Métodos de reamostragem

Bootstrap (não paramétrico)

Fernando P. Mayer

1 Introdução

- Os métodos de Bootstrap são uma classe de métodos de Monte Carlo não paramétricos, que estimam a distribuição de uma população por reamostragem
- Métodos de reamostragem tratam a amostra observada como uma população finita
  - A distribuição da população finita representada pela amostra observada, pode ser pode ser entendida como uma pseudo-população, com características similares às da população original
- Amostra aleatórias são geradas (reamostragem) a partir da amostra original, para estimar características populacionais e fazer inferência sobre a população amostrada
  - Através da reamostragem, a distribuição amostral de uma estatística pode ser estimada, e as propriedades de um estimador podem então ser calculadas através do erro padrão e cálculos de viés
- Métodos de bootstrap são utilizados quando a distribuição da população alvo não é especificada (ou conhecida), e a amsotra é a única informação disponível

Justificativas

- Métodos computacionalmente intensivos para inferência estatística são usados quando as abordagens tradicionais não são adequadas.

- Resultados assintóticos em pequenas amostras.
- Violação de pressupostos.
- Não existência de mecanísmos de inferência específicos.
- Tais métodos se baseiam em reamostragem e/ou simulação.
- Podem ser aplicados em muitos contextos.

Bootstrap: visão geral

- Boostrap foi apresentado de forma sistematizada por Efron (1979).
- O termo bootstrap foi usado por Efron (1979) com o mesmo espírito que Tukey (1958) usou Jackknife (canivete suiço)
- O método já havia sido usado em circustâncias anteriores.
- Bootstrap é um **método de reamostragem** que pode usado para avaliar propriedades de estimadores e fazer inferência.
- Bootstrap é um método de Monte Carlo pois usa a **distribuição empírica** dos dados como se fosse a verdadeira distribuição.
- Principais aplicações de bootstrap:
  - Avaliar propriedades da distribuição de estimadores para seleção, ajuste de vício, etc.
  - Substituir ou aprimorar a adequação de abordagens assintóticas em amostras pequenas: intervalos de confiança, testes de hipótese.

Funcionamento

- Considere uma amostra de observações iid x_i, $i = 1, \dots, n$
- Usando a distribuição empírica, cada valor x_i tem igual probabilidade $1/n$ de ocorrer.
- Considere que θ seja um parâmetro de interesse que dispõe de um estimador $\hat{\theta} = f(X_1, \dots, X_n)$.
- Uma **amostra bootstrap** é um conjunto de valores extraídos ao acaso **com reposição** da amostra original.
- A estimativa de θ na b-ésima reamostra

bootstrap é $\hat{\theta}^b$.

Algoritmo

Para cada estimativa de bootstrap indexada $b = 1, \ldots, B$:

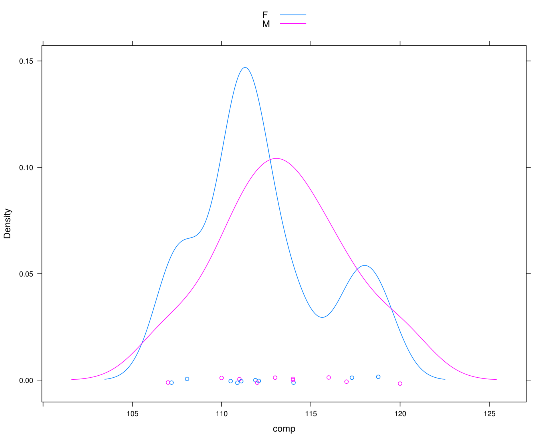
1. Gere uma amostra $x^\star = (x_1^\star, \ldots, x_n^\star)$, através de amostragem **com reposição** de amostra observada $x_1, \ldots, x_n$
2. Calcule a b-ésima estimativa $\hat{\theta}^{(b)}$ da b-ésima amostra de bootstrap

A estimativa pontual bootstrap é o valor médio

$$\overline{\hat{\theta}^\star} = \frac{1}{B} \sum_{b=1}^{B} \hat{\theta}^{(b)}$$

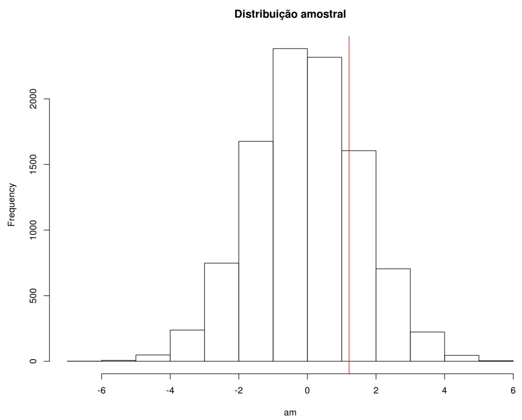
Exemplo da aula anterior

```
## Exemplo adaptado de Manly (1997)
## Comparação do comprimento da mandí
  bula 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, fem
  eas),
                 sexo = c(rep("M", 1
  0), rep("F", 10)))
densityplot(~comp, groups = sexo, dat
  a = da, auto.key = TRUE)
```



