Notas sobre Bootstrap

Rogelio Ramos Quiroga rramosq@cimat.mx

1 Bootstrap básico

The Annals of Statistics 1979, Vol. 7, No. 1, 1-26

THE 1977 RIETZ LECTURE

BOOTSTRAP METHODS: ANOTHER LOOK AT THE JACKKNIFE

By B. Efron
Stanford University

Suponga que x_1, x_2, \ldots, x_n son i.i.d. $N(\mu, \sigma^2)$ y queremos una estimación de la media, μ , y su error estándar

$$\operatorname{errstd}(\widehat{\mu}) = \sqrt{\widehat{\operatorname{Var}}(\widehat{\mu})},$$

es claro que

$$\widehat{\mu} = \bar{x} \qquad \text{y} \qquad \operatorname{errstd}(\widehat{\mu}) = \operatorname{errstd}(\bar{x}) = \sqrt{\widehat{\mathsf{Var}}(\bar{x})} \stackrel{!}{=} \sqrt{\frac{\widehat{\sigma}^2}{n}} = \sqrt{\frac{1}{n} \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}},$$

un punto importante en el cálculo anterior, es que conocemos la expresión para la varianza

$$\operatorname{Var}(\widehat{\mu}) = \operatorname{Var}(\bar{x}) = \frac{\sigma^2}{n}.$$

El Bootstrap estima el error estándar usando simulación y, críticamente, no requiere que conozcamos esa expresión explícita de la varianza. Para ello, simulamos B veces, con reemplazo, de $\{x_1, x_2, \ldots, x_n\}$, para cada muestra bootstrap calculamos el estimador deseado y, finalmente, calculamos la desviación estándar muestral de esas B estimaciones, y ya está.

muestra	muestra bootstrap				estimador
1	x_1^1	x_2^1		x_n^1	$\widehat{\mu}^1$
2	$x_1^{\bar{2}}$	$x_2^{\overline{2}}$		x_n^2	$\widehat{\mu}^2$
•					
:	:	:	:	:	:
B	x_1^B	x_2^B		x_n^B	$\widehat{\mu}^B$

El estimador Bootstrap¹ del error estándar es

$$\mathrm{errstd}_b(\widehat{\mu}) = \sqrt{\frac{1}{B-1}\sum_{b=1}^B (\widehat{\mu}^b - \bar{\widehat{\mu}})^2}, \qquad \mathrm{donde} \quad \bar{\widehat{\mu}} = \frac{1}{B}\sum_{b=1}^B \widehat{\mu}^b$$

¹Efron, B. (1979) Bootstrap methods: another look at the jackknife, Ann. Statist., 7, 1, pp. 1-26.

```
# Bootstrap no-paramétrico básico
set.seed(4347)
  = 40
med = 10
des = 1
data = rnorm(n, med, des)
xb = mean(data)
                          # 9.770336
err = sd(data)/sqrt(n)
    = 5000
xbs = rep(0,B)
for(i in 1:B){
sel = sample(1:n, size=n, replace=TRUE)
xx = data[sel]
xbs[i] = mean(xx) }
sd(xbs)
         # 0.1377988 = error estándar bootstrap
err
         # 0.1405979 = error estándar
```

Un ejemplo menos trivial es el cálculo del error estándar del estimador de Pearson del coeficiente de correlación². Suponga que tenemos

$$(x_1, y_1), (x_2, y_2), \dots, (x_n, y_n) \sim \text{i.i.d. } N_2(\mu, \Sigma)$$

con

$$\mu = \left[\begin{array}{c} \mu_1 \\ \mu_2 \end{array} \right], \quad \Sigma = \left[\begin{array}{cc} \sigma_{11} & \sigma_{12} \\ \sigma_{21} & \sigma_{22} \end{array} \right], \quad \rho = \frac{\sigma_{12}}{\sqrt{\sigma_{11}}\sqrt{\sigma_{22}}} \quad \text{y} \quad r = \frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \right]$$

aquí, r es el estimador de Pearson del coeficiente de correlación, ρ , y queremos su error estándar

$$\operatorname{errstd}(r) = \sqrt{\widehat{\mathsf{Var}}(r)} \stackrel{?}{=} \cdots$$

en este caso, no se cuenta con expresiones explícitas para la varianza de r, sin embargo, el procedimiento anterior es aplicable.

muestra		estimador			
1	$(x_1,y_1)^1$	$(x_2, y_2)^1$		$(x_n, y_n)^1$	$\widehat{ ho}^1$
2	$(x_1,y_1)^2$	$(x_2, y_2)^2$		$(x_n, y_n)^2$	$\widehat{ ho}^2$
:	:	:	:	:	:
$\stackrel{\cdot}{B}$	$(x_1, y_1)^B$	$(x_2,y_2)^B$		$(x_n,y_n)^B$	$\widehat{ ho}^B$

El estimador Bootstrap del error estándar es

$$\mathrm{errstd}_b(r) = \sqrt{\frac{1}{B-1}\sum_{b=1}^B(\widehat{\rho}^b - \bar{\widehat{\rho}})^2}, \qquad \mathrm{donde} \quad \bar{\widehat{\rho}} = \frac{1}{B}\sum_{b=1}^B \widehat{\rho}^b$$

```
set.seed(9320)
lsat = c(576,635,558,578,666,580,555,661,651,605,653,575,545,572,594)
gpa = c(339,330,281,303,344,307,300,343,336,313,312,274,276,288,296)
n = length(gpa)
robs = cor(lsat,gpa) # correlación observada = 0.7763745
# Cómo estimar su error estándar?
B = 5000
```

²Efron, B. (1982), The jackknife, the bootstrap and other resampling plans. SIAM

```
b = rep(0,B)
for(i in 1:B){
    sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
    b[i] = cor(lsat[sel],gpa[sel]) }
s = sd(b)
# s = 0.1333642
```

Si hubiésemos querido estimar el error estándar desde principios básicos, necesitaríamos, primero, calcular Var(r), para ello, en principio, debemos conocer la distribución de r. Ahora, esta se conoce (Fisher (2015)) y es

$$f(r) = \frac{n-2}{\sqrt{2\pi}} \frac{\Gamma(n-1)}{\Gamma(n-1/2)} \frac{(1-\rho^2)^{(n-1)/2} (1-r^2)^{(n-4)/2}}{(1-\rho r)^{n-3/2}} \, _2F_1\left(\frac{1}{2}, \frac{1}{2}, \frac{2n-1}{2}, \frac{\rho r+1}{2}\right)$$

donde ${}_2F_1\left(a,b,c,z\right)$ es la Función Hipergeométrica Gaussiana:

$$_{2}F_{1}(a,b,c,z) = \sum_{j=0}^{\infty} \frac{(a)_{j}(b)_{j}}{(c)_{j}} \frac{z^{j}}{j!}$$

con $(q)_i$ denotando el símbolo de Pochhammer:

$$(q)_j = \begin{cases} 1 & j = 0\\ q(q+1)\cdots(q+j-1) & j > 0 \end{cases}$$

Calcularíamos la varianza mediante la evaluación de $\mathsf{E}(r)$ y $\mathsf{E}(r^2)$ (cosa que, definitivamente, no queremos - o podemos - hacer!).

La aplicabilidad del Bootstrap es muy amplia, Efron, en una revisión en 2003^3 comenta que "During the past 25 years an enormous amount of statistical research has investigated the validity of the bootstrap approach. For most models P and most statistics $\widehat{\theta}$, we know that the bootstrap standard deviation $\mathrm{sd}_*(\widehat{\theta}^*)$ is a good estimator for the true standard deviation $\mathrm{sd}(\widehat{\theta})$, and likewise for other accuracy measures".

