

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 1 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 discrepancia 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 apresentado na Listing ?? 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>)	<i>p</i> _{0,05}	<i>p</i> _{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 # Exemplo Numerico - Regressao de Poisson
3 #
4 set.seed(111)
5
6 n      = 100
7 beta0  = 1.0
8 theta  = 0.20    # valor verdadeiro
9 alpha   = 0.05
10
11 # Covariável e única amostra observada
12 x      = runif(n, 0, 2)
13 lambda = exp(beta0 + theta * x)
14 y      = rpois(n, lambda)
15
16 # Ajuste único do GLM Poisson
17 modelo = glm(y ~ x, family = poisson)
18
19 # Função: testa H0
20 testa_glm_theta = function(mod, h0, alpha = 0.05) {
21   theta_hat = coef(mod)[2]
22   se_hat   = sqrt(vcov(mod)[2, 2])
23   Z        = (theta_hat - h0) / se_hat
24
25   # valor-p unicaudal (contra H1: theta < h0)
26   p_valor  = pnorm(Z)
27
28   decisao  = ifelse(p_valor < alpha, "Rejeita H0", "Não rejeita H0")
29

```

```

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

```

Listing 1: Exemplo numérico — Regressão de Poisson ($n = 100, \theta = 0,20$).

```

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

```

```

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

```

```

100 resumo_mc$media_p      = format(round(resumo_mc$media_p,           6), nsmall = 6)
101 resumo_mc$mediana_p   = format(round(resumo_mc$mediana_p,           6), nsmall = 6)
102 resumo_mc$q05_p       = format(round(resumo_mc$q05_p,             6), nsmall = 6)
103 resumo_mc$q95_p       = format(round(resumo_mc$q95_p,             6), nsmall = 6)
104 resumo_mc$theta_hat_medio = format(round(resumo_mc$theta_hat_medio, 6), nsmall = 6)
105 resumo_mc$theta_real    = format(round(resumo_mc$theta_real,          6), nsmall = 6)
106
107 # Impressao da tabela
108 rownames(resumo_mc) = c(
109   "Cenário A (H0_A exato)",
110   "Cenário B (H0_B pouco desvio)",
111   "Cenário C (H0_C muito desvio")
112 )
113
114 noquote(resumo_mc)

```

Listing 2: Simulação de Monte Carlo do teste de Wald sob regressão de Poisson ($M = 10,000$, $n = 100$, $\theta = 0,20$).

Resposta para o Questão 02

Resposta para o Questão 03

Foi construído um modelo de regressão binomial da seguinte forma:

$$Y_i | X_i \sim \text{Bin}(m, \mu_\theta(X_i)), \quad \text{com} \quad \mu_\theta(x) = \frac{1}{1 + e^{-(\theta_0 + \theta_1 x)}},$$