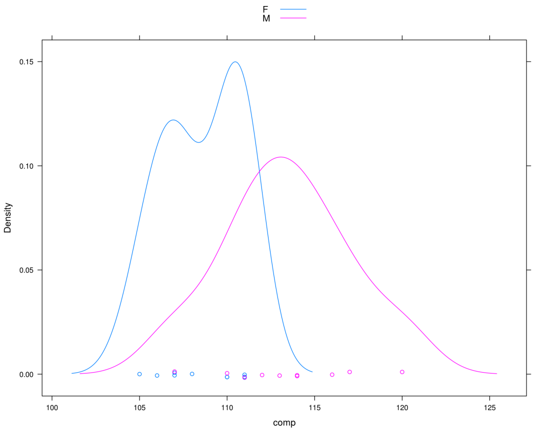
```
## Média por sexo
tapply(da$comp, da$sexo, mean)
#       F       M
# 112.185 113.400
## Diferença das médias
diff(tapply(da$comp, da$sexo, mean))
#        M
# 1.214975

## Média de cada sexo
(m1 <- mean(machos))
# [1] 113.4
(m2 <- mean(femeas))
# [1] 112.185
## Diferença entre as médias amostrai
  s
(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, altern
  ative = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 0.73625, df = 18, p-value = 0.2
  355
# alternative hypothesis: true differ
  ence 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,
  lower.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tai
  l = FALSE)
# [1] 0.2355338


## Teste por simulação via Bootstrap
N <- 10000
## Se a hipótese nula é verdadeira, e
  ntão o comprimento das mandíbulas
## de machos e fêmeas são proveniente
  s da mesma poplação, e portanto
## podem ser pensados como uma única
  amostra.
amostra <- c(machos, femeas)
## Amostra COM REPOSIÇÃO os 20 valore
  s, e atribui aleatoriamente 10 para
## cada grupo (macho ou fêmea). Se fo
  rem de fato da mesma população,
## então as diferenças entre as média
  s devem ser próximas de zero.
am <- replicate(
    N, diff(tapply(sample(amostra, re
  place = TRUE), da$sexo, mean))
)
## Visualização
hist(am, main = "Distribuição amostra
  l")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```



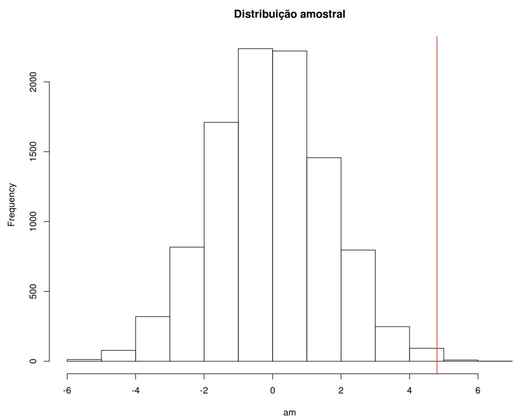
```
## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 0.2174
```

```
## Exemplo adaptado de Manly (1997)
## Comparação do comprimento da mandíbula de chacais machos e fêmeas
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 amostrai
  s
(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, altern
  ative = "greater",
       var.equal = TRUE, mu = mu0)
#
#   Two Sample t-test
#
# data:  machos and femeas
# t = 3.4843, df = 18, p-value = 0.00
  1324
# alternative hypothesis: true differ
  ence in means is greater than 0
# 95 percent confidence interval:
#  2.411156      Inf
# sample estimates:
# mean of x mean of y
```

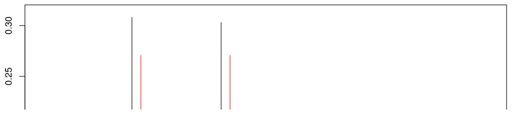
```
#     113.4     108.6
## Estatística de teste
(tcalc <- (m1 - m2)/(s.pond * sqrt(1/
  n1 + 1/n2)))
# [1] 3.484324
## Valor crítico
(tcrit <- qt(.025, df = n1 + n2 - 2,
  lower.tail = FALSE))
# [1] 2.100922
## p-valor
pt(tcalc, df = n1 + n2 - 2, lower.tai
  l = FALSE)
# [1] 0.001323634


## Teste por simulação via Bootstrap
N <- 10000
## Se a hipótese nula é verdadeira, e
  ntão o comprimento das mandíbulas
## de machos e fêmeas são proveniente
  s da mesma poplação, e portanto
## podem ser pensados como uma única
  amostra.
amostra <- c(machos, femeas)
## Amostra COM REPOSIÇÃO os 20 valore
  s, e atribui aleatoriamente 10 para
## cada grupo (macho ou fêmea). Se fo
  rem de fato da mesma população,
## então as diferenças entre as média
  s devem ser próximas de zero.
am <- replicate(
    N, diff(tapply(sample(amostra, re
  place = TRUE), da$sexo, mean))
)
## Visualização
hist(am, main = "Distribuição amostra
  l")
abline(v = med.amostral, col = 2)
```

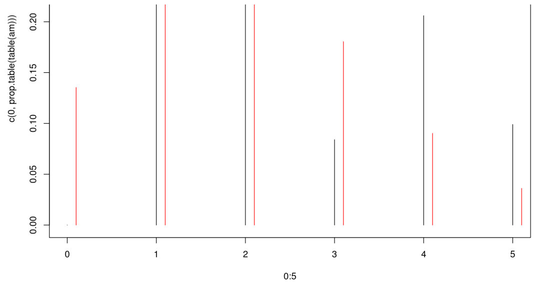


