

EST-24107: Simulación

Profesor: Alfredo Garbuno Iñigo — Otoño, 2022 — *Bootstrap*.

Objetivo: Que veremos.

Lectura recomendada: Referencia.

1. INTRODUCCIÓN

El remuestreo se refiere a un conjunto de técnicas estadísticas, computacionalmente intensivas, que **estiman** la *distribución de una población* basadas en **muestreo aleatorio con reemplazo**.

Se considera que una muestra aleatoria X_1, \dots, X_n como si fuera una población finita y se generan muestras aleatorias de la misma muestra para estimar características poblacionales y hacer inferencia de la población muestreada.

Las técnicas de remuestreo permiten calcular medidas de ajuste (en términos de sesgo, varianza, intervalos de confianza, errores de predicción o de algunas otras medidas) a los estimados basados en muestras.

Estas técnicas son usualmente no paramétricas, y varias son tan antiguas como la estadística misma. Por ejemplo, las técnicas de permutación son de Fisher (1935) y Pitmann (1937); la validación cruzadas fue propuesta por Kurtz en 1948, y el Jackknife fue propuesto por Maurice Quenouille en 1949 aunque fue John Tukey en 1958 quién le dio el nombre a la técnica.

1.1. Contexto histórico

Bradley Efron introdujo el Bootstrap en 1979, y sus estudiantes Rob Tibshirani y Trevor Hastie han aportado mucho a la ciencia estadística. Ofrecen un curso en Statistical Learning en la plataforma MOOC de la Universidad de Stanford.

El término ‘bootstrapping’ se refiere al concepto de “pulling oneself up by one’s bootstraps”, frase que aparentemente se usó por primera vez en *The Singular Travels, Campaigns and Adventures of Varon Munchausen*.

1.2. Idea general

El objetivo del remuestreo es estimar alguna característica poblacional, representada por (tal como media, mediana, desviación estándar, coeficientes de regresión, matriz de covarianza, etc.) basado en los datos.

También interesan las propiedades de la distribución de estimador, sin hacer supuestos restrictivos sobre la forma de la distribución de los datos originales.

Para una muestra aleatoria X_1, \dots, X_n , la distribución de remuestreo es la distribución empírica $\hat{\mathbb{P}}_n$, que asigna probabilidad $1/n$ a cada una de las observaciones de la muestra.

1.3. Ejemplo

Consideremos una muestra de 6 parejas. La variable de interés es la diferencia del ingreso de los miembros de cada pareja (en miles de pesos al mes).

i	$P_i^{(1)}$	$P_i^{(2)}$	$d_i = P_i^{(1)} - P_i^{(2)}$
1	24	18	6
2	14	17	-3
3	40	35	5
4	44	41	3
5	35	37	-2
6	45	45	0

Definamos θ como el promedio de las diferencias de ingreso poblacional. Podemos estimar θ con

$$\hat{\theta}_n = \frac{6 - 3 + 5 + 3 - 2 + 0}{6} = 1.5. \quad (1)$$

¿Cómo calculamos la variabilidad de nuestro estimador? Es decir, ¿cómo calculamos la variabilidad de $\hat{\theta}_n$?

1.3.1. Ejercicio: Escribe la fórmula del error estándar bajo los siguientes supuestos:

1. La diferencia tiene una distribución $d_i \sim N(\theta, \sigma^2)$.
2. La varianza σ^2 es conocida.

1.4. Observaciones:

- Suponer que la diferencia de ingresos es d_i como una variable normal puede no estar *tan* errado. Pues con un número suficiente de muestras podríamos suponer que el resultado del TLC se cumple. Entonces, ¿qué hacemos si no conocemos la distribución de las observaciones?
- Si no conocemos σ^2 lo podemos estimar con la muestra. Por ejemplo, podemos utilizar intervalos de confianza derivados de una distribución t .
- Si nos interesa otro parámetro de la población podemos construir estimadores diferentes. Por ejemplo, nos podría interesar la **mediana** de una población $q_{0.5} = \mathbb{P}^{-1}(1/2)$. Para este caso, podemos estimar dicho parámetro por medio de

$$\hat{q}_{0.5} = \begin{cases} X_{(\frac{n+1}{2})} & \text{si } n \text{ es impar} \\ \frac{X_{(n/2)} + X_{(n/2+1)}}{2} & \text{si } n \text{ es par} \end{cases}. \quad (2)$$

En Fig. 1 la estimación de la mediana en distintos grupos acompañados de su estimación de incertidumbre.

2. LA IDEA DEL BOOTSTRAP

Como explicamos, el problema que tenemos ahora es que normalmente sólo tenemos una muestra, así que no es posible calcular las distribuciones de muestreo como hicimos arriba y evaluar qué tan preciso es nuestro estimador. Sin embargo, podemos hacer lo siguiente:

Supongamos que tenemos una muestra X_1, X_2, \dots, X_n independientes de alguna población desconocida y un estimador $T = t(X_1, \dots, X_n)$

Mundo poblacional

1. Si tuviéramos la distribución poblacional, simulamos muestras iid para

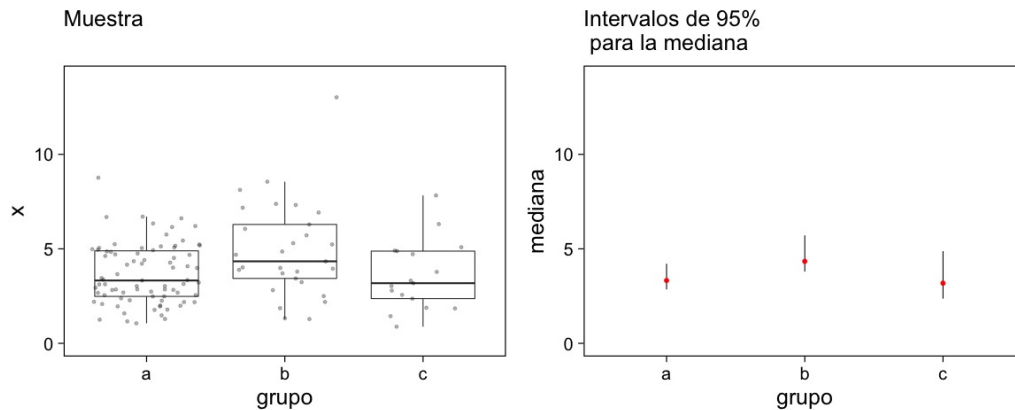


FIGURA 1. Estimación de mediana (panel izquierdo) con intervalos de incertidumbre (panel derecho).

aproximar la distribución de muestreo de nuestro estimador, y así entender su variabilidad.

1. Pero **no** tenemos la distribución poblacional.
2. **Sin embargo, podemos estimar la distribución poblacional con nuestros valores muestrales.**

Mundo bootstrap

1. Si usamos la estimación del inciso 3, entonces usando el inciso 1 podríamos

tomar muestras de nuestros datos muestrales, como si fueran de la población, y usando el mismo tamaño de muestra. El muestreo lo hacemos con reemplazo de manera que produzcamos muestras independientes de la misma "población estimada", que es la muestra.

1. Evaluamos nuestra estadística en cada una de estas remuestras.
2. A la distribución resultante le llamamos **distribución bootstrap** o

distribución de remuestreo del estimador.

1. Usamos la distribución bootstrap de la muestra para estimar la variabilidad

en nuestra estimación con **la muestra original**.

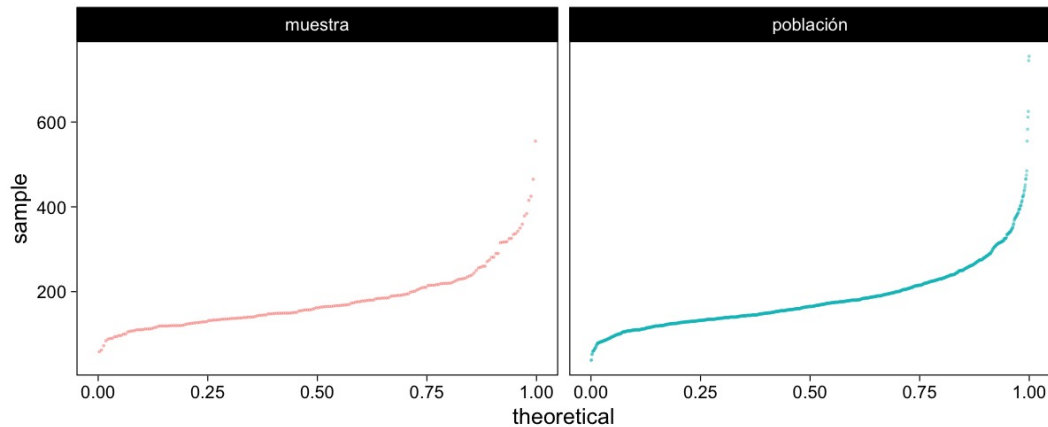
Veamos que sucede para un ejemplo concreto, donde nos interesa estimar la media de los precios de venta de una población de casas. Tenemos nuestra muestra:

```
1 set.seed(2112)
2 poblacion_casas <- read_csv("data/casas.csv")
3 muestra <- sample_n(poblacion_casas, 200, replace = TRUE)
```

