

برآورد میانگین توزیع انتشار در فرآیند گالتون – واتسون

عبد الرحیم بادامچی زاده* – مهدی دوست پرست
دانشگاه علامه طباطبایی – دانشگاه فردوسی مشهد

چکیده

فرض کنیم در جامعه، نوعی بیماری مسری خاص در حال شیوع است و این بیماری به گونه ای است که هر فرد بعد از ابتلا به آن تا مدت زمان خاصی می توان سایر افراد را مبتلا کند. یکی از روش های ریشه کن کردن بیماری، واکسینه کردن همه افراد جامعه در مقابل آن است. در بعضی موارد بدلیل محدودیت زمانی، مالی، مکانی و غیره نمی توان همه افراد جامعه را واکسینه کرد. در این مقاله با استفاده از مدل فرایند شاخه گالتون – واتسون تعیین می کنیم که چه نسبتی از جامعه باید واکسینه شود تا بیماری ریشه کن شود.

واژه های کلیدی: فرآیند شاخه ای، روش ناپارامتری، روش حداقل مربعات شرطی، برآوردگر درستنمایی ماکسیمم.

۱-مقدمه

فرض کنیم در جامعه، نوعی بیماری مسری خاص در حال شیوع است. و این بیماری به گونه ای است که هر فرد بعد از ابتلا به آن تا مدت زمان خاصی می تواند سایر افراد را مبتلا کند. یکی از روش- های ریشه کن کردن بیماری، واکسینه کردن همه افراد جامعه در مقابل آن است.

در بعضی موارد بدلیل محدودیت زمانی، مالی، مکانی و غیره نمی توان همه افراد جامعه را واکسینه کرد. برای رفع این مشکل می توان با استفاده مدل فرایند شاخه ای گالتون – واتسون برای تعداد افراد بیمار و قضیه مربوط به احتمال انقراض (ریشه کن شدن) بیماری را تعیین کرد و این احتمال را به یک رساند.

به بیانی فرایندهای شاخه ای عبارتند از رده ای از فرایندهای مارکوف با مجموعه شمارا. مدلی فیزیکی شامل موجوداتی با نوع یکسان و یا نوع متفاوت را در نظر بگیرید. با گذشت زمان هر موجود

می تواند به طور مستقل از بقیه موجودات، موجود دیگری تولید کرده و یا از بین برود. باران اشعه های کیهانی، رشد سلول های بنیانی، رشد جمعیت های زیستی و انتشار پدیده های مسری (بیماری ها، شایعات ، خرابی ها) مثالهای مشخصی هستند که بررسی آنها به کمک فرایندهای شاخه ای صورت می گیرد. تعریف دقیق برای این نوع فرایندها به کمک فرایندهای مارکوف صورت می گیرد. در این مقاله ابتدا در بخش ۲ مدل فرآیند شاخه ای گالتون - واتسون را به اجمال معرفی می - کنیم. در بخش ۳، انواع برآوردگرهای میانگین را مورد بحث قرار می دهیم.

۲-مدل گالتون - واتسون

در فرآیند شاخه ای گالتون - واتسون - با مجموعه ای از اشیاء (افراد) به عنوان صفر امین مولد این اشیاء بنام اجداد شروع می کنیم. مولدهای (فرزندان) صفر امین مولود به عنوان زادگان (مولد های) مستقیم اجداد تعریف شده و آنها را اولین مولود می نامند. اشیاء (افراد) تولید شده توسط اولین مولدها را دومین مولودها می نامیم و الی آخر. به بیان دقیق داریم:

تعریف ۱-۲. فرض کنید X_0 اندازه جمعیت اولیه باشد. هر موجود، مستقل از سایر موجودات k موجود جدید با احتمال p_k تولید می کند به طوری که

$$\sum_{k=1}^{\infty} p_k = 1 \quad (1)$$

تعداد نسل اول را با X_1 نمایش می دهیم و فرض می کنیم هر شی نسل اول با همان قانون احتمال (۱) اشیایی از نسل دوم را تولید می کند. به طور کلی نسل n ام از اشیاء نسل $(n-1)$ ام تولید می شود و هر عضو آن به طور مستقل k موجود جدید با احتمال $p_k, k=0,1,2,3,\dots$ تولید می کند. اندازه جمعیت نسل n ام را با X_n نمایش می دهیم.

