



**Áreas do Conhecimento:**

Métodos Computacionais em  
Estatística

**Palavras-Chave:**

Distribuição Gompertz, máxima  
verossimilhança, bootstrap

# Comparação do estimador de máxima verossimilhança e estimador de máxima verossimilhança corrigido por bootstrap na Distribuição Gompertz

---

Ivonaldo Silvestre<sup>a,b</sup>, Fabrício Emiliano<sup>a,b</sup>,  
Alessandro Pereira<sup>a,b</sup>, Leonardo Barros<sup>a,b</sup>

---

<sup>a</sup>Departamento de Estatística - UFRN

<sup>b</sup>Aluno

O objetivo desse trabalho é avaliar, em termos de viés e erro quadrático médio, o estimador de máxima verossimilhança e o estimador de máxima verossimilhança corrigido por bootstrap, dos parâmetros  $a$  e  $b$  da Distribuição Gompertz.

## 1 Introdução

Benjamin Gompertz foi um matemático judeu, que comprovou que a taxa de mortalidade cresce geometricamente e em 1825, no estudo *On the Nature of the Function Expressive of the Law of Human Mortality, and on a New Mode of Determining the Value of Life Contingencies*, ele apresentou uma lei que descrevia o crescimento geométrico da taxa de mortalidade e “é um dos modelos matemáticos clássicos que representam a função de sobrevivência com base nas leis da mortalidade. Essa distribuição desempenha um papel importante na modelagem da mortalidade humana e no ajuste das tabelas atuariais.” (A. El-Gohary et al., 2013, p.2, tradução nossa) [1]. Além disso, a distribuição Gompertz pode ser aplicada em diversas áreas do conhecimento, como “Gottwald et al. (1998) [2] aplicaram o modelo de Gompertz para avaliar a ocorrência do vírus causador da “tristeza dos citros” na Costa Rica e República Dominicana. Marin et al. (1998) [3] usaram essa função para modelar o crescimento dos fungos *Aspergillus* e *Penicillium* em milho.” (Guimarães, 2002, p.12) [4].

## 2 Metodologia

A estimação dos parâmetros é um dos pontos fundamentais para o ajuste de qual quer modelo e no presente trabalho serão apresentados dois métodos de estimação dos parâmetros, o método do estimador de máxima verossimilhança e o estimador de máxima verossimilhança utilizando Monte Carlo e corrigido por bootstrap. É importante ressaltar que as amostras da distribuição  $Gompertz(a, b)$  serão geradas considerando como primeiro par  $a = 2$  e  $b = 3$  e como segundo  $a = 0.5$  e  $b = 0.5$ . Assim, os estimadores serão avaliados para diferentes números de amostras, neste trabalho serão utilizados  $n = 25, 50, 100$  e  $200$ .) Utilizando os chutes iniciais para  $a$  e  $b$ , podemos obter as estimativas pontuais para os parâmetros pelo método de máxima verossimilhança. O estudo foi desenvolvido utilizando o software R [5].

### 2.1 Método de Máxima Verossimilhança

Seja  $X$  uma variável aleatória que segue a distribuição  $Gompertz(a, b)$ , a sua função de densidade de probabilidade é dada por

$$f(x; a, b) = be^{ax} \exp[-b/a(e^{ax} - 1)], \quad x > 0, a > 0 \text{ e } b > 0$$

em que  $a$  representa o parâmetro de forma e  $b$  representa o parâmetro de escala. Sua distribuição acumulada é dada por

$$F(x; a, b) = 1 - \exp\left[\frac{-b}{a(e^{ax} - 1)}\right], \quad x > 0.$$

Ao selecionar uma amostra aleatória de tamanho  $n$ , podemos encontrar a função de verossimilhança que é dada pela forma

$$L(a, b; \mathbf{x}) = b^n \exp\left(a \sum_{i=1}^n x_i\right) \exp\left[-\left(\frac{b}{a}\right) \left(\sum_{i=1}^n e^{ax_i} - n\right)\right],$$

logo, a função log-verossimilhança é da forma

$$l(a, b; \mathbf{x}) = n \log(b) + a \sum_{i=1}^n x_i - \frac{b}{a} \left(\sum_{i=1}^n e^{ax_i} - n\right).$$

O estimador de máxima verossimilhança é o valor de  $\theta$  que maximiza a função de verossimilhança  $L(a, b; \mathbf{x})$ . Em alguns casos, é mais fácil achar o  $\theta$  que maximiza a função log-verossimilhança  $l(a, b; \mathbf{x})$ .