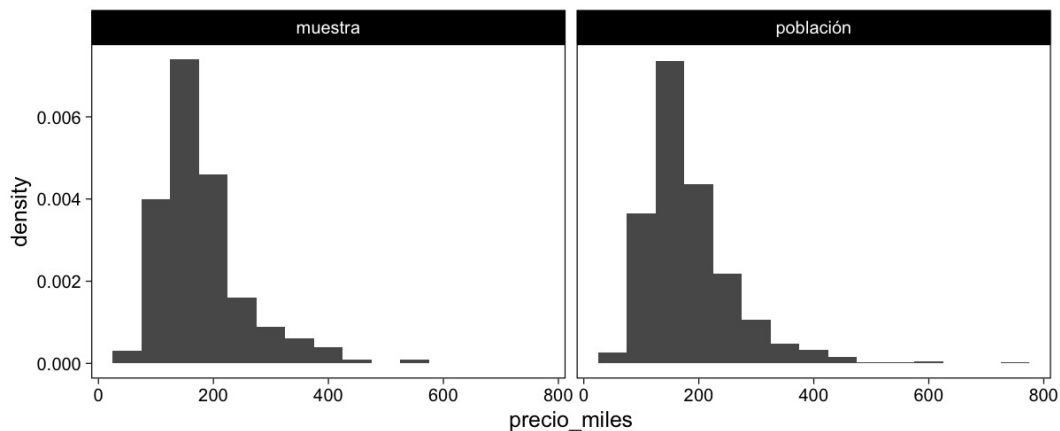
```
1 mean(muestra$precio_miles)
```

```
1 [1] 179.96
```

Esta muestra nos da nuestro estimador de la distribución poblacional. Por ejemplo, podemos fijarnos en un gráfico de cuantiles:



O en histogramas:



Y vemos que la aproximación es razonable en las partes centrales de la distribución.

Ahora supongamos que nos interesa cuantificar la precisión de nuestra estimación de la media poblacional de precios de casas, y usaremos la media muestral para hacer esto. Para nuestra muestra, nuestra estimación puntual es:

```
1 media <- mean(muestra$precio_miles)
2 media
```

```
1 [1] 179.96
```

Y recordamos que para aproximar la distribución de muestreo podíamos muestrear repetidamente la población y calcular el valor del estimador en cada una de estas muestras. Aquí no tenemos la población, **pero tenemos una estimación de la población**: la muestra obtenida.

Así que para evaluar la variabilidad de nuestro estimador, entramos en el mundo bootstrap, y consideramos que la población es nuestra muestra.

Podemos entonces extraer un número grande de muestras con reemplazo de tamaño 200 **de la muestra**: el muestreo debe ser análogo al que se tomó para nuestra muestra original. Evaluamos nuestra estadística (en este caso la media) en cada una de estas remuestras:

```
1 media_muestras <- map_dbl(1:1000, ~ muestra %>%
2   sample_n(200, replace = T) %>%
```

```

3     summarise(media_precio = mean(precio_miles), .groups = "drop") %>%
4     pull(media_precio))
5 media_muestras[1:10]

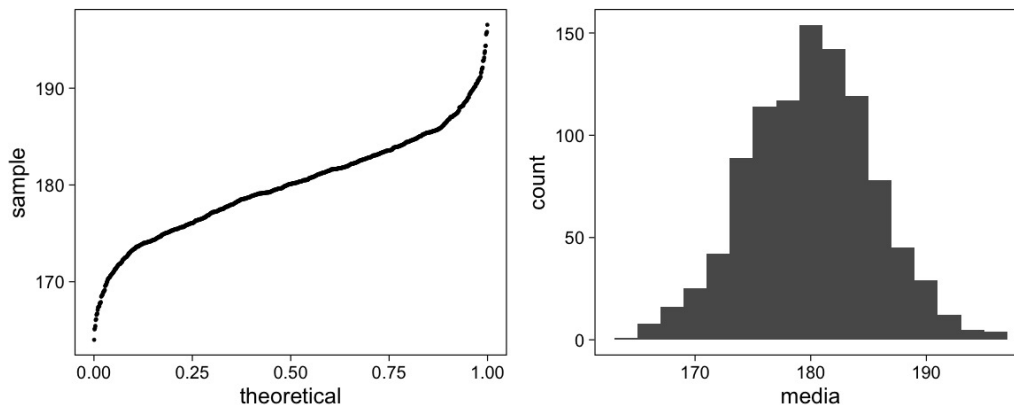
```

```

1 [1] 176.38 175.96 175.91 176.35 177.77 186.78 179.23 181.62 175.07 177.13

```

Y nuestra estimación de la distribución de muestreo para la media es entonces:



A esta le llamamos la distribución de remuestreo de la media, que definimos más abajo. Ahora podemos calcular un intervalo de confianza del 90\calculando los cuantiles de esta distribución (no son los cuantiles de la muestra original!):

```

1 limites_ic <- quantile(media_muestras, c(0.05, 0.95)) %>% round
2 limites_ic

```

```

1 5% 95%
2 171 189

```

Otra cosa que podríamos hacer para describir la dispersión de nuestro estimador es calcular el error estándar de remuestreo, que estima el error estándar de la distribución de muestreo:

```

1 ee_boot <- sd(media_muestras)
2 round(ee_boot, 2)

```

```

1 [1] 5.4

```

2.0.1. Definición: Sea X_1, X_2, \dots, X_n una muestra independiente y idénticamente distribuida, y $T = t(X_1, X_2, \dots, X_n)$ una estadística. Supongamos que sus valores que observamos son x_1, x_2, \dots, x_n .

La **distribución de remuestreo** de T es la distribución de $T^* = t(X_1^*, X_2^*, \dots, X_n^*)$, donde cada X_i^* se obtiene tomando al azar uno de los valores de x_1, x_2, \dots, x_n .

Otra manera de decir esto es que la remuestra $X_1^*, X_2^*, \dots, X_n^*$ es una muestra con reemplazo de los valores observados x_1, x_2, \dots, x_n

2.0.2. *Ejemplo:* Si observamos la muestra

```
1 muestra ← sample(1:20, 5)
2 muestra
```

```
1 [1] 15 16 8 6 2
```

Una remuestra se obtiene:

```
1 sample(muestra, size = 5, replace = TRUE)
```

```
1 [1] 2 15 2 15 2
```

Nótese que algunos valores de la muestra original pueden aparecer varias veces, y otros no aparecen del todo.

2.1. Nota

La idea del bootstrap. La muestra original es una aproximación de la población de donde fue extraída. Así que remuestrear la muestra aproxima lo que pasaría si tomáramos muestras de la población. La **distribución de remuestreo** de una estadística, que se construye tomando muchas remuestras, aproxima la distribución de muestreo de la estadística.

Y el proceso que hacemos es:

2.1.1. *Remuestreo para una población:* Dada una muestra de tamaño n de una población,

1. Obtenemos una remuestra de tamaño n con reemplazo de la muestra original
2. Repetimos este remuestreo muchas veces (por ejemplo, 10,000).
3. Construimos la distribución bootstrap, y examinamos sus características

(dónde está centrada, dispersión y forma).

3. EL PRINCIPIO DE PLUG-IN

La idea básica detrás del *bootstrap* es el principio de *plug-in* para estimar parámetros poblacionales: si queremos estimar una cantidad poblacional, calculamos esa cantidad poblacional con la muestra obtenida. Es un principio común en estadística.

Por ejemplo, si queremos estimar la media o desviación estándar poblacional, usamos la media muestral o la desviación estándar muestral. Si queremos estimar un cuantil de la población usamos el cuantil correspondiente de la muestra, y así sucesivamente.

En todos estos casos, lo que estamos haciendo es:

- Tenemos una fórmula para la cantidad poblacional de interés en términos de la distribución poblacional.

- Tenemos una muestra, que usamos para estimar la cantidad poblacional. La distribución que da una muestra se llama distribución **empírica**.

- Construimos nuestro estimador “enchufando” la distribución empírica de la muestra en la fórmula del estimador.