onde $\theta = (\theta_0, \theta_1)$ é o vetor de parâmetros a ser estimado. Os parâmetros verdadeiros foram fixados em $\theta_0 = -0.5$ e $\theta_1 = 1.2$, com $n = 200$ observações e $m = 10$ tentativas por ponto.

As variáveis independentes foram geradas por uma distribuição uniforme $X_i \sim U(-2, 2)$ e as variáveis observadas Y_i foram geradas a partir do modelo binomial acima. Para introduzir contaminação, selecionaram-se 10% das observações com $x_i < 0.5$ e aplicou-se a seguinte modificação adversária:

$$x_i \leftarrow x_i + 3, \quad y_i \leftarrow \begin{cases} 0, & \text{com probabilidade 0.5,} \\ m, & \text{com probabilidade 0.5.} \end{cases}$$

Gerando *outliers* com desvio em relação ao eixo x e *outliers* com desvio em relação ao eixo y .

Função de Estimação Robusta

O estimador clássico de máxima verossimilhança (MLE) foi obtido pela regressão logística:

$$\hat{\theta}_{\text{MLE}} = \arg \max_{\theta} \sum_{i=1}^n [y_i \log \mu_\theta(x_i) + (m - y_i) \log(1 - \mu_\theta(x_i))].$$

Para tornar a estimação robusta, definiu-se uma **função de estimação ponderada** baseada no resíduo $r_i = y_i - m\mu_\theta(x_i)$:

$$U_i(\theta) = \begin{pmatrix} w_i(y_i - m\mu_\theta(x_i)) \\ w_i x_i (y_i - m\mu_\theta(x_i)) \end{pmatrix}, \quad w_i = \exp(-(|r_i| - c)_+), \quad c = p \cdot \text{IQR}(r),$$

em que $(a)_+ = \max(0, a)$ indica a parte positiva do argumento, isto é, $(|r_i| - c)_+ = 0$ quando $|r_i| \leq c$ e $(|r_i| - c)_+ = |r_i| - c$ quando $|r_i| > c$. Dessa forma, o argumento da exponencial em $w_i = \exp(-(|r_i| - c)_+)$ atua como uma penalização progressiva aplicada apenas aos resíduos que excedem o limite $c = p \cdot \text{IQR}(r)$, onde $p = 1.5$ controla o ponto de corte do intervalo interquartil. Assim, observações com $|r_i| \leq c$ mantêm peso unitário ($w_i = 1$), enquanto aquelas com $|r_i| > c$ têm seu peso reduzido de forma exponencial, atenuando a influência dos outliers no processo de estimação.

O estimador robusto $\hat{\theta}_R$ é então obtido pela minimização do quadrado da soma das funções de estimação:

$$\hat{\theta}_R = \arg \min_{\theta} \left\| \sum_{i=1}^n U_i(\theta) \right\|^2.$$

Simulação e Resultados

Foram realizadas $R = 500$ repetições do experimento, calculando-se para cada método a média, o viés e o erro quadrático médio (RMSE) das estimativas. A Tabela 3 apresenta os resultados obtidos.

Tabela 3: Resumo da simulação Monte Carlo ($R = 500$): comparação entre MLE e estimador robusto.

Estimador	Média	Viés	RMSE
MLE β_0	-0.561	-0.061	0.087