2 Bootstrap paramétrico

El Bootstrap (no-paramétrico) muestrea sin reemplazo de $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$, esto es, obtiene muestras i.i.d. de la distribución empírica

$$\widehat{F}(x) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} I(x_i \le x),$$

alternativamente, el Bootstrap paramétrico muestrea de la distribución paramétrica estimada. Por ejemplo, en el caso del coeficiente de correlación, bajo el supuesto de normalidad, se muestrearía de la distribución normal bivariada

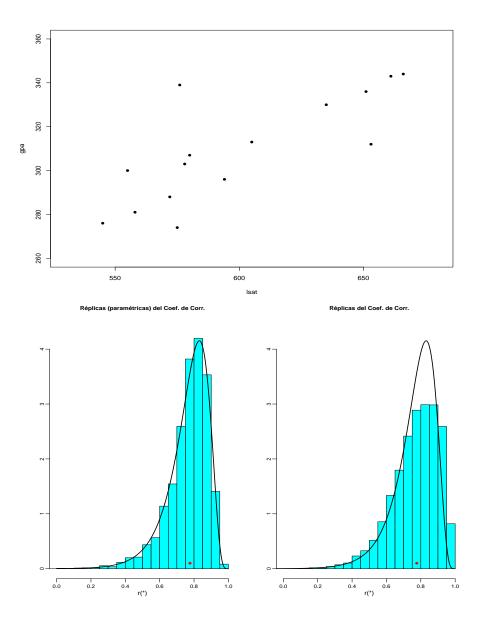
$$N_2(\widehat{\mu},\widehat{\Sigma}), \qquad \text{con} \qquad \widehat{\mu} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n z_i \qquad \text{y} \qquad \widehat{\Sigma} = \left[\begin{array}{cc} s_{11} & s_{12} \\ s_{21} & s_{22} \end{array} \right]$$

donde $z_i = (x_i, y_i)$ y las s_{ij} 's son las varianzas y covarianzas muestrales.

```
# Bootstrap Paramétrico.
set.seed(9320)
lsat = c(576,635,558,578,666,580,555,661,651,605,653,575,545,572,594)
gpa = c(339,330,281,303,344,307,300,343,336,313,312,274,276,288,296)
robs = cor(lsat,gpa) # correlación observada = 0.7763745
plot(lsat,gpa,xlim=c(530,680),ylim=c(260,360),pch=16)
# (razonablemente como una normal bivariada)
X = cbind(lsat,gpa)
mu = colMeans(X)
```

³Efron, B. (2003). Second thoughts on the Bootstrap. Statistical Science, 18, 2, 135-140

```
Sig = var(X)
# Supongamos que la poblacón es: N(mu,Sig), entonces, una forma
# de estimar el comportamiento distribucional de Ro, es muestrear
# de esta población.
library(mvtnorm)
n = length(gpa)
B = 5000
ros = rep(0,B)
for(i in 1:B){
  mues = rmvnorm(n=n,mean=mu,sigma=Sig)
  ros[i] = cor(mues[,1],mues[,2]) }
s = sd(ros)
# Estimación bootstrap del error estándar (bootstrap paramétrico)
\# s = 0.119026
# Distribución del coeficiente de correlación de Pearson
library(hypergeo)
M = 201
rr = seq(0,1,length=M)
ff = rep(0,M)
for(i in 1:M){
  aa = ((n-2)*gamma(n-1))/(sqrt(2*pi)*gamma(n-.5))
  bb = ((1-robs^2)^((n-1)/2)) / ((1-robs*rr[i])^(n-1.5))
  cc = (1-rr[i]^2)^((n-4)/2)
  dd = hypergeo(.5, .5, (2*n-1)/2, (robs*rr[i]+1)/2)
  ff[i] = aa*bb*cc*dd }
par(mfrow=c(1,2), mar=c(4,4,1,1))
hist(ros, main="Réplicas (paramétricas) del Coef. de Corr.",
     cex.main=.9,xlab="r(*)",ylab="",cex.axis=.8,mgp=c(1.5,.5,0),
     col="cyan",nclass=20,xlim=c(0,1),probability=TRUE,ylim=c(0,4.5))
points(robs,.1,pch=16,col="red")
lines(rr,ff,lwd=2)
hist(b, main="Réplicas del Coef. de Corr.",
     cex.main=.9,xlab="r(*)",ylab="",cex.axis=.8,mgp=c(1.5,.5,0),
     col="cyan",nclass=20,xlim=c(0,1),probability=TRUE,ylim=c(0,4.5))
points(robs,.1,pch=16,col="red")
lines(rr,ff,lwd=2)
```



3 Estimación "plug-in"

Las versiones anteriores del Bootstrap estan basadas en simulación, sin embargo la versión más básica no requiere Monte Carlo. Sea θ una cantidad de interés acerca de una distribución F, podemos conceptualizar a θ como una función de F, $\theta=h(F)$, por ejemplo

θ	=	h(F)
μ	=	$\int x dF(x)$
σ^2	=	$\int x^2 dF(x) - \left(\int x dF(x)\right)^2$
M	=	solución de $\int_{-M}^{M} dF(x) = 1/2$

ahora, consideremos un estimador de θ , $\widehat{\theta}_n$, basado en datos $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$. Para evaluar el desempeño de este estimador, podemos estar interesados en evaluar, por ejemplo, la distribución del error

$$\lambda_n(F) = \mathsf{P}_F \left\{ \sqrt{n} [\widehat{\theta}_n - h(F)] \le a \right\},$$

la idea clave de Efron consiste en considerar estimaciones de estas cantidades mediante el estimador "plug-in", $\lambda_n(\widehat{F})$, donde \widehat{F} es la función de distribución empírica de la muestra. Para ilustrar cómo se puede estudiar el comportamiento de $\lambda_n(F)$ mediante $\lambda_n(\widehat{F})$ consideremos un caso sencillo⁴. Supongamos $\theta=h(F)=\mathsf{E}_F(x)$ y una muestra de tamaño n=2, $\{x_1=c,x_2=d\}$ con c< d. El plug-in para $\lambda_n(F)$ es

$$\lambda_n(\widehat{F}) = \mathsf{P}_{\widehat{F}} \left\{ \sqrt{n} [\widehat{\theta}_n^* - h(\widehat{F})] \leq a \right\}.$$

Veamos las diferentes componentes de esta expresión

$$h(\widehat{F}) = \mathsf{E}_{\widehat{F}}(x^*) = \sum_{j=1}^n x_j \; \mathsf{P}_{\widehat{F}}(x^* = x_j) = \sum_{j=1}^n x_j \left(\frac{1}{n}\right) = \bar{x},$$

de modo que en nuestro caso con n=2:

$$h(\widehat{F}) = \frac{c+d}{2}.$$

El estimador de la media en el mundo bootstrap es $\widehat{\theta}_n^* = (x_1^* + x_2^*)/2$, y queremos la distribución de este estimador. Los posibles valores para (x_1^*, x_2^*) y sus respectivas probabilidades son

(x_1^*, x_2^*)	$P_{\widehat{F}}(x_1^*, x_2^*)$
(c,c)	1/4
(c,d)	1/4
(d,c)	1/4
(d, d)	1/4

Entonces, la distribución del estimador de la media, así como la del error (en el mundo bootstrap) son:

$\widehat{\theta}_n^*$	$P_{\widehat{F}}(\widehat{\theta}_n^*)$	$\sqrt{n}\left(\widehat{\theta}_n^* - h(\widehat{F})\right)$	$P_{\widehat{F}}$	$\left[\sqrt{n}\left(\widehat{\theta}_n^* - h(\widehat{F})\right)\right]$
$\overline{}$	1/4	$(c-d)/\sqrt{2}$		1/4
(c + d)/2	1/2	0		1/2
d	1/4	$(d-c)/\sqrt{2}$		1/4

De aquí que, la distribución de la variable aleatoria $\sqrt{n}\left(\widehat{\theta}_n^* - h(\widehat{F})\right)$, está completamente determinada y, por lo tanto, podemos calcular cualquier probabilidad relacionada con ella y, consecuentemente, podemos aproximar las correspondientes probabilidades de error de interés:

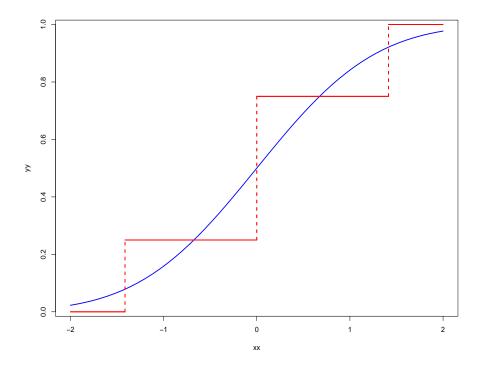
$$\lambda_n(F) = \mathsf{P}_F \left\{ \sqrt{n} [\widehat{\theta}_n - h(F)] \leq a \right\} \quad \approx \quad \mathsf{P}_{\widehat{F}} \left\{ \sqrt{n} [\widehat{\theta}_n^* - h(\widehat{F})] \leq a \right\} = \lambda_n(\widehat{F}).$$

Note que podemos aproximar $\lambda_n(F)$ sin necesidad de recurrir a simulación, pero el cálculo explícito es factible sólo en algunos casos sencillos. En el caso (usual) de no poder hacer estos cálculos en forma cerrada, como conocemos la distribución \widehat{F} , entonces podemos <u>simular</u> de ella y consecuentemente de $\widehat{\theta}_n^*$, a este proceso es lo que propiamente se le llama **bootstrap**.

```
xx = seq(-2,2,len=51)
yy = pnorm(xx)
plot(xx,yy,lwd=2,col="blue",type="l")
segments(-2,0,-sqrt(2),0,lwd=2,col="red")
segments(-sqrt(2),0,-sqrt(2),1/4,lwd=2,col="red",lty=2)
segments(-sqrt(2),1/4,0,1/4,lwd=2,col="red")
segments(0,1/4,0,3/4,lwd=2,col="red",lty=2)
segments(0,3/4,sqrt(2),3/4,lwd=2,col="red")
```

