Métodos de Monte Carlo em inferência estatística

Testes de hipótese de Monte Carlo

Fernando P. Mayer

1 Introdução

Besag e Clifford (1989) definiram que um teste de Monte Carlo generalizado é um que possui as seguintes características:

1. Um conjunto de dados observado, é apenas um entre muitos conjuntos que poderiam ter ocorrido
2. Todos os possíveis conjuntos de dados podem ser gerados a partir de uma série de mudanças incrementais nos dados (**randomização**)
    - Aqui vamos assumir que todos os possíveis conjuntos de dados podem ser gerados a partir de algum modelo probabilístico (Monte Carlo)
3. A hipótese nula de interesse afirma que todos os possíveis conjuntos de dados possuem a mesma probabilidade de ocorrência
4. Todo conjunto de dados possível pode ser resumido por alguma estatística de teste S

- Um teste de hipótese consiste em calcular uma medida (**estatística de teste**) e verificar o quanto ela é provável dentro do cenário de ocorrências puramente ao acaso, supondo que a hipótese nula é verdadeira.
    - Se a conclusão for de que é um valor dos mais prováveis, então não existem evidências para rejeitar a hipótese nula.
    - Se for dos resultados mais extremos, então existem evidências de que a hipótese nula não é verdadeira

Partindo dessa ideia, um teste de hipótese de Monte Carlo pode ser formulado da seguinte maneira:

1. Calcule a estatística de teste para a amostra
2. Supondo que a hipótese nula é verdadeira, simule valores com as mesmas características do modelo probabilístico sendo testado (sob H_0)
3. Repita o passo (2) um número N grande de vezes, e calcule a estatística de teste em todos os passos
4. Com a distribuição dos N valores da estatística de teste (supondo H_0) verdadeira, **calcule a proporção de valores iguais ou mais extremos** que a estatística de teste da amostra

- O último passo pode ser interpretado como o p-valor de Monte Carlo, ou p-valor empírico.
    - Proporções altas mostram que a estatística de teste amostral não é tão extrema, o que favorece H_0
    - Proporções baixas indicam que a estatística de teste é extrema (pouca probabilidade de ocorrer simplesmente ao acaso), por isso a hipótese nula deve ser pouco plausível

2 Nível descritivo

- Em geral, α é pré-fixado para construir a regra de decisão.
- Uma alternativa é deixar em aberto a escolha de α para quem for tomar a decisão.
- A ideia é calcular, **supondo que a hipótese nula é verdadeira**, a probabilidade de se obter estimativas **iguais ou mais extremas do que aquela fornecida pela amostra**.
- Essa probabilidade é chamada de **nível descritivo**, denotada por α^* (ou p-valor).
- Valores pequenos de α^* evidenciam que a hipótese nula é falsa.
- O conceito de "pequeno" fica para quem decide qual α deve usar para comparar com α^*.

Para **testes unilaterais**, sendo $H_0 : \mu = \mu_0$, a expressão de α^* depende da hipótese alternativa:

$$\alpha^* = P(\bar{X} < \bar{x}_{obs} \,|\, H_0 \text{ verdadeira}) \quad \text{para } H_a : \mu < \mu_0$$
$$\alpha^* = P(\bar{X} > \bar{x}_{obs} \,|\, H_0 \text{ verdadeira}) \quad \text{para } H_a : \mu > \mu_0$$

Para **testes bilaterais**, temos $H_0 : \mu = \mu_0$ contra

$H_0 : \mu \neq \mu_0$, a definição do nível descritivo depende da relação entre $\bar{x}_{obs}$ e μ_0:

