüglich der Kettenbriefe angeführt wurden.

Die angebrachte Sequenz wies auf die Aktivitäten des Beweisens, Berechnens, Anwendens, Begründens, Kommunizierens, Argumentierens, Modellierens, Mathematisierens, Validierens des Visualisierens und des systematischen Probierens hin. Dabei erfolgt das systematische Probieren, bei der Verwendung von verschiedenen Wahrscheinlichkeitsverteilungen, für die Simulationen und stellt eine Heuristik dar. Die Wissenskonstruktion erfolgt durch das Probieren und das Begründen explorativ und reflexiv. Die Konzeption bezüglich der Anschauungsstufen bei der Repräsentation ist ebenfalls die Variation des Allgemeinheitsgrades, welche von den Schüler:innen mithilfe eines Arbeitsblattes umgesetzt werden kann. Der Übergang von dem Allgemeinen zu dem Konkreten fordert die Formalisierung durch die Lernenden.

Die Genese kann wie angesprochen mithilfe eines genetischen Ansatzes realisiert werden. Die Fokussierung des genetischen Ansatzes könnte mit der Darstellung und einer dafür nötigen Reduktion zu den wichtigsten Faktoren wie in der Einleitung realisiert werden.

Die Faktoren beinhalten den Fehler von Watson und die Untersuchungen innerhalb der Biologie, der Demographie und der Epidemiologie. Die Einbindung der Situation während des Aufkommens der Entstehungsfragestellung und des Grundes für die Berücksichtigung von nur adligen Familien kann thematisiert werden.

Die Neugier und das Interesse sollen mithilfe der angeführten, alltagsnahen Aktivitäten, des genetischen Ansatzes, der heutigen, innermathematischen und der außermathematischen Relevanz und der Vielzahl an Repräsentationen angeregt werden. Die Analyse der geschichtlichen Situation zur Zeit der Entstehung der Prozesse könnte zu einer Vernetzung mit dem Unterrichtsfach Geschichte führen. Diese Verknüpfung beruht auf Vorwissen der Schüler:innen bezüglich der Stellung und der Lebenssituation von Bürger:innen und Adligen. Die Verwendung eines Rechners und der Simulationen tragen zudem zum Interesse bei. Darüber hinaus können spezifische Namen für die einzelnen Themen zur Steigerung des Interesses gewählt werden. Der genetische Ansatz könnte mithilfe eines Titels wie „Die gelöste, aber unerschlossene Fragestellung“ die Neugier einiger Schüler:innen wecken. Auch eine provozierende Behauptung, etwa dass innerhalb unserer Gesellschaft jeder Familienname irgendwann ausstirbt oder unendlich viele Menschen denselben Namen erlangen, kann motivierend wirken. Dabei bezieht man sich auf die Voraussetzung der Unabhängigkeit und die Extinktions-Explosions-Dichotomie. Die oben genannte Erzeugung einer eigenen Aufgabe für ein beliebiges Themengebiet kann die Kreativität der Schüler:innen im Unterricht anregen. Darüber hinaus kann die Bedeutung des Themas innerhalb von anderen Themengebieten oder der Mathematik durch die Konzeption der Aufgaben betrachtet werden. Ferner kann die Behandlung des Fehlers von Watson, eines renommierten Wissenschaftlers, die Angst vor eigenen Fehlern reduzieren. Die derzeitige Relevanz wird durch die Berücksichtigung der Verwendung des Konzeptes in der Corona-Pandemie dargestellt.

Die Kanten des Graphen können ebenfalls explizit untersucht werden. Dabei füllen sich die Kanten des Graphen umso mehr, je vielfältiger die Aspekte des Mathematikunterrichts verwoben sind. Bei der Untersuchung der Kanten wurden die folgenden Verknüpfungen festgestellt:

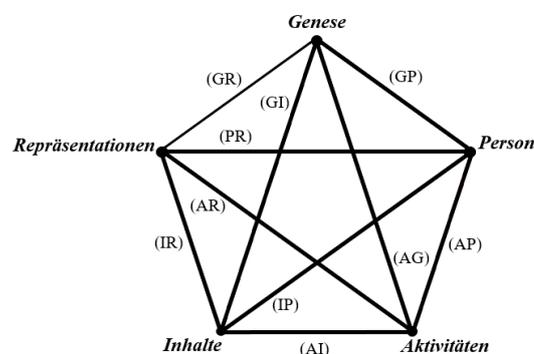


Abbildung 18: Übersicht über die vorkommenden Verknüpfungen bezüglich der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse. Dickere Kanten repräsentieren stärkere Verknüpfungen.

Einige Repräsentationen können für die Untersuchung der Inhalte (IR) verwendet werden. Beispielsweise kann ein Histogramm für die Analyse der Vorbedingung der Extinktions-Explosions-Dichotomie (siehe Kapitel Simulationen) oder der Graph der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion und der Winkelhalbierenden genutzt werden. Die Einführung mithilfe der Entstehungsfragestellung und die Betrachtung des Kritikalitätstheorems anhand der theoretischen Entwicklung stellt eine Verknüpfung zwischen der Genese und den Inhalten (GI) dar. Dabei wird bei der Analyse der Entstehungsfragestellung ebenfalls ein Austausch innerhalb des Plenums durchgeführt, wodurch das Kommunizieren und Argumentieren angestoßen und somit eine Vernetzung der Aktivitäten und der Genese hergestellt wird (AG). Diese historischen Betrachtungen einschließlich der damaligen Situation können zu der Neugier beitragen, wodurch ein Zusammenhang zwischen der Genese und der eigenen Person hergestellt wird (GP). Des Weiteren führt die Behandlung von Beweisen und der theoretischen Konstrukte zu der Verwendung des Formalisierens, Argumentierens, Kommunizierens, Beweisens und Begründens und somit zur Vernetzung der Aktivitäten mit den Inhalten (AI). Die aufgeworfene Überlegung bezüglich der Motivation mithilfe der Extinktions-Explosions-Dichotomie stellt einen Zusammenhang zwischen den Inhalten und der Person dar (IP). Die aktive Überführung der einzelnen Repräsentationen ineinander, die Visualisierung des Prozesses beispielsweise mithilfe eines Baumes und die Analyse des Graphen der wahrscheinlichkeitserzeugenden Funktion und die damit in Zusammenhang stehende Argumentation und Begründung sind Argumente für die Verknüpfung zwischen den Aktivitäten und der Repräsentation (AR). Außerdem ist das Anwenden des Modells in verschiedenen Themenbereichen und die selbstständige Modellierung für diese Themengebiete eine Vernetzungsmöglichkeit der Aktivitäten mit der Person (AP). Die Verwendung der verschiedenen Repräsentationen bei den Simulationen wird bei den Prozessen als Verknüpfung zwischen dem Gebiet der Person und den Repräsentationen angesehen, weil so Interesse geweckt werden kann (PR). Bezüglich der Gebiete Genese und Repräsentation (GR) ist ein Vernetzungspotential bei der Darstellung der historischen Entwicklung mithilfe eines Zeitstrahls zu sehen, wodurch die jahrhundertelange Entwicklung und die hohe Anzahl an Beteiligten verdeutlicht wird.

Abschließend lässt sich feststellen, dass die zahlreichen Aspekte zu den einzelnen Themen auf eine stärkere Vernetzung der Themengebiete hinweisen (vgl. von der Bank 2016: 227). Des Weiteren unterstützt die Vielzahl an Zusammenhängen innerhalb des Graphen die Verwendung des Stoffes in dem Unterricht (vgl. von der Bank 2016: 242-243). Die Fülle an Verknüpfungen spricht ebenfalls dafür, dass ein solcher Unterricht an den Fundamentalen Ideen orientiert ist (vgl. von der Bank 2016: 247-248). Entsprechend dieses Vernetzungspentagraphen wird die Behandlung der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse unterstützt.