X_n ها دنباله ای از متغیرهای تصادفی با مقادیر صحیح و نامنفی بوده و تشکیل یک زنجیر مارکف می دهند. به بیان ریاضی، فرض کنیم $\{\xi_i\}$ دنباله ای از متغیرهای تصادفی مستقل و با توزیع یکسان به صورت $P(\xi = k) = p_k \geq 0, k = 0,1,2,\dots$ و شرط (۱) هستند . در این صورت :

$$X_{n+1} = \sum_{i=1}^{X_n} \xi_i \quad n = 0,1,2,\dots,$$

و $\{X_n\}$ را یک زنجیر مارکوف گسسته با مقادیر صحیح و نامنفی گوئیم. تابع مولد $\xi_i -$ ها را به

$$\text{صورت } \phi(z) = \sum_{k=1}^{\infty} p_k z^k \text{ تعریف می کنیم.}$$

قضیه ۱-۲. اگر $E(X_1) = m$ آنگاه

$$E(X_n) = m^n \quad (۲)$$

$$Var(X_n) = \begin{cases} \sigma^2 m^{n-1} \frac{m^n - 1}{m - 1} & m \neq 1 \\ n\sigma^2 & m = 1 \end{cases} \quad (۳)$$

اثبات: (ر-ک مرجع (۱)).

تعریف ۲-۲ برای دنباله مذکور در تعریف ۱-۱ فرض کنیم: $P(X_n = 0) = q_n$ و $p_0 > 0$ در

این صورت احتمال انقراض عبارتست از: $\lim_{n \rightarrow \infty} q_n = \pi$

لم ها و قضایای کلیدی زیر را از مرجع [۱] می آوریم. برای اثبات می توان به همان مرجع مراجعه کرد.

لم ۱-۲ q_n غیر نزولی بوده و $\lim_{n \rightarrow \infty} q_n = \pi$ موجود بوده و $0 < \pi \leq 1$ علاوه بر این π

کوچکترین ریشه معادله $\phi(z) = z$ به ازای $0 < z \leq 1$ است.

لم ۲-۲

- معادله $\phi(z) = z$ فقط یک ریشه در بازه $(0, 1)$ دارد اگر و فقط اگر $m > 1$

- معادله $\phi(z) = z$ فقط یک ریشه را در بازه $(0, 1)$ دارد اگر و فقط اگر $m \leq 1$

قضیه ۲-۲ اگر $m > 1$ ، آنگاه

با احتمال π جمعیت منقرض می شود.

با احتمال $1 - \pi$ جمعیت منفجر می شود.

و اگر $m \leq 1$ آنگاه با احتمال یک جمعیت منقرض می شود.

مثال ۱-۲ یکی از مدل های معروف مدل لوتکا می باشد. در این مدل به ازای $k = 0, 1, 2, \dots$ و

$b, c > 0$ و $b + c < 1$ فرض می شود که $p_k = bc^{k-1}$ و $p_0 = 1 - \sum_{k=0}^{\infty} p_k$ در این صورت تابع

مولد احتمال $\phi(z)$ عبارتست از:

$$\phi(z) = p_0 + bz \frac{1}{1 - cz} \quad (۴)$$

چون $p_0 = 1 - \frac{1}{1 - c}$ پس $\phi(z) = 1 - \frac{b}{1 - c} + \frac{bz}{1 - cz}$ و ریشه های معادله $\phi(z) = z$ عبارتند از:

$$z = 1, z = \frac{1 - (b + c)}{c(1 - c)} = z_0$$

چون $m = \phi'(1) = \frac{b}{(1-c)^2}$ بنابراین اگر $m=1$ آنگاه $b = (1-c)^2$ یعنی فرآیند با احتمال ۱ منقرض می شود. همچنین اگر $m > 1$ آنگاه $z_0 < 1$ و فرآیند با احتمال $\pi = z_0 < 1$ منقرض می شود.