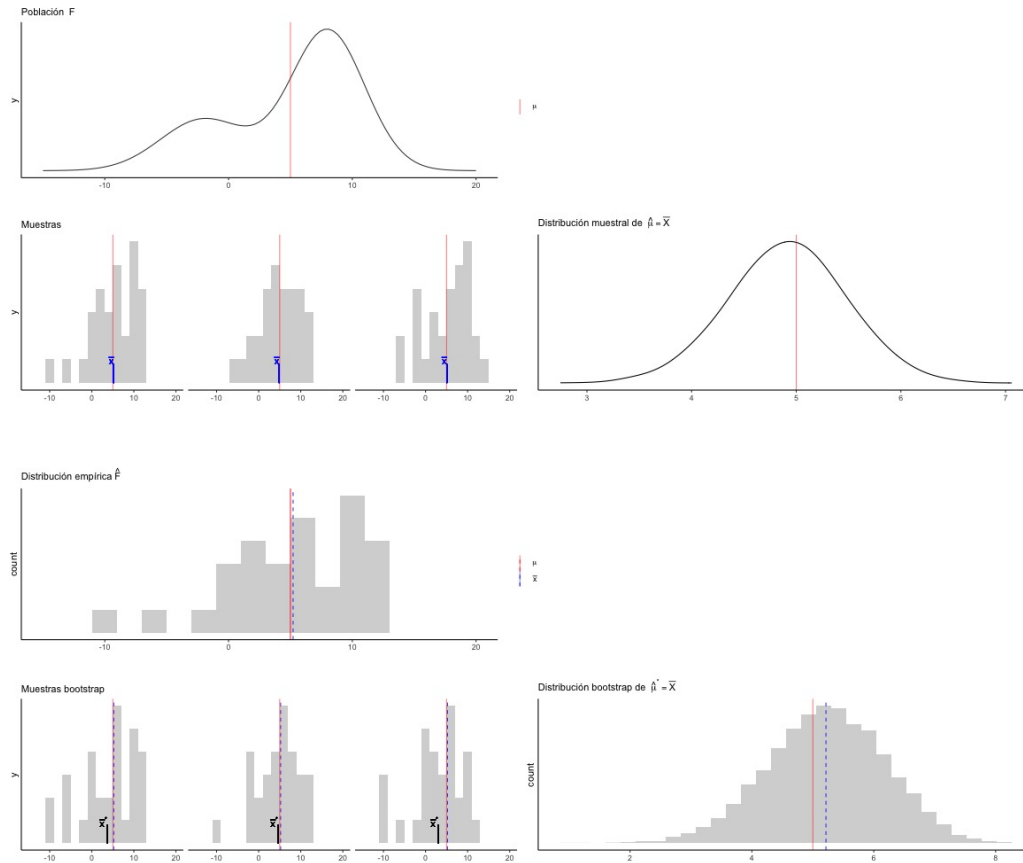
En el bootstrap aplicamos este principio simple a la **distribución de muestreo**:

■ Si tenemos la **población**, podemos **calcular** la distribución de muestreo de nuestro estimador tomando muchas muestras de la **población**.

- Estimamos la **población** con la **muestra** y enchufamos en la frase anterior:
- Podemos **estimar** la distribución de muestreo de nuestro estimador

tomando muchas muestras de la **muestra** (bootstrap).

Nótese que el proceso de muestreo en el último paso **debe ser el mismo** que se usó para tomar la muestra original. Estas dos imágenes simuladas con base en un ejemplo de [1] muestran lo que acabamos de describir:



3.1. Observación:

Veremos ejemplos más complejos, pero nótese que si la muestra original son observaciones independientes obtenidas de la distribución poblacional, entonces logramos esto en las remuestras tomando observaciones con reemplazo de la muestra. Igualmente, las remuestras deben ser del mismo tamaño que la muestra original.

3.1.1. Ejercicio:

- ¿Porqué no funcionaría tomar muestras sin reemplazo? Piensa si hay independencia entre las observaciones de la remuestra, y cómo serían las remuestras sin reemplazo.
- ¿Por qué no se puede hacer bootstrap si no conocemos cómo se obtuvo la muestra original?

3.2. Observación

Estos argumentos se pueden escribir con fórmulas usando por ejemplo la función de distribución acumulada F de la población y su estimador, que es la función empírica \hat{F} , como en [2]. Si $\theta = t(F)$ es una cantidad poblacional que queremos estimar, su estimador *plug-in* es $\hat{\theta} = t(\hat{F})$.

3.3. Observación

La distribución empírica \hat{F} es un estimador razonable de la distribución poblacional F , pues por el teorema de Glivenko-Cantelli ([3], o [aquí](#)), \hat{F} converge a F cuando el tamaño de muestra $n \rightarrow \infty$, lo cual es intuitivamente claro.

3.4. Ejemplo

En el siguiente ejemplo (tomadores de té), podemos estimar la proporción de tomadores de té que prefiere el té negro usando nuestra muestra:

```
1 te <- read_csv("data/tea.csv") >
2 rowid_to_column() >
3 select(rowid, Tea, sugar)

1 te >
2 mutate(negro = ifelse(Tea == "black", 1, 0)) >
3 summarise(prop_negro = mean(negro), n = length(negro), .groups = "drop")

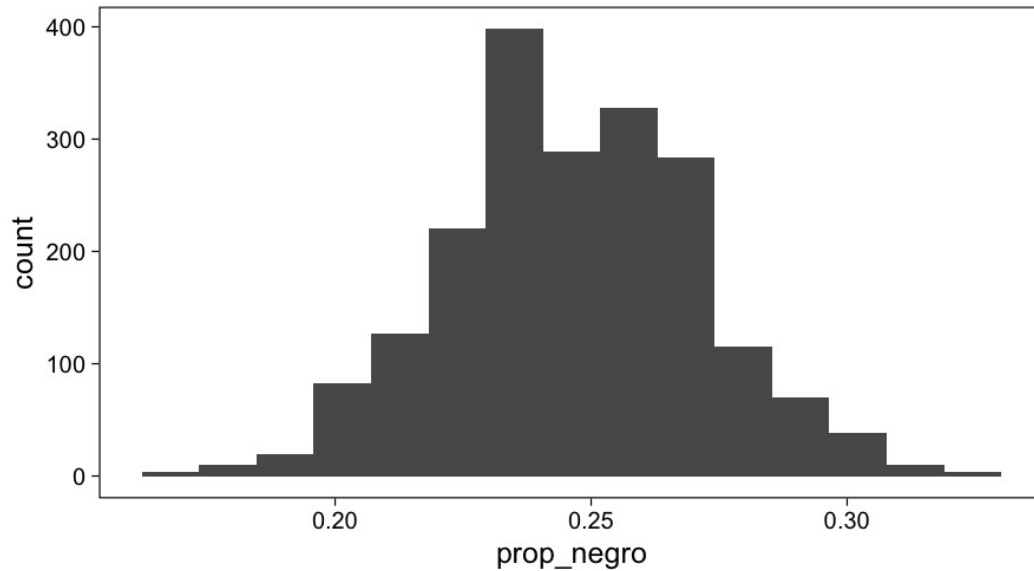
1 # A tibble: 1 × 2
2   prop_negro      n
3   <dbl> <int>
4 1      0.247   300
```

¿Cómo evaluamos la precisión de este estimador? Supondremos que el estudio se hizo tomando una muestra aleatoria simple de tamaño 300 de la población de tomadores de té que nos interesa. Podemos entonces usar el bootstrap:

```
1 ## paso 1: define el estimador
2 calc_estimador <- function(datos){
3   prop_negro <- datos >
4   mutate(negro = ifelse(Tea == "black", 1, 0)) >
5   summarise(prop_negro = mean(negro), n = length(negro), .groups = "drop") >
6   pull(prop_negro)
7   prop_negro
8 }

1 ## paso 2: define el proceso de remuestreo
2 muestra_boot <- function(datos){
3   ## tomar muestra con reemplazo del mismo tamaño
4   sample_n(datos, size = nrow(datos), replace = TRUE)
5 }

1 # paso 3: remuestrea y calcula el estimador
2 prop_negro_tbl <- map_dbl(1:2000, ~ calc_estimador(muestra_boot(datos = te)))
3   %>%
4   tibble(prop_negro = .)
```

Y podemos evaluar varios aspectos, por ejemplo dónde está centrada y qué tan dispersa es la distribución bootstrap:

```
1 prop_negro_tbl >
2   summarise(media = mean(prop_negro),
3             sesgo = mean(prop_negro) - 0.2499,
4             ee = sd(prop_negro),
5             cuantil_75 = quantile(prop_negro, 0.75),
6             cuantil_25 = quantile(prop_negro, 0.25),
7             .groups = "drop") >
8   mutate(across(where(is.numeric), round, 3)) >
9   pivot_longer(cols = everything())
```

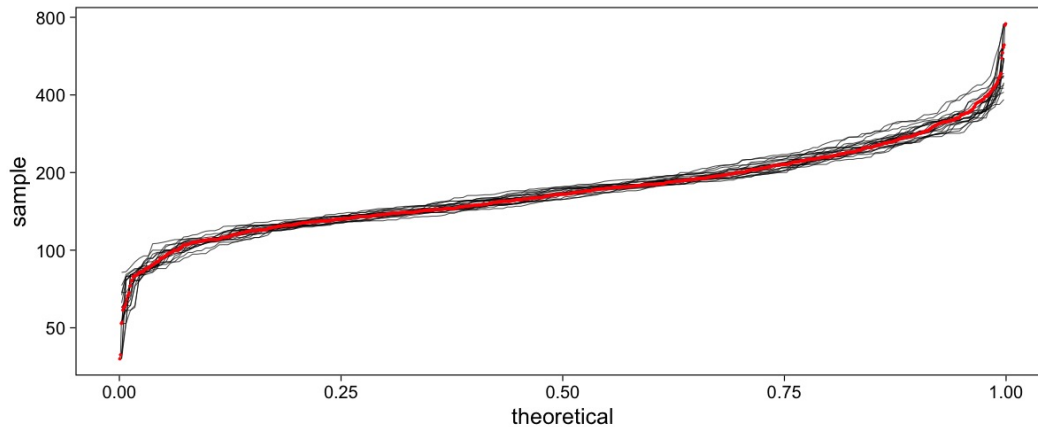
```
1 # A tibble: 5 × 2
2   name      value
3   <chr>    <dbl>
4 1 media      0.246
5 2 sesgo     -0.003
6 3 ee         0.025
7 4 cuantil_75 0.263
8 5 cuantil_25 0.23
```

4. PROPIEDADES DISTRIBUCIÓN BOOTSTRAP

Usaremos la distribución *bootstrap* principalmente para evaluar la variabilidad de nuestros estimadores (y también otros aspectos como sesgo) estimando la dispersión de la distribución de muestreo. Sin embargo, es importante notar que no la usamos, por ejemplo, para saber dónde está centrada la distribución de muestreo, o para "mejorar" la estimación remuestreando.