Durch die anfänglichen Betrachtungen der Kataloge von Heitele und Borovcnik bezüglich der Fundamentalen Ideen ist die Anwendung als weiterführendes Konzept möglich. Die direkte Behandlung im Rahmenlehrplan von Berlin und Brandenburg ist eher nicht möglich, obwohl die für die Einführung notwendigen Konzepte angebracht werden. Dabei werfen mehrere verschiedene Kritikpunkte die Frage

auf, ob eine Umorientierung, Umformulierung und Neustrukturierung nötig ist. Die Umstrukturierung wurde innerhalb von Nordrhein-Westfalen realisiert und führte zur Entwicklung des Kernlehrplans. Der Kernlehrplan umfasst im Gegensatz zu dem Rahmenlehrplan weiterführende stochastische Prozesse wie die Markov-Ketten. Deren Vorteile sind auch auf das Gebiet der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse übertragbar. Sie wurden bei der Untersuchung einer Unterrichtssequenz und der Betrachtung mithilfe eines Vernetzungspentagraphen eingebunden und übertragen. Der Pentagraph zeigt die Vielzahl an Vernetzungen innerhalb der Mathematik und bezüglich der Fundamentalen Ideen durch die Betrachtung des Themengebietes innerhalb des Unterrichts auf. Somit würde die Anwendung der Prozesse eine Vielzahl an Vorteilen erzielen.

Abschließend ist anzuführen, dass die Bienaymé-Galton-Watson Prozesse innerhalb eines an den Fundamentalen Ideen orientierten Unterrichts und innerhalb eines bezüglich der Leitideen strukturierten Rahmenlehrplans eingeführt werden können, beispielsweise, welches der angeführten oder der dann möglichen weiteren mathematischen Themengebiete eingeführt werden sollten. Um angesprochene Vorteile zu erzielen, müsste man bezüglich der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse die explizite Anwendung ausführlich gestalten und die oben angesprochene Unterrichtssequenz ausformulieren. Außerdem werfen die angeführten Kritikpunkte gegenüber dem gemeinsamen Rahmenlehrplan von Brandenburg und Berlin die Frage auf, ob diese Defizite auch in anderen Plänen der deutschen Bundesländer auftreten und wie diese überarbeitet werden können.

5 Anhang

Listing 1: Quellcode für die Simulation des Bienaymé-Galton-Watson Prozesses der Entstehungsfragestellung

```
1 import numpy as np
2 import matplotlib.pyplot as plt
3 import pandas as pd
4 import networkx as nx
5 from pyvis.network import Network
6 import random
7 import statistics
8 from matplotlib.widgets import Button
9
10 #Die Funktion verwaltet die Ausführung der Simulationen. Dabei erfolgt das Aufrufen
    bestimmter Funktionen in Abhängigkeit der Anzahl der gewünschten Simulationen.
11 def simulationen (apg , sz , aS , whkV ) :
12     PeGAgesamt=[]
13     PeGADurchschnittlicheGroessen=[]
14     #Der Erwartungswert und die Aussterbewahrscheinlichkeit werden berechnet.
15     erwartungswert=0
16     for zähler in range(6):
17         erwartungswert+=zähler*whkV[ len(whkV)-1-zähler ]
18     aussterbewahrscheinlichkeit=1
19     polynom=[]
20     for i in whkV:
21         polynom.append(i)
22     polynom[4]=polynom[4]-1
23     polynomDerFixpunktgleichung=np.poly1d(polynom)
24     nullstellen=np.roots(polynomDerFixpunktgleichung)
25     for zahlen in nullstellen:
26         if(zahlen.imag==0.0 and 0<zahlen.real<aussterbewahrscheinlichkeit):
27             aussterbewahrscheinlichkeit=zahlen.real
28     #Die Simulationen werden durchgeführt und die erlangten Werte werden abgespeichert.
    Dabei sind für die Graphiken die Populationsgrößen innerhalb der jeweiligen Generationen
    relevant.
29     #Des Weiteren werden die arithmetischen Mittelwerte berechnet. Die Werte dienen dem
    Darstellen der durchschnittlichen Populationsgröße.
30     for anzahl in range(aS):
31         ergebnis=entstehungsfragestellung (apg , sz , aS , erwartungswert ,
    aussterbewahrscheinlichkeit , whkV)
32         PeGA=ergebnis[0]
33         PeGAgesamt.append(PeGA)
34         PeGADurchschnittlicheGroessen.append( statistics.mean(PeGA))
35     PeGADurchschnitt= statistics.mean( PeGADurchschnittlicheGroessen)
36     #Falls genau eine Simulation durchgeführt werden sollte , wird ein interaktiver Graph
    erstellt.
37     if (aS==1):
38         #Die erlangten Ergebnisse der Berechnung werden in zugehörigen Variablen
    abgespeichert , um sie der Funktion zu übergeben.
39         g=ergebnis[1]
40         farben=ergebnis[2]
41         KE=ergebnis[3]
42         KA=ergebnis[4]
```

```

43     Knoten=ergebnis [5]
44     Gruppe=ergebnis [6]
45     erstellenDesInteraktivenGraphen (Knoten ,Gruppe ,g ,KE,KA, farben )
46     grafikFuerPopulationswachstum (PeGAgesamt ,apg ,aS ,PeGADurchschnitt ,erwartungswert ,
47     aussterbewahrscheinlichkeit )
48     histogrammFuerPopulationswachstum (PeGAgesamt ,apg ,aS ,PeGADurchschnitt ,erwartungswert ,
49     aussterbewahrscheinlichkeit )
48     #Falls genau eine Simulation durchgeführt werden sollte , wird die Entwicklung des
49     Graphen dargestellt .
49     if (aS==1):
50         erzeugenEinesWandelndenGraphen (Knoten , farben ,KE,KA,apg ,PeGA,g ,erwartungswert ,
51         aussterbewahrscheinlichkeit )
51
52 #Es erfolgt die Simulation des Verzweigungsprozesses .
53 def entstehungsfragestellung (apg ,sz ,aS ,erwartungswert ,aussterbewahrscheinlichkeit ,whkV):
54     #Es wird ein Array für die Verwaltung der Populationsgrößen der einzelnen Generationen
55     PeGA definiert und initialisiert .
56     #Das multidimensionale Array PeG dient dem Abspeichern der Anzahl der Kinder eines
57     Partikels .
58     #Die betrachtete Generation wird mithilfe der Variable g angegeben .
59     g=0
60     PeG=[[ apg ]]
61     PeGA=[apg]
62     #Die Verwaltung der jeweiligen zugehörigen Gruppe für einen Knoten und aller Knoten
63     erfolgt mithilfe der Arrays Gruppe und Knoten .
64     #Die Arrays werden für die grafische Ausgabe benötigt .
65     #Die Bezeichnung der Knoten erfolgt nach folgendem Schema: X . Generation . n-te Kind
66     der Generation = Populationsgröße der g-ten Generation .
67     Gruppe=['group0' ]
68     Knoten=['X.0.0='+str (apg)]
69     #Es werden die Arrays KE und KA definiert , welche die Knoten für die Kanten verwalten .
70     #Dabei verwaltet KE den ersten Knoten und KA verwaltet den zweiten Knoten der jeweiligen
71     Kanten .
72     KE=[]
73     KA=[]
74     #Die nachfolgenden Arrays werden für die Verwaltung der Farben der jeweiligen Generation
75     verwendet .
76     #color verwaltet die zufällig generierte Farbe der jeweiligen Generation und farben
77     verwaltet die Farben für den zugehörigen Knoten .
78     color =[]
79     farben=[]
80     color.append("#"+' '.join ([random.choice ('0123456789ABCDE') for j in range (6)]))
81     farben.append (color [0])
82     #Die Entwicklung des Graphen wird in Form von Bildern für die nullte Generation
83     visualisiert .
84     if (aS==1):
85         erzeugenEinesGraphenBilder (Knoten , farben ,KE,KA,apg ,PeGA,g ,erwartungswert ,
86         aussterbewahrscheinlichkeit )
87     #Im Nachfolgenden wird die Simulation solange durchgeführt , bis die vorgegebene
88     Schrittzahl erreicht wurde , oder eine Generation keine Nachkommen mehr hat .
89     while (g<sz):
90         #Die Generation wird berechnet und die zugehörige Farbe wird festgelegt .
91         g=g+1
92         farbe="#"+' '.join ([random.choice ('0123456789ABCDE') for j in range (6)]))
93         while farbe in color:

```

```

84         farbe="#"+''.join([random.choice('0123456789ABCDE') for j in range(6)])
85     color.append("#"+"'.join([random.choice('0123456789ABCDE') for j in range(6)])
86     #Die Verwaltungsvariablen werden angepasst.
87     PeG.append([])
88     PeGA.append(0)
89     #Es erfolgen die Berechnungen und das Abspeichern der Ergebnisse in den vorgesehenen
Variablen.
90     Ergebnis=berechnungUndKonstruktion(PeGA,PeG,g,color,farben,KE,KA,Knoten,Gruppe,whkV)
91     PeGA=Ergebnis[0]
92     PeG=Ergebnis[1]
93     farben=Ergebnis[2]
94     KE=Ergebnis[3]
95     KA=Ergebnis[4]
96     Knoten=Ergebnis[5]
97     Gruppe=Ergebnis[6]
98     #Diese Verzweigung fängt den Fall ab, dass eine Generation keine Nachkommen hat.
99     if (PeGA[g]==0):
100         break
101     #Die Ausgabe von Bildern der Entwicklung des Graphen erfolgt im Anschluss.
102     #Das Erzeugen von Bildern geschieht nach jeder Generation.
103     if (aS==1):
104         erzeugenEinesGraphenBilder(Knoten,farben,KE,KA,apg,PeGA,g,erwartungswert,
aussterbewahrscheinlichkeit)
105     return [PeGA,g,farben,KE,KA,Knoten,Gruppe]
106
107 #Die Funktion wird für die Simulation der Zufallsvariablen eingesetzt.
108 def berechnungUndKonstruktion(PeGA,PeG,g,color,farben,KE,KA,Knoten,Gruppe,whkV):
109     #Es werden zwei Hilfsvariablen definiert. Die Zahl bezeichnung dient der richtigen
Benennung der einzelnen Variablen.
110     #Die Zahl bV wird für die richtige Bezeichnung des Vorfahren genutzt.
111     bezeichnung=0
112     bV=0
113     #Es erfolgt die Simulation der Verzweigung, wobei die Anzahl der Kinder von
Zufallsvariablen kvP berechnet wird.
114     #aDV ist eine Hilfsvariable, die die Anzahl der Verzweigungen der Generation g-2
verwaltet.
115     #aDEK ist eine Hilfsvariable, die die Anzahl der entstandenen Kinder bei der aDV-ten
Verzweigung verwaltet.
116     #Durch die Iteration über die beiden Hilfsvariablen betrachtet man die Verzweigung jedes
Partikels der (g-1)-ten Generation.
117     for aDV in range(0,len(PeG[g-1])):
118         for aDEK in range(0,PeG[g-1][aDV]):
119             #Es erfolgt die Simulation einer Gleichverteilung auf [0,1], wobei die
Wahrscheinlichkeit whk erlangt wird.
120             whk=random.uniform(0,1)
121             #Die Simulation der diskreten Verteilung erfolgt unter Berücksichtigung der
Gleichverteilung.
122             #Dabei werden einerseits die Intervalle mithilfe von whkI festgelegt.
123             #Andererseits wird mithilfe der Summe whkSumme bestimmt, im welchen Intervall
die gleichverteilte Wahrscheinlichkeit liegt.
124             whkSumme=0
125             #Nun wird die Anzahl der Kinder von einem Partikel kvP festgelegt.
126             for kvP in range(0,len(whkV)):
127                 whkSumme+=whkV[len(whkV)-1-kvP]
128                 if (whkSumme>=whk):

```

```

129         break
130     #Die Arrays für die Verwaltung der Generationen werden dementsprechend angepasst
.
131     PeG[g].append(kvP)
132     PeGA[g]=PeGA[g]+kvP
133     #Die Kanten werden angepasst.
134     #Das Array farben wird für jedes Kind um die Farbe der Generation erweitert.
135     #Die Kanten werden vergrößert, indem KE um das Partikel der vorhergehenden
Generation und KA um das neu entstandene Partikel erweitert werden.
136     if(kvP!=0):
137         #k realisiert die Erweiterung für jedes Kind.
138         for k in range(0,kvP):
139             farben.append(color[g])
140             if(g==1):
141                 KE.append('X.'+str(g-1)+'.'+str(0)+'='+str(PeGA[g-1]))
142             else:
143                 KE.append('X.'+str(g-1)+'.'+str(bV)+'='+str(PeGA[g-1]))
144                 KA.append('X.'+str(g)+'.'+str(bezeichnung+k)+'=')
145             #bezeichnung und bV werden angepasst. Der nächste Vorfahre wird bestimmt und
die Bezeichnung der Kinder wird erhöht.
146             bV+=1
147             bezeichnung+=kvP
148 #Diese Verzweigung fängt den Fall ab, dass eine Generation keine Nachkommen hat.
149 #Falls eine Generation keine Nachkommen hat, soll keine Veränderung der Arrays Knoten
und Gruppe erfolgen.
150 if(PeGA[g]==0):
151     return [PeGA,PeG, farben ,KE,KA, Knoten , Gruppe ]
152 #Die Arrays Knoten und Gruppe werden angepasst, damit jeder Knoten der Generation die
Gesamtanzahl an Knoten innerhalb der Generation abspeichert und die Gruppen korrekt
vorgegeben sind.
153 for j in range(bezeichnung):
154     KA[len(KA)-j-1]=KA[len(KA)-j-1]+str(PeGA[g])
155     Knoten.append(KA[len(KA)-j-1])
156     Gruppe.append('group'+str(g))
157 return [PeGA,PeG, farben ,KE,KA, Knoten , Gruppe ]
158
159 #Es erfolgt die Darstellung der Verzweigungsprozesse mithilfe eines Graphen.
160 #Dabei besteht der Graph aus mehreren Kurven. Die einzelnen Kurven stellen die Populationsgr
ößen der Verzweigungsprozesse zum Zeitpunkt der jeweiligen Generation dar.
161 #Die schwarze Kurve stellt die durchschnittliche Populationsgröße aller simulierten
Verzweigungsprozesse dar.
162 def grafikFuerPopulationswachstum (PeGAgesamt , apg , aS , PeGADurchschnitt , erwartungswert ,
aussterbewahrscheinlichkeit):
163     #Es wird eine figure erstellt mit einem subplot, wodurch ein Textfeld eingefügt werden
kann.
164     #Das Textfeld umfasst wichtige Kennwerte der simulierten Populationen, wie die
Austerbewahrscheinlichkeit, den Erwartungswert und die durchschnittliche Populationsgrö
ße.
165     fig, ax = plt.subplots(figsize=(8, 6))
166     textstr = '\n'.join((r'Aussterbewahrscheinlichkeit  $\alpha$  =%.4f' % (pow(
aussterbewahrscheinlichkeit , apg)), r'Erwartungswert E =%.2f' % (erwartungswert), r'
Durchschnittliche Größe =%.2f' % (PeGADurchschnitt)))
167     props = dict(boxstyle='square', facecolor='white', alpha=0.25)
168     #Es wird ein Netz für die bessere Erfassung der Kennwerte eingefügt und die Achsen
werden mit den zugehörigen Interpretationen versehen.