۳- برآورد میانگین

فرض کنید m متوسط تعداد افرادی باشد که توسط هر فرد بیمار، مبتلا به بیماری می شوند. اگر $m \leq 1$ باشد آنگاه با احتمال یک بیماری به خودی خود از بین خواهد رفت و نیاز به واکسینه کردن افراد نیست. ولی اگر $m > 1$ باشد آنگاه احتمال انقراض π خواهد بود که π کوچکترین ریشه معادله $\phi(z) = z$ بوده و $\phi(\cdot)$ تابع مولد احتمال توزیع تعداد مولودان است.

اگر مقدار π به یک نزدیک باشد می توان کمی آسوده خاطر بود که بیماری منقرض خواهد شد ولی اگر بیماری بسیار خطرناک باشد نمی توان به مقدار نزدیک π به یک اکتفا کرد لذا باید تلاش کرد که وضعیت جامعه را به گونه ای تغییر داد که $\pi \rightarrow 1$ و بطور معادل میانگین جدید (m^*) از یک کمتر شود.

فرض کنیم که نسبت θ از جامعه را برای واکسینه کردن انتخاب کرده ایم. اگر واکسن موثر باشد آنگاه تابع مولد احتمال تعداد مولودان $\phi^*(z)$ عبارت خواهد بود از

$$\phi^*(z) = \theta + (1-\theta)\phi(z) \quad (5)$$

لذا میانگین جدید تعداد مولودان عبارت خواهد بود از $m^* = (1-\theta)m$. بنابراین $m^* < 1$ اگر و فقط اگر $\theta > 1 - \frac{1}{m}$ باشد. بعنوان یک مثال عددی، فرض کنید که توزیع انتشار پواسن با تابع جرم

$$P(\zeta = x) = \frac{e^{-x} m^x}{x!}$$

m است، در جدول زیر ارائه شده است:

m	۱	۱/۰۵	۱/۱	۱/۴	۱/۸
$(1-\pi)$	۰	۰/۰۹	۰/۱۸	۰/۵۱	۰/۷۳
$1 - \frac{1}{m}$	۰	۰/۰۵	۰/۰۹	۰/۲۹	۰/۴۴

خط سوم جدول فوق حداقل نسبتی از جامعه است که باید واکسینه شوند تا متوسط جدید کمتر از یک شود.

با توجه به مطالب فوق نتیجه می شود که برآورد تا حد ممکن بهینه متوسط توزیع انتشار (m) بسیار مهم است. در مسائل کاربردی فقط مقادیر X_n یعنی جمعیت در لحظه n (و در مثال فوق تعداد بیماران جامعه) معلوم است و جزئیات زاد و ولد هر عضو بندرت در دسترس می باشد. لذا باید برآوردگرها را براساس X_n ها ارائه کرد. البته خواهیم دید که در بدست آوردن برآوردگرهای درستنمایی ماکسیمم در بعضی از خانواده توزیع ها برآورد براساس X_n ها و براساس ξ_{ij}^* (تعداد مولودان عضو j -م در دوره i -م) یکسان خواهد بود.

۳-۱ روش ناپارامتری

فرض کنیم X_n جمعیت در لحظه n باشد. از (۲) داریم $E X_n = m^n$ لذا یک برآورد m عبارت خواهد بود از:

$$m_n^* = \sqrt[n]{X_n} \quad (۶)$$

اما با توجه به نامساوی ینسن نتیجه می گیریم که m_n^* در (۶)، m را به طور متوسط کم برآورد می کند. زیرا

$$E(m_n^*) = E(\sqrt[n]{X_n}) \leq \sqrt[n]{E X_n} = m$$

بنابراین m_n^* اریبی منفی دارد $E(m_n^* - m) \leq 0$ مقدار اریبی را می توان برای بعضی از خانواده توزیع ها به طور دقیق محاسبه کرد. به مثال زیر توجه کنید:

مثال ۳-۱-۱.