```
## p-valor empírico
sum(am >= med.amostral)/N
# [1] 0.0025
```

Uma nota de precaução

```
## Amostra de uma Poisson(2)
x <- c(2, 2, 1, 1, 5, 4, 4, 3, 1, 2)
## Distribuição empírica
prop.table(table(x))
# x
#   1   2   3   4   5
# 0.3 0.3 0.1 0.2 0.1
## Distribuição empírica acumulada
cumsum(prop.table(table(x)))
#   1   2   3   4   5
# 0.3 0.6 0.7 0.9 1.0

## Amostra via bootstrap
## Um passo
am <- sample(x, replace = TRUE)
prop.table(table(am))
# am
#   1   2   4   5
# 0.1 0.3 0.5 0.1
cumsum(prop.table(table(am)))
#   1   2   4   5
# 0.1 0.4 0.9 1.0

## B passos
B <- 1000
am <- sample(x, size = B, replace = T
  RUE)
prop.table(table(am))
# am
#     1     2     3     4     5
# 0.308 0.303 0.084 0.206 0.099
cumsum(prop.table(table(am)))
#     1     2     3     4     5
# 0.308 0.611 0.695 0.901 1.000

## Qual o problema então?
## Distribuição empírica
plot(0:5, c(0, prop.table(table(a
  m))), type = "h")
## Distribuição teórica
points((0:5) + .1, dpois(0:5, 2), typ
  e = "h", col = 2)
```



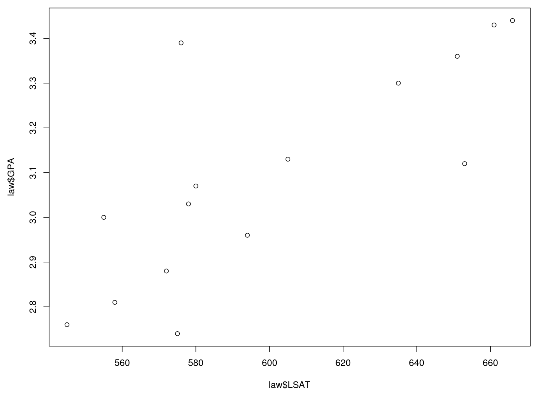


2 Estimativa de erro padrão via bootstrap

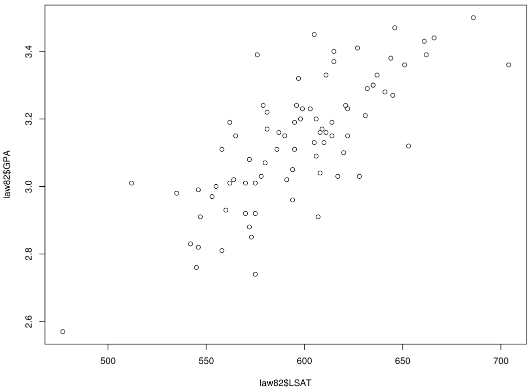
A estimativa do erro padrão de um estimador $\hat{\theta}$ via bootstrap é o desvio padrão amostral das estimativas de bootstrap $\hat{\theta}^{(1)}, \ldots, \hat{\theta}^{(B)}$

$$se(\hat{\theta}^{\star}) = \sqrt{\frac{1}{B-1}\sum_{b=1}^{B}(\hat{\theta}^{(b)} - \overline{\hat{\theta}^{\star}})}$$

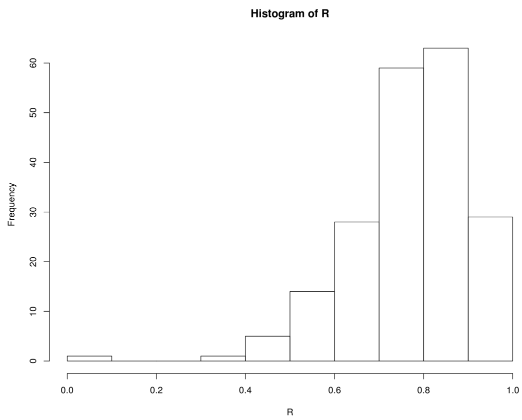
```
## Estimativa de erro padrão via bootstrap
library(bootstrap) # para carregar os dados
## Uma amostra dos dados originais
str(law)
# 'data.frame': 15 obs. of  2 variables:
#  $ LSAT: num  576 635 558 578 666 580 555 661 651 605 ...
#  $ GPA : num  3.39 3.3 2.81 3.03 3.44 3.07 3 3.43 3.36 3.13 ...
plot(law$LSAT, law$GPA)
```



