



CARLA VALÉRIA DOS SANTOS PACHECO

**ESTUDO DE DIFERENTES FUNÇÕES DE
LIGAÇÃO EM MODELOS PARA
DOSE-RESPOSTA DICOTÔMICA**

Maringá - PR
30/07/2025

CARLA VALÉRIA DOS SANTOS PACHECO

**ESTUDO DE DIFERENTES FUNÇÕES DE LIGAÇÃO
EM MODELOS PARA DOSE-RESPOSTA
DICOTÔMICA**

Dissertação apresentada ao Programa de
Pós-Graduação em Bioestatística do Centro
de Ciências Exatas da Universidade Estadual
de Maringá como requisito parcial à obtenção
do título de Mestre.

Universidade Estadual de Maringá - UEM

Orientador: Profº. Drº. Robson Marcelo Rossi

Maringá - PR

30/07/2025

Dados Internacionais de Catalogação-na-Publicação (CIP)
(Biblioteca Central - UEM, Maringá - PR, Brasil)

P116e

Pacheco, Carla Valéria dos Santos

Estudo de diferentes funções de ligação em modelos para dose-resposta dicotômica / Carla Valéria dos Santos Pacheco. -- Maringá, PR, 2025.
91 f. : il. color., figs., tabs.

Orientador: Prof. Dr. Robson Marcelo Rossi.

Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Maringá, Centro de Ciências Exatas, Departamento de Estatística, Programa de Pós-Graduação em Bioestatística, 2025.

1. Diaphorina citri - Fungos entomopatogênicos (Controle biológico). 2. Bioensaios. 3. Regressão binominal. 4. Abordagem bayesiana. I. Rossi, Robson Marcelo, orient. II. Universidade Estadual de Maringá. Centro de Ciências Exatas. Departamento de Estatística. Programa de Pós-Graduação em Bioestatística. III. Título.

CDD 23.ed. 519.2

CARLA VALÉRIA DOS SANTOS PACHECO

Estudo de diferentes funções ligação em Modelos para Dose-Resposta Dicotômica

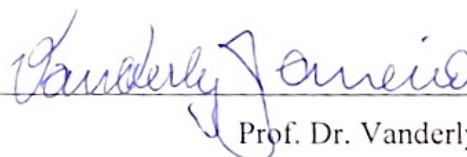
Dissertação apresentada ao Programa de Pós-Graduação em Bioestatística do Centro de Ciências Exatas da Universidade Estadual de Maringá, como requisito parcial para a obtenção do título de Mestre em Bioestatística.

BANCA EXAMINADORA



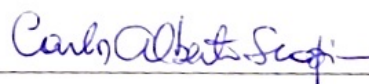
Prof. Dr. Robson Marcelo Rossi

Universidade Estadual de Maringá – PBE/UEM



Prof. Dr. Vanderly Janeiro

Universidade Estadual de Maringá – PBE/UEM



Prof. Dr. Carlos Alberto Scapim

Universidade Estadual de Maringá – PGA/UEM

Maringá, 30 de julho de 2025.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela oportunidade de trilhar novos caminhos, viver a experiência enriquecedora de conhecer outra cidade, fortalecer amizades e, sobretudo, ampliar continuamente o meu aprendizado.

À minha mãe, Josete, e aos meus filhos, Romeu e Diana, por quem tenho um amor incondicional e que são minha maior motivação.

Ao meu falecido pai, Carlos Roberto, que dizia que a maior riqueza que um pai pode deixar a um filho é o conhecimento, pois este é um bem que não se perde e ninguém pode tirar.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Robson Marcelo Rossi, pela paciência em me esperar encontrar o ritmo necessário para iniciar os trabalhos, pela dedicação incansável e pela postura exemplar de profissionalismo, sempre respondendo com prontidão e revisando meus textos com cuidado e rigor acadêmico.

Aos professores da minha banca de qualificação/defesa, pelas excelentes sugestões, que contribuíram muito para o aperfeiçoamento deste trabalho.

Ao Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia de Santa Catarina, instituição na qual atuo como docente, pelo afastamento remunerado concedido, que tornou possível a realização deste trabalho e representou não apenas apoio financeiro, mas também confiança na minha formação e no meu crescimento acadêmico.

A todos os professores e colegas, que contribuíram de maneira acadêmica, profissional ou pessoal para a realização deste trabalho, todo meu carinho, meu amor e meu MUITO OBRIGADA!

RESUMO

Este trabalho aborda a aplicação de diferentes funções de ligação em modelos de regressão binomial com abordagem bayesiana, visando modelar a mortalidade de *Diaphorina citri* frente à exposição a concentrações variadas dos fungos entomopatogênicos *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana*. No Capítulo 3, apresenta-se o estudo com *Isaria fumosorosea* (atualmente denominada *Cordyceps fumosorosea*), toda modelagem foi realizada via regressão binomial, considerando quatro funções de ligação (*logit*, *probit*, *cauchit* e *cloglog*) em abordagens frequentista e bayesiana. A análise frequentista fornece estimativas baseadas apenas nos dados observados, enquanto a abordagem bayesiana incorpora informações prévias, resultando em estimativas mais precisas. O modelo com ligação *cauchit* foi o que melhor se ajustou aos dados, apresentando parâmetros significativos para os coeficientes do preditor linear. A dose letal de 50%, na escala logarítmica, foi identificada como sendo $5,03 \log(\text{conídios/mL})$. No Capítulo 4, os experimentos consideraram as espécies *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana*, os dados foram avaliados por meio de regressão binomial ($\eta = \beta_0 + \beta_1 \log(\text{dose})$, é o preditor linear) com abordagem bayesiana, considerando diferentes funções de ligação: usuais (*logit*, *probit*, *cauchit*, *cloglog* e *loglog*), de Potência e Reversas de Potência. A seleção do modelo foi realizada com base no menor valor de DIC (Critério de Informação de Deviance). Para ambos os fungos, os modelos selecionados apresentaram bom ajuste, conforme indicado pelos envelopes simulados dos resíduos quantílicos normalizados. Para *C. fumosorosea*, o modelo com função de ligação *cauchit* apresentou o melhor ajuste (DIC = 53,41), com $\hat{\beta}_0 = -11,95 [-19,19; -7,16]$, $\hat{\beta}_1 = 2,37 [1,44; 3,81]$ e o valor de dose letal 90% (DL_{90}) de $6,38 \log(\text{conídios/mL}) [5,83; 7,17]$. Para *B. bassiana*, o melhor desempenho foi observado com a função *reversa de potência cloglog* (DIC = 62,17), com $\hat{\beta}_0 = -3,75 [-7,85; -1,90]$, $\hat{\beta}_1 = 0,88 [0,21; 2,10]$ e DL_{90} de $10,69 \log(\text{conídios/mL}) [8,81; 13,73]$. Em ambos os modelos, os parâmetros de regressão foram estatisticamente significativos, enquanto o parâmetro de flexibilidade (λ) não apresentou evidência suficiente para justificar o uso das funções estendidas. Observou-se também que *C. fumosorosea* foi, de modo geral, mais eficaz do que *B. bassiana*, exceto em um intervalo intermediário de doses ($3,72$ a $4,52 \log(\text{conídios/mL})$), no qual esta última apresentou leve superioridade. A análise realizada destaca a importância da escolha criteriosa da função de ligação na modelagem de bioensaios binários, especialmente frente a decisões sobre aplicação de bioinseticidas em contexto agrícola.

Palavras-chaves: controle biológico; dose letal; greening; regressão binária.

ABSTRACT

This work addresses the application of different link functions in binomial regression models under a Bayesian approach, aiming to model the mortality of *Diaphorina citri* exposed to varying concentrations of the entomopathogenic fungi *Cordyceps fumosorosea* and *Beauveria bassiana*. In Chapter 3, the study with *Isaria fumosorosea* (currently referred to as *Cordyceps fumosorosea*) is presented, where all modeling was performed via binomial regression considering four link functions (*logit*, *probit*, *cauchit*, and *cloglog*) under both frequentist and Bayesian approaches. The frequentist analysis provides estimates based solely on observed data, whereas the Bayesian approach incorporates prior information, resulting in more precise estimates. The model with the *cauchit* link function showed the best fit to the data, with significant parameters for the coefficients of the linear predictor. The lethal dose 50%, on the logarithmic scale, was identified as 5.03 log(conidia/mL). In Chapter 4, the experiments considered the species *Cordyceps fumosorosea* and *Beauveria bassiana*, with data evaluated through binomial regression ($\eta = \beta_0 + \beta_1 \log(dose)$, representing the linear predictor) under a Bayesian framework, considering different link functions: standard (*logit*, *probit*, *cauchit*, *cloglog*, and *loglog*), Power, and Reversed Power. Model selection was based on the lowest DIC value (Deviance Information Criterion). For both fungi, the selected models showed good fit, as indicated by the simulated envelopes of normalized quantile residuals. For *C. fumosorosea*, the *cauchit* link function provided the best fit (DIC = 53.41), with $\hat{\beta}_0 = -11.95 [-19.19; -7.16]$, $\hat{\beta}_1 = 2.37 [1.44; 3.81]$, and the estimated lethal dose 90% (DL_{90}) of 6.38 log(conidia/mL) [5.83; 7.17]. For *B. bassiana*, the best performance was observed with the reversed power cloglog link function (DIC = 62.17), with $\hat{\beta}_0 = -3.75 [-7.85; -1.90]$, $\hat{\beta}_1 = 0.88 [0.21; 2.10]$, and DL_{90} of 10.69 log(conidia/mL) [8.81; 13.73]. In both models, the regression parameters were statistically significant, while the flexibility parameter (λ) did not provide sufficient evidence to justify the use of extended functions. It was also observed that *C. fumosorosea* was, in general, more effective than *B. bassiana*, except within an intermediate dose range (3.72 to 4.52 log(conidia/mL)), where the latter showed slight superiority. The analysis highlights the importance of a careful choice of link function in the modeling of binary bioassays, particularly when supporting decisions on the application of bioinsecticides in agricultural contexts.

Key-words: biological control; lethal dose; citrus greening; binary regression.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Curvas de probabilidade teóricas das funções de ligação <i>logit</i> , <i>probit</i> , <i>cauchit</i> , <i>cloglog</i> e <i>loglog</i>	6
Figura 2 – Ninfas de <i>Diaphorina citri</i> alimentando-se em ramo de citros.	16
Figura 3 – Psílídeo <i>Diaphorina citri</i> morto pelo fungo <i>Cordyceps fumosorosea</i>	17
Figura 4 – Envelopes simulados dos resíduos quantílicos normalizados para os quatro modelos ajustados.	23
Figura 5 – Gráficos da análise de resíduos <i>deviance</i> e Pearson.	23
Figura 6 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de fungos.	24
Figura 7 – Gráfico de envelope simulado bayesiano do modelo com ligação <i>Cauchit</i>	25
Figura 8 – Produção de laranjas nos Estados Unidos, por estado, de 2000 a 2022. <i>Fonte: EDIS – UF/IFAS Extension, 2023.</i>	30
Figura 9 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i> , com ligação <i>cauchit</i> (<i>C</i>), <i>potência cauchit</i> (<i>PC</i>), <i>reversa de potência cauchit</i> (<i>RPC</i>) e <i>reversa de potência cloglog</i> (<i>RPCLL</i>).	41
Figura 10 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Beauveria bassiana</i> , com funções de ligação <i>potência cloglog</i> (<i>PCLL</i>), <i>reversa de potência cloglog</i> (<i>RPCLL</i>), <i>reversa de potência logit</i> (<i>RPL</i>) e <i>reversa de potência probit</i> (<i>RPP</i>).	42
Figura 11 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	44
Figura 12 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	45

Figura 13 – Curvas dose-resposta ajustadas por modelos bayesianos para os fungos <i>Cordyceps fumosorosea</i> (<i>cauchit</i> / CF) e <i>Beauveria bassiana</i> (<i>reversa de potência cloglog</i> / BB), mostrando a probabilidade estimada de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo da dose. As linhas pontilhadas indicam as estimativas da dose letal de 90% (DL_{90}) para cada fungo. . . .	46
Figura 14 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	63
Figura 15 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Logit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	64
Figura 16 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Probit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	65
Figura 17 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Cauchit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	66
Figura 18 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Cloglog</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	67
Figura 19 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Loglog</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Beauveria bassiana</i>	68
Figura 20 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	69
Figura 21 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Logit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	70
Figura 22 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Probit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	71
Figura 23 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Cauchit</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	72
Figura 24 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Cloglog</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	73

Figura 25 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família <i>Loglog</i>) da probabilidade de morte de <i>Diaphorina citri</i> em função do logaritmo natural da concentração de <i>Cordyceps fumosorosea</i>	74
Figura 26 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial da família <i>Logit</i> ajustados à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i>	75
Figura 27 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Probit</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i>	76
Figura 28 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Cauchit</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i>	76
Figura 29 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Cloglog</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i>	77
Figura 30 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Loglog</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Cordyceps Fumosorosea</i>	77
Figura 31 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Logit</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Bauveria Bassiana</i>	78
Figura 32 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Probit</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Bauveria Bassiana</i>	78
Figura 33 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Cauchit</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Bauveria Bassiana</i>	79
Figura 34 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Cloglog</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Bauveria Bassiana</i>	79
Figura 35 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família <i>Loglog</i> à mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> induzida por <i>Bauveria Bassiana</i>	80

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Funções de ligação (básicas) para regressão binária.	6
Tabela 2 – Funções de Ligação Potência e Reversa de Potência.	9
Tabela 3 – DL_{p_0} e DL_{50} na escala logarítmica para diferentes funções de ligação. . . .	14
Tabela 4 – Informações amostrais para <i>Cordyceps fumosorosea</i>	18
Tabela 5 – Estatísticas descritivas das taxas de mortalidade (%) de <i>Diaphorina citri</i> . .	19
Tabela 6 – Funções de ligação (básicas) para regressão binária.	20
Tabela 7 – DL_{p_0} e DL_{50} na escala logarítmica para diferentes funções de ligação. . . .	21
Tabela 8 – Resultados das análises frequentistas.	22
Tabela 9 – Resultados dos testes de aderência para os diferentes modelos.	22
Tabela 10 – Resultados das análises bayesianas.	24
Tabela 11 – Informações amostrais para <i>Cordyceps fumosorosea</i> e <i>Beauveria bassiana</i> . .	31
Tabela 12 – Funções de ligação usuais, de Potência e Reversas de Potência.	34
Tabela 13 – DL_{p_0} para diferentes funções de ligação.	36
Tabela 14 – Estimativas bayesianas para <i>Cordyceps fumosorosea</i>	37
Tabela 15 – Estimativas bayesianas para <i>Beauveria bassiana</i>	39
Tabela 16 – Doses letais (DL_p), por espécie.	43
Tabela 17 – Resumo das métricas comparativas entre <i>Cordyceps fumosorosea</i> e <i>Beauveria bassiana</i> no controle de <i>Diaphorina citri</i>	47

SUMÁRIO

1	Introdução	1
2	Fundamentação Teórica	3
2.1	Modelos Lineares Generalizados	3
2.2	Propriedade de simetria e reversibilidade de distribuições de probabilidade . . .	3
2.3	Regressão Binária	4
2.4	Funções de ligação básicas	5
2.5	Distribuição Potência e Reversa de Potência	7
2.5.1	Modelo de regressão binária utilizando funções de ligação Potência e Reversa de Potência	8
2.6	Estimação bayesiana	10
2.6.1	Estimação dos parâmetros de um modelo de regressão binária	11
2.6.2	Estimação	12
2.7	Avaliação, Seleção e Ajuste de Modelos	13
2.8	Dose Letal	13
3	Mortalidade de <i>Diaphorina citri</i> em resposta à <i>Isaria fumosorosea</i>: um estudo de diferentes funções de ligação em modelos para dose-resposta dicotômica	15
3.1	Introdução	16
3.2	Material e métodos	18
3.2.1	Dados	18
3.2.2	Método	19
3.3	Resultados e discussão	22
3.4	Conclusão	25
4	Modelagem bayesiana para dose-resposta binomial considerando diferentes funções de ligação em bioensaios para controle de <i>Diaphorina citri</i>	28
4.1	Introdução	29
4.2	Material e Métodos	31
4.2.1	Dados Experimentais	31
4.2.2	Método	31
4.3	Resultados e discussão	37
4.4	Conclusão	47
5	Considerações finais	50

Referências 52

Apêndices **58**

APÊNDICE A Script em R para estimação bayesiana 59

APÊNDICE B Gráfico das curvas bayesianas ajustadas. 63

APÊNDICE C Análise de resíduos dos modelos ajustados 75

INTRODUÇÃO

Esta dissertação está estruturada em capítulos independentes. O Capítulo 1 corresponde à introdução, situando o tema e os objetivos do trabalho. O Capítulo 2 apresenta a fundamentação teórica, abordando os Modelos Lineares Generalizados, a regressão binomial e as diferentes funções de ligação que serão estudadas, as quais constituem o foco principal do trabalho. O Capítulo 3 reúne o primeiro artigo, no qual se estima a DL_{50} para um conjunto reduzido de funções usuais, enquanto o Capítulo 4 apresenta o segundo artigo, que amplia a análise para dois fungos entomopatogênicos e considera não apenas as funções usuais, mas também as de Potência e Reversas de Potência. Por fim, o Capítulo 5 traz as considerações finais, destacando as principais contribuições e implicações dos resultados obtidos.

Os Modelos Lineares Generalizados (MLGs), desenvolvidos por [Nelder e Wedderburn \(1972\)](#), têm se consolidado como uma das principais ferramentas estatísticas para a análise de dados em que a variável resposta segue uma distribuição pertencente à família exponencial, oferecendo flexibilidade para modelar diferentes tipos de dados. No caso específico de variáveis dicotômicas, como aquelas que indicam o sucesso ou fracasso de um evento, os modelos de regressão binomial são amplamente empregados. Este tipo de modelagem é particularmente útil em estudos de dose-resposta dicotômica, em que o interesse está em avaliar a probabilidade de ocorrência de um evento (por exemplo, morte ou sobrevivência) em função de níveis crescentes de um agente aplicado. Assim, esses modelos permitem explorar a relação entre a variável resposta e uma ou mais variáveis preditoras, por meio de funções de ligação que conectam a média da distribuição da variável resposta ao preditor linear ([MCCULLAGH; NELDER, 1989](#)).

A escolha da função de ligação é um passo crítico na modelagem estatística, pois influencia diretamente a qualidade do ajuste e a interpretação dos parâmetros do modelo. Em situações onde os dados apresentam características específicas, como assimetria ou desbalanceamento, funções de ligação alternativas podem oferecer um ajuste mais robusto ([CZADO; SANTNER, 1992](#); [CHEN et al., 1999](#)). Portanto, a escolha criteriosa da função de ligação é essencial para capturar com precisão as características dos dados.

A utilização de funções de ligação é particularmente relevante em estudos de dose-

resposta, onde a resposta dicotômica pode estar associada a variáveis explicativas que variam em concentração. Em estudos agronômicos sobre a mortalidade de insetos em resposta a inseticidas, diferentes funções de ligação têm sido aplicadas para modelar adequadamente a relação entre a dose aplicada e a resposta observada. Por exemplo, funções de ligação como *logit* e *probit* são comumente utilizadas em análises de dose-resposta para determinar a eficácia dos tratamentos aplicados (FINNEY; et al., 1971; NELDER; WEDDERBUN, 1972). No entanto, a adequação da função de ligação pode variar dependendo das características específicas dos dados em diferentes contextos. Portanto, a identificação da função de ligação mais apropriada para cada conjunto de dados é fundamental para a compreensão precisa da eficácia do tratamento e para a determinação de doses críticas, como a dose letal 50% (DL_{50}), que corresponde à concentração estimada capaz de provocar a mortalidade de metade dos insetos expostos.

Nesse contexto, a modelagem precisa da relação dose-resposta dicotômica entre fungos entomopatogênicos e a do inseto vetor do HLB reveste-se de importância estratégica para a citricultura mundial. O HLB tem provocado reduções drásticas na produção de citros, como evidenciado pelas quedas de até 79% na produção da Flórida (CRUZ; COURT; FERREIRA, 2023) e pelos 25% de retração registrados recentemente no cinturão citrícola de São Paulo e Triângulo/Sudoeste Mineiro (FUNDECITRUS, 2025), o que representa perdas de milhões de caixas de laranja e compromete a sustentabilidade econômica do setor. A determinação precisa de parâmetros críticos como a dose letal 50% (DL_{50}) possibilita estabelecer concentrações mínimas eficazes do bioinseticida, otimizando o controle do vetor e retardando o surgimento de resistência, além de reduzir custos e impactos ambientais.

Este estudo se justifica pela necessidade de avaliar funções de ligação alternativas às tradicionalmente usadas em bioensaios com respostas binárias, em particular distribuições assimétricas que permitem maior flexibilidade. Dessa forma, contribui diretamente para fundamentar o manejo mais racional do psíldeo, fortalecendo o controle biológico como alternativa viável ao uso intensivo de inseticidas químicos.

O objetivo desta dissertação é avaliar e comparar diferentes funções de ligação em modelos de regressão binomial com abordagem bayesiana aplicados a estudos de dose-resposta dicotômica, visando identificar aquelas que proporcionam melhor ajuste e maior precisão nas estimativas de parâmetros críticos, como as doses letais de referência. Busca-se, com isso, fornecer subsídios estatísticos robustos para a modelagem da mortalidade de *Diaphorina citri* frente a diferentes fungos entomopatogênicos, contribuindo para o avanço do controle biológico e para a sustentabilidade da citricultura.

FUNDAMENTAÇÃO TEÓRICA

2.1 Modelos Lineares Generalizados

Os Modelos Lineares Generalizados (MLGs) foram desenvolvidos por Nelder e Wedderburn (1972) e representam uma extensão dos modelos lineares clássicos, permitindo a modelagem de variáveis resposta que seguem distribuições pertencentes à família exponencial. Essa generalização é feita por meio da introdução de uma função de ligação que relaciona a média da distribuição da variável resposta ao preditor linear.

Em particular, quando a variável resposta é dicotômica, como no caso da mortalidade de insetos, os modelos de regressão binomial são amplamente utilizados. Nesse contexto, a escolha da função de ligação é crucial, pois influencia diretamente a qualidade do ajuste e a interpretação dos parâmetros do modelo.

2.2 Propriedade de simetria e reversibilidade de distribuições de probabilidade

Se uma distribuição de probabilidade é simétrica em torno de um ponto μ , dizemos que possui um ponto de simetria. Quando isso ocorre, a mediana e a média (quando existentes) coincidem neste ponto.

Nesta seção, considera-se que o ponto de simetria ou assimetria ocorre em $\mu = 0$, o que facilita a visualização dos gráficos teóricos das funções de distribuição acumulada (f.d.a.) analisadas.

Quando a distribuição de probabilidade de uma variável aleatória T é simétrica, as variáveis T e $-T$ possuem a mesma distribuição.

A distribuição de probabilidade da v.a. T apresenta a propriedade de reversibilidade se a variável $-T$ tiver f.d.a. $G(\cdot) \equiv 1 - F(-\cdot)$, em que $F(\cdot)$ é a f.d.a. de T , ou seja, $-T \sim G(\cdot) \equiv 1 - F(-\cdot)$ (BAZAN et al., 2017).

Para que a reversibilidade seja válida, a seguinte relação deve ser satisfeita:

$$F(\cdot) + G(-\cdot) = 1,$$

sendo $F(\cdot)$ a f.d.a. da distribuição original e $G(-\cdot)$ a f.d.a. da distribuição de probabilidade reversa.

Graficamente, a f.d.a. da distribuição e a de sua reversa se apresentam como imagens espelhadas uma da outra, conforme discutido por [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#).

Quando a distribuição é simétrica, não se aplica o conceito de reversa, pois a distribuição já é igual ao seu espelho. Para distribuições assimétricas, é possível definir uma distribuição reversa.

2.3 Regressão Binária

A regressão binária é uma técnica estatística usada para modelar o relacionamento entre uma variável resposta dicotômica e uma ou mais variáveis explicativas. No caso de uma variável resposta dicotômica, o interesse principal é modelar a probabilidade de um dos dois possíveis resultados (por exemplo, sucesso ou fracasso, vida ou morte).

Seja y_i uma variável dicotômica que assume valores 0 ou 1, representando a mortalidade da i -ésima *D. citri*, com $y_i = 1$ indicando morte e $y_i = 0$ indicando sobrevivência ([DOBSON, 2002](#)). Considera-se que

$$y_i \sim \text{Bernoulli}(p_i),$$

onde $p_i = P(y_i = 1)$ é a probabilidade de morte.

No contexto de Modelos Lineares Generalizados, assumimos que p_i pode ser modelado como uma função das variáveis explicativas x_i por meio de um preditor linear η_i , que é transformado em p_i por meio de uma função de ligação:

$$g(p_i) = \eta_i = \mathbf{X}_i \boldsymbol{\beta},$$

no qual $g(\cdot)$ é a função de ligação, $\mathbf{X}_i$ é o vetor associado às k variáveis explicativas da matriz de incidência $\mathbf{X}$, e $\boldsymbol{\beta}$ é o vetor dos coeficientes do modelo.

No caso de uma única variável explicativa x_i , o modelo pode ser especificado como:

$$g(p_i) = \eta_i = \beta_0 + \beta_1 x_i,$$

em que β_0 e β_1 são os coeficientes do modelo.

2.4 Funções de ligação básicas

Em análises estatísticas que envolvem a relação entre variáveis dependentes e independentes em modelos de regressão, as funções de ligação desempenham um papel fundamental. Elas oferecem uma forma de modelar e compreender como as variáveis independentes influenciam a variável dependente, sendo essenciais tanto para a realização de previsões quanto para a interpretação das associações observadas nos dados.

A seguir, são apresentadas funções de ligação clássicas utilizadas para dados binários:

- **Função *Logit*:** Amplamente empregada em modelos de regressão logística, relaciona o logaritmo da razão de chances (odds) a uma combinação linear das variáveis independentes (CAMERON; TRIVEDI, 2013).
- **Função *Probit*:** Amplamente utilizada quando se assume que os erros seguem uma distribuição normal. Semelhante à função logit, porém utiliza a função inversa da distribuição normal acumulada para modelar a probabilidade de ocorrência do evento binário (AGRESTI, 2007).
- **Função *Cauchit*:** É derivada da distribuição de Cauchy, conhecida por suas caudas longas. Indicada para situações em que os dados apresentam valores extremos ou distribuições que não se ajustam bem à normal, pois suaviza as estimativas e reduz o impacto de outliers nos resultados do modelo (HOSMER; LEMESHOW; STURDIVANT, 2013).
- **Função *CLoglog*:** É uma função de ligação assimétrica, particularmente útil quando se espera que a probabilidade de ocorrência de um evento aumente rapidamente e depois estabilize. Também utilizada em análises de sobrevivência, mostra-se apropriada em situações com baixas taxas de falha (CAMERON; TRIVEDI, 2013).
- **Função *Loglog*:** É útil em contextos onde o interesse está em modelar a probabilidade de eventos raros ou retardados. Aplicada em análises de sobrevivência para modelar a taxa de falha, especialmente quando há presença de dados censurados (CAMERON; TRIVEDI, 2013).

Na Tabela 1 são apresentadas as distribuições de probabilidade que definem as funções de ligação ditas como usuais (básicas), contemplando características tanto simétricas quanto assimétricas para a análise de dados binários. A tabela exhibe a função de distribuição acumulada (f.d.a.) de cada distribuição, representada por $\mathcal{F}(\cdot)$, e a respectiva função de ligação, dada por $\mathcal{F}^{-1}(\cdot)$.

Tabela 1 – Funções de ligação (básicas) para regressão binária.

¹ Distribuição	$\mathcal{F}(\cdot) = p$	Nome da Ligação	$\mathcal{F}^{-1}(\cdot) = \eta$
L	$\frac{e^\eta}{1+e^\eta}$	<i>logit</i> (L)	$\log\left(\frac{p}{1-p}\right)$
N	$\Phi(\eta)$	<i>probit</i> (P)	$\Phi^{-1}(p)$
C	$0,5 + \frac{\arctan(\eta)}{\pi}$	<i>cauchit</i> (C)	$\tan(\pi(p - 0,5))$
GVMi	$1 - e^{-e^\eta}$	<i>cloglog</i> (CLL)	$\log(-\log(1-p))$
GVMa	$e^{-e^{-\eta}}$	<i>loglog</i> (LL)	$-\log(-\log(p))$

¹ L: Logística; N: Normal; C: Cauchy; GVMi: Gumbel de valor mínimo; GVMa: Gumbel de valor máximo. $\log(\cdot)$ representa a função $\ln(\cdot)$; $\tan(\cdot)$ a função tangente; $\arctan(\cdot)$ a função inversa da tangente; $\Phi(\cdot)$ a função de distribuição acumulada normal padrão.

