

EST-24107: Simulación

Profesor: Alfredo Garbuno Iñigo — Otoño, 2023 — MCMC.

Objetivo. Estudiar el método general de integración Monte Carlo vía cadenas de Markov (MCMC). La estrategia será construir poco a poco utilizando los principios básicos que lo componen.

Lectura recomendada: Capítulo 7 de [1]. Sección 6 de [4] y Capítulo 3 de [3] (avanzado). Si te interesa saber mas sobre programación orientada a objetos dentro del contexto de R puedes consultar [5].

1. Introduccion

El interés es poder resolver

$$\pi(f) = \int_{\Theta} f(\theta) \pi(\theta) d\theta. \quad (1)$$

Sin embargo, no podemos generar $\theta^{(i)} \stackrel{\text{iid}}{\sim} \pi(\theta)$ para $i = 1, \dots, N$.

De lo que hemos discutido previamente nos interesa poder resolver este tipo de problemas por medio una estimación Monte Carlo

$$\pi(f) = \mathbb{E}_{\pi}[f] = \int f(\theta) \pi(\theta) d\theta,$$
$$\pi_N^{\text{MC}}(f) = \frac{1}{N} \sum_{n=1}^N f(\theta^{(n)}), \quad \text{donde } \theta^{(n)} \stackrel{\text{iid}}{\sim} \pi, \quad \text{con } n = 1, \dots, N,$$
$$\pi_N^{\text{MC}}(f) \approx \pi(f).$$

Por ejemplo, hemos resuelto el problema de estimar la constante π por medio de estimar el cociente del área de un círculo de radio 1 dentro de un cuadrado con lados de longitud igual a 2.

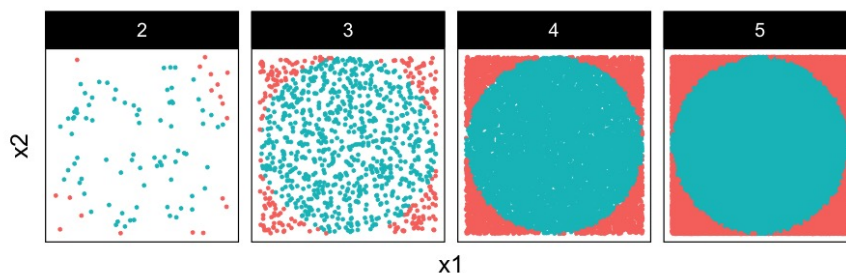


FIGURA 1. Integración Monte Carlo para aproximar π .

Para lo cual hemos discutido que el método Monte Carlo nos da un método de estimación con tasas de convergencia de $1/\sqrt{N}$.

Aunque la dimensión del problema $\theta \in \Theta \subset \mathbb{R}^p$ no aparece en la expresión de la varianza de nuestros estimadores. Hemos discutido que si lo hace, de manera implícita, en la expresión de $\mathbb{V}_{\pi}(f)$. Veamos un ejemplo el cual se conoce como maldición de la dimensionalidad.

1.1. Maldición de la dimensionalidad

Consideremos de interés estimar la proporción de volumen de la hiper-esfera contenida en un hiper-cubo unitario conforme aumenta la dimensión del problema.

```
1 distancia_euclideana <- function(u) sqrt(sum(u * u));  
2  
3 experimento <- function(ndim){  
4   nsamples <- 1e5;  
5   y <- matrix(runif(nsamples * ndim, -0.5, 0.5), nsamples, ndim);  
6   mean(apply(y, 1, distancia_euclideana) < 0.5)  
7 }
```

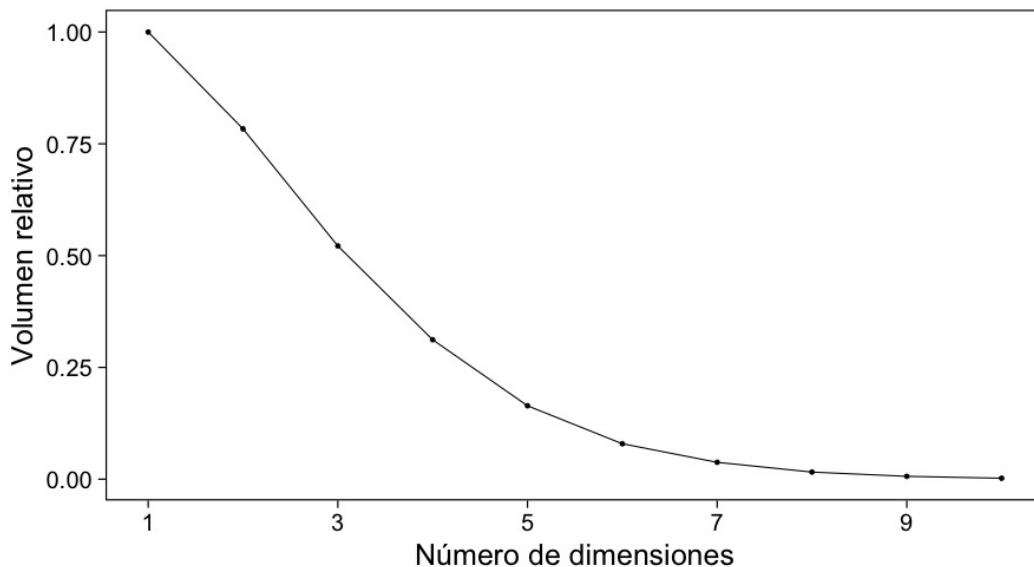


FIGURA 2. Evolución del volumen relativo de la hiper-esfera circunscrita dentro del hiper-cubo unitario.

Otro detalle interesante de altas dimensiones es la poca intuición probabilística que tenemos de estos espacios y de lo que es una muestra típica de una distribución.

Por ejemplo, para $X \sim N(0, 1)$ estamos acostumbrados a asociar la moda como el valor de mas alta densidad. Lo cual es un error terrible en varias dimensiones.