```
cor(law$LSAT, law$GPA)
# [1] 0.7763745
## Dados originais
str(law82)
# 'data.frame': 82 obs. of  3 variabl
  es:
#  $ School: num  1 2 3 4 5 6 7 8 9 1
  0 ...
#  $ LSAT  : num  622 542 579 653 606
  576 620 615 553 607 ...
#  $ GPA   : num  3.23 2.83 3.24 3.12
  3.09 3.39 3.1 3.4 2.97 2.91 ...
plot(law82$LSAT, law82$GPA)
```

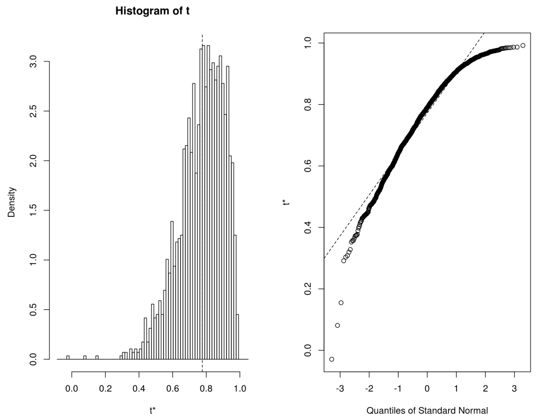


```
cor(law82$LSAT, law82$GPA)
# [1] 0.7599979

## Definições
B <- 200
n <- nrow(law)
R <- numeric(B)

## Bootstrap para a estimativa do erro padrão do R (correlação amostral)
for (b in 1:B) {
    i <- sample(1:n, size = n, replace = TRUE)
    LSAT <- law$LSAT[i]
    GPA <- law$GPA[i]
    R[b] <- cor(LSAT, GPA)
}

## Resultado
mean(R)
# [1] 0.7722927
(se.R <- sd(R))
# [1] 0.132016
hist(R)
```



```
## Usando a função boot::boot()

## Define a função que calcula a estatística de interesse
r <- function(x, i) {
    cor(x[i, 1], x[i, 2])
}

## Roda o processo
library(boot)
#
# Attaching package: 'boot'
# The following object is masked from 'package:lattice':
#
#     melanoma
obj <- boot(data = law, statistic = r, R = 2000)
obj
#
# ORDINARY NONPARAMETRIC BOOTSTRAP
#
#
# Call:
# boot(data = law, statistic = r, R = 2000)
#
#
# Bootstrap Statistics :
#      original       bias    std. error
# t1* 0.7763745 -0.004350115   0.1331296
str(obj)
# List of 11
#  $ t0       : num 0.776
#  $ t        : num [1:2000, 1] 0.926 0.698 0.642 0.586 0.8 ...
#  $ R        : num 2000
#  $ data     :'data.frame':    15 obs. of  2 variables:
#   ..$ LSAT: num [1:15] 576 635 558 578 666 580 555 661 651 605 ...
#   ..$ GPA : num [1:15] 3.39 3.3 2.81 3.03 3.44 3.07 3 3.43 3.36 3.13 ...
```

```
#  $ seed     : int [1:626] 10403 432
  1781087344 386800285 1300146352 -104
  3896737 -961725389 1610237524 148728
  0467 -2089005861 ...
#  $ statistic:function (x, i)
#   ..- attr(*, "srcref")= 'srcref' i
  nt [1:8] 4 6 6 1 6 1 4 6
#   .. ..- attr(*, "srcfile")=Classes
  'srcfilecopy', 'srcfile' <environmen
  t: 0x9a44440>
#  $ sim      : chr "ordinary"
#  $ call     : language boot(data =
  law, statistic = r, R = 2000)
#  $ stype    : chr "i"
#  $ strata   : num [1:15] 1 1 1 1 1
  1 1 1 1 1 ...
#  $ weights  : num [1:15] 0.0667 0.0
  667 0.0667 0.0667 0.0667 ...
#  - attr(*, "class")= chr "boot"
#  - attr(*, "boot_type")= chr "boot"
plot(obj)
```




```
## Acessa os valores calculados
y <- as.vector(obj$t)
mean(y)
# [1] 0.7720244
sd(y)
# [1] 0.1331296
```

```
## Usando a função bootstrap::bootstr
  ap()

## Define a função que calcula a esta
  tística
r <- function(x, xdata) {
    cor(xdata[x, 1], xdata[x, 2])
}

## Procedimento
n <- nrow(law)
obj2 <- bootstrap(x = 1:n, nboot = 20
  00, theta = r, law)
mean(obj2$thetastar)
# [1] 0.7729704
sd(obj2$thetastar)
# [1] 0.1341259
```

3 Estimativa do viés via bootstrap

Se $\hat{\theta}$ é um estimador não viesado para θ, então $\mathrm{E}[\hat{\theta}] = \theta$. O viés de um estimador $\hat{\theta}$ de θ é

$$\mathrm{B}[\hat{\theta}] = \mathrm{E}[\hat{\theta} - \theta] = \mathrm{E}[\hat{\theta}] - \theta$$

- A estimativa de viés via bootstrap usa as estimativas de bootstrap de $\hat{\theta}$ para construir a distribuição amostral de $\hat{\theta}$.
- Para a população finita $x = (x_1, \ldots, x_n)$, o parâmetro é $\hat{\theta}(x)$, e existem B estimativas $\hat{\theta}^{(b)}$ independentes e identicamente distribuídas.
- A média amostral de $\{\hat{\theta}^{(b)}\}$ é não viesada para o valor esperado $\mathrm{E}[\hat{\theta}^\star]$, então a estimativa de viés via bootsrap é

$$\widehat{\mathrm{B}}[\hat{\theta}] = \overline{\hat{\theta}^\star} - \hat{\theta}$$

onde $\hat{\theta} = \hat{\theta}(x)$ é a estimativa calculada da amostra original.

- Valores positivos de viés indicam que, em média, tende a sobrestimar θ.