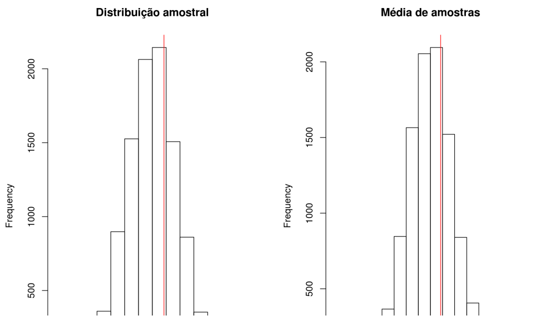
$$\alpha^* = 2 \times P(\bar{X} < \bar{x}_{obs} \,|\, H_0 \text{ verdadeira}) \quad \text{se } \bar{x}_{obs} < \mu_0$$
$$\alpha^* = 2 \times P(\bar{X} > \bar{x}_{obs} \,|\, H_0 \text{ verdadeira}) \quad \text{se } \bar{x}_{obs} > \mu_0$$

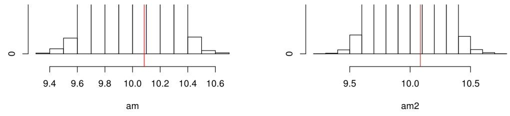
Como estamos calculando a probabilidade para apenas uma das caudas, então esse valor é multiplicado por 2.

3 Teste de hipótese para a média

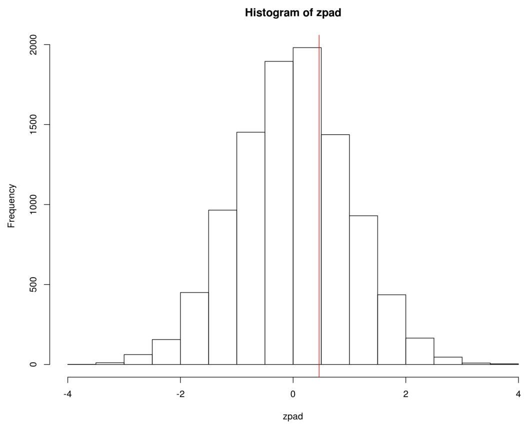
3.1 Variância conhecida

```
## Simula X ~ N(10, 1)
set.seed(2019-10-29)
n <- 30
x <- rnorm(n, 10, 1)
(med <- mean(x))
# [1] 10.08421
(s2 <- var(x))
# [1] 1.158774

## Teste para
## H0: mu = 10
## Ha: mu != 10
mu0 <- 10
## Estatistica de teste
(zcalc <- (med - mu0)/sqrt(1/n))
# [1] 0.4612242
## Valor critico
(zcrit <- qnorm(.025, mean = 0, sd = 1))
# [1] -1.959964
## p-valor
2 * pnorm(zcalc, mean = 0, sd = 1, lowe
  r.tail = FALSE)
# [1] 0.6446378

## Usando simulacao de Monte Carlo
N <- 10000
## Siulando direto da distribuicao amost
  ral, sob H0
am <- rnorm(N, mean = mu0, sd = 1/sqrt
  (n))
## Simula da populacao e calcula as medi
  as, sob H0
am2 <- replicate(N, mean(rnorm(n, mu0,
  1)))
## Visualização
par(mfrow = c(1, 2))
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med, col = 2)
hist(am2, main = "Média de amostras")
abline(v = med, col = 2)
```






```
par(mfrow = c(1, 1))
## p-valor empírico
2 * sum(am >= med)/N
# [1] 0.6336
2 * sum(am2 >= med)/N
# [1] 0.646

## Padroniza a distribuição para N(0,1)
zpad <- (am - mu0)/sqrt(1/n)
hist(zpad)
abline(v = zcalc, col = 2)
```

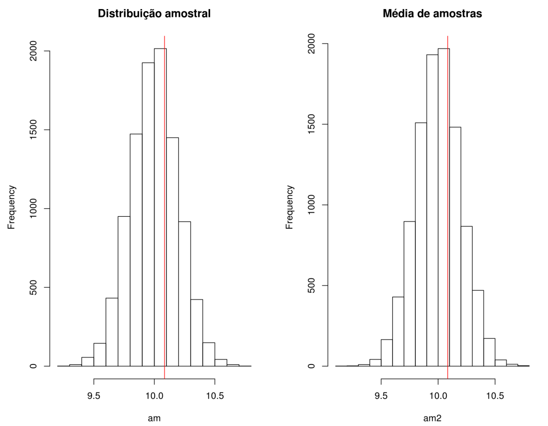



```
## p-valor empírico
2 * sum(zpad >= zcalc)/N
# [1] 0.6336
```

