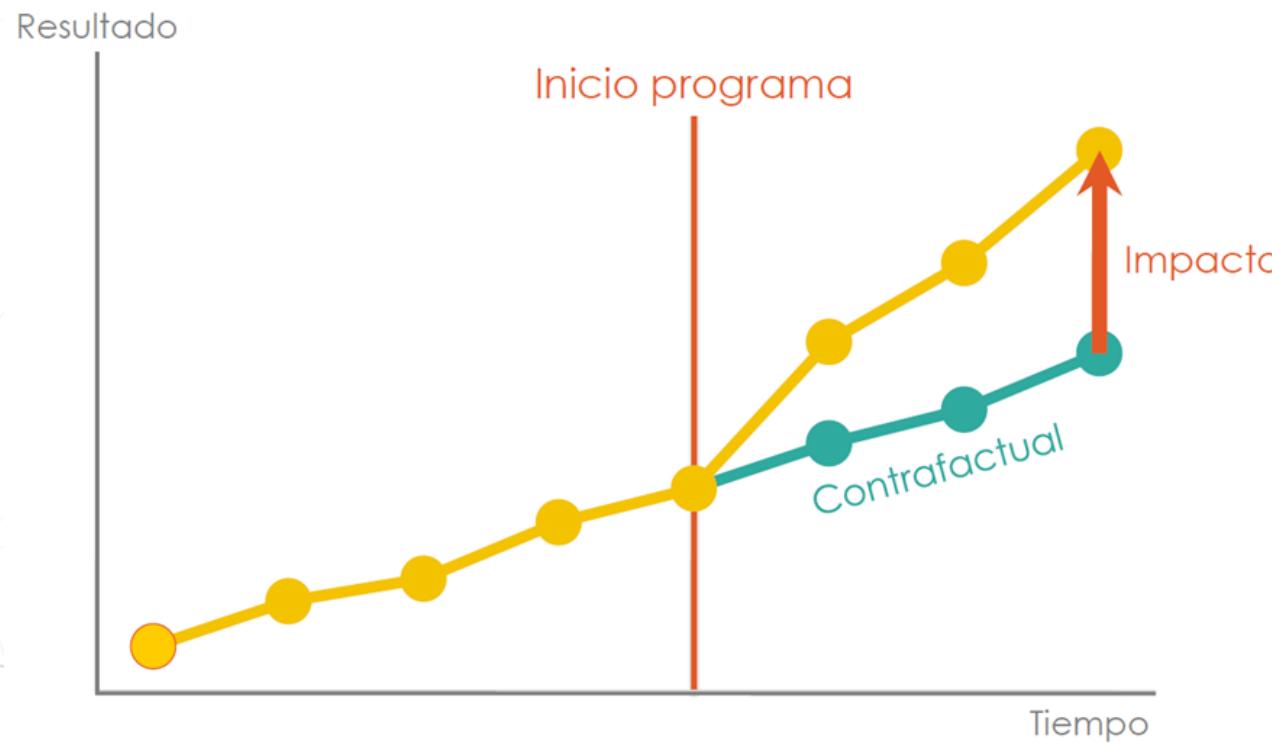




INFONAVIT: Taller Saber para Decidir

# Propensity Matching Score

# ¿Qué es una Evaluación de Impacto?



# Objetivo

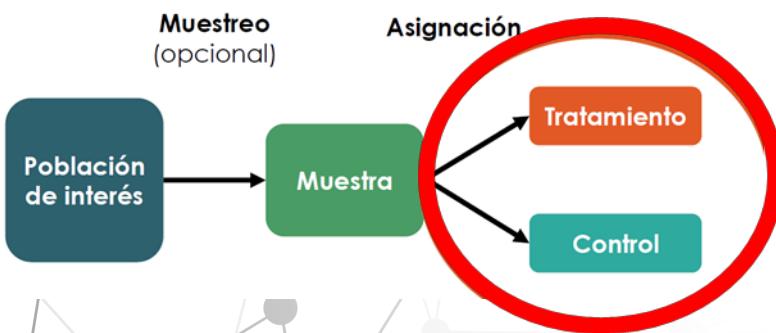


- El objetivo del proyecto es evaluar el Taller en línea Saber para Decidir implementado por el Instituto del Fondo Nacional de la Vivienda para los Trabajadores (INFONAVIT).
- El taller orienta al derechohabiente sobre el funcionamiento del Infonavit, en qué puede usar su ahorro, las opciones para emplear su crédito y recomendaciones para cuidar su casa, su entorno, entre otros temas. Está diseñado para derechohabientes del Instituto.

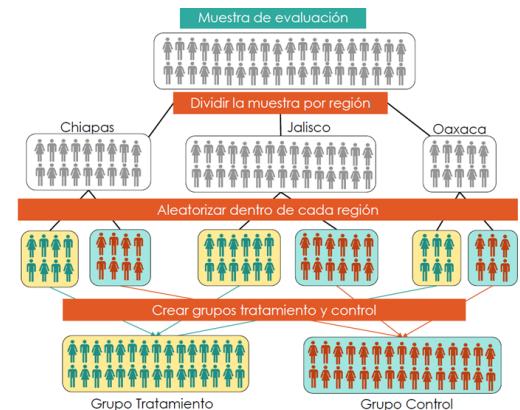
# Lo ideal. Propuesta de la aleatorización.

## Aleatorización restrictiva: Proporción fija

- Se predetermina el número de personas en T y C
- Se determina de manera aleatoria quiénes conforman ambos grupos:
- Requiere marco muestral



## Aleatorización Estratificada:



## Lotería básica:

● Tratamiento  
● Control



# Métodos para medir una evaluación de impacto:

Poder estadístico



## Métodos no experimentales

- Antes y después
- Diferencia simple

## Métodos cuasi experimentales

- Regresión multivariada
- Diferencias en diferencias
- Matching
- Regresión discontinua

## Método experimental

- Selección aleatoria del grupo de control

La principal diferencia entre los distintos métodos es **cómo se estima el contrafactual**: cómo definimos quién conforma el grupo de control.

# Reglas de oro para el poder estadístico:

1. Mayor muestra → Más poder