Consideremos un análisis analítico. Por ejemplo, sabemos que si $X \sim N(0, I_p)$, entonces tenemos que

$$\sum_{i=1}^p X_i^2 \sim \chi_p^2. \quad (2)$$

Gráfiqemos el valor central de estas variables aleatorias y sus percentiles del 2.5% y 97.5%. Lo que observamos es que una **muestra típica** no se comporta como el promedio de nuestra distribución, *aka* el individuo promedio no es tan común.

Lo que sucede se conoce como el fenómeno de **concentración de medida** donde los puntos de más alta densidad no corresponden a los puntos que viven en las regiones de mayor volumen (probabilidad).

Esto explica por qué no queremos realizar la aproximación

$$\pi(f) \approx f(\theta^*), \quad \text{donde} \quad \theta^* = \arg \max_{\theta \in \Theta} \pi(\theta). \quad (3)$$

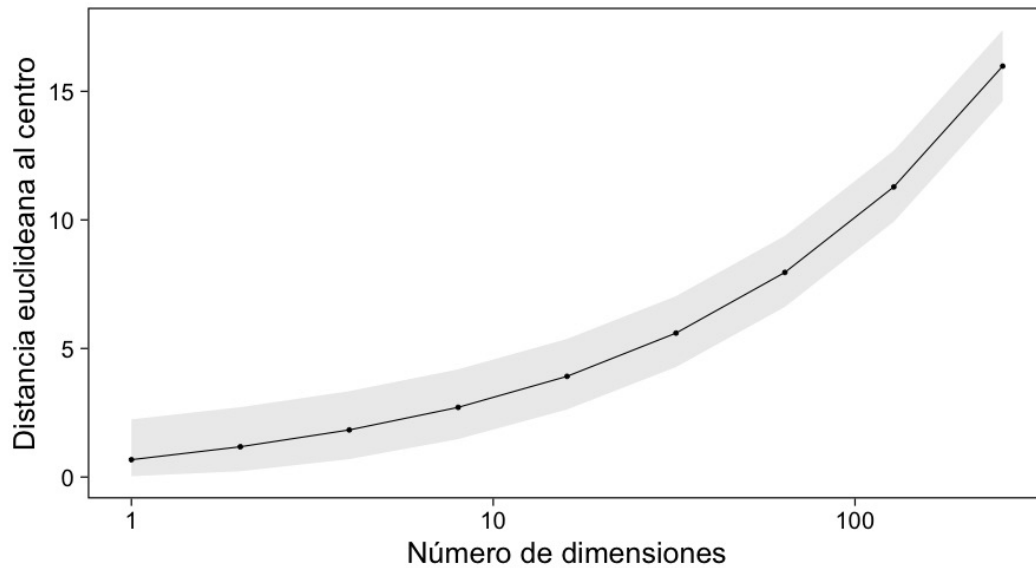


FIGURA 3. Distancia euclídea de puntos aleatorios de una Gaussiana multivariada al centro de la distribución. Esto ilustra que aunque el centro es el comportamiento promedio, los puntos típicos de una Gaussiana se encuentran lejos.

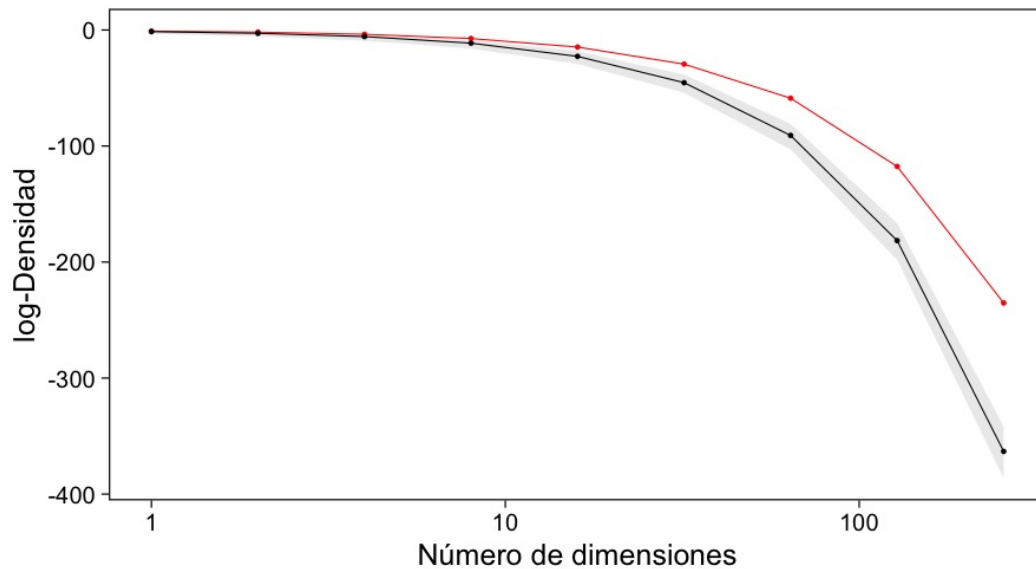


FIGURA 4. En rojo la log-densidad de la moda de una Gaussiana multivariada. En negro la log-densidad de muestras aleatorias de una Gaussiana multivariada. Esto muestra que los elementos con mayor densidad no corresponden a vecindades de mayor volumen.

2. Muestreo por aceptación rechazo

Podemos utilizar una versión estocástica de muestreo por importancia.

Para muestrear de π necesitamos utilizar una distribución sustituto (lo mismo hicimos con muestreo por importancia). Sólo que ahora permitimos rechazar muestras que no correspondan con las regiones de alta densidad de nuestra distribución objetivo. El rechazo se realiza lanzando una moneda. La tasa de éxito depende del qué tanto cubre nuestra distribución sustituto.

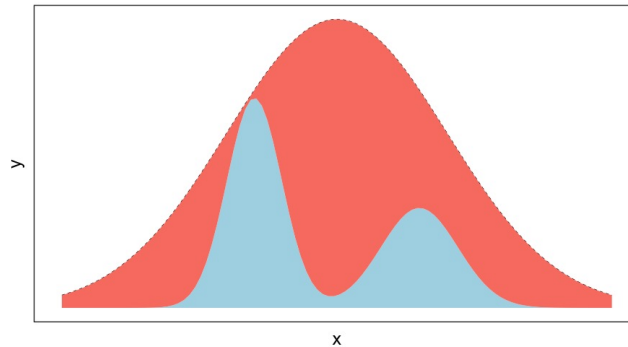


FIGURA 5. Esquema de muestreo.