```

```

169 #Der Titel der figure wird ebenfalls festgelegt.
170 plt.grid(axis='y', alpha=0.75)
171 fig.suptitle("Entstehungsfragestellung")
172 ax.set(xlabel='Generationen',ylabel='Populationsgröße')
173 ax.text(0.05, 0.95, textstr, transform=ax.transAxes, fontsize=14, verticalalignment='top
', bbox=props)
174 #Im nachfolgenden werden die einzelnen Kurven schrittweise dargestellt und gleichzeitig
werden die Werte für die schwarze Kurve ermittelt.
175 #Das Array durchschnittPopulationsgroessen ist zweidimensional. Dabei besteht jede Zeile
aus den Größen der jeweiligen Simulationen innerhalb einer Generation.
176 durchschnittPopulationsgroessen=[]
177 color=[]
178 color.append("#"+''.join([random.choice('123456789ABCDE') for j in range(6)]))
179 for anzahl in range(aS):
180     #Die Daten der Kurven werden erzeugt und dargestellt. Außerdem werden die Farben der
einzelnen Kurven bestimmt.
181     df=pd.DataFrame({'x_axis': range(len(PeGAgesamt[anzahl])), 'y_axis': PeGAgesamt[
anzahl] })
182     ax.plot('x_axis', 'y_axis', data=df, linestyle='-', alpha = 0.9, color=color[len(
color)-1])
183     farbe="#"+''.join([random.choice('123456789ABCDE') for j in range(6)])
184     while farbe in color:
185         farbe="#"+''.join([random.choice('123456789ABCDE') for j in range(6)])
186     color.append(farbe)
187     #Das Array durchschnittPopulationsgroessen wird erweitert, damit die einzelnen Werte
übernommen werden können.
188     if(len(durchschnittPopulationsgroessen)<len(PeGAgesamt[anzahl])):
189         for erweiterung in range(len(PeGAgesamt[anzahl])-len(
durchschnittPopulationsgroessen)):
190             durchschnittPopulationsgroessen.append([])
191     #Die Anzahl der Elemente aller Simulationen der jeweiligen Generation werden dem
Array hinzugefügt.
192     for auffüllen in range(len(PeGAgesamt[anzahl])):
193         durchschnittPopulationsgroessen[auffüllen].append(PeGAgesamt[anzahl][auffüllen])
194 #Die durchschnittliche Größe zum Zeitpunkt der jeweiligen Generation wird ermittelt.
195 #Aufgrund des Aufbaus von durchschnittPopulationsgroessen kann der Durchschnitt der Werte
des jeweiligen Arrays berechnet werden.
196 durchschnittGroessen=[]
197 for berechnung in durchschnittPopulationsgroessen:
198     durchschnittGroessen.append(statistics.mean(berechnung))
199 #Die schwarze Kurve wird dargestellt.
200 df=pd.DataFrame({'x_axis': range(len(durchschnittGroessen)), 'y_axis':
durchschnittGroessen })
201 ax.plot('x_axis', 'y_axis', data=df, linestyle='-', color='black')
202 #Die Grafik wird dargestellt und abgespeichert.
203 plt.savefig('GEF.png', dpi=fig.dpi)
204 plt.show()
205
206 #Es erfolgt die Darstellung der Verzweigungsprozesse mithilfe eines stacked Histogrammes.
207 #Dabei besteht das Histogramm aus einzelnen Balken, die weiter in Farben unterteilt werden.
Der Abstand zwischen den Farben zeigt die Häufigkeit der jeweiligen Größe innerhalb von
einer Population an.
208 #Die Gesamthöhe zeigt die Häufigkeit der Größe in allen Generationen an.
209 #Die schwarze Kurve stellt die durchschnittliche Häufigkeit des Auftretens der jeweiligen
Populationsgröße aller simulierten Verzweigungsprozesse dar.

```

```

210 def histogrammFuerPopulationswachstum(PeGAGesamt, apg, aS, PeGADurchschnitt, erwartungswert,
211     aussterbewahrscheinlichkeit):
212     #Es wird eine figure mit einem subplot erstellt, wodurch ein Textfeld eingefügt werden
213     kann.
214     #Das Textfeld umfasst wichtige Kennwerte der simulierten Populationen wie die
215     Austerbewahrscheinlichkeit, den Erwartungswert und die durchschnittliche Populationsgröße
216     bei Beendigung der jeweiligen Simulation.
217     fig, ax = plt.subplots(figsize=(8, 6))
218     textstr = '\n'.join((r'Aussterbewahrscheinlichkeit  $\alpha$  =%.4f' % (pow(
219     aussterbewahrscheinlichkeit, apg)), r'Erwartungswert E =%.2f' % (erwartungswert), r'
220     Durchschnittliche Größe =%.2f' % (PeGADurchschnitt)))
221     props = dict(boxstyle='square', facecolor='white', alpha=0.25)
222     #Es wird ein Stil für die Darstellung des Histogrammes und ein Titel festgelegt.
223     plt.style.use('bmh')
224     #Es wird ein Netz für die bessere Erfassung der Kennwerte eingefügt und die Achsen
225     werden mit den zugehörigen Interpretationen versehen.
226     #Der Titel der figure wird bestimmt.
227     plt.grid(axis='y', alpha=0.75)
228     fig.suptitle("Entstehungsfragestellung : Wie oft tritt eine vorgegebene Populationsgröße
229     auf?")
230     ax.set(xlabel='Populationsgröße', ylabel='Häufigkeit')
231     ax.text(0.05, 0.95, textstr, transform=ax.transAxes, fontsize=14, verticalalignment='top',
232     bbox=props)
233     #Im Nachfolgenden wird die maximale Größe einer Population bezüglich aller Simulationen
234     festgestellt.
235     #Die maximale Größe legt die dargestellten Werte auf der x-Achse fest.
236     binsmax=0
237     for anzahl in range(aS):
238         bins=np.amax(PeGAGesamt[anzahl])
239         if (bins>binsmax):
240             binsmax=bins
241     xAchse=range(binsmax)
242     #Die Elemente der y-Achse werden mithilfe eines Arrays abgespeichert.
243     #Das Array ist zweidimensional und eine Zeile umfasst die Häufigkeiten der Populationsgröße
244     einer Simulation zu den einzelnen Zeitpunkten.
245     yAchseGesamt=[]
246     for anzahl in range(aS):
247         #Es wird ein Array aus Nullen erzeugt und dem Array yAchseGesamt hinzugefügt, damit
248         die Häufigkeit der Populationsgröße festgestellt werden kann.
249         zero=[]
250         for auffüllen in range(binsmax):
251             zero.append(0)
252         yAchseGesamt.append(zero)
253         #Die Häufigkeiten werden berechnet, indem die Gesamthäufigkeit für jedes Vorkommen
254         um Eins erhöht wird.
255         for häufigkeit in PeGAGesamt[anzahl]:
256             yAchseGesamt[anzahl][häufigkeit-1]+=1
257     #Das letztendliche Histogramm wird erzeugt und die Darstellung wird festgelegt.
258     ax.hist(PeGAGesamt, binsmax, histtype='bar', stacked=True)
259     #Es wird eine Liste der einzelnen Häufigkeiten zu den jeweiligen Zeitpunkten erstellt.
260     yAchseEinzel=list(map(list, zip(*yAchseGesamt)))
261     #Die einzelnen Mittelwerte werden berechnet, um die schwarze Kurve darzustellen.
262     yAchse=[]
263     for i in range(binsmax):
264         yAchse.append(statistics.mean(yAchseEinzel[i]))