2. Menor tamaño efecto → Requerimos mayor tamaño muestral
3. Take-up bajo → Requerimos mayor tamaño muestral
4. Alta varianza en población → Requerimos mayor tamaño muestral
- 5. Para una muestra dada, igual número de Tratamiento y Control maximiza el poder**
6. Para una muestra dada, hacer clústers → Menor poder
7. Mayor Corr. Intra Clústers → Requerimos mayor tamaño muestral

# Propensity Matching Score

¿Qué es?

**Matching** es una aproximación estadística que resuelve el problema de la evaluación mediante la búsqueda en un grupo de no participantes a aquellos individuos que son similares a los participantes en todas las características X pretratamiento relevantes.

El método de matching estima el contrafactual responderizando el grupo de control/tratamiento para que tenga las misma distribución de variables X que el grupo de control/tratamiento. Se crea un nuevo grupo de control/tratamiento con características similares al grupo de control/tratamiento.

Es una técnica ideal cuando tenemos problemas de balance en las poblaciones de tratamiento y control.

# Ventajas y desventajas:

## **Ventajas:**

- Se puede trabajar con experimentos que no tuvieron un diseño previo.
- Se pueden tener varios grupos de control/tratamiento.
- Fácil de explicar.
- Muestra los efectos de todas las variables.
- Se puede trabajar con variables continuas.

## **Desventajas:**

- Las variables omitidas pueden afectar el resultado.
- Muchas veces el grupo de control/tratamiento a seleccionar puede ser pequeño.