O vetor escore  $U(a, b; \mathbf{x}) = (U_a(a, b; \mathbf{x}), U_b(a, b; \mathbf{x}))^\top$  são dadas respectivamente por

$$U_a(a, b; \mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n x_i + \frac{b}{a^2} \left( \sum_{i=1}^n [e^{ax_i}(1 - ax_i)] - n \right)$$

$$U_b(a, b; \mathbf{x}) = \frac{n}{b} - \frac{1}{a} \left( \sum_{i=1}^n e^{ax_i} - n \right).$$

A solução dada por  $\hat{a}$  e  $\hat{b}$  quando  $U(a, b; \mathbf{x}) = 0$  não pode ser resolvida analiticamente, sendo necessários métodos numéricos para a resolução simultânea do vetor e devido a isso, todas as estimações no decorrer do trabalho serão feitas utilizando o método de Newton-Raphson para encontrar as estimativas de máxima verossimilhança. A matriz de informação de Fisher com os dados observados é uma matriz simétrica  $2 \times 2$ , da forma

$$I_0(\hat{a}, \hat{b}) = \begin{bmatrix} A & B \\ B & C \end{bmatrix},$$

sendo

$$A = \frac{\hat{b}}{\hat{a}^3} \left\{ 2 \sum_{i=1}^n [e^{\hat{a}x_i}(1 - \hat{a}x_i) - 1] - \hat{a} \sum_{i=1}^n [e^{\hat{a}x_i}x_i[(1 - \hat{a}x_i)^2 - 1]] \right\}$$

$$B = -\frac{1}{\hat{a}^2} \sum_{i=1}^n [e^{\hat{a}x_i}(1 - \hat{a}x_i) - 1]$$

$$C = \frac{n}{\hat{b}^2}.$$

Logo, a inversa da matriz de informação de Fisher é

$$I_0^{-1} = \frac{1}{AC - B^2} \begin{bmatrix} C & -B \\ -B & A \end{bmatrix}.$$

Assintoticamente, o vetor  $(\hat{a}, \hat{b})^\top$  segue uma distribuição normal de parâmetros

$$\begin{pmatrix} \hat{a} \\ \hat{b} \end{pmatrix} \sim N \left( \begin{pmatrix} a \\ b \end{pmatrix}, I_0^{-1} \right).$$

Para construir o intervalo de confiança com  $100(1 - \alpha)\%$  para os parâmetros da distribuição considerou-se os quantis  $\frac{\alpha}{2}$  e  $1 - (\frac{\alpha}{2})$  do conjunto das  $i$  estimativas de máxima verossimilhança que foram gerados durante o processo de Monte Carlo.

## 2.2 Método *Bootstrap*

O método bootstrap [6] foi um método desenvolvido por Bradley Efron e seu artigo foi apresentado no *The Anals of Statistics* em 1979. O bootstrap é um método de reamostragem que consiste em retirar subamostras a partir de uma amostra já coletada. Existem dois paradigmas para o bootstrap, o método de bootstrap não paramétrico e o bootstrap paramétrico. No presente trabalho aplicamos o método de bootstrap paramétrico que consiste em gerar  $R = 5000$  amostras da distribuição  $Gompertz(a, b)$ , para cada amostra  $i$ ,  $i = 1, \dots, R$  calculam-se os estimadores de máxima verossimilhança para  $a$  e  $b$  que são  $\hat{a}_{m,i}$ ,  $\hat{b}_{m,i}$  e geram-se  $B = 500$  amostras da distribuição  $Gompertz(\hat{a}_m, \hat{b}_m)$ , e para cada amostra  $j = 1, \dots, B$ , obtém-se as estimativas de máxima verossimilhança por bootstrap de  $a$  e  $b$  que são chamados de  $\hat{a}_{boot,j}$  e  $\hat{b}_{boot,j}$ .