Fonte: Adaptado de [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#)

Para apresentar o comportamento teórico de p em função dos valores η com as ligações mostradas no Tabela 1, considerou-se $\eta = \beta_0 + \beta_1 x_{i1}$, com $x_{i1} \in [-a, a]$. Aqui, adotou-se $a = 5$, além de $\beta_0 = 0$ e $\beta_1 = 1$. Essas curvas estão apresentadas na Figura 1 e são conhecidas como curvas de probabilidade de sucesso.

Uma função de ligação é dita simétrica quando $\mathcal{F}(\cdot)$ provém de uma distribuição de probabilidade simétrica, o que implica em uma curva com caudas igualmente distribuídas em torno de $p = 0,5$. Assim, a partir da Figura 1, verifica-se que as ligações simétricas são a *logit*, *probit* e *cauchit*, enquanto as ligações *cloglog* e *loglog* apresentam comportamento assimétrico.

Vale ressaltar que as distribuições assimétricas apresentadas no Tabela 1 (GVMi e GVMa) satisfazem a propriedade de reversibilidade e, neste caso, uma é a reversa da outra.

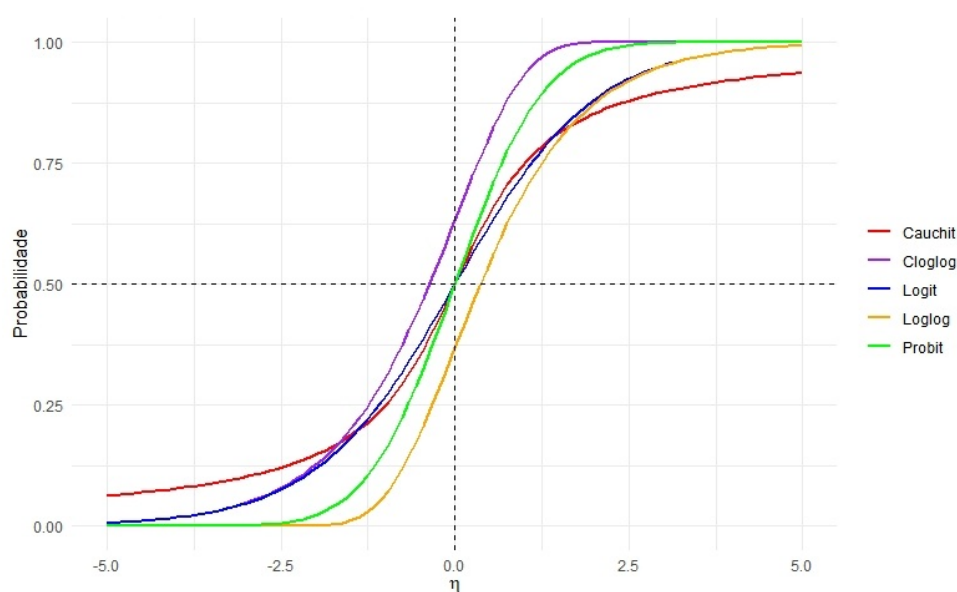


Figura 1 – Curvas de probabilidade teóricas das funções de ligação *logit*, *probit*, *cauchit*, *cloglog* e *loglog*.

Fonte: [GALO \(2020\)](#)

2.5 Distribuição Potência e Reversa de Potência

A partir da generalização da distribuição normal sugerida por GUPTA e GUPTA (2008), ABANTO-VALLE, BAZÁN e SMITH (2014), mostraram que a distribuição de probabilidade potência é adquirida quando se eleva a uma potência positiva (λ) a função distribuição acumulada (f.d.a.) de qualquer distribuição de probabilidade contínua nos reais, unimodal e log côncava. A partir disso, uma nova distribuição de probabilidade assimétrica é determinada com um parâmetro λ associado à assimetria que os dados analisados apresentam.

Como as distribuições de probabilidade potência satisfazem a propriedade de reversibilidade, é possível obter as respectivas distribuições de probabilidade reversa potência, que também apresentam o parâmetro de assimetria λ (BAZAN et al., 2017; BAZÁN; ROMEO; RODRIGUES, 2014). Essas distribuições foram definidas da seguinte forma:

Distribuição Potência (P): Uma variável aleatória univariada T tem distribuição potência, isto é, $T \sim P(\mu, \sigma^2, \lambda)$, com parâmetro de locação $\mu \in \mathbb{R}$, $\sigma^2 > 0$ (escala) e $\lambda > 0$ (assimetria), se sua f.d.a. e f.d.p. são dadas por:

$$F_P(t|\mu, \sigma^2, \lambda) = \left[G\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \right]^\lambda, \quad e$$

$$f_P(t|\mu, \sigma^2, \lambda) = \frac{\lambda}{\sigma} g\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \left[G\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \right]^{\lambda-1}, \quad t \in \mathbb{R}.$$

no qual $G(\cdot)$ é a f.d.a. de uma distribuição base (simétrica ou assimétrica) e $g(\cdot)$ é sua f.d.p.

Distribuição Reversa de Potência (RP): Uma v.a. univariada T tem distribuição de probabilidade reversa de potência, denotada por $T \sim RP(\mu, \sigma^2, \lambda)$, onde $\mu \in \mathbb{R}$ é o parâmetro de locação, $\sigma^2 > 0$ o parâmetro de escala e $\lambda > 0$ o parâmetro de assimetria, se sua f.d.a. e f.d.p. são dadas por:

$$F_{RP}(t|\mu, \sigma^2, \lambda) = 1 - \left[G\left(-\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \right]^\lambda, \quad e$$

$$f_{RP}(t|\mu, \sigma^2, \lambda) = \frac{\lambda}{\sigma} g\left(\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \left[G\left(-\frac{t-\mu}{\sigma}\right) \right]^{\lambda-1}, \quad t \in \mathbb{R}.$$

no qual $g(\cdot)$ é a f.d.p. da distribuição base e $G(\cdot)$ sua f.d.a. correspondente.

As distribuições potência e reversa de potência assumem forma padrão quando $\mu = 0$ e $\sigma^2 = 1$.

Dizemos que W tem distribuição potência padrão, isto é, $W \sim \mathcal{P}(\lambda)$, se a função de distribuição acumulada (f.d.a.) e a função densidade de probabilidade (f.d.p.) são, respectivamente, dadas por:

$$F_P(w | \lambda) = [G(w)]^\lambda, \quad e$$

$$f_P(w | \lambda) = \lambda g(w) [G(w)]^{\lambda-1}, \quad w \in \mathbb{R}.$$

Além disso, uma v.a. W tem distribuição reversa de potência padrão, isto é, $W \sim \mathcal{P}(\lambda)$, se a f.d.a. e a f.d.p. são, respectivamente, dadas por:

$$F_{RP}(w|\lambda) = 1 - [G(-w)]^\lambda, \quad e$$

$$f_{RP}(w|\lambda) = \lambda g(w) [G(-w)]^{\lambda-1}, \quad w \in \mathbb{R}.$$

2.5.1 Modelo de regressão binária utilizando funções de ligação Potência e Reversa de Potência

Bazan et al. (2017) e Anyosa (2017) propõem utilizar as distribuições potência e reversa de potência formadas a partir das distribuições básicas (Tabela 1) para obter novas funções de ligação para regressão binária com característica assimétrica. Assim, os modelos de regressão binária obtidos dessas distribuições são dados na forma descrita na Seção 2.4, sendo $\mathcal{F}(\cdot) = \mathcal{F}_\lambda(\cdot)$ a f.d.a. de alguma distribuição potência ou reversa de potência, $\mathcal{F}^{-1}(\cdot) = \mathcal{F}_\lambda^{-1}(\cdot)$ a função de ligação potência ou reversa de potência, e η o preditor linear.

Na Tabela 2 são apresentadas as distribuições de probabilidade que definem as funções de ligação assimétricas para análise de dados binários, bem como a f.d.a. $\mathcal{F}_\lambda(\cdot)$ e a função de ligação $\mathcal{F}_\lambda^{-1}(\cdot)$.

Na literatura, observa-se que a partir das Definições de distribuição de potência e reversa de potência foram obtidas: a distribuição Potência Normal (PN), proposta por GUPTA e GUPTA (2008); a distribuição Reversa de Potência Normal (RPN) por BAZÁN, ROMEO e RODRIGUES (2014); as distribuições Potência Gumbel de Valor Máximo (PGVMa) e Potência Gumbel de Valor Mínimo (PGVMi), propostas por Abanto-Valle, Dey e Jiang (2015); e as distribuições Potência Cauchy (PC), Reversa de Potência Cauchy (RPC), Reversa de Potência Gumbel de Valor Máximo (RPGVMa) e Reversa de Potência Gumbel de Valor Mínimo (RPGVMi) por Bazan et al. (2017).

Por outro lado, as distribuições Reversa de Potência Logística (RPL) e Potência Logística (PL) não foram obtidas diretamente das definições. A distribuição RPL foi proposta por NAGLER (1994), sendo denominada *Scobit*, enquanto a distribuição PL decorre de uma generalização da distribuição logística, conhecida como generalização do tipo I (para mais detalhes, ver JOHNSON, KOTZ e BALAKRISHNAN (1994)).

Tabela 2 – Funções de Ligação Potência e Reversa de Potência.

Distribuição	Função	Probabilidade	Função Inversa
Logística	<i>PL</i>	$\left(\frac{e^\eta}{1+e^\eta}\right)^\lambda$	$\log\left(\frac{p^{1/\lambda}}{1-p^{1/\lambda}}\right)$
Logística	<i>RPL</i>	$1 - \left(\frac{e^{-\eta}}{1+e^{-\eta}}\right)^\lambda$	$\log\left(\frac{1-(1-p)^{1/\lambda}}{(1-p)^{1/\lambda}}\right)$
Normal	<i>PP</i>	$[\Phi(\eta)]^\lambda$	$\Phi^{-1}(p^{1/\lambda})$
Normal	<i>RPP</i>	$1 - [\Phi(-\eta)]^\lambda$	$-\Phi^{-1}((1-p)^{1/\lambda})$
Cauchy	<i>PC</i>	$\left(0, 5 + \frac{\arctan(\eta)}{\pi}\right)^\lambda$	$\tan(\pi(p^{1/\lambda} - 0, 5))$
Cauchy	<i>RPC</i>	$1 - \left(0, 5 + \frac{\arctan(-\eta)}{\pi}\right)^\lambda$	$-\tan(\pi((1-p)^{1/\lambda} - 0, 5))$
Gumbel Min	<i>PCLL</i>	$(1 - e^{-e^\eta})^\lambda$	$\log(-\log(1 - p^{1/\lambda}))$
Gumbel Min	<i>RPCLL</i>	$1 - (1 - e^{-e^{-\eta}})^\lambda$	$-\log(-\log(1 - (1-p)^{1/\lambda}))$
Gumbel Max	<i>PLL</i>	$(e^{-e^{-\eta}})^\lambda$	$-\log(-\log(p^{1/\lambda}))$
Gumbel Max	<i>RPLL</i>	$1 - (e^{-e^\eta})^\lambda$	$\log(-\log((1-p)^{1/\lambda}))$

Nota: *PL*: Potência *Logit*; *RPL*: Reversa de Potência *Logit*; *PP*: Potência *Probit*; *RPP*: Reversa de Potência *Probit*; *PC*: Potência *Cauchit*; *RPC*: Reversa de Potência *Cauchit*; *PCLL*: Potência *Cloglog*; *RPCLL*: Reversa de Potência *Cloglog*; *PLL*: Potência *Loglog*; *RPLL*: Reversa de Potência *Loglog*.

Fonte: Adaptado de [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#)

O parâmetro λ influencia a assimetria da f.d.a. das distribuições potência e reversa de potência e, conseqüentemente, a assimetria nas funções de ligação derivadas dessas distribuições. [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#) concluíram em seus estudos de simulação que, de modo geral, o valor assumido por λ é fortemente impactado pela proporção de sucessos na variável resposta.

No caso das funções de ligação do tipo potência, quando $0 < \lambda < 1$ verifica-se uma maior proporção de sucessos do que falhas na variável resposta; para $\lambda = 1$, a proporção de sucessos e falhas tende a estar em equilíbrio; e para $\lambda > 1$, a proporção de sucessos é menor do que a de falhas. Já para as ligações do tipo reversa de potência, observa-se o comportamento inverso.

De forma simplificada, a proporção de sucessos ou fracassos na resposta pode ser interpretada pelo deslocamento que ocorre nas curvas de probabilidade. Quando $\lambda = 1$, a curva coincide com a da distribuição base utilizada para definir a distribuição potência ou reversa de potência. Para $0 < \lambda < 1$, as curvas das funções de ligação potência deslocam-se para a esquerda, enquanto as curvas das funções reversas de potência deslocam-se para a direita em relação à curva básica. Por outro lado, para $\lambda > 1$, as curvas das ligações potência deslocam-se para a direita, ao passo que as curvas das ligações reversas de potência deslocam-se para a esquerda da curva da ligação original.

2.6 Estimação bayesiana

O conceito de inferência, no âmbito da estatística, é o de realizar declarações e/ou tomar decisões sobre característica(s) desconhecida(s) de uma população (parâmetro(s)) a partir das informações de uma amostra dessa população. Para isso, diferentes abordagens podem ser utilizadas. Uma das mais conhecidas e utilizadas no meio estatístico é a inferência clássica (frequentista). No entanto, outra abordagem para realização de inferências tem ganhado destaque nos últimos anos devido ao desenvolvimento tecnológico e metodológico: a Inferência Bayesiana.

Os métodos bayesianos diferenciam-se dos clássicos pois consideram os parâmetros (θ) como quantidades desconhecidas sujeitas a um grau de incerteza, avaliável de forma probabilística, já que são tratados como variáveis aleatórias. Assim, podem assumir uma distribuição de probabilidade denominada *priori*, $\pi(\theta)$ ((PAULINO; TURKMAN; MURTEIRA, 2003; ROSSI, 2011)). Uma das formas de obter informações relacionadas a θ é por meio da função de verossimilhança (F.V.), a qual caracteriza-se por concentrar toda a informação relevante que uma amostra $Y = (y_1, \dots, y_n)$ pode fornecer. A F.V. é definida como:

$$L(Y|\theta) = \prod_{i=1}^n f(y_i|\theta),$$

sendo $f(y_i|\theta)$ a f.d.p. (ou f.m.p., no caso discreto) para cada valor da v.a. $Y = y_i$, com $i = 1, \dots, n$.

A teoria da Inferência Bayesiana baseia-se essencialmente no Teorema de Bayes (EHLERS, 2011), uma vez que é a regra utilizada para atualizar a informação a respeito do parâmetro quando se observa uma amostra aleatória (a.a.) Y relacionada ao mesmo. Com isso, obtém-se a distribuição de probabilidade condicional de θ , $\pi(\theta|Y)$, conhecida como distribuição *a posteriori*. Dessa forma, a operação bayesiana, que resulta em toda a informação disponível sobre o parâmetro, é dada por:

$$\pi(\theta|Y) = L(\theta|Y)\pi(\theta),$$

ou seja,

$$Posteriori = Verossimilhança \times Priori.$$

Note que, no contexto bayesiano, a F.V. é representada por $L(\theta|Y)$, como uma inversão em relação à forma adotada na inferência clássica $L(Y|\theta)$. Isso ocorre devido a uma convenção que facilita a aplicação do Teorema de Bayes, pois o objetivo é estimar θ com base na informação proveniente (condicionada) dos dados Y .

Existem duas classes principais de distribuições *a priori*: as informativas, que permitem representar algum conhecimento prévio sobre o vetor de parâmetros. Esse conhecimento pode ser obtido, por exemplo, via metanálises, estudos anteriores ou conhecimento do pesquisador, sendo incorporado aos hiperparâmetros para, juntamente com a função de verossimilhança, determinar a distribuição *a posteriori*; e as não-informativas, nas quais os hiperparâmetros são escolhidos de modo a não influenciar a verossimilhança, de forma que a informação *a posteriori* seja derivada basicamente dos dados.

Existem diferentes métodos algébricos para elicitar uma distribuição *a priori* não-informativa. Dentre os principais apresentados por [Paulino, Turkman e Murteira \(2003\)](#) e [Rossi \(2011\)](#), destacam-se os métodos de Bayes-Laplace, Jeffreys e Box-Tiao. No entanto, atualmente, devido ao avanço computacional nos processos de estimação, tais esforços algébricos tornaram-se menos necessários, bastando muitas vezes identificar o espaço paramétrico do parâmetro para definir sua distribuição.

O resultado obtido, $\pi(\theta|Y)$, representa a distribuição *a posteriori* que será utilizada para realizar inferências sobre θ , seja de forma gráfica (densidades, histogramas, boxplots etc.), pontual (média, mediana, desvio-padrão etc.) ou intervalar, por meio de intervalos de credibilidade (IC_r) ou de alta densidade (HPD), conforme discutido em [Paulino, Turkman e Murteira \(2003\)](#) e [EHLERS \(2011\)](#).

2.6.1 Estimação dos parâmetros de um modelo de regressão binária

Para os modelos de regressão binária com funções de ligação básicas (Tabela 1), os parâmetros a serem estimados são os coeficientes da regressão $\theta = \beta = (\beta_0, \beta_1, \dots, \beta_k)$

Já para os modelos com as ligações potência ou reversa de potência (Tabela 2), além dos coeficientes de regressão, considera-se o parâmetro de assimetria λ , de forma que $\theta = (\beta, \lambda)$.

Assim, as funções de verossimilhança (F.V.) dos modelos ligação de potência e reversa de potência são, respectivamente,

$$L(\beta|Y, x) = \prod_{i=1}^n [F(\eta)]^{y_i} [1 - F(\eta)]^{1-y_i}$$

e

$$L(\beta, \lambda|Y, x) = \prod_{i=1}^n [F_\lambda(\eta)]^{y_i} [1 - F_\lambda(\eta)]^{1-y_i},$$

em que $F(\eta)$ e $F_\lambda(\eta)$ representam a probabilidade de sucesso na distribuição da variável resposta Y (Bernoulli), quando utilizadas as ligações básicas ou as ligações potência e reversa de potência, isto é, $P(Y = 1) = F(\eta)$ ou $P(Y = 1) = F_\lambda(\eta)$, respectivamente.

No modelo com funções de ligação básicas, o vetor de parâmetros β está diretamente associado às variáveis regressoras. A distribuição *a posteriori* proporcional é, portanto,

$$\pi(\beta|Y, x) \propto L(\beta|Y, x)\pi(\beta).$$

Já para o modelo com funções de ligação Potência ou Reversa de Potência, tem-se:

$$\pi(\beta, \lambda|Y, x) \propto L(\beta, \lambda|Y, x)\pi(\beta, \lambda).$$

Com a estrutura de cada modelo definida, é preciso estabelecer as distribuições *a priori* com seus, respectivos, hiperparâmetros. Para o vetor de parâmetros associados às variáveis regressoras β , neste trabalho será utilizada uma distribuição *a priori* não-informativa. Assim, $\pi_1(\beta)$ pode ser definida como uma distribuição Normal com média $\mu = 0$ e precisão $\tau = 10^{-6}$, isto é,

$$\beta_j \sim N(0, 10^{-6}), \quad j = 0, 1, \dots, k,$$

o que é usual para os coeficientes de regressão cujo espaço paramétrico é $\mathbb{R}$. Neste caso, $\sigma^2 = \tau^{-1}$, já que será utilizada a parametrização OpenBUGS (SPIEGELHALTER et al., 1994), programa bayesiano usado para simular as cadeias MCMC (Markov Chain Monte Carlo). Esta será a distribuição *a priori* utilizada para β .

Para o modelo com ligação potência ou reversa de potência, em relação ao parâmetro λ , BAZÁN, ROMEO e RODRIGUES (2014) sugerem a transformação $\delta = \ln(\lambda)$, isto é, $\lambda = e^\delta$, para facilitar o cálculo bayesiano e a obtenção da distribuição *a posteriori*. Segundo Bazan et al. (2017), a distribuição *a priori* de $\pi_2(\delta)$ pode ser definida como uma distribuição Uniforme, tal que

$$\delta \sim U(-2, 2),$$

já que os valores de λ , dentro do intervalo $[e^{-2}, e^2]$, apresentam uma maior probabilidade de ocorrência.

2.6.2 Estimação

A estimativa dos parâmetros na abordagem bayesiana é realizada por meio de simulação e existem diferentes métodos, mas os mais populares são os que utilizam métodos MCMC (Monte Carlo via Cadeias de Markov). O algoritmo de *Gibbs Sampling* é amplamente utilizado para este fim, gerando cadeias de Markov cujos estados eventualmente convergem para a distribuição *a posteriori* dos parâmetros (GEMAN; GEMAN; et al., 1984).

O processo de MCMC envolve a definição de um período de descarte amostral inicial (*burn-in*) e a implementação de saltos para garantir que a autocorrelação entre os elementos seja minimizada, resultando em uma cadeia estacionária. A convergência das cadeias pode ser verificada por critérios como o de Heidelberg e Welch ([HEIDELBERGER; WELCH, 1983](#)).

2.7 Avaliação, Seleção e Ajuste de Modelos

A comparação e escolha do modelo adequado é uma etapa essencial na análise de dados, que envolve a avaliação tanto da qualidade do ajuste quanto da complexidade do modelo. No contexto frequentista, o *Akaike Information Criterion* (AIC), proposto por ([AKAIKE, 1973](#)), é amplamente utilizado para a seleção de modelos. O AIC penaliza a complexidade do modelo, ajudando a evitar o sobreajuste, e modelos com menor AIC são preferidos, pois indicam um equilíbrio entre um ajuste adequado e a simplicidade do modelo.

No contexto bayesiano, o *Deviance Information Criterion* (DIC), introduzido por ([SPIEGELHALTER et al., 2002](#)), é um dos principais critérios utilizados. Assim como o AIC, o DIC penaliza a complexidade do modelo, mas considera a distribuição *a posteriori* dos parâmetros, sendo especialmente útil em modelos hierárquicos ou com parâmetros aleatórios. O modelo com o menor DIC é preferido por ser mais parcimonioso.

Além dos critérios de informação, a avaliação preditiva dos modelos dicotômicos pode ser realizada utilizando medidas como sensibilidade, especificidade e acurácia, que são intrínsecas aos testes diagnósticos e sintetizam a capacidade do modelo de classificar corretamente os eventos de interesse.

Para garantir a adequação dos modelos ajustados, são utilizadas técnicas gráficas, como gráficos QQ-Plot com Envelopes Simulados, que permitem a avaliação da normalidade dos resíduos. Um bom ajuste é indicado quando os resíduos seguem uma distribuição próxima da esperada. A análise detalhada dos resíduos, especialmente utilizando resíduos quantil aleatorizados e gráficos de envelope simulado, é fundamental para verificar a adequação dos modelos ajustados e assegurar que as suposições do modelo sejam atendidas ([LEMONTE; BAZÁN; et al., 2018](#); [HUAYANAY et al., 2019](#)). Estas ferramentas gráficas oferecem uma visualização clara das discrepâncias potenciais, permitindo uma interpretação mais profunda da adequação do modelo aos dados.

2.8 Dose Letal

A Dose Letal (*DL*) é uma medida fundamental em estudos de toxicidade e eficácia de tratamentos, representando a dose necessária para atingir uma determinada probabilidade de ocorrência de um evento adverso, como a morte de uma determinada porcentagem da

população exposta. A dose letal pode ser calculada para diferentes valores de p , que é a probabilidade associada ao evento de interesse.

Especificamente, a DL_{50} refere-se à dose letal para $p = 0,5$, ou seja, a dose que causa a morte de pelo menos 50% da população exposta. Na Tabela 3 são apresentadas as fórmulas para o cálculo da DL_{50} na escala logarítmica, assim como as fórmulas para calcular a *Dose Letal (DL)* para diferentes valores de probabilidade alvo p_0 , considerando diferentes funções de ligação da família básica, potência e reversa de potência.

Tabela 3 – DL_{p_0} e DL_{50} na escala logarítmica para diferentes funções de ligação.

Ligação	DL_{p_0} (Logarítmica)	DL_{50} (Logarítmica)
L	$\frac{\log\left(\frac{p_0}{1-p_0}\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\beta_0}{\beta_1}$
P	$\frac{\Phi^{-1}(p_0) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\beta_0}{\beta_1}$
C	$\frac{\tan(\pi(p_0 - 0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\beta_0}{\beta_1}$
CLL	$\frac{\log(-\log(1-p_0)) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log(-\log(0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$
LL	$\frac{-\log(-\log(p_0)) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{-\log(-\log(0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$
PL	$\frac{\log\left(\frac{p_0^{1/\lambda}}{1-p_0^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log\left(\frac{(0,5)^{1/\lambda}}{1-(0,5)^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$
PP	$\frac{\Phi^{-1}(p_0^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\Phi^{-1}((0,5)^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$
PC	$\frac{\tan\left(\pi(p_0^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\tan\left(\pi((0,5)^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$
$PCLL$	$\frac{\log(-\log(1-p_0^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log(-\log(1-(0,5)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$
PLL	$\frac{-\log(-\log(p_0^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{-\log(-\log((0,5)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$
RPL	$\frac{\log\left(\frac{1-(1-p_0)^{1/\lambda}}{(1-p_0)^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log\left(\frac{1-(1-0,5)^{1/\lambda}}{(1-0,5)^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$
RPP	$\frac{-\Phi^{-1}((1-p_0)^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{-\Phi^{-1}((1-0,5)^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$
RPC	$\frac{-\tan\left(\pi((1-p_0)^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{-\tan\left(\pi((1-0,5)^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$
$RPCLL$	$\frac{-\log(-\log(1-(1-p_0)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{-\log(-\log(1-(1-0,5)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$
$RPLL$	$\frac{\log(-\log((1-p_0)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log(-\log((1-0,5)^{1/\lambda})) - \beta_0}{\beta_1}$

Além disso, a dose letal na escala natural pode ser obtida exponenciando a DL_{p_0} na escala logarítmica, ou seja, $10^{DL_{p_0}}$.

MORTALIDADE DE *Diaphorina citri* EM RESPOSTA À *Isaria fumosorosea*: UM ESTUDO DE DIFERENTES FUNÇÕES DE LIGAÇÃO EM MODELOS PARA DOSE-RESPOSTA DICOTÔMICA

Resumo

Este estudo investiga a relação entre a mortalidade de *Diaphorina citri*, um importante inseto-praga de citros, e a exposição a diferentes concentrações de *Isaria fumosorosea*, um dos fungos relevantes para o controle biológico. Toda modelagem foi realizada via regressão binomial, considerando quatro funções de ligação (*Logit*, *Probit*, *Cauchit* e *Cloglog*) nos contextos frequentista e bayesiano. A análise frequentista fornece estimativas baseadas apenas nos dados observados, enquanto a abordagem bayesiana incorpora informações prévias, resultando em estimativas mais precisas. O modelo com ligação *Cauchit* foi o que melhor se ajustou aos dados, apresentando parâmetros significativos para os coeficientes do preditor linear. A dose letal de 50%, na escala logarítmica, foi identificada como sendo 5,03 log(conídios/mL), ou seja, ao aplicar essa dose, espera-se que metade dos insetos expostos morra.

Palavras-chave: análise Bayesiana, dose letal, fungos entomopatogênicos, regressão binomial.

3.1 Introdução

A *Diaphorina citri*, conhecida como vetor do Huanglongbing (HLB) ou *Citrus Greening*, desempenha um papel alarmante na disseminação do agente patogênico *Candidatus liberibacter asiaticus*, representando uma ameaça crítica para a indústria citrícola global, resultando em consideráveis perdas na produção de citros (WANG, 2019). A transmissão desse patógeno ocorre quando a *D. citri* se alimenta da seiva das plantas de citros (ver Figura 2), infectando-as com a bactéria. Estudos de localização da *Candidatus liberibacter asiaticus* evidenciaram a presença da bactéria em tecidos específicos do inseto, reforçando seu papel como vetor (AMMAR; SHATTERS; HALL, 2011).



Figura 2 – Ninfas de *Diaphorina citri* alimentando-se em ramo de citros.

Fonte: Jimenez e Logarzo (2023).

Em Paranavaí, no estado do Paraná, Brasil, estudos realizados revelaram o impacto econômico devastador do HLB na produção de citros (COSTA, 2021). Nessa região, mesmo com uma incidência anual de HLB abaixo de 2,5%, houve um aumento importante de seis vezes na incidência da doença, atingindo de 0,16% para 0,96% no período analisado. Pomares com menos de 10 mil plantas apresentaram maior suscetibilidade à doença, acarretando perdas econômicas estimadas em US\$11,8 milhões no primeiro cenário e US\$39,2 milhões no segundo cenário considerado.

