

Actividad 6.

Adrian Pineda Sanchez

2024-08-16

1.Ensayando Distribuciones

Grafica la Distribución de una variable aleatoria, la de una muestra elegida al azar y la de la Distribución de las medias de 10000 muestras:

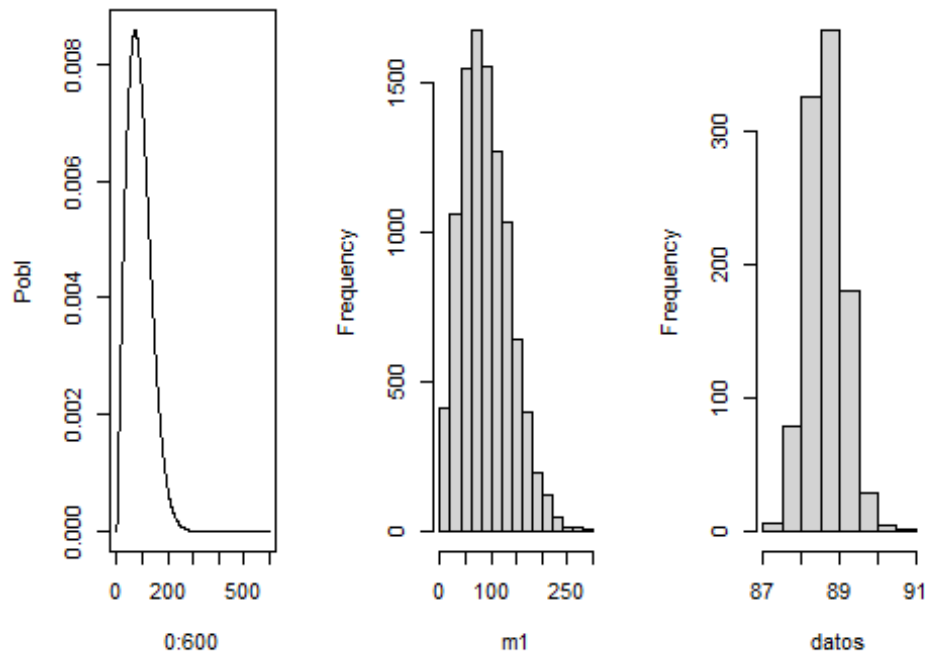
A. Ejercutar el siguiente código de R: DistrsM_enR.txt Download DistrsM_enR.txt. Se esperan tres gráficas, interprete cada una de ellas. Se usa una distribución Weibull, con parámetros $\alpha = 2$ y $\beta = 100$.

```
par(mfrow=c(1,3))
# Graficando una distribucion Weibull de alfa =2, beta = 100
Pobl = dweibull(0:600,2, 100)
plot(0:600,Pobl, type="l", main = "Poblacion con distribucion Weibull alfa
=2, beta = 100")

# Tomando una muestra de 10000 elementos tomados al azar
m1 = rweibull(10000, 2, 100)
hist(m1, main = "Una muestra de tamano 10000")

# Tomando 1000 promedios de las 1000 muestras como la anterior
m = rweibull(10000,2,100)
prom=mean(m)
datos=prom
for(i in 1:999) {
  m = rweibull(10000,2,100)
  prom=mean(m)
  datos=rbind(datos,prom) }
hist(datos, main="Grafica de los promedios de 1000 muestras de tamano
10,000")
```

on distribución Weibull a una muestra de tamaño 10000. Promedios de 1000 muestras



B. Cálcula el sesgo y la curtosis de la muestra de tamaño 10000. Aplica una prueba de hipótesis de normalidad. Concluye sobre la normalidad de los datos de la muestra.

$$H_0: X \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

$$H_1: X \not\sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

```
library(e1071) # Para calcular sesgo y curtosis
library(nortest) # Para la prueba de normalidad

# Cálculo de sesgo y curtosis de la muestra de tamaño 10000
sesgo_muestra = skewness(m1)
curtosis_muestra = kurtosis(m1)

# Prueba de normalidad (Anderson-Darling)
prueba_normalidad_muestra = ad.test(m1)

# Resultados
cat("El sesgo de la muestra es de:", sesgo_muestra, "\n")
## El sesgo de la muestra es de: 0.599037

cat("La curtosis de la muestra es de:", curtosis_muestra)
## La curtosis de la muestra es de: 0.1406301
```

```
prueba_normalidad_muestra
##
## Anderson-Darling normality test
##
## data:  m1
## A = 54.543, p-value < 2.2e-16
```

En base a la prueba de normalidad por medio de Anderson Darling dado que estamos manejando un $n > 50$ podemos observar que por medio del p value obtenido < 0.05 rechazamos hipótesis nula de que la distribución se comporte como una normal, es mas, es tan bajo que es practicamente 0, lo cual a traves tambien del grafico y los valores del sesgo y la curtosis (donde probablemente una curtosis 3 de la curstosis cruda, pero cuando se obtiene la excesiva deberia ser 0 aproximadamente para que fuera coherente con una normal, lo cual no esta tan alejada), nos demuestran que la consistencia con una distribución Weibull es diferente a una normal.