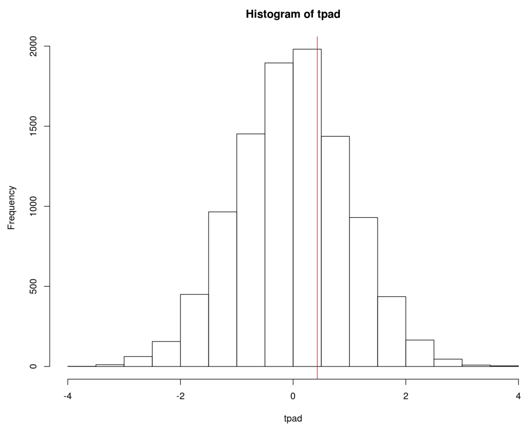
3.2 Variância desconhecida

```
## Simula de N(10, 1), mas agora asumindo que a variância é desconhecida
set.seed(2019-10-29)
n <- 30
x <- rnorm(n, 10, 1)
(med <- mean(x))
# [1] 10.08421
(s2 <- var(x))
# [1] 1.158774

## Teste para
## H0: mu = 10
## Ha: mu != 10
mu0 <- 10
t.test(x = x, alternative = "two.sided", mu = mu0)
#
#   One Sample t-test
#
# data:  x
# t = 0.42846, df = 29, p-value = 0.6715
# alternative hypothesis: true mean is not equal to 10
# 95 percent confidence interval:
#   9.68225 10.48617
# sample estimates:
# mean of x
#  10.08421
## Estatística de teste
(tcalc <- (med - mu0)/sqrt(s2/n))
# [1] 0.4284624
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n - 1))
# [1] -2.04523
## p-valor
2 * pt(tcalc, df = n - 1, lower.tail = FALSE)
# [1] 0.6714802

## Teste por simulação de Monte Carlo
N <- 10000
## Simula direto da distribuição amostral da média
am <- rnorm(N, mean = mu0, sd = sqrt(s2/n))
## Calcula média de amostras de tamanho n da população, com a variância
## estimada a partir dos dados
```

```
am2 <- replicate(N, mean(rnorm(n, mu0, s
  qrt(s2))))
## Visualização
par(mfrow = c(1, 2))
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med, col = 2)
hist(am2, main = "Média de amostras")
abline(v = med, col = 2)
```



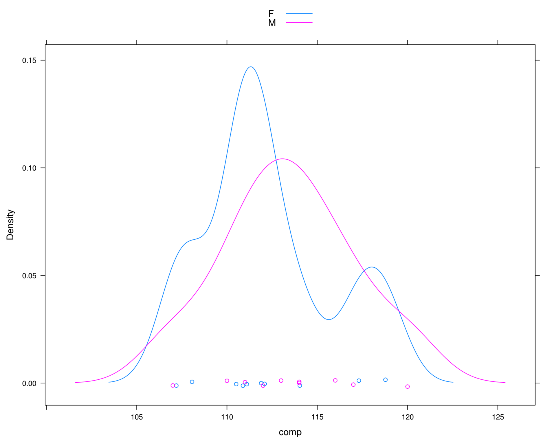

```
par(mfrow = c(1, 1))
## p-valor empírico
2 * sum(am >= med)/N
# [1] 0.6566
2 * sum(am2 >= med)/N
# [1] 0.6678

## Padroniza a distribuição para t(n -
  1)
tpad <- (am - mu0)/sqrt(s2/n)
hist(tpad)
abline(v = tcalc, col = 2)
```



```
## p-valor empírico
2 * sum(tpad >= tcalc)/N
# [1] 0.6566
```