4.1. Ejemplo

En nuestro ejemplo, podemos ver varias muestras (por ejemplo 20) de tamaño 200, y vemos cómo se ve la aproximación a la distribución de la población:



Podemos calcular las distribuciones de remuestreo para cada muestra bootstrap, y compararlas con la distribución de muestreo real.

```

1  ## paso 1: define el estimador
2  calc_estimador <- function(datos){
3    media_precio <- datos %>%
4      summarise(media = mean(precio_miles), .groups = "drop") %>%
5      pull(media)
6    media_precio
7  }

```

```

1  ## paso 2: define el proceso de remuestreo
2  muestra_boot <- function(datos, n = NULL){
3    ## tomar muestra con reemplazo del mismo tamaño
4    if(is.null(n)){
5      m <- sample_n(datos, size = nrow(datos), replace = TRUE)}
6    else {
7      m <- sample_n(datos, size = n, replace = TRUE)
8    }
9    m
10 }

```

```

1  dist_boot <- datos_sim >
2    filter(tipo == "muestras") >
3    select(precio_miles, rep) >
4    group_by(rep) > nest() >
5    mutate(precio_miles = map(data, function(data){
6      tibble(precio_miles = map_dbl(1:1000, ~ calc_estimador(muestra_boot(data))
7    }))) >
8    select(rep, precio_miles) >
9    unnest()

```

```

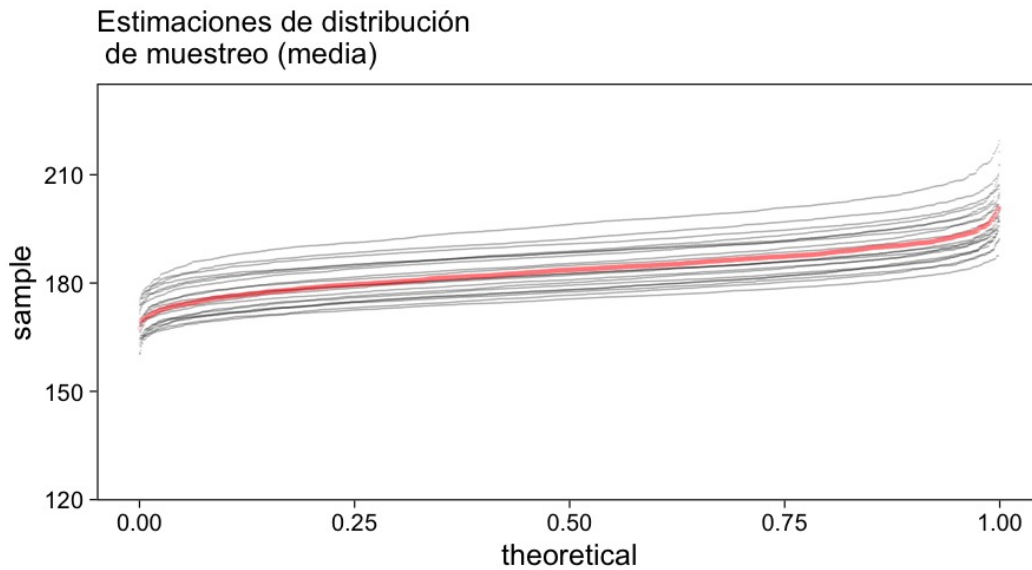
1  dist_muestreo <- datos_sim >
2    filter(tipo == "población") >
3    group_by(rep) > nest() >
4    mutate(precio_miles = map(data, function(data){
5      tibble(precio_miles = map_dbl(1:1000, ~ calc_estimador(muestra_boot(data,
6      n = 200))))
7    }))) >

```

```

7 select(rep, precio_miles) >
8 unnest()

```



Obsérvese que:

- En algunos casos la aproximación es mejor que en otros (a veces la muestra tiene valores ligeramente más altos o más bajos).
- La dispersión de cada una de estas distribuciones bootstrap es similar a la de la verdadera distribución de muestreo (en rojo), pero puede estar desplazada dependiendo de la muestra original que utilizamos.
- Adicionalmente, los valores centrales de la distribución de bootstrap tienden a cubrir el verdadero valor que buscamos estimar, que es:

```

1 poblacion_casas >
2 summarise(media = mean(precio_miles), .groups = "drop")

```

```

1 # A tibble: 1 × 1
2   media
3   <dbl>
4 1  183.

```

4.2. Variación en distribución bootstrap

En el proceso de estimación bootstrap hay dos fuentes de variación pues:

- La muestra original se selecciona con aleatoriedad de una población.
- Las muestras *bootstrap* se seleccionan con aleatoriedad de la muestra

original. Esto es, la estimación bootstrap ideal es un resultado asintótico $B = \infty$, en este caso \hat{e}_B iguala la estimación *plug-in* \hat{e}_{P_n} .

En el proceso de **bootstrap** podemos controlar la variación del segundo aspecto, conocida como **implementación de muestreo Monte Carlo**, y la variación Monte Carlo decrece conforme incrementamos el número de muestras.

Podemos eliminar la variación Monte Carlo si seleccionamos todas las posibles muestras con reemplazo de tamaño n , hay $\binom{2n-1}{n}$ posibles muestras y si seleccionamos todas obtenemos \hat{e}_∞ (bootstrap ideal), sin embargo, en la mayor parte de los problemas no es factible proceder así.

En la siguiente gráfica mostramos 6 posibles muestras de tamaño 50 simuladas de la población, para cada una de ellas se graficó la distribución empírica y se realizan histogramas de la distribución bootstrap con $B = 30$ y $B = 1000$, en cada caso hacemos dos repeticiones, notemos que cuando el número de muestras bootstrap es grande las distribuciones bootstrap son muy similares (para una muestra de la población dada), esto es porque disminuimos el error Monte Carlo. También vale la pena recalcar que la distribución bootstrap está centrada en el valor observado en la muestra (línea azul punteada) y no en el valor poblacional sin embargo la forma de la distribución es similar a lo largo de las filas.



Entonces, ¿cuántas muestras bootstrap?

1. Incluso un número chico de replicaciones bootstrap, digamos $B = 25$ es informativo, y $B = 50$ con frecuencia es suficiente para dar una buena estimación de $ee_P(\hat{\theta})$ ([2]).
2. Cuando se busca estimar error estándar ([1]) recomienda $B = 1000$ muestras, o $B = 10,000$ muestras dependiendo la precisión que se busque.

5. ERROR ESTÁNDAR BOOTSTRAP E INTERVALOS NORMALES

Ahora podemos construir nuestra primera versión de intervalos de confianza basados en la distribución bootstrap.

- Supongamos que queremos estimar una cantidad poblacional θ con una estadística $\hat{\theta} = t(X_1, \dots, X_n)$, donde X_1, \dots, X_n es una muestra independiente e idénticamente distribuida de la población.
- Suponemos además que la distribución muestral de $\hat{\theta}$ es aproximadamente normal (el teorema central del límite aplica), y está centrada en el verdadero valor poblacional θ .

Ahora queremos construir un intervalo que tenga probabilidad 95\valor poblacional θ . Tenemos que

$$P(-2ee(\hat{\theta}) < \hat{\theta} - \theta < 2ee(\hat{\theta})) \approx 0.95, \quad (3)$$

por las propiedades de la distribución normal ($P(-2\sigma < X - \mu < 2\sigma) \approx 0.95$ si X es normal con media μ y desviación estándar σ). Entonces

$$P(\hat{\theta} - 2ee(\hat{\theta}) < \theta < \hat{\theta} + 2ee(\hat{\theta})) \approx 0.95. \quad (4)$$

Es decir, la probabilidad de que el verdadero valor poblacional θ esté en el intervalo

$$[\hat{\theta} - 2ee(\hat{\theta}), \hat{\theta} + 2ee(\hat{\theta})]$$

es cercano a 0.95. En este intervalo no conocemos el error estándar (es la desviación estándar de la distribución de muestreo de $\hat{\theta}$), y aquí es donde entra la distribución bootstrap, que aproxima la distribución de muestreo. Lo estimamos con

$$\hat{ee}_{\text{boot}}(\hat{\theta}), \quad (5)$$

que es la desviación estándar de la **distribución bootstrap**.

5.0.1. Definición: El **error estándar bootstrap** $\hat{ee}_{\text{boot}}(\hat{\theta})$ se define como la desviación estándar de la distribución bootstrap de θ . El **intervalo de confianza normal bootstrap** al 95 % está dado por

$$[\hat{\theta} - 2ee(\hat{\theta}), \hat{\theta} + 2ee(\hat{\theta})]. \quad (6)$$

Nótese que hay varias cosas que checar aquí: que el teorema central del límite aplica y que la distribución de muestreo de nuestro estimador está centrado en el valor verdadero. Esto en algunos casos se puede demostrar usando la teoría, pero más abajo veremos comprobaciones empíricas.