```

```

252 #Die Daten für die schwarze Kurve werden bestimmt und die schwarze Kurve wird reprä
    sentiert.
253 df=pd.DataFrame({'x_axis': xAchse, 'y_axis': yAchse})
254 ax.plot('x_axis', 'y_axis', data=df, linestyle='-', color='black')
255 #Die figure wird angezeigt und das entstandene Bild wird abgespeichert.
256 plt.savefig('HEF.png', dpi=fig.dpi)
257 plt.show()
258
259 #Die nachfolgende Funktion dient der Erzeugung der Bilder des Graphen.
260 def erzeugenEinesGraphenBilder(Knoten, farben, KE, KA, apg, PeGA, g, erwartungswert,
    aussterbewahrscheinlichkeit):
261 #Es wird eine figure erstellt mit einem subplot, wodurch ein Textfeld eingefügt werden
    kann.
262 #Das Textfeld umfasst wichtige Kennwerte der simulierten Populationen wie die
    Austerbewahrscheinlichkeit, den Erwartungswert und die durchschnittliche Populationsgrö
    ße bei Beendigung der jeweiligen Simulation.
263 fig, ax = plt.subplots(figsize=(8, 6))
264 textstr = '\n'.join((r'Aussterbewahrscheinlichkeit  $\alpha=0.4f$ ' % (pow(
    aussterbewahrscheinlichkeit, apg)), r'Erwartungswert  $E=0.4f$ ' % (erwartungswert), r'
    Derzeitige Populationsgröße  $=0.4f$ ' % (PeGA[len(PeGA)-1])))
265 props = dict(boxstyle='square', facecolor='white', alpha=0.25)
266 ax.text(0.05, 0.95, textstr, transform=ax.transAxes, fontsize=14, verticalalignment='top
    ', bbox=props)
267 #Es wird ein NetworkX Graph erzeugt.
268 G=nx.Graph()
269 #Die Kanten werden mithilfe der Kombination der dafür definierten Arrays KE und KA
    erstellt.
270 Kanten=arrayConcatenate(KE,KA)
271 #Die nachfolgende Verzweigung dient dem Abfangen des Falles, dass keine Kanten im
    Graphen vorhanden sind.
272 #Dieser Fall kann nicht auftreten, wenn die Populationsgröße innerhalb der ersten
    Generation größer ist als 0.
273 if(Kanten==[]and(KE!=[] or KA!=[]) and g!=0):
274     print("Die Längen der Arrays stimmen nicht überein.")
275 #Falls die Kanten richtig definiert wurden, können die Knoten und die Kanten des
    darzustellenden Graphen festgelegt werden.
276 else:
277     G.add_nodes_from(Knoten)
278     G.add_edges_from(Kanten)
279     #Es wird ein Array für die Verwaltung der Knotenfarben des Verzweigungsprozesses
    festgelegt. Dabei muss die Position der Farben mit der Position der Knoten ü
    bereinstimmen.
280     node_color=[]
281     for node in G.nodes(data=True):
282         position=Knoten.index(node[0])
283         node_color.append(farben[position])
284     #Der Graph wird gezeichnet, wobei die labels angezeigt werden und ein Layout gewählt
    wird. Das Layout reduziert die Anzahl der bildlichen Überschneidungen von Kanten.
285     nx.draw(G, with_labels=True, font_weight='bold', node_color=node_color, node_size=50,
    font_color="black", pos=nx.fruchterman_reingold_layout(G))
286     plt.title("Entstehungsfragestellung")
287     #Das Bild wird abgespeichert und die figure wird geschlossen, damit die einzelnen
    Bilder nicht angezeigt werden.
288     plt.savefig('EF'+str(g)+'.png', dpi=fig.dpi)
289     plt.close(fig)

```

```

290
291 #Die nachfolgende Funktion dient der Erzeugung der Darstellung der ersten Repräsentation des
    User Interface.
292 def erzeugenEinesWandelndenGraphen(Knoten , farben ,KE,KA, apg ,PeGA, g , erwartungswert ,
    aussterbewahrscheinlichkeit):
293     #Es wird eine figure mit einem subplot erstellt , wodurch ein Textfeld eingefügt werden
    kann.
294     #Das Textfeld umfasst wichtige Kennwerte der simulierten Populationen wie die
    Austerbewahrscheinlichkeit , den Erwartungswert und die durchschnittliche Populationsgröß
    e bei Beendigung der jeweiligen Simulation.
295     fig2 , ax2 = plt.subplots(figsize=(8, 6))
296     textstr = '\n'.join((r'Aussterbewahrscheinlichkeit  $\alpha$ =%.4f$' % (pow(
    aussterbewahrscheinlichkeit , apg)), r'Erwartungswert E$=%.4f$' % (erwartungswert), r'
    Derzeitige Populationsgröße  $\bar{N}$ =%.d$' %(apg)))
297     props = dict(boxstyle='square', facecolor='white', alpha=0.25)
298     ax2.text(0.05, 0.95, textstr, transform=ax2.transAxes, fontsize=14, verticalalignment='
    top', bbox=props, alpha=0.8)
299     #Es wird ein NetworkX Graph erzeugt.
300     G=nx.Graph()
301     #Es wird der Knoten und die dementsprechende Farbe der Ausgangspopulation hinzugefügt.
302     G.add_node(Knoten[0])
303     node_color=[]
304     for node in G.nodes(data=True):
305         position=Knoten.index(node[0])
306         node_color.append(farben[position])
307     #Der Graph wird gezeichnet , wobei die labels angezeigt werden und ein Layout gewählt
    wird. Das Layout reduziert die Anzahl der bildlichen Überschneidungen von Kanten.
308     nx.draw(G, with_labels=True, font_weight='bold', node_color=node_color, node_size=50,
    font_color="black", pos=nx.fruchterman_reingold_layout(G))
309     plt.title("Entstehungsfragestellung", alpha=0.8)
310     #Es wird ein Button erzeugt und eingefügt. Die Position , das Aussehen und das Reagieren
    auf eine Betätigung des Buttons wird festgelegt.
311     axButton1 = plt.axes([0.1,0.1,0.1,0.1])
312     button1 = Button( ax = axButton1 , label = 'Nächstes')
313     #Für das Verwalten der einzelnen Elemente und einer Zählvariable wird eine Klasse
    definiert und ein Objekt initialisiert.
314     zaehler0=zaehler(Knoten , farben ,KE,KA, apg ,PeGA, g, fig2 , erwartungswert ,
    aussterbewahrscheinlichkeit)
315     button1.on_clicked(zaehler0.schleife)
316     #Die figure wird dargestellt.
317     plt.show()
318
319 #Die Klasse dient der Verwaltung einer Zählvariable und der Umsetzung der Benutzung des
    Buttons.
320 class zaehler:
321     #Die Variable zum Zählen dient der Feststellung , welche Generationen im Graphen
    dargestellt werden sollen.
322     zaehler=0
323
324     #Um den Zugriff auf die einzelnen Variablen innerhalb der Klasse zu ermöglichen , wird
    ein Standardkonstruktor genutzt.
325     #Der Standardkonstruktor weist den Attributen des Objektes die übergebenen Werte zu.
326     def __init__( self , Knoten , farben ,KE,KA, apg ,PeGA, g, fig2 , erwartungswert ,
    aussterbewahrscheinlichkeit):
327         self.Knoten=Knoten

```

```

328     self.farben=farben
329     self.KE=KE
330     self.KA=KA
331     self.apg=apg
332     self.PeGA=PeGA
333     self.g=g
334     self.fig2=fig2
335     self.erwartungswert=erwartungswert
336     self.aussterbewahrscheinlichkeit=aussterbewahrscheinlichkeit
337
338     #Die nachfolgende Funktion wird nach der Verwendung des Buttons ausgeführt und dient dem
339     #Verarbeiten des Inputs.
340     def schleife(self, event):
341         #Die Zählvariable wird erhöht, damit die Betätigung des Buttons abgespeichert wird.
342         self.zaehler+=1
343         zahl=self.zaehler
344         #Falls die letzte Generation nicht erreicht wurde, wird die Entwicklung des Graphen
345         #dargestellt.
346         if(self.zaehler<self.g):
347             #Die figure wird bereinigt, damit neue Informationen dargestellt werden können.
348             self.fig2.clf()
349             self.fig2.set_size_inches(8, 6)
350             #Die Entwicklung der Generationen bis zum Zeitpunkt der betrachteten Generation
351             #wird miteinbezogen.
352             anzahlKnoten=1
353             for i in range(1, zahl+1):
354                 anzahlKnoten+=self.PeGA[i]
355             #Es wird ein NetworkX Graph erzeugt.
356             G=nx.Graph()
357             #In Abhängigkeit der ermittelten Anzahl an Knoten werden die Kanten, Farben und
358             #Knoten festgelegt.
359             anzeigeKnoten=self.Knoten[:anzahlKnoten]
360             anzeigeKE=self.KE[:anzahlKnoten-1]
361             anzeigeKA=self.KA[:anzahlKnoten-1]
362             anzeigeFarben=self.farben[:anzahlKnoten]
363             Kanten=arrayConcatenate(anzeigeKE, anzeigeKA)
364             #Falls ein Fehler bezüglich der Ermittlung der Kanten aufgetreten ist, erfolgt
365             #keine Veränderung.
366             if(Kanten==[]and(anzeigeKE!=[] or anzeigeKA!=[])):
367                 print("Die Längen der Arrays stimmen nicht überein.")
368             else:
369                 #Der Graph wird um die Knoten und Kanten erweitert und es werden die benö
370                 #tigten Farben festgelegt.
371                 G.add_nodes_from(anzeigeKnoten)
372                 G.add_edges_from(Kanten)
373                 node_color=[]
374                 for node in G.nodes(data=True):
375                     position=anzeigeKnoten.index(node[0])
376                     node_color.append(anzeigeFarben[position])
377                 #Der Graph wird gezeichnet, wobei die Labels angezeigt werden und ein Layout
378                 #gewählt wird. Das Layout reduziert die Anzahl der bildlichen Überschneidungen von
379                 #Kanten.
380                 nx.draw(G, with_labels=True, font_weight='bold', node_color=node_color,
381                 node_size=50, font_color="black", pos=nx.fruchterman_reingold_layout(G))

