Métodos Computacionais

Departamento de Estatística e Matemática Aplicada

Ronald Targino, Rafael Braz, Juvêncio Nobre e Manoel Santos-Neto

2025-09-07

Índice

Prefácio

Este livro resulta de anos de experiência em sala de aula dos professores Ronald Targino, Rafael Braz, Juvêncio Nobre e Manoel Santos-Neto. Destina-se a apoiar os alunos da graduação em Estatística e do Programa de Pós-Graduação em Modelagem e Métodos Quantitativos (PPGMMQ) do Departamento de Estatística e Matemática Aplicada (DEMA) da Universidade Federal do Ceará (UFC).

Ao longo dos capítulos, abordamos a geração de números aleatórios (discretos e contínuos); métodos de suavização; simulação estocástica por inversão, rejeição e composição, bem como métodos de reamostragem; métodos de aproximação e integração; quadratura Gaussiana, integração de Monte Carlo e quadratura adaptativa; métodos de Monte Carlo em sentido amplo; amostradores MCMC, com ênfase em Gibbs e Metropolis–Hastings; otimização numérica via Newton–Raphson, Fisher scoring e quase-Newton, além do algoritmo EM; Bootstrap e Jackknife; diagnóstico de convergência; e aspectos computacionais em problemas práticos, com foco em implementação eficiente, estabilidade numérica e reprodutibilidade dos resultados.

Esperamos que este material sirva não apenas como texto-base para as disciplinas Estatística Computacional (graduação em Estatística) e Métodos Computacionais em Estatística (Mestrado-PPGMMQ), mas também como suporte para aqueles que desejam programar com qualidade na área de Estatística.

1 Introdução

A simulação tem um papel preponderante na estatística moderna, e suas vantagens no ensino de Estatística são conhecidas há muito tempo. Em um de seus primeiros números, o periódico *Teaching Statistics* publicou artigos que aludem precisamente a isso. Thomas e Moore (1980) afirmaram que "a introdução do computador na sala de aula escolar trouxe uma nova técnica para o ensino, a técnica da simulação". Zieffler e Garfield (2007) e Tintle et al. (2015) discutem o papel e a importância da aprendizagem baseada em simulação no currículo de graduação em Estatística. No entanto, outros autores (por exemplo, Hodgson e Burke 2000) discutem alguns problemas que podem surgir ao ensinar uma disciplina por meio de simulação, a saber, o desenvolvimento de certos equívocos na mente dos estudantes (Martins 2018).

Todo estudante da Universidade Federal do Ceará conhece a cena. É hora do almoço no Restaurante Universitário (RU). A fila se alonga pelo pátio, colegas conversam, alguns reclamam da espera, outros aproveitam o tempo para revisar o conteúdo da próxima prova. O tempo parece correr de forma diferente quando estamos na fila. Para alguns, são apenas alguns minutos. Para outros, parece uma eternidade.

Agora, pense um pouco. Quanto tempo, em média, um aluno passa esperando para se servir? Qual a chance de alguém que chega por volta das 12h30 esperar mais de vinte minutos? Por que em alguns dias a fila anda rápido e em outros parece não ter fim?

Essas perguntas podem parecer simples, mas abrem caminho para um universo fascinante. Elas revelam como a **Probabilidade e a Estatística** estão presentes em situações que vivemos todos os dias. A fila do RU não é apenas um detalhe da rotina estudantil. Ela é um retrato de como os fenômenos aleatórios acontecem ao nosso redor. Cada chegada de estudante, cada tempo de atendimento, cada variação de um dia para o outro forma um sistema dinâmico que pode ser estudado e compreendido.

É esse o convite deste livro. Explorar como traduzir a realidade em modelos, como usar simulações para observar padrões e como a Estatística pode ajudar a responder perguntas sobre o nosso cotidiano. Mais do que fórmulas, ela é uma maneira de olhar o mundo e encontrar nele sentido.

Aprender Estatística é aprender a lidar com a incerteza. É descobrir que até na fila do almoço existe conhecimento escondido, esperando para ser revelado.

2 Motivação

A Estatística, além de lidar com modelos matemáticos rigorosos, também é permeada por situações em que a intuição humana falha de maneira sistemática. Um exemplo clássico é o **problema do aniversário**, que há décadas desperta curiosidade entre estudantes e pesquisadores.

> Enuciado
>
> *Em uma sala com r* pessoas, qual a probabilidade de que pelo menos duas delas compartilhem o mesmo aniversário?

Um resultado surpreendente é: com apenas **23 pessoas** em uma sala, a probabilidade de que haja pelo menos uma coincidência de aniversários já é **superior a 50%**. Esse resultado é tão interessante que pode ser uma porta de entrada natural para discutir a diferença entre **probabilidade teórica** e **evidência empírica obtida por simulação**.

Da teoria à simulação

Do ponto de vista teórico, a probabilidade de que todos os aniversários sejam distintos entre r pessoas é

$$\Pr(\text{todos distintos}) \;=\; \prod_{i=1}^{r-1} \frac{365-i}{365} \;=\; \left(1-\frac{1}{365}\right)\left(1-\frac{2}{365}\right)\cdots\left(1-\frac{r-1}{365}\right).$$

Logo, a probabilidade de pelo menos uma coincidência é

$$p_r = 1 - \Pr(\text{todos distintos}).$$

Esse produto é conceitualmente claro, mas fica pouco manejável mentalmente para k moderados. É aqui que a **simulação computacional** pode entrar como aliada didática e científica.

Um atalho analítico útil

O produto acima admite uma **aproximação exponencial simples e acurada**, obtida tomando logaritmo e usando a expansão para argumentos pequenos:

$$\ln(1-x) = -x + o(x), \quad (x \to 0).$$

Aplicando ao produto,

$$\begin{aligned} \ln(1-p_r) &= \sum_{i=1}^{r-1} \ln\left(1 - \frac{i}{365}\right) \\ &\approx -\sum_{i=1}^{r-1} \frac{i}{365} = -\frac{1+2+\cdots+(r-1)}{365} = -\frac{r(r-1)}{2\cdot 365}. \end{aligned}$$

Exponentiando e isolando p_r, obtemos a aproximação

$$p_r \approx 1 - \exp\left\{-\frac{r(r-1)}{730}\right\}.$$

Essa fórmula tem três virtudes didáticas:

1) **Clareza**: exibe explicitamente o papel do número de pares $\binom{r}{2}$.
2) **Rapidez**: permite cálculos aproximados para valores de r de interesse.
3) **Boas aproximações** já para r na casa das dezenas.

> ⚠ Exemplo Rápido
>
> - Para **23 pessoas**:
>
> $$p_{23}^{(\text{aprox})} = 1 - \exp\left\{-\frac{23\cdot 22}{730}\right\} = 1 - \exp\{-0.69315\} \approx 0.500,$$
>
> alinhando-se ao resultado clássico de que **23** pessoas já superam 50% de chance de coincidência.

O papel da simulação

A simulação estatística permite reproduzir o experimento de forma empírica: sorteamos aleatoriamente dias de aniversário para os indivíduos e verificamos se há repetições. Repetindo o processo milhares de vezes, obtemos uma estimativa para a probabilidade de coincidência.

Por exemplo, em **R**:

```
k <- 23
birthdays <- sample(1:365, k, replace = TRUE)
any(duplicated(birthdays))
```

```
[1] FALSE
```

Ao repetir esse procedimento muitas vezes (por exemplo, 10.000 simulações), podemos estimar a proporção de conjuntos com coincidência. Pela Lei dos Grandes Números, essa estimativa converge para o valor teórico de aproximadamente 0,507 quando $k = 23$.

```
set.seed(123) #reprodutibilidade

k <- 23
B <- 10000

acertos <- 0L
i <- 0L

repeat {
  i <- i + 1L
  bdays <- sample(1:365, k, replace = TRUE)
  acertos <- acertos + as.integer(any(duplicated(bdays)))
  if (i >= B) break
}

p_hat <- acertos / B
p_hat
```

```
[1] 0.5073
```

Atividade: Problema do Aniversário (22 jogadores)

Nesta motivação consideramos um exemplo discutido em Martins (2018) que é o conhecido e amplamente divulgado problema do aniversário (ver, por exemplo, Falk 2014). Martins (2018) segue o exemplo de Matthews e Stones (1998), considerando duas equipes de futebol e, portanto, coincidências de aniversário entre 22 jogadores. Martins (2018) afirma que um resultado positivo importante dessa atividade é a discussão que surgirá naturalmente entre os estudantes, com o professor atuando como mediador. Além disso, os estudantes adoram jogos e a descoberta prática, e a simulação facilita o engajamento nessas atividades, ao mesmo tempo que ilustra resultados que podem ser não intuitivos, bem como teoria geral, como a **Lei dos Grandes Números**.

Agora iremos considerar o seguinte problema:

> Problema
>
> Em uma partida de futebol, qual é a probabilidade de que pelo menos dois dos 22 jogadores façam aniversário no mesmo dia?

Em um pais chamado de país do futebol, o contexto é proposital: o futebol é popular e as probabilidades resultantes são contraintuitivas. Antes de qualquer cálculo, considere as hipóteses: (i) todos os 365 dias do ano são igualmente prováveis para qualquer aniversário; (ii) as datas de aniversário dos jogadores são independentes entre si.

Objetivos

- Estimar, via simulação, a probabilidade de coincidência de aniversários.
- Relacionar frequência relativa, Lei dos Grandes Números e variação amostral.
- Comparar o resultado exato e aproximado.

Hipóteses

- 365 dias equiprováveis, datas independentes, ignorar bissexto/gêmeos.

Materiais

- R (ou Posit Cloud), roteiro com comandos `sample()`, `table()`, `mean()`.

Exercícios

1) Determinar o menor número de pessoas que deve estar em uma sala para que se possa apostar, com mais de 50% de chance de ganhar, que entre elas existam pelo menos duas com o mesmo aniversário.

2) Determinar o menor número de outras pessoas que deve estar em uma sala com você para que se possa apostar, com mais de 50% de chance de ganhar, que pelo menos uma delas tenha o mesmo aniversário que o seu.