```
## Estimativa do viés via bootstrap

## Estatística amostral
(theta.hat <- cor(law$LSAT, law$GPA))
# [1] 0.7763745

## Definições
B <- 2000
n <- nrow(law)
theta.b <- numeric(B)

for (b in 1:B) {
    i <- sample(1:n, size = n, replac
  e = TRUE)
    LSAT <- law$LSAT[i]
    GPA <- law$GPA[i]
    theta.b[b] <- cor(LSAT, GPA)
}

## Viés
mean(theta.b) - theta.hat
# [1] -0.003264248
```

4 Intervalos de confiança via Bootstrap

Existem diversas abordagens para o cálculo de intervalos de confiança via bootstrap. Os principais serão descritos abaixo.

4.1 Intervalo normal padrão

- É o método mais simples.
- Suponha que conhecemos $\hat{\theta}$ e seu erro padrão $se(\hat{\theta})$
- Se $\hat{\theta}$ é uma média, e o tamanho da amostra é grande, então o Teorema do Limite Central

implica que

$$Z = \frac{\hat{\theta} - \mathrm{E}[\hat{\theta}]}{se(\hat{\theta})}$$

possui distribuição aproximadamente normal padrão.

- Portanto, se $\hat{\theta}$ é um estimador não viesado para θ, então um intervalo $100(1-\alpha)\%$ para θ é

$$\hat{\theta} \pm z_{\alpha/2} se(\hat{\theta})$$

- Esse intervalo é fácil de calcular, mas fizemos diversas suposições:
  - A distribuição de $\hat{\theta}$ é normal
    - OU $\hat{\theta}$ é uma média e o tamanho da amostra é grande
  - Também assumimos que $\hat{\theta}$ é não viesado para θ
  - Assumimos que $se(\hat{\theta})$ é um parâmetro conhecido, mas no bootstrap $se(\hat{\theta})$ é estimado (é o desvio padrão das amostras de bootstrap)

4.2 Intervalo básico de boostrap

- O intervalo básico de bootstrap transforma a distribuição das estimativas de boostrap, através da subtração da estatística observada
- Os quantis da amostra transformada $\hat{\theta}^\star - \hat{\theta}$ são utilizados para a determinação dos limites de confiança
- O intervalo básico de bootstrap $100(1-\alpha)\%$ de confiança é

$$(2\hat{\theta} - \hat{\theta}^\star_{1-\alpha/2}, \quad 2\hat{\theta} - \hat{\theta}^\star_{\alpha/2})$$

onde $\hat{\theta}^\star_\alpha$ denota o α-quantil das estimativas de bootstrap $\hat{\theta}^\star$.

4.3 Intervalo percentil de

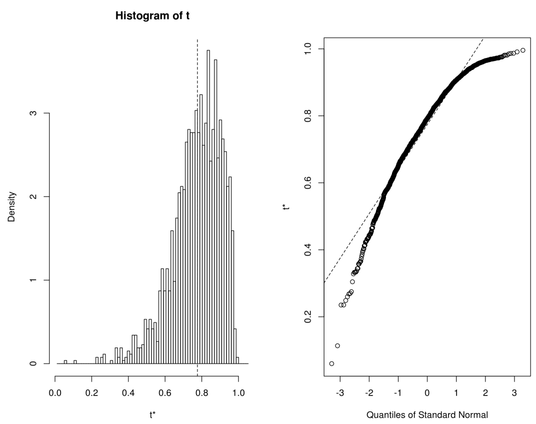
bootstrap

- O intervalo percentil de bootstrap usa a distribuição empírica das estimativas de bootstrap como distribuição de referência
- Os quantis da distribuição empírica são estimadores dos quantis da distribuição amostral de $\hat{\theta}$
  - Estas quantidades (aleatórias) devem devem ser mais próximas das verdadeiras quando esta distribuição amostral é normal
- Suponha que $\hat{\theta}^{(1)}, \ldots, \hat{\theta}^{B}$ são as estimativas de bootstrap de $\hat{\theta}$
- A partir da distribuição empírica das estimativas, determine os quantis $\alpha/2$ e $1-\alpha/2$ de $\hat{\theta}$
- Portanto o intervalo percentil de bootstrap $100(1-\alpha)\%$ é

$$(\hat{\theta}_{\alpha/2}, \hat{\theta}_{1-\alpha/2})$$

- Pode-se mostrar que o intervalo percentil de bootstrap possui vantagens teóricas e maior taxa de cobertura, quando comparado aos intervalos normal e básico
- A função `boot::boot.ci()` calcula estes três tipos de intervalos