2.1. Implementación

Necesitamos algunas cosas. Ser capaces de **evaluar** nuestra distribución objetivo. Ser capaces de **evaluar** y **muestrear** de nuestra distribución de muestreo.

```

1 crea_mezcla <- function(weights){
2   function(x){
3     weights$w1 * dnorm(x, mean = -1.5, sd = .5) +
4     weights$w2 * dnorm(x, mean = 1.5, sd = .7)
5   }
6 }
7 objetivo <- crea_mezcla(list(w1 = .6, w2 = .4))
8 M <- 3.3
```

LISTING 1. Distribución objetivo.

Observación (Programación orientada a objetos). El objetivo del curso **no** es enseñar programación orientada a objetos. Sin embargo, permitirá abstraer los puntos importantes y concentrarnos en las ideas generales y no preocuparnos por los detalles.

2.1.1. Implementación de una distribución de muestreo.

Recordemos que lo que queremos son dos cosas: 1) generar números aleatorios y 2) evaluar la función de densidad.

```

1 library(R6)
2 ModeloNormal <- R6Class("ProbabilityModel", list(
```

```

3   mean = NA, sd = NA,
4   initialize = function(mean = 0, sd = 1){ ## Inicializador
5     self$mean = mean; self$sd = sd
6   },
7   sample = function(n = 1){               ## Muestreador
8     rnorm(n, self$mean, sd = self$sd)
9   },
10  density = function(x, log = TRUE){       ## Densidad
11    dnorm(x, self$mean, sd = self$sd, log = log)
12  })

```

LISTING 2. Distribución de muestreo.

En muestreo con rechazo necesitamos definir una distribución de la cual **si podemos** generar números aleatorios. El inconveniente es, además, **conocer** qué tanto podemos inflar la densidad de nuestra propuesta para *cubrir* la distribución objetivo.

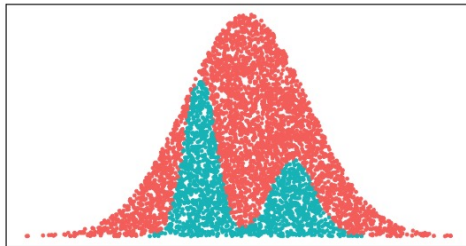
```

1  crea_rejection_sampling <- function(objetivo, aprox, M){
2    function(niter){
3      muestras <- matrix(nrow = niter, ncol = 3)
4      for (ii in seq(1, niter)){
5        propuesta <- aprox$sample()
6        p <- objetivo(propuesta)
7        g <- aprox$density(propuesta, log = FALSE)
8        u <- runif(1)
9        if (u < p/(M * g)) { ## Aceptamos
10         muestras[ii, 1] <- 1
11       } else {             ## Rechazamos
12         muestras[ii, 1] <- 0
13       }
14       muestras[ii, 2] <- propuesta
15       muestras[ii, 3] <- u
16     }
17     colnames(muestras) <- c("accept", "value", "auxiliar")
18     muestras
19   }
20 }

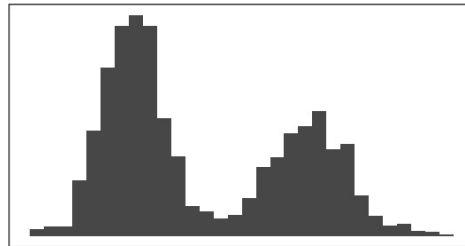
```

LISTING 3. Algoritmo de muestreo con rechazo.

Muestras en el espacio (x,u), aceptación



Histograma de las muestras generadas



Pregunta. Considera lo siguiente:

- ¿Qué pasa si M es demasiado grande? Juega con el código e interpreta los resultados.

- ¿Qué pasa si M no es suficiente para cubrir la distribución objetivo? Juega con el código e interpreta los resultados.

2.2. Propiedades

Lemma 2.1 (Consistencia de muestreo por aceptación-rechazo). El método de muestreo por aceptación-rechazo genera muestras $x^{(i)}$ con $i = 1, \dots, N$ que son independientes y distribuidas acorde a la distribución objetivo $\pi(\cdot)$ utilizando una distribución de muestreo $\rho(\cdot)$.

Prueba. Usemos probabilidad condicional para medir

$$\pi(x|\text{aceptar}) = \frac{\pi(\text{aceptar}|x) \times \rho(x)}{\pi(\text{aceptar})}. \quad (4)$$

3. ¿Qué hemos visto?

- El método Monte Carlo se puede utilizar para aproximar integrales.
- Se puede utilizar una distribución sustituto para generar números aleatorios que nos interesan.
- Podemos lanzar monedas para *filtrar* sólo los aleatorios que tengan altas probabilidades.
- Hemos utilizado el supuesto de independencia.

4. Muestreo por cadenas de Markov

Vamos a **relajar** el supuesto de independencia. Es decir, vamos a generar una secuencia de números aleatorios con cierta correlación.

Definición 4.1 (Cadena de Markov). Un **proceso estocástico** en tiempo discreto—es decir, una colección de variables aleatorias X_1, X_2, \dots con probabilidades conjuntas—que satisface la propiedad de dependencia condicional

$$\mathbb{P}(X_{n+1} = x | X_1 = x_1, \dots, X_n = x_n) = \mathbb{P}(X_{n+1} = x | X_n = x_n), \quad (5)$$

se llama una **cadena de Markov** en tiempo discreto.

4.1. Ejemplo:

El vendedor de galletas quiere satisfacer la demanda para acompañar un café. El vendedor:

- Viaja entre las islas.
- Decide si se queda o no se queda en la isla donde está.
- Se puede mover entre islas contiguas (a través de puentes).
- Tiene mala memoria y pregunta el número de casas en las islas aledañas (todos los días).
- Quiere visitar todas las islas y vender galletas.
- Viaja en bicicleta.

