

MAE5911/IME: Fundamentos de Estatística e Machine Learning. Prof.: Alexandre Galvão Patriota

Questão 01: Defina formalmente o valor-p (**aproximado**) para testar uma hipótese geral e discuta os problemas de interpretação usuais ao utilizar a sua versão condicional à hipótese nula. Apresente um exemplo numérico e simulações de Monte Carlo, usando um modelo de regressão Poisson, para ilustrar a sua aplicação.

Questão 02: Apresente um Teorema da Aproximação Universal que generalize o Teorema de Funahashi, discuta as diferenças entre os resultados por meio de exemplos de redes neurais.

Questão 03: Proponha uma função de estimação robusta para estimar os parâmetros de uma regressão Binomial, $Y|X = x \sim \text{Bin}(m, \mu_\theta(x))$, em que $\mu_\theta(\cdot)$ é uma função com imagem em $[0, 1]$ e θ é o vetor de parâmetros. Apresente um exemplo numérico e uma simulação de Monte Carlo, como feito em sala, para ilustrar os resultados. Perturbe a distribuição dos dados e mostre que a sua proposta é de fato robusta contra essa perturbação.

Resposta para o Questão 01

O conceito do p-valor, tal como proposto originalmente por Fisher (1925), é uma medida **condicional sob H_0** , definida por

$$\text{valor-p}(H_0, z_n) = \sup_{\theta \in \Theta_0} P_\theta^{(n)}(T_{H_0}(Z_n) \geq T_{H_0}(z_n)),$$

isto é, a probabilidade de se observar uma estatística tão extrema quanto a obtida, assumindo H_0 verdadeira. O valor-p foi concebido por Fisher como um *instrumento de contraste* entre o dado e hipótese, mas não como uma medida de verdade. Seu objetivo era expressar o grau de incompatibilidade empírica entre o fenômeno observado e as consequências lógicas de H_0 .

Posteriormente, a escola Neyman–Pearson reinterpreta esse conceito dentro de uma estrutura de decisão. Nessa transição, o valor-p perdeu seu caráter exploratório e passou a ser tratado como um critério binário, externo e supostamente não condicionado a H_0 , capaz de expressar a decisão: “rejeita” ou “não rejeita” H_0 . Esta leitura gerou um equívoco lógico: o valor-p, que é definido dentro do universo em que H_0 é verdadeira, passou a ser interpretado como se pudesse mensurar a probabilidade de H_0 ser verdadeira.

O **valor-p assintótico**, que é o valor usualmente utilizado, na ausência da distribuição exata de T_{H_0} , é definido por:

$$p^{(a)}(H_0, z_n) = \sup_{\theta \in \Theta_0} P_\theta(W_\theta \geq T_{H_0}(z_n)),$$

em que W_θ representa a distribuição-limite de T_{H_0} quando $n \rightarrow \infty$.

Confirmado essa natureza epistêmica, o valor-p assintótico nem sempre converge para o valor-p exato, isto porque, estando definido condicionalmente a H_0 , pode não ser sensível a falhas estruturais do modelo, como a ausência de independência entre as observações, a presença de hipóteses condicionais aninhadas, ou a violação das condições de regularidade que garantem a validade assintótica — como homocedasticidade.

Por isso, o valor-p deve ser entendido apenas como originalmente proposto — uma **medida de discrepância entre o real e o teórico** — que opera em um único sentido: como evidência contra a hipótese nula, mas nunca para confirmá-la.

Em termos das σ -álgebras envolvidas, a construção inferencial pode ser representada como uma sequência de aplicações mensuráveis, onde cada espaço de probabilidade possui a sua própria σ -álgebra, refletindo níveis distintos de abstração:

$$(\Omega_n, \mathcal{F}_n, \mathbb{P}_n) \xrightarrow{Z_n} (\mathcal{Z}_n, \mathcal{B}_{Z_n}, \mathbb{P}_{Z_n}) \xrightarrow{T} (\mathcal{T}_n, \mathcal{B}_{T_n}, \mathbb{P}_{T_n}).$$

- \mathcal{F}_n — descreve o universo empírico de incertezas, isto é, os eventos do mundo observável;

- \mathcal{B}_{Z_n} — corresponde ao espaço amostral modelado, onde as variáveis aleatórias Z_n são definidas sob \mathbb{P}_{Z_n} ;
- \mathcal{B}_{T_n} — é a σ -álgebra induzida pela estatística T , onde vivem as distribuições teóricas dos testes e, em particular, o valor-p.

O valor-p pertence ao universo lógico em que a hipótese nula H_0 é assumida como verdadeira. Ele não pertence à σ -álgebra empírica \mathcal{F}_n , e portanto não pode ser interpretado como uma probabilidade sobre o mundo real ou sobre a veracidade de H_0 . Tratá-lo dessa forma constitui um erro de violação da σ -álgebra — um deslize epistemológico em que se tenta extrair informação empírica de uma construção em sua definição epistêmica condicional e autoreferente.