```
## Exemplo para correlação

## Define a função que calcula a esta
  tística de interesse
r <- function(x, i) {
    cor(x[i, 1], x[i, 2])
}

## Roda o processo
boot.obj <- boot(data = law, statisti
  c = r, R = 2000)
## Resumo
boot.obj
#
# ORDINARY NONPARAMETRIC BOOTSTRAP
#
#
# Call:
# boot(data = law, statistic = r, R =
  2000)
#
#
# Bootstrap Statistics :
#      original       bias    std. er
  ror
# t1* 0.7763745 -0.002348834   0.1330
  581
## Estatśitica amostral
boot.obj$t0
# [1] 0.7763745
## Distribuição das estimativas de bo
  otstrap
plot(boot.obj)
```



```
boot.ci(boot.obj, type = c("basic", "norm", "perc"))
# BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
# Based on 2000 bootstrap replicates
#
# CALL :
# boot.ci(boot.out = boot.obj, type = c("basic", "norm", "perc"))
#
# Intervals :
# Level      Normal              Basic              Percentile
# 95%   ( 0.5179,  1.0395 )   ( 0.5896,  1.1062 )   ( 0.4465,  0.9631 )
# Calculations and Intervals on Original Scale

## Calcule intervalos manualmente
## Define intervalo com alpha = 0.05
alpha <- c(.025, .975)

## Normal
(theta.hat <- boot.obj$t0)
# [1] 0.7763745
(se.theta <- sd(boot.obj$t))
# [1] 0.1330581
theta.hat + qnorm(alpha) * se.theta
# [1] 0.5155853 1.0371636
## Note que é diferente do resultado da função pois a função corrige
## pelo viés internamente
boot.ci(boot.obj, type = "norm")
# BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
# Based on 2000 bootstrap replicates
#
# CALL :
# boot.ci(boot.out = boot.obj, type = "norm")
#
# Intervals :
# Level      Normal
# 95%   ( 0.5179,  1.0395 )
# Calculations and Intervals on Original Scale
```

```
## Básico
2 * theta.hat - quantile(boot.obj$t,
  probs = rev(alpha), type = 6)
#     97.5%      2.5%
# 0.5896451 1.1062186
boot.ci(boot.obj, type = "basic")
# BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCU
  LATIONS
# Based on 2000 bootstrap replicates
#
# CALL :
# boot.ci(boot.out = boot.obj, type =
  "basic")
#
# Intervals :
# Level      Basic
# 95%   ( 0.5896,  1.1062 )
# Calculations and Intervals on Origi
  nal Scale