MLE β_1	0.845	-0.355	0.370
Robusto β_0	-0.484	0.016	0.068
Robusto β_1	1.281	0.081	0.104

Evidências Gráficas

A Figura 1 apresenta a curva real dos dados em comparação com as curvas ajustadas pelo MLE e pelo método robusto proposto, mostrando que o método proposto foi robusto contra desvios fora do padrão de resposta e alavancagem dos dados. Os pontos destacados em vermelho correspondem às observações atenuadas pelo corte baseado no intervalo interquartil (IQR) da distribuição dos resíduos.

Regressão Binomial: Verdadeira vs. MLE vs. Robusto

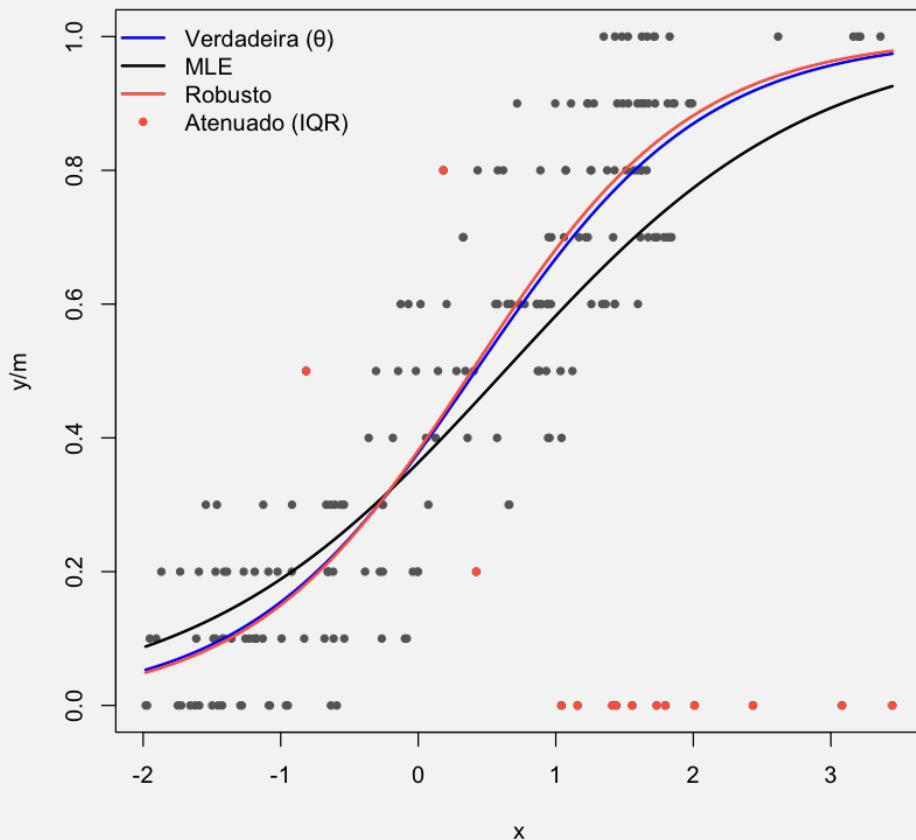


Figura 1: Curvas ajustadas sob contaminação (pontos atenuados em vermelho). Parâmetros: $n = 200$, $m = 10$, $\theta = (-0.5, 1.2)$, contaminação 10%, $p = 1.5$.

A Figura 2 apresenta as distribuições empíricas das estimativas da simulação de Monte Carlo sob $R = 500$ repetições. As curvas vermelhas correspondem à densidade normal construída a partir da média e do desvio-padrão empíricos das estimativas, ilustrando a característica normal assintótica prevista para os estimadores.

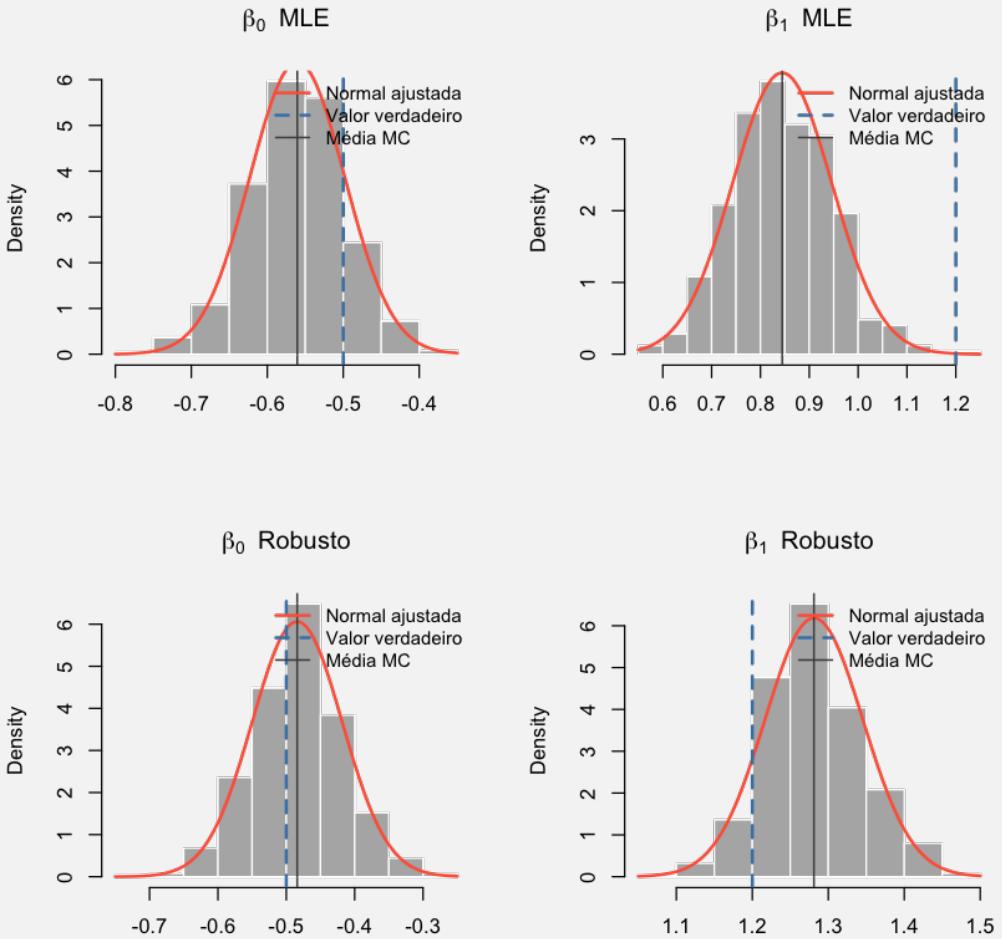


Figura 2: Distribuição das estimativas sob contaminação: comparação entre MLE e estimador robusto.

Conclusão

Segundo a formulação clássica de Fisher da função de máxima verossimilhança (1922) e o limite de eficiência de Cramér–Rao (Cramér, 1946; Rao, 1945), o estimador de máxima verossimilhança (MLE) é assintoticamente eficiente e não-viesado, apresentando variância mínima quando o modelo é corretamente especificado e as observações são independentes e não contaminadas. Notamos que a introdução de 10% de contaminação nos dados foi suficiente para violar essas condições, fazendo com que o MLE apresentasse deslocamento em relação ao valor verdadeiro dos parâmetros — um viés negativo mais evidente em β_1 , cuja média amostral ficou mais distante de 1.2.

A Figura 2 ilustra o que foi observado: as distribuições empíricas das estimativas obtidas via MLE mostram um deslocamento sistemático em relação à linha tracejada (parâmetro real), enquanto as estimativas robustas permanecem centradas ou mais próximas do valor verdadeiro. As ponderações e atenuações com base no desvio em relação ao intervalo interquartil das amostras reduzem com eficiência a influência de observações com maiores desvios de resposta e de alavancagem.

O estimador robusto portanto foi capaz de reduzir o viés e diminuir a variância total das estimativas, minimizando o erro quadrático médio (EQM).