C. Calcula el sesgo y la curtosis de las medias de las 1000 muestras. Aplica la misma prueba de normalidad que aplicaste a la muestra de tamaño 10000. Concluye sobre la normalidad de las medias de las muestras.

$$H_0: \bar{X} \sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

$$H_1: \bar{X} \not\sim \mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$$

```
# Cálculo de sesgo y curtosis de las medias de las 1000 muestras
sesgo_medias = skewness(datos)
curtosis_medias = kurtosis(datos)

# Prueba de normalidad (Anderson-Darling)
prueba_normalidad_medias = ad.test(datos)

# Resultados
cat("El sesgo de la muestra es de:", sesgo_medias, "\n")
## El sesgo de la muestra es de: 0.1629539
cat("La curtosis de la muestra es de:", curtosis_medias)
## La curtosis de la muestra es de: 0.2873727

prueba_normalidad_medias
##
## Anderson-Darling normality test
##
## data:  datos
## A = 0.33382, p-value = 0.5085
```

La combinación de un sesgo moderado, una curtosis cercana a 0, que sin duda tiene una mejora significativa conforme a la prueba anterior y un p-valor elevado en la prueba de Anderson-Darling apoya la idea de que los promedios de las muestras pueden seguir una distribución normal, lo cual es consistente con lo esperado según el Teorema Central del Límite. Esto es interesante porque al disminuir el número de muestras en Weibull a un 10% de las anteriores vemos como el p value es ahora mayor en significancia al p value > 0.05, lo cual nos da suficiente evidencia para no rechazar la hipótesis nula, sin embargo, eso no significa aceptar la hipótesis.

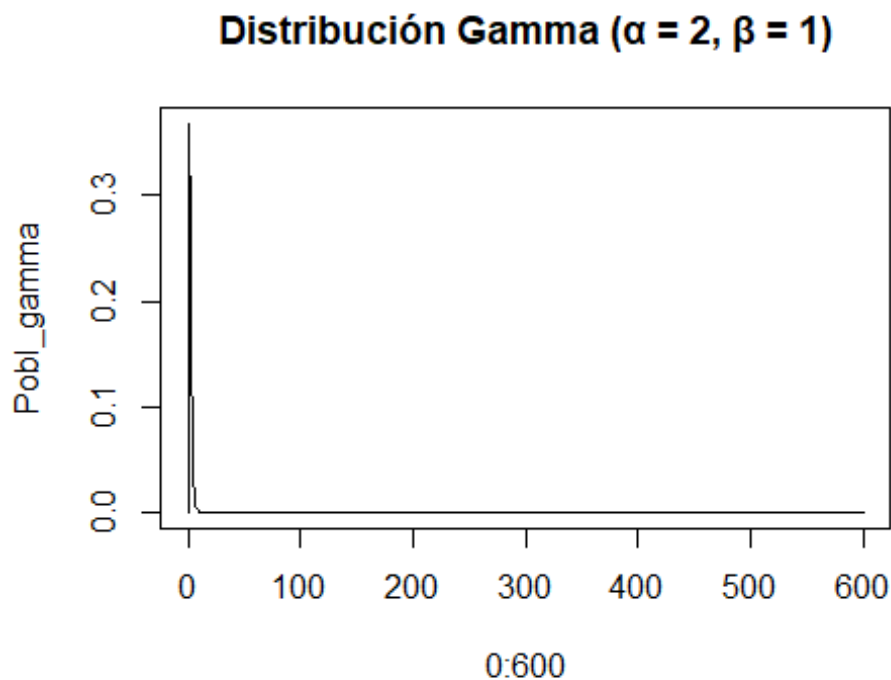
D.Repite el procedimiento A, B y C para otras dos distribuciones que no sean simétricas. Puedes cambiar los valores de alfa y beta para lograr sesgo diferente o puedes ensayar con otra distribución, como la uniforme (punif y runif). Interpreta los resultados.