## Percentil
quantile(boot.obj$t, probs = alpha, t
  ype = 6)
#      2.5%     97.5%
# 0.4465304 0.9631039
boot.ci(boot.obj, type = "perc")
# BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCU
  LATIONS
# Based on 2000 bootstrap replicates
#
# CALL :
# boot.ci(boot.out = boot.obj, type =
  "perc")
#
# Intervals :
# Level     Percentile
# 95%   ( 0.4465,  0.9631 )
# Calculations and Intervals on Origi
  nal Scale
```

Observações:

1. A função `quantile()` possui 9 formas diferentes de calcular os quantis, por isso aqui foi escolhido `type = 6` para ficar mais próximo do que é usado internamente na função `boot::boot.ci()`
2. O intervalo normal fornecido pela função é

corrigido pelo viés (*bias corrected* ou intervalo BCa)

3. A grande diferença entre os limites dos intervalos normal e percentil é que a distribuição amostral da correlação não é normal (veja gráfico acima)
    - Quanto mais próxima a distribuição amostral de uma estatística for da normal, mais próximos serão o resultado destes dois intervalos
4. Note que o limite superior de alguns intervalos são maiores do que 1, o que para uma correlação não faz sentido.

4.4 Intervalo t de bootstrap

- No intervalo normal (acima), assumimos que

$$Z = \frac{\hat{\theta} - \mathrm{E}[\hat{\theta}]}{se(\hat{\theta})} \sim \mathrm{N}(0,1)$$

  Mas:
    - A distribuição normal para Z não é necessariamente correta, pois $se(\hat{\theta})$ é estimado (e não conhecido)
    - Alternativamente poderiamos usar uma distribuição t, mas a distribuição amostral de $\widehat{se}(\hat{\theta})$ é desconhecida
- O intervalo t de bootstrap **não** usa uma distribuição t de Student como referência
- No entanto, uma distribuição "tipo t" (estudentizada) é gerada por reamostragem

Suponha que $x = (x_1, \ldots, x_n)$ é uma amostra observada. O intervalo $100(1-\alpha)\% t$ de bootstrap é

$$(\hat{\theta} - t^\star_{1-\alpha/2}\widehat{se}(\hat{\theta}), \quad \hat{\theta} - t^\star_{\alpha/2}\widehat{se}(\hat{\theta}))$$

onde $\widehat{se}(\hat{\theta})$, $t^\star_{\alpha/2}$, e $t^\star_{1-\alpha/2}$ são calculados conforme o algoritmo abaixo.

1. Calcule a estatística observada $\hat{\theta}$.

2. Para cada amostra indexada $b = 1, \ldots, B$:
    a. Amostre com reposição de x para gerar a b-ésima amostra $x^{(b)} = (x_1^{(b)}, \ldots, x_n^{(b)})$
    b. Calcule $\hat{\theta}^{(b)}$ da b-ésima amostra $x^{(b)}$
    c. Calcule a estimativa de erro padrão $\widehat{se}(\hat{\theta}^{(b)})$ (NOTE que essa é uma estimativa separada para cada amostra de bootstrap $x^{(b)}$, e não x)
    d. Calcule a b-ésima estimativa da estatística t

$$t^{(b)} = \frac{\hat{\theta}^{(b)} - \hat{\theta}}{\widehat{se}(\hat{\theta}^{(b)})}$$

3. A amostra de estimativas $t^{(1)}, \ldots, t^{(B)}$ é a distribuição de referência para o intervalo t. Encontre os quantis amostrais $t^{\star}_{\alpha/2}$ e $t^{\star}_{1-\alpha/2}$ da amostra ordenada $t^{(b)}$
4. Calcule $\widehat{se}(\hat{\theta})$, ou seja, o desvio padrão amostral das estimativas $\hat{\theta}^{(b)}$
5. Calcule os limites de confiança

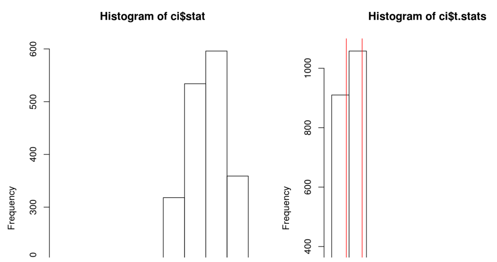
$$(\hat{\theta} - t^{\star}_{1-\alpha/2}\widehat{se}(\hat{\theta}), \quad \hat{\theta} - t^{\star}_{\alpha/2}\widehat{se}(\hat{\theta}))$$

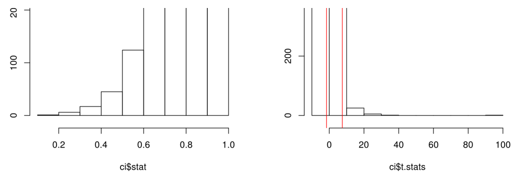
- Uma desvantagem deste método é que as estimativas $\widehat{se}(\hat{\theta}^{(b)})$ são também obtidas via bootstrap, ou seja, é um **bootstrap dentro de outro bootstrap**, o que torna o método muito mais caro computacionalmente.

```
## Define função geral para calcular o intervalo t de bootstrap
boot.t.ci <- function(x, B = 500, R = 100, level = .95, statistic){
    ## B = número de estimativas bootstrap (geral)
    ## R = número de estimativas bootstrap para o erro padrão
    x <- as.matrix(x);  n <- nrow(x)
    stat <- numeric(B); se <- numeric(B)
    ## Função local para calcular o erro padrão de cada amostra
    ## bootstrap x^{(b)} => bootstrap dentro de bootstrap
    boot.se <- function(x, R, f) {
        x <- as.matrix(x); m <- nrow(x)
        th <- replicate(R, expr = {
            i <- sample(1:m, size = m, replace = TRUE)
            ## f() é uma função = estatística calculada de interesse
            f(x[i, ])
        })
        return(sd(th))
    }
    ## Bootstrap geral
    for (b in 1:B) {
        j <- sample(1:n, size = n, replace = TRUE)
        y <- x[j, ]
        ## Calcula a estatística de interesse
        stat[b] <- statistic(y)
        ## Calcula o erro padrão baseado na amostra x^{(b)}. Aqui é
        ## feito um bootstrap dentro do outro
        se[b] <- boot.se(y, R = R, f = statistic)
    }
    ## Estatística amostral
    stat0 <- statistic(x)
    ## Estatística "estudentizada"
    t.stats <- (stat - stat0)/se
    ## Erro padrão das estimativas de bootstrap
    se0 <- sd(stat)
```

```
    ## Define alpha com base no nível de confiança
    alpha <- 1 - level
    ## Determina os quantis da distribuição da estatística
    ## "estudentizada"
    Qt <- quantile(t.stats, c(alpha/2, 1 - alpha/2), type = 1)
    ## Calcule limites do intervalo (inverte os nomes)
    CI <- rev(stat0 - Qt * se0)
    names(CI) <- rev(names(CI))
    return(list(CI = CI, stat = stat,
                t.stats = t.stats, Qt = Qt))
}
```

```
## Aplica a função
ci <- boot.t.ci(law, statistic = r, B = 2000, R = 200)