Implementações

O exemplo numérico apresentado na Listing 2 tem o objetivo de ilustrar o comportamento do valor-*p* sob diferentes hipóteses nulas, mantendo fixos os dados observados. O experimento baseia-se em um modelo de regressão de Poisson definido por

$$Y_i \sim \text{Poisson}(\lambda_i), \quad \text{com} \quad \log(\lambda_i) = \theta_0 + \theta x_i,$$

onde $\theta_0 = 1$ e o valor verdadeiro do parâmetro é $\theta = 0,20$. Uma única amostra de tamanho $n = 100$ foi gerada segundo esse modelo, representando o conjunto de dados “observados” em um mundo empírico fixo.

A partir dessa amostra, foram testadas três hipóteses nulas distintas sobre o mesmo conjunto de dados:

$$H_0^{(A)} = 0,20, \quad H_0^{(B)} = 0,28, \quad H_0^{(C)} = 0,60.$$

Cada hipótese foi avaliada por meio da estatística de Wald,

$$Z = \frac{\hat{\theta} - \theta_{H_0}}{\text{se}(\hat{\theta})},$$

e o valor-*p* correspondente foi calculado de forma:

$$p = P(Z \leq z_{\text{obs}}),$$

correspondendo à hipótese alternativa $H_1 : \theta < \theta_{H_0}$.

Os resultados obtidos encontram-se na Tabela 1. Observa-se que, quando a hipótese nula coincide com o valor real do parâmetro (θ), o valor-*p* é elevado e a hipótese não é rejeitada. À medida que o valor hipotético se afasta de θ , o valor-*p* decresce rapidamente, levando à rejeição de H_0 nos casos de maior discrepância ($H_0^{(C)}$). Essa simulação evidencia o papel do valor-*p* como medida de compatibilidade entre modelo e dado: ele quantifica o grau de discrepância entre a hipótese estatística e a estrutura empírica observada.

Tabela 1: Resultados do cálculo do valor-*p* para diferentes hipóteses nulas sob o modelo de regressão de Poisson.

Cenário	Hipótese nula	Valor- <i>p</i>	Decisão	$\hat{\theta}$	θ
Cenário A ($H_0^{(A)}$ exato)	$\theta_{H_0} = 0,20$	0,547473	Não rejeita H_0	0,211726	0,20
Cenário B ($H_0^{(B)}$ com pequeno desvio)	$\theta_{H_0} = 0,28$	0,243689	Não rejeita H_0	0,211726	0,20
Cenário C ($H_0^{(C)}$ com grande desvio)	$\theta_{H_0} = 0,60$	0,000039	Rejeita H_0	0,211726	0,20

O experimento de Monte Carlo tem como objetivo avaliar, de forma empírica, o comportamento assintótico do valor-*p* quando múltiplas amostras são geradas a partir de um mesmo modelo de regressão de Poisson. Considera-se o modelo

$$Y_i \sim \text{Poisson}(\lambda_i), \quad \text{com} \quad \log(\lambda_i) = \theta_0 + \theta x_i,$$

onde o intercepto $\theta_0 = 1$ e o valor verdadeiro do parâmetro é $\theta = 0,20$. Em cada replicação, é gerada uma amostra de tamanho $n = 100$ com covariáveis $x_i \sim \text{Unif}(0, 2)$ e respostas Y_i conforme o modelo acima. O processo é repetido $M = 10,000$ vezes, mantendo θ fixo.

Para cada amostra, ajusta-se um modelo de regressão de Poisson e testam-se três hipóteses nulas distintas sobre o mesmo conjunto de dados:

$$H_0^{(A)} = 0,20, \quad H_0^{(B)} = 0,28, \quad H_0^{(C)} = 0,60.$$

Cada hipótese é avaliada pela estatística de Wald,

$$Z = \frac{\hat{\theta} - \theta_{H_0}}{\text{se}(\hat{\theta})},$$

e o valor-*p* correspondente é calculado da seguinte forma, considerando o teste contra a alternativa $H_1 : \theta < \theta_{H_0}$:

$$p = P(Z \leq z_{\text{obs}}).$$

A partir das M replicações, calcula-se a proporção de rejeição de cada hipótese, a média e a mediana dos valores-*p*, bem como a média dos estimadores $\hat{\theta}$. Os resultados são apresentados na Tabela 2.