También es astuto. Sabe que en *donde haya mucha gente venderá mas*, pero también sabe que una isla siempre lo *podría llevar a una mas grande*. Asi que a veces le convendrá viajar a una isla pequeña. Asi que utilizará el **principio de aceptación rechazo** para decidir si se moverá a la siguiente isla.

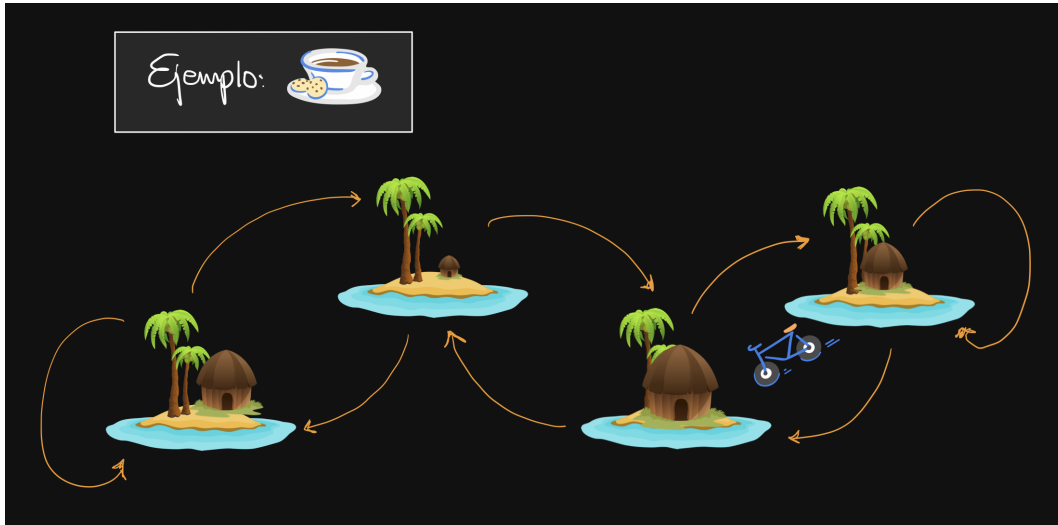


FIGURA 6. Problema del café.

1. Lanza una moneda para decidir si se mueve a la izquierda o derecha.
2. Decide si se mueve de acuerdo al cociente de poblaciones.

4.2. Pregunta

En el contexto de nuestro problema ¿qué cambiaría si tuviera conocimiento censal del archipiélago y pudiera viajar en avión?

4.3. Modelación del tour de ventas

El vendedor se encuentra en el t -ésimo día. Supongamos que va a evaluar si se cambia a la isla de la derecha. Sea π_* la población de la isla propuesta y π_t la población de la isla actual. Entonces el vendedor acepta cambiar de isla con probabilidad

$$\alpha_{\text{mover}} = \frac{\pi_*}{\pi_t}.$$

Nota que nunca dudará moverse a una isla mas grande. Por otro lado, entre mas parecidas sean las poblaciones de las islas mas **indeciso** será de moverse. Por definición $\alpha_{\text{mover}} \in (0, 1)$. De hecho, podemos definir la probabilidad de aceptar un viaje a otra isla por medio de

$$\alpha(t, \star) = \min \left\{ 1, \frac{\pi_\star}{\pi_t} \right\},$$

pues incluye los dos casos.

```

1 islas <- tibble(islas = 1:7, pob = c(1,2,3,4,5,4,3))
2 camina_isla <- function(i){ # i: isla actual
3   u_izq <- runif(1) # Lanzamos volado para ver si nos vamos izq o der.
4   v <- ifelse(u_izq < 0.5, i - 1, i + 1) # Pedimos índice isla vecina.
5   if (v < 1 | v > 7) { # si estas en los extremos y el volado indica salir
6     return(i)
7   }

```

```

8  u_cambio ← runif(1) # Moneda de aceptacion de cambio
9  p_cambio = min(islas$pob[v]/islas$pob[i], 1)
10 if (u_cambio < p_cambio) {
11   return(v) # isla destino
12 }
13 else {
14   return(i) # me quedo en la misma isla
15 }
16 }

```

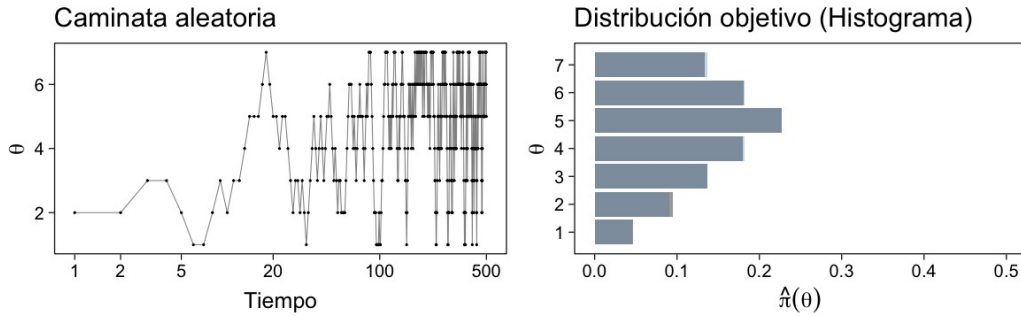
LISTING 4. Mecanismo de cambio o permanencia desde la isla i .

FIGURA 7. Caminata aleatoria en un archipiélago de 7 islas.

4.4. Conclusiones

- La estrategia del vendedor le permitirá, en el **largo plazo**, visitar todas las islas.
- La proporción de tiempo que pasa en cada isla[†] corresponde a la población relativa.
- Al principio, aún no representa dicha proporción.

5. Generalizando...

Supongamos que tenemos un modelo

$$Y|\mu \sim N(\mu, 0.75^2), \quad (6)$$

$$\mu \sim N(0, 1^2). \quad (7)$$

Bajo la observación $y = 6.25$ la distribución que nos interesa es

$$\mu|y \sim N(4, 0.6^2). \quad (8)$$

Vamos a suponer que **no** sabemos muestrear de una Normal. Así que usaremos una estrategia parecida que con el vendedor de galletas. La estrategia será:

1. Generar una propuesta μ_* para cambiarnos de nuestro valor actual μ_t .
2. Decidir si nos movemos utilizando un cociente que tome en cuenta los pesos relativos.