Distribución Gamma (alfa = 2, beta = 1)

```
# Distribución Gamma
```

```
Pobl_gamma = dgamma(0:600, 2, 1)
```

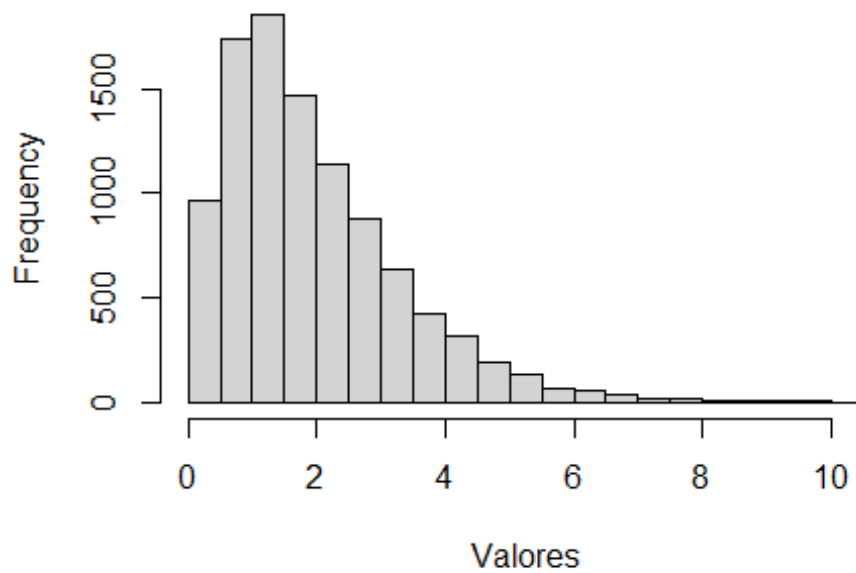
```
plot(0:600, Pobl_gamma, type="l", main = "Distribución Gamma ( $\alpha = 2$ ,  $\beta = 1$ )")
```



```
m1_gamma = rgamma(10000, 2, 1)
```

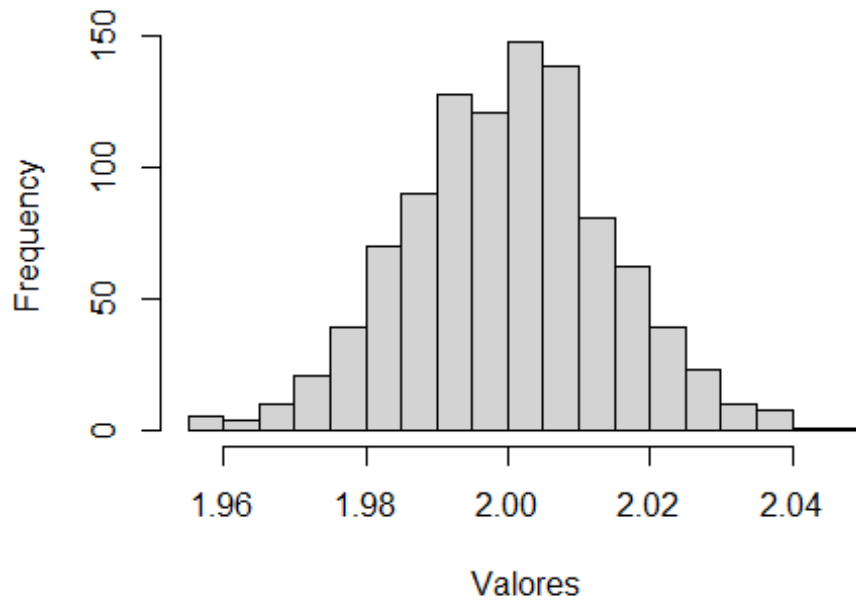
```
hist(m1_gamma, main = "Muestra de tamaño 10000 (Gamma)", xlab = "Valores",  
breaks = 30)
```

Muestra de tamaño 10000 (Gamma)



```
datos_gamma = replicate(1000, mean(rgamma(10000, 2, 1)))  
hist(datos_gamma, main = "Promedios de 1000 muestras (Gamma)", xlab =  
"Valores", breaks = 30)
```

Promedios de 1000 muestras (Gamma)



Prueba de normalidad, Curtosis y Sesgo Distribucion Gamma muestra de tamaño 10,000

Cálculo de sesgo, curtosis y prueba de normalidad para la muestra de tamaño 10,000

```
sesgo_m1_gamma = skewness(m1_gamma)
curtosis_m1_gamma = kurtosis(m1_gamma)
prueba_normalidad_m1_gamma = ad.test(m1_gamma)
```

Mostrar resultados

```
cat("Sesgo de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma):", sesgo_m1_gamma, "\n")
```

```
## Sesgo de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma): 1.372621
```

```
cat("Curtosis de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma):", curtosis_m1_gamma, "\n")
```

```
## Curtosis de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma): 2.622158
```

```
cat("Prueba de normalidad de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma): p-valor =",
prueba_normalidad_m1_gamma$p.value, "\n\n")
```

```
## Prueba de normalidad de la muestra de tamaño 10,000 (Gamma): p-valor =
3.7e-24
```