3 Números Uniformes

As simulações, de modo geral, requerem uma base inicial formada por números aleatórios. Diz-se que uma sequência $R_1, R_2, ...$ é composta por números aleatórios quando cada termo segue a distribuição uniforme $U(0,1)$ e R_i é independente de R_j para todo $i \neq j$. Embora alguns autores utilizem o termo "números aleatórios" para se referir a variáveis amostradas de qualquer distribuição, aqui ele será usado exclusivamente para variáveis com distribuição $U(0,1)$.

3.1 Geração de sequências $U(0,1)$

Uma abordagem é utilizar dispositivos físicos aleatorizadores, como máquinas que sorteiam números de loteria, roletas ou circuitos eletrônicos que produzem "ruído aleatório". Contudo, tais dispositivos apresentam desvantagens:

1. **Baixa velocidade** e dificuldade de integração direta com computadores.
2. **Necessidade de reprodutibilidade** da sequência. Por exemplo, para verificação de código ou comparação de políticas em um modelo de simulação, usando a mesma sequência para reduzir a variância da diferença entre resultados.

Uma forma simples de obter reprodutibilidade é armazenar a sequência em um dispositivo de memória (HD, CD-ROM, livro). De fato, a RAND Corporation publicou *A Million Random Digits with 100 000 Random Normal Deviates* (1955). Entretanto, acessar armazenamento externo milhares ou milhões de vezes torna a simulação lenta.

Assim, a abordagem preferida é **gerar números pseudoaleatórios em tempo de execução**, via recorrências determinísticas sobre inteiros. Isso permite:

- Geração rápida;
- Eliminação do problema de armazenamento;
- Reprodutibilidade controlada.

Entretanto, a escolha inadequada da recorrência pode gerar sequências com baixa qualidade estatística. Um dos métodos mais antigos e influentes para isso é o **Gerador Congruencial Linear (GCL)**.

Gerador Congruencial Linear

O GCL produz uma sequência de inteiros $x_0, x_1, x_2, ...$ segundo a regra:

$$x_n = (a\, x_{n-1} + c) \mod m$$

em que, $m > 0$ é o **módulo**, a é o **multiplicador**, c é o **incremento** e x_0 é a **semente** (*seed*), escolhida pelo usuário.

O resultado final é obtido normalizando os valores:

$$u_n = \frac{x_n}{m}, \quad \text{com } u_n \in (0, 1).$$

> **i** Tipos
>
> - **Multiplicativo:** $c = 0$.
> - **Misto:** $c \neq 0$.

Por que o CGL funciona?

1. **Simplicidade:** apenas uma multiplicação, uma soma e uma operação de módulo.
2. **Velocidade:** pode ser implementado de forma extremamente eficiente.
3. **Controle:** dependendo da escolha de a, c, m, é possível obter um período longo, ou seja, muitos números gerados antes de a sequência se repetir.

Critérios para bons parâmetros

- O módulo m deve ser **grande**, de preferência próximo da capacidade da máquina.
- Para GCL multiplicativo, se m for primo, existe a possibilidade de alcançar período máximo $m - 1$.
- Valores históricos:
  - **Park–Miller (1988):** $m = 2^{31} - 1$, $a = 16807$, $c = 0$.
  - **Numerical Recipes (1992):** $m = 2^{32}$, $a = 1664525$, $c = 1013904223$.

Exemplos

```python
# Gerador Congruencial Linear em Python

def lcg(seed, a, c, m, n=10):
    "Gera n números pseudoaleatórios normalizados em (0,1)."
    x = seed
    seq = []
    for _ in range(n):
        x = (a * x + c) % m
        seq.append(x / m)
    return seq

# Exemplo: Park-Miller (multiplicativo)
m = 2**31 - 1
a = 16807
c = 0
seed = 12345

lcg(seed, a, c, m, n=10)
```

```
[0.09661652850760917, 0.8339946273872604, 0.9477024976851895, 0.035878594981449935, 0.011545
```

```r
# Gerador Congruencial Linear em R

lcg <- function(seed, a, c, m, n=10) {
  x <- seed
  seq <- numeric(n)
  for (i in 1:n) {
    x <- (a * x + c) %% m
    seq[i] <- x / m
  }
  seq
}

# Exemplo: Park-Miller
m <- 2^31 - 1
a <- 16807
c <- 0
seed <- 12345
```

```r
lcg(seed, a, c, m, n=10)
```

```
 [1] 0.09661653 0.83399463 0.94770250 0.03587859 0.01154585 0.05115522
 [7] 0.76578717 0.58492974 0.91413005 0.78380039
```

Visualização

Uma forma simples de verificar se um gerador se comporta bem é observar os valores em um gráfico de dispersão (u_n, u_{n+1}).

- Um bom gerador mostra pontos espalhados de forma quase aleatória.
- Um gerador ruim forma padrões visíveis (linhas ou grades).

Limitações

Apesar de sua importância histórica, os LCGs apresentam limitações:

- O período, mesmo que longo, é finito.
- Podem apresentar correlações indesejadas em dimensões mais altas.
- Não são recomendados para aplicações de alta segurança (como criptografia).

Hoje, geradores como o Mersenne Twister substituíram o LCG em muitas linguagens (por exemplo, é o padrão no `R` e no `NumPy`). Ainda assim, o LCG é fundamental para entender os princípios da geração de números pseudoaleatórios.

Exercícios

1. Implemente um LCG (multiplicativo ou misto) em `Python` ou `R`.
2. Gere 1000 números pseudoaleatórios e faça:

- Um histograma para verificar se a distribuição se parece com a uniforme $(0, 1)$.
- Um gráfico de dispersão de pares consecutivos (u_n, u_{n+1}).

3. Compare o comportamento quando:

- Usa os parâmetros clássicos de Park–Miller ($m = 2^{31} - 1, a = 16807, c = 0$).
- Usa parâmetros pequenos, por exemplo $m = 17, a = 5, c = 1$.

Pergunta para reflexão: O que acontece com a qualidade dos números gerados quando usamos parâmetros pequenos?

Park–Miller hoje: ainda vale a pena?

O gerador congruencial linear clássico de **Park–Miller** foi proposto em 1988, com parâmetros:

$$m = 2^{31} - 1 \approx 2,147,483,647, \quad a = 16807, \quad c = 0.$$

Na época, esses valores eram ideais para computadores de **32 bits**, embora a implementação precisasse de alguns cuidados para evitar **overflow**.
Nos computadores modernos de **64 bits**, esse problema desaparece: o produto $a \times x$ cabe confortavelmente nos registradores, e a implementação é direta e eficiente.
Vantagens atuais:

- Simples e rápido.
- Fácil de implementar em qualquer linguagem.
- Período máximo de mais de **2 bilhões** de números.

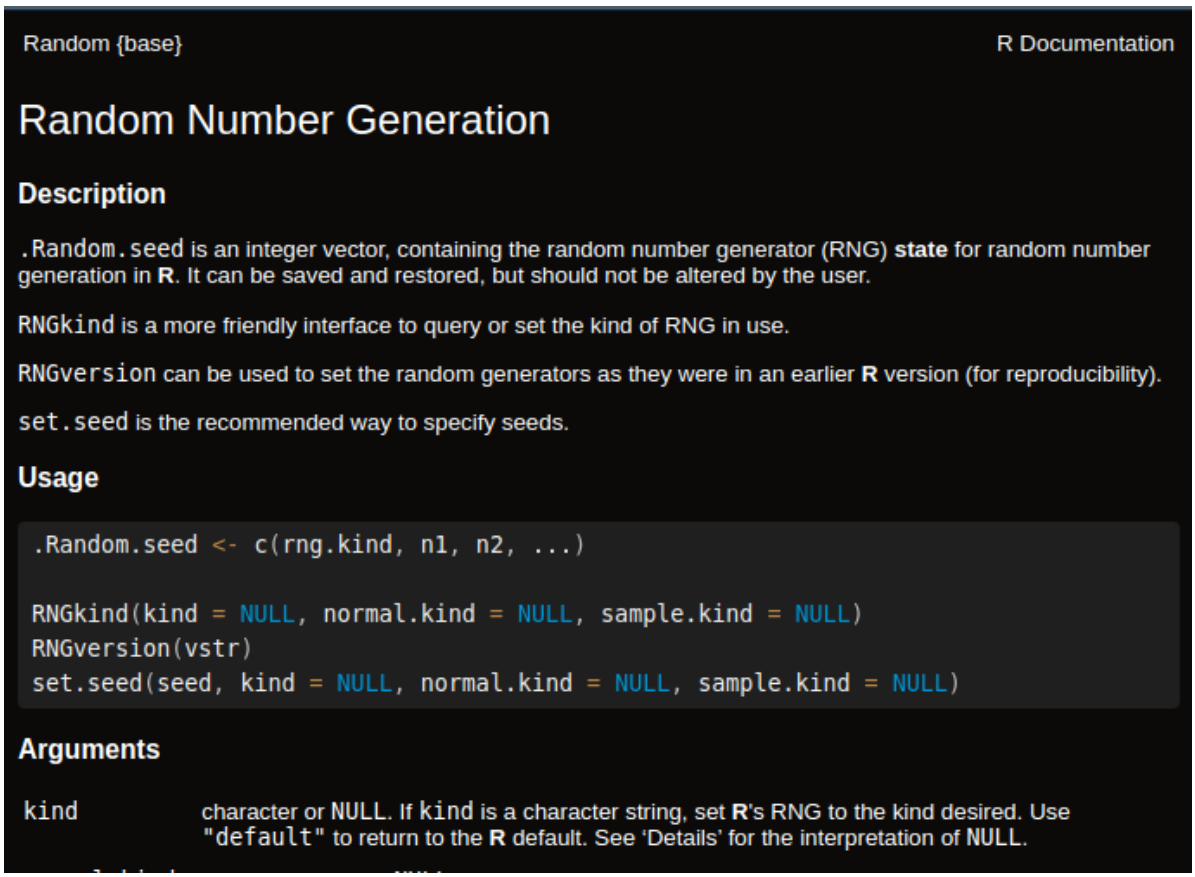
Limitações:

- Hoje, esse período pode ser considerado curto para simulações muito extensas.
- Geradores modernos, como o **Mersenne Twister** (período $2^{19937} - 1$) ou a família **PCG (Gerador Congruencial Permutado)**, oferecem propriedades estatísticas superiores.