5.1. Pseudo-código

- Vamos a proponer una “moneda” para lanzar la **dirección** de movimiento. Esto lo haremos con

$$\mu_{\star} | \mu_t \sim \text{Uniforme}(\mu_t - \omega, \mu_t + \omega). \quad (9)$$

- Vamos a decidir si nos movemos de acuerdo a los pesos relativos

$$\alpha(\mu_t, \mu_{\star}) = \min \left\{ 1, \frac{\pi(\mu_{\star})}{\pi(\mu_t)} \right\}. \quad (10)$$

5.2. Desentrañando

Escribamos el cociente en términos de la densidad de la distribución posterior y simplifiquemos. ¿Qué observas?

5.3. Implementación

Veamos cómo implementarlo. Vamos a suponer una distribución de muestreo con un intervalo de longitud 2. Es decir, $\omega = 1$.

```

1 ModeloUniforme <- R6Class("ProbabilityModel", list(
2   a = NA, b = NA,
3   initialize = function(a = 0, b = 1){
4     self$a = a; self$b = b
5   },
6   sample = function(n = 1){
7     runif(n, self$a, self$b)
8   },
9   density = function(x, log = TRUE){
10    dunif(x, self$a, self$b, log = log)
11  })

```

LISTING 5. Modelo de muestreo uniforme.

```

1 crea_cadena_markov <- function(objetivo, muestreo){
2   function(niter){
3     muestras <- matrix(nrow = niter, ncol = 2)
4     ## Empezamos en algun lugar
5     estado <- muestreo$sample()
6     muestras[1,2] <- estado
7     muestras[1,1] <- 1
8     for (ii in 2:niter){
9       ## Generamos un candidato
10      propuesta <- estado + muestreo$sample()
11      p_propuesta <- objetivo$density(propuesta, log = FALSE)
12      p_estado <- objetivo$density(estado, log = FALSE)
13      ## Evaluamos probabilidad de aceptar
14      if (runif(1) < p_propuesta/p_estado) {
15        muestras[ii, 1] <- 1 ## Aceptamos
16        muestras[ii, 2] <- propuesta
17      } else {
18        muestras[ii, 1] <- 0 ## Rechazamos
19        muestras[ii, 2] <- estado
20      }
21      estado <- muestras[ii, 2]

```

```

22   }
23   colnames(muestras) <- c("accept", "value")
24   muestras
25 }
26 }

```

LISTING 6. Nuestra segunda cadena de Markov.

```

1  objetivo <- ModeloNormal$new(mean = 4, sd = .6)
2  muestreo <- ModeloUniforme$new(a = -1, b = 1)
3
4  mcmc <- crea_cadena_markov(objetivo, muestreo)
5  muestras <- mcmc(5000)

```

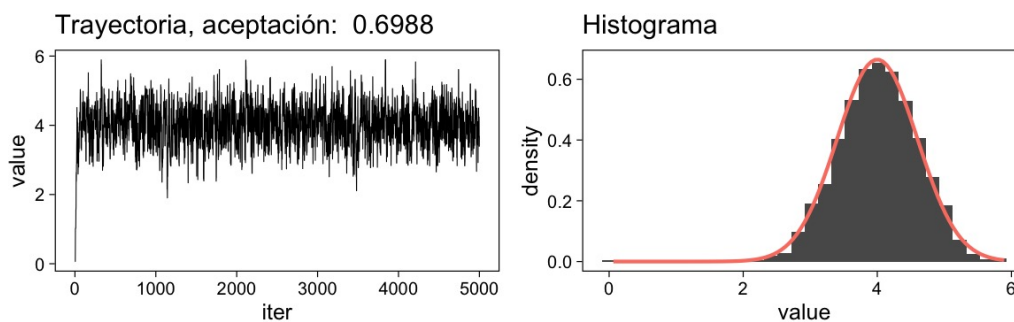


FIGURA 8. Nuestra segunda cadena de Markov.

Pregunta. Sin modificar el número de iteraciones, considera cambiar la dispersión de la distribución de muestreo.

- ¿Qué observas si $\omega = 0.01$?
- ¿Qué observas si $\omega = 100$?

Pregunta. Regresa a nuestro ejemplo conjugado Beta-Binomial. Considera una previa $\theta \sim \text{Beta}(2, 3)$ y una verosimilitud $Y|\theta \sim \text{Binomial}(2, \theta)$. Escribe la distribución posterior asumiendo $Y = k$.

Para este caso tenemos un ligero inconveniente. El soporte para θ es el intervalo cerrado $[0, 1]$ y utilizar una propuesta como en el caso anterior nos podría colocar (casi seguramente) fuera del intervalo. Así que lo que haremos será una pequeña modificación a cómo generamos nuestra propuesta y cómo evaluamos la probabilidad de aceptar dicha propuesta.

- Vamos a generar propuestas de la siguiente manera

$$\theta_{\star}|\theta_t \sim \text{Beta}(\alpha, \beta). \quad (11)$$

- Vamos a calcular la probabilidad de aceptar dicho movimiento a través de

$$\alpha(\theta_t, \theta_{\star}) = \min \left\{ 1, \frac{\pi(\theta_{\star}|y)}{\pi(\theta_t|y)} \cdot \frac{g(\theta_t)}{g(\theta_{\star})} \right\}, \quad (12)$$

donde g denota la densidad de la distribución de muestreo definida arriba.

Pregunta. Modifica el código de clase para implementar este muestreador. Utiliza distintas configuraciones de a, b para la distribución de propuesta. Compara con muestras exactas del modelo posterior bajo la observación $Y = 1$.

6. El método Metropolis-Hastings

La forma más general que tenemos para generar una cadena de muestras es el método de Metropolis-Hastings.