Como podemos ver tanto por los valores obtenidos en el Sesgo y la curtosis alejados de una distribución orientados a la normal con un tamaño de muestra de 10,000 así como su bajísimo p value, incluso menor que la prueba original con la distribución Weibull, podemos observar que dado el p value < 0.05 nos lleva a rechazar la hipótesis nula de que la distribución actúa como una distribución normal

Prueba de normalidad, Curtosis y Sesgo Distribucion Gamma de las 1,000 muestras

Cálculo de sesgo, curtosis y prueba de normalidad para los 1000 promedios

```
sesgo_datos_gamma = skewness(datos_gamma)
curtosis_datos_gamma = kurtosis(datos_gamma)
prueba_normalidad_datos_gamma = ad.test(datos_gamma)
```

```
cat("Sesgo de los promedios de 1,000 muestras (Gamma):", sesgo_datos_gamma, "\n")
```

```
## Sesgo de los promedios de 1,000 muestras (Gamma): -0.01271245
```

```
cat("Curtosis de los promedios de 1,000 muestras (Gamma):",
curtosis_datos_gamma, "\n")
```

```
## Curtosis de los promedios de 1,000 muestras (Gamma): 0.07861483
```

```
cat("Prueba de normalidad de los promedios de 1,000 muestras (Gamma): p-valor =",
prueba_normalidad_datos_gamma$p.value, "\n")
```

```
## Prueba de normalidad de los promedios de 1,000 muestras (Gamma): p-valor =
0.4587361
```

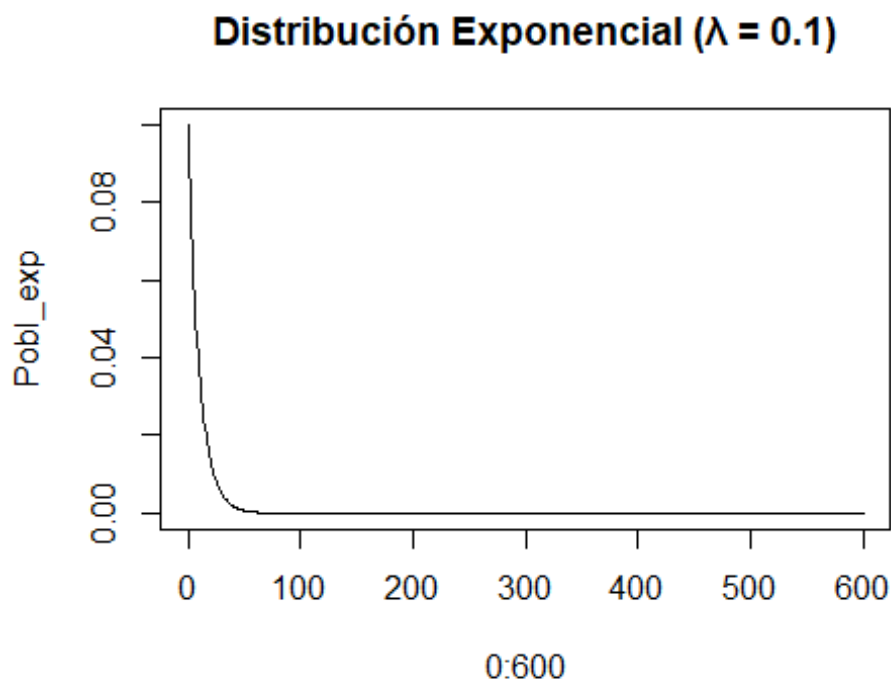
Observese no solo por el histograma sino por los valores de sesgo y curtosis alrededor de 0, podemos observar que son practicamente los de una normal, sin mencionar el gran valor de p value por mucho superior a p value 0.05, lo cual obviamente no nos da suficiente para rechazar la hipotesis nula y por supuesto, nos da una muestra sumamente respaldada por estas medidas y pruebas de normalidad, que con una muestra de 1,000 la distribucion Gamma con los valores de alfa = 2 y Beta = 1 se distribuyen muy similarmente a los de una normal, lo cual es observable en el histograma

Distribución Exponencial($\lambda = 0.1$)

```
# Distribución Exponencial
```

```
Pobl_exp = dexp(0:600, 0.1)
```