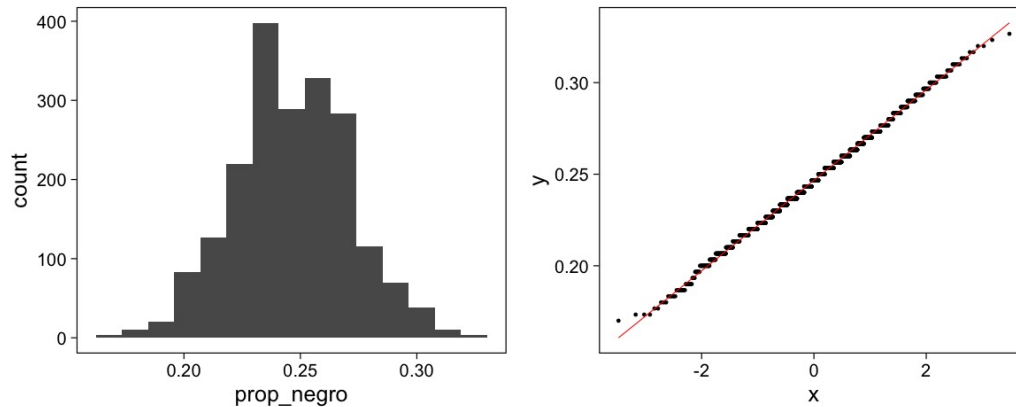
5.1. Ejemplo

Consideremos la estimación que hicimos de el porcentaje de tomadores de té que toma té negro:

```
1 ## paso 1: define el estimador
2 calc_estimador <- function(datos){
3   prop_negro <- datos %>%
4     mutate(negro = ifelse(Tea == "black", 1, 0)) %>%
5     summarise(prop_negro = mean(negro), n = length(negro)) %>%
6     pull(prop_negro)
7   prop_negro
8 }
9 prop_hat <- calc_estimador(te)
10 prop_hat %>% round(2)
```

```
1 [1] 0.25
```

Podemos graficar su distribución bootstrap —la cual simulamos arriba—.



Y notamos que la distribución *bootstrap* es aproximadamente normal. Adicionalmente, vemos que el sesgo tiene un valor estimado de:

```
1 media_boot <- prop_negro_tbl %>% pull(prop_negro) %>% mean
2 media_boot - prop_hat
```

```
1 [1] -0.00021333
```

De esta forma, hemos verificado que:

- La distribución *bootstrap* es aproximadamente normal (ver gráfica de cuantiles normales);
- La distribución *bootstrap* es aproximadamente insesgada.

Lo cual nos lleva a construir intervalos de confianza basados en la distribución normal. Estimamos el error estándar con la desviación estándar de la distribución *bootstrap*

```
1 ee_boot <- prop_negro_tbl %>% pull(prop_negro) %>% sd
2 ee_boot
```

```
1 [1] 0.024537
```

y construimos un intervalo de confianza del 95 %:

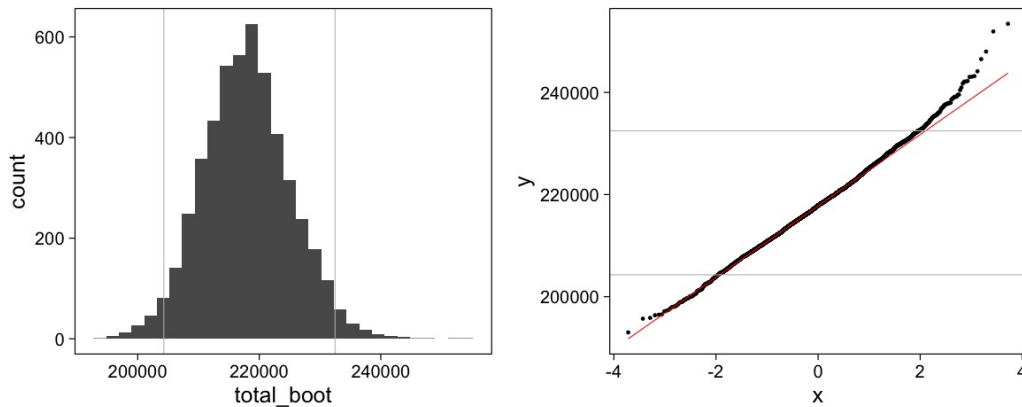
```
1 intervalo_95 <- c(prop_hat - 2 * ee_boot, prop_hat + 2 * ee_boot)
2 intervalo_95 %>% round(3)
```

```
1 [1] 0.198 0.296
```

Este intervalo tiene probabilidad del 95 % de capturar al verdadero poblacional.

6. INVENTARIOS DE CASAS VENDIDAS

Ahora consideremos el problema de estimar el total del valor de las casas vendidas en un periodo. Tenemos una muestra de tamaño $n = 150$:



En este caso, distribución de muestreo presenta cierta asimetría, pero la desviación no es grande. En la parte central la aproximación normal es razonable. Procedemos a checar sesgo

```
1 total_est <- calc_estimador_casas(muestra_casas)
2 sesgo <- mean(totales_boot$total_boot) - total_est
3 sesgo
```

```
1 [1] 110.09
```

Este número puede parecer grande, pero sí calculamos la desviación relativa con respecto al estimador vemos que es chico en la escala de la distribución bootstrap:

```
1 sesgo_relativo <- sesgo / total_est
2 sesgo_relativo
```

```
1 [1] 0.00050537
```

De forma que procedemos a construir intervalos de confianza como sigue :

```
1 ee_boot <- sd(totales_boot$total_boot)
2 c(total_est - 2*ee_boot, total_est + 2*ee_boot)
```

```
1 [1] 203367 232297
```

Que está en miles de dólares. En millones de dólares, este intervalo es:

```
1 intervalo_total <- c(total_est - 2*ee_boot, total_est + 2*ee_boot) / 1000
2 intervalo_total > round(4)
```

```
1 [1] 203.37 232.30
```

6.0.1. *Nota:* en este ejemplo mostraremos una alternativa de intervalos de confianza que es más apropiado cuando observamos asimetría. Sin embargo, primero tendremos que hablar de dos conceptos clave con respecto a intervalos de confianza: calibración e interpretación.

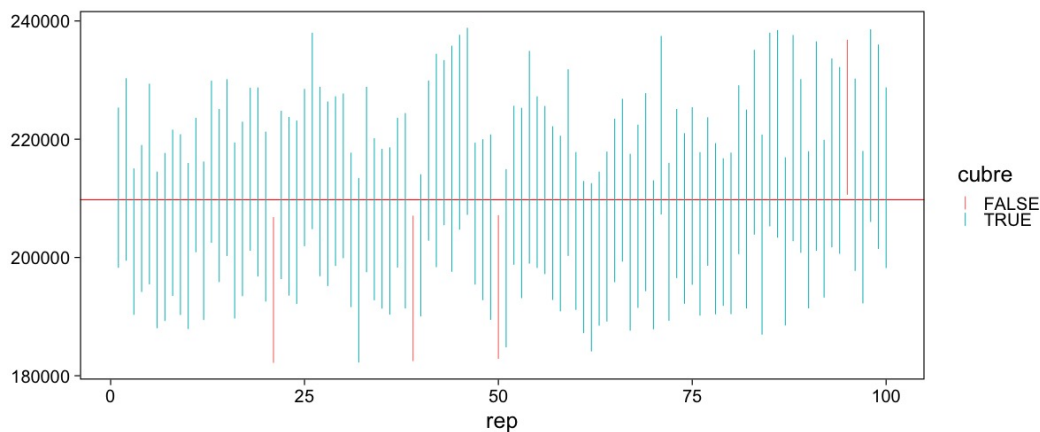
7. CALIBRACIÓN DE INTERVALOS DE CONFIANZA

¿Cómo sabemos que nuestros intervalos de confianza del 95 % nominal tienen cobertura real de 95 %? Es decir, tenemos que checar:

- El procedimiento para construir intervalos debe dar intervalos tales

que el valor poblacional está en el intervalo de confianza para 95 % de las muestras.

Como solo tenemos una muestra, la calibración depende de argumentos teóricos o estudios de simulación previos. Para nuestro ejemplo de casas tenemos la población, así que podemos checar qué cobertura real tienen los intervalos normales:



La cobertura para estos 100 intervalos simulados da

```
1 total <- sum(poblacion_casas$precio_miles)
2 sims_tbl %>%
3   summarise(cobertura = mean(cubre))
```

```
1 # A tibble: 1 × 1
2   cobertura
3   <dbl>
4 1      0.96
```

que es **consistente** con una cobertura real del 95 % (¿qué significa consistente? ¿Cómo puedes checarlo con el *bootstrap*?)

7.0.1. *Observación:* En este caso teníamos la población real, y pudimos verificar la cobertura de nuestros intervalos. En general no la tenemos. Estos ejercicios de simulación se pueden hacer con poblaciones sintéticas que se generen con las características que creemos va a tener nuestra población (por ejemplo, sesgo, colas largas, etc.).

En general, no importa qué tipo de estimadores o intervalos de confianza usemos, requerimos checar la calibración. Esto puede hacerse con ejercicios de simulación con poblaciones sintéticas y tanto los procedimientos de muestreo como los tamaños de muestra que nos interesa usar.

Verificar la cobertura de nuestros intervalos de confianza por medio simulación está bien estudiado para algunos casos. Por ejemplo, cuando trabajamos con estimaciones para poblaciones teóricas. En general sabemos que los procedimientos funcionan bien en casos:

- con distribuciones simétricas que tengan colas no muy largas;
- estimación de proporciones donde no tratamos con casos raros o casos seguros (probabilidades cercanas a 0 o 1).