مدل لوتکا در مثال ۲-۱ را در نظر بگیرید. با توجه به رابطه (۴ . ۱۰) از مرجع [۲] و همچنین چون $z_0 = 1/m$ داریم:

$$\phi_n(z) = 1 - m^n \left(\frac{1 - \frac{1}{m}}{m_n - \frac{1}{m}} \right) + \frac{m^n \left(\frac{1 - \frac{1}{m}}{m_n - \frac{1}{m}} \right)^2 z}{1 - \frac{m^n - 1}{m^n - \frac{1}{m}} z} \quad (۷)$$

با توجه به این که $\phi_n(z) = \sum_{k=0}^{\infty} p_k^{(n)} z^k$ لذا ضریب z^k عبارت خواهد بود از $p_k^{(n)} = P(X_n = k)$

بنابراین

$$p_0^{(n)} = \alpha_n,$$

$$p_k^{(n)} = \beta_n \gamma_n^{k-1}$$

$$E(X_n)^{1/n} = \beta_n \sum_{k=1}^{\infty} k^{1/n} \gamma_n^{k-1}$$

$$\approx \beta_n \gamma_n^{-1} \left(\log \frac{1}{\gamma_n} \right)^{-1-1/n} \Gamma(1+1/n) \quad (۸)$$

برای n های به اندازه کافی بزرگ داریم:

$$\gamma_n \approx 1 - (1-1/m)m^{-n}$$

$$\beta_n \approx m^{-n} (1-1/m^2)$$

$$\Gamma(1+1/n) \approx 1$$

لذا با توجه به (۸) داریم:

$$E(m^*) = \beta_n \gamma_n^{-1} \left(\log \frac{1}{\gamma_n} \right)^{-1-1/n} \Gamma(1+1/n)$$

$$\times \left(\log \frac{1}{1-(1-1/m)m^{-n}} \right)^{-1-1/n} \Gamma(1+1/n)$$

$$\approx m-1$$

لذا در این حالت m^* اریبی به اندازه ۱- دارد. به عنوان مثال اگر $p = 0.45$ باشد (و در نتیجه $m=1/222$ و $n=20$ میانگین دقیق 0.235 خواهد بود.

می توان به روش های مختلف اریبی m_n^* را حذف کرد. یکی از این روش ها به شرح زیر است. با شرطی کردن روی $X_n > 0$ همه احتمالات باید بر $1-1/m \approx 1-\alpha_n$ تقسیم شود. از (۸) میانگین شرطی عبارت خواهد بود از:

$$E(m^*) = E(X_n^{1/n} | X_n > 0)$$

$$= \frac{1}{1-P(X_n=0)} \sum_{k=1}^{\infty} k^{1/n} P(X_n=k)$$

$$= \frac{1}{1-P_0^{(n)}} \sum_{k=1}^{\infty} k^{1/n} P_k^{(n)}$$

$$\approx m$$

البته شرط $X_n > 0$ منطقی به نظر می رسد. زیرا در هنگام مطالعه فرآیند به خصوص برای اقدامات پیشگیرانه مانند بیماری مذکور در بخش $X_n, 1$ (تعداد افراد جامعه یا بیمار) صفر نخواهد بود.

اشکالی که برآوردگر m_n^* دارد این است که فقط از اطلاعات حال (یعنی X_n) در برآورد استفاده می کند. و به گونه ای باید اطلاعات گذشته (یعنی X_1, X_2, \dots, X_{n-1}) را در برآورد دخالت داد. به

این منظور می توان روش گشتاوری را روی تابع توزیع شرطی (با شرط روی اندازه جمعیت در دوره های قبلی) بکار برد یعنی از حل معادله

$$E(X_n | X_{n-1} = x_{n-1}, \dots, X_2 = x_2, X_1 = x_1) = x_n$$

مقدار m را بدست آورد. از طرفی با استفاده از خاصیت مارکوفی فرایندهای شاخه ای داریم:

$$E(X_n | X_{n-1} = x_{n-1}, \dots, X_2 = x_2, X_1 = x_1) = E(X_n | X_{n-1} = x_{n-1}) = x_{n-1}m$$

بنابراین برآوردگر جدید به صورت زیر خواهد بود .

$$\bar{m}_n = \begin{cases} X_n / X_{n-1} & X_{n-1} > 0 \\ 0 & X_{n-1} = 0 \end{cases}$$

اما همانند m_n^* برآوردگر \bar{m}_n دارای اربیی است . اثبات می شود که :

$$E(\bar{m}_n) = mP(X_{n-1} > 0) + P(X_{n-1} = 0)$$

مقدار این اربیی را برای مدل لوتکا معرفی شده در مثال ۱-۲ بدست می آوریم.