## Resultados
ci$CI
#       2.5%      97.5%
# -0.2041483  0.9812997
ci$Qt
#      2.5%     97.5%
# -1.569855  7.511420
length(ci$stat)
# [1] 2000
length(ci$t.stats)
# [1] 2000
## Distribuições
par(mfrow = c(1, 2))
## Distribuição amostral
hist(ci$stat)
## Distribuição "estudentizada" de referência
hist(ci$t.stats); abline(v = ci$Qt, col = 2)
```






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

Observações:

- Note que o limite inferior do intervalo é bem menor do que os demais
- O intervalo t de bootstrap é o que possui maior amplitude entre todos

Outro exemplo

A base de dados `patch` do pacote `bootstrap` contém dados de 8 pacientes que usaram adesivos (*patches*) contendo um certo hormônio que é injetado na corrente sanguínea. Cada indivíduo teve seu nível de hormônio medido após usar três diferentes adesivos: placebo, “antigo” (já utilizado), e “novo” (nova versão).

O objetivo do estudo é mostrar que existe bioequivalência, ou seja, que os adesivos novos são bioequivalentes aos antigos e podem ser liberados para uso.

O parâmetro de interesse é definida como

$$\theta = \frac{\mathrm{E}[\text{novo}] - \mathrm{E}[\text{velho}]}{\mathrm{E}[\text{velho}] - \mathrm{E}[\text{placebo}]}$$

Se $|\theta| \leq 0.2$, então isso indica que existe bioequivalência entre os adesivos.

Os dados são

```
data(patch, package = "bootstrap")
patch
#   subject placebo oldpatch newpatch
  z     y
# 1       1    9243    17649    16449
  8406 -1200
# 2       2    9671    12013    14614
  2342  2601
# 3       3   11792    19979    17274
  8187 -2705
# 4       4   13357    21816    23798
  8459  1982
# 5       5    9055    13850    12560
  4795 -1290
# 6       6    6290     9806    10157
  3516   351
# 7       7   12412    17208    16570
  4796  -638
# 8       8   18806    29044    26325
  10238 -2719
```

Onde:

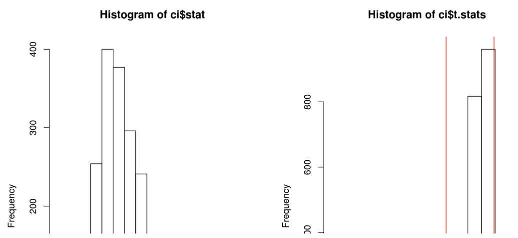
- $z = \text{velho} - \text{placebo}$
- $y = \text{novo} - \text{velho}$

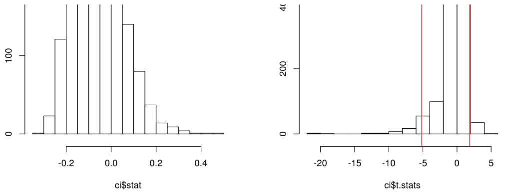
Portanto, a estatística de interesse é

$$\hat{\theta} = \frac{\bar{Y}}{\bar{Z}}$$

```
## Estimativas básicas
(theta.hat <- mean(patch$y)/mean(patch$z))
# [1] -0.0713061

## Bootstrap para erro padrão
n <- nrow(patch)
B <- 2000
theta.b <- numeric(B)
for (b in 1:B) {
    i <- sample(1:n, size = n, replace = TRUE)
    y <- patch$y[i]
    z <- patch$z[i]
    theta.b[b] <- mean(y)/mean(z)
}

## Estimativas
mean(theta.b)
# [1] -0.06407866
(bias <- mean(theta.b) - theta.hat)
# [1] 0.007227438
(se <- sd(theta.b))
# [1] 0.1034864

## Intervalos de confiança para a estimativa
## Usando o pacote boot
theta.boot <- function(dat, ind) {
    y <- dat[ind, 1]
    z <- dat[ind, 2]
    mean(y)/mean(z)
}

dat <- cbind(patch$y, patch$z)
boot.obj <- boot(dat, statistic = theta.boot, R = 2000)
boot.obj
#
# ORDINARY NONPARAMETRIC BOOTSTRAP
#
#
# Call:
# boot(data = dat, statistic = theta.boot, R = 2000)
#
```

```
#
# Bootstrap Statistics :
#       original     bias    std. error
# t1* -0.0713061 0.00984133   0.1030833
boot.ci(boot.obj, type = c("basic", "norm", "perc"))
# BOOTSTRAP CONFIDENCE INTERVAL CALCULATIONS
# Based on 2000 bootstrap replicates
#
# CALL :
# boot.ci(boot.out = boot.obj, type = c("basic", "norm", "perc"))
#
# Intervals :
# Level      Normal              Basic              Percentile
# 95%   (-0.2832,  0.1209 )   (-0.3126,  0.0941 )   (-0.2367,  0.1700 )
# Calculations and Intervals on Original Scale

## Intervalo t de bootstrap
ci <- boot.t.ci(dat, statistic = theta.boot, B = 2000, R = 200)
## Resultados
ci$CI
#       2.5%      97.5%
# -0.2633727  0.4707715
ci$Qt
#      2.5%     97.5%
# -5.185837  1.837424
## Distribuições
par(mfrow = c(1, 2))
## Distribuição amostral
hist(ci$stat)
## Distribuição "estudentizada" de referência
hist(ci$t.stats); abline(v = ci$Qt, col = 2)
```






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