Em resumo: O Park–Miller ainda é excelente para fins didáticos e pequenas simulações, mas para aplicações científicas de grande escala recomenda-se usar geradores mais robustos.

Existem no `R` vários algoritmos para geradores de números pseudoaleatórios. Para ver quais são, basta:

```
help(Random)
```



Random {base} R Documentation

Random Number Generation

Description

`.Random.seed` is an integer vector, containing the random number generator (RNG) **state** for random number generation in **R**. It can be saved and restored, but should not be altered by the user.

`RNGkind` is a more friendly interface to query or set the kind of RNG in use.

`RNGversion` can be used to set the random generators as they were in an earlier **R** version (for reproducibility).

`set.seed` is the recommended way to specify seeds.

Usage

```
.Random.seed <- c(rng.kind, n1, n2, ...)

RNGkind(kind = NULL, normal.kind = NULL, sample.kind = NULL)
RNGversion(vstr)
set.seed(seed, kind = NULL, normal.kind = NULL, sample.kind = NULL)
```

Arguments

kind	character or NULL. If `kind` is a character string, set **R**'s RNG to the kind desired. Use `"default"` to return to the **R** default. See 'Details' for the interpretation of NULL.

Figura 3.1: Imagem da documentação.

3.2 Uso de Números Aleatórios na Avaliação de Integrais

Uma das primeiras aplicações do uso de números aleatórios foi na resolução de integrais. Considere uma função $g(x)$ e suponha que desejamos calcular uma integral de interesse.

$$\theta = \int_0^1 g(x)dx.$$

Para calcular o valor da integral, observe que, se U é uma variável aleatória com distribuição uniforme no intervalo $(0, 1)$, , então podemos reescrever a integral da seguinte forma:

$$\theta = E[g(U)].$$

Se $U_1, U_2, \ldots, U_n$ são variáveis aleatórias independentes e uniformes em $(0,1)$, então as variáveis $g(U_1), g(U_2), \ldots, g(U_n)$ são indepedentes e identicamente distribuídas, todas com esperança igual θ (o valor da integral). Assim, pelo **Teorema da Lei Forte dos Grandes Números**, temos que, com probabilidade 1,

$$\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} g(U_i) \to \theta \quad \text{quando} \quad n \to \infty.$$

Assim, podemos aproximar o valor da integral gerando um grande número de pontos aleatórios u_i no intervalo $(0,1)$ e tomando como estimativa a média dos valores $g(u_i)$. Esse procedimento de aproximação de integrais é conhecido como método de **Monte Carlo**.

Se quisermos calcular uma integral mais geral, podemos aplicar a mesma ideia: transformar o problema em uma esperança matemática e, em seguida, aproximá-la por meio de médias amostrais obtidas a partir de números aleatórios. Considere:

$$\theta = \int_a^b g(x)dx.$$

Se quisermos calcular a integral em um intervalo genérico (a,b), fazemos a substituição

$$u = \frac{x-a}{b-a}, \quad du = \frac{dx}{b-a},$$

o que nos permite reescrevê-la como

$$\theta = \int_a^b g(x)dx = (b-a)\int_0^1 g(a+(b-a)u)du.$$

Definindo

$$h(u) = (b-a)g(a+(b-a)u),$$

temos

$$\theta = \int_0^1 h(u)du.$$

Assim, podemos aproximar θ gerando números aleatórios $u_1, u_2, \ldots, u_n \sim U(0,1)$ e tomando como estimativa a média

$$\theta \approx \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} h(u_i).$$

Agora, se nosso objetivo é calcular a integral:

$$\theta = \int_0^{\infty} g(x)dx.$$

Fazendo a mudança de variável

$$u = \frac{1}{x+1}, \quad du = \frac{-dx}{(x+1)^2} = -u^2 dx.$$

Logo,

$$dx = -\frac{du}{u^2},$$

e a integral resultante é

$$\theta = \int_0^{1} h(u)du,$$

com

$$h(u) = \frac{g\left(\frac{1}{u} - 1\right)}{u^2}.$$

A utilidade de empregar números aleatórios para aproximar integrais torna-se ainda mais evidente no caso de integrais multidimensionais. Suponha que g seja uma função com argumento n-dimensional e que estejamos interessados em calcular:

$$\theta = \int_0^1 \int_0^1 \dots \int_0^1 g(x_1, x_2, \dots, x_n)dx_1 dx_2 \dots dx_n.$$

Observe que θ pode ser expresso como o seguinte valor esperado:

$$\theta = E[g(U_1, U_2, \dots, U_n)],$$

em que $U_1, U_2, \ldots, U_n$ são variáveis aleatória independentes uniformente distribuídas no intervalo $(0, 1)$. Assim, se gerarmos k conjuntos independentes, cada um formado por n variáveis aleatórias independentes com distribuição uniforme em $(0, 1)$, então as variáveis

$$g(U_{i1}, U_{i2}, \ldots, U_{in}), \quad i = 1, 2, \ldots, k,$$

serão independentes e identicamente distribuídas, todas com esperança igual a θ (o valor da integral). Portanto, podemos aproximar θ por meio da média amostral:

$$\theta \approx \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} g(U_{i1}, U_{i2}, \ldots, U_{in}).$$

Exemplo

Nosso objetivo é encontrar o valor aproximado da integral: $\int_0^1 x^3 dx = 0.25$.

```r
set.seed(2025) #fixando a semente
n <- 100000 #quantidade de valores uniformes gerados
u <- runif(n) #numeros uniformes (0,1)
mean(u^3)
```

```
[1] 0.2503221
```

```python
import numpy as np
np.random.seed(2025)
n = 100000
u = np.random.uniform(0, 1, n)
resultado = np.mean(u**3)

print(resultado)
```

```
0.2508972398766188
```

Exercícios

1. Se x_0 e $x_n = 3x_{n-1} \bmod 150$, encontre $x_1, x_2, \ldots, x_{30}$.
2. Se x_3 e $x_n = (5x_{n-1} + 7) \bmod 200$, encontre $x_1, x_2, \ldots, x_{10}$.
3. Compare sua estimativa com o valor exato:

- $\int_0^1 \exp\{e^x\}dx$.
- $\int_0^1 (1-x^2)^{3/2}dx$.
- $\int_{-2}^2 \exp\{x+x^2\}dx$.
- $\int_0^\infty x(1+x^2)^{-2}dx$.
- $\int_{-\infty}^\infty \exp\{-x^2\}dx$.
- $\int_0^1 \int_0^1 \exp\{(x+y)^2\}dydx$.
- $\int_0^\infty \int_0^x \exp\{x+y\}dydx$.

4. Use simulação para encontrar o valor aproximado de $Cov(U, e^U)$, em que U é uniforme em $(0, 1)$. Compare seu resultado com o valor exato.

4 Números Pseudoaleatórios

4.1 Introdução

4.2 Método da Transformação Inversa

Suponha que desejamos gerar o valor de uma variável aleatória discreta X com função de massa de probabilidade (f.m.p):

$$\Pr(X = x_j) = p_j, \quad j = 0, 1, \ldots, \quad \sum_j p_j = 1.$$

Interesse: Gerar valores da variável aleatória X com distribuição:

X	$P(X = x_j)$
x_0	p_0
x_1	p_1
x_2	p_2
$\vdots$	$\vdots$
x_j	p_j
$\vdots$	$\vdots$

Para realizar isso, gere um valor u de $U \sim (0, 1)$ e atribua o valor x_j, $j = 0, 1, ...$, a X conforme as condições abaixo:

$$X = \begin{cases} x_0, & \text{se } u < p_0, \\ x_1, & \text{se } p_0 \leq u < p_0 + p_1, \\ x_2, & \text{se } p_0 + p_1 \leq u < p_0 + p_1 + p_2, \\ x_3, & \text{se } p_0 + p_1 + p_2 \leq u < p_0 + p_1 + p_2 + p_3, \\ \vdots & \\ x_j, & \text{se } \sum_{i=0}^{j-1} p_i \leq u < \sum_{i=0}^{j} p_i, \\ \vdots & \end{cases}$$

Como, para $0 < a < b < 1, \Pr(a \leq U < b) = b - a$, temos que:

$$\Pr(X = x_j) = \Pr\left(\sum_{i=0}^{j-1} p_i \leq U < \sum_{i=0}^{j} p_i\right) = p_j,$$

e, portanto, X possui a distribuição desejada.

Observações:

1. Algoritmo - O procedimento anterior pode ser escrito como:

Passo 1. Gerar um valor $u \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Se $u < p_0$, então $X = x_0$; caso contrário:

- se $u < p_0 + p_1$, então $X = x_1$; caso contrário:
- se $u < p_0 + p_1 + p_2$, então $X = x_2$; caso contrário:
  $\vdots$

Passo 3. Repetir os passos 1 e 2 n vezes, onde n é o tamanho da amostra.

2. Se os valores, $x_i, i \geq 0$, são ordenados de modo que $x_0 < x_1 < \ldots$, e de denotamos F como função de distribuição de X, então $F(x_j) = \sum_{i=1}^{j} p_i$. Assim,

$$X \text{ será igual a } x_j \text{ se } F(x_{j-1}) < U < F(x_j).$$

Em outras palavras, após gerar um número aleatório U, determinamos o valor de X encontrando o intervalo $[F(x_{j-1}), F(x_j))$ no qual U se encontra (ou, de forma equivalente, encontrando o inverso de $F(U)$). É por essa razão que o procedimento acima é denominado *método da transformada inversa discreta* para gerar X.

> **Nota**
>
> O tempo necessário para gerar uma variável aleatória discreta por esse método é proporcional ao número de intervalos que devem ser pesquisados. Por essa razão, às vezes é vantajoso considerar os possíveis valores x_j de X em ordem decrescente das probabilidades p_j.