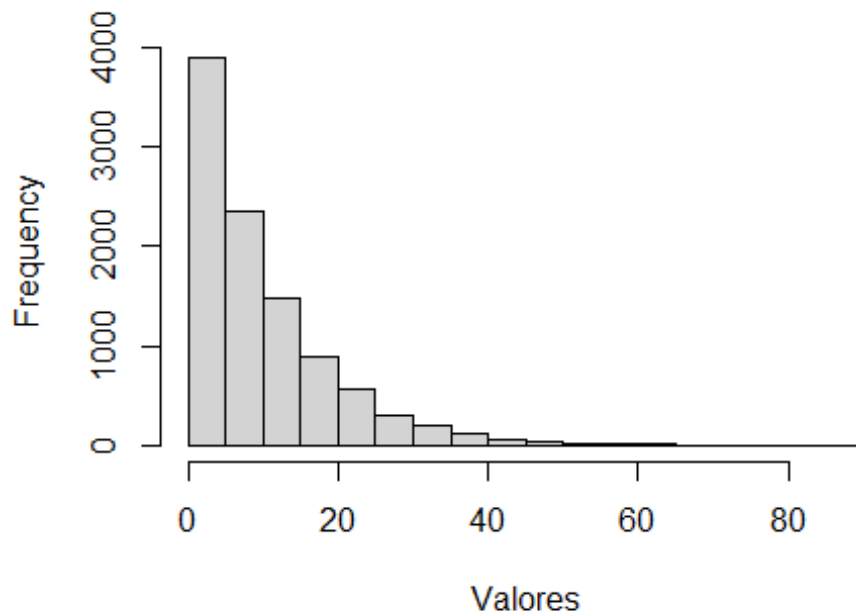
```
plot(0:600, Pobl_exp, type="l", main = "Distribución Exponencial ( $\lambda = 0.1$ )")
```



```
m1_exp = rexp(10000, 0.1)
```

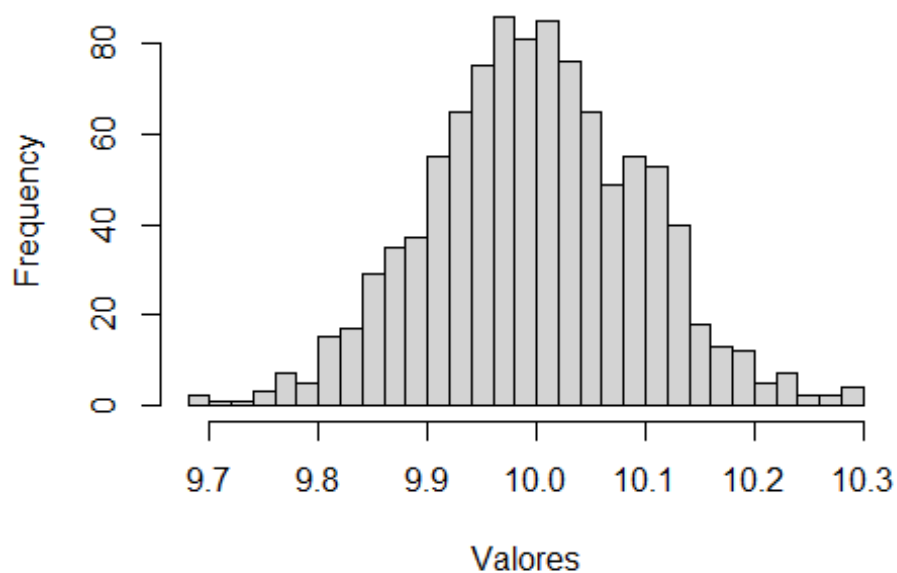
```
hist(m1_exp, main = "Muestra de tamaño 10000 (Exponencial)", xlab =  
"Valores", breaks = 30)
```

Muestra de tamaño 10000 (Exponencial)



```
datos_exp = replicate(1000, mean(rexp(10000, 0.1)))  
hist(datos_exp, main = "Promedios de 1000 muestras (Exponencial)", xlab =  
"Valores", breaks = 30)
```

Promedios de 1000 muestras (Exponencial)



Prueba de normalidad, Curtosis y Sesgo Distribucion Exponencial de tamaño 10,000

Cálculo de sesgo, curtosis y prueba de normalidad para la muestra de tamaño 10,000

```
sesgo_m1_exp = skewness(m1_exp)
curtosis_m1_exp = kurtosis(m1_exp)
prueba_normalidad_m1_exp = ad.test(m1_exp)
```

Mostrar resultados

```
cat("Sesgo de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial):", sesgo_m1_exp,
"\n")
```

```
## Sesgo de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial): 1.937773
```

```
cat("Curtosis de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial):",
curtosis_m1_exp, "\n")
```

```
## Curtosis de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial): 5.521133
```

```
cat("Prueba de normalidad de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial): p-
valor =", prueba_normalidad_m1_exp$p.value, "\n\n")
```

```
## Prueba de normalidad de la muestra de tamaño 10,000 (Exponencial): p-valor
= 3.7e-24
```

Mismo caso que en el de Gamma y Weibull con tamaño 10,000 la curtosis y sesgo además del increíblemente bajo valor de p value nos dan a concluir que esta distribución no actúa como una normal