```

1 ## =====
2 ## Regressão Binomial Robusta
3 ## =====
4
5 expit = function(eta) 1/(1+exp(-eta))
6 set.seed(2025)
7
8 ## =====

```

```

9 ## DADOS ÚNICO
10 ## =====
11 n = 200
12 m = rep(10, n)
13 x = runif(n, -2, 2)
14
15 theta = c(-0.5, 1.2) # valores verdadeiros
16 mu = expit(theta[1] + theta[2]*x)
17 y = rbinom(n, size=m, prob=mu)
18
19 ## contaminação
20 aux = sample(which(x < 0.5), round(0.10*n))
21 x[aux] = x[aux] + 3
22 y[aux] = ifelse(runif(length(aux)) < 0.5, 0, m[aux])
23
24 ## MLE de referência
25 fit0 = glm(cbind(y, m-y) ~ x, family=binomial())
26 theta.hat0 = coef(fit0)
27
28 ## ===== Estimador robusto: IQR + exp(-(|r|-c)_+)
29 p = 1.5
30
31 L = function(th){
32   eta = th[1] + th[2]*x
33   mu = expit(eta)
34   r = y - m*mu
35   c = p * IQR(r)
36   exc = pmax(0, abs(r) - c)
37   w = exp(-exc)
38   cbind( w*(y - m*mu),
39         w*x*(y - m*mu) )
40 }
41
42 LL = function(th){
43   u = colSums(L(th))
44   sum(u^2)
45 }
46
47 B = function(th){
48   U = L(th)
49   t(U) %*% U / n
50 }
51
52 V = function(th){
53   eps = 1e-6
54   U0 = colSums(L(th))
55   J = matrix(NA_real_, 2, 2)
56   for(j in 1:2){
57     thj = th; thj[j] = thj[j] + eps
58     Uj = colSums(L(thj))
59     J[, j] = (Uj - U0)/eps
60   }
61   solve(J) %*% B(th) %*% t(solve(J))
62 }
63
64 fit1 = optim(LL, par=theta.hat0, control=list(reltol=1e-12))
65 theta.hat1 = fit1$par
66 V.hat = V(theta.hat1)
67
68 E = eigen(V.hat)
69 V_0.5 = E$vectors %*% diag(1/sqrt(E$values)) %*% t(E$vectors)
70 W1 = sqrt(n) * V_0.5 %*% (theta.hat1 - theta)
71
72 ## Plot
73 eta.r = theta.hat1[1] + theta.hat1[2]*x
74 r.now = y - m*expit(eta.r)
75 cut.now= p * IQR(r.now)
76 mask = abs(r.now) > cut.now # TRUE = atenuado

```

```

77
78 par(mfrow=c(1,1))
79 plot(y/m ~ x,
80       pch = 20, col = "grey40",
81       main = "Regressão Binomial: Verdadeira vs. MLE vs. Robusto",
82       xlab = "x", ylab = "y/m")
83
84 xs = seq(min(x), max(x), length=200)
85
86 ## 1) curva verdadeira (parâmetros que geraram os dados)
87 lines(xs, expit(theta[1] + theta[2]*xs), lwd=2, col="blue")
88
89 ## 2) MLE e 3) Robusto
90 lines(xs, expit(theta.hat0[1] + theta.hat0[2]*xs), lwd=2, col="black")
91 lines(xs, expit(theta.hat1[1] + theta.hat1[2]*xs), lwd=2, col="tomato")
92
93 ## pontos atenuados por cima (em vermelho)
94 points(x[mask], (y/m)[mask], pch=20, col="tomato")
95
96 legend("topleft",
97        c("Verdadeira", "MLE", "Robusto", "Atenuado (IQR)"),
98        col = c("blue", "black", "tomato", "tomato"),
99        lwd = c(2, 2, 2, NA),
100       pch = c(NA, NA, NA, 20),
101       bty = "n")
102
103 theta      # verdadeiro
104 theta.hat0 # MLE
105 theta.hat1 # Robusto
106 W1

```

Listing 3: Implementação analítica do estimador robusto para regressão binomial, com ponderação $w_i = \exp(-(|r_i| - c)_+)$ e corte definido por $c = p \cdot \text{IQR}(r)$.