```

```

373         #Es wird ein Button erzeugt und eingefügt. Die Position, das Aussehen und
das Reagieren auf eine Betätigung des Buttons wird festgelegt.
374         #In Abhängigkeit davon, ob die letzte Generation dargestellt wurde, wird das
Label des Buttons verändert.
375         axButton1 = plt.axes([0.1,0.1,0.1,0.1])
376         if(self.zaehler+1==self.g):
377             button1 = Button( ax = axButton1, label = 'Ende')
378         else:
379             button1 = Button( ax = axButton1, label = 'Nächstes')
380         button1.on_clicked(self.schleife)
381         #Die Überschrift und eine Textbox mit wichtigen Daten werden eingefügt.
382         #Die Daten umfassen die Aussterbewahrscheinlichkeit, den Erwartungswert und
die derzeitig betrachtete Populationsgröße.
383         textstr2 = "Entstehungsfragestellung"
384         textstr = '\n'.join((r'Aussterbewahrscheinlichkeit  $\alpha$ =%.4f' % (pow(
self.aussterbewahrscheinlichkeit,self.apg)), r'Erwartungswert E $S$ =%.4f' % (self.
erwartungswert), r'Derzeitige Populationsgröße  $S$ =%.d' % (self.PeGA[zahl])))
385         props = dict(boxstyle='square', facecolor='white', alpha=0.25)
386         #Die einzelnen Texte und die gesamte figure wird dargestellt.
387         plt.text(0.635, 7.4, textstr, fontsize=14, verticalalignment='top', bbox=
props, alpha=0.8)
388         plt.text(3.6795, 8, textstr2, fontsize=14, verticalalignment='top', alpha
=0.8)
389         plt.show()
390         #Falls die letzte Generation erreicht wurde, wird der Plot geschlossen.
391         else:
392             plt.close()
393
394 #Die Funktion dient dem Verknüpfen von zwei Arrays.
395 def arrayConcatenate(ar1,ar2):
396     #Als Erstes wird ein Fehler bezüglich der Länge der beiden Arrays abgefangen. Sollten
die Längen der Arrays nicht übereinstimmen, soll keine Verknüpfung durchgeführt werden.
397     if(len(ar1)!=len(ar2)):
398         return []
399     kombiniert=[]
400     #Die einzelnen Elemente werden mithilfe eines Tupels gemeinsam in einem Array
abgespeichert.
401     for i in range(0,len(ar1)):
402         kombiniert.append((ar1[i],ar2[i]))
403     return kombiniert
404
405 #Die Funktion dient zur Darstellung des Graphen in einer hierarchischen Übersicht.
406 def erstellenDesInteraktivenGraphen(Knoten,Gruppen,g,KE,KA,farben):
407     #Ein Netzwerk wird erstellt.
408     graph = Network('900px','1800px')
409     #Es werden die Eigenschaft bezüglich der Anordnung der Knoten festlegt und die Knoten
mit der jeweiligen Farbe hinzugefügt.
410     graph.add_nodes(Knoten, title=Knoten, color=farben)
411     #Die Kanten innerhalb des Graphen werden definiert.
412     for i in range(len(KE)):
413         graph.add_edge(KE[i],KA[i])
414     #Optionen bezüglich der Darstellung des Graphen und der Navigationselemente werden
festgelegt. Dabei werden die Optionen im Java-Skript angegeben, aufgrund der Struktur
des packages.
415     graph.set_options('var options = {"edges": {"arrows": {"to": {"enabled": true}}, "color":

```

```

        {"inherit": true}, "font": {"color": "rgba(52,52,52,1)", "selectionWidth": 1, "smooth":
false}, "layout": {"hierarchical": {"enabled": true, "treeSpacing": 150, "sortMethod": "
directed"}}, "interaction": {"navigationButtons": true}, "manipulation": {"enabled": true
, "initiallyActive": true}, "physics": {"hierarchicalRepulsion": {"centralGravity": 0}, "
minVelocity": 0.75, "solver": "hierarchicalRepulsion"}}')
416 #Die html-Datei wird erzeugt und angezeigt.
417 graph.show('Entstehungsfragestellung.html')
418
419 #Der nachfolgende Abschnitt dient der Eingabe der gewünschten Werte.
420 def parameterEingabe():
421     #Die Parameter umfassen sz = Schrittzahl, apg = Ausgangspopulationsgröße, whkV =
Wahrscheinlichkeitsverteilung und aS = Anzahl der Simulationen.
422     sz=0
423     apg=0
424     aS=0
425     whkV=[]
426     sz=naturlicheZahl(sz, " eine positive Schrittzahl an: ")
427     apg=naturlicheZahl(apg, " die Größe der Ausgangspopulation an: ")
428     print("Falls die Anzahl der Simulationen größer als 1 ist werden die Graphen bezüglich
der Auswertung der Daten angezeigt.")
429     print("Wenn die Anzahl der Simulationen als 1 ausgewählt wird, werden zusätzlich ein
interaktiver Graph und die Entwicklung eines Prozesses dargestellt.")
430     aS=naturlicheZahl(aS, " die Anzahl der Simulationen an: ")
431     print('Bitte geben Sie nachfolgend alle Wahrscheinlichkeiten hintereinander an. Die
Trennung der Zahlen erfolgt mit einem Leerzeichen. Beispiel: "0.5 0.3 0.2" .')
432     print("Die Ordnung der Wahrscheinlichkeiten soll nach folgendem Muster erfolgen p5 ...
p0, wobei pj die Wahrscheinlichkeit ist j Kinder zu haben mit j aus {0,...,5}.")
433     while(True):
434         try:
435             whkV=[float(item) for item in input("Wahrscheinlichkeiten: ").split()]
436         except ValueError:
437             print("Bitte wiederholen und überprüfen Sie Ihre Eingabe.")
438             if(len(whkV)==6 and int(sum(whkV))==1):
439                 break
440             print("Bitte achten Sie darauf sechs Wahrscheinlichkeiten anzugeben, die
zusammenaddiert Null ergeben.")
441     #Die erhaltenen Werte werden der Funktion simulationen übergeben.
442     simulationen(apg, sz, aS, whkV)
443
444 #Die Eingabe erfolgt mithilfe einer Fehlerabfrage, weil nur vorgesehene Werte für die
Simulation verwendet werden können.
445 def naturlicheZahl(zahl, text):
446     while(True):
447         try:
448             zahl=int(input("Bitte geben Sie"+text))
449         except ValueError:
450             print("Bitte wiederholen und überprüfen Sie Ihre Eingabe.")
451             if(0<zahl):
452                 break
453             print("Bitte achten Sie darauf eine positive Zahl, ungleich der Null anzugeben.")
454     return zahl
455
456 #Die Funktion parameterEingabe wird aufgerufen, um den Prozess zu beginnen.
457 parameterEingabe()