Prueba de normalidad, Curtosis y Sesgo Distribucion Exponencial de las 1,000 muestras

Cálculo de sesgo, curtosis y prueba de normalidad para los 1000 promedios

```
sesgo_datos_exp = skewness(datos_exp)
curtosis_datos_exp = kurtosis(datos_exp)
prueba_normalidad_datos_exp = ad.test(datos_exp)
```

```
cat("Sesgo de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial):",
sesgo_datos_exp, "\n")
```

```
## Sesgo de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial): 0.03123033
```

```
cat("Curtosis de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial):",
curtosis_datos_exp, "\n")
```

```
## Curtosis de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial): 0.07261803
```

```
cat("Prueba de normalidad de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial):
p-valor =", prueba_normalidad_datos_exp$p.value, "\n")
```

```
## Prueba de normalidad de los promedios de 1,000 muestras (Exponencial): p-
valor = 0.5621858
```

Podemos observar tanto por el histograma, y nuevamente como Weibull y Gamma, una baja curtosis y sesgo, así como un valor p alto, no nos hacen rechazar hipótesis nula y tenemos fuertes argumentos para poder suponer la normalidad de los datos.

E. Concluye sobre las semejanzas y diferencias entre los tres gráficos generados en cada una de las tres distribuciones teóricas.

Semejanzas

En todas las distribuciones (Weibull, Gamma y Exponencial), los gráficos de los promedios de las 1,000 muestras muestran una tendencia a acercarse a una distribución normal. Esto es consistente con el Teorema Central del Límite, que establece que la media de una muestra grande, independientemente de la forma de la distribución original, tiende a ser normal, que obviamente aunque hablamos de muestras mas grandes con los 10,000 no estamos hablando directamente de las medias de las muestras, mientras que en la de 1,000 si, lo cual establece el TCL.

Las tres distribuciones originales presentan asimetría positiva, lo cual se refleja en los histogramas de las muestras de tamaño 10,000. Esta asimetría se atenúa en los gráficos de los promedios de las muestras.

Diferencias

En Weibull la muestra original presenta una asimetría positiva moderada, con una cola derecha larga, pero la forma es más suavizada que en las distribuciones Gamma o Exponencial.

Los gráficos de los promedios de las 1,000 muestras muestran una convergencia más rápida hacia la normalidad en la distribución Exponencial en comparación con las distribuciones Weibull y Gamma. Esto es porque la distribución Exponencial, a pesar de su alta asimetría, se beneficia más del efecto del Teorema Central del Límite.

2. Remaches

La resistencia a la ruptura de un remache tiene un valor medio de 10,000 lb/pulg² y una desviación estándar de 500 lb/pulg². Si se sabe que la población se distribuye normalmente,

X: Resistencia a la ruptura de un remache

$$\mu_x = 10000$$

$$X \sim N(\mu_x = 10000, \sigma_x = 500)$$

a) ¿Cuál es la probabilidad de que la tomar un remache al azar de esa población, éste tenga una resistencia a la ruptura que esté a 100 unidades alrededor de la media?

```
lim_inf = 9900
lim_sup = 10100
media = 10000
sigma = 500

p1 = pnorm(lim_sup,media,sigma)-pnorm(lim_inf,media,sigma)
cat("La probabilidad P(9900<X<10100) es:", p1)

## La probabilidad P(9900<X<10100) es: 0.1585194
```

b) ¿a cuántas desviaciones estándar está de la media?

```
desv_est_media = 100/500

cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",
desv_est_media)

## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 0.2
```

b) ¿Cuál es la probabilidad de que la resistencia media a la ruptura de la muestra aleatoria de 120 remaches esté 100 unidades alrededor de su media?

$$P(9900 < \bar{X} < 10100)$$

$$\bar{X} \sim N\left(\mu_{\bar{X}} = 10000, \sigma_{\bar{X}} = \frac{500}{\sqrt{120}}\right)$$

```
lim_inf = 9900
lim_sup = 10100
media = 10000
sigma = 500/sqrt(120)

p2 = pnorm(lim_sup,media,sigma)-pnorm(lim_inf,media,sigma)
cat("La probabilidad P(9900< X_b <10100) es:", p2)

## La probabilidad P(9900< X_b <10100) es: 0.9715403
```

¿a cuántas desviaciones estándar está de la media?

```
desv_est_media = 100/sigma

cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",
desv_est_media)

## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 2.19089
```

c) Si el tamaño muestral hubiera sido 15, en lugar de 120, ¿cuál es la probabilidad de que la resistencia media a la ruptura esté 100 unidades alrededor de la media?

```
lim_inf = 9900
lim_sup = 10100
media = 10000
sigma = 500/sqrt(15)

p2 = pnorm(lim_sup,media,sigma)-pnorm(lim_inf,media,sigma)
cat("La probabilidad P(9900< X_b <10100) es:", p2)

## La probabilidad P(9900< X_b <10100) es: 0.561422
```