Observa-se que, quando $H_0^{(A)}$ coincide com o valor verdadeiro do parâmetro, a proporção de rejeição aproxima-se do nível $\alpha = 0,05$, e os valores-*p* seguem aproximadamente uma distribuição uniforme. À medida que as hipóteses nulas se deslocam para valores superiores ao verdadeiro — como em $H_0^{(B)}$ e $H_0^{(C)}$ — o teste unicaudal à esquerda ganha poder, e os valores-*p* tornam-se progressivamente menores. Nos casos de grande discrepância ($H_0^{(C)}$), a rejeição de H_0 é praticamente certa, refletindo a coerência do teste de Wald com o comportamento teórico esperado sob o modelo de Poisson.

Tabela 2: Resultados da simulação de Monte Carlo para o teste de Wald em regressão de Poisson. Cada linha apresenta os resultados obtidos para uma hipótese nula distinta, com $M = 10,000$ replicações e $n = 100$.

Cenário	H0	% de rejeição	Média(<i>p</i>)	Mediana(<i>p</i>)	$p_{0,05}$	$p_{0,95}$	$\bar{\theta} / \theta$
Cenário A	$H_0^{(A)} = 0,20$	0,053700	0,494656	0,488848	0,045770	0,950321	0,1983 / 0,2
Cenário B	$H_0^{(B)} = 0,28$	0,204100	0,282815	0,204148	0,006543	0,804670	0,1983 / 0,2
Cenário C	$H_0^{(C)} = 0,60$	0,989600	0,002594	0,000030	0,000000	0,010802	0,1983 / 0,2

```

1 # =====
2 # Regressão Poisson (GLM)
3 # =====
4
5 set.seed(111)
6
7 n      = 100
8 beta0  = 1.0
9 theta  = 0.20    # valor verdadeiro
10 alpha  = 0.05
11
12 # Covariável e única amostra observada
13 x      = runif(n, 0, 2)
14 lambda = exp(beta0 + theta * x)
15 y      = rpois(n, lambda)
16
17 # Ajuste único do GLM Poisson
18 modelo = glm(y ~ x, family = poisson)
19
20 # -----
21 # Função: testa H0: theta = h0
22 #
23 testa_glm_theta = function(mod, h0, alpha = 0.05) {
24   theta_hat = coef(mod)[2]
25   se_hat   = sqrt(vcov(mod)[2, 2])
26   Z        = (theta_hat - h0) / se_hat
27
28   # valor-p unicaudal (contra H1: theta > h0)
29   p_valor  = pnorm(Z)

```

```

30     decisao = ifelse(p_valor < alpha, "Rejeita H0", "Não rejeita H0")
31
32   data.frame(
33     hipoteses_nula = paste0("H0: theta = ", format(h0, nsmall = 2)),
34     valor_p       = p_valor,
35     decisao        = decisao,
36     theta_hat     = theta_hat,
37     theta          = theta
38   )
39 }
40
41
42 # Hipóteses nulas a testar no mesmo conjunto
43 HO_A = 0.20    # H0 exato
44 HO_B = 0.28    # H0 com pouco desvio
45 HO_C = 0.60    # H0 com muito desvio
46
47 resA = testa_glm_theta(modelo, HO_A, alpha)
48 resB = testa_glm_theta(modelo, HO_B, alpha)
49 resC = testa_glm_theta(modelo, HO_C, alpha)
50
51 # Consolida com rbind
52 resumo_glm = rbind(
53   "Cenário A (H0 exato)"      = resA,
54   "Cenário B (H0 pouco desvio)" = resB,
55   "Cenário C (H0 muito desvio)" = resC
56 )
57
58 # ----- Formatação -----
59 options(scipen = 999)
60
61 resumo_fmt      = resumo_glm
62 resumo_fmt$valor_p  = format(round(resumo_fmt$valor_p, 6), nsmall = 6)
63 resumo_fmt$theta_hat = format(round(resumo_fmt$theta_hat, 6), nsmall = 6)
64 resumo_fmt$theta    = format(round(resumo_fmt$theta, 6), nsmall = 6)
65
66 # Tabela final (analítica)
67 noquote(resumo_fmt)

```

Listing 1: Exemplo numérico - Regressão Poisson

```

1 set.seed(111)
2
3 # -----
4 # Parâmetros do experimento
5 # -----
6 n      = 200      # tamanho da amostra
7 beta0  = 1.0      # intercepto fixo
8 theta  = 0.20     # (verdadeiro) = coef. de x, usado para gerar os dados
9 alpha  = 0.05     # nível
10 M     = 10000    # repetições de Monte Carlo
11
12 # hipóteses nulas a testar (todas no mesmo conjunto de dados por replicação)
13 HO_A = 0.20    # H0 exato
14 HO_B = 0.28    # H0 com pouco desvio
15 HO_C = 0.60    # H0 com grande desvio
16 HOs  = c(HO_A, HO_B, HO_C)
17
18 # -----
19 # Design fixo: x é gerado 1 vez e mantido fixo
20 # -----
21 x = runif(n, 0, 2)
22
23 # -----
24 # Função: calcula p-valor unicaudal (esquerda) e decisão para b0
25 # -----
26 p_unicaudal_wald = function(mod, b0, alpha) {
27   theta_hat = coef(mod)[2]
28   se_hat    = sqrt(vcov(mod)[2, 2])