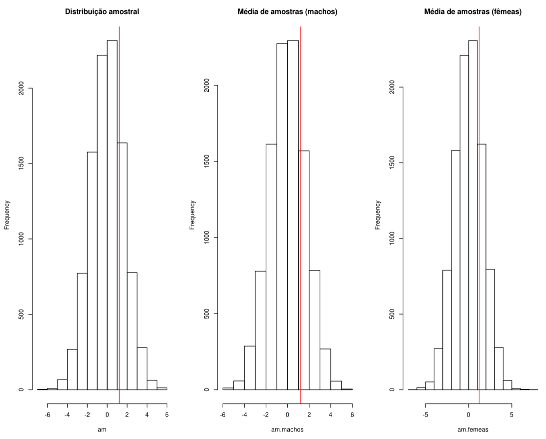
3.3 Comparação de duas médias (variâncias iguais)

```
## Exemplo adaptado de Manly (1997)
## Comparação do comprimento da mandíbula de chacais machos e fêmeas
set.seed(2)
machos <- c(120, 107, 110, 116, 114, 111, 113, 117, 114, 112)
## Simula diferença para as femeas
femeas <- rnorm(10, mean(machos) - 2, sd = sd(machos))
da <- data.frame(comp = c(machos, femeas),
                 sexo = c(rep("M", 10), rep("F", 10)))
densityplot(~comp, groups = sexo, data = da, auto.key = TRUE)
```

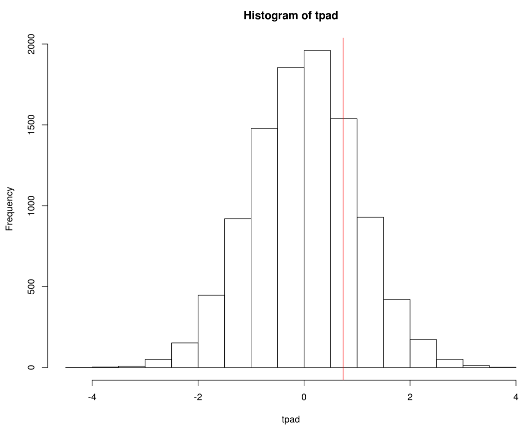


```
## Média por sexo
tapply(da$comp, da$sexo, mean)
#       F       M
# 112.185 113.400
## Diferença das médias
diff(tapply(da$comp, da$sexo, mean))
#        M
# 1.214975

## Média de cada sexo
(m1 <- mean(machos))
# [1] 113.4
(m2 <- mean(femeas))
# [1] 112.185
## Diferença entre as médias amostrais
(med.amostral <- m1 - m2)
# [1] 1.214975
## Calcula o desvio padrão ponderado
n1 <- length(machos)
v1 <- var(machos)
n2 <- length(femeas)
v2 <- var(femeas)
(s.pond <- sqrt(((n1 - 1) * v1 + (n2 -
  1) * v2)/(n1 + n2 - 2)))
# [1] 3.690024

## Teste de hipótese para
## H0: mu1 <= mu2
## Ha: mu1 > mu2
mu0 <- 0
t.test(x = machos, y = femeas, alternati
  ve = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 0.73625, df = 18, p-value = 0.2355
# alternative hypothesis: true differenc
  e in means is greater than 0
# 95 percent confidence interval:
#  -1.646627       Inf
# sample estimates:
# mean of x mean of y
#   113.400   112.185
## Estatística de teste
(tcalc <- (m1 - m2)/(s.pond * sqrt(1/n1
  + 1/n2)))
# [1] 0.7362465
```

```
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n1 + n2 - 2, low
  er.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tail =
  FALSE)
# [1] 0.2355338

## Teste por simulação de Monte Carlo
N <- 10000
## Simula direto da distribuição amostra
  l
am <- replicate(N, rnorm(1, mu0, s.pond
  * sqrt(1/n1 + 1/n2)))
## Para simular direto dos dados, partim
  os da hipótese nula de que as
## duas médias são iguais, e as variânci
  as são as mesmas. Nesse caso,
## podemos simular assumindo que a média
  é igual à média dos machos, e
## da mesma forma, podemos assumir que a
  média da população é igual a
## média das fêmeas.
## Usando media dos machos: obtém a dife
  rença das médias entre machos e
## fêmeas, assumindo que a média na popu
  lação é igual a média dos machos
am.machos <- replicate(
    N, diff(tapply(rnorm(20, m1, s.pon
  d), da$sexo, mean))
)
## Usando media das femeas: obtém a dife
  rença das médias entre machos e
## fêmeas, assumindo que a média na popu
  lação é igual a média dos fêmeas
am.femeas <- replicate(
    N, diff(tapply(rnorm(20, m2, s.pon
  d), da$sexo, mean))
)

## Visualização
par(mfrow = c(1, 3))
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med.amostral, col = 2)
hist(am.machos, main = "Média de amostra
  s (machos)")
abline(v = med.amostral, col = 2)
hist(am.femeas, main = "Média de amostra
  s (fêmeas)")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```



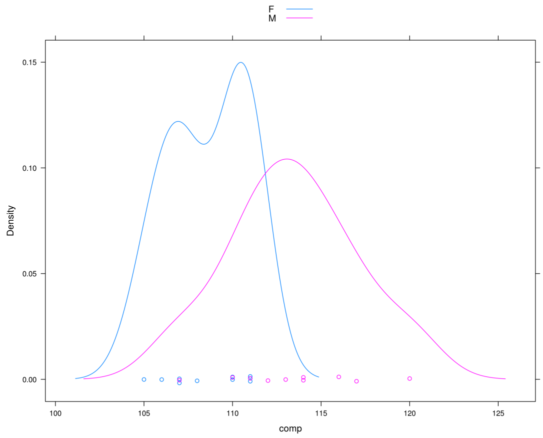