- Generamos propuestas en cada iteración por medio de

$$\theta_* | \theta_t \sim q(\theta_* | \theta_t). \quad (13)$$

- Calculamos la probabilidad de aceptar la propuesta como

$$\alpha(\theta_t, \theta_*) = \min \left\{ 1, \frac{\pi(\theta_*)}{\pi(\theta_t)} \cdot \frac{q(\theta_t | \theta_*)}{q(\theta_* | \theta_t)} \right\}, \quad (14)$$

donde la notación hace énfasis en que este mecanismo puede generar muestras de la distribución π utilizando un generador q .

Pregunta. Considera lo siguiente:

- Repasemos los métodos anteriores.
- ¿Qué pasa si desconocemos la constante de normalización de la distribución objetivo?

6.1. Distribución propuesta

El *arte* está en proponer una distribución de muestreo eficiente. Como ya hemos discutido, si no está bien calibrada podríamos tener un comportamiento no deseado. Supongamos que queremos muestrear de una $\text{Gamma}(20, 100)$. Para esto veamos tres configuraciones de la distribución de muestreo que será $N(\theta_t, \sigma^2)$.

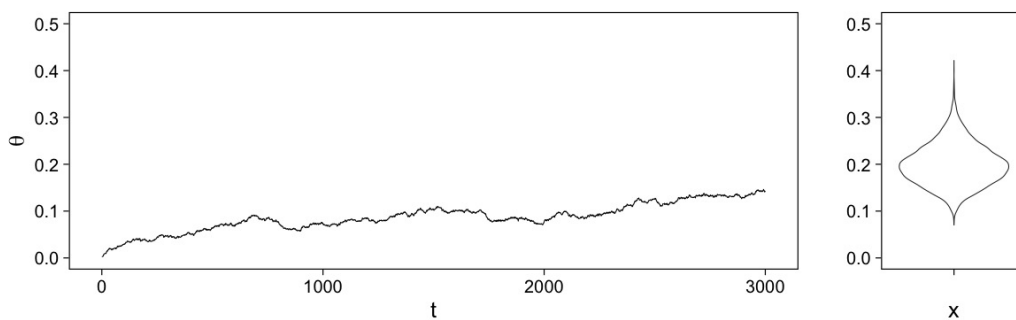


FIGURA 9. *Metropolis-Hastings en acción con un tamaño de paso muy pequeño.*

	configuracion	media	tasa.aceptacion
1	Paso chico	0.086	0.9440
2	Paso grande	0.309	0.0067
3	Paso justo	0.197	0.4633
4	Teorica	0.200	NA

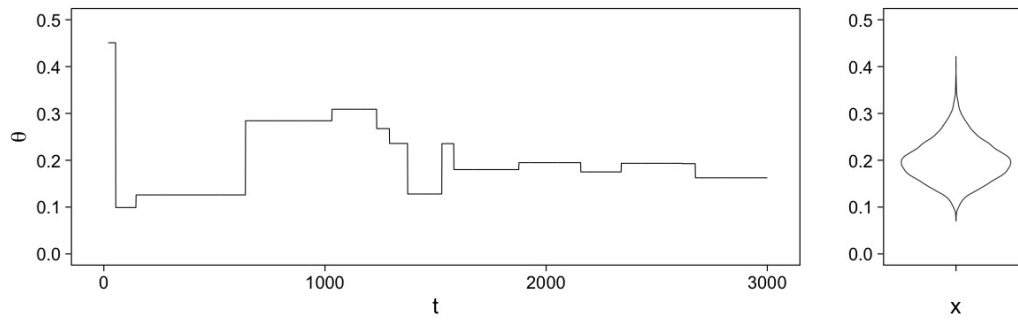


FIGURA 10. *Metropolis-Hastings en acción con un tamaño de paso muy grande.*

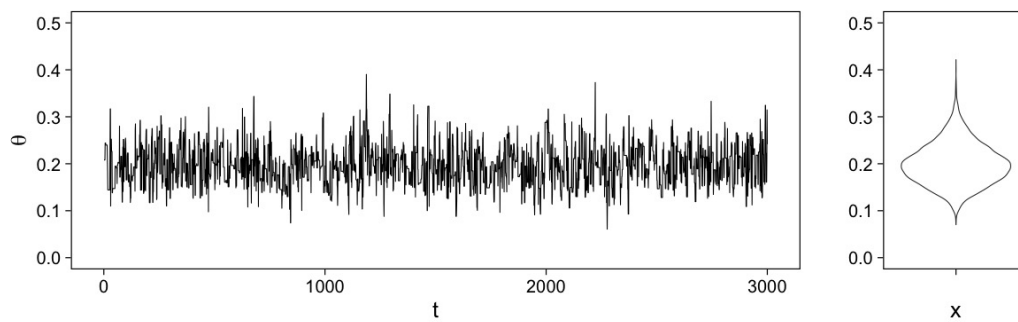


FIGURA 11. *Metropolis-Hastings en acción con un tamaño de paso justo.*

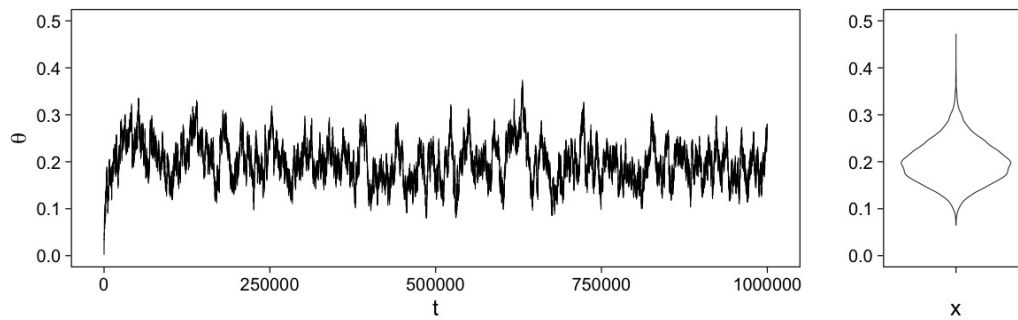


FIGURA 12. *Metropolis-Hastings en acción con un tamaño de paso pequeño y un periodo suficientemente amplio.*

