

# Mistura de Normais com Variância Contaminada

Caio Gabriel Barreto Balieiro

Taiguara Melo Tupinambás

Walmir dos Reis Miranda Filho

Programa de Pós-Graduação em Estatística

Departamento de Estatística - UFMG

02 de dezembro de 2019

- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov
- 5 Considerações finais

# Outline

- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov
- 5 Considerações finais

- O presente trabalho tem como objetivo obter, dada uma densidade *a posteriori* conjunta dos parâmetros de um modelo probabilístico para uma amostra previamente observada, as densidades *a posteriori* marginais de cada parâmetro.
  - Além disso, deseja-se obter as estatísticas de média; variância; assimetria e curtose associadas as densidades *a posteriori* marginais de cada parâmetro, a partir da implementação de três métodos numéricos:
- 1 Integração via quadratura de Riemann;
  - 2 Reamostragem por importância sequencial (em inglês, *Sequential Importance Resampling*, ou SIR);
  - 3 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov (em inglês, *Markov Chain Monte Carlo*, ou MCMC) com inovações dadas pelo algoritmo de Metropolis-Hastings (MH).

- Sejam  $X_1, \dots, X_n$  amostras aleatórias iid, condicionalmente a um vetor de parâmetros  $\theta = (\mu, \sigma^2, \nu)$ , com função densidade dada por

$$f(x|\mu, \sigma^2, \nu) = \nu \phi(x|\mu, 100\sigma^2) + (1 - \nu) \phi(x|\mu, \sigma^2), \quad x \in \mathbb{R}, \quad (1)$$

onde  $\phi(x|\mu, \sigma^2)$  é a função densidade da distribuição normal com média  $\mu$  e variância  $\sigma^2$  avaliada no ponto  $x$ . Para o suporte de cada parâmetro, tem-se que  $\mu \in \mathbb{R}$ ,  $\sigma^2 \in \mathbb{R}_+$  e  $\nu \in (0, 1)$ .

- Para os parâmetros em  $\theta$  serão pressupostas as seguintes distribuições *a priori*:
  - 1  $\mu|\sigma^2 \sim N(m, V\sigma^2)$ , onde  $N(\cdot)$  denota a distribuição normal com média  $m \in \mathbb{R}$  e variância  $V\sigma^2$ ,  $V > 0$ ;
  - 2  $\sigma^2 \sim Gl(a, d)$ , onde  $Gl(\cdot)$  denota a distribuição gama inversa com parâmetros de forma  $a > 0$  e de taxa  $d > 0$  (inverso da escala);
  - 3  $\nu \sim U(0, 1)$ , a distribuição uniforme contínua padrão.

- Desta forma, a distribuição *a priori* conjunta assume a seguinte forma

$$p(\boldsymbol{\theta}) = p(\mu|\sigma^2)p(\sigma^2)p(\nu). \quad (2)$$

- Para gerar uma amostra aleatória do modelo em (1), foi utilizada uma representação hierárquica (Lachos *et al.*, 2013) tal que

$$\begin{aligned} X_i|\mu, \sigma^2, U_i = u_i &\sim N(\mu, \sigma^2 u_i^{-1}), \\ U_i|\mu &\sim p_d(1, 100) : P(U_i = 100) = \nu, \end{aligned} \quad (3)$$

onde  $p_d(a, b)$  denota uma função de probabilidade (discreta) que atribui massa probabilística apenas aos pontos  $a$  e  $b$ .

- Com isto, nossa distribuição *a posteriori* é definida por

$$\begin{aligned}
 p(\mu, \sigma^2, \nu | \mathbf{x}) &= \frac{f(\mathbf{x} | \mu, \sigma^2, \nu) \times p(\mu, \sigma^2, \nu)}{f(\mathbf{x})} \\
 &\propto \prod_{i=1}^n f(x_i) \times p(\mu | \sigma^2) \times p(\sigma^2) \times p(\nu) \\
 &\propto \prod_{i=1}^n [\nu \phi(x_i | \mu, 100\sigma^2) + (1 - \nu) \phi(x_i | \mu, \sigma^2)] \times \\
 &\quad \times \phi(\mu | m, V\sigma^2) \times \frac{d^a}{\Gamma(a)} \left(\frac{1}{\sigma^2}\right)^{a+1} \exp\left(-\frac{d}{\sigma^2}\right) \\
 &\propto \left(\frac{1}{\sigma^2}\right)^{(n+1)/2+a+1} \exp\left\{-\frac{[(\mu - m)^2/(2V) + d]}{\sigma^2}\right\} \\
 &\quad \times A(\mathbf{x} | \mu, \sigma^2, \nu),
 \end{aligned} \tag{4}$$