⁴ tomado de: Lehmann, E. (2004) Elements of Large Sample Theory. Springer

```
segments(sqrt(2),3/4,sqrt(2),1,lwd=2,col="red",lty=2)
segments(sqrt(2),4/4,2,4/4,1wd=2,col="red")
set.seed(83838)
dat = c(3,5)
  = 1000
xb = rep(0,B)
for(i in 1:B){
  sel = sample(1:2,size=2,replace=TRUE)
  dd = dat[sel]
  xb[i] = mean(dd) }
zz = sqrt(2)*(xb-mean(dat))
table(zz)
-1.4142
               1.4142
            0
    236
          518
                  246
```



4 Jackknife

Sean x_1, x_2, \ldots, x_n i.i.d. F. La media muestral $\bar{x} = \sum x_i/n$ estima la media $\mu = \mathsf{E}(x)$ y, más aún, los datos proveen, no sólo información sobre μ , también dan información sobre la precisión de \bar{x} ,

$$\hat{\sigma}_{\bar{x}}^2 = \frac{1}{n}\hat{\sigma}^2 = \frac{1}{n(n-1)}\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$$

Un problema con esta fórmula para la precisión de \bar{x} , es que no es fácilmente extendible a otros estimadores. Pero puede reescribirse de forma que puede generalizarse. Sea $\bar{x}_{(i)}$ la media aritmética de x_1, x_2, \ldots, x_n , pero

sin incluir a x_i

$$\bar{x}_{(i)} = \frac{1}{n-1} \sum_{j \neq i} x_j = \frac{1}{n-1} \left[\sum_{j=1}^n x_j - x_i \right] = \frac{n\bar{x} - x_i}{n-1},$$

definamos $\bar{x}_{(.)}$ como la media de todas las $\bar{x}_{(i)}$'s,

$$\bar{x}_{(.)} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \bar{x}_{(i)} = \frac{n^2}{n(n-1)} \bar{x} - \frac{1}{n-1} \bar{x} = \bar{x}.$$

El estimador **Jackknife** 5 de la desviación estándar de \bar{x} es

$$\hat{\sigma}_J = \left[\frac{n-1}{n} \sum_{i=1}^n (\bar{x}_{(i)} - \bar{x}_{(.)})^2 \right]^{1/2}$$

el cual, puede verse que es, precisamente, el estimador usual arriba mencionado

$$\widehat{\sigma}_J^2 = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2 = \widehat{\sigma}_{\bar{x}}^2.$$

Ahora, esta expresión si es generalizable. Sea $\widehat{\theta}=\widehat{\theta}(x_1,\ldots,x_n)$, un estimador de un parámetro θ . El estimador **Jackknife** de la desviación estándar de $\widehat{\theta}$ se define como

$$\widehat{\sigma}_{J} = \left[\frac{n-1}{n} \sum_{i=1}^{n} (\widehat{\theta}_{(i)} - \widehat{\theta}_{(.)})^{2} \right]^{1/2}$$

donde

$$\widehat{\theta}_{(i)} = \widehat{\theta}(x_1, \dots, x_{i-1}, x_{i+1}, \dots, x_n)$$
 \mathbf{y} $\widehat{\theta}_{(.)} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \widehat{\theta}_{(i)}$

```
# Jackknife básico
set.seed(4347)
n = 40
med = 10
des = 1
data = rnorm(n,med,des)
xb = mean(data)  # 9.770336
err = sd(data)/sqrt(n)  # 0.1405979

teti = rep(0,n)
for(i in 1:n){
   dati = data[-i]
   teti[i] = mean(dati) }

tetb = mean(teti)  # 9.770336
sdJ = sqrt(((n-1)/n)*sum((teti-tetb)^2))  # 0.1405979
```

Una propiedad del Jackknife: Reducción de sesgo. Supongamos que $\widehat{\theta}$ es un estimador sesgado de θ , con sesgo de orden 1/n

$$\mathsf{E}(\widehat{\theta}) = \theta + \left(\frac{a_1}{n} + \frac{a_2}{n^2} + \frac{a_3}{n^3} + \cdots\right)$$

⁵Tukey, J. (1958), Bias and confidence in not quite large samples, (abstract), Ann. Math. Statist., 29, p. 614

El estimador Jackknife para el sesgo se define como

$$\widehat{B}_J = (n-1)\left(\widehat{\theta}_{(.)} - \widehat{\theta}\right)$$

así, el estimador Jackknife para θ se define como

$$\widetilde{\theta} = \widehat{\theta} - \widehat{B}_J = \widehat{\theta} - (n-1)\left(\widehat{\theta}_{(.)} - \widehat{\theta}\right) = n\widehat{\theta} - (n-1)\widehat{\theta}_{(.)}.$$

Note que

$$\mathsf{E}(\widehat{\theta}_{(i)}) = \theta + \left(\frac{a_1}{n-1} + \frac{a_2}{(n-1)^2} + \frac{a_3}{(n-1)^3} + \cdots\right)$$

de modo que

$$\mathsf{E}(\widehat{\theta}_{(.)}) = \mathsf{E}\left(\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}\widehat{\theta}_{(i)}\right) = \theta + \left(\frac{a_1}{n-1} + \frac{a_2}{(n-1)^2} + \frac{a_3}{(n-1)^3} + \cdots\right)$$

de aquí tenemos

$$\begin{split} \mathsf{E}(\tilde{\theta}) &= n \mathsf{E}(\hat{\theta}) - (n-1) \mathsf{E}(\hat{\theta}_{(.)}) \\ &= \left[n \theta + a_1 + \frac{a_2}{n} + \frac{a_3}{n^2} + \cdots \right] - \left[(n-1) \theta + a_1 + \frac{a_2}{(n-1)} + \frac{a_3}{(n-1)^2} + \cdots \right] \\ &= \theta + a_2 \left[\frac{1}{n} - \frac{1}{n-1} \right] + a_3 \left[\frac{1}{n^2} - \frac{1}{(n-1)^2} \right] + \cdots \end{split}$$

el coeficiente dominante

$$\frac{1}{n} - \frac{1}{n-1} = -\frac{1}{n(n-1)} \approx -\frac{1}{n^2}$$

de modo que si $\hat{\theta}$ tiene sesgo de orden 1/n, entonces $\tilde{\theta}$ tiene sesgo menor, de orden $1/n^2$.

5 Consistencia del Bootstrap

Consideremos^6 el caso de estimación Bootstrap de la media de una distribución. Supongamos x_1, x_2, \ldots, x_n i.i.d. F, con $\mathsf{E}(x) = \mu$, $\mathsf{Var}(x) = \sigma^2$ y $\mathsf{E}[x^3] = \rho$. Queremos darle sentido a la afirmación de que el comportamiento de $T_n = \sqrt{n}(\bar{x} - \mu)$ es aproximable mediante el comportamiento de $T_n^* = \sqrt{n}(\bar{x}^* - \bar{x})$. Definamos

$$H_n(t) = \mathsf{P}_F \left(T_n \le t \right) \qquad \mathsf{y} \qquad H_n^*(t) = \mathsf{P}_{\widehat{F}} \left(T_n^* \le t \right)$$

Queremos ver que $d(H_n^*,H_n)\stackrel{\text{a.s.}}{\to} 0$, donde $d(F,G)\equiv \sup_{\sigma}|F(x)-G(x)|$.

