

# Semana 13. Propensity Score Matching

Equipo Econometría Avanzada

Universidad de los Andes

6 de mayo de 2022



# Contenido

1 Contexto

2 Propensity Score Matching

# Contexto y pregunta de investigación

Arceneaux, Gerber & Green buscan responder la siguiente pregunta:  
¿Cuál es el efecto de incentivar a las personas a votar por medio de llamadas telefónicas sobre la participación electoral?

- Aleatoriamente se seleccionó a unas personas al grupo de tratamiento.
- El tratamiento era una llamada que incentivaba el voto.
- No todas las personas asignadas al grupo de tratamiento contestaron las llamadas.

Dado el contexto y que disponen de información de muchos individuos, es un un escenario para contrastar el desempeño de un PSM respecto a una metodología de variables instrumentales.

# Propensity Score Matching

La idea: Comparar tratados y controles (más) comparables.

Para esto vamos a emparejar a los individuos tratados con los controles a partir de las características observables.

- Quisiéramos encontrar para cada tratado un 'clon' en el grupo de controles.
- La idea es que una vez emparejamos en observables, los tratados y controles no son sistemáticamente distintos en observables y no observables [**Supuesto #1: Independencia condicional**].

¿Cómo los emparejamos? Según la probabilidad de que sean tratados construida a partir de las variables observables.

- A dicha probabilidad se le conoce como Propensity Score (PS).
- Necesitamos tener tratados y controles con probabilidad de tratamiento similares [**Supuesto #2: Soporte común**].

Aunque ojo... sin independencia condicional el clon  
“perfecto” puede verse así:



**Prince Charles**

Male  
Born in 1948  
Raised in the UK  
Married Twice  
Lives in a castle  
Wealthy and Famous



**Ozzy Osbourne**

Male  
Born in 1948  
Raised in the UK  
Married Twice  
Lives in a castle  
Wealthy and Famous

# Implementación

Para implementar PSM, entonces, vamos a seguir los siguientes pasos:

- 1 Estimar la ecuación de participación y obtener la probabilidad predicha de participar (i.e., PS).
- 2 Restringir la muestra de análisis al soporte común.
- 3 Implementar un algoritmo de emparejamiento.
- 4 Evaluar la calidad del emparejamiento.
- 5 Estimar el efecto del tratamiento con los errores estándar corregidos con Bootstrap.

Cada uno de estos pasos se describen con mayor detalle a continuación.

# Paso 1: Calcular el PS

Sean

- $D_i$ : Dicótoma que toma el valor de uno si el individuo es tratado y cero de lo contrario.
- $X_i$ : Un vector de características observadas para el individuo  $i$ .

Entonces, estimamos

$$P(D_i = 1|X) = f(X_i; \theta)$$

por máxima verosimilitud y suponiendo cierta distribución para los errores.

- Estimamos Logit o Probit.
- MPL no nos gusta porque genera probabilidades no acotadas entre 0 y 1.

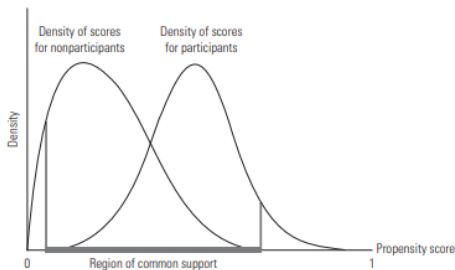
Dados los parámetros  $\hat{\theta}^{MV}$ , calculamos el PS el cual corresponde a las probabilidades predichas:

$$PS = \hat{P}(D_i = 1|X)$$

## Paso 2: Restringir la muestra al Soporte Común

Restringimos manualmente la muestra a aquellos valores del PS donde tenemos unidades tratadas y no tratadas:

**Figure 4.1 Example of Common Support**



Source: Authors' representation.

Fuente: [Khandker et al. \(2010\)](#)

El soporte común existe siempre y cuando  $0 < P(D_i = 1|X_i) < 1$ .



## Paso 3: Implementar un algoritmo de emparejamiento

Dado el PS, podemos emparejar a los tratados y controles según:

- 1 Vecino más cercano.
- 2 K vecinos más cercanos.
- 3 Radio/Caliper.
- 4 Kernel.
- 5 Estratificación.
- 6 Regresiones locales lineales.

En general, existen muchas formas de emparejar a los individuos.  
Revisar [Khandker et al. \(2010\)](#) para mayores detalles.

## Paso 4: Evaluar la calidad del emparejamiento

Un correcto emparejamiento debe resultar en que no existen diferencias sistemáticas en variables observables entre tratados y no tratados.

Para esto podemos básicamente hacer una prueba de balance muestral para cada una de las variables.

- Diferencias calculadas para cada una de las parejas y luego promediadas.

No deberíamos encontrar diferencias estadísticamente significativas. Existen muchas otras formas de testear la calidad del emparejamiento. Por ejemplo, pruebas estratificadas o cálculos de sesgos estandarizados.

## Paso 5: Estimar el efecto del tratamiento

El estimador por PSM del ATT está dado por el promedio de las diferencias entre las unidades tratadas y sus respectivos controles emparejados:

$$\hat{\tau}^{PSM} = \frac{1}{N_T^{SC}} \sum_{i \in T^{SC}} \left( Y_i^T - \sum_{j \in C^{SC}} \omega(i,j) Y_j^C \right)$$

donde  $N_T^{SC}$  es el número de tratados que quedaron dentro el soporte común y  $\omega(i,j)$  es el peso que recibe el control  $j$  al ser emparejado con la unidad tratada  $i$ .

Los errores estándar los podemos calcular a través de Bootstrap.

# Supuestos de identificación

- 1 **Independencia Condicional:** Condicional en las características observables no afectadas por el tratamiento, el tratamiento efectivo es independiente de los resultados potenciales.

$$Y_i^1, Y_i^0 \perp D_i | X_i$$

- 2 **Soporte común:** Observamos individuos tratados y no tratados con probabilidades de tratamiento similares.

$$0 < P(D = 1|X) < 1$$

No existe ninguna característica que determine el tratamiento (i.e., no hay ninguna  $\tilde{X}$  tal que  $P(D = 1|\tilde{X}) = 0$  o  $P(D = 1|\tilde{X}) = 1$ ). Esto garantiza que el soporte común sea no vacío.

# Conclusión

- PSM es una metodología no paramétrica que nos permite estimar el efecto de un tratamiento a través de la comparación de individuos similares.
- La comparabilidad entre individuos es establecida según las características observadas no afectadas por el tratamiento.
- Los individuos son emparejados de acuerdo con algún algoritmo de elección.
- Los supuestos de identificación son **independencia condicional** y **soporte común**.
- Esta metodología funciona siempre y cuando el estatus de tratamiento es *altamente* determinado por variables observadas.
- PSM se invalida cuando el estatus de tratamiento es influenciado por características no observadas. Así las cosas, necesitamos que **todas** las variables relevantes para explicar el status de tratamiento estén incluidas en el modelo.
  - ▶ En la práctica, es difícil encontrar escenarios donde PSM funcione completamente bien. Sin embargo, es importante pues es el corazón de muchas otras metodologías de inferencia causal.