onde

$$A(\mathbf{x} | \mu, \sigma^2, \nu) = \prod_{i=1}^n \left\{ \frac{\nu}{10} \exp\left[-\frac{(x_i - \mu)^2}{200\sigma^2}\right] + (1 - \nu) \exp\left[-\frac{(x_i - \mu)^2}{2\sigma^2}\right] \right\}.$$

- Para o presente trabalho, foram considerados uma amostra de tamanho  $n = 500$ , da mistura finita de normais com variância contaminada parametrizada de tal forma que  $\mu = 11$ ;  $\sigma^2 = 0.64$  e  $\nu = 0.2$ .
- Os valores escolhidos para os hiperparâmetros são  $m = 11$ ;  $V = 1$ ;  $a = 7$  e  $d = 4$  nas distribuições *a priori*.
- Como não se tem uma expressão fechada para  $p(\mu, \sigma^2, \nu | \mathbf{x})$ , mas apenas de seu núcleo, para obter as densidades *a posteriori* marginais de  $\mu$ ,  $\sigma^2$  e  $\nu$  dado  $\mathbf{x}$ , bem como as estatísticas associadas a cada uma delas, é necessário aproximá-las por algum método numérico.



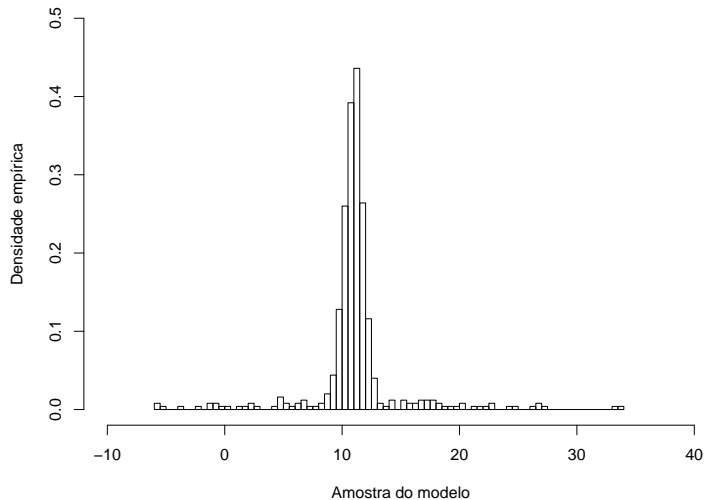
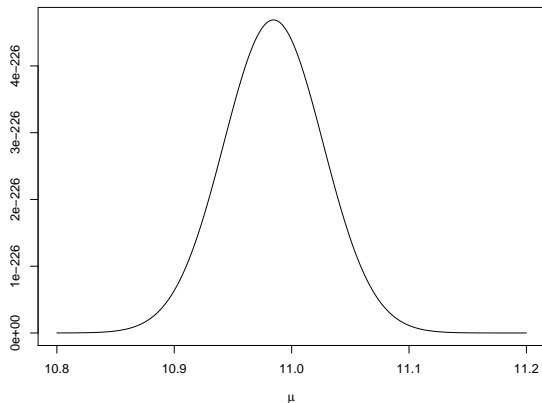
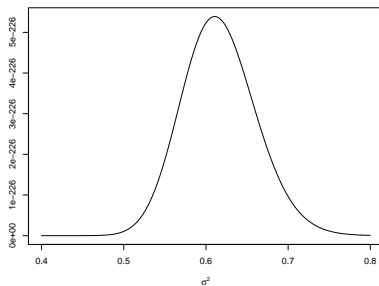