# Metodología

- Se asignan variables de distribución Bernoulli al grupo de tratamiento y de control:

$$D = 1 \text{ si el individuo pertenece al grupo de tratamiento}$$
$$D = 0 \text{ si el individuo pertenece al grupo de control}$$

La estimación se hace usando modelos probit/logit para la propensión de las observaciones de estar asignadas dentro del grupo de tratamiento. Se usan x variables que puedan afectar la probabilidad de ser asignado al grupo de tratamiento.

El modelo propensity score es un modelo probit o logit con D como variable dependiente y X como variables independientes.

$$p(x) = prob((D = 1|x) = E(D|x)$$

El propensity score es la probabilidad condicional de recibir el tratamiento dado que el individuo tenía características X antes de comenzar el tratamiento.

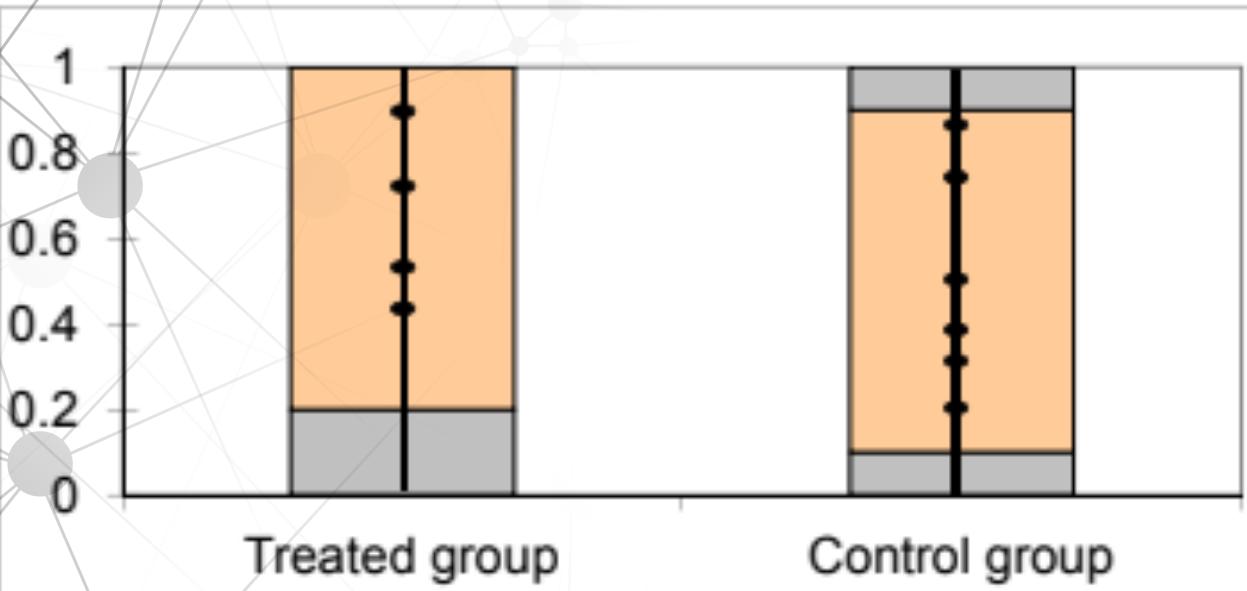
- Se hacen coincidir las observaciones de los grupos de tratamiento y de control en función de sus puntajes de propensión. Varios métodos de coincidencia están disponibles: kernel, vecino más cercano, radio, estratificación...
- Calcule los efectos del tratamiento: compare los resultados y entre las observaciones tratadas y de control, después del matching.

$$y = \begin{cases} y_1 & \text{si } D = 1 \\ y_0 & \text{si } D = 0 \end{cases}$$

- Situación contrafactual: compare el resultado de las observaciones del grupo de tratamiento con el resultado de las observaciones del grupo de control (encuentre una coincidencia más cercana y use su resultado)