Além disso, uma pesquisa conduzida pelo Departamento de Economia de Alimentos e Recursos da Universidade da Flórida em 2021 evidenciou que a indústria de citros na Flórida

sofreu uma redução alarmante de aproximadamente 51% na área de pomares, juntamente com uma drástica queda de 79% no volume de produção desde 2001. Essas perdas significativas foram diretamente atribuídas ao avanço do HLB, introduzido no estado em 2005 (CRUZ; COURT; FERREIRA, 2023).

Esses estudos econômicos em diferentes regiões geográficas ressaltam a gravidade do impacto do HLB na produção de citros, impulsionado pela ação disseminadora de *Diaphorina citri*. Diversas estratégias de controle têm sido exploradas, incluindo o uso de fungos entomopatogênicos, como o *Isaria fumosorosea*.

Este fungo que tem demonstrado potencial para controlar populações de *Diaphorina citri*, quando aplicado corretamente, pode colonizar e causar a morte do inseto como ilustrado na Figura 3. Além disso, é uma alternativa sustentável ao controle químico, preservando os inimigos naturais das pragas e não deixando resíduos (CONCESCHI, 2014).



Figura 3 – Psílideo *Diaphorina citri* morto pelo fungo *Cordyceps fumosorosea*.

Foto: M. R. Conceschi | ESALQ-USP. Fonte: Ramos (2024).

É crucial enfatizar a relevância de estabelecer a dose ótima do *Isaria fumosorosea*, visando a maximização da eficácia no controle de *Diaphorina citri*, ao mesmo tempo em que minimiza os potenciais efeitos negativos sobre a biodiversidade e os ecossistemas locais. Estudos recentes têm focado em determinar os isolados do *Isaria fumosorosea* (como IBCB 124, IBCB 130, IBCB 201 e IBCB 638) e seu potencial de mortalidade em diferentes níveis

de temperatura. Esses estudos são fundamentais para entender a resistência que a *Diaphorina citri* pode adquirir ao fungo e para desenvolver estratégias eficazes de controle de pragas (CONCESCHI, 2017).

Diante disso, a análise minuciosa da resposta dessa espécie aos fungos entomopatogênicos assume suma importância. Sendo esse o objetivo do estudo em questão, busca-se avaliar diferentes funções de ligação em modelo binomial.

3.2 Material e métodos

3.2.1 Dados

Os dados usados foram provenientes do pacote *hnp* no R (R CORE TEAM, 2025). Esses dados, denominados “fungi” ((MORAL; HINDE; DEMÉTRIO, 2017)), foram originados de um experimento conduzido por D’Alessandro (2014) e disponibilizados como dados não publicados, com base no modelo de superdispersão discutido por Demétrio, Hinde e Moral (2014).

Em análises que envolvem variáveis dicotômicas, como é o caso da mortalidade de *Diaphorina citri*, que representam o sucesso ou fracasso de um evento (a vida ou morte da espécie em questão), os Modelos Lineares Generalizados (MLG), originalmente propostos por Nelder e Wedderburn (1972), tornam-se ferramentas cruciais. Esses modelos são empregados para investigar as relações entre variáveis independentes e a variável resposta, adotando distribuições de probabilidade pertencentes à família exponencial.

Por meio da Tabela 4 verifica-se informações amostrais do experimento realizado para avaliar a mortalidade de *Diaphorina citri* quando exposta a diferentes concentrações de conídios de *Isaria fumosorosea*.

Tabela 4 – Informações amostrais para *Cordyceps fumosorosea*.

Amostras	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
Insetos Mortos	5	2	2	5	8	13	12	15	17	14	20	11	13	12	13
Total de Insetos	17	18	11	15	20	24	13	17	17	16	21	13	13	14	13
Log da Dose	4	4	4	5	5	5	6	6	6	7	7	7	8	8	8
Taxa de Mortos (%)	29	11	18	33	40	54	92	88	100	87	95	85	100	86	100

Nota: Log da Dose refere-se ao logaritmo na base 10 da concentração de conídios por mililitro (conídios/mL).

Fonte: D’Alessandro (2014)

Concentrações de conídios variando entre 10^4 e 10^8 (conídios/mL) foram testadas. Cada unidade experimental consistiu de aproximadamente 20 adultos de *D. citri*, que foram submetidos à pulverização com soluções dos respectivos fungos. Os insetos foram então mantidos em plantas de *Citrus limonia* por um período de 10 dias, durante o qual o número de insetos mortos foi registrado, incluindo aqueles que faleceram devido à infecção fúngica.

Tabela 5 – Estatísticas descritivas das taxas de mortalidade (%) de *Diaphorina citri*.

Mín.	1º quartil	Mediana	Média	Desvio padrão	3º quartil	Máx.
11	37	86	68	33	94	100

Fonte: D'Alessandro (2014)

De modo geral, os dados revelam informações significativas sobre as taxas de morte de *D. citri* (Tabela 5). A menor taxa de mortalidade observada em uma das diluições foi de 11, indicando uma eficácia mais baixa nessa diluição específica para a redução da população de *D. citri*. O primeiro quartil, situado em 37%, indica que 25% das amostras apresentam uma taxa de insetos mortos menor ou igual a 37%, o que implica que a maioria das amostras (75%) apresentou mortalidade superior a esse valor, sugerindo predominância de taxas altas de mortalidade nas concentrações testadas. A mediana, estabelecida em 86, indica que metade das diluições mostraram uma taxa de insetos mortos igual ou inferior a esse valor, enquanto a outra metade apresentou valores iguais ou superiores, evidenciando uma variação considerável nas taxas de mortalidade entre as diluições. A média, registrada em 68, representa o valor médio das taxas de insetos mortos. Esta média, em comparação com a mediana, sugere que a distribuição das taxas de mortalidade seja ligeiramente assimétrica a esquerda. O desvio padrão de 33 indica a variabilidade das taxas de insetos mortos nas diferentes diluições do fungo *I. fumosorosea*. Um desvio padrão menor sugere que as taxas de mortalidade estão mais próximas da média (68), enquanto um desvio padrão maior indicaria maior dispersão dos dados. Neste caso, um desvio padrão de 33 sugere uma variação moderada nas taxas de mortalidade entre as diferentes diluições testadas. Isso significa que, embora haja alguma variabilidade nos resultados, a maioria das diluições tende a produzir taxas de mortalidade relativamente próximas ao valor médio. O terceiro quartil, situado em 94, revela que 75% das diluições exibiram uma taxa de insetos mortos igual ou inferior a esse valor, indicando predominantemente taxas mais altas de mortalidade entre as diluições. O valor máximo das taxas de insetos mortos foi de 100, indicando que, em pelo menos uma diluição, todos os insetos foram afetados. Isso sugere uma alta eficácia em uma diluição específica para a redução da população de *D. citri*.

Os dados demonstram uma ampla variação nas taxas de mortalidade dos insetos, *D. citri*, entre diferentes diluições do fungo *I. fumosorosea*. Algumas diluições apresentaram taxas muito baixas de mortalidade, enquanto outras demonstraram uma eficácia significativa na redução da população de *D. citri*.

3.2.2 Método

Para a análise proposta neste trabalho, foram consideradas as funções de ligação listadas na Tabela 6. Essas funções incluem características como simetria (*L*: *logit*, *P*: *probit* e *C*:

Cauchit) e assimetria (*CLL*: *cloglog*). Estamos interessados em estudar a morte de *D. citri* que representa a probabilidade de sucesso. A probabilidade de mortalidade estará relacionada com a seguinte variável explicativa: x (logaritmo natural da concentração de fungos). Denotaremos por y_i a mortalidade da i -ésima *Diaphorina*. Em que, 0: vivo e 1: morto.

Foi considerado que y_i , é descrita por uma distribuição Binomial, isto é, o valor observado da mortalidade de uma *D. citri*, com probabilidade de sucesso,

$$P(y_i = 1) = p_i, \quad \text{isto é: } y_i \sim \text{Bernoulli}(p_i) : \begin{cases} 1 & : p_i \\ 0 & : 1 - p_i \end{cases}$$

Tabela 6 – Funções de ligação (básicas) para regressão binária.

¹ Distribuição	$\mathcal{F}(\cdot)$	Nome da Ligação	$\mathcal{F}^{-1}(\cdot)$
L	$\frac{e^\eta}{1+e^\eta}$	<i>logit</i> (L)	$\log\left(\frac{p}{1-p}\right)$
N	$\Phi(\eta)$	<i>probit</i> (P)	$\Phi^{-1}(p)$
C	$0,5 + \frac{\arctan(\eta)}{\pi}$	<i>cauchit</i> (C)	$\tan(\pi(p - 0,5))$
GVMi	$1 - e^{-e^\eta}$	<i>cloglog</i> (CLL)	$\log(-\log(1 - p))$

¹ L: Logística; N: Normal; C: Cauchy; GVMi: Gumbel de valor mínimo. $\log(\cdot)$ representa a função $\ln(\cdot)$; $\tan(\cdot)$ a função tangente; $\arctan(\cdot)$ a função inversa da tangente; $(\cdot)$ a função de distribuição acumulada normal padrão.

Fonte: Adaptado de [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#)

Para apresentar o comportamento teórico de p em função de valores η com as ligações apresentadas no Tabela 6, foi considerado o preditor linear $\eta = \beta_0 + \beta_1 x$, em que β_0 e β_1 são os coeficientes de regressão.

Os Modelos de regressão foram ajustados para analisar a relação entre a mortalidade (variável resposta) e o logaritmo da concentração de fungos (variável explicativa) para a espécie *Isaria*. Para avaliar a qualidade dos modelos ajustados, foi utilizado o Critério de Informação de Akaike (AIC), que considera tanto o ajuste aos dados quanto a complexidade do modelo. O AIC penaliza modelos mais complexos para evitar o sobreajuste, de modo que um menor valor de AIC indica um modelo mais equilibrado entre simplicidade e ajuste adequado aos dados ([AKAIKE, 1973](#)). Também foram realizados testes de aderência por meio das estatísticas de Deviance e Pearson, com o objetivo de verificar a qualidade do ajuste dos modelos propostos. Esses testes permitem avaliar se há discrepâncias significativas entre os valores observados e os valores ajustados pelo modelo, servindo como critério adicional para julgar a adequação dos ajustes realizados. Além disso, uma análise gráfica foi realizada por meio de gráficos QQ-Plot com Envelope Simulado para avaliar a normalidade dos resíduos de cada modelo ajustado, complementada por uma análise detalhada dos resíduos dos respectivos modelos ([ATKINSON, 1985](#)).

A análise frequentista gera estimativas exclusivamente a partir dos dados observados, enquanto a abordagem bayesiana utiliza informações prévias, o que pode levar a estimativas mais precisas. Para a modelagem Bayesiana foram consideradas distribuições normais *a priori*

não informativas para β_0 e β_1 , tal que: $\beta_0 \sim N(0, 10^{-6})$ e $\beta_1 \sim N(0, 10^{-6})$, conforme parametrização OpenBUGS (SPIEGELHALTER et al., 1994). O Critério de Informação de Deviance (DIC) foi calculado para avaliar a qualidade do ajuste de cada modelo, sendo escolhido o que apresentou o menor DIC (SPIEGELHALTER et al., 1994).

As estimativas dos parâmetros foram obtidas por meio do pacote "BRugs" (THOMAS et al., 2006) do programa R (R CORE TEAM, 2025), considerando chutes iniciais para os parâmetros, estimativas frequentistas. O algoritmo de Gibbs Sampling foi utilizado para realizar a amostragem no processo MCMC (Monte Carlo Markov Chain). Foram gerados 100.000 valores, considerando um período de descarte amostral de 10.000 valores iniciais. Assim, a amostra final, tomada em saltos de tamanho 10, contém 9.000 valores gerados. A verificação da convergência das cadeias foi realizada por meio do pacote "coda" ((PLUMMER et al., 2006) do programa R, utilizando o critério de Heidelberger e Welch (1983). O critério de Heidelberger e Welch foi utilizado por sua objetividade na verificação da convergência das cadeias de Markov. Este método é eficaz para detectar a falta de convergência e analisar a autocorrelação nas cadeias. Além disso, sua implementação é mais direta e menos computacionalmente intensiva. Sendo assim, ele foi preferido ao critério de Gelman e Rubin. Foram utilizadas as estimativas da média *a posteriori* da distribuição dos parâmetros. A significância desses parâmetros no modelo foi verificada considerando que o valor zero não pertencesse ao respectivo intervalo de 95% de credibilidade. Com base nessas estimativas, foram gerados valores previstos para a variável resposta que foram usados para construir o envelope simulado Bayesiano. A técnica MCMC é bem estabelecida na literatura para estimativas bayesianas, conforme discutido por Brooks et al. (2011), sendo o algoritmo de Gibbs uma escolha eficiente para modelos complexos devido à sua capacidade de amostrar a partir de distribuições condicionais completas.

A escala logarítmica foi utilizada para o cálculo da DL_{50} com o objetivo de linearizar a relação entre a dose e a resposta observada, facilitando a interpretação dos parâmetros ajustados aos dados observados para cada modelo (β_0 e β_1) nas diferentes funções, conforme demonstrado na Tabela 7. A DL_{50} foi determinada usando a fórmula $x_{50} = \frac{-\beta_0}{\beta_1}$, para cada função de ligação. No caso da Log-log complementar (CLL), a DL_{50} é calculada pela fórmula $DL_{50} = \frac{\log(-\log(0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$.

Tabela 7 – DL_{p_0} e DL_{50} na escala logarítmica para diferentes funções de ligação.

Ligação	DL_{p_0} (Logarítmica)	DL_{50} (Logarítmica)
L	$\frac{\log\left(\frac{p_0}{1-p_0}\right) - \beta_0}{\beta_1}$	$-\frac{\beta_0}{\beta_1}$
P	$\frac{\Phi^{-1}(p_0) - \beta_0}{\beta_1}$	$-\frac{\beta_0}{\beta_1}$
C	$\frac{\tan(\pi(p_0 - 0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$	$-\frac{\beta_0}{\beta_1}$
CLL	$\frac{\log(-\log(1-p_0)) - \beta_0}{\beta_1}$	$\frac{\log(-\log(0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$

3.3 Resultados e discussão

Na Tabela 8 são apresentados os resultados das análises frequentistas dos modelos considerados. O AIC para o modelo com ligação *cauchit* foi 53,29, o menor entre os quatro, indicando que tem o melhor ajuste com base nesse critério.

As fórmulas para DL_{p_0} e DL_{50} na escala logarítmica estão apresentadas na Tabela 7. As estimativas da DL_{50} na escala logarítmica variaram de 5,01 (*Logit*) a 5,05 (*Cloglog*).

Tabela 8 – Resultados das análises frequentistas.

Modelo	Parâmetros	Estimativa	Desvio padrão	p-valor	AIC	DL_{50}
L	β_0	-6,70	0,95	$p < 0,01$	59,29	5,01
	β_1	1,34	0,18	$p < 0,01$		
P	β_0	-3,68	0,49	$p < 0,01$	61,94	5,02
	β_1	0,73	0,09	$p < 0,01$		
C	β_0	-10,64	2,54	$p < 0,01$	53,29	5,03
	β_1	2,11	0,50	$p < 0,01$		
CLL	β_0	-3,57	0,50	$p < 0,01$	68,85	5,05
	β_1	0,63	0,08	$p < 0,01$		

Essas variações nas estimativas entre os diferentes modelos destacam a importância de considerar múltiplos modelos ao realizar análises de regressão.

A análise dos resíduos evidenciou que modelo com ligação *Cauchit*, além de apresentar o menor AIC na comparação entre modelos, foi o único que não exibiu valores discrepantes, confirmando sua seleção como o modelo mais apropriado. Tanto a análise gráfica, ilustrada na Figura 4 por meio de gráficos de Envelope Simulado para avaliar a normalidade dos resíduos, quanto a avaliação complementar, ilustrada na Figura 5, por meio dos gráficos de resíduos deviance e Pearson, reforçaram a superioridade do modelo com ligação *Cauchit*.

Os resultados dos testes de aderência, apresentados na Tabela 9, indicam que o modelo com ligação *Cauchit* apresentou valores p mais elevados em comparação com os outros modelos, sugerindo que ele se ajusta melhor aos dados, pois a hipótese nula de adequação do modelo não foi rejeitada.

Tabela 9 – Resultados dos testes de aderência para os diferentes modelos.

Modelo	Deviance		Pearson	
	Q	p-valor	Q	p-valor
<i>Logit</i>	23,33	0,03793	26,76	0,01342
<i>Probit</i>	25,98	0,01711	31,39	0,00296
<i>Cauchit</i>	17,32	0,18488	15,30	0,28873
<i>Cloglog</i>	32,89	0,00177	41,89	0,00007

Nota: Q representa a estatística do teste.

Este fato, juntamente com os menores valores de AIC, reforça a seleção do modelo com ligação *Cauchit* como o mais adequado para descrever a relação entre a mortalidade e o logaritmo da concentração de fungos.

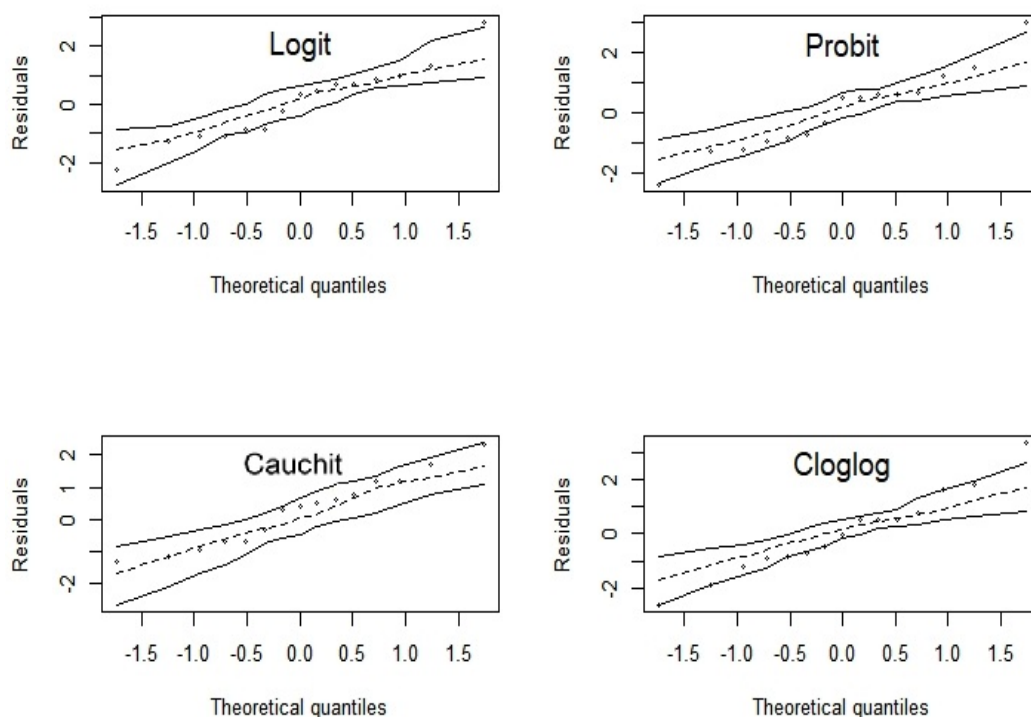


Figura 4 – Envelopes simulados dos resíduos quantílicos normalizados para os quatro modelos ajustados.

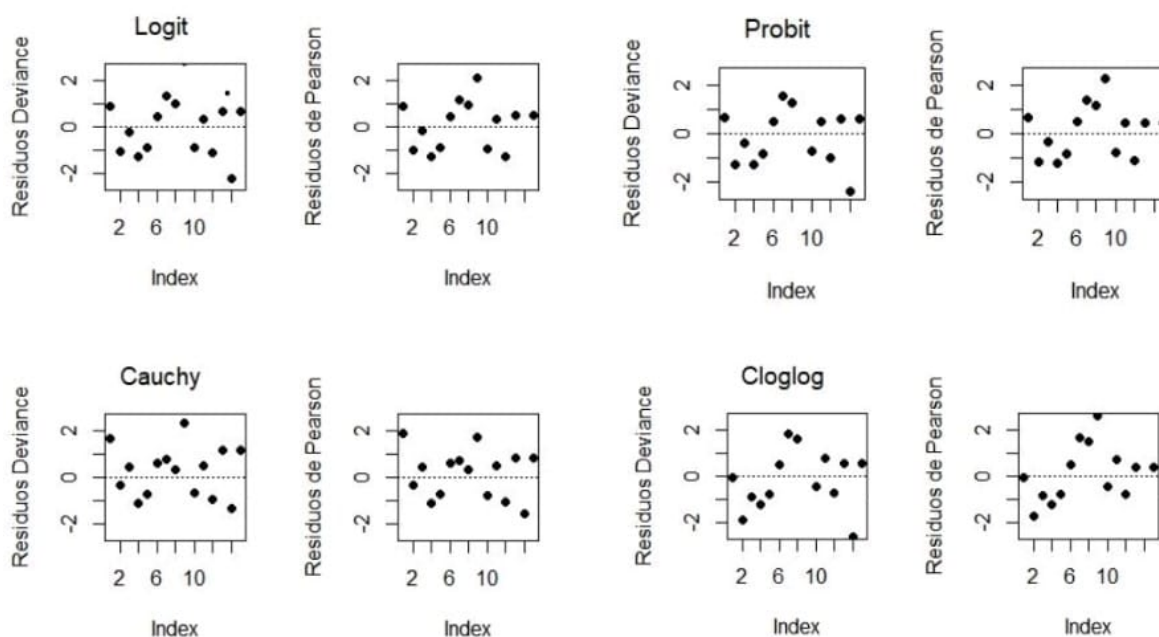


Figura 5 – Gráficos da análise de resíduos *deviance* e Pearson.

A Tabela 10 apresenta os resultados das estimativas Bayesianas. O modelo com ligação *Cauchit*, também apresentou o menor DIC, reforçando sua seleção como o modelo mais apropriado.

Tabela 10 – Resultados das análises bayesianas.

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC	DL_{50}
L	β_0	-6,83	0,97	-6,81	-8,80	-5,01	59,32	5,01
	β_1	1,36	0,18	1,36	1,03	1,74		
P	β_0	-3,67	0,47	-3,67	-4,59	-2,74	61,82	5,02
	β_1	0,73	0,08	0,73	0,56	0,90		
C	β_0	-11,95	3,11	-11,53	-19,19	-7,16	53,41	5,03
	β_1	2,37	0,61	2,29	1,44	3,81		
CLL	β_0	-3,60	0,45	-3,59	-4,49	-2,71	68,76	5,06
	β_1	0,64	0,073	0,64	0,50	0,78		

ICr: Intervalo com 95% de credibilidade [P2,5%; P97,5%].

No gráfico das curvas de regressão apresentado na Figura 6, as curvas que representam os modelos que produzem estimativas maiores de DL_{50} estão mais à direita no gráfico.

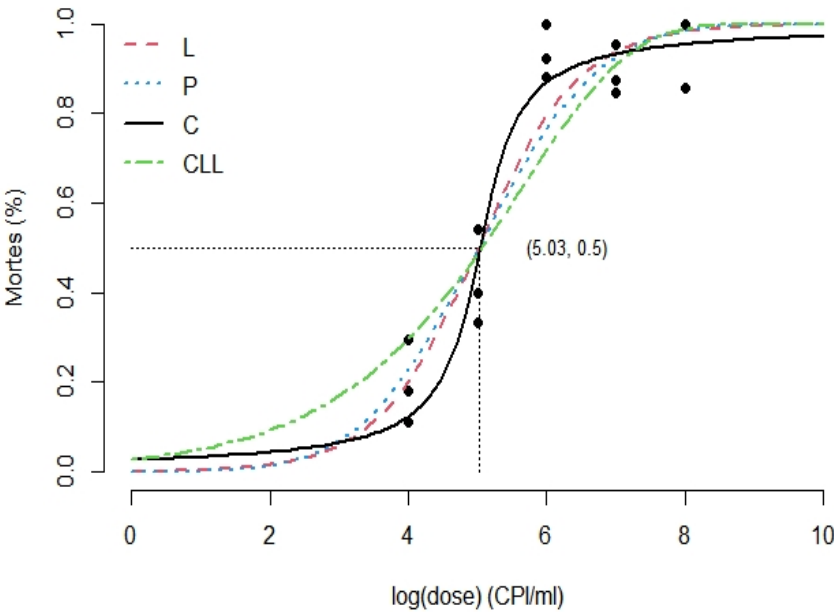


Figura 6 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de fungos.

A verificação do ajuste é apresentada na Figura 7, indicando adequação do modelo com ligação *Cauchit* aos dados.

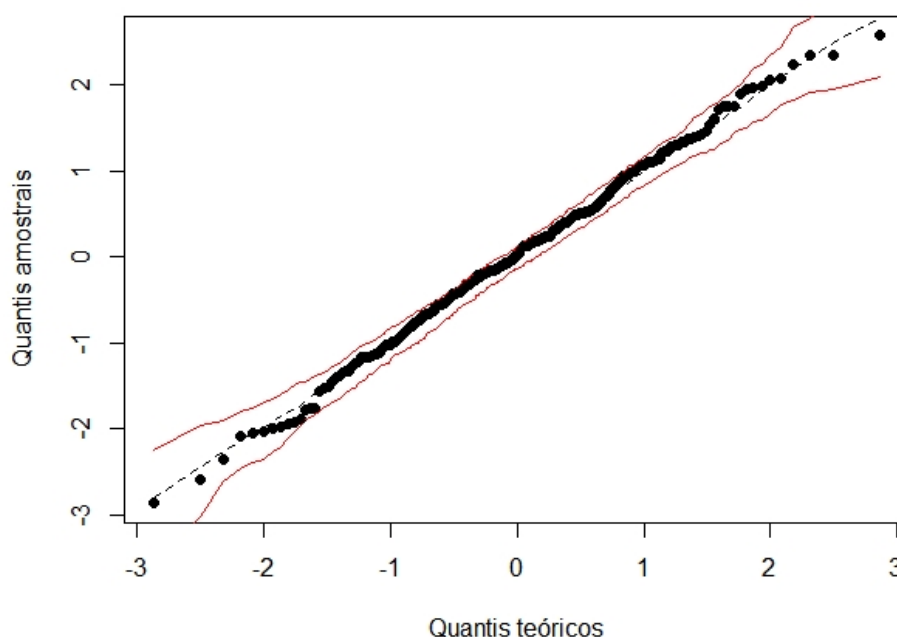


Figura 7 – Gráfico de envelope simulado bayesiano do modelo com ligação *Cauchit*.

3.4 Conclusão

Ambos métodos, frequentista e Bayesiano revelaram-se não apenas acessível, mas eficaz na avaliação da probabilidade de mortalidade associada ao logaritmo da concentração de fungos. O modelo com ligação *Cauchit* destacou-se no contexto do estudo, identificando a dose letal de 50% DL_{50} em 5,03.

Esses resultados não apenas fortalecem a compreensão estatística do problema, mas também oferecem *insights* cruciais para a dinâmica entre *Isaria fumosorosea*, *Diaphorina citri* e o efeito da concentração de fungos na mortalidade. Essas descobertas têm implicações diretas e promissoras para estudos futuros no campo da biologia e da farmacologia aplicada.

Referências

- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: PETROV, B. N.; CSAKI, F. (Ed.). *Proceedings of the 2nd International Symposium on Information Theory*. Budapest: Akademiai Kiado, 1973. p. 267–281.
- AMMAR, E. D.; SHATTERS, R. G.; HALL, D. G. Localization of *Candidatus Liberibacter asiaticus*, associated with citrus huanglongbing disease, in its psyllid vector using fluorescence in situ hybridization. *Journal of Phytopathology*, v. 159, n. 11-12, p. 753–759, 2011.

ATKINSON, A. C. *Plots, Transformations, and Regression: An Introduction to Graphical Methods of Diagnostic Regression Analysis*. Oxford: Clarendon Press, 1985.

BROOKS, S. et al. (Ed.). *Handbook of Markov Chain Monte Carlo*. Boca Raton: CRC Press, 2011.

CONCESCHI, M. R. Potencialidade dos fungos entomopatogênicos *isaria fumosorosea* e *beauveria bassiana* para o controle de pragas dos citros. *Revista Brasileira de Citricultura*, v. 28, n. 1, p. 15–23, 2014.

CONCESCHI, M. R. Parâmetros a serem considerados nas pulverizações do fungo *isaria fumosorosea* para o manejo de *diaphorina citri*. *Revista de Agricultura e Meio Ambiente*, v. 15, n. 2, p. 110–117, 2017.