Após esse processo calcula-se a média das estimativas de bootstrap para originar a estimativa pontual:

$$\hat{a}_{boot,i} = \frac{\hat{a}_{boot,ij}}{B}$$

$$\hat{b}_{boot,i} = \frac{\hat{b}_{boot,ij}}{B}$$

As estimativas corrigidas para  $a$  e  $b$  por esse método é obtido multiplicando duas vezes a  $i$ -ésima estimativa de máxima verossimilhança de  $a$  e  $b$  menos a estimativa de bootstrap:

$$\hat{a}_{corrigido,i} = 2\hat{a}_i - \hat{a}_{boot,i}$$

$$\hat{b}_{corrigido,i} = 2\hat{b}_i - \hat{b}_{boot,i}$$

A estimativa pontual dos parâmetros da distribuição utilizando esse método é obtido pela média das  $i$  estimativas,  $i = 1, \dots, R$

$$\hat{a}_{corrigido} = \frac{\hat{a}_{corrigido,i}}{R}$$

$$\hat{b}_{corrigido} = \frac{\hat{b}_{corrigido,i}}{R}$$

O viés é obtido diminuindo a estimativa pontual e o parâmetro usado para gerar as amostras, portanto:

$$B(\hat{a}_{corrigido}) = \hat{a}_{corrigido} - a$$

$$B(\hat{b}_{corrigido}) = \hat{b}_{corrigido} - b$$

A variância é obtida aplicando-se a fórmula do  $S^2$  no conjunto dos valores de  $\hat{a}_{corrigido,i}$  e  $\hat{b}_{corrigido,i}$ . Percebe-se que nos somatórios abaixo utilizou-se a estimativa pontual dos parâmetros pois tal estimativa consiste da média das  $i$  observações geradas, para  $i = 1, \dots, R$ . Portanto,

$$\widehat{var}(\hat{a}_{corrigido}) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^R \hat{a}_{corrigido,i} - \hat{a}_{corrigido}$$

$$\widehat{var}(\hat{b}_{corrigido}) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^R \hat{b}_{corrigido,i} - \hat{b}_{corrigido}$$

O erro quadrático médio é obtido como sendo a soma da variância mais o viés ao quadrado.

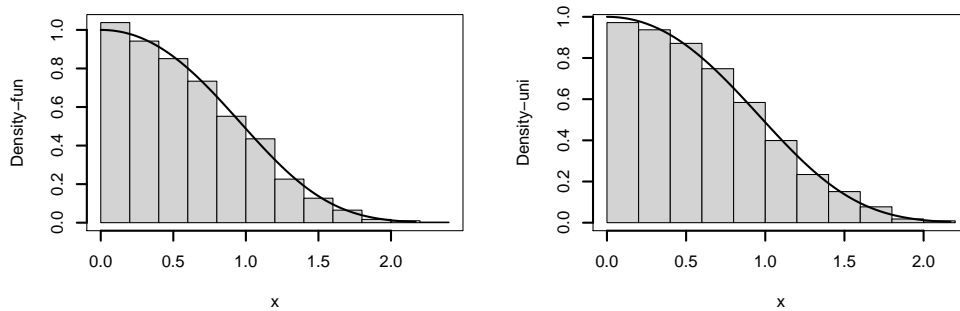
$$EQM(\hat{a}_{corrigido}) = \widehat{var}(\hat{a}_{corrigido}) + B(\hat{a}_{corrigido})^2$$

$$EQM(\hat{b}_{corrigido}) = \widehat{var}(\hat{b}_{corrigido}) + B(\hat{b}_{corrigido})^2$$

e, por fim, para construir o intervalo de confiança com  $100(1 - \alpha)\%$  para os parâmetros da distribuição considerou-se os quantis  $\frac{\alpha}{2}$  e  $1 - (\frac{\alpha}{2})$  do conjunto das  $i$  estimativas de máxima verossimilhança que foram gerados pelo processo de bootstrap e Monte Carlo, para  $i = 1, \dots, R$ .