Exemplo 1

Simular n valores de X tal que $p_1 = 0.20$, $p_2 = 0.15$, $p_3 = 0.25$, $p_4 = 0.40$, em que $p_j = P(X = j)$.

Algoritmo 1

Passo 1. Gerar n valores $u \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Para cada u:

- Se $u < 0.20$, então $X = 1$.
- Caso contrário, se $u < 0.35$, então $X = 2$.
- Caso contrário, se $u < 0.60$, então $X = 3$.
- Caso contrário ($u \geq 0.60$), então $X = 4$.

Passo 3. Repetir n vezes os passos 1 e 2.

A seguir, são apresentados dos códigos escritos na linguagem `R`:

```
# Proposta 1
n <- 10000
x <- 1:4
p <- c(0.20, 0.15, 0.25, 0.40)
pa <- cumsum(p) # probabilidades acumuladas
a  <- c() # vetor para a amostra gerada de X

for(i in 1:n){
  u <- runif(1)
  if (u < pa[1]) {
    a[i] <- x[1]
  } else {
      if (u < pa[2]) {
        a[i] <- x[2]
```

```
      } else { if (u < pa[3]) {
        a[i] <- x[3]
      } else {
          a[i] <- x[4]
          }
      }
    }
}
table(a)/n # tabela de proporções
```

```
a
     1      2      3      4
0.2027 0.1445 0.2516 0.4012
```

```
# Proposta 2
n <- 10000;
x <- 1:4;
p <- c(0.20, 0.15, 0.25, 0.40)
pa <- cumsum(p) # probabilidades acumuladas
a  <- c() # vetor para a amostra gerada de X

for(i in 1:n){
  u = runif(1)
  ifelse(u < pa[1], a[i] <- x[1],
    ifelse(u < pa[2], a[i] <- x[2],
      ifelse(u < pa[3], a[i] <- x[3], a[i] <- x[4])))
}
table(a)/n # tabela de proporções
```

```
a
     1      2      3      4
0.2066 0.1523 0.2381 0.4030
```

Algoritmo 2

Passo 1. Gerar um valor $u \sim U(0,1)$.
Passo 2. Para cada u:

- Se $u < 0.40$, então $X = 4$;
- Caso contrário, se $u < 0.65$, então $X = 3$;
- Caso contrário, se $u < 0.85$, então $X = 1$;

- Caso contrário $u \geq 0.85$, então $X = 2$.

Passo 3. Repetir n vezes os passos 1 e 2.

Observação:

A proposta 2 usa a **ordem decrescente** dos p_j para otimizar a busca.

Algoritmo 3 (mudando as desigualdades)

Passo 1. Gerar $u \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Se $u \leq 0.40$, então $X = 4$;

- senão, se $u \leq 0.65$, então $X = 3$;
- senão, se $u \leq 0.85$, então $X = 1$;
- senão ($u > 0.85$), então $X = 2$.

Passo 3. Repetir n vezes os passos 1–2.

Observação:

Com $u \sim U(0, 1)$ é contínua, usar $<$ ou $\leq$ é equivalente em termos de distribuição (a probabilidade de u cair exatamente no ponto de corte é zero). Em implementação numérica, essa escolha apenas define para onde vão raríssimos empates nos pontos cortes.

Inversa Generalizada

Seja F uma função de distribuição qualquer. A inversa generalizada, denotada por F^{-1}, é definida da seguinte forma:

$$F^{-1}(u) = \inf\{x \in \mathbb{R} : F(x) \geq u\}$$

- Tanto a inversa de F como a inversa generalizada estão sendo denotadas por F^{-1}.
- Se a inversa de F existe no sentido usual, ela coincide com a inversa generalizada. Note que, se F for estritamente crescente e contínua, então $\forall x \in \mathbb{R}$ existirá apenas um u tal que $F(x) = u$.
- A proposição seguinte dá base para as simulações de v.a. discretas.

Seja F uma função de distribuição qualquer e F^{-1} sua inversa generalizada. Temos:

$$F^{-1}(u) \leq x \text{ se, e somente se, } u \leq F(x)$$

Se você deseja simular valores de X com distribuição uniforme discreta:

$$P(X = j) = 1/k, \;\; j = 1, 2, 3, \ldots, k.$$

Basta utilizar a Proposições 1 ou a Proposição 2.

Proposição 1:

Gere $U \sim U(0, 1)$. Defina $X = j$ se

$$\frac{j-1}{k} \leq U < \frac{j}{k},$$

ou, equivalentemente,

$$(j-1) \leq kU < j.$$

Proposição 2:

Gere $U \sim U(0, 1)$. Defina $X = \text{Int}(kU) + 1$, em que $\text{Int}(x)$ é a parte inteira de x.

Exemplo 2

Para simular valores de X com $P(X = j) = 1/10, \;\; j = 1, 2, 3, \ldots, 10$, você pode serguir o procedimento a seguir:

$j-1$	j	U	kU	$X = j$	$X = \text{Int}(kU)+1$
0	1	0,01	0,1	1	1
1	2	0,31	3,1	4	4
2	3	0,53	5,3	6	6
3	4	0,92	9,2	10	10
4	5	0,45	4,5	5	5
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
9	10	0,74	7,4	8	8

Exercícios

1. Gerar uma permutação dos números $1, 2, 3, \ldots, n$, considerando todas as $n!$ possíveis permutações igualmente prováveis (exemplo 4b).
2. Gerar valores de $X \sim$ Geométrica(p) (exemplo 4d).

3. Implementar o algoritmo para gerar valores de $X \sim \text{Poisson}(\lambda)$ (seção 4.2).
4. Implementar o algoritmo para gerar valores de $X \sim \text{Binomial}(n, p)$ (seção 4.2).

Exemplo 3

Nosso objetivo agora é gerar valores de $X \sim \text{Poisson}(\lambda)$ com:

$$p_i = P(X = i) = \frac{e^{-\lambda}\lambda^i}{i!}, \quad i = 0, 1, 2, \ldots.$$

::: {.callout-important} ## **Identidade importante:**

$$p_{i+1} = \frac{\lambda}{i+1} p_i, \quad i \geq 0.$$

:::

Uma forma bastante utilizada para gerar valores de uma variável aleatória $X \sim \text{Poisson}(\lambda)$ é por meio de algoritmos de simulação baseados na identidade acima.

Algoritmo 4

Passo 1. Gerar um número aleatório $u \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Inicializar $i = 0$, $p = e^{-\lambda}$, $F = p$.
Passo 3. Se $u < F$, então definir $X = i$ e parar.
Passo 4. Caso contrário:

- atualizar $i \leftarrow i + 1$,
- atualizar $p \leftarrow \frac{\lambda}{i} p$,
- atualizar $F \leftarrow F + p$,
- voltar ao passo 3.

Exercício

Complete o código `R` abaixo:

```
N = 10^5 # tamanho da amostra
L = 3  # lambda
x = c()
for (j in 1:N){
  u = runif(1)
```

```
  i = 0; p = exp(-L); F = p
  aceito = "não"
  while (aceito != "sim"){
    if(u < F) {
       ...
     } else {
        ...
      }
  }
}
```

Exemplo 4

Por fim, iremos gerar valores da variável aleatório X, $X \sim \text{Binomial}(n, p)$, com f.m.p dada por:

$$P(X = i) = \frac{n!}{i!(n-i)!} p^i (1-p)^{n-i}, \quad i = 0, 1, 2, \ldots, n.$$

Identidade importante::

$$P(X = i+1) = \frac{n-i}{i+1} \frac{p}{1-p} P(X = i).$$

A partir do resultado acima e do método da transformação inversa podemos escrever o seguinte algoritmo:

Algoritmo 5

Passo 1. Gerar um número aleatório $u \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Calcular $k = \dfrac{p}{1-p}$, inicializar $i = 0$, $p_r = (1-p)^n$, $F = p_r$.
Passo 3. Se $u < F$, definir $X = i$ e parar.
Passo 4. Caso contrário:

- atualizar $p_r \leftarrow \dfrac{n-i}{i+1} k p_r$,
- atualizar $F \leftarrow F + p_r$,
- atualizar $i \leftarrow i + 1$,
- voltar ao passo 3.

Exercício 5

Escreve um código na linguagem `R` baseado no Algoritmo 5. Utilize alguma ferramenta gráfica para verificar a coerência dos resultados.

4.3 Método da Aceitação-Rejeição

Suponha que haja interesse em simular valores de uma v.a. X e que não seja possível inverter a sua função de distribuição ou não dispomos de um método para gerar dessa variável aleatória. Entretanto, sabemos como simular de uma outra v.a. Y e que é possível estabelecer uma relação entre as probabilidades associadas às duas variáveis aleatórias (X e Y) de tal modo que valores de Y possam ser admitidos como valores de X.

x	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_x	0,11	0,12	0,09	0,08	0,12	0,10	0,09	0,09	0,10	0,10

y	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
q_y	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10	0,10

Contexto:

- **Podemos**: simular valores de Y com f.p. $q_j = P(Y = j), j \geq 0$.
- **Queremos**: simular valores de X com f.p. $p_j = P(X = j), j \geq 0$.
- **Proposta**: simular valor y de Y e aceitar esse valor para X com probabilidade proporcional a $\frac{p_y}{q_y}$.

Algoritmo

Passo 1. Simular y de Y com f.m.p. q_y.
Passo 2. Gerar $u \sim U(0, 1)$.
Passo 3. Se $u < \dfrac{p_y}{c\, q_y}$, então aceite $X = y$. Caso contrário, rejeite e não atribua valor a X.
Passo 4. Repetir os passos 1–3 até obter o tamanho de amostra desejado.

O algoritmo aceitação-rejeição gera uma v.a. X tal que $P(X = j) = p_j$, $j = 0, 1, 2, \ldots$. Além disso, o número de iterações que o algoritmo necessita para obter X é uma v.a. geométrica com média c.