```
par(mfrow = c(1, 1))
## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 0.2342
sum(am.machos >= med.amostral)/N
# [1] 0.225
sum(am.femeas >= med.amostral)/N
# [1] 0.2361

## Padroniza a distribuição para t(n1 +
  n2 - 2)
tpad <- (am - mu0)/(s.pond * sqrt(1/n1 +
  1/n2))
hist(tpad)
abline(v = tcalc, col = 2)
```




```
## p-valor
sum(tpad >= tcalc)/N
# [1] 0.2342
```

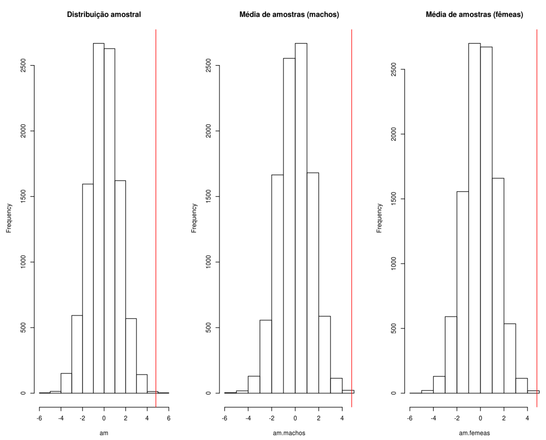
Quando o método pode não ser muito bom

```
## Exemplo original do Manly (1997)
machos <- c(120, 107, 110, 116, 114, 111, 113, 117, 114, 112)
femeas <- c(110, 111, 107, 108, 110, 105, 107, 106, 111, 111)
da <- data.frame(comp = c(machos, femeas),
                 sexo = c(rep("M", 10), rep("F", 10)))
densityplot(~comp, groups = sexo, data = da, auto.key = TRUE)
```

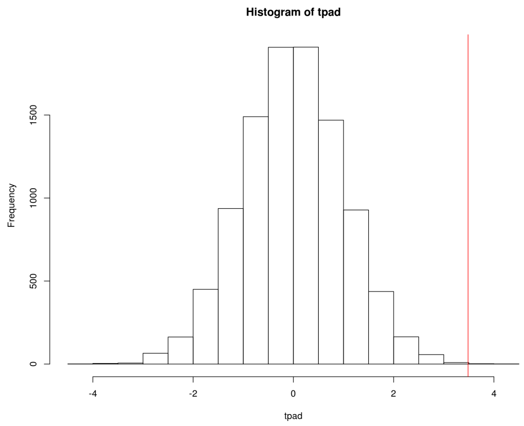