### 3 Resultados

Primeiramente, vamos usar o Método da Transformação inversa para gerar números pseudos-aleatórios que seguem a distribuição Gompertz. A Figura 1 comparando os  $n$  números pseudos-aleatórios gerados usando o métodos da transformada inversa e  $n$  números gerados obtidos a partir da função de densidade de probabilidade da distribuição Gompertz a partir do pacote *flexsurv*.



**Figura 1.** Comparação entre os números pseudo-aleatórios gerados

(#fig:comp, figures-side)

A Tabela 1 mostra os resultados para  $a = 2$  e para  $b = 3$  das estimativas por Monte Carlo e corrigidas via *Bootstrap*. É visível que em ambos os casos, o viés do corrigido é consideravelmente menor que o do Monte Carlo. No caso do  $a$ , todos os erros quadráticos foram menores no caso corrigido, entretanto, no caso do  $b$ , todos os erros quadráticos dos estimadores corrigidos foram levemente superiores. Com  $n = 200$ , a estimativa corrigida de  $a$  já acertou até a terceira casa decimal em caso de arredondamento, já a estimativa corrigida do  $b$  com  $n = 200$  acertou até a segunda casa decimal ao arredondar. Nenhuma estimativa de Monte Carlo acertou pontualmente em pelo menos duas casas decimais. A Tabela 2 mostra que todos os intervalos com 95% de confiança para cada estimador contiveram o verdadeiro valor do parâmetro.

n	Estimador	Estimativas para $a = 2$				Estimativas de $b = 3$			
		Média	Viés	Variância	EQM	Média	Viés	Variância	EQM
25	Monte Carlo	2,5415	0,5415	1,9746	2,2678	2,9216	-0,0784	1,0622	1,0683
25	Corrigido	1,9412	-0,0588	1,9935	1,9969	3,0113	0,0113	1,1300	1,1301
50	Monte Carlo	2,2691	0,2691	0,8237	0,8962	2,9540	-0,0460	0,5087	0,5108
50	Corrigido	1,9791	-0,0209	0,8386	0,8391	3,0074	0,0074	0,5389	0,5389
100	Monte Carlo	2,1491	0,1491	0,3862	0,4084	2,9623	-0,0377	0,2505	0,2519
100	Corrigido	2,0071	0,0071	0,3913	0,3913	2,9902	-0,0098	0,2589	0,2590
200	Monte Carlo	2,0711	0,0711	0,1794	0,1845	2,9824	-0,0176	0,1229	0,1232
200	Corrigido	2,0004	0,0004	0,1808	0,1808	2,9969	-0,0031	0,1252	0,1252

**Tabela 1.** Comparação dos Estimadores pelos métodos de Monte Carlo e corrigido por Bootstrap para  $a = 2$  e  $b = 3$ .

n	Estimador	Estimativas para $a = 2$		Estimativas de $b = 3$	
		Limite Inferior	Limite Superior	Limite Inferior	Limite Superior
25	Monte Carlo	0,2651	5,7284	1,3015	5,2711
25	Corrigido	0,0000	5,0533	1,3261	5,4352
50	Monte Carlo	0,7178	4,2411	1,7390	4,5267
50	Corrigido	0,4002	3,9604	1,7557	4,6239
100	Monte Carlo	1,0380	3,4404	2,0915	4,0425
100	Corrigido	0,8706	3,3091	2,1037	4,0872
200	Monte Carlo	1,2957	2,9446	2,3342	3,7138
200	Corrigido	1,2204	2,8711	2,3464	3,7296

**Tabela 2.** Intervalos com 95% de confiança dos estimadores pelos métodos de Monte Carlo e corrigido por Bootstrap para  $a = 2$  e  $b = 3$ .