# Método Matching

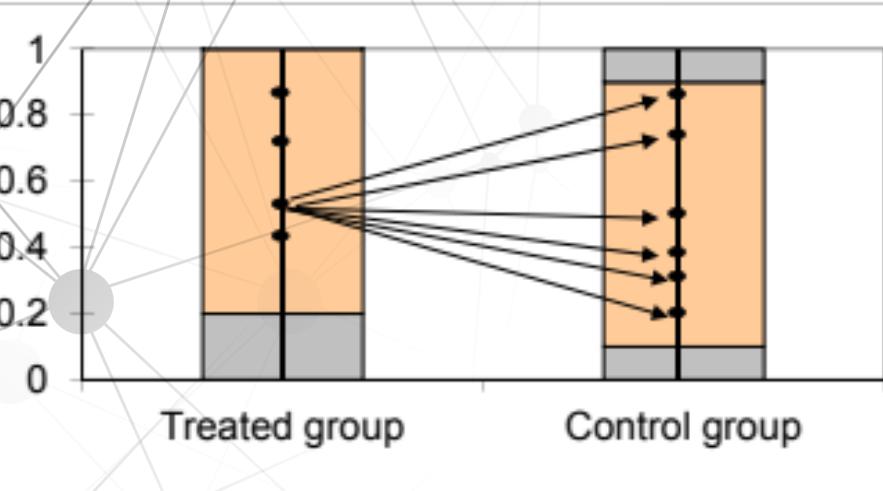
Propensity Score para grupos de tratamiento y de control



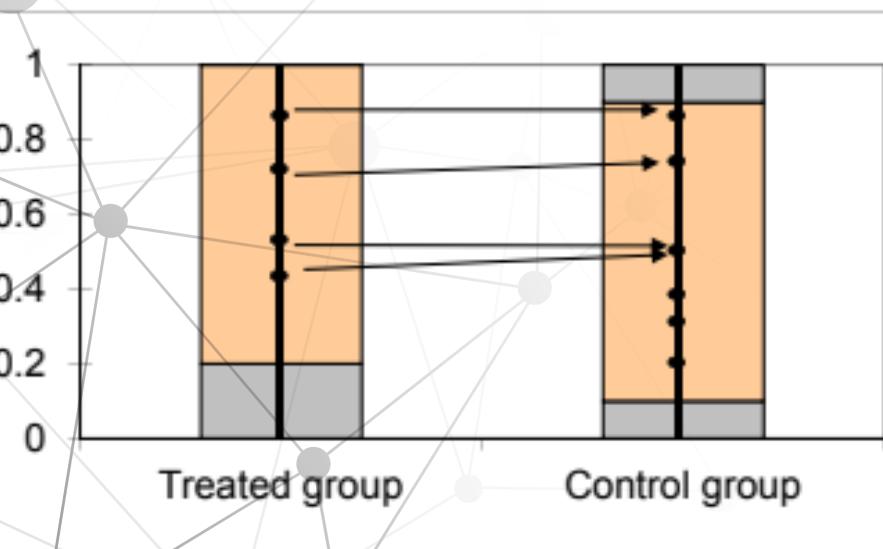
Con ayuda del modelo probit o logit se estima la probabilidad de los grupos entre (0,1).

Lo que necesitamos hacer es un match entre subgrupos con similares características.  
La formas más comunes de buscar la correspondencia es con y sin remplazo.

### Kernel Matching



### Matching del vecino más cercano



Para cada observación del grupo de tratamiento se usan todas las observaciones del grupo de control, ponderadas de acuerdo a la distancia con su par en el grupo de tratamiento, las observaciones más cercanas tendrán un peso más grande y las más lejanas un peso menor.

Para cada observación del grupo de tratamiento se encuentra el individuo más cercano, sin importar que se repita.