¿a cuántas desviaciones estándar está de la media?

```
desv_est_media = 100/sigma

cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",
desv_est_media)

## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 0.7745967
```

d) Un ingeniero recibió un lote muy grande de remaches. Antes de aceptarlo verificó si efectivamente tiene una media de 10 000 lb/pulg 2. Para ello tomó una muestra de 120 remaches elegidos al azar tenía media de 9800 lb/pulg2 y rechazó el pedido,

```
muestra = 120
sigma = 500/sqrt(muestra)

desv_est_media = 200/sigma
p3 = pnorm(desv_est_media)

cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",
desv_est_media)

## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 4.38178

cat("\n")

cat("La probabilidad que un valor asi este en esa posicion lejos de la media
es de:",1 - p3)

## La probabilidad que un valor asi este en esa posicion lejos de la media es
de: 5.88567e-06
```

¿hizo lo correcto? ¿por qué?.

Si, hizo lo correcto debido a que en primer lugar estamos hablando de que esta a valores extremos inferiores a 4.38 desv estandar de la media y en segunda el p-value es de 5.88567e-06, donde normalmente se rechaza a partir de p value < 0.05

Si la media hubiera sido 9925, ¿recomendarías rechazarlo?

```
sigma = 500/sqrt(120)

desv_est_media = 75/sigma
p3 = pnorm(desv_est_media)

cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",
desv_est_media)

## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 1.643168

cat("\n")

cat("La probabilidad que un valor asi este en esa posicion lejos de la media
es de:", 1 - p3)

## La probabilidad que un valor asi este en esa posicion lejos de la media es
de: 0.05017412
```

Sinceramente, esta en su punto limite de un estadistico de prueba y un p value normal, donde rechazamos hipotesis nula a partir de $p\text{-value} < 0.05$, por lo tanto en mi opinion personal, si fuéramos si quiera un poco mas estrictos, o quisiéramos un nivel de confianza mayor al 95% en mi opinion lo rechazaria, sin embargo, si estrictamente seguimos la regla del $p\text{ value} < 0.05$, pues entonces por los decimales pasaria la prueba, aunque muy apenas.

3 Embotellando

Una máquina embotelladora puede ser regulada para que se descargue un promedio de μ onzas por botella. Se ha observado que la cantidad de líquido dosificado por una máquina embotelladora está distribuida normalmente con $\sigma = 1$ onza. La máquina embotelladora se calibra cuando la media de una muestra tomada al azar está fuera del 95% central de la distribución muestral. La media de la cantidad de líquido deseada requiere que μ sea de 15 onzas.

La cantidad de líquido dosificado sigue una distribución normal.

Media: $\mu = 15$ onzas.

Desviación estándar: $\sigma = 1$ onza.

1. ¿A cuántas desviaciones estándar alrededor de la verdadera media μ puede estar la media de una muestra para que esté dentro del estándar establecido del 95% central?

Usamos el valor de 0.975 en la función $qnorm(0.975)$ para encontrar el valor crítico de Z que corresponde al límite superior del 95% central de una distribución normal. (lo cual podría ser equivalente a .025 solamente que nos quedarían negativas las desviaciones

estandar pero es para que ambos trozos de area nos den el 5% restante pero donde la cota limite de cada uno superior o inferior estan en .025 o .975)

```
# Parámetros dados
mu <- 15 # Media
sigma <- 1 # Desviación estándar

# Z-value para el 95% central
z_95 <- qnorm(0.975) # 1.96

# Imprimir el resultado
z_95 # Esto debería dar 1.96

## [1] 1.959964
```

El valor de 1.96 desviaciones estándar es el rango alrededor de la media μ dentro del cual se encuentra el 95% de la distribución, y este resultado es independiente del tamaño de la muestra cuando hablamos de la distribución normal.

2. ¿Cuál es la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtenga una media mayor a 16 onzas?

```
media_2 <- 16
mu <- 15 # Media
n <- 10 # Tamaño de La muestra
sigma <- 1/sqrt(n) # Desviación estándar
diferencia_medias <- media_2 - mu

z <- (diferencia_medias) / (sigma)
p <- 1 - pnorm(z)

cat("la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se
obtenga una media mayor a 16 onzas",p)

## la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se
obtenga una media mayor a 16 onzas 0.0007827011
```

3. Si en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtuvo una media de 16 onzas, ¿se detendría la producción para calibrar la máquina?