Prova do Teorema

1. Em uma iteração, determinar a probabilidade de gerar e ser aceito o valor j:

$$P(Y = j, aceitar) = P(Y = y).P(aceitar/Y = j) = q_j.\frac{pj}{cq_j} = \frac{p_j}{c}$$

2. Calcular a probabilidade de aceitar um valor j gerado:

$$P(aceitar) = \sum_j P(Y = j, aceitar) = \sum_j \frac{pj}{c} = \frac{1}{c}$$

3. Como cada iteração independentemente resulta um valor aceitável com probabilidade $\frac{1}{c}$, o número de iterações necessárias segue uma geométrica de média c. Portanto,

$$P(X = j) = \sum_n P(j \text{ aceito na iteração } n) = \sum_n \left(1-\frac{1}{c}\right)^{n-1}.\frac{p_j}{c} = p_j$$

.

Observações

- A constante c está relacionada com o número de interações necessárias até a aceitação de um valor de Y para X.
- O valor c deve ser o menor possível.
- O valor de c será o $\max\left\{\frac{p_y}{q_y}\right\}$.

Nota

$$u < \frac{p_y}{c.q_y} \quad \text{e} \quad P(U < \frac{p_y}{c.q_y}) = \frac{p_y}{c.q_y}$$

$$\Downarrow$$

$$\frac{p_y}{c.q_y} \leq 1 \quad \text{para todo } \ y \ \text{ tal que } \ p_y > 0$$

$$\Downarrow$$

$$c = \max\left\{\frac{p_y}{q_y}\right\}$$

Exemplo 1

Gerar um valor da variável aleatória X com f.m.p.:

j	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
p_j	0,11	0,12	0,09	0,08	0,12	0,10	0,09	0,09	0,10	0,10

Considerando que sabemos gerar de uma v.a. uniforme discreta, assumiremos Y com distribuição

$$P(Y = j) = q_j = \frac{1}{10}; \quad j = 1, 2, \ldots, 10.$$

A constante c será determinada por $c = \max\left\{\frac{p_j}{q_j}\right\} = \frac{0{,}12}{0{,}10} = 1{,}2.$

Algoritmo

1. Simular y de Y: gere $u_1 \sim U(0,1)$ e faça $y = \text{Int}(10u_1) + 1$.
2. Gerar um segundo número aleatório u_2.
3. Se $u_2 < \frac{p_y}{0.12}$, faça $X = y$ e pare. Caso contrário, retorne ao passo 1.

i Nota

Suponha $y = 1$. Então, se $u_2 < \frac{p_1}{0{,}12} = \frac{0{,}11}{0{,}12} = 0{,}9167$, faremos $X = 1$. Isto é, assumiremos que o valor 1 gerado é plausível de ser da distribuição de X. O gráfico a seguir ilustra esse processo.

```
#set.seed(20252)
pseudo_x <- NULL
for(i in seq_len(1000)){

pj <- c(0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10)

u1 <- runif(1)
y <- floor(10*u1) + 1


repeat{
```

```r
u2 <- runif(1)
x <- y

if(u2 < pj[y]/0.12) break
}

pseudo_x[i] <- x
}

round(prop.table(table(pseudo_x)),2)
```

```
pseudo_x
   1    2    3    4    5    6    7    8    9   10
0.09 0.11 0.09 0.10 0.09 0.11 0.10 0.11 0.10 0.09
```

Existe algum problema com os resultados acima? Se sim, faça a correção do código e verifique graficamente a coerência dos resultados.

Observações

- 91,67% de todos os valores 1 gerados de Y serão aceitos
- 100% dos valores 2 gerados de Y serão aceitos
- 75% dos valores 3 gerados de Y serão aceitos
- Qualquer valor da constante c inferior a 1,2 impossibilita gerar a distribuição de X
- Qualquer valor da constante c superior a 1,2 tornaria o processo mais lento para a obteção da amostra

Exercícios

1. Gere números pseudoaleatórios de X considerando $c = 2, 4$.
2. Compare com os resultados obtidos no Exemplo.

4.4 Método da Composição

Suponha que tenhamos um método eficiente para simular o valor de uma variável aleatória com f.m.p. $p_j, ; j \geq 0$ ou $q_j, ; j \geq 0$, e que desejamos simular a variável aleatória X com f.m.p.:

$$\Pr(X = j) = \alpha p_j + (1 - \alpha) q_j, \quad j \geq 0, 0 < a < 1.$$

Se $X_1 \sim p_j$ e $X_2 \sim q_j$, então podemos definir

$$X = \begin{cases} X_1, & \text{com probabilidade } a, \\ X_2, & \text{com probabilidade } 1 - a, \end{cases}.$$

Assim, X terá exatamente a função de probabilidade acima.

Exemplo

Suponha que desejamos gerar o valor de uma variável aleatória X tal que

$$p_j = \Pr(X = j) = \begin{cases} 0.05, & \text{para} \quad j = 1, 2, 3, 4, 5, \\ 0.15, & \text{para} \quad j = 6, 7, 8, 9, 10, \end{cases}$$

Note que $p_j = 0.5 \times p_j^{(1)} + 0.5 \times p_j^{(2)}$, em que

$$p_j^{(1)} = 0.1, \quad j = 1, \ldots, 10 \quad \text{e} \quad p_j^{(2)} = \begin{cases} 0, & \text{para} \quad j = 1, 2, 3, 4, 5, \\ 0.2, & \text{para} \quad j = 6, 7, 8, 9, 10, \end{cases}$$

podemos realizar essa simulação gerando primeiro um número aleatório $U \sim U(0, 1)$ e então:

- Se $U < 0.5$, gerar X de uma uniforme discreta sobre $\{1, 2, \ldots, 10\}$.
- Caso contrário ($U \geq 0.5$), gerar X de uma uniforme discreta sobre $\{6, 7, 8, 9, 10\}$.

Algoritmo

Passo 1. Gerar $U_1 \sim U(0, 1)$.
Passo 2. Gerar $U_2 \sim U(0, 1)$.
Passo 3. Se $U_1 < 0.5$, definir $X = \text{Int}(10U_1) + 1$. Caso contrário, definir $X = \text{Int}(5U_2) + 6$.

Se F_i, $i = 1, \ldots, n$ são funções de distribuição e α_i, $i = 1, \ldots, n$ são números não negativos cuja soma é 1, então a função de distribuição:

$$F(x) = \sum_{i=1}^{n} \alpha_i F_i(x),$$

é uma **mistura**, ou uma **composição**, das funções de distribuição F_i, $i = 1, \ldots, n$.

Uma maneira de simular a partir de F é primeiro simular uma variável aleatória I, igual a i com probabilidade α_i, $i = 1, \ldots, n$, e então simular a partir da distribuição F_I (Isto é, se o valor simulado de I for $I = j$, então a segunda simulação é feita a partir de F_j). Essa abordagem para simular de F é frequentemente chamada de **método de composição**.

5 Otimização Numérica

5.1 Método de Newton

5.2 Método de Newton-Raphson

5.3 Método Escore de Fisher

5.4 Método BFGS

6 Métodos de Reamostragem

6.1 Bootstrap

6.1.1 Introdução

Bootstrap é um método (computacional) de reamostragem baseado em subamostras de uma amostra observada, sendo introduzido por Efron (1979). Pode ser utilizado com o propósito de estimar erros padrão, viés de estimadores, construir intervalos de confiança, testes de hipóteses, entre outros. Pode ser utilizando sob duas abordagens: **paramétrica** e **não paramétrica**. A abordagem paramétrica exige um modelo estatística, enquanto que na abordagem não paramétrica não há suposição de modelo estatístico; toma-se por base uma distribuição empírica que atribui probabilidade $1/n$ para cada um dos n elementos da amostra. Algumas referências importantes neste tema são: Efron (1979), Wu (1986), Fisher & Hall (1989), Fredman (1986), Efron & Tibshirani (1993), Horowitz (1997), Davison & Hinkley (1997).

6.1.2 Acurária da média amostral

Experimento com 16 ratos, divididos em dois grupos: um grupo recebeu o tratamento e um outro grupo não recebeu o tratamento (controle). O tempo de sobrevivência (dias) é apresentado para cada um dos ratos. O tratamento prolonga a vida?

grupo	tempo 1	tempo 2	tempo 3	n	média	$\widehat{ep}$(média)
tratamento (X)	94	197	16	7	86,86	25,24
	38	99	141			
	23					
controle (Y)	52	104	146	9	56,22	14,14
	10	51	30			
	40	27	46			
diferença					30,63	28,93

Alguns pontos importantes são:

- A resposta à pergunta dependerá de quão acurado(s) é(são) o(s) estimador(es).

- O erro padrão é uma medida (muito usual) de acurácia de estimador.
- erro padrão estimado para a média amostral $\bar{X}$

$$\widehat{ep}(\bar{X}) = \sqrt{\frac{s^2}{n}},$$

  em que $s^2 = \sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2/(n-1)$.
- erro padrão de qualquer estimador é definido pela raiz quadrada de sua variância

Além disso, temos que:

- erro padrão pequeno $\longrightarrow$ acurácia alta
- erro padrão grande $\longrightarrow$ acurácia baixa
- acurácia alta (baixa) indica que o estimador apresenta valores próximos (distantes) ao seu valor esperado
- espera-se que 68% dos valores do estimador estejam a menos de um erro padrão do seu valor esperado, e 95%, a menos de dois erros padrões
- erro padrão da diferença $(\bar{X} - \bar{Y})$:

$$28.93 = \sqrt{25.24^2 + 14.14^2}.$$

Resposta à pergunta: a diferença observada 30.63 é somente 30.63/28.93=1.05 erros padrões (estimados) maior que zero, indicando um resultado não significativo, ou seja, o tratamento não aumenta o tempo médio de vida (considerando a teoria dos testes de hipóteses).

O erro padrão para o estimador média amostral apresenta fórmula conhecida, mas há casos em que não dispomos de fórmulas. Suponha que haja interesse em comparar os dois grupos de ratos em relação aos tempos medianos. Temos: md(X)=94 e md(Y)=46. A diferença é 48, maior que a diferença para as médias. Com base na mediana, o tratamento prolonga a vida?