COSTA, G. V. d. e. a. Economic impact of huanglongbing on orange production. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 43, n. 3, 2021.

CRUZ, J.; COURT, C. D.; FERREIRA, J. P. *2020-2021 Economic Contributions of the Florida Citrus Industry*. 2023. UF/IFAS Economic Impact Analysis Program, Food and Resource Economics Department, University of Florida. Disponível em: <[https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufledu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-\(2\).pdf](https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufledu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-(2).pdf)>. Acesso em: jul. 2025.

D’ALESSANDRO, P. *Diaphorina citri mortality data (fungi dataset)*. 2014. Dados obtidos no pacote hnp do software R (versão 4.1.3). Disponível em: <<https://www.r-project.org>>. Acesso em: 25 ago. 2024.

DEMÉTRIO, C. G. B.; HINDE, J.; MORAL, R. A. Models for overdispersed data in entomology. In: GODOY, W. A. C.; FERREIRA, C. P. (Ed.). *Ecological modelling applied to entomology*. [S.l.]: Springer, 2014.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v. 31, n. 6, p. 1109–1144, 1983.

JIMENEZ, N.; LOGARZO, G. *Huanglongbing (HLB) Natural Enemy Variability in the Field*. 2023. Disponível em: <<https://www.ars.usda.gov/office-of-international-research-engagement-and-cooperation/overseas-biological-control-obcl-highlights/archive-articles/march-2023/huanglongbing-hlb-natural-enemy-variability-in-the-field>>. Acesso em: 07 jul. 2025.

MORAL, R. A.; HINDE, J.; DEMÉTRIO, C. G. B. Half-normal plots and overdispersed models in R: The hnp package. *Journal of Statistical Software*, v. 81, n. 10, p. 1–23, 2017.

NELDER, J. A.; WEDDERBUN, R. W. M. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, v. 135, n. 3, p. 370–384, 1972.

PLUMMER, M. et al. Coda: Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. *R News*, The R Foundation for Statistical Computing, v. 6, n. 1, p. 7–11, 2006.

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: jul. 2025.

RAMOS, G. S. *Controle biológico de pragas com Isaria fumosorosea (atualmente Cordyceps fumosorosea)*. 2024. Blog Agroadvance. Disponível em: <<https://agroadvance.com.br/blog-isaria-fumosorosea-cordyceps-fumosorosea/>>. Acesso em: 07 jul. 2025.

SILVA, A. N. d.; ANYOSA, S.; BAZAN, J. L. Modelagem bayesiano de regressão binária para dados desbalanceados usando novas ligações. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 38, n. 4, p. 385–417, 2020.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. *BUGS 0.5: Bayesian inference using Gibbs sampling – manual (version II)*. Cambridge, 1994.

THOMAS, A. et al. Making bugs open. *R News*, v. 6, n. 1, p. 12–17, 2006.

WANG, N. The citrus huanglongbing crisis and potential solutions. *Molecular Plant*, v. 12, n. 5, 2019.

MODELAGEM BAYESIANA PARA DOSE-RESPOSTA BINOMIAL CONSIDERANDO DIFERENTES FUNÇÕES DE LIGAÇÃO EM BIOENSAIOS PARA CONTROLE DE *Diaphorina citri*

Resumo

Este estudo analisa a suscetibilidade de *Diaphorina citri*, praga de grande relevância para a citricultura, a diferentes concentrações dos fungos entomopatogênicos *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana*, amplamente utilizados no controle biológico. Os dados foram avaliados por meio de regressão binomial ($\eta = \beta_0 + \beta_1 \log(dose)$, é o preditor linear) com abordagem bayesiana, considerando diferentes funções de ligação: usuais (*logit*, *probit*, *cauchit*, *cloglog* e *loglog*), de Potência e Reversas de Potência. A seleção do modelo foi realizada com base no menor valor de DIC (Critério de Informação de Deviance). Para ambos os fungos, os modelos selecionados apresentaram bom ajuste, conforme indicado pelos envelopes simulados dos resíduos quantílicos normalizados. Para *C. fumosorosea*, o modelo com função de ligação *cauchit* apresentou o melhor ajuste (DIC = 53,41), com $\hat{\beta}_0 = -11,95$ $[-19,19; -7,16]$, $\hat{\beta}_1 = 2,37$ $[1,44; 3,81]$ e o valor de dose letal 90% (DL_{90}) de 6,38 $\log(\text{conídios/mL})$ $[5,83; 7,17]$. Para *B. bassiana*, o melhor desempenho foi observado com a função *reversa de potência cloglog* (DIC = 62,17), com $\hat{\beta}_0 = -3,75$ $[-7,85; -1,90]$, $\hat{\beta}_1 = 0,88$ $[0,21; 2,10]$ e DL_{90} de 10,69 $\log(\text{conídios/mL})$ $[8,81; 13,73]$. Em ambos os modelos, os parâmetros de regressão foram estatisticamente significativos, enquanto o parâmetro de flexibilidade (λ) não apresentou evidência suficiente para justificar o uso das funções estendidas. Observou-se também que *C. fumosorosea* foi, de modo geral, mais eficaz do que *B. bassiana*, exceto em um intervalo

intermediário de doses (3,72 a 4,52 $\log(\text{conídios/mL})$), no qual esta última apresentou leve superioridade. A análise realizada destaca a importância da escolha criteriosa da função de ligação na modelagem de bioensaios binários, especialmente frente a decisões sobre aplicação de bioinseticidas em contexto agrícola.

Palavras-chave: controle biológico; dose letal; greening; modelos binários.

4.1 Introdução

A ausência de cultivares comerciais resistentes ao Huanglongbing (HLB) e a inexistência de tratamentos curativos eficazes para plantas infectadas têm tornado o controle dessa doença um dos maiores desafios da citricultura mundial. Causado pelas bactérias *Candidatus Liberibacter asiaticus* e *Ca. L. americanus*, o HLB é transmitido principalmente pelo psíldeo asiático dos citros, *Diaphorina citri* Kuwayama (Hemiptera: Psyllidae), vetor altamente eficiente que contribui para a rápida disseminação da doença. O longo período de incubação, que pode variar de seis a doze meses, dificulta sua detecção precoce e favorece a infecção em larga escala (EPAGRI, 2025).

O impacto econômico do HLB é alarmante em diversas regiões citrícolas do mundo, com efeitos diretos sobre a rentabilidade e a sustentabilidade da produção. No estado de São Paulo, os prejuízos decorrentes da queda prematura de frutos e da erradicação de plantas infectadas têm elevado significativamente os custos de produção, exigindo alternativas mais eficientes e viáveis economicamente (BOTEON; RIBEIRO, 2024). Estima-se que cerca de 90% dos custos relacionados ao controle da doença estejam associados ao manejo do vetor, *D. citri*, evidenciando a centralidade de estratégias eficazes contra esse inseto. Em Paranaíba (PR), mesmo uma incidência anual inferior a 2,5 % resultou em um aumento de seis vezes da doença, de 0,16 % para 0,96 %, acarretando prejuízos estimados entre US\$ 11 milhões e US\$ 39 milhões (COSTA, 2021).

Situação semelhante é observada nos Estados Unidos, especialmente na Flórida, onde a produção de laranja caiu de 242 milhões de caixas em 2003 para menos de 80 milhões em 2018, acompanhada por uma redução expressiva na área cultivada. Além da queda na produtividade, o aumento dos custos de manejo resultou em perdas econômicas superiores a 1 bilhão de dólares por ano para a indústria local (LI et al., 2020). Além disso, uma pesquisa conduzida pelo Departamento de Economia de Alimentos e Recursos da Universidade da Flórida em 2021 evidenciou que a indústria de citros no estado sofreu uma redução alarmante de aproximadamente 51% na área de pomares, juntamente com uma queda de 79% no volume de produção desde 2001.

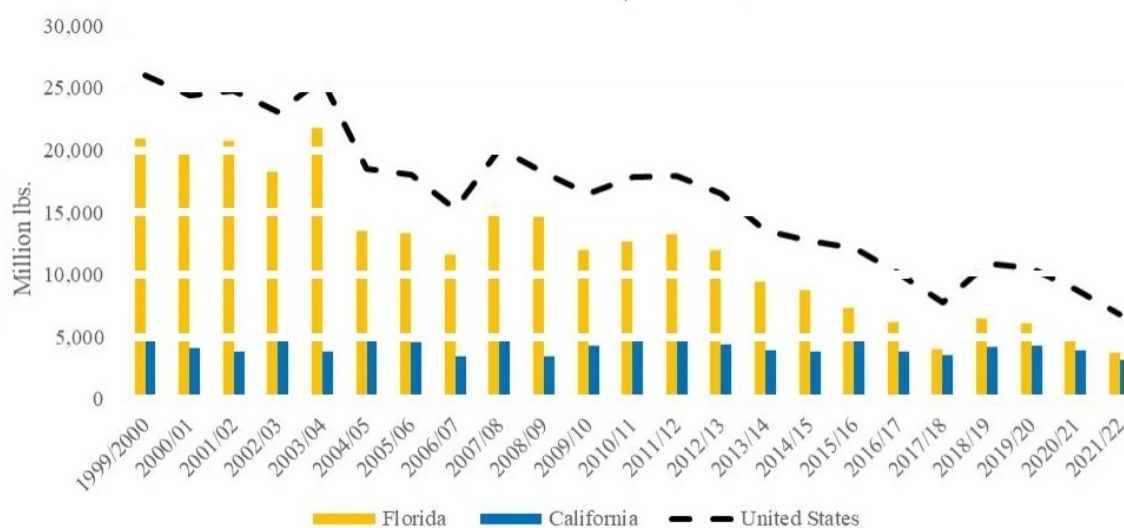


Figura 8 – Produção de laranjas nos Estados Unidos, por estado, de 2000 a 2022.

Fonte: EDIS – UF/IFAS Extension, 2023.

Essas perdas foram diretamente atribuídas ao avanço do HLB, introduzido na região em 2005 (CRUZ; COURT; FERREIRA, 2023). Em resposta à escassez de oferta interna, os processadores passaram a depender da importação de laranjas e suco, principalmente do Brasil, Chile e México (COURT; SINGERMAN; HOUSE, 2023). Essa tendência de declínio é ilustrada na Figura 8, que mostra a produção de laranjas nos Estados Unidos, por estado, entre 2000 e 2022, destacando a queda acentuada observada na Flórida ao longo dos anos.

Na ausência de soluções definitivas, as estratégias de manejo têm se baseado no uso de mudas saudáveis, erradicação de plantas infectadas e controle químico do vetor (EPAGRI, 2025). No entanto, o uso intensivo de inseticidas pode causar impactos ambientais negativos e favorecer a seleção de populações resistentes de *D. citri*. Diante desse cenário, o controle biológico tem se consolidado como uma alternativa sustentável, especialmente com o uso de fungos entomopatogênicos. Entre os agentes fúngicos mais promissores destacam-se *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana*, ambos com reconhecida eficácia no controle de *D. citri* (RAMOS, 2024; CONCESCHI, 2014).

Neste trabalho, será utilizada uma abordagem bayesiana para ajustar modelos de regressão binária com diferentes funções de ligação, com o objetivo de identificar os modelos que melhor representam os dados e estimar um conjunto de doses letais (DL_p), $p = 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90$ e 99% — para cada agente biológico, com ênfase na DL_{90} , de particular interesse agrônomo por refletir níveis elevados de controle necessários em programas de manejo. Os resultados visam contribuir para a aplicação mais eficiente e racional de fungos entomopatogênicos no manejo do HLB, fortalecendo estratégias de controle sustentável na citricultura.

4.2 Material e Métodos

4.2.1 Dados Experimentais

Os dados do conjunto *fungi* (MORAL; HINDE; DEMÉTRIO, 2017) foram obtidos do pacote *hnp* no R (R CORE TEAM, 2025). Segundo a documentação, os bioensaios foram conduzidos por D'Alessandro (2014); ver também Demétrio, Hinde e Moral (2014).

Cada unidade experimental consistiu de aproximadamente 20 adultos de *D. citri*, pulverizados com soluções dos respectivos fungos em concentrações variando entre 10^4 e 10^8 (conídios/mL). Após a exposição, os insetos foram mantidos em plantas de *Citrus limonia* por um período de 10 dias, durante o qual foi registrado o número de insetos mortos, incluindo aqueles que faleceram devido à infecção fúngica.

Tabela 11 – Informações amostrais para *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana*.

	Amostras	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
<i>Cordyceps fumosorosea</i>	Insetos Mortos	5	2	2	5	8	13	12	15	17	14	20	11	13	12	13
	Total de Insetos	17	18	11	15	20	24	13	17	17	16	21	13	13	14	13
	Log da Dose	4	4	4	5	5	5	6	6	6	7	7	7	8	8	8
	Taxa de Mortos (%)	29	11	18	33	40	54	92	88	100	87	95	85	100	86	100
<i>Beauveria bassiana</i>	Insetos Mortos	3	6	0	2	2	1	6	5	10	10	6	9	14	12	12
	Total de Insetos	19	10	19	15	3	10	14	18	16	17	15	13	16	16	13
	Log da Dose	4	4	4	5	5	5	6	6	6	7	7	7	8	8	8
	Taxa de Mortos (%)	16	60	0	13	67	10	43	28	63	59	40	69	88	75	92

Nota: Log da Dose refere-se ao logaritmo na base 10 da concentração de conídios por mililitro (conídios/mL).
Fonte: D'Alessandro (2014)

4.2.2 Método

Este estudo dá continuidade à investigação sobre a mortalidade de *D. citri* induzida pelo fungo entomopatogênico anteriormente denominado *Isaria fumosorosea*, utilizando inicialmente abordagens frequentista e bayesiana com um conjunto reduzido de funções de ligação (PACHECO et al., 2024). Conforme revisões filogenéticas recentes, a nomenclatura atualmente aceita para esse organismo é *Cordyceps fumosorosea*, anteriormente também conhecido como *Paecilomyces fumosoroseus* (KEPLER et al., 2017; INDEX FUNGORUM, 2025).

Além de retomar essa linha de pesquisa, o presente trabalho amplia o escopo da análise, incorporando os dados referentes à *B. bassiana*, outro fungo entomopatogênico amplamente empregado no controle de *D. citri*. Essa inclusão possibilita não apenas uma comparação da eficácia relativa entre os fungos, mas também a análise de diferentes tipos de funções de ligação com o objetivo de obter melhor ajuste aos dados e verificar se a escolha da função mais apropriada se mantém consistente entre distintos agentes de controle.

Ao lidar com variáveis dicotômicas, como no caso da mortalidade de *D. citri*, os Modelos Lineares Generalizados (MLG) se destacam como ferramentas fundamentais na análise. Propostos por [Nelder e Wedderburn \(1972\)](#), os MLG oferecem uma estrutura flexível para descrever a relação entre variáveis independentes e uma variável resposta binária, utilizando funções de ligação.

A escolha da função de ligação é um passo crítico na modelagem estatística, pois influencia diretamente a qualidade do ajuste e a interpretação dos parâmetros. Em situações de assimetria ou desbalanceamento, funções alternativas oferecem ajustes mais robustos ([Czado; Santner, 1992](#); [Chen et al., 1999](#)).

Em estudos agrônômicos, funções como *logit* e *probit* são amplamente usadas para modelar a resposta à dose ([Finney; et al., 1971](#); [Nelder; Wedderburn, 1972](#)), mas a adequação pode variar conforme o contexto. A correta identificação da função mais apropriada é essencial para interpretar a eficácia do tratamento e determinar medidas como a DL_{90} , que corresponde à dose necessária para causar a morte de pelo menos 90% dos indivíduos expostos.

As funções de ligação de Potência e Reversa de Potência têm sido aplicadas com sucesso em distribuições assimétricas ([Galo et al., 2023](#)), como em estudos de toxicologia e dose-resposta, conforme demonstrado por [Bazan et al. \(2017\)](#).

Há interesse em estudar a morte de *D. citri* que representa a probabilidade de sucesso. A probabilidade de mortalidade estará relacionada com a seguinte variável explicativa: x (logaritmo natural da concentração de fungos). Denotaremos por y_i a mortalidade da i -ésima *D. citri*. Em que, 0: vivo e 1: morto.

Foi considerado que y_i , segue uma distribuição Binomial, isto é, o valor observado da mortalidade de uma *D. citri*, com probabilidade de sucesso,

$$P(y_i = 1) = p_i, \quad \text{isto é: } y_i \sim \text{Binomial}(n, p_i), \quad \text{com } i = 1, 2, \dots, n.$$

As funções de ligação desempenham papel crucial na modelagem da relação entre a variável explicativa x e a probabilidade de sucesso p_i . Além das ligações simétricas usuais, como *logit*, *probit* e *cauchit*, e das assimétricas, como *cloglog* e *loglog*, este estudo incorpora também funções da classe Potência e Reversa de Potência, que oferecem maior flexibilidade para capturar possíveis assimetrias nos dados ([Bazan et al., 2017](#)). Sejam $\mu \in \mathbb{R}$ um parâmetro de locação, $\sigma^2 > 0$ um parâmetro de escala e $\lambda > 0$ um parâmetro de assimetria. Seja ainda $G(\cdot)$ a função de distribuição acumulada (FDA) de uma distribuição base contínua definida em $\mathbb{R}$, simétrica ou não.

Uma variável aleatória T tem distribuição de Potência, denotada por $T \sim P(\mu, \sigma^2, \lambda)$, se sua função de distribuição acumulada for dada por:

$$F_P(t \mid \mu, \sigma^2, \lambda) = \left[G\left(\frac{t - \mu}{\sigma}\right) \right]^\lambda, \quad t \in \mathbb{R}.$$

Analogamente, diz-se que T segue uma distribuição Reversa de Potência, denotada por $T \sim RP(\mu, \sigma^2, \lambda)$, se:

$$F_{RP}(t \mid \mu, \sigma^2, \lambda) = 1 - \left[G\left(-\frac{t - \mu}{\sigma}\right) \right]^\lambda, \quad t \in \mathbb{R}.$$

No caso em que $\mu = 0$ e $\sigma^2 = 1$, as distribuições de Potência e Reversa de Potência assumem sua forma padrão, sendo expressas como:

$$F_P(w \mid \lambda) = [G(w)]^\lambda \quad \text{e} \quad F_{RP}(w \mid \lambda) = 1 - [G(-w)]^\lambda, \quad w \in \mathbb{R}.$$

Para $\lambda = 1$, ambas as funções se reduzem à f.d.a. da distribuição base $G(w)$.

Segundo [Chen et al. \(1999\)](#), funções de ligação assimétricas são mais apropriadas em situações em que há um desequilíbrio marcante entre as ocorrências de 1's e 0's na variável resposta, o que justifica sua aplicação em modelos com distribuição assimétrica. No contexto das funções de ligação baseadas em distribuições de Potência e Reversa de Potência, o parâmetro λ desempenha papel central no controle da assimetria. Em termos gerais, observa-se que, nas funções do tipo potência, valores de $\lambda < 1$ deslocam a curva de resposta para a esquerda em relação ao caso simétrico ($\lambda = 1$), enquanto valores de $\lambda > 1$ resultam em um deslocamento à direita. Para as funções Reversas de Potência, o comportamento é oposto ([SILVA; ANYOSA; BAZAN, 2020](#)). Além disso, há uma simetria estrutural entre as versões direta e reversa dessas funções, sendo possível interpretar uma como reflexo da outra.

Tabela 12 – Funções de ligação usuais, de Potência e Reversas de Potência.

¹ Distribuição	² $F(\eta)$ ou ³ $F_\lambda(\eta)$	Nome da Ligação	$F^{-1}(p)$ ou $F_\lambda^{-1}(p)$
L	$\frac{e^\eta}{1+e^\eta}$	<i>logit</i> (L)	$\log\left(\frac{p}{1-p}\right)$
N	$\Phi(\eta)$	<i>probit</i> (P)	$\Phi^{-1}(p)$
C	$0,5 + \frac{\arctan(\eta)}{\pi}$	<i>cauchit</i> (C)	$\tan(\pi(p - 0,5))$
GVMi	$1 - e^{-e^\eta}$	<i>cloglog</i> (CLL)	$\log(-\log(1 - p))$
GVMa	$e^{-e^{-\eta}}$	<i>loglog</i> (LL)	$-\log(-\log(p))$
PL	$\left(\frac{e^\eta}{1+e^\eta}\right)^\lambda$	<i>potência logit</i> (PL)	$\log\left(\frac{p^{1/\lambda}}{1-p^{1/\lambda}}\right)$
PN	$(\Phi(\eta))^\lambda$	<i>potência probit</i> (PP)	$\Phi^{-1}(p^{1/\lambda})$
PC	$\left(0,5 + \frac{\arctan(\eta)}{\pi}\right)^\lambda$	<i>potência cauchit</i> (PC)	$\tan(\pi(p^{1/\lambda} - 0,5))$
PGVMi	$(1 - e^{-e^\eta})^\lambda$	<i>potência cloglog</i> (PCLL)	$\log(-\log(1 - p^{1/\lambda}))$
PGVMa	$(e^{-e^{-\eta}})^\lambda$	<i>potência loglog</i> (PLL)	$-\log(-\log(p^{1/\lambda}))$
RPL	$1 - \left(\frac{e^{-\eta}}{1+e^{-\eta}}\right)^\lambda$	<i>reversa de potência logit</i> (RPL)	$\log\left(\frac{1-(1-p)^{1/\lambda}}{(1-p)^{1/\lambda}}\right)$
RPN	$1 - (\Phi(-\eta))^\lambda$	<i>reversa de potência probit</i> (RPP)	$-\Phi^{-1}((1-p)^{1/\lambda})$
RPC	$1 - \left(0,5 + \frac{\arctan(-\eta)}{\pi}\right)^\lambda$	<i>reversa de potência cauchit</i> (RPC)	$-\tan(\pi((1-p)^{1/\lambda} - 0,5))$
RPGVMi	$1 - (1 - e^{-e^\eta})^\lambda$	<i>reversa de potência cloglog</i> (RPCLL)	$-\log(-\log(1 - (1-p)^{1/\lambda}))$
RPGVMa	$1 - (e^{-e^{-\eta}})^\lambda$	<i>reversa de potência loglog</i> (RPLL)	$\log(-\log((1-p)^{1/\lambda}))$

¹L: Logística; N: Normal; C: Cauchy; GVMi: Gumbel de valor mínimo. $\log(\cdot)$ representa a função $\ln(\cdot)$; $\tan(\cdot)$, a função tangente; $\arctan(\cdot)$, a função inversa da tangente; $\Phi(\cdot)$, a função de distribuição acumulada normal padrão; PL: Potência Logística; PN: Potência Normal; PC: Potência Cauchy; PGVMi: Potência Gumbel de Valor Mínimo; PGVMa: Potência Gumbel de Valor Máximo; RPL: Reversa de Potência Logística; RPN: Reversa de Potência Normal; RPC: Reversa de Potência Cauchy; RPGVMi: Reversa de Potência Gumbel de Valor Mínimo; RPGVMa: Reversa de Potência Gumbel de Valor Máximo;

² η representa o preditor linear;

³ λ é o parâmetro de assimetria que controla a forma da função de ligação nas distribuições de Potência e Reversas de Potência.

Fonte: Adaptado de [Silva, Anyosa e Bazan \(2020\)](#)

Para apresentar o comportamento teórico de p em função do preditor linear η , com as ligações apresentadas na Tabela 12, considerou-se que $\eta = \beta_0 + \beta_1 x$, em que β_0 e β_1 são os coeficientes de regressão, respectivamente, linear e angular, e x representa o logaritmo da dose ($\log(\text{conídios/mL})$).

Os Modelos de regressão foram ajustados para analisar a relação entre a mortalidade (variável resposta) e o logaritmo da concentração de fungos (variável explicativa) para as espécies *C. fumosorosea* e *B. bassiana*.

Foram consideradas na modelagem bayesiana distribuições normais *a priori* não informativas para β_0 e β_1 , tal que: $\beta_0 \sim N(0, 10^{-6})$ e $\beta_1 \sim N(0, 10^{-6})$, conforme parametrização OpenBUGS ([SPIEGELHALTER et al., 1994](#)). Além disso, $\delta \sim U(-2, 2)$, já que os valores de λ no intervalo $[e^{-2}, e^2]$ têm maior probabilidade de ocorrência ([BAZAN et al., 2017](#)). Note que, para modelos com funções de ligação básicas, $\delta = 0$ e $\lambda = 1$.

A título de exemplificação, o modelo PL (*Potência Logit*) pode ser formalmente descrito como:

$$\begin{aligned}
 y_i &\sim \text{Binomial}(n_i, p_i), \quad i = 1, 2, \dots, N \\
 \eta_i &= \beta_0 + \beta_1 x_i \\
 \text{pl}_i &= \frac{\exp(\eta_i)}{1 + \exp(\eta_i)} \\
 p_i &= (\text{pl}_i)^\lambda
 \end{aligned}$$

As distribuições *a priori* para os parâmetros foram especificadas como:

$$\begin{aligned}
 \beta_0 &\sim N(0, 10^{-6}) \\
 \beta_1 &\sim N(0, 10^{-6}) \\
 \delta &\sim \text{Uniform}(-2, 2) \\
 \lambda &= \exp(\delta)
 \end{aligned}$$

Para o cálculo da dose letal p_0 , a expressão correspondente para a DL , para o modelo PL será:

$$DL_{p_0} = \frac{\log\left(\frac{p_0^{1/\lambda}}{1-p_0^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$$

A dose letal, obtida em função dos parâmetros, de p_0 (DL_{p_0}) é a dose necessária para causar a morte de pelo menos $p_0\%$ dos indivíduos expostos. No caso específico de $p_0 = 90$, temos a dose letal de 90% (DL_{90}), ao aplicar essa dose, espera-se que 90% dos insetos expostos morra. A escala logarítmica foi utilizada para o cálculo das doses letais (DL_{p_0}), com o objetivo de linearizar a relação entre a dose e a resposta observada, facilitando a interpretação dos parâmetros ajustados aos dados observados para cada modelo nas diferentes funções, conforme demonstrado na Tabela 13.

O Critério de Informação de *Deviance* (DIC) foi utilizado para avaliar a qualidade do ajuste de cada modelo (SPIEGELHALTER et al., 2002), onde menores valores de DIC são considerados como critério de seleção, equilibrando a qualidade do ajuste com a simplicidade do modelo.

As estimativas dos parâmetros foram obtidas utilizando o pacote *BRugs* (THOMAS et al., 2006) do programa R (R CORE TEAM, 2025). A amostragem foi realizada por meio do algoritmo de Gibbs Sampling, um método eficiente de MCMC (*Monte Carlo Markov Chain*) para modelos complexos. Foram geradas 210.000 amostras, com um período de descarte de 10.000 valores iniciais e saltos de tamanho 10 para eliminar possíveis efeitos de autocorrelação, resultando em 20.000 amostras finais. A verificação da convergência das cadeias foi realizada

utilizando o critério de [Heidelberger e Welch \(1983\)](#), que é amplamente utilizado devido à sua objetividade e eficiência.

Estatísticas *a posteriori* foram obtidas para cada parâmetro, incluindo média, desvio padrão, mediana e intervalo com 95% de credibilidade ICr (95%): $[P_{2,5\%}; P_{97,5\%}]$. A significância dos parâmetros, β_0 e β_1 , foi verificada observando se o valor "zero" não estava presente nos respectivos $ICr(\beta, 95\%)$.

Da mesma forma, a significância do parâmetro λ foi verificada observando se o valor "um" não pertencia aos, respectivos, $ICr(\lambda, 95\%)$.

Com base nas estimativas *a posteriori* (que se referem às distribuições de probabilidade dos parâmetros, dadas as observações dos dados e as distribuições *a priori*), foram gerados valores previstos para a variável resposta (mortalidade de *D. citri*), que serviram para construir o envelope simulado Bayesiano.

Tabela 13 – DL_{p_0} para diferentes funções de ligação.