8. INTERPRETACIÓN INTERVALOS DE CONFIANZA

Como hemos visto, "intervalo de confianza" (de 90 % de confianza, por ejemplo) es un término **frecuentista**, que significa:

- **Cada muestra produce un intervalo distinto.** Para el 90 % de las muestras posibles, el intervalo cubre al valor poblacional.
- La afirmación es **sobre el intervalo y el mecanismo para construirlo.**
- Así que con **alta probabilidad**, el intervalo contiene el valor poblacional.
- Intervalos más anchos nos dan más incertidumbre acerca de dónde está el verdadero valor poblacional (y al revés para intervalos más angostos).

Existen también "intervalos de credibilidad" (de 90 % de probabilidad, por ejemplo), que se interpretan de forma **bayesiana**:

- Con 90 % de probabilidad (relativamente alta), creemos que el valor poblacional está dentro del intervalo de credibilidad.

Esta última interpretación es más natural. Obsérvese que para hablar de intervalos de confianza frecuentista tenemos que decir:

- Este intervalo particular cubre o no al verdadero valor, pero nuestro procedimiento produce intervalos que contiene el verdadero valor para el 90 % de las muestras.
- Esta es una interpretación relativamente débil, y muchos intervalos poco útiles pueden satisfacerla.
- La interpretación bayesiana es más natural porque expresa más claramente incertidumbre acerca del valor poblacional.

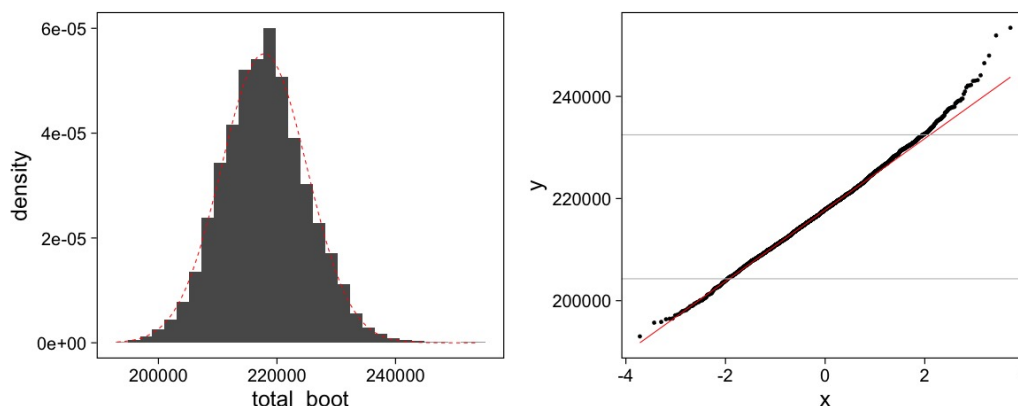
Sin embargo,

- La interpretación frecuentista nos da maneras empíricas de probar si los intervalos de confianza están bien calibrados o no: es un mínimo que "intervalos del 90 %" deberían satisfacer.

Así que tomamos el punto de vista bayesiano en la interpretación, pero buscamos que nuestros intervalos cumplan o aproximen bien garantías frecuentistas (discutimos esto más adelante). Los intervalos que producimos en esta sección pueden interpretarse de las dos maneras.

9. INTERVALOS BOOTSTRAP DE PERCENTILES

Retomemos nuestro ejemplo del valor total del precio de las casas. A través de remuestras bootstrap hemos verificado gráficamente que la distribución de remuestreo es **ligeramente** asimétrica (ver la figura de abajo).



Anteriormente hemos calculado intervalos de confianza basados en supuestos normales por medio del error estándar. Este intervalo está dado por

```
1 intervalo_total %>% round(1)
```

```
1 [1] 203.4 232.3
```

y por construcción sabemos que es simétrico con respecto al valor estimado, pero como podemos ver la distribución de muestreo no es simétrica, lo cual podemos confirmar por ejemplo calculando el porcentaje de muestras bootstrap que caen por arriba y por debajo del intervalo construido:

```
1 totales_boot %>%
2   mutate(upper = total_boot ≥ max(intervalo_total * 1000),
3          lower = total_boot ≤ min(intervalo_total * 1000)) %>%
4   summarise(prop_inf = mean(lower),
5             prop_sup = mean(upper))
```

```
1 # A tibble: 1 × 2
2   prop_inf prop_sup
3   <dbl>    <dbl>
4 1    0.0192    0.026
```

los cuales se han calculado como el porcentaje de medias bootstrap por debajo (arriba) de la cota inferior (superior), y vemos que no coinciden con el nivel de confianza preestablecido (2.5 % para cada extremo).

Otra opción común que se usa específicamente cuando la distribución bootstrap no es muy cercana a la normal son los intervalos de percentiles bootstrap:

9.0.1. Definición: El **intervalo de percentiles bootstrap** al 95 % de confianza está dado por

$$[q_{0.025}, q_{0.975}], \quad (7)$$

donde q_f es el percentil f de la distribución bootstrap.

Otros intervalos comunes son el de 80 % o 90 % de confianza, por ejemplo, que corresponden a $[q_{0.10}, q_{0.90}]$ y $[q_{0.05}, q_{0.95}]$. **Ojo:** intervalos de confianza muy alta (por ejemplo 99.5 %) pueden

tener mala calibración o ser muy variables en su longitud pues dependen del comportamiento en las colas de la distribución.

Para el ejemplo de las casas, calcularíamos simplemente

```
1 intervalo_95 <- totales_boot %>% pull(total_boot) %>% quantile(., probs = c
  (0.025, 0.975)) / 1000
2 (intervalo_95) %>% round(1)
```

```
1 2.5% 97.5%
2 204.3 232.5
```

que está en millones de dólares. Nótese que es similar al intervalo de error estándar.

Otro punto interesante sobre los intervalos *bootstrap* de percentiles es que lidian naturalmente con la asimetría de la distribución bootstrap. Ilustramos esto con la distancia de los extremos del intervalo con respecto a la media:

```
1 abs(intervalo_95 - total_est/1000)
```

```
1 2.5% 97.5%
2 13.539 14.647
```

Los intervalos de confianza nos permiten presentar un rango de valores posibles para el parámetro de interés. Esto es una notable diferencia con respecto a presentar sólo un candidato como estimador. Nuestra fuente de información son los datos. Es por esto que si vemos valores muy chicos (grandes) en nuestra muestra, el intervalo se tiene que extender a la izquierda (derecha) para compensar dichas observaciones.

9.0.2. Ejercicio: Explica por qué cuando la aproximación normal es apropiada, el intervalo de percentiles al 95 % es muy similar al intervalo normal de 2 errores estándar.

9.1. Ejemplo

Consideramos los datos de propinas. Queremos estimar la media de cuentas totales para la comida y la cena. Podemos hacer bootstrap de cada grupo por separado:

```
1 ## en este ejemplo usamos rsample, pero puedes escribir tu propio código
2 library(rsample)
3 propinas <- read_csv("data/propinas.csv", progress = FALSE)
4 propinas
```

```
1 Rows: 244 Columns: 6
2 Column specification
3 Delimiter: ","
4 chr (3): fumador, dia, momento
5 dbl (3): cuenta_total, propina, num_personas
6
7 Use 'spec()' to retrieve the full column specification for this data.
8 Specify the column types or set 'show_col_types = FALSE' to quiet this
  message.
9 # A tibble: 244 × 6
10   cuenta_total propina fumador dia momento num_personas
11   <dbl> <dbl> <chr> <chr> <chr> <dbl>
```

```

12  1      17.0      1.01 No      Dom      Cena      2
13  2      10.3      1.66 No      Dom      Cena      3
14  3      21.0      3.5  No      Dom      Cena      3
15  4      23.7      3.31 No      Dom      Cena      2
16  5      24.6      3.61 No      Dom      Cena      4
17  6      25.3      4.71 No      Dom      Cena      4
18  7      8.77      2     No      Dom      Cena      2
19  8      26.9      3.12 No      Dom      Cena      4
20  9      15.0      1.96 No      Dom      Cena      2
21 10      14.8      3.23 No      Dom      Cena      2
22 # ... with 234 more rows
23 # Use 'print(n = ...)' to see more rows

```

```

1  estimador <- function(split, ...){
2    muestra <- analysis(split) > group_by(momento)
3    muestra >
4      summarise(estimate = mean(cuenta_total), .groups = 'drop') >
5      mutate(term = momento)
6  }
7  intervalo_propinas_90 <- bootstraps(propinas, strata = momento, 1000) >
8    mutate(res_boot = map(splits, estimador)) >
9    int_pctl(res_boot, alpha = 0.10) >
10   mutate(across(where(is.numeric), round, 2))
11  intervalo_propinas_90