Figura 1: Histograma da amostra gerada do modelo

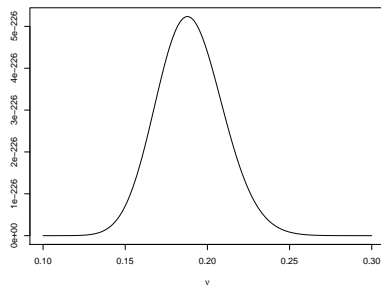


(a)  $I_\mu = (10.85, 11.13)$ , dados  $\sigma^2 = 0.64$ ,  $\nu = 0.2$

Figura 2: Intervalos de massa probabilística para cada parâmetro (variável aleatória) do núcleo de  $p(\mu, \sigma^2, \nu | \mathbf{x})$



(a)  $I_{\sigma^2} = (0.48, 0.78)$ , dados  $\mu = 11, \nu = 0.2$



(b)  $I_{\nu} = (0.13, 0.26)$  dados  $\mu = 11, \sigma^2 = 0.64$

**Figura 3:** Intervalos de massa probabilística para cada parâmetro (variável aleatória) do núcleo de  $p(\mu, \sigma^2, \nu | \mathbf{x})$

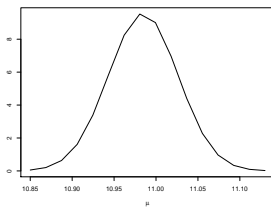
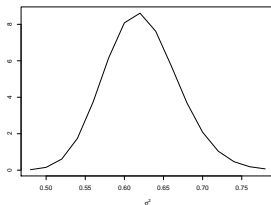
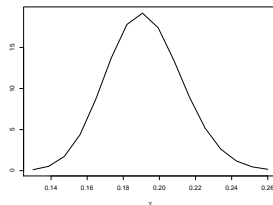
# Outline

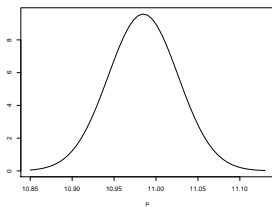
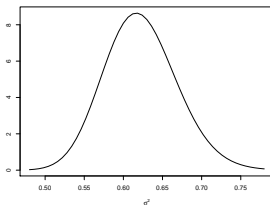
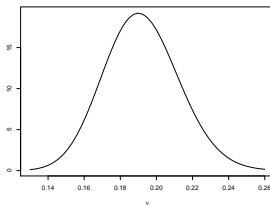
- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov
- 5 Considerações finais

- Antes de aproximar as densidades *a posteriori* marginais de cada parâmetro, é necessário aproximar o inverso da constante de proporcionalidade.
- Dados três parâmetros  $(\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3)$  e uma amostra dos dados  $\mathbf{y}$ , quaisquer, suponha que se deseja aproximar a densidade *a posteriori* marginal de  $\alpha_3$  dados os pontos  $r_i, s_j, t_k$  da grade formada por todos os subintervalos de integração,  $i, j, k \in \{1, \dots, L\}$ . Temos pela quadratura de Riemann que

$$\begin{aligned}
 p(\alpha_3 | \mathbf{y}) &= \iint p(\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3 | \mathbf{y}) d\alpha_1 d\alpha_2 \\
 \Rightarrow p(t_k | \mathbf{y}) &= \iint p(\alpha_1, \alpha_2, t_k | \mathbf{y}) d\alpha_1 d\alpha_2 \approx \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^L p(r_i, s_j, t_k | \mathbf{y}) \Delta_i \Delta_j \\
 &= \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^L c \cdot h(r_i, s_j, t_k | \mathbf{y}) \Delta_i \Delta_j.
 \end{aligned} \tag{5}$$

- Como  $c$ , a constante de proporcionalidade, é dada pelo inverso da densidade *a priori* preditiva  $f(y)$ , a qual é obtida integrando-se em todo o espaço paramétrico o produto entre a função de verossimilhança  $f(y|\alpha_1, \alpha_2, \alpha_3)$  e as densidades (ou funções de probabilidade) *a priori* para  $\alpha_1$ ,  $\alpha_2$  e  $\alpha_3$ , também é possível aproximar  $c$  pela quadratura de Riemann.
- Neste caso,  $c^{-1} \approx \sum_{i=1}^L \sum_{j=1}^L \sum_{k=1}^L h(r_i, s_j, t_k|y) \Delta_i \Delta_j \Delta_k$ . Com o valor aproximado para  $c$ , é possível calcular (5) nos limites superior e inferior de todos os subintervalos de um dado parâmetro e enfim obter uma aproximação da densidade *a posteriori* marginal deste mesmo parâmetro através de uma curva gráfica que liga todos os valores calculados.