Sea $\widehat{\sigma}=\sum (x_i-\bar{x})^2/n$. Observamos que \bar{x} y $\widehat{\sigma}$ son la media y desviación estándar de la variable aleatoria x^* distribuida de acuerdo a la distribución empírica, y sean z_n y z_n^* versiones estandarizadas de T_n y T_n^* , respectivamente

$$z_n = \sqrt{n}(\bar{x} - \mu)/\sigma$$
 y $z_n^* = \sqrt{n}(\bar{x}^* - \bar{x})/\widehat{\sigma}$

Ahora, denotemos $\Phi_a(x) \equiv \Phi(x/a)$, donde Φ es la función de distribución de la normal estándar. El resultado sobre la cota de Berry-Esseen, aplicado tanto a \bar{x} como a \bar{x}^* , nos dice que

$$\sup_{z} \mid \mathsf{P}(z_n \leq z) - \Phi(z) \mid \leq \frac{C\rho}{\sqrt{n} \; \sigma^3} \qquad \mathsf{y} \qquad \sup_{z} \mid \mathsf{P}_{\widehat{F}}(z_n^* \leq z) - \Phi(z) \mid \leq \frac{C\frac{1}{n} \sum |x_i - \bar{x}|^3}{\sqrt{n} \; \widehat{\sigma}^3}$$

⁶ tomado de: Wasserman, L. (2006). All of Nonparametric Statistics. Springer

Note que

$$\begin{split} \sup_{z} \mid \mathsf{P}_{\widehat{F}}(z_{n}^{*} \leq z) - \Phi(z) \mid &= \sup_{z} \mid \mathsf{P}_{\widehat{F}}(\sqrt{n}(\bar{x}^{*} - \bar{x}) \leq z\widehat{\sigma}) - \Phi(z\widehat{\sigma}/\widehat{\sigma}) \mid \\ &= \sup_{z} \mid \mathsf{P}_{\widehat{F}}(\sqrt{n}(\bar{x}^{*} - \bar{x}) \leq z) - \Phi_{\widehat{\sigma}}(z)) \mid \\ &= d(H_{n}^{*}, \Phi_{\widehat{\sigma}}) \end{split}$$

Por la desigualdad del triangulo, se tiene

$$d(H_n^*, H_n) \le d(H_n^*, \Phi_{\widehat{\sigma}}) + d(\Phi_{\widehat{\sigma}}, \Phi_{\sigma}) + d(\Phi_{\sigma}, H_n) \equiv A + B + C$$

ullet A está acotada y puede verse que converge a 0

$$A \le \frac{C\frac{1}{n}\sum |x_i - \bar{x}|^3}{\sqrt{n}\ \widehat{\sigma}^3} \stackrel{\text{a.s.}}{\to} 0$$

- B converge a 0, pues $\widehat{\sigma} \stackrel{\text{a.s.}}{\rightarrow} \sigma$
- \bullet C converge a 0 por el Teorema Central del Límite

De modo que $d(H_n^*, H_n) \stackrel{\text{a.s.}}{\to} 0$. Las convergencias de A y B son en sentido estocástico y la de C en sentido de sucesiones de números reales.

Un resultado un poco más general acerca de la consistencia del bootstrap⁷: Supongamos que $\mathsf{E}(x_1^2)<\infty$. Sea $T_n=g(\bar{x}_n)$, donde g es continuamente diferenciable en $\mu=\mathsf{E}(x_1)$ y, además, $g'(\mu)\neq 0$. Entonces

$$\sup_{u} \left| \mathsf{P}_{\widehat{F}_{n}} \left(\sqrt{n} (T(\widehat{F}_{n}^{*}) - T(\widehat{F}_{n})) \leq u \right) - \mathsf{P}_{F} \left(\sqrt{n} (T(\widehat{F}_{n}) - T(F)) \leq u \right) \right| \overset{a.s.}{\to} 0$$

Ahora bien, el bootstrap funciona bajo condiciones muy generales, sin embargo puede, por supuesto, fallar. La siguiente lista⁸ indica áreas en donde la aplicación del bootstrap no es automática y debe ponerse atención a métodos especiales:

- Muestras demasiado pequeñas
- Distribuciones con momentos infinitos
- Estimación de valores extremos
- Inferencia en poblaciones finitas
- ullet Secuencias M-dependientes
- Procesos autoregresivos no estables
- Dependencias de largo plazo

⁷Wasserman, L. (2006). All of nonparametric statistics. Springer

⁸Chernick, M.R. (2008), Bootstrap methods: A guide for practitioners and researchers. Wiley

6 Intervalos de confianza

Sea T un estadístico, estimador de θ . Supongamos que queremos un intervalo de confianza para θ , más aún, supongamos que conocemos la distribución de $T-\theta$ (p. ej. una cantidad pivotal) y podemos calcular sus cuantiles, i.e. podemos conocer a y b tales que

$$P(a \le T - \theta \le b) = 1 - \alpha$$

de aquí que

$$P(T - b \le \theta \le T - a) = 1 - \alpha$$

y, entonces, (T-b,T-a) sería un intervalo del $100(1-\alpha)\%$ de confianza para θ . En el mundo bootstrap aproximamos la distribución de $T-\theta$, mediante la distribución de $T^*-\widehat{\theta}$, de aquí que una aproximación para a es $t^*_{(B+1)(\alpha/2)}-\widehat{\theta}$ y para b sería $t^*_{(B+1)(1-\alpha/2)}-\widehat{\theta}$. Entonces las expresiones para las aproximaciones bootstrap de los límites de un intervalo de confianza son

$$\widehat{t - b} = \widehat{\theta} - [t^*_{(B+1)(1-\alpha/2)} - \widehat{\theta}] = 2 \widehat{\theta} - t^*_{(B+1)(1-\alpha/2)}$$

$$\widehat{t - a} = \widehat{\theta} - [t^*_{(B+1)(\alpha/2)} - \widehat{\theta}] = 2 \widehat{\theta} - t^*_{(B+1)(\alpha/2)}$$

A estos límites se les llama **límites de confianza bootstrap básicos** 9 . Ahora acerca de la aproximación de la distribución de $T - \theta$, mediante la distribución de $T^* - \widehat{\theta}$: Si $F(u) = P(T - \theta \le u)$ entonces su aproximación es

$$\widehat{F}_B(u) = \frac{\#\{t^* - \widehat{\theta} \le u\}}{B} = \frac{1}{B} \sum_{i=1}^B I\{t_i^* - \widehat{\theta} \le u\}$$

Conforme B aumenta, tenemos convergencia a la distribución empírica $\widehat{F}(u)$, y conforme n aumenta, tenemos convergencia a F(u)

$$\widehat{F}_B(u) \underset{B}{\to} \widehat{F}(u) \underset{n}{\to} F(u)$$

El **método de percentiles** es el más sencillo, sin embargo no se recomienda por no tener una justificación sólida. Supongamos B muestras bootstrap con los respectivos B valores de $\widehat{\theta}_i^*$. El método consiste en ordenar esos B valores y calcular los correspondientes cuantiles

$$(\widehat{\theta}_{\alpha/2}^*, \widehat{\theta}_{1-\alpha/2}^*)$$

Este procedimiento puede justificarse si podemos asumir normalidad para los $\widehat{\theta}_i^*$'s. En este caso, se tiene la ventaja de que los límites de confianza estan en el mismo soporte que el parámetro de interés.

```
# Intervalos de confianza bootstrap

set.seed(9320)
lsat = c(576,635,558,578,666,580,555,661,651,605,653,575,545,572,594)
gpa = c(339,330,281,303,344,307,300,343,336,313,312,274,276,288,296)
robs = cor(lsat,gpa) # correlación observada = 0.7763745
B = 5000
b = rep(0,B)
for(i in 1:B){
    sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
    b[i] = cor(lsat[sel],gpa[sel]) }
s = sd(b)
# s = 0.1333642

# Intervalos de Confianza, 90%
# Método de percentiles:
    icn = quantile(b,p=c(.05,.95))
```

⁹Davison, A.C. and Hinkley, D.V. (1997) Bootstrap methods and their application. Cambridge Univ. Press

5% 95% 0.5200723 0.9456298

Método Básico:

lininf = 2*robs-icn[2] # 0.607
limsup = 2*robs-icn[1] # 1.033

Los **intervalos** BC_a (bias corrected and accelerated) 10 son una mejora con respecto a los intervalos básico y de percentiles. Una mejora en el sentido de que son de "segundo orden", esto es, la probabilidad de cobertura es de la forma c/n, mientras que los otros intervalos son de "primer orden" pues su cobertura es de la forma a/\sqrt{n} . Como su nombre indica, el BC_a , corrige por sesgo del plug-in, en forma automática. Los límites de confianza quedan en función de los cuantiles de $\widehat{\theta}^*$, similar al método de percentiles, pero también dependen de dos parámetros más

$$a = aceleración$$

 $z_0 = corrección por sesgo$

El intervalo BC_a , con cobertura $1-2\alpha$, es

$$BC_a = (\widehat{\theta}_{lo}, \widehat{\theta}_{up}) = (\widehat{\theta}_{\alpha_1}^*, \widehat{\theta}_{\alpha_2}^*)$$

donde

$$\alpha_1 = \Phi\left(z_0 + \frac{z_0 + z_\alpha}{1 - a(z_0 + z_\alpha)}\right)$$
$$\alpha_2 = \Phi\left(z_0 + \frac{z_0 + z_{1-\alpha}}{1 - a(z_0 + z_{1-\alpha})}\right)$$

note que si a=0 y $z_0=0$ entonces $\alpha_1=\alpha$ y $\alpha_2=1-\alpha$, lo que nos daría el método de percentiles. Ahora, z_0 es un cuantil asociado a la proporción de réplicas bootstrap menores que $\widehat{\theta}$ (el estimador original):

$$z_0 = \Phi^{-1} \left(\frac{\#\{\widehat{\theta}_b^* < \widehat{\theta}\}}{B} \right)$$

 z_0 es una medida del sesgo de $\widehat{\theta}^*$, esto es, la discrepancia entre la mediana de $\widehat{\theta}^*$ y $\widehat{\theta}$ (en unidades normales). Si $z_0=0$ entonces la mitad de los $\widehat{\theta}^*$'s está por abajo de $\widehat{\theta}$. Ahora acerca del parámetro a, su definición es en términos de los valores Jackknife del estimador $\widehat{\theta}$. Sean

 $\widehat{\theta}_{(i)}=$ valor de $\widehat{\theta}$ eliminando la i-ésima observación $\widehat{\theta}_{(.)}=$ promedio de $\widehat{\theta}_{i}$'s (sobre los n datos)

entonces a se define como

$$a = \frac{\sum_{i=1}^{n} (\widehat{\theta}_{(.)} - \widehat{\theta}_{(i)})^{3}}{6 \left\{ \sum_{i=1}^{n} (\widehat{\theta}_{(.)} - \widehat{\theta}_{(i)})^{2} \right\}^{3/2}}$$

a es llamado "parámetro de acelaración", es una aproximación a la tasa de cambio del error estándar de $\widehat{\theta}$ con respecto al valor verdadero de θ (···?) ver Efron (1987)¹¹.