A Tabela 3 mostra os resultados para  $a = b = 0,5$ . Essa combinação teve resultados similares aos da primeira, ou seja, ambos os parâmetros mantiveram com o viés menor nas estimativas corrigidas, entretanto o EQM da estimativa corrigida do  $b$  ficou maior que o de Monte Carlo. A partir de  $n = 50$ , já é possível perceber um acerto pontual na estimativa em até duas casas decimais, chegando até a 4 com  $n = 200$ , para  $a$  no estimador corrigido, o que não ocorreu em nenhum caso no Monte Carlo. No caso do  $b$ , com  $n = 25$  já era possível ver um acerto com 2 casas decimais no estimador corrigido, entretanto, no Monte Carlo isso só veio a ocorrer com  $n = 200$ . A Tabela 4 mostra os respectivos limites inferior e superior dos intervalos com 95% de confiança para  $a$  e  $b$ . Todos contiveram o real valor do parâmetro e no geral tiveram valores bem próximos comparando os corrigidos e não corrigidos em cada tamanho de amostra.

n	Estimador	Estimativas para $a = 0,5$				Estimativas de $b = 0,5$			
		Média	Viés	Variância	EQM	Média	Viés	Variância	EQM
25	Monte Carlo	0,6011	0,1011	0,0766	0,0869	0,4887	-0,0113	0,0322	0,0323
25	Corrigido	0,4872	-0,0128	0,0774	0,0775	0,5036	0,0036	0,0349	0,0349
50	Monte Carlo	0,5504	0,0504	0,0326	0,0351	0,4932	-0,0068	0,0154	0,0154
50	Corrigido	0,4961	-0,0039	0,0329	0,0329	0,5013	0,0013	0,0162	0,0162
100	Monte Carlo	0,5278	0,0278	0,0154	0,0162	0,4942	-0,0058	0,0076	0,0076
100	Corrigido	0,5013	0,0013	0,0155	0,0155	0,4984	-0,0016	0,0078	0,0078
200	Monte Carlo	0,5132	0,0132	0,0072	0,0074	0,4973	-0,0027	0,0037	0,0037
200	Corrigido	0,5000	0,0000	0,0072	0,0072	0,4995	-0,0005	0,0038	0,0038

**Tabela 3.** Comparação dos Estimadores pelos métodos de Monte Carlo e corrigido por Bootstrap para  $a = 0,5$  e  $b = 0,5$ .

n	Estimador	Estimativas para $a = 0,5$		Estimativas de $b = 0,5$	
		Limite Inferior	Limite Superior	Limite Inferior	Limite Superior
25	Monte Carlo	0,1469	1,2189	0,2073	0,9030
25	Corrigido	0,0191	1,0902	0,2116	0,9364
50	Monte Carlo	0,2396	0,9393	0,2828	0,7687
50	Corrigido	0,1793	0,8840	0,2856	0,7815
100	Monte Carlo	0,3016	0,7847	0,3436	0,6819
100	Corrigido	0,2710	0,7584	0,3449	0,6895
200	Monte Carlo	0,3567	0,6868	0,3861	0,6239
200	Corrigido	0,3431	0,6743	0,3871	0,6269

**Tabela 4.** Intervalos com 95% de confiança dos estimadores pelos métodos de Monte Carlo e corrigido por Bootstrap para  $a = 0,5$  e  $b = 0,5$ .

## 4 Conclusão

Para a distribuição Gompertz, as estimativas de Monte Carlo com correção de Bootstrap têm viés menor, entretanto não necessariamente uma variância e erro quadrático médio menores que as não corrigidas, por conseguinte, não necessariamente têm um intervalo de confiança menor.