7. En más dimensiones

Consideremos la siguiente distribución objetivo

$$\theta \sim N(m, S), \quad m = (1, 2)^\top, \quad S = \begin{pmatrix} 1 & .75 \\ .75 & 1 \end{pmatrix}, \quad (15)$$

y utilicemos el modelo de muestreo

$$\theta \sim N(0, \Sigma), \quad 0 \in \mathbb{R}^2, \quad \Sigma = \sigma^2 \cdot \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{pmatrix}. \quad (16)$$

```

1 library(mvtnorm)
2 ModeloNormalMultivariado <- R6Class("ProbabilityModel", list(
3   mean = NA,
4   cov = NA,
5   initialize = function(mu = 0, sigma = 1){
6     self$mean = mu; self$cov = sigma > as.matrix()
7   },
8   sample = function(n = 1){
9     rmvnorm(n, mean = self$mean, sigma = self$cov)
10  },
11  density = function(x, log = TRUE){
12    dmvnorm(x, self$mean, self$cov, log = log)
13  })

```

LISTING 7. Modelo de muestreo multivariado.

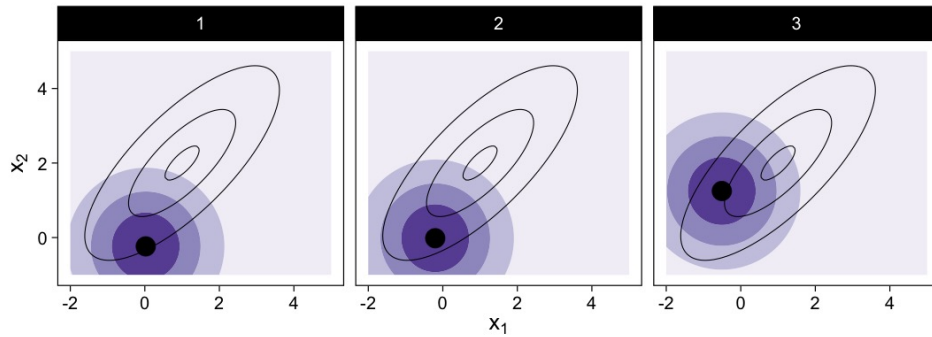


FIGURA 13. Propuestas Gaussianas (morado) contra densidad objetivo (línea sólida). Tres primeras iteraciones.

8. ¿Por qué funciona?

Ya vimos cómo funciona y describimos una versión suficientemente robusta. Ahora estudiaremos el por qué esa manera de operar las transiciones nos lleva a tener un mecanismo que genera muestras de la distribución (en el largo plazo).

Para esto tenemos que preguntarnos sobre las probabilidades de transición entre dos estados. Es decir, la probabilidad de movernos al estado θ_* condicional en estar en θ . Lo denotamos por

$$\mathbb{P}(\theta_{t+1} = \theta_* | \theta_t = \theta). \quad (17)$$

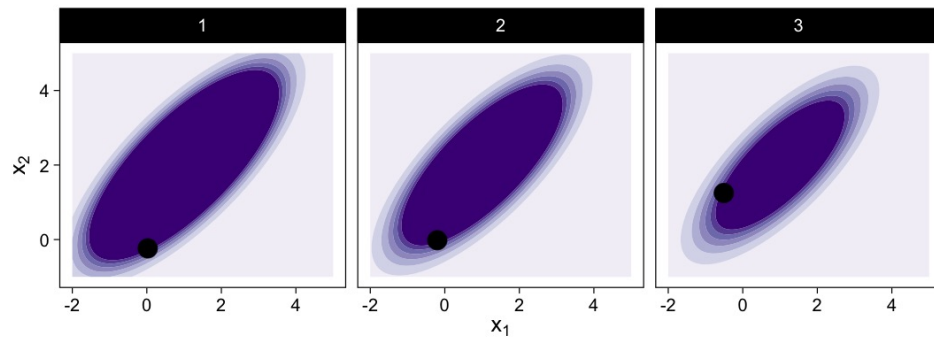


FIGURA 14. Probabilidad de aceptación de la propuesta de transición.

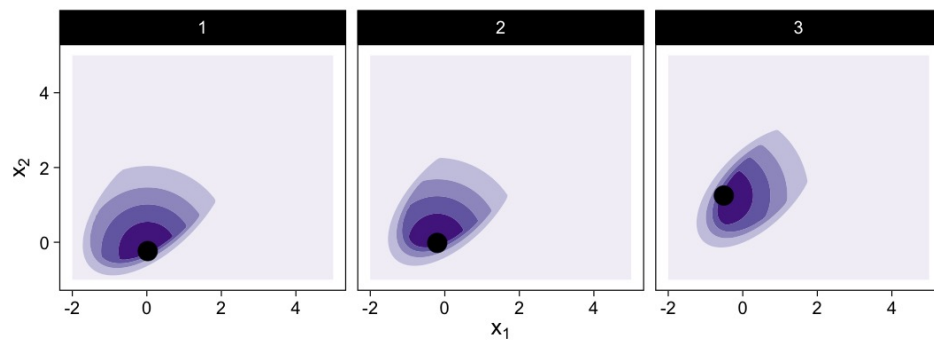


FIGURA 15. Probabilidad de transición (morado) = probabilidad de proponer un nuevo estado multiplicada por la probabilidad de aceptar dicha transición.

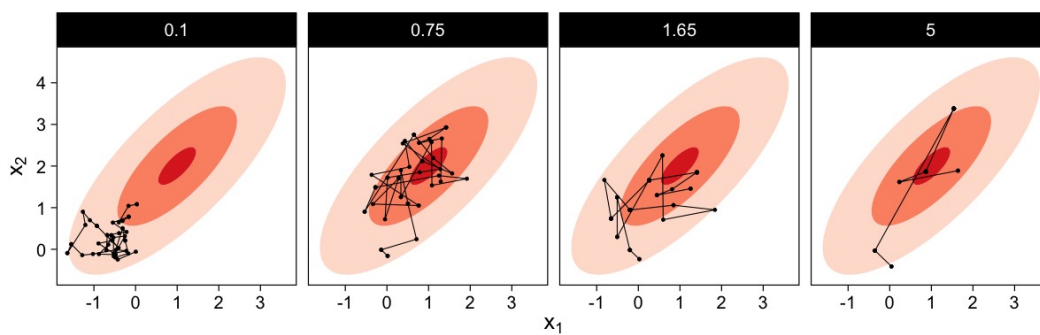


FIGURA 16. Caminata aleatoria utilizando Metropolis-Hastings para $\theta \in \mathbb{R}^2$.