مثال ۱-۲ (مکرر): برای n های بزرگ $P(X_n = 0) = \alpha_n \approx 1/m$ لذا برای $m > 1$ داریم:

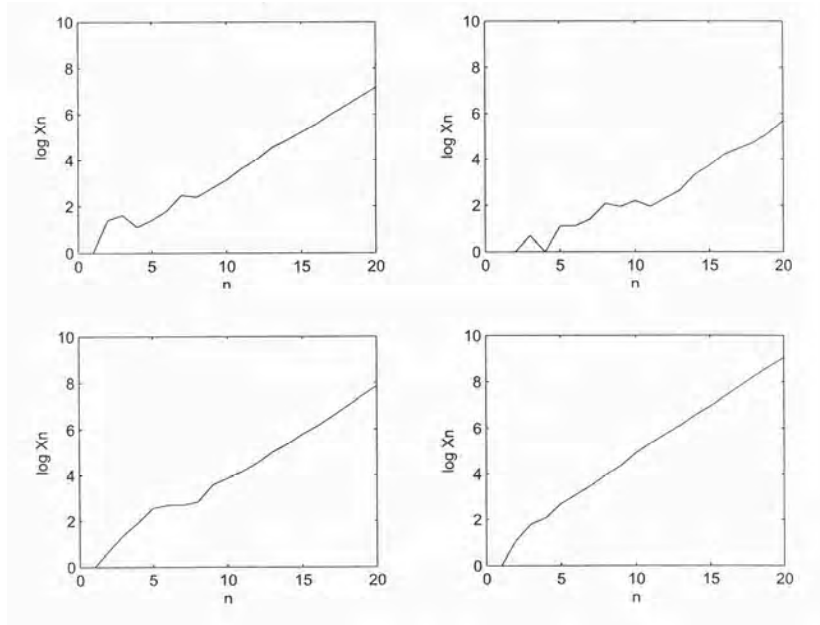
$$E(\bar{m}_n - m) = mP(X_{n-1} > 0) + P(X_{n-1} = 0) - m = (1-m)\alpha_n$$

$$\approx -1 + \frac{1}{m}$$

اربیی در این حالت برابر $-1 + 1/m$ است که از اربیی m_n^* کمتر است . به ازای $n=20, p=0.45$ میانگین دقیق $1/0.41$ است.

۲-۳ روش گرافیکی

در این بخش روش نموداری برای برآورد m معرفی می شود. از قضیه (۵,۳) در مرجع [۱] و قضیه همگرایی مارتینگل ها داریم: $X_n / m^n \rightarrow W$ as $n \rightarrow \infty$ که W یک متغیر تصادفی است . لذا $X_n = Wm^n + o_p(m^n)$. بنابراین نموداری $\log X_n$ در مقابل n و بعد از چند مرحله ، به یک خط راست میل کند. رخ داده های متفاوت دیگر از فرایند خط هایی با عرض از مبدا متفاوتی را می دهد ولی شیب خط همان $\log m$ خواهد بود. شکل های زیر چهار شبیه سازی های انجام شده از یک فرآیند شاخه ای با توزیع پواسن با میانگین $1/5$ بوسیله نرم افزار آماری می نی تب (Minitab) نسخه ۱۱ را نشان می دهد .



برای n بزرگ $\text{Log } X_n/n$ برآورد شیب خط است. اگر این برآورد را به توان نمایی برسانیم همان m_n^* در (۶) خواهد شد.