Ligação	DL_{p_0}
L	$\frac{\log\left(\frac{p_0}{1-p_0}\right) - \beta_0}{\beta_1}$
P	$\frac{\Phi^{-1}(p_0) - \beta_0}{\beta_1}$
C	$\frac{\tan(\pi(p_0 - 0,5)) - \beta_0}{\beta_1}$
CLL	$\frac{\log(-\log(1-p_0)) - \beta_0}{\beta_1}$
LL	$\frac{-\log(-\log(p_0)) - \beta_0}{\beta_1}$
PL	$\frac{\log\left(\frac{p_0^{1/\lambda}}{1-p_0^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$
PP	$\frac{\Phi^{-1}(p_0^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$
PC	$\frac{\tan\left(\pi(p_0^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$
$PCLL$	$\frac{\log\left(-\log(1-p_0^{1/\lambda})\right) - \beta_0}{\beta_1}$
PLL	$\frac{-\log\left(-\log(p_0^{1/\lambda})\right) - \beta_0}{\beta_1}$
RPL	$\frac{\log\left(\frac{1-(1-p_0)^{1/\lambda}}{(1-p_0)^{1/\lambda}}\right) - \beta_0}{\beta_1}$
RPP	$\frac{-\Phi^{-1}((1-p_0)^{1/\lambda}) - \beta_0}{\beta_1}$
RPC	$\frac{-\tan\left(\pi((1-p_0)^{1/\lambda} - 0,5)\right) - \beta_0}{\beta_1}$
$RPCLL$	$\frac{-\log\left(-\log(1-(1-p_0)^{1/\lambda})\right) - \beta_0}{\beta_1}$
$RPLL$	$\frac{\log\left(-\log((1-p_0)^{1/\lambda})\right) - \beta_0}{\beta_1}$

4.3 Resultados e discussão

Todos os modelos ajustados passaram no teste de Heidelberg e Welch (HEIDELBERGER; WELCH, 1983), verificando, assim, a convergência e estacionariedade nas cadeias dos parâmetros *a posteriori*. Ressalta-se que, para o caso específico do modelo com ligação *PC* aplicado aos dados de *B. bassiana*, não foi possível obter as amostras *a posteriori*, pois o processo de amostragem MCMC não pôde ser concluído devido a falhas recorrentes de execução no ambiente R, que levavam ao encerramento inesperado da sessão. Tais falhas podem estar associadas à instabilidade numérica causada por problemas de identificabilidade ou pela sensibilidade da função de ligação *potência cauchit* frente à configuração dos dados observados, resultando em divergências no algoritmo de amostragem.

As Tabelas 14 e 15 apresentam os resultados das análises para *C. fumosorosea* e *B. bassiana*, respectivamente.

Tabela 14 – Estimativas bayesianas para *Cordyceps fumosorosea*.

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
<i>L</i>	β_0	-6,83	0,97	-6,81	-8,80	-5,01	59,32
	β_1	1,36	0,18	1,36	1,03	1,74	
	DL_{90}	6,65	0,23	6,63	6,24	7,13	
<i>PL</i>	β_0	-5,66	2,24	-5,26	-11,04	-2,55	59,25
	β_1	1,28	0,25	1,23	0,90	1,90	
	λ	2,48	1,84	1,90	0,38	6,83	
	DL_{90}	6,68	0,24	6,66	6,26	7,19	
<i>RPL</i>	β_0	-12,47	4,43	-11,69	-22,29	-6,00	57,12
	β_1	3,06	1,23	2,86	1,22	5,70	
	λ	0,39	0,30	0,30	0,14	1,10	
	DL_{90}	6,79	0,30	6,76	6,29	7,44	
<i>P</i>	β_0	-3,67	0,47	-3,67	-4,59	-2,74	61,82
	β_1	0,73	0,08	0,73	0,56	0,90	
	DL_{90}	5,01	0,15	5,02	4,71	5,28	
<i>PP</i>	β_0	-3,76	2,17	-3,19	-8,79	-1,01	59,37
	β_1	0,75	0,23	0,69	0,46	1,31	
	λ	2,05	1,90	1,35	0,16	6,73	
	DL_{90}	5,01	0,15	5,01	4,72	5,29	

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
<i>RPP</i>	β_0	-4,64	0,98	-4,56	-6,72	-3,02	59,84
	β_1	1,20	0,33	1,22	0,53	1,78	
	λ	0,49	0,74	0,25	0,14	2,52	
	DL_{90}	5,00	0,14	5,00	4,71	5,26	
<i>C</i>	β_0	-11,95	3,11	-11,53	-19,19	-7,16	53,41
	β_1	2,37	0,61	2,29	1,44	3,81	
	DL_{90}	6,41	0,34	6,38	5,83	7,17	
<i>PC</i>	β_0	-14,86	4,70	-14,11	-26,22	-8,08	53,92
	β_1	2,82	0,86	2,68	1,58	4,93	
	λ	0,73	0,17	0,71	0,44	1,10	
	DL_{90}	6,93	0,60	6,87	5,96	8,29	
<i>RPC</i>	β_0	-11,05	3,38	-10,45	-19,56	-6,35	54,73
	β_1	2,17	0,69	2,05	1,19	3,91	
	λ	1,13	0,21	1,10	0,79	1,59	
	DL_{90}	6,37	0,40	6,31	5,80	7,35	
<i>CLL</i>	β_0	-3,60	0,45	-3,59	-4,49	-2,71	68,76
	β_1	0,64	0,07	0,64	0,50	0,78	
	DL_{90}	6,95	0,19	6,94	6,62	7,36	
<i>PCLL</i>	β_0	-1,88	1,26	-1,54	-4,97	-0,60	64,29
	β_1	0,45	0,15	0,41	0,29	0,81	
	λ	3,62	1,93	3,43	0,64	7,14	
	DL_{90}	6,85	0,21	6,84	6,47	7,29	
<i>RPCLL</i>	β_0	-11,26	5,28	-10,67	-21,80	-3,39	54,06
	β_1	2,89	1,45	2,75	0,65	5,69	
	λ	0,47	0,56	0,28	0,14	2,10	
	DL_{90}	6,86	0,31	6,84	6,32	7,54	
<i>LL</i>	β_0	-4,71	0,61	-4,70	-5,91	-3,54	58,46
	β_1	1,04	0,12	1,03	0,80	1,29	
	DL_{90}	6,74	0,26	6,72	6,28	7,29	

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
<i>PLL</i>	β_0	-4,69	1,31	-4,68	-7,14	-2,34	58,45
	β_1	1,04	0,12	1,03	0,80	1,29	
	λ	1,83	1,89	1,04	0,15	6,71	
	DL_{90}	6,73	0,26	6,72	6,28	7,29	
<i>RPLL</i>	β_0	-3,57	1,26	-3,54	-5,80	-1,37	68,86
	β_1	0,64	0,08	0,64	0,50	0,79	
	λ	1,79	1,87	0,97	0,15	6,72	
	DL_{90}	6,95	0,19	6,94	6,61	7,35	

Tabela 15 – Estimativas bayesianas para *Beauveria bassiana*.

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
<i>L</i>	β_0	-5,02	0,79	-5,00	-6,66	-3,53	74,73
	β_1	0,79	0,12	0,79	0,56	1,05	
	DL_{90}	9,21	0,53	9,15	8,35	10,40	
<i>PL</i>	β_0	-16,77	6,32	-17,22	-27,94	-4,18	71,60
	β_1	2,07	0,73	2,09	0,70	3,44	
	λ	0,32	0,42	0,20	0,14	1,26	
	DL_{90}	8,49	0,43	8,40	7,94	9,58	
<i>RPL</i>	β_0	-5,49	0,96	-5,47	-7,50	-3,70	70,65
	β_1	0,85	0,32	0,75	0,49	1,78	
	λ	2,13	1,90	1,44	0,17	6,78	
	DL_{90}	9,35	1,02	9,06	8,17	12,07	
<i>P</i>	β_0	-2,95	0,41	-2,94	-3,77	-2,16	74,68
	β_1	0,47	0,07	0,46	0,34	0,60	
	DL_{90}	9,14	0,49	9,09	8,33	10,24	
<i>PP</i>	β_0	-5,66	2,34	-5,97	-9,42	-0,90	72,58
	β_1	0,71	0,22	0,72	0,30	1,12	
	λ	0,67	1,06	0,28	0,14	4,28	
	DL_{90}	8,99	0,50	8,92	8,21	10,12	

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
<i>RPP</i>	β_0	-3,08	0,56	-3,06	-4,26	-2,00	71,34
	β_1	0,60	0,21	0,58	0,28	1,02	
	λ	1,19	1,55	0,48	0,14	6,20	
	DL_{90}	9,20	0,54	9,14	8,33	10,45	
<i>C</i>	β_0	-5,36	1,15	-5,27	-7,90	-3,35	74,34
	β_1	0,83	0,18	0,82	0,52	1,22	
	DL_{90}	10,29	0,88	10,18	8,88	12,31	
<i>PC</i>	β_0	-	-	-	-	-	-
	β_1	-	-	-	-	-	
	λ	-	-	-	-	-	
	DL_{90}	-	-	-	-	-	
<i>RPC</i>	β_0	-9,98	4,49	-8,75	-19,97	-4,16	72,19
	β_1	1,25	0,48	1,12	0,61	2,37	
	λ	3,52	2,04	3,15	0,73	7,20	
	DL_{90}	8,88	3,42	8,26	7,90	14,29	
<i>CLL</i>	β_0	-4,14	0,61	-4,13	-5,42	-3,01	73,24
	β_1	0,58	0,09	0,58	0,41	0,77	
	DL_{90}	8,60	0,37	8,55	8,02	9,48	
<i>PCLL</i>	β_0	-15,78	6,51	-16,30	-27,02	-3,05	70,47
	β_1	1,91	0,76	1,95	0,46	3,28	
	λ	0,34	0,51	0,21	0,14	1,40	
	DL_{90}	8,33	0,28	8,28	7,93	9,01	
<i>RPCLL</i>	β_0	-3,75	1,67	-3,19	-7,85	-1,90	62,17
	β_1	0,88	0,55	0,73	0,21	2,10	
	λ	1,15	1,49	0,49	0,14	5,90	
	DL_{90}	10,82	1,30	10,69	8,81	13,73	

Modelo	Parâmetros	Média	Desvio padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$	DIC
LL	β_0	-2,63	0,41	-2,63	-3,44	-1,84	77,25
	β_1	0,48	0,07	0,48	0,35	0,63	
	DL_{90}	10,19	0,74	10,09	8,98	11,86	
PLL	β_0	-2,62	1,22	-2,61	-4,76	-0,50	77,25
	β_1	0,48	0,07	0,48	0,34	0,63	
	λ	1,82	1,87	1,03	0,15	6,65	
	DL_{90}	10,19	0,76	10,09	8,95	11,94	
RPLL	β_0	-4,20	1,29	-4,20	-6,55	-1,87	73,22
	β_1	0,59	0,09	0,59	0,42	0,76	
	λ	1,83	1,88	1,02	0,15	6,68	
	DL_{90}	8,57	0,36	8,52	8,01	9,43	

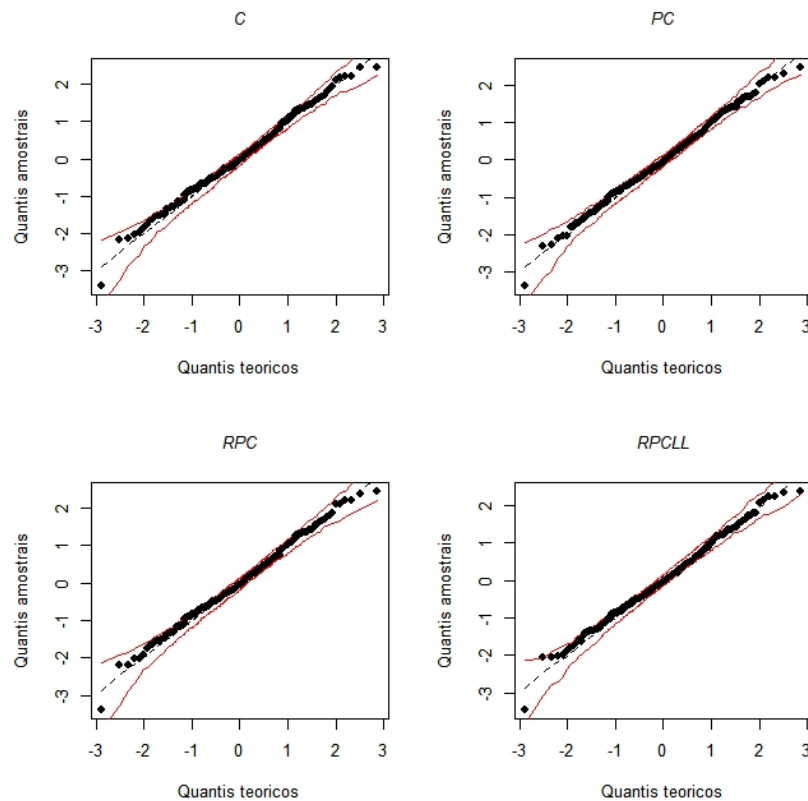


Figura 9 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumoso rosea*, com ligação *cauchit* (C), *potência cauchit* (PC), *reversa de potência cauchit* (RPC) e *reversa de potência cloglog* (RPCLL).

Os modelos *cauchit* (*C*), *potência cauchit* (*PC*), *reversa de potência cauchit* (*RPC*) e *reversa de potência cloglog* (*RPCLL*) destacaram-se como os mais adequados para os dados de *C. fumosorosea*, por não apresentarem padrões sistemáticos de resíduos nem violação da normalidade. Já para os dados de *B. bassiana*, os modelos com melhor desempenho foram *reversa de potência cloglog* (*RPCLL*), *potência cloglog* (*PCLL*), *reversa de potência logit* (*RPL*) e *reversa de potência probit* (*RPP*), conforme indicado pelos menores valores de DIC e pela boa adequação dos resíduos (Figuras 9 e 10).

As diferenças observadas entre os modelos reforçam como a escolha da função de ligação influencia diretamente a qualidade do ajuste e a precisão das estimativas. Optar por modelos inadequados pode levar a interpretações equivocadas, afetar a efetividade da dose aplicada e gerar desperdícios de insumos ou impactos ambientais desnecessários. Por isso, avaliar e comparar múltiplas funções de ligação torna-se uma etapa crucial em estudos de bioensaios, especialmente quando os resultados subsidiam decisões práticas no manejo integrado de pragas.

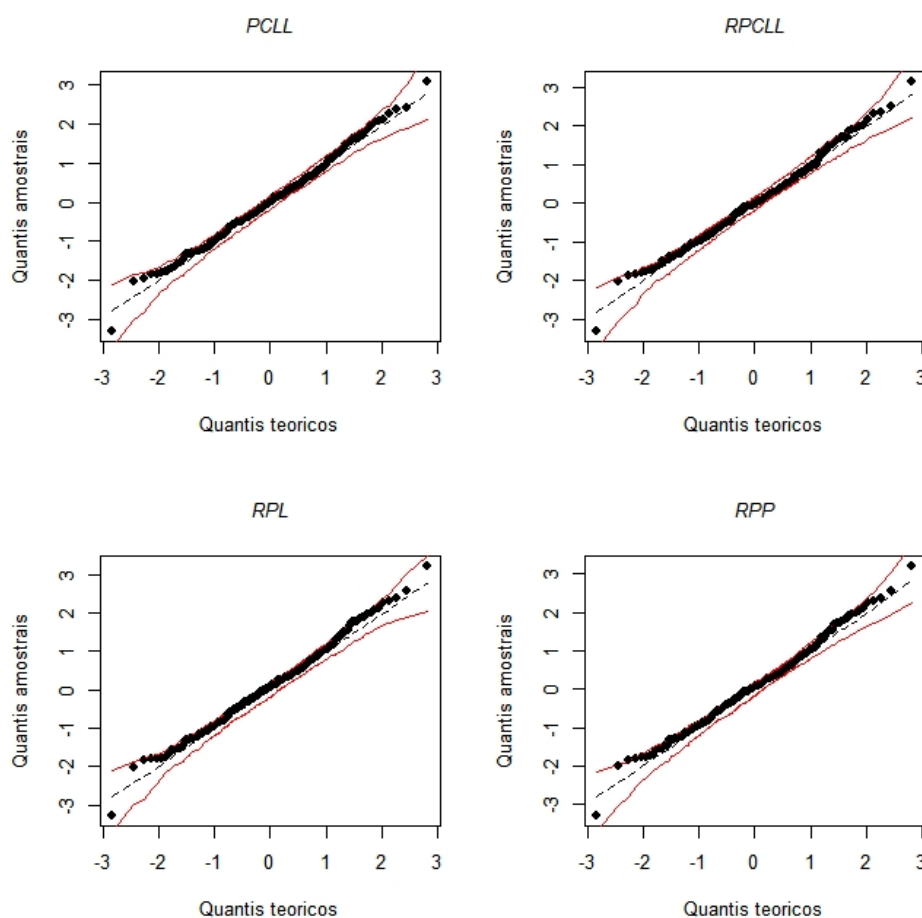


Figura 10 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Beauveria bassiana*, com funções de ligação *potência cloglog* (*PCLL*), *reversa de potência cloglog* (*RPCLL*), *reversa de potência logit* (*RPL*) e *reversa de potência probit* (*RPP*).

Em todos os modelos avaliados, os parâmetros de regressão β_0 e β_1 apresentaram significância estatística, pois seus intervalos com 95% de credibilidade não incluíram o valor zero. Por outro lado, os parâmetros λ não foram estatisticamente significativos, visto que seus intervalos com 95% de credibilidade continham o valor um, indicando ausência de evidência suficiente para rejeitar a hipótese de simetria nas funções de ligação.

Os modelos com menores valores de DIC foram, respectivamente, a ligação *cauchit* (DIC = 53,41) para *C. fumosorosea* e a ligação *reversa de potência cloglog* (DIC = 62,17) para *B. bassiana*, evidenciando o melhor ajuste com base nesse critério.

As estimativas da DL_{90} variaram de 5,00 a 6,94 log(conídios/mL) para *C. fumosorosea* e de 8,26 a 10,69 log(conídios/mL) para *B. bassiana*, dependendo do modelo considerado. Para o modelo com melhor ajuste de cada fungo, as DL_{90} estimadas foram de 6,38 log(conídios/mL) (*C. fumosorosea*) e 10,69 log(conídios/mL) (*B. bassiana*). Essas variações entre os modelos reforçam a importância da escolha criteriosa da função de ligação, dado que decisões inadequadas podem comprometer a eficácia da dose aplicada e aumentar os custos ou os impactos ambientais do controle.

Tabela 16 – Doses letais (DL_p), por espécie.

	¹ DL_p	Média	Desvio Padrão	Mediana	$P_{2,5\%}$	$P_{97,5\%}$
<i>Cordyceps fumosorosea</i>	DL_{10}	3,66	0,37	3,70	2,84	4,25
	DL_{20}	4,42	0,19	4,44	3,99	4,72
	DL_{30}	4,71	0,13	4,72	4,41	4,92
	DL_{40}	4,89	0,10	4,89	4,66	5,07
	DL_{50}	5,03	0,09	5,03	4,84	5,21
	DL_{60}	5,18	0,09	5,17	5,00	5,38
	DL_{70}	5,36	0,12	5,35	5,16	5,61
	DL_{80}	5,65	0,17	5,63	5,37	6,03
	DL_{90}	6,41	0,34	6,38	5,83	7,17
	DL_{99}	18,95	3,45	18,61	13,18	26,61
<i>Beauveria bassiana</i>	DL_{10}	3,67	0,35	3,73	2,84	4,22
	DL_{20}	4,37	0,28	4,39	3,77	4,88
	DL_{30}	4,96	0,25	4,97	4,46	5,45
	DL_{40}	5,55	0,24	5,55	5,07	6,02
	DL_{50}	6,17	0,26	6,16	5,67	6,70
	DL_{60}	6,87	0,33	6,84	6,31	7,60
	DL_{70}	7,73	0,47	7,67	6,99	8,83
	DL_{80}	8,90	0,74	8,79	7,76	10,63
	DL_{90}	10,82	1,30	10,69	8,81	13,73
	DL_{99}	16,98	3,46	16,94	11,46	24,13

¹*C. fumosorosea* via função de ligação *cauchit* (C) e *B. bassiana* via função de ligação *reversa de potência cloglog* (RPCLL).

Na Tabela 16 apresentam-se as estimativas de DL_p para (DL_p), $p = 10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80, 90$ e 99% , calculadas com base nos modelos selecionados para cada espécie (ligação *cauchit* para *C. fumosorosea* e *reversa de potência cloglog* para *B. bassiana*). A tabela inclui a média, o desvio padrão, a mediana e o intervalo de credibilidade de 95% para cada DL_p , na escala $\log(\text{conídios/mL})$. Embora a DL_{90} seja a referência de maior interesse agrônômico, as demais DL_p fornecem parâmetros úteis para diferentes metas de mortalidade e condições operacionais, subsidiando decisões de dose em cenários de manejo com variados níveis de exigência, custos e restrições ambientais.

Nas Figuras 11 e 12, são apresentadas as curvas de regressão ajustadas pelos modelos selecionados como os mais adequados, para os dados referentes a *C. fumosorosea* e *B. bassiana*, respectivamente. Essas curvas representam a probabilidade estimada de morte de *D. citri* em função do logaritmo da concentração de fungos. Observa-se que os ajustes capturam adequadamente o padrão observado nos dados, evidenciando a influência da dose sobre a resposta biológica. Além disso, as diferenças na forma das curvas refletem o papel da função de ligação na modelagem do comportamento dose-resposta.

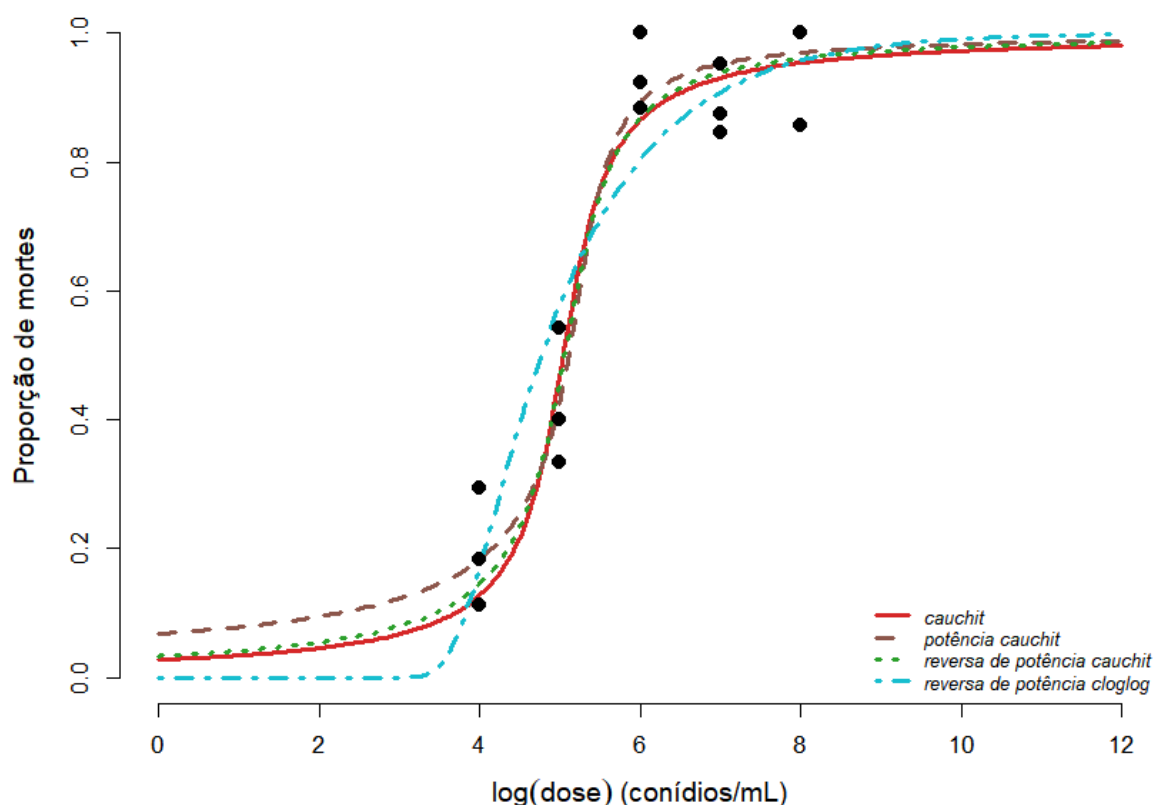


Figura 11 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.

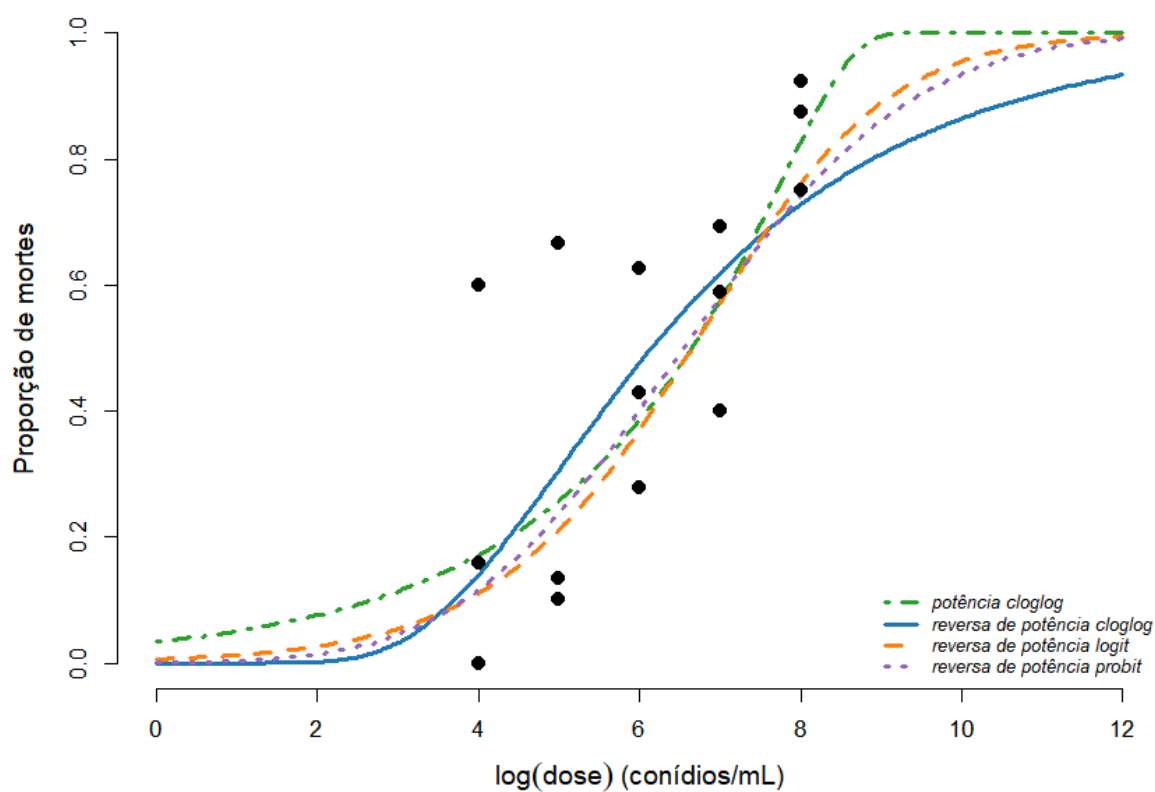


Figura 12 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

Na Figura 13 são apresentadas as curvas dose-resposta ajustadas para os dois fungos avaliados. A curva de *C. fumosorosea*, ajustada pelo modelo *cauchit*, apresentou um início mais precoce do aumento na probabilidade de mortalidade, atingindo a DL_{90} em 6,38 $\log((\text{conídios/mL}))$, o que indica que o fungo é capaz de afetar a população alvo em doses mais baixas. Já a curva de *B. bassiana*, modelada com a ligação *RPCLL*, exibiu uma subida mais gradual, alcançando a DL_{90} apenas em 10,69, apresentando uma cauda alongada à direita, sugerindo maior dispersão das respostas em doses elevadas. No contexto teórico, valores de $\lambda > 1$ em funções de ligação Reversa de Potência, como observado para *B. bassiana* ($\lambda = 1,15$), tendem a produzir curvas com assimetria à direita e potencial deslocamento do ponto de transição para doses menores. Contudo, no presente estudo, tal deslocamento não se verificou de forma clara, evidenciando que o ajuste final depende da interação entre o modelo e os dados experimentais específicos.