(a) Densidade *a posteriori* de  $\mu$ (b) Densidade *a posteriori* de  $\sigma^2$ (c) Densidade *a posteriori* de  $\nu$ Figura 4: Densidades *a posteriori* marginais pela quadratura de Riemann com  $L = 15$

(a) Densidade *a posteriori* de  $\mu$ (b) Densidade *a posteriori* de  $\sigma^2$ (c) Densidade *a posteriori* de  $\nu$ Figura 5: Densidades *a posteriori* marginais pela quadratura de Riemann com  $L = 50$



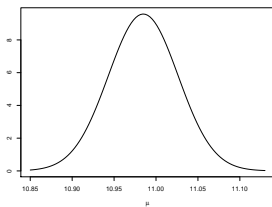
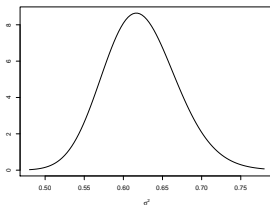
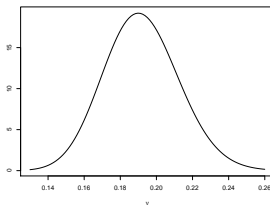
(a) Densidade *a posteriori* de  $\mu$ (b) Densidade *a posteriori* de  $\sigma^2$ (c) Densidade *a posteriori* de  $\nu$ Figura 6: Densidades *a posteriori* marginais pela quadratura de Riemann com  $L = 100$

Tabela 1: Estatísticas *a posteriori* para  $(\mu, \sigma^2, \nu)$  pela quadratura de Riemann

Cenário	Parâmetro	Média	Variância	Assimetria	Curtose
$L = 15$	$\mu$	10.9847	0.0017	0.0022	2.9603
	$\sigma^2$	0.6222	0.0022	0.2230	2.9984
	$\nu$	0.1918	0.0004	0.1572	2.9348
$L = 50$	$\mu$	10.9848	0.0017	0.0056	2.9346
	$\sigma^2$	0.6222	0.0021	0.2149	2.9625
	$\nu$	0.1918	0.0004	0.1523	2.8995
$L = 100$	$\mu$	10.9848	0.0017	0.0064	2.9284
	$\sigma^2$	0.6222	0.0021	0.2131	2.9542
	$\nu$	0.1918	0.0004	0.1512	2.8913

# Outline

- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)**
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov
- 5 Considerações finais

- Proposto por Gordon *et al.* (1993), o método SIR utiliza uma *função de amostragem por importância*  $g$  para aproximar (sem perda de generalidade) uma densidade de interesse  $p$ .
- Sejam  $\theta_1, \dots, \theta_t$  uma amostra aleatória de  $g$  e  $\mathbf{y} = (y_1, \dots, y_n)$  uma amostra do modelo para os dados observados. Para cada ponto  $\theta_j$ ,  $j = 1, \dots, t$ , os pesos são dados por

$$w_j(\theta_j) = \frac{p(\theta_j|\mathbf{y})/g(\theta_j)}{\sum_{j=1}^k p(\theta_j|\mathbf{y})/g(\theta_j)}. \quad (6)$$

onde  $g$  é uma densidade conhecida e da qual se sabe gerar uma amostra.

- Como feito em muitos trabalhos, para  $g$  será escolhida uma densidade normal trivariada  $N_3(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\Sigma})$ , onde as componentes de  $\boldsymbol{\mu}$  têm suporte na reta real.