 $^{^{10}}$ Efron, B. and Tibshirani, R.J. (1993) An introduction to the bootstrap. Chapman & Hall.

 $^{^{11}}$ Efron, B. (1987). Better bootstrap confidence intervals. (with discussion). JASA, 82, 171-200

```
# Intervalos de confianza BCa
set.seed(9320)
lsat = c(576,635,558,578,666,580,555,661,651,605,653,575,545,572,594)
      = c(339,330,281,303,344,307,300,343,336,313,312,274,276,288,296)
      = length(gpa)
robs = cor(lsat,gpa) # correlación observada = 0.7763745
      = 5000;
                 b
                        = rep(0,B)
for(i in 1:B){
  sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
 b[i] = cor(lsat[sel],gpa[sel]) }
     = qnorm(mean(b < robs))
rjack = rep(0,n)
for(i in 1:n){ rjack[i] = cor(lsat[-i],gpa[-i]) }
      = mean(rjack)
      = sum( (rm-rjack)^3 ) / (6*( sum( (rm-rjack)^2 ) )^(1.5))
     = .05
aen2
      = qnorm(aen2);
                      zaln = qnorm(1-aen2)
alf1 = pnorm(z0 + (z0+zal)/(1-a*(z0+zal)))
alf2 = pnorm(z0 + (z0+zaln)/(1-a*(z0+zaln)))
inter = quantile(b,probs=c(alf1,alf2))
       14.4% 99.999%
  0.6158559 0.9975147
```

7 Estimación bootstrap del sesgo

Supongamos $\widehat{\theta}$ estimador de θ . El sesgo de $\widehat{\theta}$ se define como $b = \mathsf{E}(\widehat{\theta} - \theta)$. El estimador Bootstrap del sesgo es $B^* = \mathsf{E}^*(\widehat{\theta}^* - \widehat{\theta})$, o, usando simulación

$$\widehat{B} = \frac{1}{R} \sum_{i=1}^{R} (\widehat{\theta}_i^* - \widehat{\theta})$$

(Más sencillo no puede ser, de hecho, esta sencillez de los métodos bootstrap hicieron que fuera'n inicialmente recibido con escepticismo "... because to use the data to generate more data seems analogous to a trick used by the fictional Baron Munchausen, who when he found himself at the bottom of a lake got out by pulling himself up by his bootstraps. In the simplest nonparametric problems we do literally sample from the data, and a common initial reaction is that this is a fraud. In fact it is not. It turns out that a wide range of statistical problems can be tackled this way, liberating the investigator from the need to oversimplify complex problems" (Davison y Hinkley).)

Ejemplo: Datos un estudio sobre Bioequivalencia (tomado de Efron y Tibshirani (1993)). 8 participantes del estudio usaron parches medicinales que liberan cierta hormona en el torrente sanguíneo (la hormona es producida en forma natural en el cuerpo humano y, se supone, los parches subsanan deficiencias en su producción natural). Cada individuo probó cada uno de tres parches bajo estudio: Placebo, Nuevo, Viejo. Los nuevos y viejos se refieren al mismo tipo de parche pero manufacturado en una planta nueva y una vieja. En USA la agencia FDA regula la fabricación de medicamentos. Los parches nuevos tienen que ser aprobados por la FDA para su venta, pero no se requiere que cumplan todo el proceso de aprobación, sólo se requiere que muestren bioequivalencia con los antiguos. El criterio de aprobación es que

$$\frac{|\mathsf{E}(\mathsf{nuevo})\text{-}\mathsf{E}(\mathsf{viejo})|}{\mathsf{E}(\mathsf{viejo})\text{-}\mathsf{E}(\mathsf{placebo})} \leq 0.20$$

Los datos del estudio son

	Individuo							
parche	1	2	3	4	5	6	7	8
placebo	9243	9671	11792	13357	9055	6290	12412	18806
old	17649	12013	19979	21816	13850	9806	17208	29044
new	16449	14614	17274	23798	12560	10157	16570	26325

El parámetro de interés es

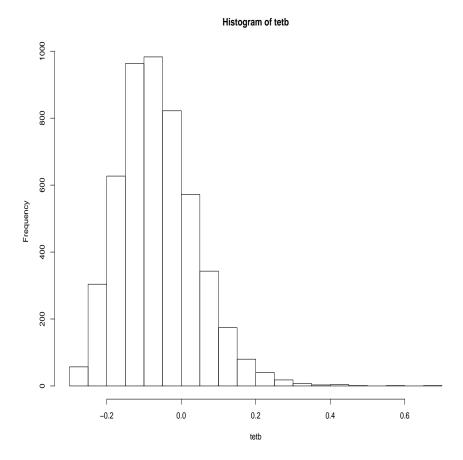
$$\theta = \frac{\mathsf{E}(\mathsf{nuevo}) \cdot \mathsf{E}(\mathsf{viejo})}{\mathsf{E}(\mathsf{viejo}) \cdot \mathsf{E}(\mathsf{placebo})} = \frac{\mathsf{E}(\mathsf{nuevo-viejo})}{\mathsf{E}(\mathsf{viejo-placebo})} \equiv \frac{\mathsf{E}_F(y)}{\mathsf{E}_F(z)}$$

De los datos se obtiene que el plug-in es $\widehat{\theta} = -0.0713$. La estimación del sesgo es

$$\widehat{B} = \frac{1}{R} \sum_{i=1}^{R} \widehat{\theta}_{i}^{*} - \widehat{\theta} = -0.0625 - (-0.0713) = 0.0088$$

un sesgo bastante pequeño (sesgo/error est = 0.085, como regla general, es ok con que sea menor a 0.25). Un intervalo de confianza para θ arroja (-0.234, 0.167), adentro del 0.20 requerido.

```
# Estimación del Sesgo
# Ejemplo tomado de Efron y Tibshirani p.127
placebo = c(9243,9671,11792,13357,9055,6290,12412,18806)
old = c(17649, 12013, 19979, 21816, 13850, 9806, 17208, 29044)
new = c(16449, 14614, 17274, 23798, 12560, 10157, 16570, 26325)
     = old-placebo
y = new-old
tetg = mean(y)/mean(z)
n = length(z)
    = 5000
tetb = rep(0,B)
set.seed(828)
for(i in 1:B){
          = sample(1:n, size=n,replace=TRUE)
  tetb[i] = mean(y[sel])/mean(z[sel]) }
mean(tetb)
sd(tetb)
sesgo = mean(tetb)-tetg
sesgo/sd(tetb)
hist(tetb)
round( quantile(tetb,probs=seq(.9,.99,by=.01)), 4)
                           93% 94%
                                         95%
                                              96%
                                                        97%
             91%
                    92%
                                                               98%
                                                                      99%
# 0.0707 0.0794 0.0870 0.0955 0.1053 0.1161 0.1316 0.1533 0.1773 0.2267
quantile(tetb,probs=c(.025,.975))
                   97.5%
         2.5%
# -0.2342787 0.1673464
```



8 Bootstrap con altos volúmenes de datos

Una observación inmediata acerca del Bootstrap es que puede ser computacionalmente demandante. Si tenemos n grande y el procedimiento base es costoso, entonces Bootstrap implica B veces ese procedimiento costoso basado en n muestras completas.

Algunas alternativas que se han propuesto en la literatura, para aminorar el problema, es el Bootstrap m-de- n^{12} , el cual requiere muestrear sólo m < n puntos; otra alternativa es usar Submuestreo 13 (sin embargo, el primero, requiere del conocimiento explícito de las tasas de convergencia del procedimiento base; y, aparenetemente, el segundo procedimiento es no robusto a la especificación de hiperparámetros).