```
## Média por sexo
tapply(da$comp, da$sexo, mean)
#     F     M
# 108.6 113.4
## Diferença das médias
diff(tapply(da$comp, da$sexo, mean))
#   M
# 4.8

## Média de cada sexo
(m1 <- mean(machos))
# [1] 113.4
(m2 <- mean(femeas))
# [1] 108.6
## Diferença entre as médias amostrais
(med.amostral <- m1 - m2)
# [1] 4.8
## Calcula o desvio padrão ponderado
n1 <- length(machos)
v1 <- var(machos)
n2 <- length(femeas)
v2 <- var(femeas)
(s.pond <- sqrt(((n1 - 1) * v1 + (n2 -
  1) * v2)/(n1 + n2 - 2)))
# [1] 3.080404

## Teste de hipótese para
## H0: mu1 <= mu2
## Ha: mu1 > mu2
mu0 <- 0
t.test(x = machos, y = femeas, alternati
  ve = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 3.4843, df = 18, p-value = 0.00132
  4
# alternative hypothesis: true differenc
  e in means is greater than 0
# 95 percent confidence interval:
#  2.411156      Inf
# sample estimates:
# mean of x mean of y
#     113.4     108.6
## Estatística de teste
(tcalc <- (m1 - m2)/(s.pond * sqrt(1/n1
  + 1/n2)))
```

```
# [1] 3.484324
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n1 + n2 - 2, low
  er.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tail =
  FALSE)
# [1] 0.001323634

## Teste por simulação de Monte Carlo
N <- 10000
## Simula direto da distribuição amostra
  l
am <- replicate(N, rnorm(1, mu0, s.pond
  * sqrt(1/n1 + 1/n2)))
## Usando media dos machos
am.machos <- replicate(
    N, diff(tapply(rnorm(20, m1, s.pon
  d), da$sexo, mean))
)
## Usando media das femeas
am.femeas <- replicate(
    N, diff(tapply(rnorm(20, m2, s.pon
  d), da$sexo, mean))
)

## Visualização
par(mfrow = c(1, 3))
hist(am, main = "Distribuição amostral")
abline(v = med.amostral, col = 2)
hist(am.machos, main = "Média de amostra
  s (machos)")
abline(v = med.amostral, col = 2)
hist(am.femeas, main = "Média de amostra
  s (fêmeas)")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```



```
par(mfrow = c(1, 1))

## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 3e-04
sum(am.machos >= med.amostral)/N
# [1] 1e-04
sum(am.femeas >= med.amostral)/N
# [1] 0
## Isso mostra que a simulação pode não
  conseguir representar casos
## extremos, embora a conclusão não seri
  a alterada.

## Padroniza a distribuição para t(n1 +
  n2 - 2)
tpad <- (am - mu0)/(s.pond * sqrt(1/n1 +
  1/n2))
hist(tpad)
abline(v = tcalc, col = 2)
```



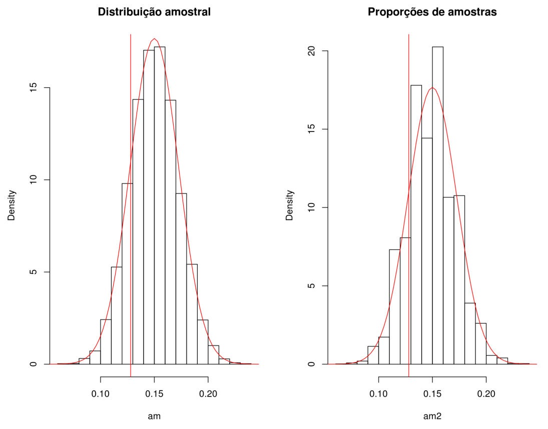

```
## p-valor
sum(tpad >= tcalc)/N
# [1] 3e-04
```