- Note que para 2 parâmetros,  $\sigma^2$  e  $\nu$ , o respectivo espaço paramétrico não é a reta real ( $\Theta_{\sigma^2} = \mathbb{R}_+$  e  $\Theta_{\nu} = [0, 1]$ ). Logo, será feita uma reparametrização.
- Para isso, considere as transformações  $\theta_1 = \mu$ ,  $\theta_2 = \log(\sigma^2)$  e  $\theta_3 = \log[\nu/(1 - \nu)]$ . Assim, a expressão do núcleo reparametrizado é dada por

$$\begin{aligned}
 p(\theta_1, \theta_2, \theta_3 | \mathbf{x}) &= p(\theta_1 = \mu, \theta_2 = \log(\sigma^2), \theta_3 = \log[\nu/(1 - \nu)] | \mathbf{x}) \\
 &= p(\mu = \theta_1, \sigma^2 = \exp(\theta_2), \nu = 1/[1 + \exp(-\theta_3)] | \mathbf{x}) \times |J(\theta_1, \theta_2, \theta_3)| \\
 &\propto [\exp(\theta_2)]^{-[(n+1)/2+a+1]} \times \exp \left\{ -\frac{[(\theta_1 - m)^2/(2V) + d]}{\exp(\theta_2)} \right\} \\
 &\times A^*(\mathbf{x} | \theta_1, \theta_2, \theta_3) \times \frac{\exp(\theta_2) \exp(\theta_3)}{[1 + \exp(-\theta_3)]^{-2}} \\
 &\propto \left( \frac{1}{\sigma^2} \right)^{\frac{n+1}{2+a+1}} \times \exp \left\{ -\frac{[(\mu - m)^2/(2V) + d]}{\sigma^2} \right\} \times A(\mathbf{x} | \mu, \sigma^2, \nu) \\
 &\times \sigma^2 \nu^3 (1 - \nu)^{-1}.
 \end{aligned} \tag{7}$$

- Para a amostra de tamanho  $n = 500$  da mistura finita de normais com variância contaminada tal que  $\mu = 11$ ;  $\sigma^2 = 0.64$ ;  $\nu = 0.2$ ;  $m = 11$ ;  $V = 1$ ;  $a = 7$  e  $d = 4$  (Figura 1).
- Para as médias das componentes desta distribuição, será fixado  $\boldsymbol{\mu} = (\theta_1, \theta_2, \theta_3) = (\mu, \log(\sigma^2), \log[\nu/(1 - \nu)]) = (11, \log(0.64), \log[0.2/0.8])$ .
- Para a matriz de covariância  $\boldsymbol{\Sigma}$ , cada elemento da diagonal principal será dado pelo quadrado de  $1/6$  do intervalo de massa probabilística do parâmetro correspondente.
- Esta escolha se justifica pelo fato de que as distribuições mostradas de 2a a 3b têm comportamento próximo à normalidade.

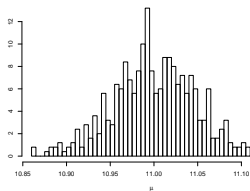
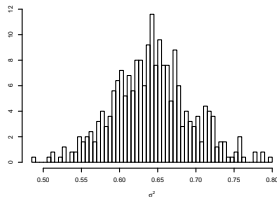
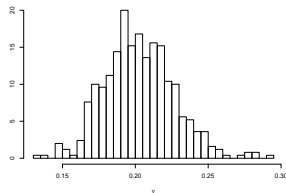
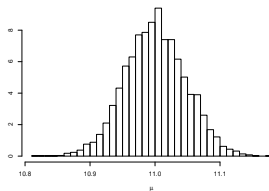
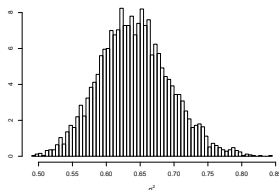
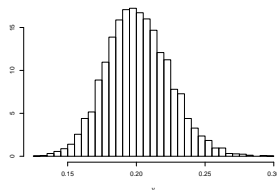
(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ 

Figura 7: Densidades *a posteriori* marginais pela método SIR com  $k = 500$

(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ Figura 8: Densidades *a posteriori* marginais pela método SIR com  $k = 5000$



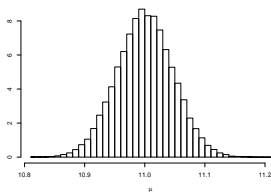
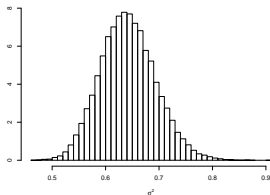
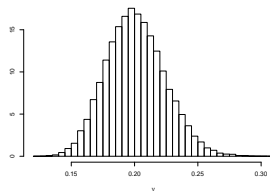
(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ 

Figura 9: Densidades *a posteriori* marginais pela método SIR com  $k = 50000$

Tabela 2: Estatísticas *a posteriori* para  $(\mu, \sigma^2, \nu)$  pelo método SIR