Una tercera opción es llamada BLB 14 (Bag of Little Bootstraps) y consiste en hacer múltiples bootstraps en subconjuntos de datos y luego promediarlos. Supongamos datos $\{x_1, x_2, \ldots, x_n\}$ y particionemoslos en s grupos de tamaño b (en realidad, no tienen que formar una partición, incluso pueden formarse al azar sin tener que ser disjuntos, pero para fines de exposición, supongamos que n=bs y los n datos se pueden separar en s grupos), supongamos que queremos el error estándar de cierta estimación $\widehat{\theta}$.

 $^{^{12}}$ Bickel, P.J., Gotze, F., and van Zwet, W. (1997) Resampling fewer than n observations: Gains, losses, and remedies for losses. Statistica Sinica, 7, 1-31.

¹³Politis, D., Romano, J., and Wolf, M. (1999) Subsampling. Springer.

 $^{^{14}}$ Kleiner, A., Talwalkar, A., Sarkar, P., and Jordan, M.I. (2012). The big data bootstrap. Proceedings of the 29th International Conference on Machine Learning, Edinburgh, Scotland, UK

Subconjunto	Datos	Empírica	Objetivo
1	$x_1^1, x_2^1, \dots, x_b^1$	\widehat{F}_b^1	$errstd(\widehat{ heta})^1$
2	$x_1^2, x_2^2, \dots, x_b^2$	\widehat{F}_b^2	$errstd(\widehat{ heta})^2$
:	:	:	:
s	$x_1^s, x_2^s, \dots, x_b^s$	\widehat{F}_b^s	$errstd(\widehat{\theta})^s$

Ahora, la forma de calcular las cantidades objetivo de interés para cada subconjunto, es vía simulación bootstrap, pero de la siguiente forma: Consideremos los datos del subconjunto $j\colon x_1^j,\ x_2^j,\dots,x_b^j$ muestreamos de la empírica \widehat{F}_b^j B muestras de tamaño n (note n>b). Este muestreo es equivalente a generar un vector aleatorio multinomial

$$(n_1, n_2, \dots, n_b) \sim \mathsf{Multinomial}(n; 1/b, 1/b, \dots, 1/b)$$

luego estimamos, para cada una de las B muestras, el parámetro de interés, $\widehat{\theta}$, reponderando cada vez las muestras

$$\frac{n_1}{n}x_1^j, \frac{n_2}{n}x_b^j, \dots, \frac{n_b}{n}x_b^j$$

(casi todos los procedimientos en Estadística pueden considerar datos ponderados). Con estas B estimaciones, estimamos el error estándar, errstd $(\widehat{\theta})^j$. Finalmente, promediamos

$$\mathrm{errstd}_{BLB}(\widehat{\theta}) = \frac{1}{s} \sum_{j=1}^{s} \mathrm{errstd}(\widehat{\theta})^{j}$$

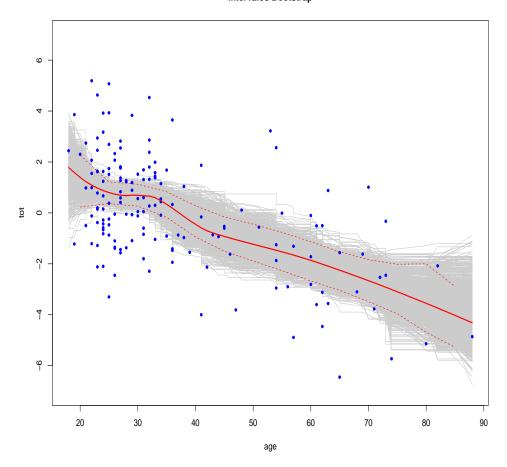
Aquí hemos usado el error estándar para ejemplificar el procedimiento, pero puede ser cualquier otra medida de la calidad de un estimador. Resumiendo, BLB requiere sólo cálculos repetidos en subconjuntos de tamaño pequeño, en vez del bootstrap original que requiere cálculos repetidos con conjuntos grandes de datos. Los autores del BLB muestran , consitencia del procedimiento, en un artículo paralelo¹⁵.

¹⁵ Kleiner, A., Talwalkar, A., Sarkar, P., and Jordan, M.I (2012). A scalable bootstrap for massive data, http://arxiv.org/abs/1112.5016

9 Ejemplo extra: Regresión noparamétrica

```
# Regresión Noparamétrica
# file = kidney Efron Hastie.txt
dat = read.table( file=file.choose(), header=TRUE) # 157 x 2
attach(dat)
plot(age,tot,ylim=c(-7,7),type="n", main="Intervalos Bootstrap")
set.seed(84848)
n = dim(dat)[1]
ed = seq(20,85,by=5)
m = length(ed)
B = 1000
pred = matrix(0,B,m)
for(i in 1:B){
  sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
  eda = age[sort(sel)]
 tt = tot[sort(sel)]
 bb = loess(tt~eda)
  pp = predict(bb)
  pred[i,] = predict(bb,data.frame(eda=ed))
  lines(age, pp, col = gray(.8)) }
points(age,tot,pch=20,col="blue")
bb = loess(tot~age)
pp = predict(bb)
pp2 = predict(bb,data.frame(age=ed))
lines(age,pp, col = 2, lwd=2)
       = function(x){quantile(x,p=.025,na.rm=TRUE)}
q025
q975 = function(x){quantile(x,p=.975,na.rm=TRUE)}
liminf = apply(pred,2,q025)
limsup = apply(pred,2,q975)
lines(ed,liminf, col = 2, lty=2)
lines(ed,limsup, col = 2, lty=2)
```

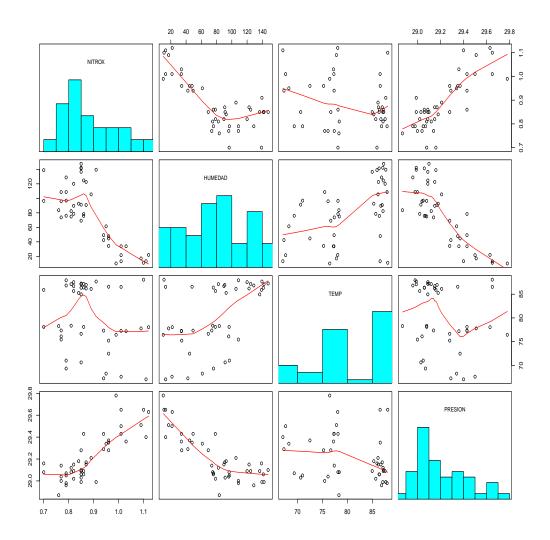
Intervalos Bootstrap



10 Ejemplo extra: Regresión

```
# Regresión
# Los datos del archivo EmisionesNOX.csv corresponden
# a un estudio sobre emisiones con camionetas diesel.
# Los nombres de las variables son: NITROX, HUMEDAD, TEMP, PRESION.
datos <- read.csv( "c:\\...\\EmisionesNOX.csv", header=TRUE) # 44 x 4</pre>
histo <- function(x, ...){
  usr <- par("usr")</pre>
  on.exit(par(usr))
  par( usr=c(usr[1:2],0,1.5) )
         <- hist(x,plot=FALSE)
  cortes <- h$breaks
         <- length(cortes)
  nc
         <- h$counts
  у
         <- y/max(y)
  rect(cortes[-nc], 0, cortes[-1], y, col="cyan")}
```

```
pairs(datos, diag.panel=histo, cex.labels=.9, panel=panel.smooth)
attach(datos)
out <- lm(NITROX ~ HUMEDAD+TEMP+PRESION)</pre>
summary(out)
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
# (Intercept) -7.3362273 2.3048269 -3.183 0.00282 **
# HUMEDAD -0.0008559 0.0004614 -1.855 0.07096 .
# TEMP
            0.0012073 0.0016698 0.723 0.47388
# PRESION 0.2803706 0.0792100 3.540 0.00103 **
# Bootstrapeando residuales
set.seed(82887)
res = out$residuals
yg = out$fitted.values
n = length(res)
p = 4
B = 5000
bet = matrix(0,B,p)
for(i in 1:B){
 sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
 reb = res[sel]
 yb = yg + reb
 oub = lm(yb ~ HUMEDAD+TEMP+PRESION)
 bet[i,] = oub$coeff }
sqrt(diag(var(bet)))
# 2.2205360647 0.0004435263 0.0015919215 0.0763126055
# Bootstrapeando observaciones
set.seed(828)
n = length(NITROX)
p = 4
B = 5000
bet = matrix(0,B,p)
for(i in 1:B){
 sel = sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
 db = datos[sel,]
 oub = lm(NITROX ~ HUMEDAD+TEMP+PRESION, data=db)
 bet[i,] = oub$coeff }
sqrt(diag(var(bet)))
# 2.5110654926 0.0004857757 0.0012690729 0.0856142622
```