Nota: Otros métodos de matching son el de radio y el de estratificación

# Distancias:

- Vecino más cercano: para cada observación i del grupo de tratamiento seleccionamos la observación j del grupo de control más cercana:

$$\min \|p_i - p_j\|$$

- Radius Matching: Cada observación tratada i se empareja con observaciones de control j que caen dentro de un radio:

$$\|p_i - p_j\| < r$$

- Kernel Matching: Cada observación tratada i se combina con varias observaciones de control, con pesos inversamente proporcionales a la distancia entre las observaciones tratadas y las de control. Los pesos se definen como:

$$w(i, j) = \frac{K \left( \frac{p_j - p_i}{h} \right)}{\sum_{j=1}^n K \left( \frac{p_j - p_i}{h} \right)},$$

Dónde h es el parámetro de ancho de banda.

- Matching por estratificación: Compare los resultados dentro de los intervalos / bloques de puntajes de propensión.

# Supuestos:

- Carácter de equilibrio parcial (sin efectos de equilibrio general). El tratamiento no afecta indirectamente las observaciones de control.
- Para experimentos aleatorios, los resultados son independientes del tratamiento.
- Para los estudios observacionales, los resultados son independientes del tratamiento, condicional en  $x$ .
- Necesitamos una asignación de tratamiento que ignore los resultados.
- La variable de tratamiento debe ser exógena.
- Independencia condicional del resultado del grupo de control y del grupo de tratamiento.

## Ejemplo:

- Suponga que se han construido algunas clínicas de salud en algunos pueblos. Pero dicha construcción no se hizo de manera aleatoria.
- La característica a mejorar es la mortalidad infantil.

T	imrate
1.	10
2.	15
3.	22
4.	19
5.	25
6.	19
7.	4
8.	8
9.	6

$$.25(10 + 15 + 22 + 19) - .2(25 + 19 + 4 + 8 + 6) = 4.1$$

*¡Las clínicas están incrementando la mortalidad infantil!*

# Continuación...

T	imrate	povrate	pcdocs
1.	1	10	.5
2.	1	15	.6
3.	1	22	.7
4.	1	19	.6
-----			
5.	0	25	.6
6.	0	19	.5
7.	0	4	.1
8.	0	8	.3
9.	0	6	.2

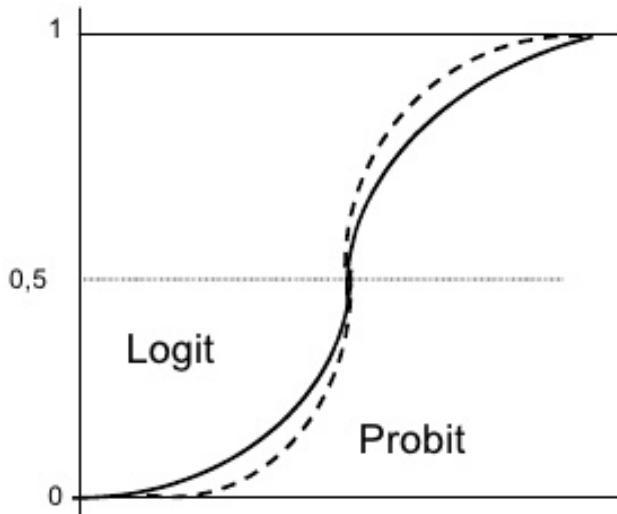
povrate = tasa de pobreza

pcdocs = doctores per cápita

imrate =tasa de mortalidad infantil

# Función probit y logit

AJUSTE NO LINEAL



Modelo Probit

$$Y_i = \int_{-\infty}^{\alpha + \beta X_i} \frac{1}{(2\pi)^{1/2}} e^{-\frac{s^2}{2}} ds + u_i$$

Modelo Logit

$$Y_i = \frac{1}{1 + e^{-\alpha - \beta_k X_{ki}}} + u_i = \frac{e^{\alpha + \beta_k X_{ki}}}{1 + e^{\alpha + \beta_k X_{ki}}} + u_i$$