```

```

29     Z      = (theta_hat - b0) / se_hat
30 # unicaudal à esquerda: H1: theta < b0
31 p_valor  = pnorm(Z)
32 decisao  = ifelse(p_valor < alpha, "Rejeita H0", "Não rejeita H0")
33 list(p = p_valor, decisao = decisao, theta_hat = theta_hat)
34 }
35
36 # -----
37 # Uma replicação: gera y ~ Poisson(exp(beta0 + theta * x)), ajusta GLM
38 # e testa H0_A, H0_B, H0_C na mesma amostra
39 #
40 uma_replicacao = function() {
41   lambda = exp(beta0 + theta * x)
42   y      = rpois(n, lambda)
43   mod    = glm(y ~ x, family = poisson)
44   lapply(H0s, function(b0) p_unicaudal_wald(mod, b0, alpha))
45 }
46
47 # -----
48 # Roda M replicações e consolida resultados por cenário
49 #
50 # estruturas de acumulação
51 p_list_A = numeric(M); dec_A = character(M); thA = numeric(M)
52 p_list_B = numeric(M); dec_B = character(M); thB = numeric(M)
53 p_list_C = numeric(M); dec_C = character(M); thC = numeric(M)
54
55 for (m in 1:M) {
56   out = uma_replicacao()
57   # A
58   p_list_A[m] = out[[1]]$p
59   dec_A[m]    = out[[1]]$decisao
60   thA[m]     = out[[1]]$theta_hat
61   # B
62   p_list_B[m] = out[[2]]$p
63   dec_B[m]    = out[[2]]$decisao
64   thB[m]     = out[[2]]$theta_hat
65   # C
66   p_list_C[m] = out[[3]]$p
67   dec_C[m]    = out[[3]]$decisao
68   thC[m]     = out[[3]]$theta_hat
69 }
70
71 # -----
72 # Sumários: proporção de rejeição (potência/erro tipo I),
73 # estatísticas de p e média de theta_hat
74 #
75 resumo_mc = data.frame(
76   hipotese_nula = c(
77     paste0("H0_A: theta = ", format(H0_A, nsmall = 2)),
78     paste0("H0_B: theta = ", format(H0_B, nsmall = 2)),
79     paste0("H0_C: theta = ", format(H0_C, nsmall = 2))
80   ),
81   prop_rejeicao = c(
82     mean(dec_A == "Rejeita H0"),
83     mean(dec_B == "Rejeita H0"),
84     mean(dec_C == "Rejeita H0")
85   ),
86   media_p  = c(mean(p_list_A), mean(p_list_B), mean(p_list_C)),
87   mediana_p= c(median(p_list_A), median(p_list_B), median(p_list_C)),
88   q05_p    = c(quantile(p_list_A, 0.05), quantile(p_list_B, 0.05), quantile(p_list_C, 0.05)),
89   q95_p    = c(quantile(p_list_A, 0.95), quantile(p_list_B, 0.95), quantile(p_list_C, 0.95)),
90   theta_hat_medio = c(mean(thA), mean(thB), mean(thC)),
91   theta_real     = theta
92 )
93
94 # formatação
95 options(scipen = 999)
96 resumo_mc$prop_rejeicao  = format(round(resumo_mc$prop_rejeicao, 6), nsmall = 6)

```

```

97 resumo_mc$media_p      = format(round(resumo_mc$media_p,           6), nsmall = 6)
98 resumo_mc$mediana_p    = format(round(resumo_mc$mediana_p,           6), nsmall = 6)
99 resumo_mc$q05_p        = format(round(resumo_mc$q05_p,             6), nsmall = 6)
100 resumo_mc$q95_p        = format(round(resumo_mc$q95_p,             6), nsmall = 6)
101 resumo_mc$theta_hat_medio = format(round(resumo_mc$theta_hat_medio, 6), nsmall = 6)
102 resumo_mc$theta_real     = format(round(resumo_mc$theta_real,          6), nsmall = 6)
103
104 # Impressao da tabela
105 rownames(resumo_mc) = c(
106   "Cenário A (H0_A exato)",
107   "Cenário B (H0_B pouco desvio)",
108   "Cenário C (H0_C muito desvio")
109 )
110
111 noquote(resumo_mc)

```

Listing 2: Exemplo numérico - Regressão Poisson

Resposta para o Questão 02

Resposta para o Questão 03

Os códigos desde estudo estão disponibilizados em <<http://academic-codex.github.io/MAE5911-Estatistica-e-Machine-Learning>>.