۳-۳ روش حداقل مربعات شرطی

روش حداقل مربعات شرطی جهت داده های وابسته به کار برده می شود. فرض کنیم مدلی به شکل زیر داریم:

$$X_k = f_k(\theta) + e_k$$

که f_k توابع $-F_{k-1}$ اندازه پذیرند و F_k (تاریخچه) X_k و جملات اغتشاش e_k هستند به طوری که

$$E(e_k | F_{k-1}) = 0, \text{Var}(e_k | F_{k-1}) < \infty$$

اگر θ معلوم باشد، بهترین پیش بینی کننده $-F_k$ اندازه پذیر به نظر می رسد $f_k(\theta)$ است.

اما در کاربرد پارامتر θ مجهول است. این پارامتر را می توان با استفاده از مشاهدات X_m, \dots, X_2, X_1 تخمین زد. می توان θ را با می نیم خطای پیش بینی وزنی یعنی

$$S_n(\theta) = \sum_{k=1}^n v_k^{-1} [X_k - f_k(\theta)]^2$$

به دست آورد که در آن $v_k = \text{Var}(e_k | F_{k-1})$ است (ر- ک مرجع [۳]) جهت به کارگیری تئوری فوق در فرآیند شاخه ای توجه کنید که :

$$X_n = mX_{n-1} + e_n$$

که e_n خطای پیش بینی $X_n - mX_{n-1}$ است. لازم به ذکر است که

$$\begin{aligned} E(e_n | F_{n-1}) &= E(X_n - mX_{n-1} | X_1, \dots, X_{n-1}) \\ &= E(X_n | X_1, \dots, X_{n-1}) - mX_{n-1} \\ &= mX_{n-1} - mX_{n-1} \\ &= 0 \end{aligned}$$

9

$$\begin{aligned} \text{Var}(e_n | F_{n-1}) &= \text{Var}(X_n - mX_{n-1} | X_1, \dots, X_{n-1}) \\ &= E(X_n - mX_{n-1} - 1 | X_1, \dots, X_{n-1})^2 \\ &= \sigma^2 X_{n-1} \end{aligned}$$

لذا جهت برآورد m باید.

$$S_n(m) = \frac{1}{\sigma^2} \sum_{k=1}^n X_{k-1}^{-1} (X_k - mX_{k-1})^2$$

را کمینه کرد. با مشتقگیری از $S_n(m)$ و مساوی صفر قرار دادن آن داریم:

$$\begin{aligned} 0 &= \frac{\partial S_n(m)}{\partial m} \\ &= -\frac{2}{\sigma^2} \sum_{k=1}^n (X_k - mX_{k-1}) \end{aligned}$$

بنابراین m از حل معادله زیر بدست می آید:

$$\sum_{k=1}^n (X_k - mX_{k-1}) = 0$$

مقدار $-m$ که از حل معادله فوق بدست می آید $S_n(m)$ را می نیمم می کند زیرا

$$\frac{\partial^2 S_n(m)}{\partial m^2} = \frac{2}{\sigma^2} \sum_{k=1}^n (X_{k-1}) > 0$$

بنابراین برآورد m عبارت خواهد بود از $\hat{m}_n = \frac{Y_n - 1}{Y_{n-1}}$ که در آن $Y_n = \sum_{k=0}^n X_k$ می باشد.

در دو برآوردگر \bar{m}_n, m_n^* اطلاعات خیلی دور در مقدار برآورد تاثیر نمی گذارد یعنی فقط از X_{n-1} استفاده می شود ولی m_n^* از همه اطلاعات در برآورد استفاده می کنند.

همچنین m_n^* هنگامی که جامعه منقرض می شود نیز منطقی است. اگر $X_{n-1} = 0$ آنگاه $X_j = 0, \forall j \geq n-1$. لذا برای $j \geq n-1$ داریم:

$$Y_j = \sum_{k=1}^j X_k = Y_{n-1} \quad (9)$$

لذا روی پیشامد $\{X_{n-1} = 0\}$ داریم:

$$\hat{m}_n \rightarrow 1 - 1/Y_{\infty}$$

که در آن $Y_{\infty} = \lim_{k \rightarrow \infty} Y_k = Y_{n-1}$ یعنی \hat{m}_n به مقداری کمتر از یک میل خواهد کرد و این نشان میدهد که جامعه در حال انقراض است. در این حالت این برآوردگر قبل از اینکه جامعه منقرض شود یک حالت زیر بحرانی برای جامعه پیشنهاد می کند.