6.1.3 Estimativa bootstrap do erro padrão

Considerações:

- $\underset{\sim}{x} = (x_1, x_2 \ldots, x_n)$: vetor de dados observado (amostra original de tamanho n)
- $s(\underset{\sim}{x})$: estatística de interesse (por exemplo, média amostral)
- Uma amostra bootstrap $\underset{\sim}{x}^* = (x_1^*, x_2^*, \ldots, x_n^*)$ é obtida pela amostragem aleatória de tamanho n, com reposição, de $\underset{\sim}{x}$. Por exemplo, com $n = 7$, poderíamos obter $\underset{\sim}{x}^* = (x_1^*, x_2^*, \ldots, x_n^*) = (x_5, x_7, x_5, x_4, x_7, x_3, x_1)$.

O algoritmo bootstrap

- gerar B amostras bootstrap independentes: $\underset{\sim}{x}^{*^1}, \underset{\sim}{x}^{*^2}, \ldots, \underset{\sim}{x}^{*^B}$, cada uma de tamanho n e $50 \leq B \leq 200$.
- calcular $s(\underset{\sim}{x}^{*^b})$, $b = 1, 2, \ldots, B$. $s(\underset{\sim}{x}^{*^b})$ é denominada réplica bootstrap de $s(\underset{\sim}{x})$
- calcular $\hat{ep}_{boot} = \hat{ep}_B = \sqrt{\frac{\sum_{b=1}^{B}[s(\underset{\sim}{x}^{*^b}) - s(.)]^2}{B-1}}$,em que $s(.) = \frac{\sum_{b=1}^{B} s(\underset{\sim}{x}^{*^b})}{B}$

Sintaxe do `R` para calcular a estimativa bootstrap do erro padrão da média do tempo de sobrevida dos ratos do grupo tratamento.

```
set.seed(1234)
# grupo tratamento (amostra original)
x <- c(94, 197, 16, 38, 99, 141, 23)
n <- length(x)
s <- 0  # estatística de interesse
B <- 50 # no. de amostras bootstrap

for(i in 1:B){
   # réplica bootstrap para o estimador média
   s[i] <- mean(sample(x,n,replace=TRUE))
 }
# estimativa bootstrap para o erro padrão da média
ep <-  sd(s); ep
```

```
[1] 27.41873
```

Estimativas bootstrap do erro padrão da média e da mediana do tempo de sobrevivência dos ratos do grupo tratamento. A mediana é menos acurada (erros padrões maiores) que a média para esse conjunto de dados.

B	50	100	250	500	1000	∞
média	19.72	23.63	22.32	23.79	23.02	23.36
mediana	32.21	36.35	34.46	36.72	36.48	37.83

Formalização:

- $\underset{\sim}{X} = X_1, X_2, \ldots, X_n$: amostra aleatória de uma f.d.a. F
- $\underset{\sim}{x} = (x_1, x_2, \ldots, x_n)$: amostra aleatória observada de F

- $\Theta = t(F)$: parâmetro (Θ uma função de F)
- $\hat{\Theta} = s(\underset{\sim}{X})$: estimador para Θ
- $\hat{\theta} = s(\underset{\sim}{x})$: estimativa para Θ
- Quão acurado é o estimador $\hat{\Theta}$?
- Seja $\hat{F}$ a distribuição empírica que atribui a probabilidade $1/n$ para cada valor observado x_i, $i = 1, 2, \ldots, n$. A amostra bootstrap $\underset{\sim}{x}^*$ é definida como a amostra aleatória com reposição de tamanho n extraída de $\hat{F}$.

$$\underset{\sim}{x}^* = (x_1^*, x_2^* \ldots, x_n^*)$$

$$\hat{F} \longrightarrow (x_1^*, x_2^* \ldots, x_n^*)$$

Nota:

- $\underset{\sim}{x}^*$: o símbolo $*$ indica que a amostra não é a original $\underset{\sim}{x}$, mas uma versão aleatorizada(reamostrada) de $\underset{\sim}{x}$
- a cada amostra bootstrap corresponde uma réplica bootstrap de $\hat{\theta}$, $\hat{\theta}^* = s(\underset{\sim}{x}^*)$
- $ep_F(\hat{\Theta})$ é estimado por $ep_{\hat{F}}(\hat{\Theta}^*)$, chamado **estimador bootstrap ideal** para o erro padrão $\hat{\Theta}$
- Raramente faz-se necessário $B \geq 200$ para estimar erro padrão; valores (muito) maiores são necessários, por exemplo, para IC bootstrap.
- $\lim_{B\to\infty} \hat{ep}_B = ep_{\hat{F}} = ep_{\hat{F}}(\hat{\Theta}^*)$
- O estimador bootstrap ideal $ep_{\hat{F}}(\hat{\Theta}^*)$ e sua aproximação $\hat{ep}_B$ são chamados **estimadores bootstrap não-paramétricos**, pois baseiam-se em $\hat{F}$, o estimador não-paramétrico de F.
- total de amostras bootstrap distintas (combinação com repetição):

$$\binom{2n-1}{n}.$$

- No `R`: ver as funções `factorial()`, `choose()`, `combn()`, `combinations()`.

6.1.3.1 Exemplo

Dados de faculdades americanas de direito. População: $N = 82$ faculdades. Amostra aleatória: $n = 15$ faculdades. Variáveis analisadas: LSAT (escore médio em um teste), GPA (pontuação média na faculdade).

escola	LSAT	GPA	escola	LSAT	GPA
1	576	3,39	9	651	3,36
2	635	3,30	10	605	3,13
3	558	2,81	11	653	3,12
4	578	3,03	12	575	2,74
5	666	3,44	13	545	2,76
6	580	3,07	14	572	2,88
7	555	3,00	15	594	2,96
8	661	3,43			

- Façamos Y=LSAT e Z=GPA. A estatística (estimador) de interesse é o coeficiente de correlação amostral entre as variáveis Y e Z:

$$\hat{\Theta} = corr(Y, Z) = \frac{Cov(Y, Z)}{DP(Y).DP(Z)} = \frac{\sum_{i=1}^{n}(Y_i - \bar{Y})(Z_i - \bar{Z})/n}{DP(Y).DP(Z)}$$

- Para os dados observados, a estimativa do coeficiente de correlação amostral é 0.776. Quão acurado é o estimador?

Tabela 6.4: **Estimativas bootstrap do erro padrão para** $\hat{\Theta} = corr(Y, Z)$

B	25	50	100	200	400	800	1600	3200
$\hat{ep}_B$	0,140	0,142	0,151	0,143	0,141	0,137	0,133	0,132

> **Nota**
>
> No caso de valores extremos inflacionarem fortemente $\hat{ep}_B$, uma medida mais robusta para o estimador bootstrap do erro padrão é desejável. (ver Efron & Tibshirani (1993)).

> **Nota**
>
> Inferências baseadas na distribuição normal são "questionáveis" quando o histograma das réplicas bootstrap indica forte assimetria.

6.1.3.2 Exercícios:

(1) Considere $B = 3200$. Para cada uma das 3200 amostras bootstrap, obtenha a réplica bootstrap $\hat{\theta}^* = corr(y^*, z^*)$. Faça o histograma das réplicas.

(2) A Tabela 3.2, p. 21 do livro texto, apresenta os dados populacionais das 82 faculdades. Selecione 3200 amostras aleatórias de tamanho $n = 15$. Para cada uma dessas amostra calcule o coeficiente de correlação e faça o histograma.

6.1.4 Bootstrap Paramétrico

O estimador bootstrap paramétrico do erro padrão é definido por

$$ep_{\hat{F}_{par}}(\hat{\Theta}^*),$$

em que $\hat{F}_{par}$ é um estimador de F derivado do modelo paramétrico para os dados.

Para os dados das faculdades: Vamos supor que a população (LSAT, GPA) possa ser descrita por um modelo paramétrico normal bivariado F. Estimamos F por $\hat{F}_{normal}$, que denota a f.d.a. de uma normal bivariada com vetor de médias e matriz de covariâncias $(\bar{y}, \bar{z})$ e $\frac{1}{14}\begin{pmatrix} \sum(y_i-\bar{y})^2 & \sum(y_i-\bar{y})(z_i-\bar{z}) \\ \sum(y_i-\bar{y})(z_i-\bar{z}) & \sum(z_i-\bar{z})^2 \end{pmatrix}$.

O estimador bootstrap paramétrico do erro padrão da correlação $\hat{\Theta}$ será dado por $ep_{\hat{F}_{normal}}(\hat{\Theta}^*)$. Esse estimador bootstrap ideal será aproximado por $\hat{ep}_B$ (conforme algoritmo a seguir).

O algoritmo bootstrap:

- extrair B amostras de tamanho n de $\hat{F}_{par}$: $\underset{\sim}{x}^{*^1}, \underset{\sim}{x}^{*^2}, \ldots, \underset{\sim}{x}^{*^B}$
- calcular $s(\underset{\sim}{x}^{*^b})$, $b = 1, 2, \ldots, B$. $s(\underset{\sim}{x}^{*^b})$ é a réplica bootstrap de $s(\underset{\sim}{x})$
- calcular $\hat{ep}_{boot} = \hat{ep}_B = \sqrt{\frac{\sum_{b=1}^{B}[s(\underset{\sim}{x}^{*^b}) - s(.)]^2}{B-1}}$,em que $s(.) = \frac{\sum_{b=1}^{B} s(\underset{\sim}{x}^{*^b})}{B}$

No exemplo das faculdades, assumindo o modelo normal bivariado, extraímos B amostras de tamanho $n = 15$ de $\hat{F}_{normal}$, calculamos o coeficiente de correlação para cada amostra e, por fim, calculamos o desvio padrão desses coeficientes de correlação. Usando $B = 3200$ encontramos $\hat{ep}_B = 0.124$, que é próximo ao valor 0.131 obtido com o bootstrap não-paramétrico.