Si el algoritmo es capaz de mantener un balance entre las probabilidades condicionales entre dos estados de acuerdo a su frecuencia relativa, entonces el algoritmo será capaz de preservar las frecuencias.

En palabras (bueno...), buscamos que

$$\frac{\mathbb{P}(\theta_{t+1} = \theta_* | \theta_t = \theta)}{\mathbb{P}(\theta_{t+1} = \theta | \theta_t = \theta_*)} = \frac{\pi(\theta_*)}{\pi(\theta)}, \quad (18)$$

donde $\pi(\cdot)$ denota la probabilidad objetivo.

Sólo nos falta calcular la probabilidad de transición. Esto lo logramos con dos pasos: 1) generar la propuesta y 2) aceptar o rechazar la propuesta. Por lo tanto

$$\mathbb{P}(\theta_{t+1} = \theta_* | \theta_t = \theta) = q(\theta_* | \theta) \cdot \alpha(\theta, \theta_*) = q(\theta_* | \theta) \cdot \min \left\{ 1, \frac{\pi(\theta_*)}{\pi(\theta)} \cdot \frac{q(\theta | \theta_*)}{q(\theta_* | \theta)} \right\}. \quad (19)$$

Definición 8.1 (Invarianza). Decimos que la distribución π es **invariante** ante un mecanismo de transición Markoviana $(p(u, v))$ si satisface que

$$\int \pi(u) p(u, v) du = \pi(v). \quad (20)$$

Lo que aprendemos de esto es que si tenemos un mecanismo de transición Markoviana que satisface las ecuaciones de balance entonces se mantendrá el comportamiento aleatorio de la distribución objetivo. Lo importante es que la transición preserva la distribución objetivo.

Observación (Aleatoriedad y distribución estacionaria). El resultado anterior es un resultado muy poderoso analíticamente. Sin embargo, no nos da herramientas para verificar que nuestra cadena de Markov ha alcanzado la distribución límite. ¿Cómo verificarías que una muestra satisface la distribución estacionaria?

Lemma 8.2 (Comportamiento asintótico de Metropolis-Hastings). El mecanismo de MH descrito anteriormente tiene como distribución límite $\pi(\cdot)$.

Lo que aprendemos de esto es que en particular MH preserva las ecuaciones de balance. Por lo tanto, si la cadena empieza en la distribución que nos interesa, entonces se mantendrá en ese comportamiento. Estudiar formalmente las condiciones y la tasa de convergencia para llegar a esa distribución escapa a los intereses del curso y se puede encontrar un tratamiento mas cuidadoso de esto en [2]. Sin embargo, podemos entenderlo bajo el argumento que MH busca las zonas de alta densidad. Tal como el vendedor ambulante prefería de manera consistente las islas mas grandes.

Referencias

- [1] M. A. A. J. Dogucu, Miles Q. Ott. *Bayes Rules! An Introduction to Applied Bayesian Modeling*. 2021. [1](#)
- [2] S. P. Meyn and R. L. Tweedie. *Markov Chains and Stochastic Stability*. Springer London, London, 1993. [15](#)

- [3] S. Reich and C. Cotter. *Probabilistic Forecasting and Bayesian Data Assimilation*. Cambridge University Press, Cambridge, 2015. [1](#)
- [4] D. Sanz-Alonso, A. M. Stuart, and A. Taeb. Inverse Problems and Data Assimilation. *arXiv:1810.06191 [stat]*, jul 2019. [1](#)
- [5] H. Wickham. *Advanced R, Second Edition*. CRC Press, may 2019. [1](#)

```
1 sessionInfo()
```

```
1 R version 4.3.1 (2023-06-16)
2 Platform: x86_64-apple-darwin20 (64-bit)
3 Running under: macOS Sonoma 14.1
4
5 Matrix products: default
6 BLAS: /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.3-x86_64/Resources/lib/
  libRblas.0.dylib
7 LAPACK: /Library/Frameworks/R.framework/Versions/4.3-x86_64/Resources/lib/
  libRlapack.dylib; LAPACK version 3.11.0
8
9 locale:
10 [1] en_US.UTF-8/en_US.UTF-8/en_US.UTF-8/C/en_US.UTF-8/en_US.UTF-8
11
12 time zone: America/Mexico_City
13 tzcode source: internal
14
15 attached base packages:
16 [1] stats      graphics  grDevices datasets  utils      methods    base
17
18 other attached packages:
19 [1] R6_2.5.1      scales_1.2.1 patchwork_1.1.2 lubridate_1.9.2
20 [5] forcats_1.0.0 stringr_1.5.0 dplyr_1.1.2     purrr_1.0.1
21 [9] readr_2.1.4   tidyr_1.3.0   tibble_3.2.1    ggplot2_3.4.2
22 [13] tidyverse_2.0.0
23
24 loaded via a namespace (and not attached):
25 [1] crayon_1.5.2    vctrs_0.6.3     cli_3.6.1       rlang_1.1.1
26 [5] stringi_1.7.12  renv_1.0.0      generics_0.1.3  labeling_0.4.2
27 [9] glue_1.6.2      colorspace_2.1-0 hms_1.1.3       fansi_1.0.4
28 [13] grid_4.3.1      munsell_0.5.0   tzdb_0.4.0      lifecycle_1.0.3
29 [17] compiler_4.3.1  timechange_0.2.0 pkgconfig_2.0.3 farver_2.1.1
30 [21] tidyselect_1.2.0 utf8_1.2.3      pillar_1.9.0    magrittr_2.0.3
31 [25] tools_4.3.1     withr_2.5.0     gtable_0.3.3
```