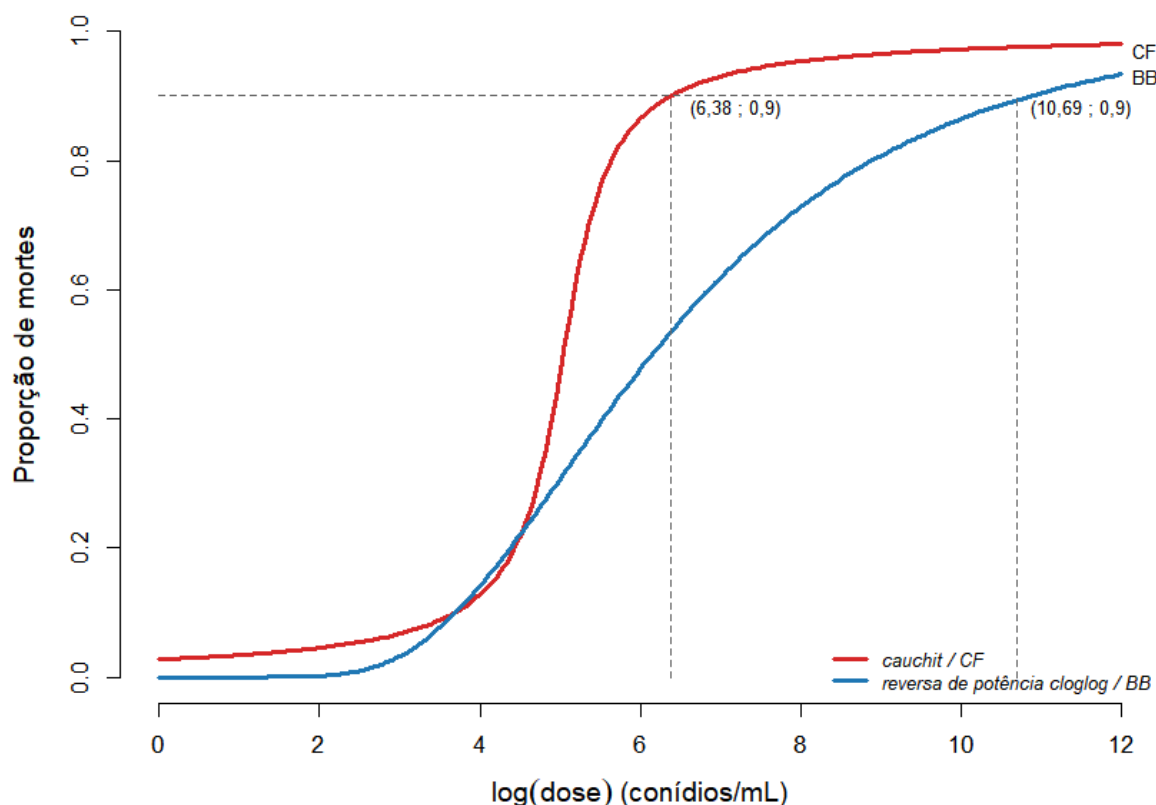


Figura 13 – Curvas dose-resposta ajustadas por modelos bayesianos para os fungos *Cordyceps fumosorosea* (cauchit / CF) e *Beauveria bassiana* (reversa de potência cloglog / BB), mostrando a probabilidade estimada de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo da dose. As linhas pontilhadas indicam as estimativas da dose letal de 90% (DL_{90}) para cada fungo.

Ao longo de todo o intervalo de doses analisado, o fungo *C. fumosorosea* apresentou, em média, uma taxa de mortalidade 14,2% superior à de *B. bassiana*. Essa superioridade global indica uma performance consistentemente mais eficaz do *C. fumosorosea* sobre o alvo *D. citri*. Quando se considera apenas o intervalo de doses em que *C. fumosorosea* efetivamente superou *B. bassiana* — o que corresponde a 91,5% do domínio avaliado —, a vantagem média se eleva discretamente para 15,6%, evidenciando uma superioridade estável, sem grandes oscilações. Ou seja, mesmo ao desconsiderar o pequeno trecho em que *B. bassiana* foi mais eficiente, a média não se altera drasticamente, reforçando a robustez do efeito letal do *C. fumosorosea*. Especificamente, foi observado um estreito intervalo de doses, no qual a curva de *B. bassiana* se posicionou acima da de *C. fumosorosea*, apresentando uma superioridade média de apenas 1,26%. Fora desse intervalo restrito, o desempenho de *C. fumosorosea* manteve-se consistentemente superior. Esses resultados quantitativos são detalhados na Tabela 17, que resume as superioridades médias observadas nos respectivos domínios de vantagem.

Tabela 17 – Resumo das métricas comparativas entre *Cordyceps fumosorosea* e *Beauveria bassiana* no controle de *Diaphorina citri*.

Métrica	Valor (%)	Comentário
Superioridade média global de <i>C. fumosorosea</i>	14,2	Média considerando todo o intervalo de doses testadas.
Superioridade média no domínio de vantagem do <i>C. fumosorosea</i>	15,6	Calculada em 91,5% do intervalo onde o fungo foi superior.
Proporção do intervalo com vantagem do <i>C. fumosorosea</i>	91,5	Fração do domínio de doses em que o fungo apresentou maior eficácia.
Superioridade média no domínio de vantagem do <i>B. bassiana</i>	1,26	Restrita ao intervalo entre 3,72 e 4,52 log(conídios/mL).

Esses achados estão alinhados com os resultados obtidos por Ullah et al. (2018), que relataram mortalidades significativamente mais elevadas para *C. fumosorosea* em comparação a *B. bassiana*, tanto em condições de laboratório (73,8% versus 64,4%) quanto em semi-campo (72,1% versus 61,2%), consolidando a evidência de maior efetividade média do *C. fumosorosea* contra *D. citri*.

4.4 Conclusão

A estimativa da DL_{90} por meio de diferentes funções de ligação permitiu identificar os modelos com melhor ajuste, baseando-se nos menores valores de DIC, para os bioensaios com *C. fumosorosea* e *B. bassiana* no controle de *D. citri*. Para *C. fumosorosea*, o modelo com função de ligação *cauchit* apresentou o melhor desempenho, com DL_{90} de 6,38 log(conídios/mL). Já para *B. bassiana*, o modelo com função de ligação *reversa de potência cloglog* foi o mais adequado, estimando uma DL_{90} de 10,69 log(conídios/mL).

Ambos os modelos apresentaram bom ajuste à resposta dose-mortalidade, mas os resultados indicam maior eficácia de *C. fumosorosea*, especialmente nas concentrações mais elevadas, reforçando seu potencial como agente de controle biológico de *D. citri*. A escolha adequada da função de ligação mostrou-se essencial para a precisão das estimativas, contribuindo para o aprimoramento de bioensaios e estratégias de manejo.

Referências

BAZAN, J. L. et al. Power and reversed power link functions for binomial regression. *Communications in Statistics - Theory and Methods*, Taylor & Francis, v. 46, p. 5686–5703, 2017.

BOTEON, M.; RIBEIRO, R. Impacto econômico do controle do hlb (huanglongbing) no custo de produção de laranja no estado de são paulo. *International Journal of Scientific Management and Tourism*, v. 10, p. e788, 03 2024.

CHEN, M. H. et al. A new family of link functions in binomial regression. *Biometrika*, Oxford University Press, v. 86, p. 801–816, 1999.

CONCESCHI, M. R. Potencialidade dos fungos entomopatogênicos *isaria fumosorosea* e *beauveria bassiana* para o controle de pragas dos citros. *Revista Brasileira de Citricultura*, v. 28, n. 1, p. 15–23, 2014.

COSTA, G. V. d. e. a. Economic impact of huanglongbing on orange production. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 43, n. 3, 2021.

COURT, C.; SINGERMAN, A.; HOUSE, L. *U.S. Orange Production and Consumption: Looking at 20 Years of Data*. 2023. Disponível em: <<https://edis.ifas.ufl.edu/publication/FE1145>>. Acesso em: 20 jun. 2025.

CRUZ, J.; COURT, C. D.; FERREIRA, J. P. *2020-2021 Economic Contributions of the Florida Citrus Industry*. 2023. UF/IFAS Economic Impact Analysis Program, Food and Resource Economics Department, University of Florida. Disponível em: <[https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufledu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-\(2\).pdf](https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufledu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-(2).pdf)>. Acesso em: jul. 2025.

CZADO, C.; SANTNER, T. J. The effect of link misspecification on binary regression inference. *Computational Statistics & Data Analysis*, Elsevier, v. 13, p. 231–246, 1992.

D’ALESSANDRO, P. *Diaphorina citri mortality data (fungi dataset)*. 2014. Dados obtidos no pacote hnp do software R (versão 4.1.3). Disponível em: <<https://www.r-project.org>>. Acesso em: 25 ago. 2024.

DEMÉTRIO, C. G. B.; HINDE, J.; MORAL, R. A. Models for overdispersed data in entomology. In: GODOY, W. A. C.; FERREIRA, C. P. (Ed.). *Ecological modelling applied to entomology*. [S.l.]: Springer, 2014.

EPAGRI. *Artigo descreve processo de identificação de doença grave em citros e faz recomendações aos catarinenses*. 2025. Disponível em: <<https://www.epagri.sc.gov.br/index.php/2025/04/29/artigo-descreve-processo-de-identificacao-de-doenca-grave-em-citros-e-faz-recomendacoes-aos-catarinenses/>>. Acesso em: 29 abr. 2025.

FINNEY, D. J.; et al. *Probit Analysis*. 3rd. ed. [S.l.]: Cambridge University Press, 1971.

GALO, R. et al. Bayesian binary regression using power and reverse power link functions: an application to premature birth data. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 41, n. 2, p. 1–4, 2023.

HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v. 31, n. 6, p. 1109–1144, 1983.

INDEX FUNGORUM. *Index Fungorum – Global fungal nomenclature*. 2025. Disponível em: <<http://www.indexfungorum.org>>. Acesso em: 13 jun. 2025.

KEPLER, R. M. et al. A phylogenetically-based nomenclature for cordycipitaceae (hypocreales). *IMA Fungus*, v. 8, n. 2, p. 335–353, 2017.

LI, S. et al. Citrus greening: Management strategies and their economic impact. *HortScience*, v. 55, p. 1–9, 03 2020.

MORAL, R. A.; HINDE, J.; DEMÉTRIO, C. G. B. Half-normal plots and overdispersed models in R: The hnp package. *Journal of Statistical Software*, v. 81, n. 10, p. 1–23, 2017.

NELDER, J. A.; WEDDERBUN, R. W. M. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, v. 135, n. 3, p. 370–384, 1972.

PACHECO, C. V. S. et al. Mortalidade de diaphorina citri em resposta à isaria fumosorosea: um estudo de diferentes funções de ligação em modelos para dose-resposta dicotômica. *Sigmae*, Alfenas, v. 13, n. 2, p. 118–127, 2024.

R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: jul. 2025.

RAMOS, G. S. *Controle biológico de pragas com Isaria fumosorosea (atualmente Cordyceps fumosorosea)*. 2024. Blog Agroadvance. Disponível em: <<https://agroadvance.com.br/blog-isaria-fumosorosea-cordyceps-fumosorosea/>>. Acesso em: 07 jul. 2025.

SILVA, A. N. d.; ANYOSA, S.; BAZAN, J. L. Modelagem bayesiano de regressão binária para dados desbalanceados usando novas ligações. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 38, n. 4, p. 385–417, 2020.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)*, Wiley, v. 64, n. 4, p. 583–639, 2002.

SPIEGELHALTER, D. J. et al. *BUGS 0.5: Bayesian inference using Gibbs sampling – manual (version II)*. Cambridge, 1994.

THOMAS, A. et al. Making bugs open. *R News*, v. 6, n. 1, p. 12–17, 2006.

ULLAH, M. S. et al. Evaluation of entomopathogenic fungi beauveria bassiana and isaria fumosorosea against diaphorina citri (hemiptera: Psyllidae) under laboratory and semi-field conditions. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, v. 28, n. 1, p. 71, 2018.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A escolha da função de ligação demonstrou impacto direto na qualidade do ajuste dos modelos, sendo o Critério de Informação de *Deviance* (DIC) utilizado como principal métrica para seleção. Para o fungo *C. fumosorosea*, a função *cauchit* apresentou o melhor desempenho (DIC = 53,41), resultando em uma estimativa de DL_{50} de 5,03 log(conídios/mL), indicando maior eficiência biológica em doses inferiores. Já para *B. bassiana*, a função de ligação reversa de potência *cloglog* foi a mais adequada (DIC = 62,17), com DL_{50} estimada em 6,16 log(conídios/mL), corroborando estudos anteriores que apontam menor eficácia geral em comparação ao *C. fumosorosea* (ULLAH et al., 2018).

Os parâmetros de regressão β_0 e β_1 mostraram-se estatisticamente significativos em todos os modelos avaliados, enquanto o parâmetro de flexibilidade λ , associado ao controle de assimetria, não apresentou significância estatística, como também evidenciado por Silva, Anyosa e Bazan (2020). Isso sugere que, para os dados analisados, o uso de funções básicas pode ser suficiente, ainda que as funções de potência ofereçam flexibilidade adicional em cenários com maior desbalanceamento ou assimetrias marcantes.

A integração das funções de ligação estendidas com métodos bayesianos, utilizando MCMC via Gibbs Sampling (SPIEGELHALTER et al., 1994), demonstrou-se eficiente para estimação de parâmetros críticos e fornecimento de intervalos de credibilidade robustos. Tal abordagem contribui significativamente para aprimorar a tomada de decisão em programas de manejo integrado, otimizando o uso de bioinseticidas e reduzindo custos e impactos ambientais (CZADO; SANTNER, 1992).

Como proposta futura, sugere-se expandir o uso dessas funções em estudos com diferentes condições experimentais ou regiões geográficas, além da possível disponibilização dos modelos em pacotes do software R (R CORE TEAM, 2025), integrados ao OpenBUGS, conforme apontado por Thomas et al. (2006). Essa iniciativa poderia facilitar a adoção dos modelos por pesquisadores e técnicos do setor agrícola, contribuindo para um controle biológico mais sustentável e eficaz.

Em suma, este trabalho reforça a relevância de uma escolha criteriosa da função de ligação na modelagem de bioensaios binários, destacando o potencial do *C. fumosorosea* como agente de controle biológico de maior eficiência no combate ao *D. citri*.

REFERÊNCIAS

- ABANTO-VALLE, C. A.; BAZÁN, J. L.; SMITH, A. C. *State space mixed models for binary responses with skewed inverse links using JAGS*. Rio de Janeiro, 2014.
- ABANTO-VALLE, C. A.; DEY, D. K.; JIANG, J. Flexible link functions in binary regression: a bayesian approach. *Computational Statistics & Data Analysis*, Elsevier, v. 87, p. 130–143, 2015.
- AGRESTI, A. *An Introduction to Categorical Data Analysis*. [S.l.]: John Wiley & Sons, 2007.
- AKAIKE, H. Information theory and an extension of the maximum likelihood principle. In: PETROV, B. N.; CSAKI, F. (Ed.). *Proceedings of the 2nd International Symposium on Information Theory*. Budapest: Akademiai Kiado, 1973. p. 267–281.
- AMMAR, E. D.; SHATTERS, R. G.; HALL, D. G. Localization of *Candidatus Liberibacter asiaticus*, associated with citrus huanglongbing disease, in its psyllid vector using fluorescence in situ hybridization. *Journal of Phytopathology*, v. 159, n. 11-12, p. 753–759, 2011.
- ANYOSA, S. A. C. *Regressão binária usando ligações potência e reversa de potência*. Dissertação (Mestrado) — Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação, Universidade Federal de São Paulo, São Carlos, 2017.
- ATKINSON, A. C. *Plots, Transformations, and Regression: An Introduction to Graphical Methods of Diagnostic Regression Analysis*. Oxford: Clarendon Press, 1985.
- BAZAN, J. L. et al. Power and reversed power link functions for binomial regression. *Communications in Statistics - Theory and Methods*, Taylor & Francis, v. 46, p. 5686–5703, 2017.
- BAZÁN, J. L.; ROMEO, J. S.; RODRIGUES, J. Bayesian skew-probit regression for binary response data. *Brazilian Journal of Probability and Statistics*, Institute of Mathematical Statistics, v. 28, n. 4, p. 467–482, 2014.
- BOTEON, M.; RIBEIRO, R. Impacto econômico do controle do hlb (huanglongbing) no custo de produção de laranja no estado de são paulo. *International Journal of Scientific Management and Tourism*, v. 10, p. e788, 03 2024.
- BROOKS, S. et al. (Ed.). *Handbook of Markov Chain Monte Carlo*. Boca Raton: CRC Press, 2011.
- CAMERON, A. C.; TRIVEDI, P. K. *Regression Analysis of Count Data*. [S.l.]: Cambridge University Press, 2013.
- CHEN, M. H. et al. A new family of link functions in binomial regression. *Biometrika*, Oxford University Press, v. 86, p. 801–816, 1999.

CONCESCHI, M. R. Potencialidade dos fungos entomopatogênicos *isaria fumosorosea* e *beauveria bassiana* para o controle de pragas dos citros. *Revista Brasileira de Citricultura*, v. 28, n. 1, p. 15–23, 2014.

CONCESCHI, M. R. Parâmetros a serem considerados nas pulverizações do fungo *isaria fumosorosea* para o manejo de diaphorina citri. *Revista de Agricultura e Meio Ambiente*, v. 15, n. 2, p. 110–117, 2017.

COSTA, G. V. d. e. a. Economic impact of huanglongbing on orange production. *Revista Brasileira de Fruticultura*, v. 43, n. 3, 2021.

COURT, C.; SINGERMAN, A.; HOUSE, L. *U.S. Orange Production and Consumption: Looking at 20 Years of Data*. 2023. Disponível em: <<https://edis.ifas.ufl.edu/publication/FE1145>>. Acesso em: 20 jun. 2025.

CRUZ, J.; COURT, C. D.; FERREIRA, J. P. *2020-2021 Economic Contributions of the Florida Citrus Industry*. 2023. UF/IFAS Economic Impact Analysis Program, Food and Resource Economics Department, University of Florida. Disponível em: <[https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufl.edu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-\(2\).pdf](https://fred.ifas.ufl.edu/media/fredifasufl.edu/economic-impact-analysis/reports/FRE_Economic_Contributions_Florida_Citrus_Industry_Report_2020_21_WEB-(2).pdf)>. Acesso em: jul. 2025.

CZADO, C.; SANTNER, T. J. The effect of link misspecification on binary regression inference. *Computational Statistics & Data Analysis*, Elsevier, v. 13, p. 231–246, 1992.

D’ALESSANDRO, P. *Diaphorina citri mortality data (fungi dataset)*. 2014. Dados obtidos no pacote hnp do software R (versão 4.1.3). Disponível em: <<https://www.r-project.org>>. Acesso em: 25 ago. 2024.

DEMÉTRIO, C. G. B.; HINDE, J.; MORAL, R. A. Models for overdispersed data in entomology. In: GODOY, W. A. C.; FERREIRA, C. P. (Ed.). *Ecological modelling applied to entomology*. [S.l.]: Springer, 2014.

DOBSON, A. *An introduction to generalized linear models*. Boca Raton: Chapman & Hall/CRC, 2002. ISBN 1-58488-165-8.

EHLERS, R. S. *Inferência Bayesiana*. 2011. Disponível em: <<http://conteudo.icmc.usp.br/pessoas/ehlers/bayes/bayes.pdf>>. Acesso em: 01 jul. 2025.

EPAGRI. *Artigo descreve processo de identificação de doença grave em citros e faz recomendações aos catarinenses*. 2025. Disponível em: <<https://www.epagri.sc.gov.br/index.php/2025/04/29/artigo-descreve-processo-de-identificacao-de-doenca-grave-em-citros-e-faz-recomendacoes-aos-catarinenses/>>. Acesso em: 29 abr. 2025.

FINNEY, D. J.; et al. *Probit Analysis*. 3rd. ed. [S.l.]: Cambridge University Press, 1971.

- FUNDECITRUS. *Fechamento da Safra de Laranja 2024/25*. 2025. Disponível em: <https://www.fundecitrus.com.br/pdf/pes_relatorios/0425_Fechamento_da_Safra_de_Laranja.pdf>. Acesso em: abr. 2025.
- GALO, R. *Modelagem Bayesiana para Dados de Nascimento Prematuros Desbalanceados*. Dissertação (Mestrado) — Universidade Estadual de Maringá, 2020.
- GALO, R. et al. Bayesian binary regression using power and reverse power link functions: an application to premature birth data. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 41, n. 2, p. 1–4, 2023.
- GEMAN, S.; GEMAN, D.; et al. Stochastic relaxation, gibbs distributions, and the bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, IEEE, PAMI-6, n. 6, p. 721–741, 1984.
- GUPTA, R. D.; GUPTA, R. C. Analyzing skewed data by power normal model. *Test*, Springer Science and Business Media LLC, v. 17, n. 1, p. 197–210, 2008.
- HEIDELBERGER, P.; WELCH, P. D. Simulation run length control in the presence of an initial transient. *Operations Research*, v. 31, n. 6, p. 1109–1144, 1983.
- HOSMER, D. W. J.; LEMESHOW, S.; STURDIVANT, R. X. *Applied Logistic Regression*. Third. Hoboken, NJ: John Wiley & Sons, 2013.
- HUAYANAY, A. d. I. C. et al. Performance of asymmetric links and correction methods for imbalanced data in binary regression. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, v. 89, n. 9, p. 1694–1714, 2019.
- INDEX FUNGORUM. *Index Fungorum – Global fungal nomenclature*. 2025. Disponível em: <<http://www.indexfungorum.org>>. Acesso em: 13 jun. 2025.
- JIMENEZ, N.; LOGARZO, G. *Huanglongbing (HLB) Natural Enemy Variability in the Field*. 2023. Disponível em: <<https://www.ars.usda.gov/office-of-international-research-engagement-and-cooperation/overseas-biological-control-obcl-highlights/archive-articles/march-2023/huanglongbing-hlb-natural-enemy-variability-in-the-field>>. Acesso em: 07 jul. 2025.
- JOHNSON, N. L.; KOTZ, S.; BALAKRISHNAN, N. *Continuous univariate distributions*. 2. ed. New York: Wiley, 1994.
- KEPLER, R. M. et al. A phylogenetically-based nomenclature for cordycipitaceae (hypocreales). *IMA Fungus*, v. 8, n. 2, p. 335–353, 2017.
- LEMONTE, A. J.; BAZÁN, J. L.; et al. Diagnostic tools in regression models with log-symmetric distributions. *Journal of Statistical Computation and Simulation*, Taylor & Francis, v. 88, n. 15, p. 3001–3019, 2018.

- LI, S. et al. Citrus greening: Management strategies and their economic impact. *HortScience*, v. 55, p. 1–9, 03 2020.
- MCCULLAGH, P.; NELDER, J. A. *Generalized Linear Models*. [S.l.]: Chapman & Hall, 1989.
- MORAL, R. A.; HINDE, J.; DEMÉTRIO, C. G. B. Half-normal plots and overdispersed models in R: The hnp package. *Journal of Statistical Software*, v. 81, n. 10, p. 1–23, 2017.
- NAGLER, J. Scobit: An alternative estimator to logit and probit. *American Journal of Political Science*, JSTOR, v. 38, n. 1, p. 230, 1994.
- NELDER, J. A.; WEDDERBUN, R. W. M. Generalized linear models. *Journal of the Royal Statistical Society. Series A (General)*, v. 135, n. 3, p. 370–384, 1972.
- PACHECO, C. V. S. et al. Mortalidade de diaphorina citri em resposta à isaria fumosorosea: um estudo de diferentes funções de ligação em modelos para dose-resposta dicotômica. *Sigmae*, Alfenas, v. 13, n. 2, p. 118–127, 2024.
- PAULINO, C. D. M.; TURKMAN, M. A. A.; MURTEIRA, B. *Estatística bayesiana*. Lisboa: Fundação Calouste Gulbenkian, 2003.
- PLUMMER, M. et al. Coda: Convergence diagnosis and output analysis for mcmc. *R News*, The R Foundation for Statistical Computing, v. 6, n. 1, p. 7–11, 2006.
- R CORE TEAM. *R: A language and environment for statistical computing*. Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing, 2025. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>. Acesso em: jul. 2025.
- RAMOS, G. S. *Controle biológico de pragas com Isaria fumosorosea (atualmente Cordyceps fumosorosea)*. 2024. Blog Agroadvance. Disponível em: <<https://agroadvance.com.br/blog-isaria-fumosorosea-cordyceps-fumosorosea/>>. Acesso em: 07 jul. 2025.
- ROSSI, R. M. *Introdução aos métodos Bayesianos na análise de dados zootécnicos com uso do WinBUGS e R*. Maringá: Eduem, 2011.
- SILVA, A. N. d.; ANYOSA, S.; BAZAN, J. L. Modelagem bayesiano de regressão binária para dados desbalanceados usando novas ligações. *Brazilian Journal of Biometrics*, v. 38, n. 4, p. 385–417, 2020.
- SPIEGELHALTER, D. J. et al. Bayesian measures of model complexity and fit. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Statistical Methodology)*, Wiley, v. 64, n. 4, p. 583–639, 2002.
- SPIEGELHALTER, D. J. et al. *BUGS 0.5: Bayesian inference using Gibbs sampling – manual (version II)*. Cambridge, 1994.

THOMAS, A. et al. Making bugs open. *R News*, v. 6, n. 1, p. 12–17, 2006.

ULLAH, M. S. et al. Evaluation of entomopathogenic fungi *beauveria bassiana* and *isaria fumosorosea* against *diaphorina citri* (hemiptera: Psyllidae) under laboratory and semi-field conditions. *Egyptian Journal of Biological Pest Control*, v. 28, n. 1, p. 71, 2018.

WANG, N. The citrus huanglongbing crisis and potential solutions. *Molecular Plant*, v. 12, n. 5, 2019.

Apêndices

SCRIPT EM R PARA ESTIMAÇÃO BAYESIANA

O script abaixo apresenta o exemplo do procedimento realizado em R para ajuste do modelo bayesiano com função de ligação Potência *logit*

Script completo em R

```
#-----#
# Leitura dos dados
library(hnp)
data(fungi); fungi
?fungi
# species=='isaria'
fungi1 = subset(fungi, species=='isaria')
attach(fungi1)
y = y
x = lconc
n = m
dados = cbind(x,n,y); dados
dados = as.data.frame(dados)
attach(dados)
#-----#

# Funo de ligao PL - Potncia logit
p.potlogit = function(beta,lambda,x)
{
  # Funcao para calcular p[x]
  # Y ~ Bin(n,p,lambda), link: potlogit (PL)
  x = as.matrix(x)
  nu = beta[1] + beta[-1]%*%t(x)
  pl = exp(nu)/(1+exp(nu))
  p = pl^lambda
}
```

```

      p
    }
#-----#

# Função Bayesiana para estimar os parâmetros da curva
# de Dose-Resposta Binomial - link: potência logit
library(BRugs) # Inferência Bayesiana
library(coda) # Análise de Convergência
bayes.DR.bin.PL = function(link,iter,burn,salto,semente,dados,p0)
{
  # Função Bayesiana para estimar os parâmetros da curva
  # de Dose-Resposta Binomial

  # Estrutura dos dados:
  # x: doses
  # y: sucessos
  # n: amostras
  # p0: probabilidade ajustada na qual retorna o valor de x (DL, Dose Letal)

  set.seed(semente)
  x = dados[,1]
  n = dados[,2]
  y = dados[,3]
  ny = n-y
  N = nrow(dados)
  dados.aux = list(x=x,n=n,y=y,N=N,p0=p0)
#-----#

# PL - potência logit
sink("modeloDRbinPL.txt")
cat("
model
{
  for(i in 1:N)
  {
      y[i] ~ dbin(p[i], n[i])
      nu[i] <- beta0 + beta1*x[i]
      pl[i] <- (exp(nu[i]))/(1+exp(nu[i]))
      p[i] <- pow(pl[i],lambda)
  }

  # Distribuições a priori
  beta0 ~ dnorm(0, 0.000001)
  beta1 ~ dnorm(0, 0.000001)

  delta ~ dunif(-2,2) # Bazan et al.(2017)
  lambda <- exp(delta)

```

```

# Dose letal
      DL <- (log(pow(p0,1/lambda)/(1-pow(p0,1/lambda)))-beta0)/beta1
}
",fill=TRUE)
sink()

modelo = "modeloDRbinPL.txt"
#-----#

cat("\n ---- Estimativas Frequentistas - Familia Basica ----")
cat("\n ")
res.freq <- glm(cbind(y,ny) ~ x, family=binomial(link=link)
chutes.aux = function() list(beta0=res.freq$coef[[1]],
                             beta1=res.freq$coef[[2]])
parametros <- c("beta0","beta1","lambda","DL")
res = BRugsFit(modelFile=modelo, data=dados.aux, inits=chutes.aux,
               numChains=1, parametersToSave=parametros,
               nBurnin=burn, nIter=iter, nThin=salto, DIC=TRUE,
               working.directory=NULL, digits=5)
cadeias <- cbind(samplesSample("beta0"),samplesSample("beta1"),
                 samplesSample("lambda"),samplesSample("DL"))
cat("\n-----Analise de convergencia-----")
cat("\n ")
cat("\n***** Diagnostico de Geweke *****")
cat("\n ")
print(geweke.diag(cadeias))
cat("\n***** Diagnostico de Heidelberg e Welch *****")
cat("\n ")
print(heidel.diag(cadeias))
alfa = 0.05
e = matrix(0, ncol(cadeias), 7)
for (k in 1:(ncol(cadeias)))
{
  e[k,1] = mean(cadeias[,k])
  e[k,2] = sd(cadeias[,k])
  e[k,3] = median(cadeias[,k])
  e[k,4] = quantile(cadeias[,k],alfa/2)
  e[k,5] = quantile(cadeias[,k],1-alfa/2)
  e[k,6] = HPDinterval(mcmc(cadeias),prob=0.95)[k,1]
  e[k,7] = HPDinterval(mcmc(cadeias),prob=0.95)[k,2]
}
est = round(e,4)
var.nomes = c("beta0","beta1","lambda","DL")
col.nomes = c("Media","DP","Mediana","P2.5%","P97.5%","HPDinf","HPDsup")
dimnames(est) = list(var.nomes, col.nomes)
cat("\n-----Estimativas Bayesianas-----")
cat("\n ")

```

```

print(est)
print(res$DIC)
cadeias
}
#saida.PL = bayes.DR.bin.PL(link=p.potlogit,iter=10000,burn=1000,salto=1,semente=123,
  dados=dados,p0=0.5)
#-----#

# Gráfico do modelo ajustado - Família Potência e Reversa
bayes.ajuste.DR.bin.pot = function(cadeia,link,dados)
{
  # Função Bayesiana para calcular valores preditos e
  # plotar a curva predita de Dose-Resposta Binomial
  # link: Função de ligação - Família Potência
  # p.potlogit, p.potprobit, p.potcauchit, p.potcloglog, p.potloglog,

  # Estrutura dos dados:
  x = dados[,1] # doses
  n = dados[,2] # amostras
  y = dados[,3] # sucessos
  #-----#

  # Estimativas Bayesianas (mediana) dos parâmetros
  beta.est = c(median(cadeia[,1]),median(cadeia[,2]))
  lambda.est = median(cadeia[,3])
  # mu.hat: preditor linear estimado
  x0 = seq(min(x),max(x), length.out=100)
  mu.hat.x = mu.hat.x0 = numeric()
  for (i in 1:length(x)) mu.hat.x[i] = link(beta=beta.est,lambda=lambda.est,x=x[i])
  for (i in 1:length(x0)) mu.hat.x0[i] = link(beta=beta.est,lambda=lambda.est,x=x0[i])
  # Gráfico do ajuste
  plot(x,y/n,pch=16,xlab="Dose",ylab="p",bty="n")
  lines(x0,mu.hat.x0,lty=1,lwd=2,col=2)
  res = cbind(dados,y.pred=round(n*mu.hat.x,0),p.pred=round(mu.hat.x,4))
  res
}
#ajuste.PL = bayes.ajuste.DR.bin.pot(cadeia=saida.PL,link=p.potlogit,dados=dados)
#-----#

```

GRÁFICO DAS CURVAS BAYESIANAS AJUSTADAS.