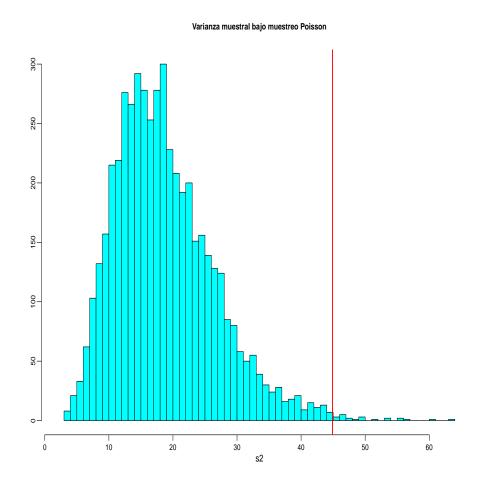


11 Ejemplo extra: Poisson

```
# Bootstrap paramétrico bajo el modelo Poisson
# (Tomado de Casella y Berger, p.250)

larvas = c(19,32,29,13,8,12,16,20,14,17,22,18,23)
xbar = mean(larvas) # 18.7
s2 = var(larvas) # 44.9
n = length(larvas)
# Distribución de S^2
set.seed(74747)
B = 5000
s2b = rep(0,B)
for(i in 1:B){ s2b[i] = var( rpois(n,xbar) ) }

hist(s2b,main="Varianza muestral bajo muestreo Poisson",
```



12 Ejemplo extra: Curvas ROC

```
# Ejemplo 9: Curvas ROC

# Hosmer, D.W. & Lemeshow, S.(1989) Applied logistic regression. Wiley

# Edad y Coronaria (daño significativo en coronaria)

edad = c(

20, 23, 24, 25, 25, 26, 26, 28, 28, 29, 30, 30, 30, 30, 30, 30, 32, 32, 33, 33,

34, 34, 34, 34, 34, 35, 35, 36, 36, 36, 37, 37, 37, 38, 38, 39, 39, 40, 40, 41,

41, 42, 42, 42, 42, 43, 43, 43, 44, 44, 44, 45, 45, 46, 46, 47, 47, 47, 48,

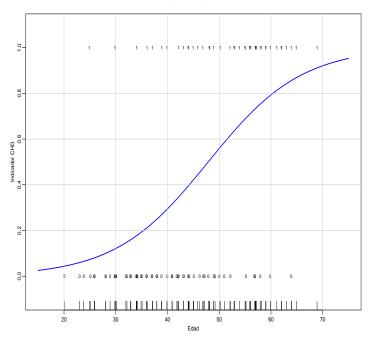
48, 48, 49, 49, 49, 50, 50, 51, 52, 52, 53, 53, 54, 55, 55, 56, 56, 56, 57,

57, 57, 57, 57, 57, 58, 58, 58, 59, 59, 60, 60, 61, 62, 62, 63, 64, 64, 65, 69)

coro = c(
```

```
0,1,1,1,1,0,1,1,1,1,0,1,1,1,1,1,0,1,1,1
n = length(coro)
# Gráfica de los datos
                 # solo con fines de graficación
edaj = jitter(edad)
plot(edaj,coro,xlab="Edad",ylab="Indicador CHD",ylim=c(-.1,1.1),
    mgp=c(1.5,.5,0),cex.axis=.8,cex.lab=.8,cex.main=1,xlim=c(15,75),cex=.7,
    main="Regresión logística",pch=ifelse(coro==1,"1","0"))
rug(edaj)
out = glm(coro ~ edad, family=binomial)
b = out$coeff
# Agregamos curva logística a la gráfica original
xx = seq(15,75,length=200)
   = cbind(rep(1,n),xx)
   = 1/( 1+exp( -as.vector(X%*%b) ) )
lines(xx,p,lwd=2,col="blue")
abline(h=seq(.2,.8,by=.2),v=seq(20,70,by=10),col=gray(.8))
```

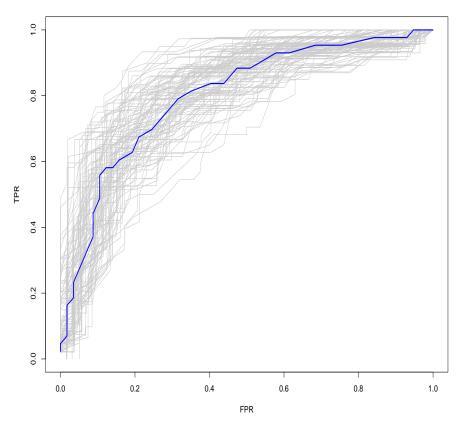
Regresión logística



```
### CURVA ROC
# Bootstrap
set.seed(828298)
plot(0,0,xlim=c(0,1),ylim=c(0,1),xlab="FPR",ylab="TPR",type="n",main="ROC Curve")
B = 101
n = length(coro)
M = 101
ROC = matrix(0,M,2)
for(b in 1:B){
```

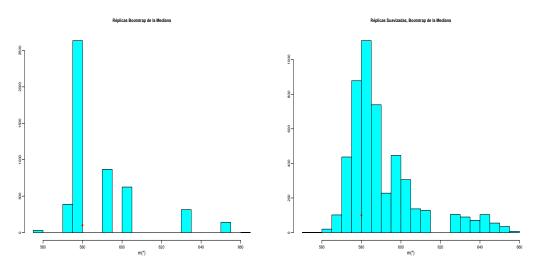
```
= sample(1:n,size=n,replace=TRUE)
 sel
out = glm(coro[sel] ~ edad[sel], family=binomial)
prob = out$fitted.values
umbral = seq(min(prob),max(prob),length=M)
for(i in 1:M){
        = ifelse(prob >= umbral[i], 1, 0)
  yg = factor(yg,levels=c(0,1))
aa = table(coro[sel],yg)
  TN
        = aa[1,1]
  FP = aa[1,2]
  FN
      = aa[2,1]
  ΤP
         = aa[2,2]
  ROC[i,1] = FP/(FP+TN)
  ROC[i,2] = TP/(FN+TP) }
lines(ROC[,1],ROC[,2],type="1",col=gray(.8)) }
out = glm(coro ~ edad, family=binomial)
prob = out$fitted.values
     = 101
umbral = seq(min(prob), max(prob), length=M)
ROC
     = matrix(0,M,2)
for(i in 1:M){
      = ifelse(prob >= umbral[i], 1, 0)
        = factor(yg,levels=c(0,1))
 уg
 aa = table(coro,yg)
 TN
     = aa[1,1]
 FP
      = aa[1,2]
 FN
        = aa[2,1]
 TP
        = aa[2,2]
 ROC[i,1] = FP/(FP+TN)
 ROC[i,2] = TP/(FN+TP) }
lines(ROC[,1],ROC[,2],type="l",xlab="FPR",ylab="TPR",lwd=2,col="blue")
```





13 Ejemplo extra: La mediana

```
# Ejemplo 11 Bootstrap de la Mediana
# mediana de LSAT
set.seed(8484)
mobs = median(lsat)
      = length(lsat)
      = 5000
      = rep(0,B)
for(i in 1:B){
  sel = sample(1:n,size=n,replace=T)
  b[i] = median(lsat[sel]) }
s = sd(b)
# Estimación bootstrap del error estándar
# s = 19.08892
hist(b,main="Réplicas Bootstrap de la Mediana",
     cex.main=.9,xlab="m(*)",ylab="",cex.axis=.8,mgp=c(1.5,.5,0),
     col="cyan",nclass=20)
points(mobs,100,pch=16,col="red")
```



14 Ejemplo extra: Series de tiempo

```
# Bootstrapping Time Series
library(bootstrap)
data(lutenhorm)

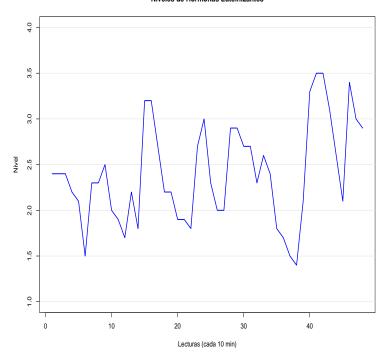
dat = lutenhorm[,4]
n = length(dat)
plot(1:n,dat,ylim=c(1,4),type="n",col="blue",lwd=2,ylab="Nivel",
    main="Niveles de Hormonas Luteinizantes",xlab="Lecturas (cada 10 min)")
abline(h=seq(1,4,by=.5),col=gray(.9))
lines(1:n,dat,col="blue",lwd=2)

out = ar(dat,order=1)
out$ar  # 0.5755245
sqrt(out$asy.var.coef) # 0.1205758
```

```
set.seed(7654)
B = 300
xbs = rep(0,B)
for(i in 1:B){
   sel = sample(1:(n-2),size=12,replace=T)
    xx = NULL
   for(j in 1:12){ xx = c(xx,dat[(sel[j]:(sel[j]+2))]) }
   out = ar(xx,aic=FALSE,order.max=1)
   xbs[i] = out$ar }

sd(xbs) # 0.1405133
```