```


Literatur

- AK Stochastik (2003): Empfehlungen zu Zielen und zur Gestaltung des Stochastikunterrichts, in: *Stochastik in der Schule*, 23(3), 21–26.
- Albertsen, K. & Kristensen, E. (1995): A Previously Unpublished Solution to Erlang's „Problem of Extinction of Families“ by Carl Marius Christensen, in: *International Statistical Review*, 63(2), 242-245.
- Arens, T., Busam, R., Hettlich, F., Karpfinger, C. & Stachel, H. (2013): *Grundwissen Mathematikstudium. Analysis und Lineare Algebra mit Querverbindungen.*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Athreya, K. B. & Ney, P. E. (1972): *Branching Processes*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Behrends, E. (2000): *Introduction to Markov Chains with Special Emphasis on Rapid Mixing*, Wiesbaden, Deutschland: Springer.
- Bertozzi, A. L., Franco, E., Mohler, G., Short, M. B. & Sledge D. (2020): The challenges of modeling and forecasting the spread of COVID-19, in: *PNAS*, 117(29), 16732-16738.
- Biehler, R., Eichler, A., Engel, J. & Warmuth, E. (2010): *Leitidee Daten und Zufall für die Sekundarstufe II - Kompetenzprofile für die Bildungsstandards aus Sicht der Stochastik und ihrer Didaktik*, [online] https://www.stochastik-in-der-schule.de/Dokumente/Leitidee_Daten_und_Zufall_SekII.pdf [2021-09-27].
- Biehler, R. & Engel, J. (2015): Stochastik: Leitidee Daten und Zufall, in: R. Bruder, L. Hefendel-Hebeker, B. Schmidt-Thieme & H. G. Weigand (Hrsg.), *Handbuch der Mathematikdidaktik*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Borovcnik, M. (1997): *Fundamentale Ideen als Organisationsprinzip in der Mathematik- Didaktik.*, [online] <http://www.oemg.ac.at/DK/Didaktikhefte/1997%20Band%2027/Borovcnik1997.pdf> [2021-09-27].
- Brauner, U., Eickels, S., Hammelrath, N., Heming, M., Jankord, M., Klappert, B. & Lippert, M. (2016): Stochastische Prozesse, Lehrplannavigator KLP SII – Mathematik, QUA-Lis NRW [online] <https://www.schulentwicklung.nrw.de> [2021-09-27].
- Bruner, J. (1970): *Der Prozeß der Erziehung*, Bd. 4, Berlin, Deutschland: Berlin-Verlag.
- Deitmar, A. (2021): *Analysis*, 3. überarb. und erw. Aufl., Berlin, Deutschland: Springer.
- Drake, J. M., Kaul, R. B., Alexander, L. W., O'Regan, S. M., Kramer, A. M., Pullia, J. T., Ferrari, M. J. & Park, A. W. (2015): Ebola Cases and Health System Demand in Liberia, in: *PLoS Biology*, 13(1).
- Eichler, A. & Vogel, M. (2013): *Leitidee Daten und Zufall. Von konkreten Beispielen zur Didaktik der Stochastik*, 2. aktual. Aufl., Wiesbaden, Deutschland: Springer.
- Ethier, S. N. (2010): *The Doctrine of Chances Probabilistic Aspects of Gambling*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Fischer, R. (1976): Fundamentale Ideen bei den reellen Funktionen, in: *Zentralblatt für Didaktik der Mathematik*, 8, 185-192.

- Fisher, R.A. (1922): On the dominance ratio, in: *Proceedings of the Royal Society of Edinburgh*, 42, 321–341.
- Freudenthal, H. (1980): Huygens' foundation of probability, in: *Historia Mathematica*, 7(2), 113-117.
- Führer, L. (2009): Was könnte zeitgemäßer Mathematikunterricht zur naturwissenschaftlichen Allgemeinbildung beitragen?, in: M. Ludwig, R. Oldenburg & J. Roth (Hrsg.), *Argumentieren, Beweisen und Standards im Geometrieunterricht – AK Geometrie 2007/08*, Hildesheim, Deutschland: Franzbecker, 11-52.
- Galton, F. & Watson, H. W. (1875): On the probability of the extinction of families, in: *Journal of the Anthropological Institute of Great Britain and Ireland*, 4, 138-144.
- Gebhardt, A. & Borovcnik, M. (2011): Markow-Ketten: Wie man Praktikanten aus der Schule mit stochastischen Inhalten beschäftigen kann, in: *Stochastik in der Schule*, 31(3), 32–35.
- González, M. & Del Puerto, I. (2010): Branching processes: Genealogy and Evolution, in: *Boletín de Estadística e Investigación Operativa*, 26(2), 107-123.
- Guttorp, P. (1992): *Three papers on the History of Branching Processes*, Technical Report No. 242, University of Washington.
- Haldane, J.B.S. (1927): A Mathematical Theory of Natural and Artificial Selection, Part V: Selection and Mutation, in: *Mathematical Proceedings of the Cambridge Philosophical Society*, 23(7), 838-844.
- Harris, T. E. (1964): *The Theory of Branching Processes*, Santa Monica, California: RAND Corporation, [online] <https://www.rand.org/pubs/reports/R381.html> [2021-09-27].
- Heitele, D. (1975): An epistemological view on fundamental stochastic ideas, in: *In Educational Studies in Mathematics*, 6, 187-205.
- Hendy, S., Steyn, N., James, A., Plank M. J., Hannah, K., Binny, R. N. & Lustig, A. (2021): Mathematical modelling to inform New Zealand's COVID-19 response, in: *Journal of the Royal Society of New Zealand*.
- Henze, N. (2018): *Irrfahrten-Faszination der Random Walks. Ein elementarer Einstieg in die stochastischen Prozesse.*, 2. Aufl., Wiesbaden, Deutschland: Springer.
- Henze, N.(2019): *Stochastik: Eine Einführung mit Grundzügen der Maßtheorie: Inklusive zahlreicher Erklärvideos*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Herbart, J. F. (1841): *Umriss pädagogischer Vorlesungen.*, 2. verm. Aufl., Göttingen, Deutschland: Dieterich'sche Verlagsbuchhandlung.
- Humenberger, J. & Reichel, H.-C. (1995). *Fundamentale Ideen der angewandten Mathematik und ihre Umsetzung im Unterricht*, Bd. 31, Mannheim, Deutschland: BI-Wiss.-Verl..
- Jagers, P. (2011): Extinction, Persistence, and Evolution, in: A. C. C. F. Chalub & J. F. Rodrigues (Hrsg.), *Mathematics of Darwin's Legacy*, Basel, Schweiz: Springer, 91-104.
- Jagers, P. (2020): Branching Processes: A Personal Historical Perspective, in: A. Almudevar, D. Oakes & J. Hall (Hrsg.), *Statistical Modeling for Biological Systems*, Cham, Schweiz: Springer, 311-321.

- Kendall, D. G. (1948): On the generalized “birth-and-death” process, in: *Annals of Mathematical Statistics*, 19(1), 1-15.
- Keyfitz, N. & Tyree, A. (1967): Computerization of the branching process, in: *Behavioral science*, 12(4), 329-336.
- Kimmel, M. & Axelrod D. E. (2015): *Branching Processes in Biology*, 2 Aufl., Berlin, Deutschland: Springer.
- Klenke, A. (2020): *Wahrscheinlichkeitstheorie*, 4. Aufl., Berlin, Deutschland: Springer.
- Kortenkamp, U. & Kuzle, A. (2018): *Didaktischer Kommentar von Prof. Kortenkamp und Prof. Kuzle*, LISUM, [online] https://bildungsserver.berlin-brandenburg.de/fileadmin/bbb/unterricht/faecher/naturwissenschaften/mathematik/Materialien_zur_Diagnose_und_Foerderung_im_Mathematikunterricht/Daten_und_Zufall/059_Daten_und_Zufall_didaktischer_Kommentar_181019.pdf [2021-09-27].
- Kultusministerkonferenz. KMK (2003): *Beschluss über die Bildungsstandards für den Mittleren Bildungsabschluss vom 4.12.2003.*, [online] http://www.KMK.org/fileadmin/veroeffentlichungen_beschluesse/2003/2003_12_04-Bildungsstandards-Mathe-Mittleren-SA.pdf [2021-09-27].
- Kultusministerkonferenz. KMK (2004): *Bildungsstandards der Kultusministerkonferenz. Erläuterungen zur Konzeption und Entwicklung.*, [online] http://www.KMK.org/fileadmin/veroeffentlichungen_beschluesse/2004/2004_12_16-Bildungsstandards-Konzeption-Entwicklung.pdf [2021-09-27].
- Kurt, N. (2020): *Stochastik für Informatiker. Eine Einführung in einheitlich strukturierten Lerneinheiten.*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Levesque, J., Maybury, D. W. & Shaw, R. H. A. D. (2020): A model of COVID-19 propagation based on a gamma subordinated negative binomial branching process, in: *Journal of Theoretical Biology*, 512.
- Lotka, A. J. (1939): *Théorie analytique des associations biologiques, Deuxième partie, Analyse démographique avec application particulière à l'espèce humaine*, Paris: Hermann.
- Mitrofani, I. A. & Koutras, V. P. (2021): A Branching Process Model for the Novel Coronavirus (Covid-19) Spread in Greece, in: *International Journal of Modeling and Optimization*, 11(3), 63-69.
- MBSJ (2015): *Rahmenlehrplan Jahrgangsstufen 1-10. Teil C, Mathematik.*, Senatsverwaltung für Bildung, Jugend und Wissenschaft Berlin, Potsdam, [online] https://bildungsserver.berlin-brandenburg.de/fileadmin/bbb/unterricht/rahmenlehrplaene/gymnasiale_oberstufe/curricula/2018/RLP_GOST_Mathematik_BB_2018.pdf [2021-09-27].
- MSB (2014): *Kernlehrplan für die Sekundarstufe II Gymnasium/Gesamtschule in Nordrhein-Westfalen, Mathematik*, 1. Aufl., Düsseldorf, [online] https://www.schulentwicklung.nrw.de/lehrplaene/lehrplan/47/KLP_GOST_Mathematik.pdf [2021-09-27].
- Müller, J. & Hösel, V. (2020): *Contact Tracing & Super-Spreaders in the Branching-Process Model*, arXiv: Populations and Evolution, [online] <https://arxiv.org/abs/2010.04942> [2021-09-27].