## Finalmente:

T	imrate	povrate	pcdocs	psl	match1
1.	1	10	.5	.01	.4165713
2.	1	15	.6	.02	.7358171
3.	1	22	.7	.01	.9284516
4.	1	19	.6	.02	.7358171
-----					
5.	0	25	.6	.01	.752714
6.	0	19	.5	.02	.395162
7.	0	4	.1	.04	.0016534
8.	0	8	.3	.05	.026803
9.	0	6	.2	.04	.0070107

$$.25(10 + 15 + 22 + 19) - .25(19 + 25 + 25 + 25) = -7$$

## Variables de interpretación:

- 1: Derechohabientes del grupo de control.
- 0: Derechohabientes del grupo de tratamiento.
- X1: Salario.
- X2: Puntos.
- X3: Edad.

Nota: Por lo general el grupo de control es el grupo más numeroso y más amplio en la evaluación de impacto, por lo que la paquetería considera el grupo de tratamiento como un grupo de cardinalidad menor que el grupo de control. Sin embargo, nuestro problema es el contrario, nuestro grupo de control es el de cardinalidad menor, por lo que así se trabajaron las variables en "R" y el programa se refiere al grupo de control como nuestro grupo de tratamiento y al grupo de tratamiento como nuestro grupo de control.

# Paquetería:

- ##### Propensity score matching
- ##### Método del vecino más cercano (ratio=1)
- ##### require(MatchIt)
- #data1= data[,c("X1","X2","X3", "Tr", "Y","Z")]
- data1 = as.data.frame(na.omit(data))
- m.out = matchit(Tr ~ X1+X2+X3, method="nearest", data=data1,ratio=1)
- # verifique los tamaños de muestra
- summary(m.out)
- #Lo importante es cuánto se reduce la variable Mean.Diff después del match y el sample size sea lo más parecido posible.
- detach(mydata)
- final\_data1 = match.data(m.out)
- head(final\_data1)
- View(final\_data1)
- attach(final\_data1)
- plot(m.out) # balance de covarianzas, entre más centrados estén los datos alrededor de la diagonal, mejor match
- #plot(m.out, type = "jitter") # propensity score locations
- plot(m.out, type = "hist") #check matched treated vs matched control, entre más parecidos los histogramas después del match mejor estimación

El match se especifica como una regresión.



# **RESULTADOS:**

# Base completa:

Salario:

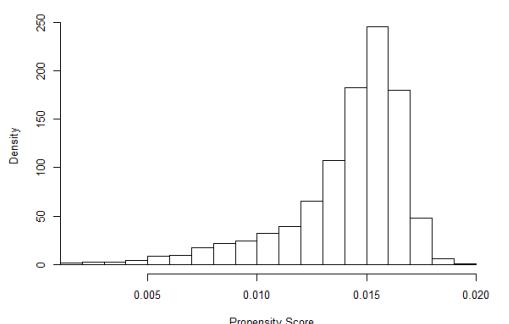
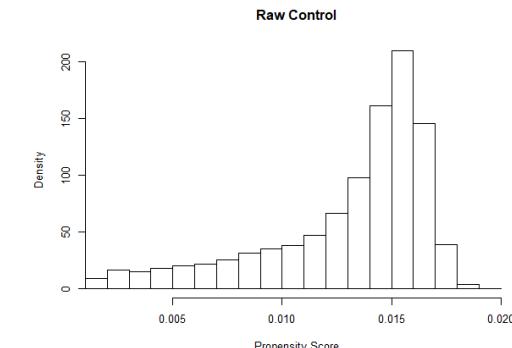
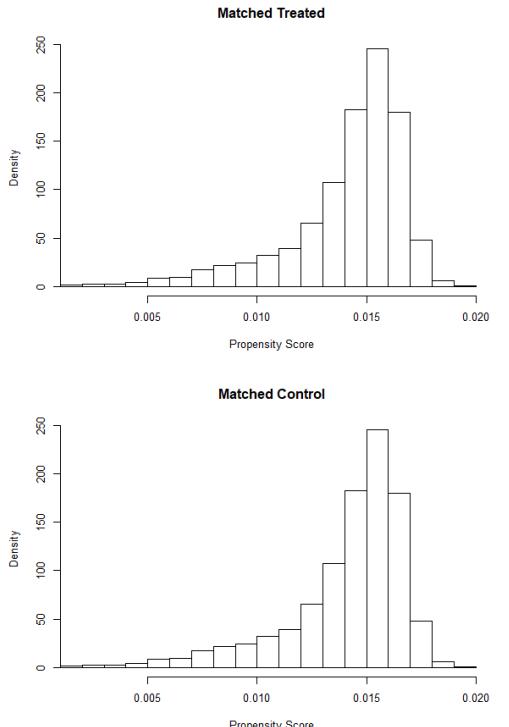
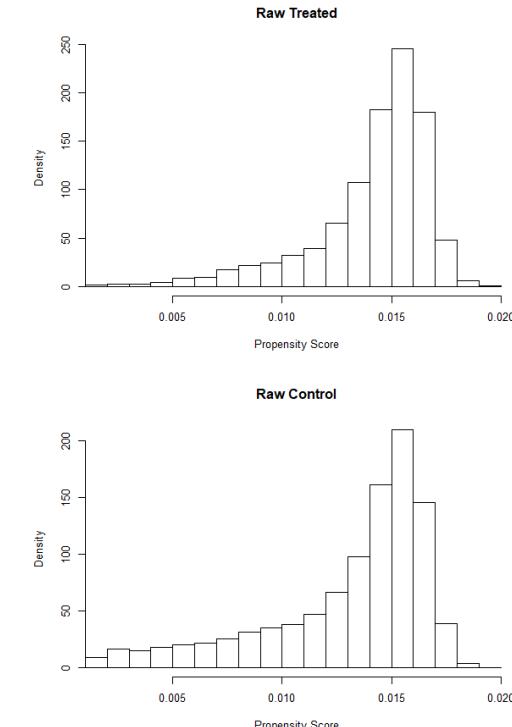
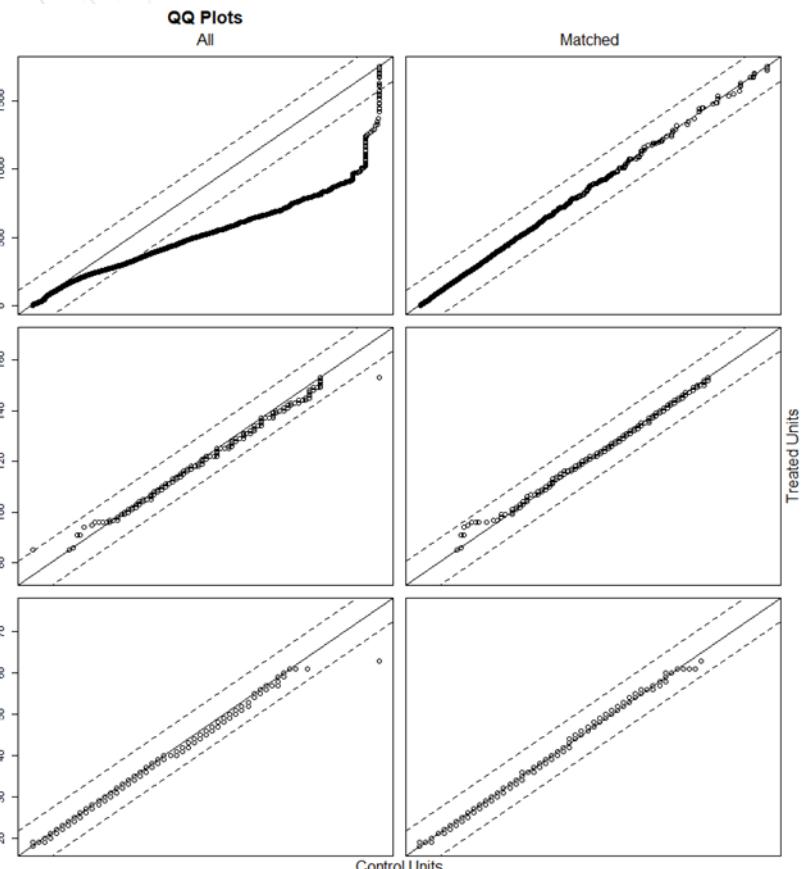
X1