## 5 Códigos utilizados

```
#Pacotes utilizados:
require(flexsurv)
library(doParallel)

#Função para geração de números aleatórios da densidade da distribuição gompertz(a,b)
rgomp=function(n,a,b){
  u=runif(n)
  log(1 -a/b*log(1-u))/a #Inversa da função de distribuição acumulada
}

# Função de densidade de probabilidade. (Essa a gente usa no histograma)
pfun1 <- function(x,a,b){
  f <- (b*(exp(1)^(a*x)))*exp((-b/a)*((exp(1)^(a*x))-1)) #Densidade
  return(f)
}

# Função log-verossimilhança da Gompertz:

logdgomp=function(x,dados){
  a=x[1]
  b=x[2]
  -sum(log(b)+a*dados-b/a*(exp(a*dados)-1))
}

#Parâmetros
n = 200
R = 5000
B = 500
a = 2
```

```

b = 3
chute=c(a,b)
set.seed(1024122)
#Como estamos utilizando achute = a = 2 e bchute = b = 3 então eu coloquei que chute = c(a,
#achute=2 #Chute inicial para o parâmetro a
#bchute=3 #Chute inicial para o parâmetro b

#Alocação de memória
ahat_MV<-rep(NA,R)
bhat_MV<-rep(NA,R)
ahat_boot<-matrix(NA,nrow=R,ncol=B)
bhat_boot<-matrix(NA,nrow=R,ncol=B)
ahat_MV_boot<-rep(NA,R)
bhat_MV_boot<-rep(NA,R)

#Alocação de clusteres para otimizar os laços do monte carlo e bootstrap
no_cores <- detectCores()-2
cl <- makeCluster(no_cores)
registerDoParallel(cl)

foreach(i=1:R)%do%{
  Z = rgomp(n,a,b)

  # Utilizando o método numérico "BFGS" para estimar os parâmtros a e b da distribuição gom
  estimados_MV <- optim(par=chute, method="BFGS", fn = logdgomp, dados=Z)
  ahat_MV[i] <- estimados_MV$par[1]
  bhat_MV[i] <- estimados_MV$par[2]

  foreach(j=1:B)%do%{
    Z_boot = rgomp(n,ahat_MV[i],bhat_MV[i])
    estimados_boot <- optim(par=c(ahat_MV[i],bhat_MV[i]), method="BFGS", fn = logdgomp, dad

    ahat_boot[i,j] <- estimados_boot$par[1]
    bhat_boot[i,j] <- estimados_boot$par[2]
  }

  ahat_MV_boot[i] <- mean(ahat_boot[i,],na.rm=T)
  bhat_MV_boot[i] <- mean(bhat_boot[i,],na.rm=T)

  print(paste0(round(((i)/5000)*100,1),"% concluído"))
}

#Fechando a alocação de clusteres
stopCluster(cl)

#Estimação pontual pelo método de monte carlo
estimate_a <- mean(ahat_MV)
estimate_b <- mean(bhat_MV)

estimate_a
estimate_b

```



```

#Cálculo do Viés e do Erro Quadrático Médio (EQM)
vies_ahat <- mean(ahat_MV) - a
vies_bhat <- mean(bhat_MV) - b

vies_ahat
vies_bhat

var_ahat<-var(ahat_MV)
var_bhat<-var(bhat_MV)

EQM_a <- vies_ahat^2 + var_ahat
EQM_b <- vies_bhat^2 + var_bhat

EQM_a
EQM_b

# IC 95%

LimInf_a_MV = quantile(ahat_MV,0.025)
LimSup_a_MV = quantile(ahat_MV,0.975)

LimInf_b_MV = quantile(bhat_MV,0.025)
LimSup_b_MV = quantile(bhat_MV,0.975)

#Cálculo do Viés e do Erro Quadrático Médio (EQM)

a_corrigido <- 2*ahat_MV - ahat_MV_boot
b_corrigido <- 2*bhat_MV - bhat_MV_boot

a_corrigido
b_corrigido

estimate_a_cor = mean(a_corrigido,na.rm=T)
estimate_b_cor = mean(b_corrigido,na.rm=T)

vies_a_cor <- estimate_a_cor - a
vies_b_cor <- estimate_b_cor - b

var_a_cor<-var(a_corrigido,na.rm=T)
var_b_cor<-var(b_corrigido,na.rm=T)

EQM_a_cor <- vies_a_cor^2 + var_a_cor
EQM_b_cor <- vies_b_cor^2 + var_b_cor

# IC 95%

LimInf_a_cor = quantile(a_corrigido,0.025,na.rm=T)