Por supuesto, estamos hablando de que cae fuera del limite estandar establecido del 95%, es decir si lo contamos en desviaciones estandar

```
media_2 <- 16
mu <- 15 # Media
n <- 10 # Tamaño de La muestra
sigma <- 1/sqrt(n) # Desviación estándar
diferencia_medias <- media_2 - mu

cantidad_desv_est = diferencia_medias/sigma
```

```
cat("La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es:",  
cantidad_desv_est)
```

```
## La Cantidad de desviaciones estandar lejos de la media es: 3.162278
```

Lo cual nos hace ver lo alejado que esta de la media y por ello su probabilidad tan baja.

4. ¿Cuál es la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtenga una media menor a 14.5 onzas?

```
media_2 <- 14.5  
mu <- 15 # Media  
n <- 10 # Tamaño de La muestra  
sigma <- 1/sqrt(n) # Desviación estándar  
diferencia_medias <- media_2 - mu  
  
z <- (diferencia_medias) / (sigma)  
p_14.5 <- pnorm(z)  
cat("la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se  
obtenga una media menor a 14.5 onzas es de:", p_14.5)  
  
## la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se  
obtenga una media menor a 14.5 onzas es de: 0.05692315
```

por lo tanto dado que este que es nuestra probabilidad asociada como p value > 0.05 sigue cayendo incluso dentro de nuestro rango establecido del 95%, si hubiera sido menor se detendria la produccion.

Si quisieramos calcular las desviaciones estandar donde se encuentra

```
z <- (diferencia_medias) / (sigma)  
z  
  
## [1] -1.581139
```

se encuentra a esa cantidad de desviaciones estandar de la media, lo cual sigue siendo un rango aceptable ya que recordemos que la cota o limite en cuestion de desviaciones estandar esta a ± 1.96 desv estandar de la media, por lo tanto sigue siendo un valor aceptable

5. Si en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtuvo una media de 15.5 onzas, ¿se detendría la producción para calibrar la máquina?

```
media_2 <- 15.5  
mu <- 15 # Media  
n <- 10 # Tamaño de La muestra  
sigma <- 1/sqrt(n) # Desviación estándar  
diferencia_medias <- media_2 - mu  
  
z <- (diferencia_medias) / (sigma)  
p_15.5 <- 1- pnorm(z)
```

```
cat("la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtenga una a 15.5 onzas es de:",p_15.5)
```

```
## la probabilidad de que en una muestra aleatoria de tamaño 10 botellas se obtenga una a 15.5 onzas es de: 0.05692315
```

Dado que de igual medida obtenemos el mismo valor para esta probabilidad no detendremos la producción ya que sigue estando dentro del rango aceptable del 95% central de la distribución muestral.

Si quisiéramos calcular las desviaciones estándar donde se encuentra

```
z <- (diferencia_medias) / (sigma)
z
## [1] 1.581139
```

se encuentra a esa cantidad de desviaciones estándar de la media, lo cual sigue siendo un rango aceptable ya que recordemos que la cota o límite en cuestión de desviaciones estándar está a ± 1.96 desv estándar de la media, por lo tanto sigue siendo un valor aceptable.

6. Hacer una gráfica del inciso 1.

```
# Parámetros dados
mu <- 15 # Media
sigma <- 1 # Desviación estándar
n <- 10 # Tamaño de la muestra

# Z-value para el 95% central
z_95 <- qnorm(0.975) # 1.96
desviacion_95 <- z_95 * (sigma / sqrt(n))

# Crear la secuencia para el gráfico
x <- seq(mu - 4 * sigma, mu + 4 * sigma, length=100)
y <- dnorm(x, mean=mu, sd=sigma / sqrt(n))

# Graficar
plot(x, y, type="l", lwd=2, col="blue", main="Distribución Normal de la Media Muestral",
      xlab="Onzas", ylab="Densidad")

# Añadir las líneas de los límites
abline(v=c(mu - desviacion_95, mu + desviacion_95), col="red", lty=2)

# Añadir el texto de los límites con tamaño de fuente más grande y etiquetas adicionales
text(mu - desviacion_95, max(y) * 0.8, sprintf("%.2f", mu - desviacion_95),
     pos=2, col="red", cex=1.2, font=2)
text(mu + desviacion_95, max(y) * 0.8, sprintf("%.2f", mu + desviacion_95),
     pos=4, col="red", cex=1.2, font=2)
```



```
# Añadir texto de "95%" y "-1.96", "1.96"
text(mu - desviacion_95, max(y) * 0.9, "-1.96 desv_est", pos=2, col="red",
cex=1.2)
text(mu + desviacion_95, max(y) * 0.9, "1.96 desv_est", pos=4, col="red",
cex=1.2)
text(mu, max(y) * 0.5, "95% del área", col="darkgreen", cex=1.5, font=2)
```

Distribución Normal de la Media Muestral