Cenário	Parâmetro	Média	Variância	Assimetria	Curtose
$k = 500$	$\mu$	11.0003	0.0023	-0.0610	3.0351
	$\sigma^2$	0.6422	0.0026	0.1261	3.1453
	$\nu$	0.2028	0.0006	0.3510	3.5475
$k = 5000$	$\mu$	11.0006	0.0022	0.0216	3.0234
	$\sigma^2$	0.6418	0.0027	0.2349	3.0118
	$\nu$	0.2013	0.0005	0.2485	3.1646
$k = 50000$	$\mu$	11.0002	0.0022	-0.0081	3.0451
	$\sigma^2$	0.6420	0.0027	0.2353	3.1153
	$\nu$	0.2009	0.0005	0.2608	3.0849

# Outline

- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov**
- 5 Considerações finais

- Por fim, será usado o algoritmo de Metropolis-Hastings (Metropolis *et al.*, 1953; Hastings, 1970), aqui abreviado por MH, no método iterativo MCMC.
- Assim como o SIR, o algoritmo MH também é baseado no uso de uma distribuição auxiliar ou proposta, aqui denotada por  $q(\mathbf{y}, \mathbf{z})$ . Assumindo-se que na interação  $j$ ,  $j = 1, \dots, k$  a cadeia está no estado  $\mathbf{y}^{(j)}$ , a posição da mesma na interação  $j + 1$ , denotada por  $\mathbf{y}^{(j+1)}$ , será dada após:
  - 1 Propor uma transição ou movimento para  $\mathbf{y}^*$ , onde  $\mathbf{y}^*$  é gerada de  $q(\mathbf{y}^{(j)}, \cdot)$ , a distribuição proposta, e, o valor inicial da cadeia  $\mathbf{y}^{(1)}$ ;
  - 2 Aceitar a transição proposta com probabilidade

$$\rho(\mathbf{y}^{(j)}, \mathbf{y}^*) = \min \left( 1, \frac{p(\mathbf{y}^*)/q(\mathbf{y}^{(j)}, \mathbf{y}^*)}{p(\mathbf{y}^{(j)})/q(\mathbf{y}^*, \mathbf{y}^{(j)})} \right) \quad (8)$$

e neste caso atribuir  $\mathbf{y}^{(j+1)} = \mathbf{y}^*$  ou rejeitar a transição proposta e atribuir  $\mathbf{y}^{(j+1)} = \mathbf{y}^{(j)}$ , com probabilidade  $1 - \rho(\mathbf{y}^{(j)}, \mathbf{y}^*)$ .

- Para decidir sobre a aceitação ou não de  $\mathbf{y}^*$  quando amostrada a cada passo  $j$ , gere uma amostra  $u_1, \dots, u_k$ , onde  $k$  é o total de iterações prefixadas, da distribuição uniforme padrão  $U(0, 1)$ , independentemente de  $\mathbf{y}^*$ .
- Se a probabilidade de aceitação  $\rho(\mathbf{y}^{(j)}, \mathbf{y}^*)$  for maior do que ou igual a  $u_j$ , então a transição proposta é aceita. Do contrário, ela é rejeitada.
- Para a distribuição proposta  $q(\cdot)$  também será escolhida uma normal trivariada  $N_3(\boldsymbol{\mu}, \boldsymbol{\Sigma})$ , com valores do vetor de médias, e será reutilizado a reparametrização  $\boldsymbol{\mu} = (\mu, \log(\sigma^2), \log[\nu/(1 - \nu)]) = (11, \log(0.64), \log[0.2/0.8])$  e da matriz de covariância  $\boldsymbol{\Sigma} = \text{diag}\{0.0022, 0.0065, 0.0203\}$ .
- É necessário definir um estado inicial da cadeia, em geral com densidade conjunta muito baixa, escolheu-se o ponto  $\mathbf{y}^{(1)} = (10.86, \log(0.50), \log(0.14/0.86))$ .