```

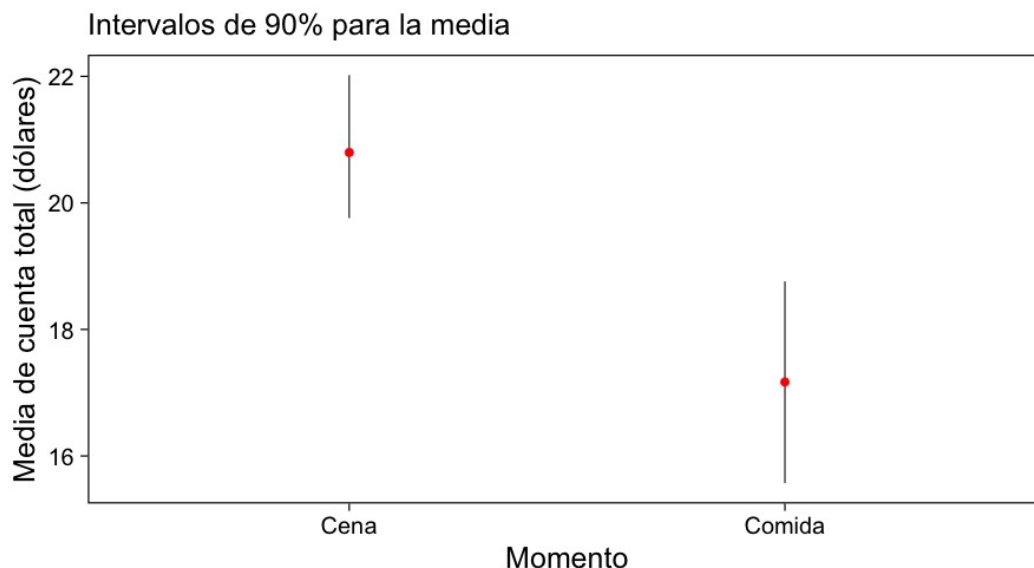
```

1  # A tibble: 2 × 6
2    term    .lower .estimate .upper .alpha .method
3   <chr>   <dbl>     <dbl>  <dbl>  <dbl> <chr>
4 1 Cena     19.8      20.8    22.0    0.1 percentile
5 2 Comida   15.6      17.1    18.8    0.1 percentile

```

Nota: `.estimate` es la media de los valores de la estadística sobre las remuestras, **no** es el estimador original.

De la tabla anterior inferimos que la media en la cuenta en la cena es más grande que la de la comida. Podemos graficar agregando los estimadores *plug-in*:



Nótese que el *bootstrap* lo hicimos por separado en cada momento del día (por eso el argumento `strata` en la llamada a `bootstraps`):

9.1.1. Ejercicio: Justifica el procedimiento de hacer el *bootstrap* separado para cada grupo. ¿Qué supuestos acerca del muestreo se deben satisfacer? ¿Deben ser muestras aleatorias simples de cada momento del día, por ejemplo? ¿Qué harías si no fuera así, por ejemplo, si se escogieron al azar tickets de todos los disponibles en un periodo?

10. BOOSTRAP Y OTRAS ESTADÍSTICAS

El *bootstrap* es una técnica versátil. Un ejemplo son **estimadores de razón**, que tienen la forma

$$\hat{r} = \frac{\bar{y}}{\bar{x}}. \quad (8)$$

Por ejemplo, ¿cómo haríamos estimación para el porcentaje de área habitable de las casas en relación al tamaño del lote? Una manera de estimar esta cantidad es dividiendo la suma del área habitable de nuestra muestra y dividirlo entre la suma del área de los lotes de nuestra muestra, como en la fórmula anterior. Esta fórmula es más difícil pues tanto numerador como denominador tienen variabilidad, y estas dos cantidades no varían independientemente.

Con el *bootstrap* podemos atacar estos problemas.

10.1. Estimadores de razón

Nuestra muestra original es:

```
1 set.seed(250)
2 casas_muestra <- sample_n(poblacion_casas, 200)
3 casas_muestra > as.data.frame() > str()
```

```
1 'data.frame': 200 obs. of 46 variables:
2 $ id : num 1166 855 579 1158 882 ...
3 $ tipo_zona : chr "RL" "RL" "FV" "RL" ...
4 $ frente_lote : num 79 102 34 34 44 81 70 78 64 61 ...
5 $ calle : chr "Pave" "Pave" "Pave" "Pave" ...
6 $ forma_lote : chr "IR1" "Reg" "Reg" "IR1" ...
7 $ nombre_zona : chr "NridgHt" "Sawyer" "Somerst" "NridgHt" ...
8 $ tipo_edificio : chr "1Fam" "1Fam" "TwnhsE" "Twnhs" ...
9 $ estilo : chr "1Story" "1Story" "2Story" "1Story" ...
10 $ calidad_gral : num 7 5 7 7 7 6 5 6 6 5 ...
11 $ condicion_gral : num 5 4 5 5 5 5 5 6 5 7 ...
12 $ ñao_construccion : num 2009 1955 2007 2007 1990 ...
13 $ calidad_exteriores : chr "Gd" "TA" "Gd" "Gd" ...
14 $ material_exteriores : chr "VinylSd" "Wd Sdng" "VinylSd" "VinylSd" ...
15 $ condicion_exteriores : chr "TA" "TA" "TA" "TA" ...
16 $ calidad_sotano : chr "Gd" "TA" "Gd" "Gd" ...
17 $ condicion_sotano : chr "TA" "TA" "TA" "TA" ...
18 $ tipo_sotano : chr "Unf" "ALQ" "Unf" "GLQ" ...
19 $ calefaccion : chr "GasA" "GasA" "GasA" "GasA" ...
20 $ calidad calefaccion : chr "Ex" "TA" "Ex" "Ex" ...
21 $ aire_acondicionado : chr "Y" "Y" "Y" "Y" ...
22 $ ñbaos_completos : num 2 1 2 2 2 1 1 2 2 2 ...
23 $ ñbaos_medios : num 0 1 0 0 1 0 0 0 1 0 ...
24 $ recamaras_sup : num 3 3 2 2 3 3 3 3 3 3 ...
25 $ calidad_cocina : chr "Gd" "TA" "Gd" "Gd" ...
26 $ cuartos_sup : num 7 6 5 6 7 5 6 7 7 5 ...
```

```

27 $ tipo_garage      : chr  "Attchd" "Attchd" "Detchd" "Attchd" ...
28 $ terminado_garage : chr  "RFn" "Unf" "Unf" "RFn" ...
29 $ num_coches       : num  2 2 2 2 2 0 0 2 2 2 ...
30 $ calidad_garage   : chr  "TA" "TA" "TA" "TA" ...
31 $ condicion_garage : chr  "TA" "TA" "TA" "TA" ...
32 $ ñao_venta        : num  2009 2006 2008 2009 2007 ...
33 $ mes_venta        : num  9 7 2 7 4 5 12 6 2 9 ...
34 $ tipo_venta       : chr  "New" "WD" "WD" "WD" ...
35 $ condicion_venta  : chr  "Partial" "Abnorml" "Abnorml" "Normal" ...
36 $ lat              : num  42.1 42 42.1 42.1 42 ...
37 $ long             : num  -93.7 -93.7 -93.6 -93.7 -93.6 ...
38 $ area_sotano_m2   : num  140 164 64 122 107 ...
39 $ area_1er_piso_m2 : num  139.5 165.3 65.3 122.1 110.3 ...
40 $ area_2o_piso_m2  : num  0 0 64 0 49.2 ...
41 $ area_habitable_sup_m2: num  140 165 129 122 160 ...
42 $ area_garage_m2   : num  59.8 42.2 50.2 58.2 37.2 ...
43 $ area_lote_m2     : num  886 1665 335 465 1278 ...
44 $ precio_miles     : num  233 170 146 230 188 ...
45 $ valor_misc_miles : num  0 0 0 0 0 0 0 0 0 0 ...
46 $ precio_m2_miles  : num  1.67 1.03 1.13 1.88 1.18 ...
47 $ precio_m2        : num  1671 1029 1129 1884 1175 ...

```

El estimador de interés es:

```

1 estimador_razon <- function(split, ...){
2   muestra <- analysis(split)
3   muestra >
4     summarise(estimate = sum(area_habitable_sup_m2) / sum(area_lote_m2),
5               .groups = "drop") >
6     mutate(term = "% area del lote construida")
7 }

```

Y nuestra estimación puntual es

```

1 estimador <- muestra_casas >
2   summarise(estimate = sum(area_habitable_sup_m2) / sum(area_lote_m2))
3 estimador

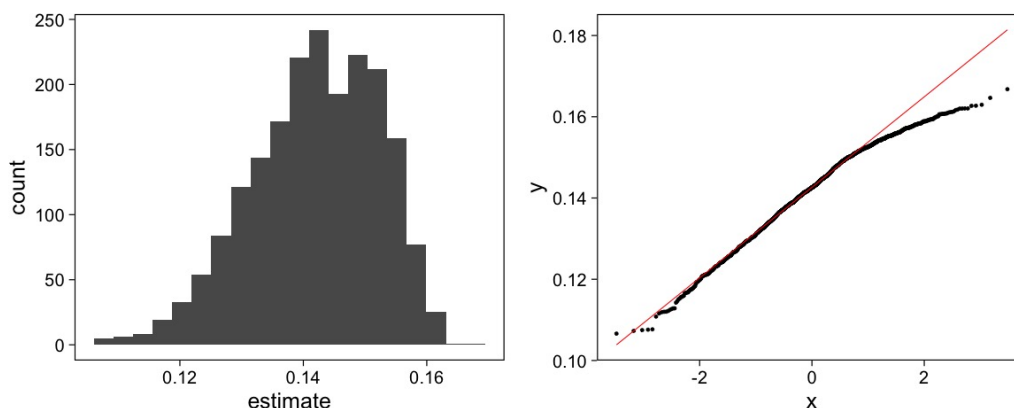
```

```

1 # A tibble: 1 × 1
2   estimate
3   <dbl>
4 1     0.148