Niveles de Hormonas Luteinizantes



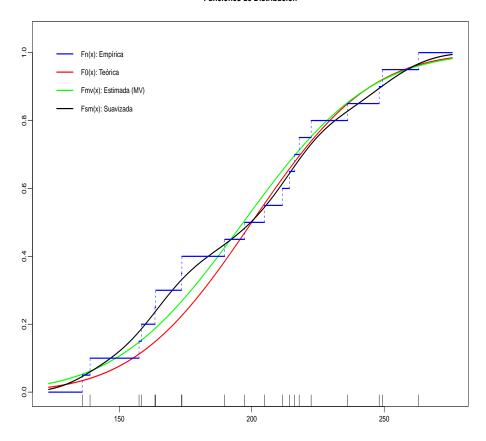
15 Ejemplo extra: Smooth bootstrap

```
# Smooth Bootstrap: Distribuciones Empírica, Teórica, Suavizada y Estimada (MV)

n = 20
med = 200
des = 35
delt = .10
edf = (1:n)/n
set.seed(5963471)
dat = sort(rnorm(n,mean=med,sd=des))
xb = mean(dat)
ss = sd(dat)
```

```
ran = max(dat) - min(dat)
lmin = min(dat) - delt*ran
lmax = max(dat) + delt*ran
xx = seq(lmin,lmax,length=M)
yy = pnorm(xx,mean=med,sd=des)
yyE = pnorm(xx,mean=xb,sd=ss)
aa = rep(0,n)
for(i in 1:n){ aa = aa + pnorm(xx,mean=dat[i],sd=10) }
ysm = aa/n
plot(dat,edf, xlim=c(lmin,lmax), ylim=c(0,1.05), mgp=c(1.5,.5,0),
  xlab="", ylab="", cex.axis=.8, cex.lab=.8,type="n",
  main="Funciones de Distribución",cex.main=1)
 rug(dat)
 lines(xx,yy,col="red",lwd=2)
 lines(xx,yyE,col="green",lwd=2)
 lines(xx,ysm,col="black",lwd=2)
 segments(lmin,0,dat[1],0,col="blue",lwd=2)
 for(i in 1:(n-1)){ segments(dat[i],edf[i],dat[i+1],edf[i],col="blue",lwd=2) }
 segments(dat[n],1,lmax,1,col="blue",lwd=2)
 segments(dat[1],0,dat[1],edf[1],col="blue",lty=2)
 for(i in 2:n){ segments(dat[i],edf[i-1],dat[i],edf[i],col="blue",lty=2) }
 legend(lmin,1.05,legend=c("Fn(x): Empírica","F0(x): Teórica",
    "Fmv(x): Estimada (MV)", "Fsm(x): Suavizada"),
    col=c("blue","red","green","black"),lwd=2, cex=.8,bty="n")
```

Funciones de Distribución



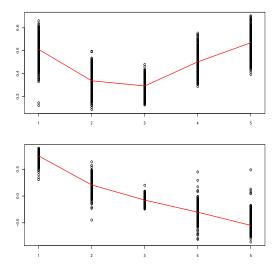
16 Ejemplo extra: Tasa de momios

```
# Tasa de Momios
set.seed(438844)
n11 = 834
n12 = 170
n21 = 760
n22 = 222
np1 = n11+n21
np2 = n12+n22
    = 5000
   = n11/np1
p1
p2
   = n12/np2
    = rbinom(B,size=np1,prob=p1)
    = rbinom(B,size=np2,prob=p2)
odds = s1*(np2-s2)/(s2*(np1-s1))
mean(odds)
                                    # 1.439826
mean(log(odds))
                                    # 0.358274
```

```
sqrt(var(log(odds))) # 0.1117214
sqrt(1/n11 + 1/n12 + 1/n21 + 1/n22) # 0.1135856
```

17 Ejemplo extra: Componentes principales

```
# Componentes Principales
# Datos de calificaciones de exámenes a libro cerrado/abierto
library(bootstrap)
data(scor)
dim(scor) # 88 x 5 (ver Mardia, p.4)
out = princomp(scor)
lo = out$loadings
cp1 = abs(lo[,1])
cp2 = lo[,2]
n = dim(scor)[1]
B = 500
c1 = matrix(0,B,5)
c2 = matrix(0,B,5)
for(i in 1:B){
sel = sample(1:n,size=n,replace=T)
out = princomp(scor[sel,])
 aa = out$loadings
c1[i,] = aa[,1]
c2[i,] = aa[,2] 
par(mfrow=c(2,1), mar=c(4,4,1,1))
c1 = abs(c1)
yl = range(c1)
plot(rep(1,B),c1[,1],xlim=c(0.9,5.1),ylim=yl,xlab="",ylab="",cex.axis=.8)
for(j in 2:5){
points(rep(j,B),c1[,j])}
lines(1:5,cp1,lwd=2,col="red")
ss = sign(c2[,1])
c2 = ss*c2
yl = range(c2)
plot(rep(1,B),c2[,1],xlim=c(0.9,5.1),ylim=yl,xlab="",ylab="",cex.axis=.8)
for(j in 2:5){
points(rep(j,B),c2[,j])}
lines(1:5,cp2,lwd=2,col="red") }
```



Tarea sobre Bootstrap

1. Los siguientes 15 datos forman una muestra aleatoria de una distribución Gama con parámetro de forma $\alpha = 3$ y parámetro de escala $\beta = 2$ (la media es $\alpha\beta$ y la varianza $\alpha\beta^2$)

```
14.18, 10.99, 3.38, 6.76, 5.56, 1.26, 4.05, 4.61, 1.78, 3.84, 4.69, 2.12, 2.39, 16.75, 4.19
```

Encuentre un intervalo de confianza para la media de la distribución.

- 2. En la librería boot de R accesar los datos cd4, los cuales son conteos de células CD4 en pacientes HIV-positivos al inicio y después de 1 año de tratamiento con un antiviral.
 - (a) Construya un intervalo bootstrap para el coeficiente de correlación entre los conteos base y los conteos después del tratamiento.
 - (b) Calcule el coefiente estimado de correlación corregido por sesgo usando el jackknife.
- 3. Sea $\widehat{F}(x)$ la función de distribución empírica. Muestre que $\mathsf{E}[\,\widehat{F}(x)\,] = F(x)$, $\mathsf{Var}[\,\widehat{F}(x)\,] = F(x)[1-F(x)]$ y comente porqué $\widehat{F}(x)$ puede considerarse como normalmente distribuída.
- 4. ¿Cuántas simulaciones se requieren para estimar cuantiles?. Para darse una idea ejecute el siguiente programa en R varias veces:

```
par(mfrow=c(4,4),mar=c(2,2,2,2))
cuantiles <- matrix(0,16,4)
n <- c(40,100,400,1000)
p <- c(0.025,0.05,0.95,0.975)
for(i in 1:4){
    y <- rnorm(1000)
    for(j in 1:4){
        cuantiles[(j-1)*4+i,] <- quantile(y[1:n[j]],probs=p)
        qqnorm(y[1:n[j]],main=paste("B = ",n[j]),cex.main=.9)
        abline(h=quantile(y[1:n[j]],p),lty=2,col="red")    }}</pre>
```

¿Cuántas simulaciones se requieren para obtener estimaciones razonables de los cuantiles del 5% y 95%?, ¿para los cuantiles del 2.5% y 97.5%?

- 5. Considere la matriz de calificaciones de 88 estudiantes sobre 5 materias (data(scor) en el paquete bootstrap de R). Sea S la matrix de varianzas y covarianzas correspondiente y sea $\widehat{\lambda}_1$ el máximo valor propio de S. Si Σ es la matriz de varianza poblacional, es claro que $\widehat{\lambda}_1$ estima a λ_1 , la máxima raíz de Σ .
 - (a) Use bootstrap para estimar el error estándar de $\hat{\lambda}_1$ y construya un intervalo de confianza para λ_1 .
 - (b) Sea $F(x;\theta)$ cierta distribución. Sea $\widehat{\theta}$ un estimador de θ . El sesgo de $\widehat{\theta}$ es $b=\mathsf{E}(\widehat{\theta})-\theta$, lo cual puede escribirse como $b=\mathsf{E}(\,\widehat{\theta}\,|\,F)-t(F)$. Podemos usar bootstrap para estimar este sesgo de la siguiente forma:

$$\widetilde{b} = \mathsf{E}(\,\widehat{\theta}\,|\,\widehat{F}) - t(\widehat{F}) \approx \frac{1}{B} \sum_{i=1}^{B} \widehat{\theta}^* - \widehat{\theta}$$

Use estas ideas para estimar el sesgo de $\hat{\lambda}_1$.