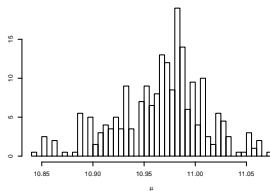
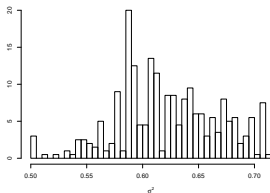
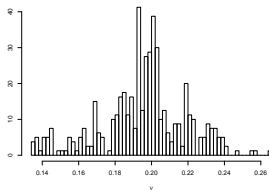
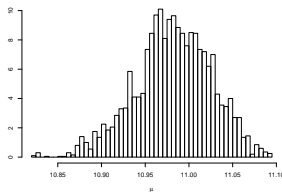
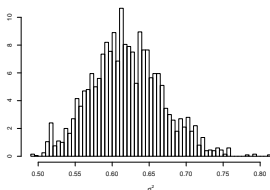
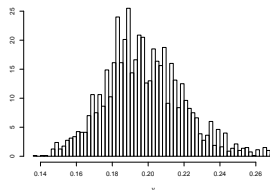
(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ 

Figura 10: Densidades *a posteriori* marginais pelo método MCMC–MH,  $k = 500$

(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ Figura 11: Densidades *a posteriori* marginais pela método MCMC–MH,  $k = 5000$

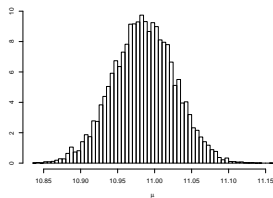
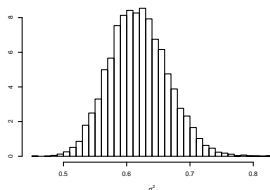
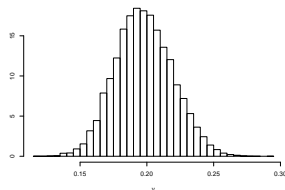
(a) Histograma de  $\mu$ (b) Histograma de  $\sigma^2$ (c) Histograma de  $\nu$ 

Figura 12: Densidades *a posteriori* marginais pela método MCMC–MH,  $k = 50000$



Tabela 3: Estatísticas *a posteriori* para  $(\mu, \sigma^2, \nu)$  pelo método MCMC–MH

Cenário	Parâmetro	Média	Variância	Assimetria	Curtose
$k = 500$	$\mu$	10.9672	0.0018	-0.3768	3.2193
	$\sigma^2$	0.6226	0.0020	-0.0684	2.6117
	$\nu$	0.1957	0.0006	-0.3313	3.2991
$k = 5000$	$\mu$	10.9818	0.0019	-0.2466	2.9894
	$\sigma^2$	0.6197	0.0023	0.2372	3.0057
	$\nu$	0.1977	0.0005	0.3878	3.2038
$k = 50000$	$\mu$	10.9852	0.0017	-0.0272	2.9451
	$\sigma^2$	0.6188	0.0021	0.2472	3.1088
	$\nu$	0.1978	0.0005	0.1331	2.8971

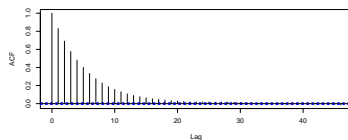
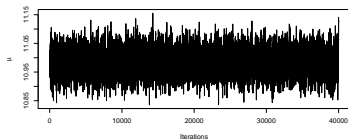
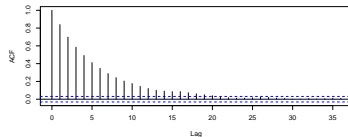
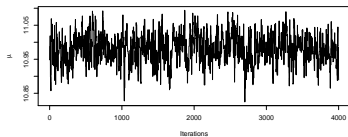
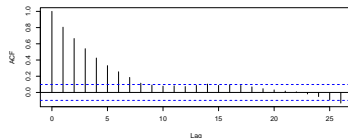
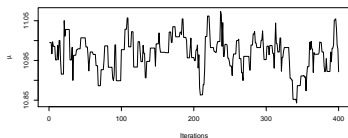
(a) Traço de  $\mu$ (b) Autocorrelação de  $\mu$ 

Figura 13: Traço e autocorrelação da cadeia de  $\mu$ ,  $k = \{500, 5000, 50000\}$ , respectivamente