۳-۴ روش درست‌نمایی ماکسیمم

به منظور به دست آوردن برآورد درست‌نمایی ماکسیمم m باید توزیع زیر بنایی (توزیع تعداد مولودها) را تعیین کنیم. ابتدا کلاس همه توزیع های ممکن را در نظر می گیریم. این یک حالت ناپارامتری است. همچنین فرض کنیم که ما می توانیم متغیرهای تصادفی

$$\zeta_{ij}, i=1,2,\dots,X_{j-1}, j=1,2,\dots,n$$

را مشاهده کنیم که در آن ζ_{ij} متغیر تصادفی تعداد فرزندان تولید شده توسط عضو j -ام در نسل i -ام است. برآورد براساس ζ_{ij} و یا براساس X_n ها در بعضی از خانواده توزیع ها یکسان می باشد. فرض کنیم:

$$N_k(n) = \#\{\zeta_{ij} = k, i \leq X_{j-1}, j \leq n\}$$

در این جا پارامتر مجهول $p = (p_0, p_1, \dots)$ است که به ازای $k \geq 1$ داریم $p_k = P(\zeta = k)$

$$p_k \geq 0, \sum_{k=0}^{\infty} p_k = 1$$

$L(p) = \prod_{k=0}^{\infty} p_k^{N_k(n)}$ البته با قیدهای

با به کار بردن ضریب لاگرانژ جواب های زیر را خواهیم داشت:

$$\hat{\lambda} = \sum N_k(n) = Y_{n-1}$$

$$\hat{p}_k = \frac{N_k(n)}{Y_{n-1}}$$

\hat{p}_k نامنفی است لذا قید دوم به خودی خود برقرار است. همان طور که ملاحظه می شود، برآورد p_k متناسب با تعداد افرادی است که k مولود داشته اند. با استفاده از خاصیت پایایی برآوردگرهای درست‌نمایی ماکسیمم؛ برآورد درست‌نمایی ماکسیمم m عبارت است از:

$$\hat{m} = \sum k \hat{p}_k = \frac{Y_n - 1}{Y_{n-1}} \quad (10)$$

بنابراین \hat{m} برآورد ناپارامتری درست‌نمایی ماکسیمم بر مبنای ξ_{ij} می‌باشد. از آنجایی که \hat{m} فقط تابعی از جمعیت نسل‌ها (X_0, X_1, \dots, X_n) است شاید این سوال به ذهن خطور کند که آیا برآورد درست‌نمایی بر اساس ξ_{ij} با برآورد درست‌نمایی بر اساس (X_0, X_1, \dots, X_n) یکسان خواهد بود؟ پاسخ این سوال در حالت کلی خیر است ولی می‌توان دید که در خیلی از حالت‌ها هر دو روش برآورد یکسان است و برآوردگر (۱۰) را می‌دهد. بعضی از حالت‌هایی که هر دو روش برآورد، یکسان است عبارتند از:

- توزیع دلخواه (ناپارامتری) روی اعداد صحیح
 - توزیع سری توانی (توزیع نمایی یک پارامتری گسسته)
 - توزیع دو جمله‌ای منفی
 - توزیع هندسی بریده شده در صفر
- یکی از حالت‌های که برآوردهای متفاوتی بدست می‌آید مدل توزیع زتا (پارتو گسسته) است. علاوه بر برآورد میانگین توزیع انتشار، برآورد برخی از مشخصه‌های توزیع انتشار مانند واریانس و یا زمان آغاز فرآیند مورد توجه است [۴].

منابع

- [1]. Basu, A. K., (2003). Introduction to stochastic processes. Alpha Science.
 [2]. Karlin, S. and Taylor, H. M., (1975). A first course in stochastic processes. Academic press, New York, Second edition.
 [3]. Klimko, L. A., and Nelso, P. I., (1978). On conditional least squares estimation for stochastic processes. Ann. Statist. 6: 629-642.
 [4]. Stigler, S. M., (1970). Estimating the age of a Galton-Watson process. Biometrika 57: 505-512.