

Asymptotics

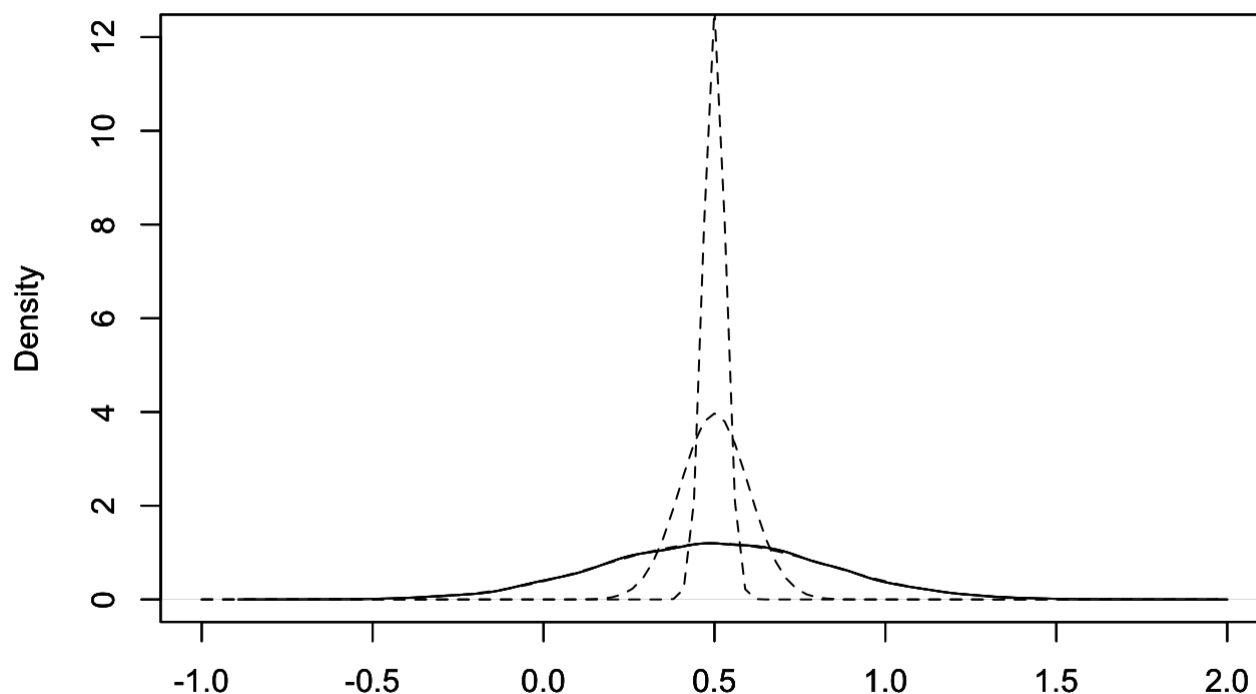
Kei Sakamoto

モンテカルロ法の手法自体はChapter2とかと同じ。(legend入れるの忘れた.....。)

```
#1回目。n=10の時
n <- 10
set.seed(1234567)
b0 <- 1; b1 <- 0.5
b1hat <- numeric(10000)
x <- rnorm(n,4,1) #毎回xは同じ
for(j in 1:10000) {
  u <- rnorm(n)
  y <- b0 + b1*x + u
  bhat <- coef( lm(y~x) )
  b1hat[j] <- bhat["x"]
}
plot(density(b1hat),xlim=c(-1,2),ylim=c(0,12)) #densityでpdfを予測。
curve(dnorm(x,0.5,1/3),add=TRUE,lty=2) #b1hatのsdの理論値は1/3。予測したdensityとNormalを比較する。
#Bandwidthのadjustは全部デフォルトのまま

#2回目。n=100の時
par(new=T)
n <- 100
#中略
plot(density(b1hat),xlim=c(-1,2),ylim=c(0,12))
curve(dnorm(x,0.5,1/sqrt(99)),add=TRUE,lty=2) #b1hatのsdの理論値は1/sqrt(99)

#3回目。n=1000の時
par(new=T)
n <- 1000
#中略
plot(density(b1hat),xlim=c(-1,2),ylim=c(0,12))
curve(dnorm(x,0.5,1/sqrt(999)),add=TRUE,lty=2) #b1hatのsdの理論値は1/sqrt(999)
```

density.default(x = b1hat)

N = 10000 Bandwidth = 0.04712

点線は**Normal distribution**。b1hatはuがnormalなら正規分布に従うことと、**consistentなestimator**なので**varianceはspeed 1/n**で**0**に収束していくことがわかる。

今回はuは**normal**だけど、**normal**じゃなくても平均**0**の分散**1**なら**large sample**で漸近的に**b1hat~N(0,1)**になる(**script5.2**参照)。つまりテストもできる。**(SLR6もしくはMLR6のuのnormalityの仮定ってsample少ない時に必要なもので、large sampleの時は必要ない?)**

(Rmdの時は実線のdensityはplotされるけどhtml出力すると実線が消える...?謎。)