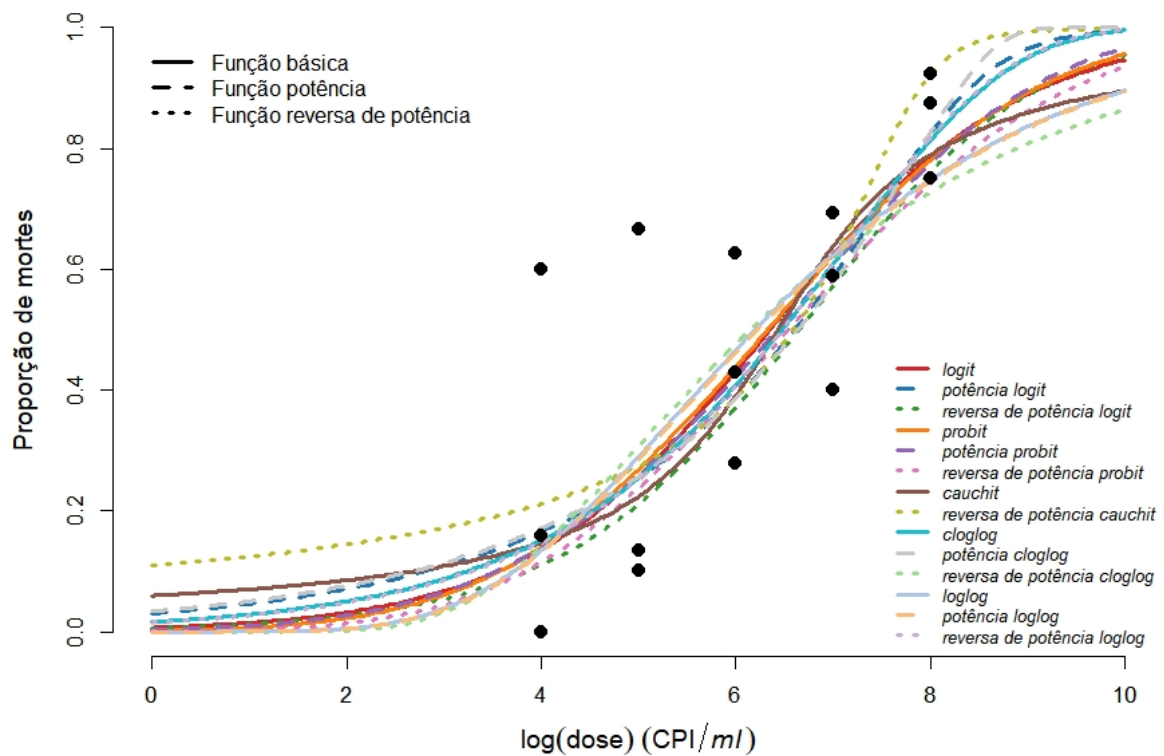


Figura 14 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

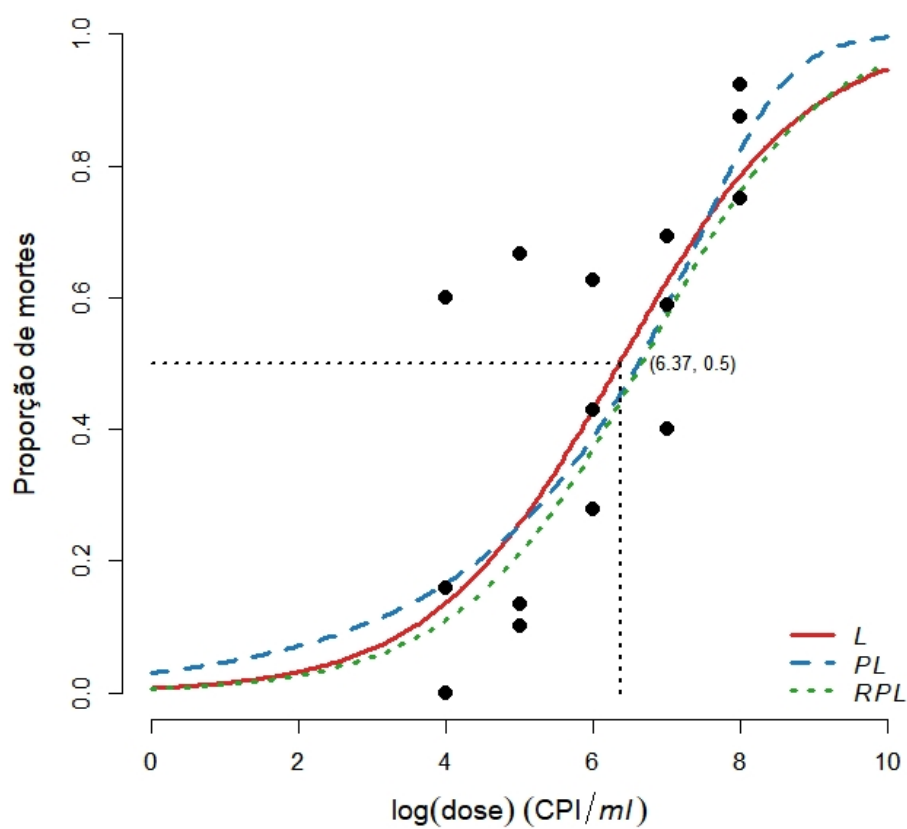


Figura 15 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Logit*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

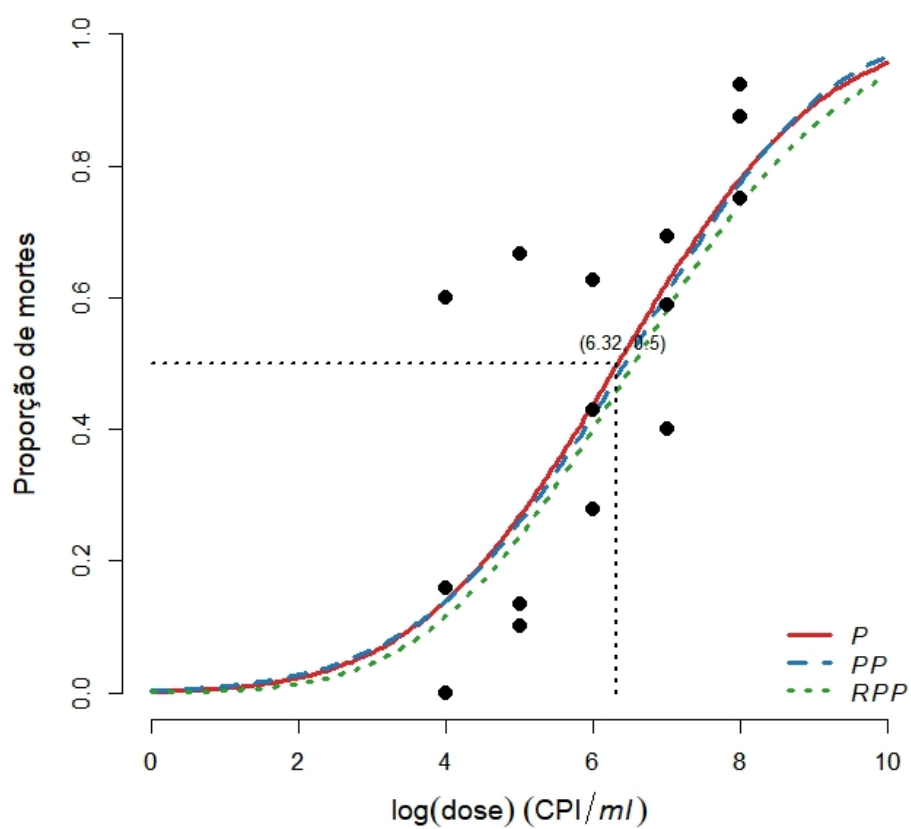


Figura 16 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Probit*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

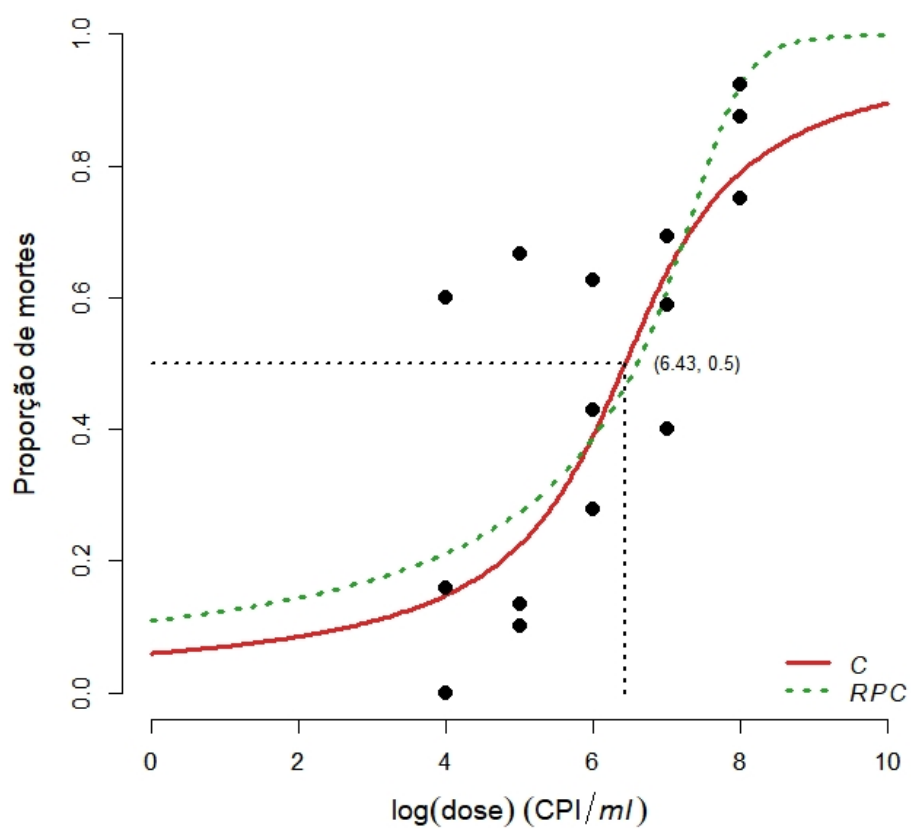


Figura 17 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Cauchit*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

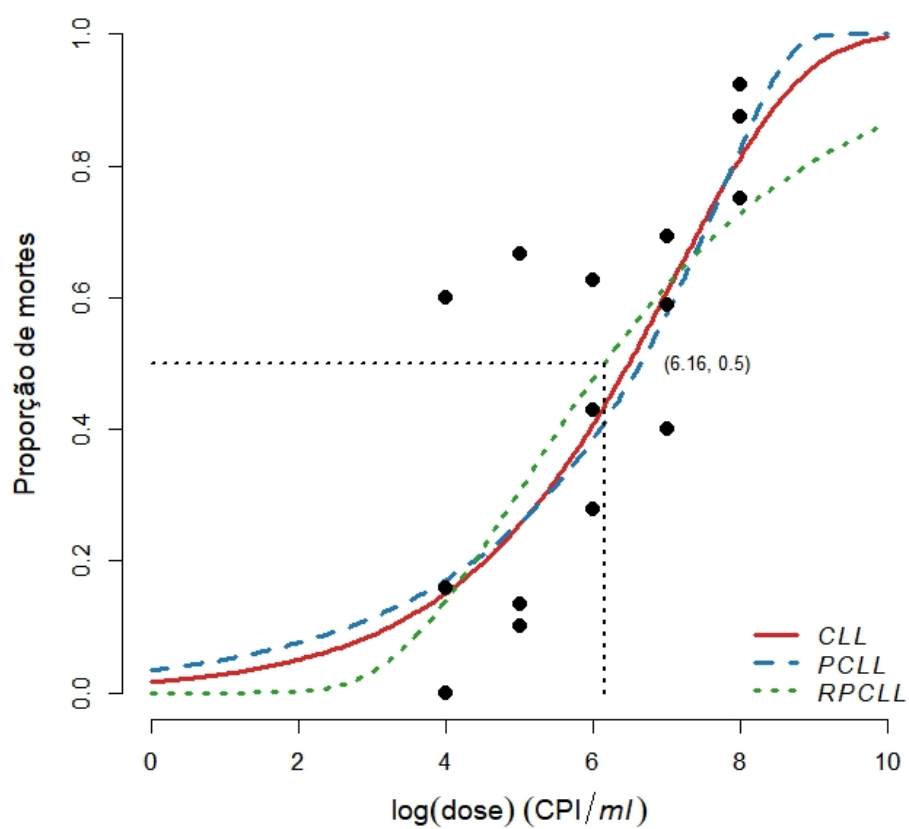


Figura 18 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Cloglog*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

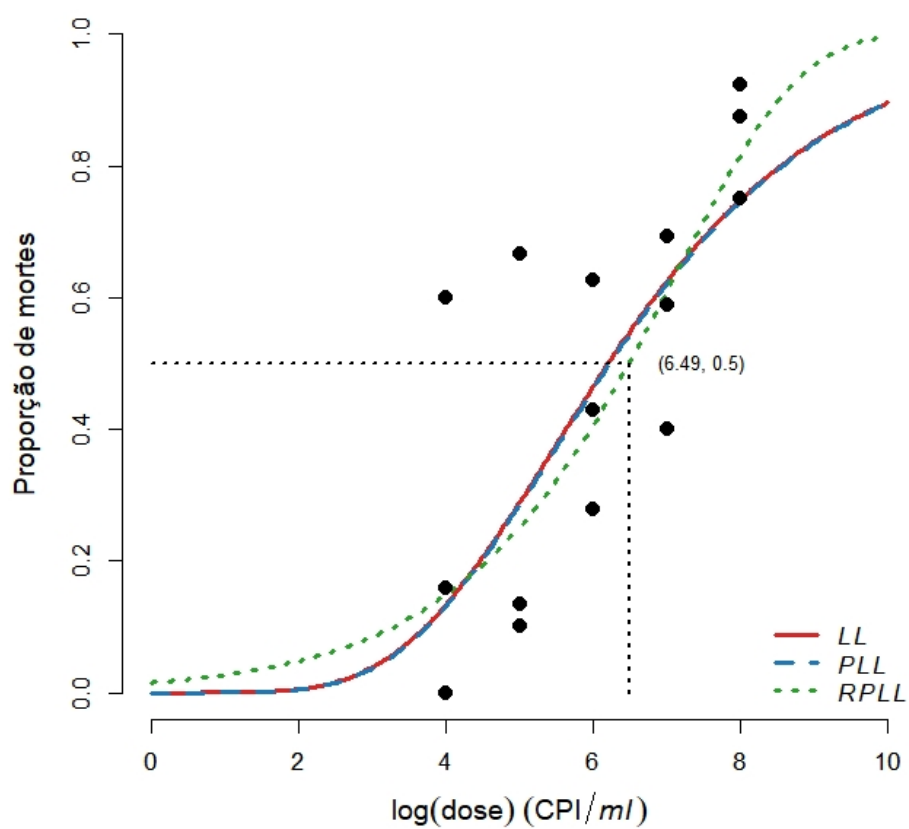


Figura 19 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Loglog*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Beauveria bassiana*.

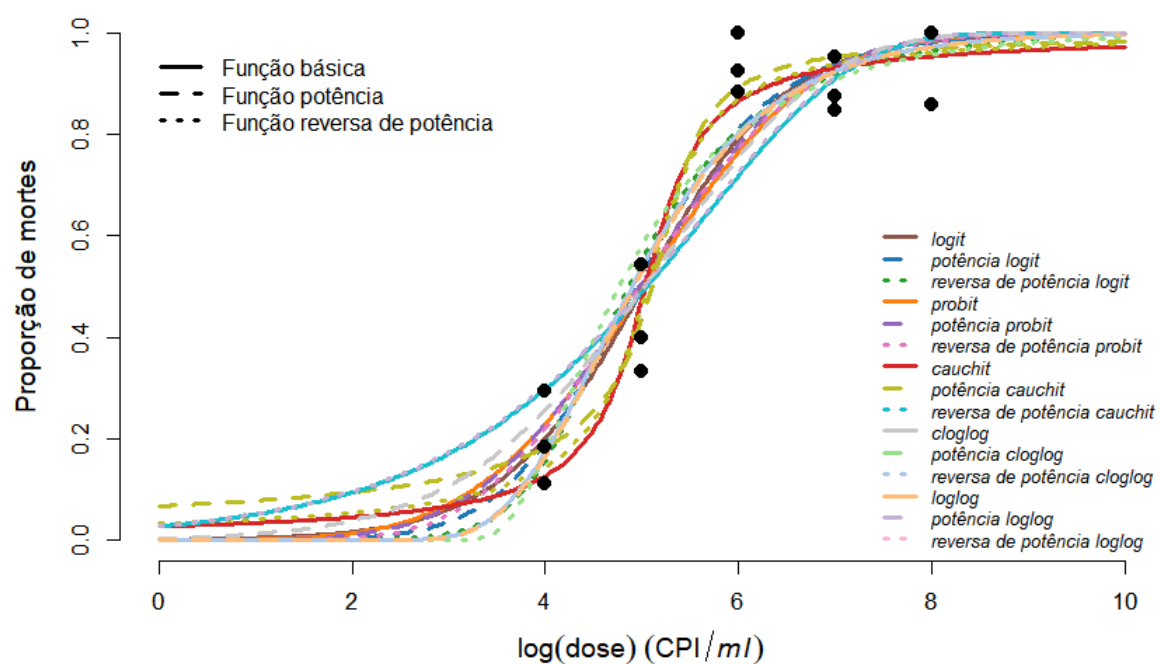
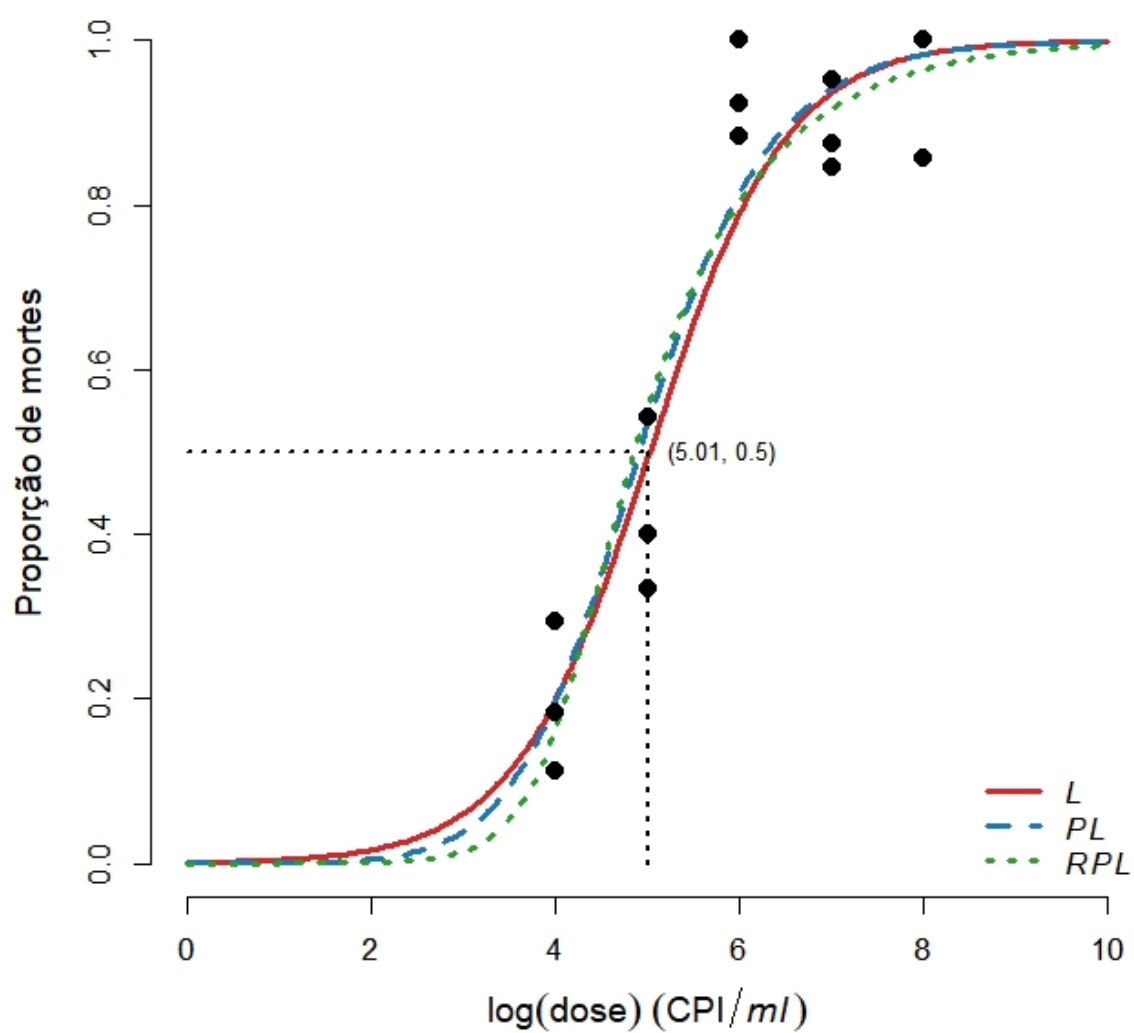


Figura 20 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.



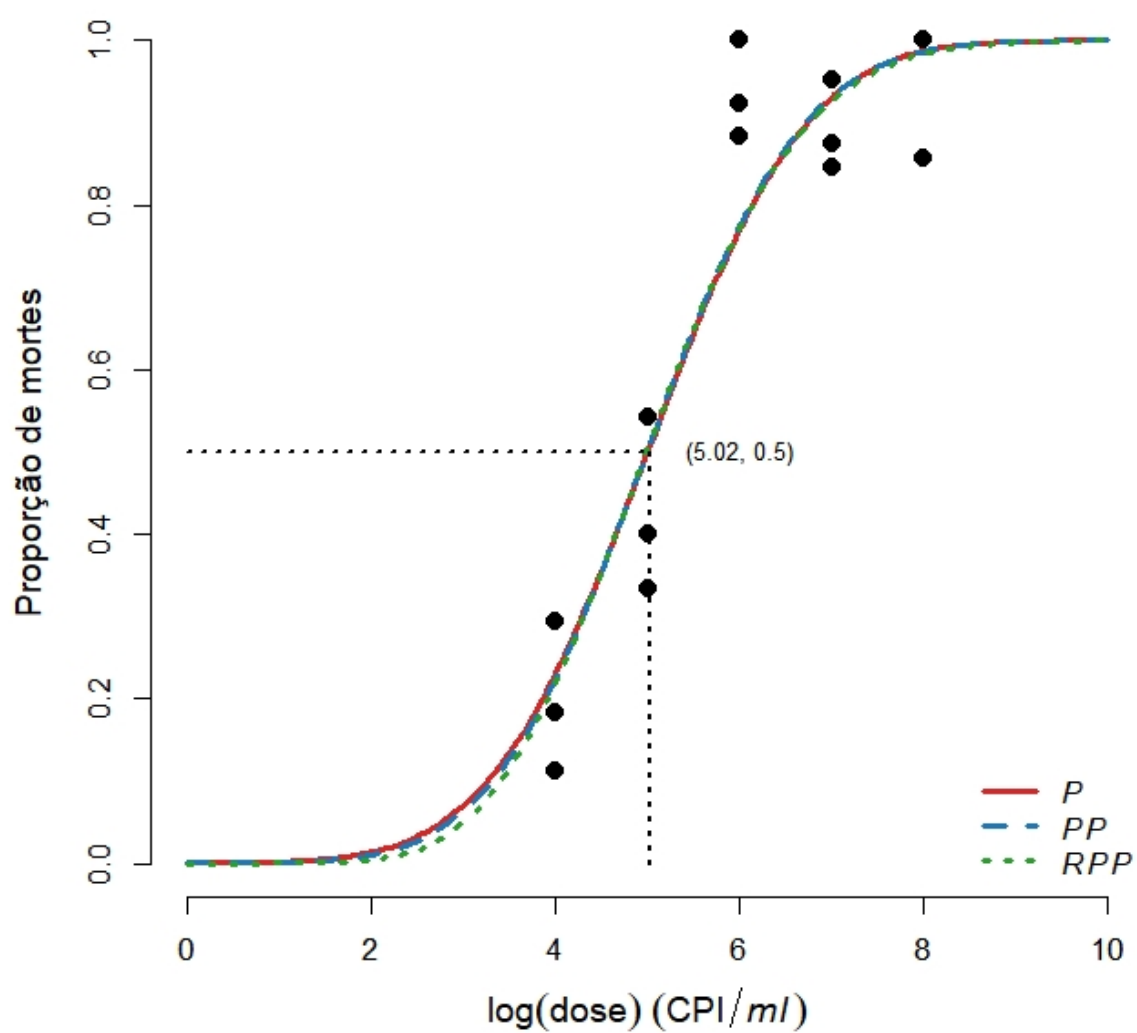


Figura 22 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Probit*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.