A fórmula teórica para o erro padrão do coeficiente de correlação é $\frac{1-\hat{\Theta}^2}{\sqrt{n-3}}$, com $\hat{\Theta} = corr(Y, Z)$. Vimos que $\hat{\theta} = 0.776$, o que resulta a estimativa 0.115 para o erro padrão do coeficiente de correlação entre as variáveis Y=LSAT e Z=GPA.

Transformação de Fisher para o coeficiente de correlação $\hat{\Theta}$: $\hat{\zeta} = 0.5 \log\left(\frac{1+\hat{\Theta}}{1-\hat{\Theta}}\right)$. Assim, $\hat{\zeta}$ tem distribuição aproximadamente normal com média $0.5 \log\left(\frac{1+\Theta}{1-\Theta}\right)$ e variância $\frac{1}{n-3}$. O erro padrão para $\hat{\zeta}$ é $\sqrt{\frac{1}{n-3}}$. Para o exemplo das faculdades, o valor é $\frac{1}{\sqrt{12}} = 0.289$.

A título de comparação com o procedimento bootstrap, a estatística (estimador) $\hat{\zeta}$ foi estimado em cada uma das $B = 3200$ amostras bootstrap. O desvio padrão das réplicas bootstrap resultou 0.290 (muito próximo ao valor teórico 0.289). Histogramas para as correlações $\hat{\theta}^*$e para os $\hat{\zeta}^*$.

> **!** Importante
>
> Muitas fórmulas para os erros padrões são aproximações baseadas na teoria normal e isso "explica" os resultados próximos obtidos com o uso do bootstrap paramétrico que extrai amostras a partir da distribuição normal.

Vantagens do bootstrap sobre os métodos tradicionais:

- **bootstrap não-paramétrico:** não é necessário fazer suposições de modelos paramétricos para a população;
- **bootstrap paramétrico:** possibilita estimar erros padrões em problemas para os quais não há fórmulas para os erros padrões.

6.2 Jackknife

6.2.1 Introdução

Jackknife é uma técnica para estimar viés e erro padrão de estimadores. É uma técnica que antecede o bootstrap e foi proposta no trabalho pioneiro Quenouille (1949) para reduzir viés do estimador da correlação serial.

Formalização:

- $\underset{\sim}{X} = (X_1, X_2, \ldots, X_n)$: amostra aleatória de uma f.d.a. F
- $\underset{\sim}{x} = (x_1, x_2, \ldots, x_n)$: amostra aleatória observada de F
- $\Theta = t(F)$: parâmetro (Θ uma função de F)
- $\hat{\Theta} = s(\underset{\sim}{X})$: estimador para Θ
- $\hat{\theta} = s(\underset{\sim}{x})$: estimativa para Θ

O jackknife toma como base n amostras de tamanho $n-1$ selecionadas da amostra aleatória observada. A i-ésima amostra jackknife consiste da amostra observada com a i-ésima observação removida, $i = 1, 2, \ldots, n$:

$$\underset{\sim(i)}{x} = (x_1, x_2, \ldots, x_{i-1}, x_{i+1}, \ldots, x_n).$$

6.2.2 Estimador do viés

Para cada amostra i jackknife, é obtida a réplica jackknife $\hat{\theta}_{(i)} = s(\underset{\sim(i)}{x})$ e o estimador jackknife do viés de $\hat{\Theta}$ é dado por:

$$\widehat{\text{viés}}_{jack} = (n-1)(\hat{\Theta}_{(\cdot)} - \hat{\Theta}),$$

em que $\hat{\Theta}_{(\cdot)} = \sum_{i=1}^{n} \dfrac{\hat{\Theta}_{(i)}}{n}$.

6.2.3 Estimado do erro padrão

O estimador jackknife do erro padrão de $\hat{\Theta}$ pode ser escrito da seguinte maneira:

$$\widehat{ep}_{jack} = \left[\frac{n-1}{n} \sum_{i=1}^{n} (\hat{\Theta}_{(i)} - \hat{\Theta}_{(\cdot)})^2 \right]^{\frac{1}{2}},$$

em que $\hat{\Theta}_{(\cdot)} = \sum_{i=1}^{n} \dfrac{\hat{\Theta}_{(i)}}{n}$.

Algumas considerações importantes:

- Bootstrap: amostragem aleatória com reposição;
- Jackknife: amostras fixas;
- Jackknife requer o cálculo do estimador apenas para n amostras;
- A acurácia do estimador jackknife do erro padrão depende de quão próximo o estimador é da linearidade. Para funções fortemente não lineares, o jackknife pode ser ineficiente;
- Estimador linear: $\hat{\Theta} = s(\underset{\sim}{X}) = \mu + \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \alpha(X_i)$.

6.2.3.1 Exemplo

Considere a amostra observada: $\underset{\sim}{x} = (10, 26, 30, 40, 48)$ e o estimador: mediana$(\hat{\Theta})$. As amostras e réplicas jackknife são dadas, respectivamente, por:

1. $\underset{\sim(1)}{x} = (26, 30, 40, 48)$ e $\hat{\theta}_{(1)} = 35$;
2. $\underset{\sim(2)}{x} = (10, 30, 40, 48)$ e $\hat{\theta}_{(2)} = 35$;
3. $\underset{\sim(3)}{x} = (10, 26, 40, 48)$ e $\hat{\theta}_{(3)} = 33$;
4. $\underset{\sim(4)}{x} = (10, 26, 30, 48)$ e $\hat{\theta}_{(4)} = 28$;
5. $\underset{\sim(5)}{x} = (10, 26, 30, 40)$ e $\hat{\theta}_{(5)} = 28$.

Desta forma, a estimativa jackknife do erro padrão de $\hat{\Theta}$:

$$\widehat{ep}_{jack} = \left[\frac{4}{5}\sum_{i=1}^{5}(\hat{\theta}_{(i)} - \hat{\theta}_{(\cdot)})^2\right]^{\frac{1}{2}} \approx 6.38,$$

com $\hat{\theta}_{(\cdot)} = \sum_{i=1}^{5}\dfrac{\hat{\theta}_{(i)}}{5} = 31.8$.

A seguir, a sintaxe do `R` para calcular a estimativa jackknife do erro padrão para a mediana.

```
x <- c(10,26,30,40,48)
n <- length(x)

est.jack <- 0

for(i in 1:n){
  est.jack[i] <- median(x[-i])
}

ep.jack <- sqrt(((n-1)^2/n)*var(est.jack))
ep.jack
```

```
[1] 6.374951
```

6.3 Intervalos de Confiança

> **Notação**
>
> - $\underset{\sim}{X} = (X_1, x_2, \dots, X_n)$: amostra aleatória de uma f.d.a. F
> - $\underset{\sim}{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$: amostra aleatória observada de F
> - $\Theta = t(F)$: parâmetro (Θ uma função de F)
> - $\hat{\Theta} = s(\underset{\sim}{X})$: estimador para Θ
> - $\hat{\theta} = s(\underset{\sim}{x})$: estimativa para Θ

6.4 Intervalos de Confiança Normal Padrão

Suponha que $\hat{\Theta} \sim N(\Theta, ep(\hat{\Theta})^2)$. Portanto, se $ep(\hat{\Theta})$ é conhecido temos que:

$$Z = \frac{\hat{\Theta} - \Theta}{ep(\hat{\Theta})} \sim N(0, 1),$$

e

$$IC_z\left(100(1-\alpha)\%, \Theta\right) = \hat{\Theta} \pm z_{\frac{\alpha}{2}} ep(\hat{\Theta}).$$

6.5 Intervalo de Confiança t-Student

Suponha que $\hat{\Theta} \sim N(\Theta, ep(\hat{\Theta})^2)$ e se $ep(\hat{\Theta})$ é desconhecido, portanto

$$Z = \frac{\hat{\Theta} - \Theta}{\hat{ep}(\hat{\Theta})} \sim \text{t-Student}(n-1),$$

e

$$IC_t\left(100(1-\alpha)\%, \Theta\right) = \hat{\Theta} \pm t_{(n-1, \frac{\alpha}{2})} \hat{ep}(\hat{\Theta}).$$

6.6 IC bootstrap-t

Agora vamos definir

$$Z^{*^b} = \frac{\hat{\Theta}^{*^b} - \hat{\Theta}}{\hat{ep}^{*^b}},$$

em que $\hat{\Theta}^{*^b} = s(\underset{\sim}{X}^{*^b})$ e $\hat{ep}^{*^b}$ são obtidos para cada amostra bootstrap $\underset{\sim}{x}^*$. O percentil $100 \cdot \alpha$ de Z^{*^b} é estimado pelo valor $\hat{t}^{(\alpha)}$, tal que

$$\#\{Z^{*^b} \leq \hat{t}^{(\alpha)}\}/B = \alpha.$$

Por exemplo, se $B = 100$ e a confiança para o intervalo é de 90%, a estimativa $\hat{t}^{(0.05)}$ será o quinto maior valor de Z^{*^b} e a estimativa $\hat{t}^{(0.95)}$ será o nonagésimo quinto maior valor de Z^{*^b}.

Este procedimento estima a distribuição de Z (quantidade pivotal) diretamente dos dados. Não é necessário a suposição teórica de normalidade e sua distribuição é a mesma para qualquer . O intervalo (bilateral) bootstrap-t de confiança $100 \times (1-2\alpha)\%$ para o parâmetro Θ, denotado por IC_t^* $(100(1-2\alpha)\%, \Theta)$, é definido por:

$$\left[\hat{\Theta} - \hat{t}^{(1-\alpha)}\hat{ep}(\hat{\Theta}), \hat{\Theta} - \hat{t}^{(\alpha)}\hat{ep}(\hat{\Theta})\right].$$

Emprega-se estimativas *plug-in* para $\hat{\Theta}$ e $\hat{ep}(\hat{\Theta})$; não sendo possível, o erro padrão é estimado usando bootstrap ou jackknife.

Importante

Se $B \cdot \alpha$ não resultar um número inteiro?