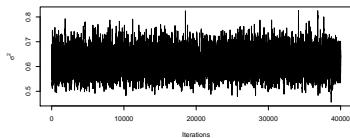
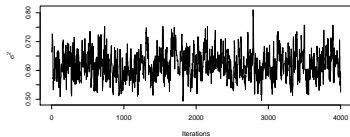
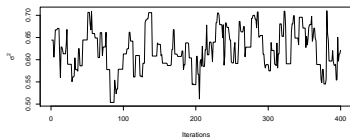
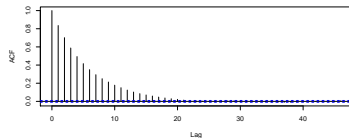
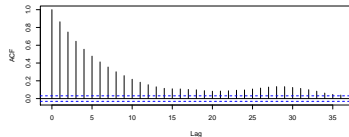
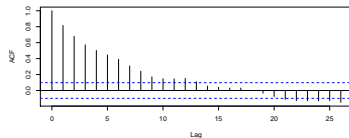
(a) Traço de  $\sigma^2$ (b) Autocorrelação de  $\sigma^2$ 

Figura 14: Traço e autocorrelação da cadeia de  $\sigma^2$ ,  $k = \{500, 5000, 50000\}$ , respectivamente

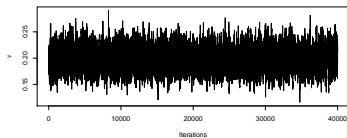
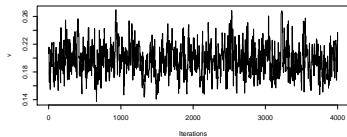
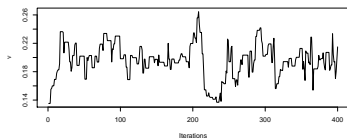
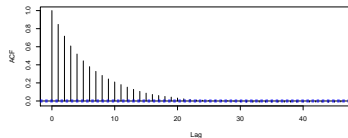
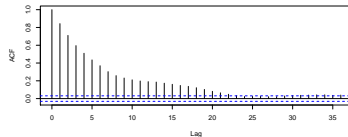
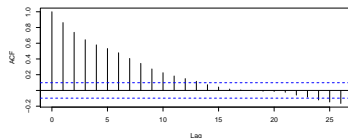
(a) Traço de  $\nu$ (b) Autocorrelação de  $\nu^2$ 

Figura 15: Traço e autocorrelação da cadeia de  $\nu^2$ ,  $k = \{500, 5000, 50000\}$ , respectivamente

# Outline

- 1 Introdução
- 2 Método de Quadratura de Riemann
- 3 Reamostragem por importância sequencial(SIR)
- 4 Integração via Monte Carlo em cadeias de Markov
- 5 Considerações finais**

- Neste trabalho, as densidades marginais *a posteriori* dos parâmetros de interesse  $(\mu, \sigma^2, \nu)$  foram aproximadas por três métodos numéricos, para uma amostra observada de tamanho 500.
- Para os três métodos implementados, foram desenvolvidos 3 cenários diferentes, para análise de convergência e complexidade computacional.
- Na quadratura de Riemann, 3 quantidades diferentes de intervalos de integração  $L$  foram escolhidos: 15, 50 e 100. O primeiro resultado não é muito satisfatório, apesar de aproximar bem os dois primeiros momentos.
- Para 50 e 100 subintervalos, a aproximação é bem melhor, mas o custo computacional é bem maior, crescendo exponencialmente em relação à dimensão do espaço paramétrico  $\mathcal{O}(L^n)$ , com  $n$  igual a 3.

- Para ambos os métodos estocásticos SIR e MCMC foram considerados tamanhos amostrais *a posteriori*  $k$  iguais a 500, 5000 e 50000.
- Nos dois métodos, para  $k$  igual a 500, as distribuições marginais aproximadas não foram muito satisfatórias, apresentando muitos *outliers* e modas locais.
- Para o SIR, a partir de 5000 amostras as distribuições marginais ficam bem mais suaves, com assimetria e curtose melhor definidos.
- No MCMC, ainda se observa uma melhoria considerável de  $k$  igual a 5000 para  $k$  igual a 50000 passos de integração, quando o método parece convergir.
- Por fim, podemos concluir que, para o modelo probabilístico estudado, todos os três métodos desempenham bem a tarefa de aproximar a distribuição *a posteriori*, se escolhidos hiperparâmetros de convergência adequados.