Puntos:

X2

Edad:

X3



# Base completa:

## Before Matching:

```
> #Resultado  
>  
> tapply(Y,Tr,mean)  
 0      1  
15.69188 19.63686  
> tapply(z,Tr,mean)  
 0      1  
8640.079 10680.676  
>  
> tapply(NU_DIAS_MORA_VENCIDOS,TRATAMIENTO,mean)  
 0      1  
16.30958 19.63686  
> tapply(IM_OMISOS_PESOS,TRATAMIENTO,mean)  
 0      1  
6709.78 10680.68
```

## After Matching:

- Se tuvo un impacto de -3.94 (-20.09%) antes del match en núm. de días en mora y de -3.33 (-16.94%) después del match.
- Se tuvo un impacto de -2040.6(-19.1%) antes del match en monto de deuda y de -3970.87(-37.18%) después del match.

### Summary of balance for all data:

	Means	Treated	Means	Control	SD	Control	Mean	Diff	eQQ	Med	eQQ	Mean	eQQ	Max
distance	0.0141		0.0131		0.0038		0.0011	0.0005	0.0011	0.0011	0.0038			
x1	229.3614		318.0497		320.8928		-88.6883	26.1500	88.7713	695.4200				
x2	129.0806		130.6412		11.0618		-1.5605	2.0000	1.5712	16.0000				
x3	32.5025		33.2836		8.6564		-0.7811	1.0000	0.7844	13.0000				

### Summary of balance for matched data:

	Means	Treated	Means	Control	SD	Control	Mean	Diff	eQQ	Med	eQQ	Mean	eQQ	Max
distance	0.0141		0.0141		0.0027		0.0000	0.00	0.0000	0.00	0.0000	0.0		
x1	229.3614		229.0266		194.5469		0.3348	0.96	1.4095	40.2				
x2	129.0806		129.1713		10.7227		-0.0906	0.00	0.2979	7.0				
x3	32.5025		32.5745		8.3139		-0.0720	0.00	0.1531	3.0				

### Percent Balance Improvement:

	Mean Diff.	eQQ	Med	eQQ	Mean	eQQ	Max
distance	99.9999	99.9988	99.9985	99.8631			
x1	99.6225	96.3289	98.4122	94.2193			
x2	94.1920	100.0000	81.0381	56.2500			
x3	90.7792	100.0000	80.4784	76.9231			

### Sample sizes:

	Control	Treated
All	498879	6609
Matched	6609	6609
Unmatched	492270	0
Discarded	0	0

# Conclusión:

**“El taller saber para decidir influyó, en general, positivamente en los indicadores de cartera: Número de días de adeudo, y monto en deuda, por lo que se recomienda ampliarlo y continuar con el mismo.”**

**El grupo en línea y de control son estadísticamente significativos en sus diferencias, basado en el estudio ANOVA.**

**Ahorro total:**

Si todos  
recibieran el  
taller:

	Método	Días de Mora	Monto de deuda	Total Días de Mora	Total Monto de deuda
Población Total: 505488	Estimadores Matching	3.33	\$ 3,970.87	1683275	\$ 2,007,227,134.56
	ANOVA	3.95	\$ 2,040.53	1996678	\$ 1,031,463,428.64
Población con TSPD: 498879	Estimadores Matching	3.33	\$ 3,970.87	1661267	\$ 1,980,983,654.73
	ANOVA	3.95	\$ 2,040.53	1970572	\$ 1,017,977,565.87

Real:



**¡Gracias!**