1. Efron & Tibshirani (1993): supondo $\alpha \leq 0.5$, faça $k = \text{Int}[(B+1) \cdot \alpha]$ (o maior inteiro $\leq (B+1) \cdot \alpha$) e defina os percentis empíricos de ordem $100 \cdot \alpha$ e $100 \cdot (1-\alpha)$, respectivamente, pelo k-ésimo e $(B+1-k)$-ésimo maiores valores de Z^{*^b}.
2. Davidson & Hinkley (1997): interpolação dos percentis.

Considerações

- Este intervalo pode ser fortemente influenciado por poucos valores discrepantes.
- Em geral, é necessário um valor de B muito superior a 200.
- Para grandes amostras, o IC bootstrap-t pode estar mais próximo do nível de cobertura desejado do que os IC Normal ou t-Student.

- Abaixo, percentis da distribuição t-Student com 8 gl, normal padrão e distribuição bootstrap de Z^{*^b} (para o grupo controle no experimento com os ratos; $B = 1000$).

Tabela 6.5: Comparação dos percentis de diferentes distribuições.

percentil	5	10	90	95
t_8	-1.86	-1.40	1.40	1.86
Normal	-1.65	-1.28	1.28	1.65
bootstrap-t	-4.53	-2.01	1.19	1.53

O IC bootstrap-t para Θ (média do tempo de sobrevivência de ratos não submetidos ao tratamento (grupo controle)):

$$[56.22 - 1.53 \times 13.33,\ 56.22 + 4.53 \times 13.33] = [35.82,\ 116.74]\,,$$

usado a estimativa *plug-in* para o erro padrão da média.

Considerações Finais

- os valores dos percentis bootstrap-t podem não ser simétricos em relação ao zero.
- aplicável para estatísticas de localização (média, mediana etc).
- Cautela no uso envolvendo pequenas amostras (limites do intervalo fora do espaço paramétrico).
- o IC_t^* não é *transformation-respecting* (ver próxima seção)

6.6.1 Intervalos de Confiança bootstrap percentil

O intervalo bootstrap percentil de confiança $100(1-2\alpha)\%$, denotado por $IC_p^*\,(100(1-2\alpha)\%, \Theta)$, é definido por

$$\left[\hat{\Theta}^{*(\alpha)},\ \hat{\Theta}^{*(1-\alpha)}\right],$$

em que $\hat{\Theta}^{*(\alpha)}$ é o percentil de ordem 100α da distribuição bootstrap de $\hat{\Theta}^*$. Esta definição refere-se a um número infinito de réplicas.

Em situações práticas, o intervalo é aproximado com base nos resultados de B réplicas bootstrap:

$$\left[\hat{\Theta}_B^{*(\alpha)},\ \hat{\Theta}_B^{*(1-\alpha)}\right],$$

em que $\hat{\Theta}_B^{*(\alpha)}$ é dado pelo percentil de ordem 100α dos valores de $\hat{\theta}_B^{*(b)}$, isto é, o $(B \cdot \alpha)$-ésimo valor ordenado da lista das B réplicas de $\hat{\theta}_B^{*(b)}$.

> **Nota**
>
> Se a distribuição de $\hat{\Theta}^*$ é aproximadamente normal, os intervalos percentil e normal padrão são próximos.

6.6.1.1 Exemplo

Para uma amostra: X_1, X_2, ... , X_n, $n = 10$, de uma distribuição (população) normal padrão, considere o parâmetro de interesse Θ. $\Theta = \exp(\mu)$, sendo $\mu = 0$. Sendo a estimativa para Θ: $\hat{\theta} = \exp(\bar{x})$. Além disso, use o bootstrap não paramétrico: $B = 1000$ réplicas $\hat{\theta}^*$ usando a amostra observada: (1.669, -0.411, -0.322, 0.746, -0.868, -0.874, 1.011, -0.173, 0.021, 1.482). Resultando na estimativa para Θ: $\hat{\theta} = \exp(\bar{x}) = 1.256$.

Tabela 6.6: Percentis de $\hat{\theta}^*$ com base em 1000 réplicas bootstrap.

2.5%	5%	10%	16%	50%	84%	90%	95%	97.5%
0.74	0.81	0.89	0.95	1.25	1.65	1.77	2.00	2.13

Desta maneira, temos que

$$IC_p^*\left(95\%, \Theta\right) = [0.74, 2.13],$$

e

$$IC_p^*\left(90\%, \Theta\right) = [0.81, 2.00].$$

Abaixo um código `R` para o exemplo.

```
set.seed(1234)
n <- 10
x <- rnorm(n) # amostra observada
B <- 1000     # no. de réplicas bootstrap
theta <- 0
```

```r
alfa <- c(0.025,0.05,0.10,0.16,0.50,0.84,0.90,0.95,0.975)

for(i in 1:B){
  a <- sample(x,n,replace=TRUE)  # amostra bootstrap
  theta[i] <- exp(mean(a))       # réplica bootstrap
}

exp(mean(x)) # estimativa
```

```
[1] 0.6817056
```

```r
sz <- sort(theta)
rbind(100*alfa, round(sz[c(B*alfa)],2))
```

```
     [,1] [,2]  [,3]  [,4]  [,5]  [,6] [,7] [,8] [,9]
[1,] 2.50 5.00 10.00 16.00 50.00 84.00   90 95.0 97.5
[2,] 0.37 0.42  0.48  0.52  0.71  0.93    1  1.1  1.2
```

Agora iremos considerar outra abordagem. Seja $\Phi = \log(\Theta)$ e $\hat{\Phi} = \log(\hat{\Theta}) = \bar{X}$. Usando $IC_z\,(95\%, \Phi) = \hat{\Phi} \pm z_{\frac{\alpha}{2}}\, \hat{ep}(\hat{\Phi})$, resulta $[0.228 \pm 1.96 \times 0.28] = [-0.32, 0.78]$, em que $\hat{ep}(\hat{\Phi})$ é o estimador *plug-in* para o erro padrão de $\hat{\Phi}$. Fazendo a transformação inversa, o intervalo para Θ é $[0.73, 2.18]$. Note que o intervalo percentil para Θ assemelha-se ao intervalo normal padrão construído para uma transformação apropriada de Θ e transformado para a escala de Θ.

! Importante

Vantagem do método percentil: Não é necessário conhecer a transformação (normalizadora). O método percentil incorpora automaticamente a transformação adequada.

Lema

Suponha a transformação $\hat{\Phi} = m(\hat{\Theta})$ e, consequentemente, $\hat{\Phi} \sim N(\Phi, c^2)$, para algum erro padrão c. Então, o intervalo percentil para Θ será dado por

$$\left[m^{-1}(\hat{\Phi} - z_{\frac{\alpha}{2}}.c), m^{-1}(\hat{\Phi} + z_{\frac{\alpha}{2}}.c)\right].$$

Nota

- Em situações nas quais o uso de IC padrão é adequado*, o IC percentil produz resultados próximos ao do IC padrão.
- Em situações nas quais o uso do IC padrão é adequado apenas após uma transformação no parâmetro, a aplicaçao do método percentil automaticamente contempla essa transformação.

Considerações Finais

- Propriedade *transformation-respecting*: o intervalo percentil para qualquer transformação (monotônica) $\Phi = m(\Theta)$ do parâmetro Θ é dado por

$$\left[m(\hat{\Theta}^{*(\alpha)}),\ m(\hat{\Theta}^{*(1-\alpha)}\right].$$

- A propriedade também é válida para o intervalo aproximado com base nos resultados de B réplicas bootstrap:

$$\left[m(\hat{\Theta}_B^{*(\alpha)}),\ m(\hat{\Theta}_B^{*(1-\alpha)})\right].$$

- Propriedade *range-preserving*: produz intervalos com limites dentro do espaço paramétrico.

6.6.2 Intervalos de Confiança bootstrap - versões aprimoradas

O intervalo bootstrap-t apresenta boa probabilidade de cobertura teórica, mas tende a ser irregular na prática. Já o intervalo bootstrap percentil é menos irregular, mas apresenta probabilidade de cobertura menos satisfatória.

Proposta: intervalo bootstrap BC_a (*bias-corrected and accelerated*) e ABC (*approximate bootstrap confidence*).

substancial melhoria na prática e na teoria. correção de viés do estimador. o ABC exige menos esforço computacional do que o BC_a

7 Métodos de Monte Carlo

7.1 Introdução

7.2 Integração de Monte Carlo

7.3 Erro de Monte Carlo

7.4 Monte Carlo via Função de Importância

7.5 Método de Máxima Verossimilhança

8 Algoritmo EM

9 Métodos Adicionais

References

Falk, Ruma. 2014. "A Closer Look at the Notorious Birthday Coincidences". *Teaching Statistics* 36 (2): 41–46. https://doi.org/10.1111/test.12014.

Hodgson, Ted, e Maurice Burke. 2000. "On Simulation and the Teaching of Statistics". *Teaching Statistics* 22 (3): 91–96. https://doi.org/10.1111/1467-9639.00033.

Martins, Rui Manuel Da Costa. 2018. "Learning the Principles of Simulation Using the Birthday Problem". *Teaching Statistics* 40 (3): 108–11. https://doi.org/10.1111/test.12164.

Matthews, Robert, e Fiona Stones. 1998. "Coincidences: the truth is out there". *Teaching Statistics* 20 (1): 17–19. https://doi.org/https://doi.org/10.1111/j.1467-9639.1998.tb00752.x.

Thomas, F. H., e J. L. Moore. 1980. "CUSUM: Computer Simulation for Statistics Teaching". *Teaching Statistics* 2 (1): 23–28. https://doi.org/10.1111/j.1467-9639.1980.tb00374.x.

Tintle, Nathan, Beth Chance, George Cobb, Soma Roy, Todd Swanson, e Jill VanderStoep. 2015. "Combating Anti-Statistical Thinking Using Simulation-Based Methods Throughout the Undergraduate Curriculum". *The American Statistician* 69 (4): 362–70. https://doi.org/10.1080/00031305.2015.1081619.

Zieffler, Andrew, e Joan B. Garfield. 2007. "Studying the Role of Simulation in Developing Students' Statistical Reasoning". Em *Proceedings of the 56th Session of the International Statistical Institute (ISI)*. International Statistical Institute.