- Müller-Gronbach, T., Novak, E. & Ritter, K. (2012): *Monte Carlo-Algorithmen*, Berlin, Deutschland: Springer.
- Panovska-Griffiths, J., Kerr, C. C., Waites, W. & Stuart, R. M. (2021): Mathematical modeling as a tool for policy decision making: Applications to the COVID-19 pandemic, in: C. R. Rao & A. S. R. S. Rao (Hrsg.), *Data Science: Theory and Applications, Volume 44*, Elsevier, 291-326.
- Pfeifer, D. (1992): Kettenbriefe - was sie versprechen, was sie halten, in: *Stochastik in der Schule* 12(3), 37-47.
- Picker, B. (1985): Intuitives Erfassen und Gebrauchen von grundlegenden Ideen der Analysis im Mathematikunterricht, in: *Der Mathematikunterricht*, 4(31), 46-71.
- Privault, N. (2018): *Understanding Markov Chains*, 2. Aufl., Singapore: Springer.
- Reichel H-C. (1999): Fundamentale Ideen der Angewandten Mathematik und Einsatz moderner Techniken im Mathematikunterricht – Differenzgleichungen als Beispiel, in: G. Kadunz, G. Ossimitz, W. Peschek, E. Schneider & B. Winkelmann (Hrsg.), *Mathematische Bildung und neue Technologien.*, Wiesbaden, Deutschland: Springer, 271-277.
- Schmidt, K. D. (2010): *Maß und Wahrscheinlichkeit*, 2. durchges. Aufl., Berlin, Deutschland: Springer.
- Schreiber, A. (1983): Bemerkungen zur Rolle universeller Ideen im mathematischen Denken, in: *Mathematica didactica*, 6(2), 65-76.
- Schreiber, A. (2011): *Begriffsbestimmung. Aufsätze zur Heuristik und Logik mathematischer Begriffsbildung*, Berlin, Deutschland: Logos Verlag Berlin.
- Slavtchova-Bojkova, M. (2020): Branching Processes Modelling for Coronavirus (COVID'19), *13th International Conference on Information Systems and Grid Technologies, ISGT 2020*, Sofia, Bulgaria, 29-30 Mai, 115-130.
- Schweiger, F. (1992): Fundamentale Ideen. Eine geisteswissenschaftliche Studie zur Mathematikdidaktik, in: *Journal für Mathematik-Didaktik*, 13(2/3), 199-214.
- Tietze, U-P., Klika, M. & Wolpers, H. (2002): *Mathematikunterricht in der Sekundarstufe 2*, Bd. 3, 1. Aufl., Wiesbaden, Deutschland: Vieweg.
- Vohns, A. (2007): *Grundlegende Ideen und Mathematikunterricht. Entwicklung und Perspektiven eines fachdidaktischen Prinzips*, Norderstedt, Deutschland: Books on Demand.
- von der Bank, M.-C. (2005): *Fundamentale Ideen der Mathematik, Weiterentwicklung einer Theorie zu deren unterrichtspraktischer Nutzung*, (Dissertation, Mathematik), [online] <http://dx.doi.org/10.22028/D291-26673> [2021-09-27].
- Wald, A. (1944): On Cumulative Sums of Random Variables, in: *The Annals of Mathematical Statistics*, 15(3), 283-296.
- Waugh, W. A. O'N. (1981): Application of the Galton-Watson Process to the Kin Number Problem, in: *Advances in Applied Probability*, 14(4), 631-649.

World Health Organisation (2019): *Report of the WHO-China joint mission on coronavirus disease 2019 (COVID-19)*, [online] <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/who-china-joint-mission-on-covid-19-final-report.pdf> [2021-09-27].

World Health Organisation (2020): *Coronavirus disease 2019 (COVID-19) situation report 51*, [online] <https://www.who.int/docs/default-source/coronaviruse/situation-reports/20200311-sitrep-51-covid-19.pdf> [2021-09-27].

Zocher, M. (2005): *Multivariate Mixed Poisson Processes*, (Dissertation, Mathematik), [online] <http://webdoc.sub.gwdg.de/ebook/dissts/Dresden/Zocher2005.pdf> [2021-09-27].

Abbildungsverzeichnis

1	Zeitstrahl der Historie der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse	9
2	Die wahrscheinlichkeitserzeugende Funktion in den verschiedenen Fällen bezüglich μ	43
3	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im subkritischen Fall.	63
4	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im kritischen Fall.	63
5	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der Entstehungsfragestellung im superkritischen Fall.	64
6	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im subkritischen Fall.	66
7	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im kritischen Fall.	67
8	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der geometrischen Reproduktionsverteilung im superkritischen Fall.	67
9	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die erste Reproduktionsverteilung.	70
10	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die zweite Reproduktionsverteilung.	71
11	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH(ras)-Zellpopulationen für die dritte Reproduktionsverteilung.	72
12	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopulationen für die erste Reproduktionsverteilung.	73
13	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopulationen für die zweite Reproduktionsverteilung.	74
14	Die Simulationen der Bienaymé-Galton-Watson Prozesse der NIH-Zellpopulationen für die dritte Reproduktionsverteilung.	75

15	Übersicht über die Leitidee Daten und Zufall, LISUM, CC-BY-SA 4.0 (vgl. Kortenkamp & Kuzle 2018: 4)	84
16	Übersicht über den Aufbau des Vernetzungspentagraphen nach von der Bank (vgl. von der Bank 2016: 242)	95
17	Darstellung der Verknüpfungen zwischen den Inhalten der Mathematik. Rote Kanten stellen die Vernetzung der Gebiete dar.	96
18	Übersicht über die vorkommenden Verknüpfungen bezüglich der Bienaymé-Galton-Watson-Prozesse. Dickere Kanten repräsentieren stärkere Verknüpfungen.	97
19	Concept Map zur Darstellung der Vernetzung der wichtigsten Begriffe	111

Eidesstattliche Erklärung

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel benutzt habe. Alle Ausführungen, die anderen Schriften wörtlich oder sinngemäß entnommen wurden, kenntlich gemacht worden sind und die Arbeit in gleicher oder ähnlicher Fassung noch nicht Bestandteil einer Studien- oder Prüfungsleistung war.

Potsdam, den 28. September 2021

A handwritten signature in black ink that reads "Max Engelhardt" with a horizontal line extending to the right.

Max Angel Ronan Engelhardt