4 Teste de hipótese para a proporção

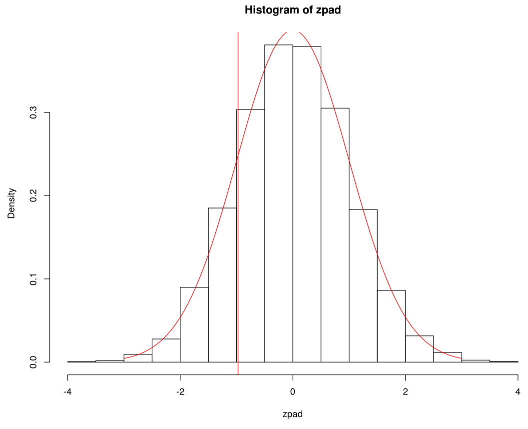
```
## Dados: y = 32 sucessos em n = 250 ten
  tativas
n <- 250
y <- 32

## Proporção amostral
(theta.hat <- y/n)
# [1] 0.128

## Teste de hipótese
## H0: theta = 0.15
## Ha: theta < 0.15
theta0 <- 0.15
## A aproximação pela normal funciona be
  m quando
## np >= 5 e n(1-p) >=5
n * theta.hat
# [1] 32
n * (1 - theta.hat)
# [1] 218
## Estatistica de teste (aproximação pel
  a normal)
(zcalc <- (theta.hat - theta0)/sqrt((the
  ta0 * (1 - theta0))/n))
# [1] -0.9741764
## Com alpha = 0.05, o valor cítico é
(zcrit <- qnorm(.05))
# [1] -1.644854
## p-valor
pnorm(zcalc)
# [1] 0.1649845
pbinom(y, size = n, prob = theta0) # tes
  te exato
# [1] 0.1890489
binom.test(x = 32, n = 250, p = 0.15, al
  ternative = "less")
#
#   Exact binomial test
#
# data:  32 and 250
# number of successes = 32, number of tr
  ials = 250, p-value = 0.189
# alternative hypothesis: true probabili
  ty of success is less than 0.15
# 95 percent confidence interval:
#  0.0000000 0.1680901
# sample estimates:
# probability of success
#                  0.128
```

```
## Aproximação (com correção de continuidade)
prop.test(x = 32, n = 250, p = 0.15, alternative = "less")
#
#   1-sample proportions test with continuity correction
#
# data:  32 out of 250, null probability 0.15
# X-squared = 0.78431, df = 1, p-value = 0.1879
# alternative hypothesis: true p is less than 0.15
# 95 percent confidence interval:
#  0.0000000 0.1689838
# sample estimates:
#     p
# 0.128

## Teste por simulação de Monte Carlo
N <- 10000
## Simula direto da distribuição amostral da proporção (aproximada pela
## normal)
am <- rnorm(N, mean = theta0, sd = sqrt((theta0 * (1 - theta0))/n))
## Simula direto da população, sob theta0
am2 <- rbinom(N, size = n, prob = theta0)
## Calcula a proporção amostral
am2 <- am2/n

## Visualização
par(mfrow = c(1, 2))
hist(am, main = "Distribuição amostral", freq = FALSE)
## Aproximação pela normal
curve(dnorm(x, theta0, sqrt((theta0 * (1 - theta0))/n)),
      from = 0, to = .3, add = TRUE, col = 2)
abline(v = theta.hat, col = 2)
hist(am2, main = "Proporções de amostras", freq = FALSE)
## Aproximação pela normal
curve(dnorm(x, theta0, sqrt((theta0 * (1 - theta0))/n)),
      from = 0, to = .3, add = TRUE, col = 2)
```

```
abline(v = theta.hat, col = 2)
```




```
par(mfrow = c(1, 1))

## p-valor empírico
sum(am <= theta.hat)/N
# [1] 0.1641
sum(am2 <= theta.hat)/N
# [1] 0.1855

## Padroniza a distribuição para N(0,1)
zpad <- (am - theta0)/sqrt((theta0 * (1
  - theta0))/n)
hist(zpad, freq = FALSE)
curve(dnorm, -3, 3, add = TRUE, col = 2)
abline(v = zcalc, col = 2)
```




```
## p-valor empírico
sum(zpad <= zcalc)/N
# [1] 0.1641
```