```

```

LimSup_a_cor = quantile(a_corrigido,0.975,na.rm=T)

LimInf_b_cor = quantile(b_corrigido,0.025,na.rm=T)
LimSup_b_cor = quantile(b_corrigido,0.975,na.rm=T)

# _____//_____//_____//_____//_____//_____//_____//_____

# Criando a tabela que apresenta os resultados:

Método<-rep(c("Máxima Verossimilhança","Corrigido"),each=2)

# Monte carlo
Estimativa_mv<-as.matrix(c(estimate_a,estimate_b))

Vies_MV<-as.matrix(c(vies_ahat,vies_bhat))

Var_MV<-as.matrix(c(var_ahat,var_bhat))

EQM_MV<-as.matrix(c(EQM_a,EQM_b))

# Corrigido

Estimativa_cor <- as.matrix(c(estimate_a_cor,estimate_b_cor))

Vies_cor <- as.matrix(c(vies_a_cor,vies_b_cor))

Var_cor<-as.matrix(c(var_a_cor,var_b_cor))

EQM_Corrigido <- as.matrix(c(EQM_a_cor,EQM_b_cor))

# Criando a tabela
Parâmetro<-rep(c("a","b"),times=2)
Valor_do_parametro=rep(c(a,b),times=2)
Estimativa=rbind(Estimativa_mv,Estimativa_cor)
Vies<-rbind(Vies_MV,Vies_cor)
Var<-rbind(Var_MV,Var_cor)
EQM<-rbind(EQM_MV,EQM_Corrigido)
ICinf=rbind(LimInf_a_MV,LimInf_b_MV,LimInf_a_cor,LimInf_b_cor)
ICSup=rbind(LimSup_a_MV,LimSup_b_MV,LimSup_a_cor,LimSup_b_cor)
nrep=rep(n,4)
tabela<-data.frame(nrep,Método,Parâmetro,Valor_do_parametro,Estimativa,Vies,Var,EQM,ICinf,ICSup)

row.names(tabela)=1:4
names(tabela)[c(4,7,9,10)]<-c("Valor do parâmetro","Variância","Lim. Inf. 2.5%","Lim. Sup. 2.5%")

```

## Referências

1. El-Gohary A, Alshamrani A, Al-Otaibi AN. 2013 The generalized Gompertz distribution. *Applied Mathematical Modelling* **37**, 13–24.
2. Niblett C, Genc H, Cevik B, Halbert S, Brown L, Nolasco G, Bonacalza B, Manjunath K, Febres V, Pappu H et al.. 2000 Progress on strain differentiation of Citrus tristeza virus and

- its application to the epidemiology of citrus tristeza disease. *Virus Research* **71**, 97–106.
3. Marín S, Sanchis V, Sáenz R, Ramos A, Vinas I, Magan N. 1998 Ecological determinants for germination and growth of some *Aspergillus* and *Penicillium* spp. from maize grain. *Journal of Applied Microbiology* **84**, 25–36.
  4. Guimarães D. 2002 Uma função hiperbólica de distribuição probabilística de alta flexibilidade.. *Embrapa Cerrados-Docmentos (INFOTECA-E)*.
  5. R Core Team. 2020 *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing Vienna, Austria.
  6. Efron B. 1992 Bootstrap methods: another look at the jackknife. In *Breakthroughs in statistics* , pp. 569–593. Springer.