```

Es decir que en promedio, un poco más de 15 % del lote total es ocupado por área habitable. Ahora hacemos bootstrap para construir un intervalo:



En este caso la cola derecha parece tener menos dispersión que una distribución normal. Usamos un intervalo de percentiles para obtener:

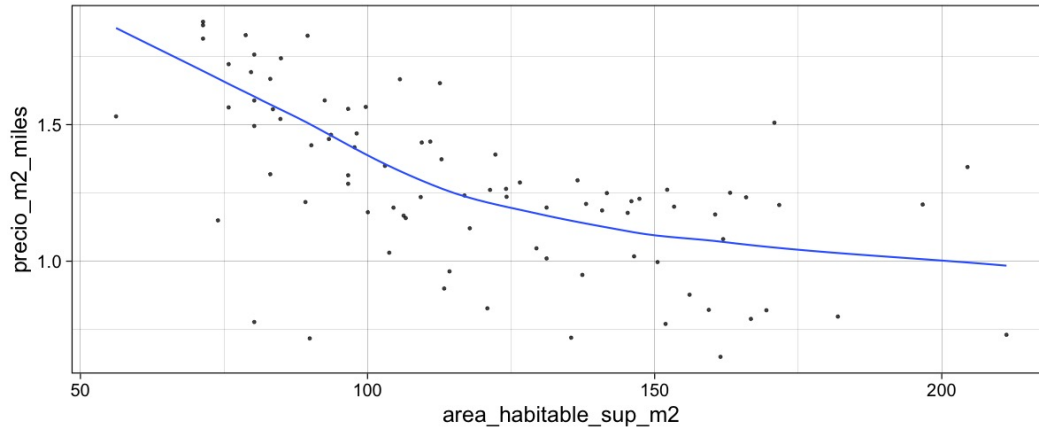
```
1 dist_boot %>% int_pctl(res_boot) %>%
2   mutate(estimador = estimador$estimate) %>%
3   rename(media_boot = .estimate) %>%
4   mutate(bias = media_boot - estimador) %>%
5   pivot_longer(where(is_numeric)) %>%
6   mutate(value = round(value, 3))
```

```
1 # A tibble: 6 × 4
2   term                .method  name      value
3   <chr>              <chr>   <chr>    <dbl>
4 1 % area del lote construida percentile .lower    0.121
5 2 % area del lote construida percentile media_boot 0.142
6 3 % area del lote construida percentile .upper    0.159
7 4 % area del lote construida percentile .alpha    0.05
8 5 % area del lote construida percentile estimador 0.148
9 6 % area del lote construida percentile bias   -0.006
10 Warning messages:
11 1: Deprecated
12 2: Deprecated
13 3: Deprecated
14 4: Deprecated
15 5: Deprecated
16 6: Deprecated
17 7: Deprecated
18 8: Deprecated
```

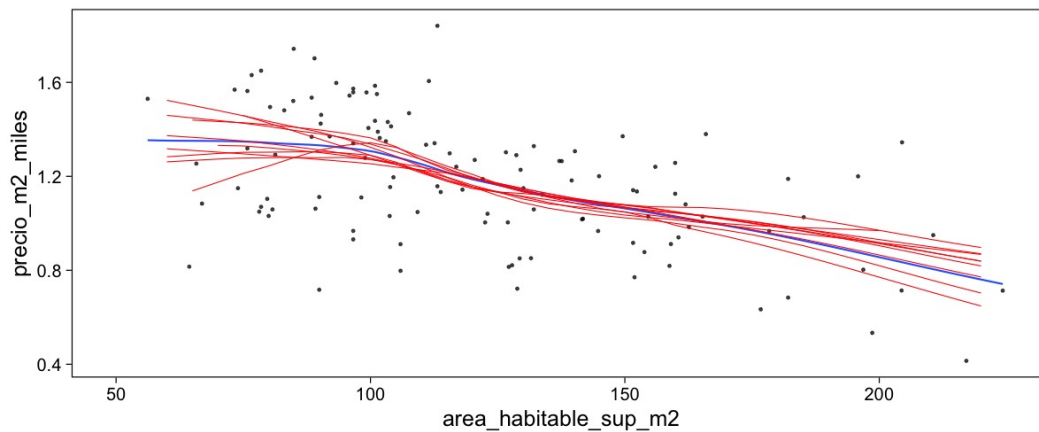
Nótese que el sesgo es bajo. De modo que en esta zona, entre 12% y 16% de toda el área disponible es ocupada por área habitable: estas son casas que tienen jardines o terrenos, garage relativamente grandes.

10.2. Suavizadores

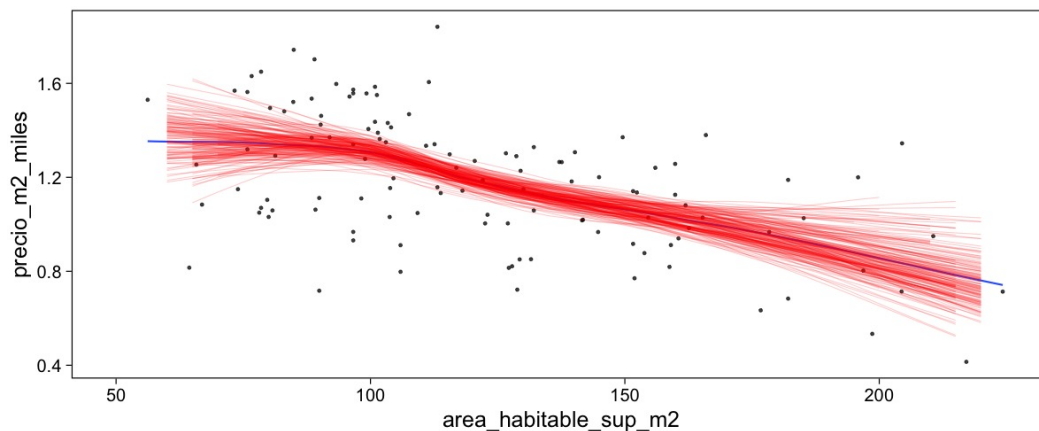
Podemos usar el *bootstrap* para juzgar la variabilidad de un suavizador, que consideramos como nuestra estadística:



Podemos hacer bootstrap para juzgar la estabilidad del suavizador:



Donde vemos que algunas cambios de pendiente del suavizador original no son muy interpretables (por ejemplo, para áreas chicas) y alta variabilidad en general en los extremos. Podemos hacer más iteraciones para calcular bandas de confianza:



Donde observamos cómo tenemos incertidumbre en cuanto al nivel y forma de las curvas en los extremos de los datos (casas grandes y chicas), lo cual es natural. Aunque podemos resumir para hacer bandas de confianza, mostrar remuestras de esta manera es informativo: por ejemplo: vemos cómo es probable también que para casas de emnos de 70 metros cuadrados el precio por metro cuadrado no cambia tanto (líneas constantes)

11. CONCLUSIONES Y OBSERVACIONES

- El principio fundamental del *bootstrap* es que podemos estimar la distribución poblacional con la distribución empírica. Por tanto para hacer inferencia tomamos muestras con reemplazo de la distribución empírica y analizamos la variación de la estadística de interés a lo largo de las muestras.
- El bootstrap nos da la posibilidad de crear intervalos de confianza cuando no contamos con fórmulas para hacerlo de manera analítica y sin supuestos distribucionales de la población.
- Hay muchas opciones para construir intervalos bootstrap, los que tienen mejores propiedades son los intervalos BC_a , sin embargo los más comunes son los intervalos normales con error estándar *bootstrap* y los intervalos de percentiles de la distribución *bootstrap*.
- Antes de hacer intervalos normales (o con percentiles de una t) vale la pena graficar la distribución *bootstrap* y evaluar si el supuesto de normalidad es razonable.
- En cuanto al número de muestras bootstrap se recomienda al menos 1,000 al hacer pruebas, y 10,000 o 15,000 para los resultados finales, sobre todo cuando se hacen intervalos de confianza de percentiles.
- La función de distribución empírica es una mala estimación en las colas de las distribuciones, por lo que es difícil construir intervalos de confianza (usando bootstrap no paramétrico) para estadísticas que dependen mucho de las colas.

REFERENCIAS

- [1] L. M. Chihara and T. C. Hesterberg. *Mathematical Statistics with Resampling and R*. John Wiley & Sons, Inc., Hoboken, NJ, USA, aug 2018. ISBN 978-1-119-50596-9 978-1-119-41654-8. . [7](#), [12](#)
- [2] B. Efron and R. J. Tibshirani. *An Introduction to the Bootstrap*. Springer US, Boston, MA, 1993. ISBN 978-0-412-04231-7 978-1-4899-4541-9. . [8](#), [12](#)
- [3] L. Wasserman. *All of Statistics: A Concise Course in Statistical Inference*. Springer Texts in Statistics. Springer New York, New York, NY, 2004. ISBN 978-1-4419-2322-6 978-0-387-21736-9. . [8](#)