```

1  #### =====
2  ## MONTE CARLO
3  #### =====
4
5 mc_binom_iqrexp = function(R=500, n=200, contam=0.10, p=1.5){
6   out = matrix(NA_real_, R, 4)
7   colnames(out) = c("b0_mle", "b1_mle", "b0_rob", "b1_rob")
8   theta = c(-0.5, 1.2)
9   m = rep(10, n)
10
11  for(t in 1:R){
12    x = runif(n, -2, 2)
13    mu = expit(theta[1] + theta[2]*x)
14    y = rbinom(n, size=m, prob=mu)
15
16    ## contaminação idêntica ao exemplo
17    aux = sample(which(x < 0.5), round(contam*n))
18    x[aux] = x[aux] + 3
19    y[aux] = ifelse(runif(length(aux)) < 0.5, 0, m[aux])
20
21    ## MLE
22    b_mle = coef(glm(cbind(y, m - y) ~ x, family=binomial()))
23
24    ## Robusto
25    L = function(th){
26      eta = th[1] + th[2]*x
27      mu = expit(eta)
28      r = y - m*mu
29      c = p * IQR(r)
30      exc = pmax(0, abs(r) - c)
31      w = exp(-exc)
32      cbind( w*(y - m*mu),
33             w*x*(y - m*mu) )
34    }

```

```

35 LL = function(th){ u = colSums(L(th)); sum(u^2) }
36
37 b_rob = try(optim(LL, par=b_mle, control=list(reltol=1e-12))$par,
38             silent=TRUE)
39 if(inherits(b_rob, "try-error")) next
40
41 out[t,] = c(b_mle[1], b_mle[2], b_rob[1], b_rob[2])
42 }
43 out
44 }
45
46 set.seed(99)
47 res = mc_binom_iqrep(R=500, n=200, contam=0.10, p=1.5)
48
49 ## Tabela de resumo
50 summ = function(v, tru) c(mean=mean(v,na.rm=TRUE),
51                         bias=mean(v-tru,na.rm=TRUE),
52                         rmse=sqrt(mean((v-tru)^2,na.rm=TRUE)))
53 TAB = rbind(
54   "MLE beta0" = summ(res[,1], -0.5),
55   "MLE beta1" = summ(res[,2], 1.2),
56   "ROB beta0" = summ(res[,3], -0.5),
57   "ROB beta1" = summ(res[,4], 1.2)
58 )
59 round(TAB, 3)
60
61 ## =====
62 ## PLOTS
63 ## =====
64
65 true_b0 <- -0.5
66 true_b1 <- 1.2
67
68 plot_hist <- function(z, true, titulo){
69   hist(z, prob = TRUE, col = "grey70", border = "white", main = titulo, xlab = "")
70   ## curva normal ajustada aos MC
71   curve(dnorm(x, mean = mean(z, na.rm=TRUE), sd = sd(z, na.rm=TRUE)),
72         add = TRUE, col = "tomato", lwd = 2)
73   ## valor verdadeiro (linha tracejada)
74   abline(v = true, lty = 2, lwd = 2, col = "steelblue")
75   ## média Monte Carlo (opcional)
76   abline(v = mean(z, na.rm=TRUE), lty = 1, lwd = 1.2, col = "grey30")
77   legend("topright",
78         c("Normal ajustada", "Valor verdadeiro", "Média MC"),
79         col = c("tomato", "steelblue", "grey30"),
80         lty = c(1, 2, 1), lwd = c(2, 2, 1.2), bty = "n", cex = 0.9)
81 }
82
83 par(mfrow = c(2,2))
84 plot_hist(res[,1], true_b0, expression(beta[0]~" MLE"))
85 plot_hist(res[,2], true_b1, expression(beta[1]~" MLE"))
86 plot_hist(res[,3], true_b0, expression(beta[0]~" Robusto"))
87 plot_hist(res[,4], true_b1, expression(beta[1]~" Robusto"))
88

```

Listing 4: Simulação de Monte Carlo para avaliação do desempenho do estimador robusto na regressão binomial ($R = 500$, $n = 200$, contaminação de 10%, $p = 1.5$).

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