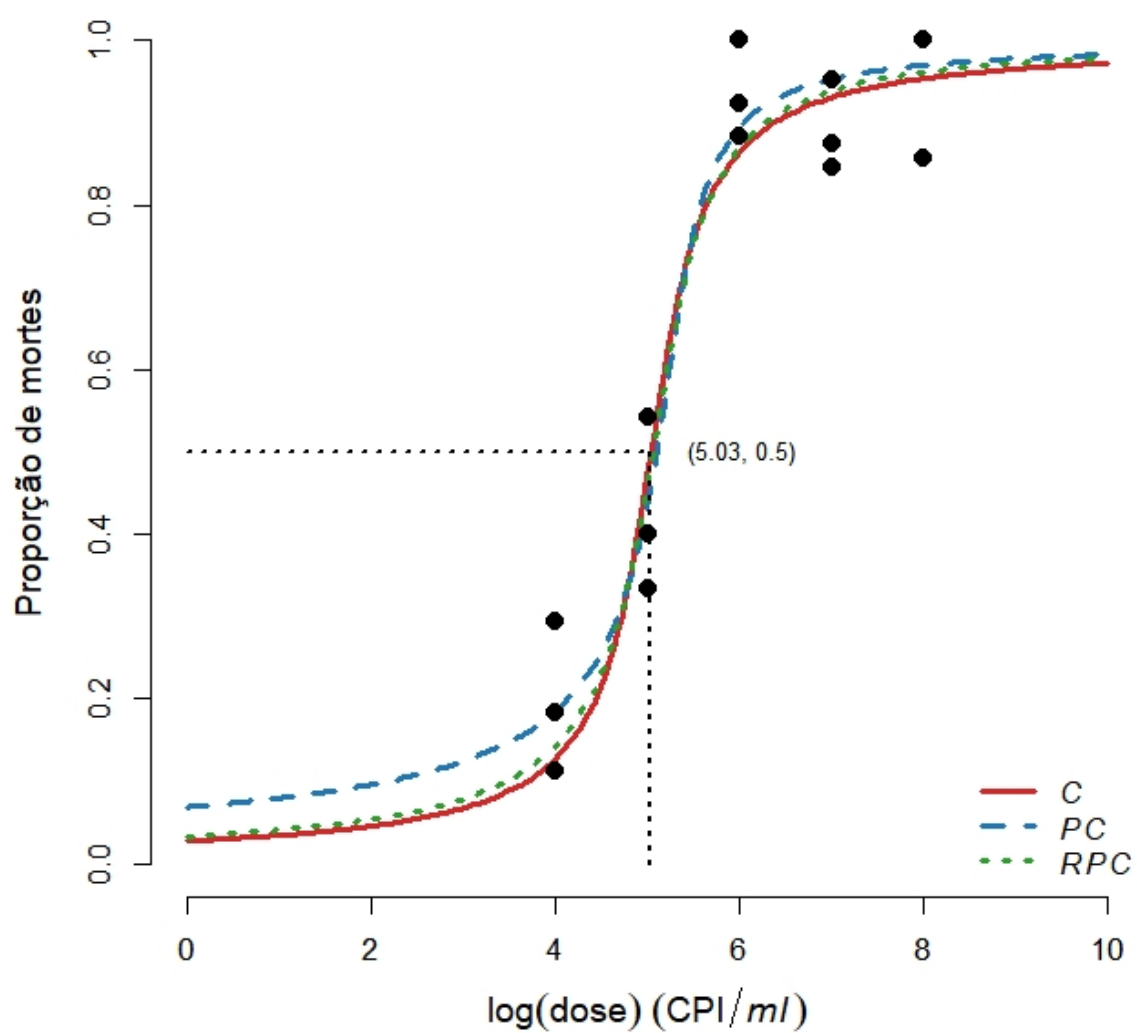


Figura 23 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Cauchit*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.

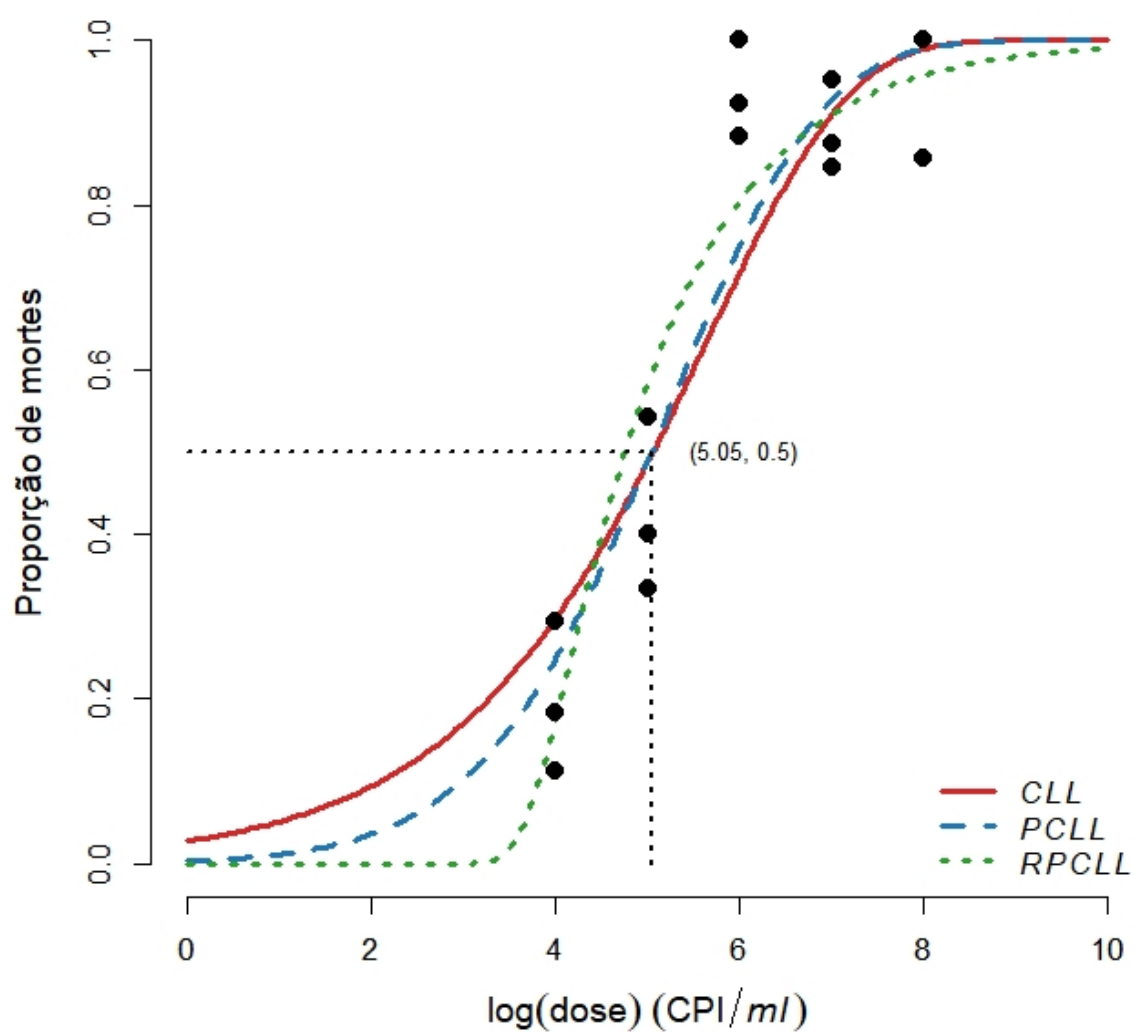


Figura 24 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Cloglog*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.

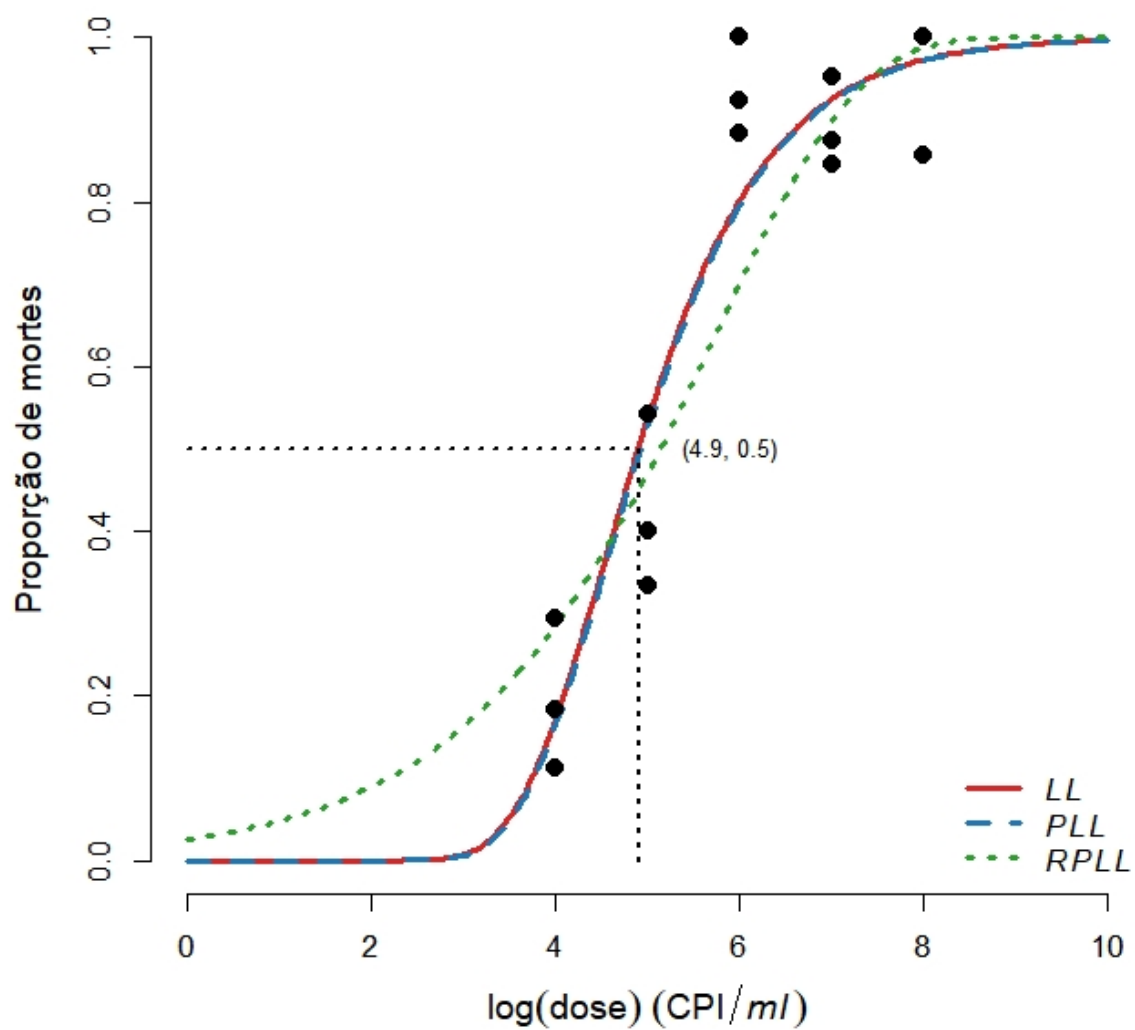


Figura 25 – Gráfico das curvas bayesianas ajustadas (família *Loglog*) da probabilidade de morte de *Diaphorina citri* em função do logaritmo natural da concentração de *Cordyceps fumosorosea*.

ANÁLISE DE RESÍDUOS DOS MODELOS AJUSTADOS

Resíduos de cada modelo ajustado para as aplicações realizadas no Capítulo 4.

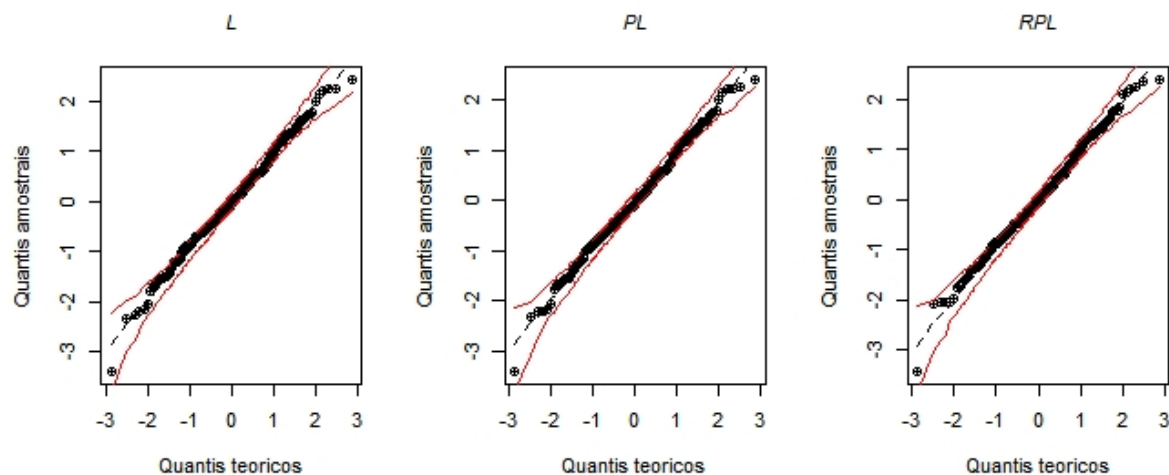


Figura 26 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial da família *Logit* ajustados à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumoso rosea*.

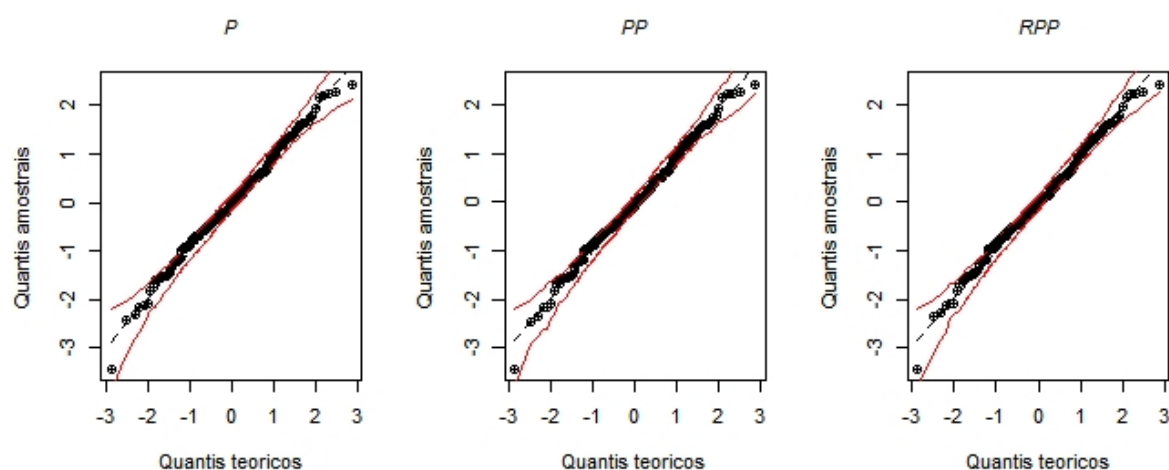


Figura 27 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Probit* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumosorosea*.

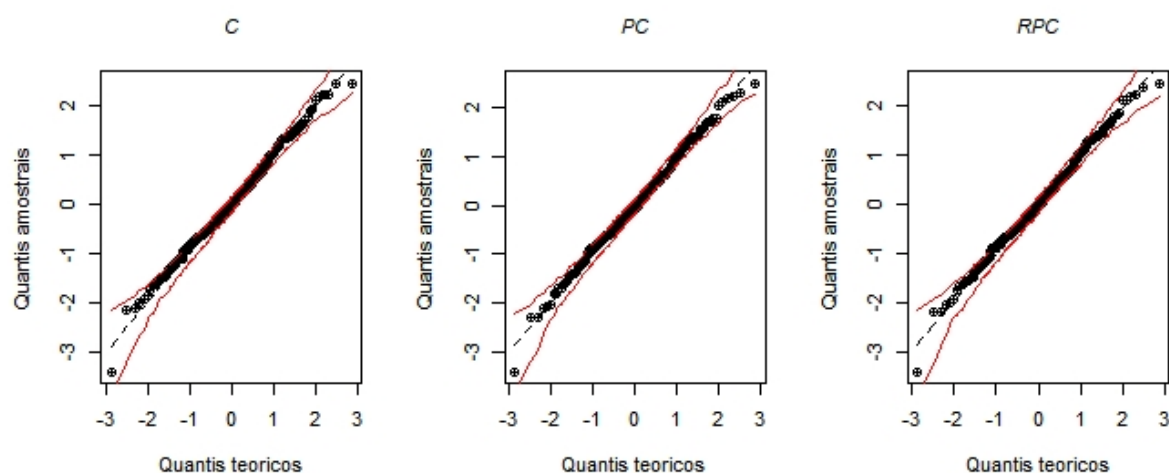


Figura 28 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Cauchit* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumosorosea*.

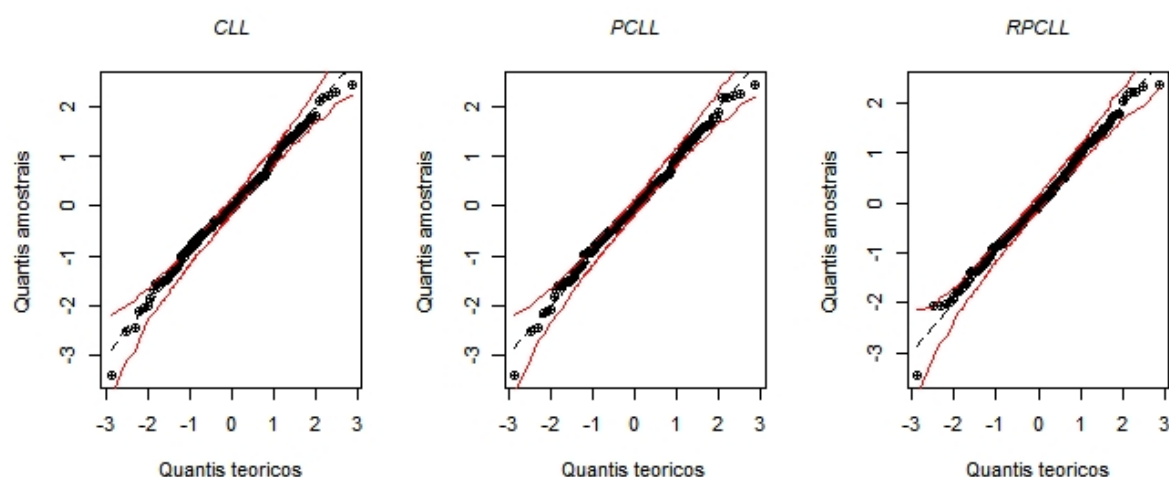


Figura 29 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Cloglog* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumosorosea*.

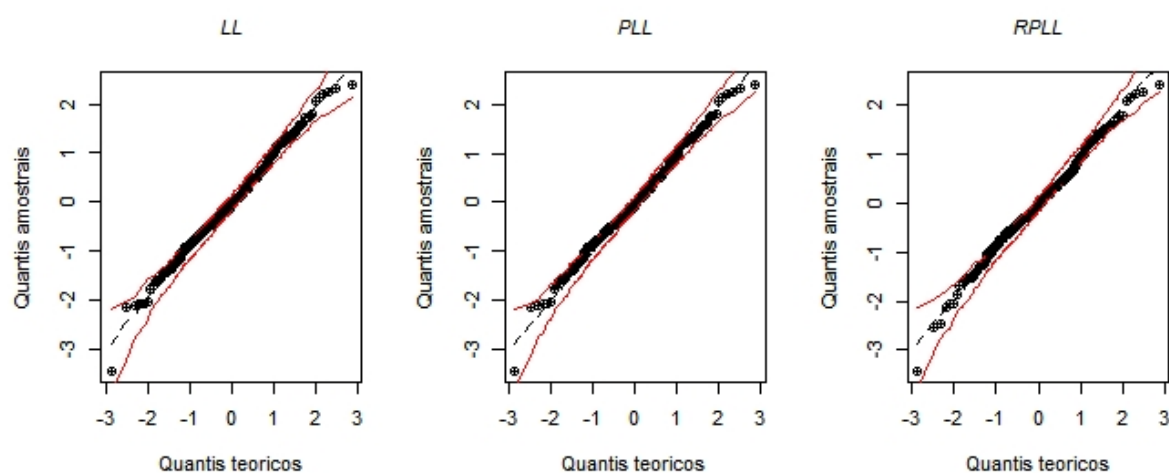


Figura 30 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Loglog* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Cordyceps Fumosorosea*.

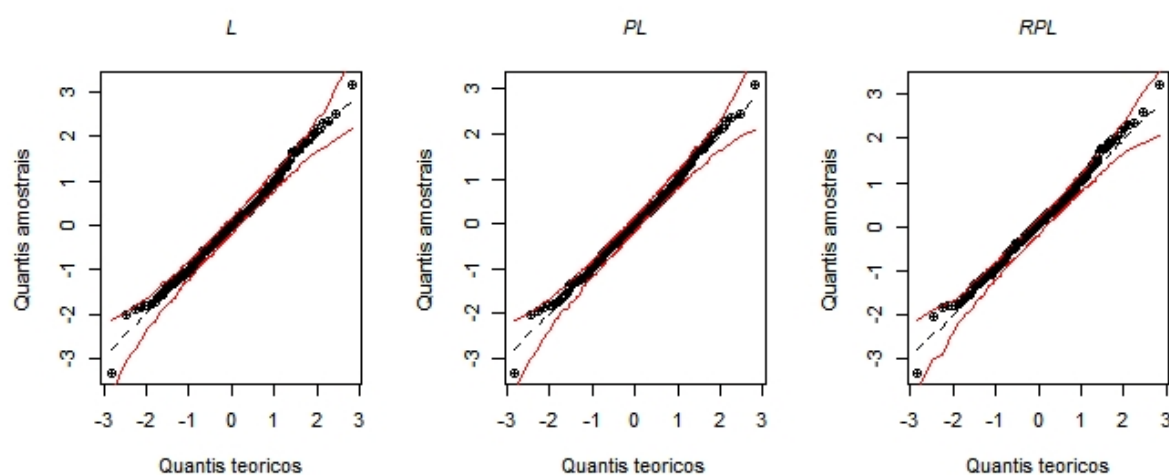


Figura 31 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Logit* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Bauveria Bassiana*.

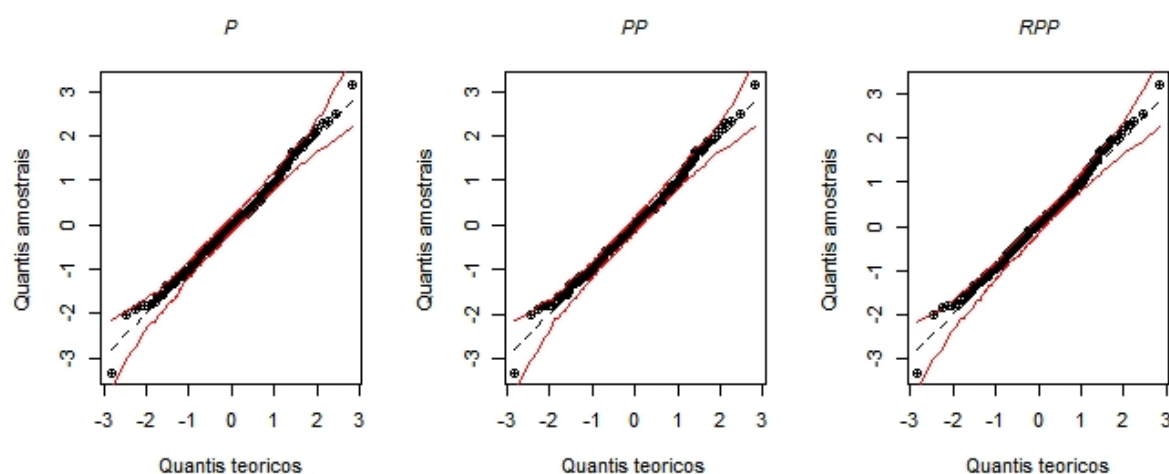


Figura 32 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Probit* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Bauveria Bassiana*.

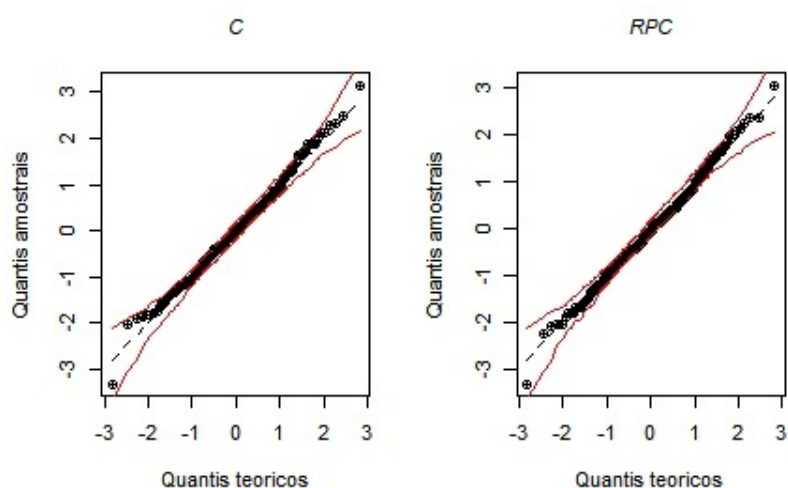


Figura 33 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Cauchit* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Bauveria Bassiana*.

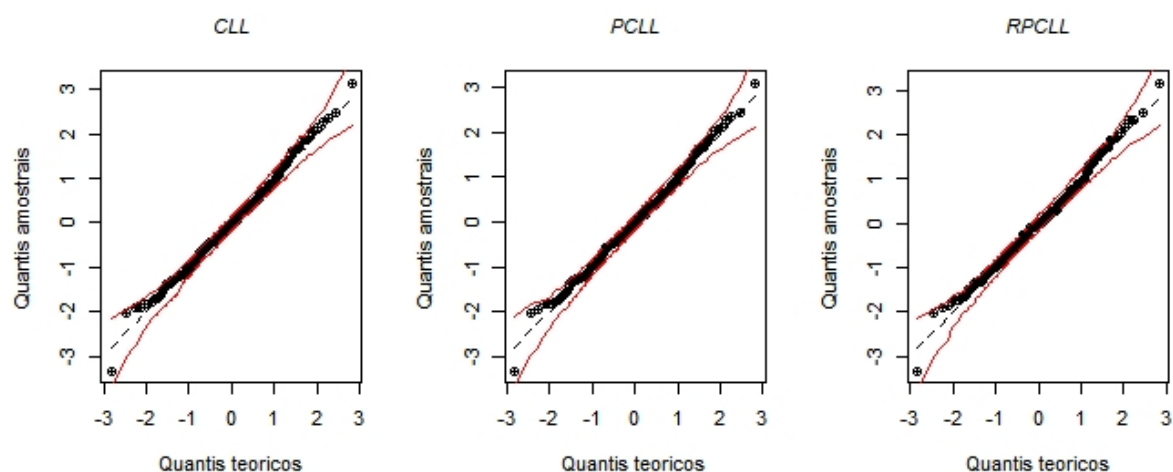


Figura 34 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Cloglog* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Bauveria Bassiana*.

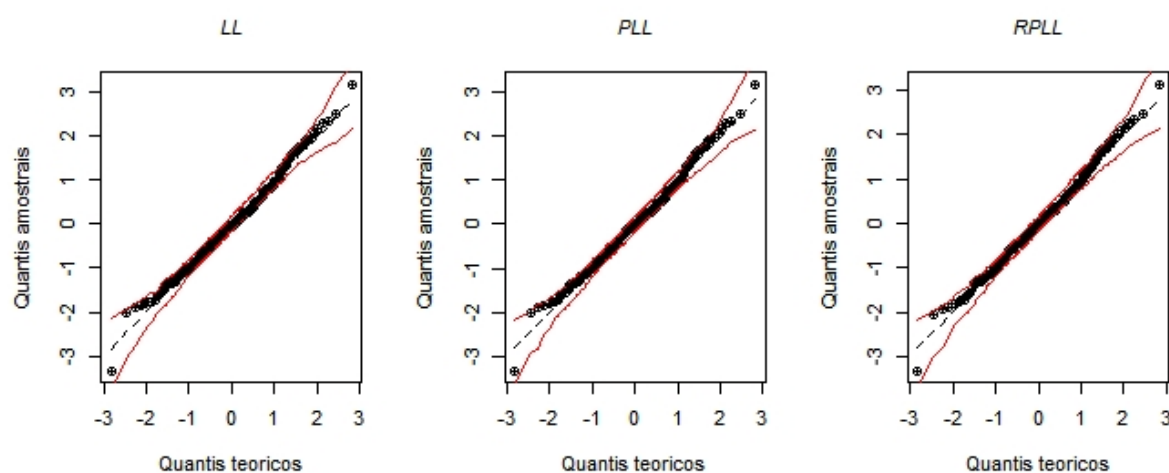


Figura 35 – Envelopes simulados (resíduos quantílicos normalizados) para modelos de regressão binomial ajustados da família *Loglog* à mortalidade de *Diaphorina citri* induzida por *Bauveria Bassiana*.