Tarea 2 Estadística Actuarial II

Maria Carolina Navarro Monge C05513 Tábata Picado Carmona C05961
Jose Pablo Trejos Conejo C07862

Primeramente, se cargan las librerías necesarias y se fija la semilla para reproducibilidad de los resultados.

```
library(tidyverse)
library(readxl)

set.seed(2901)
```

Ejercicio 1

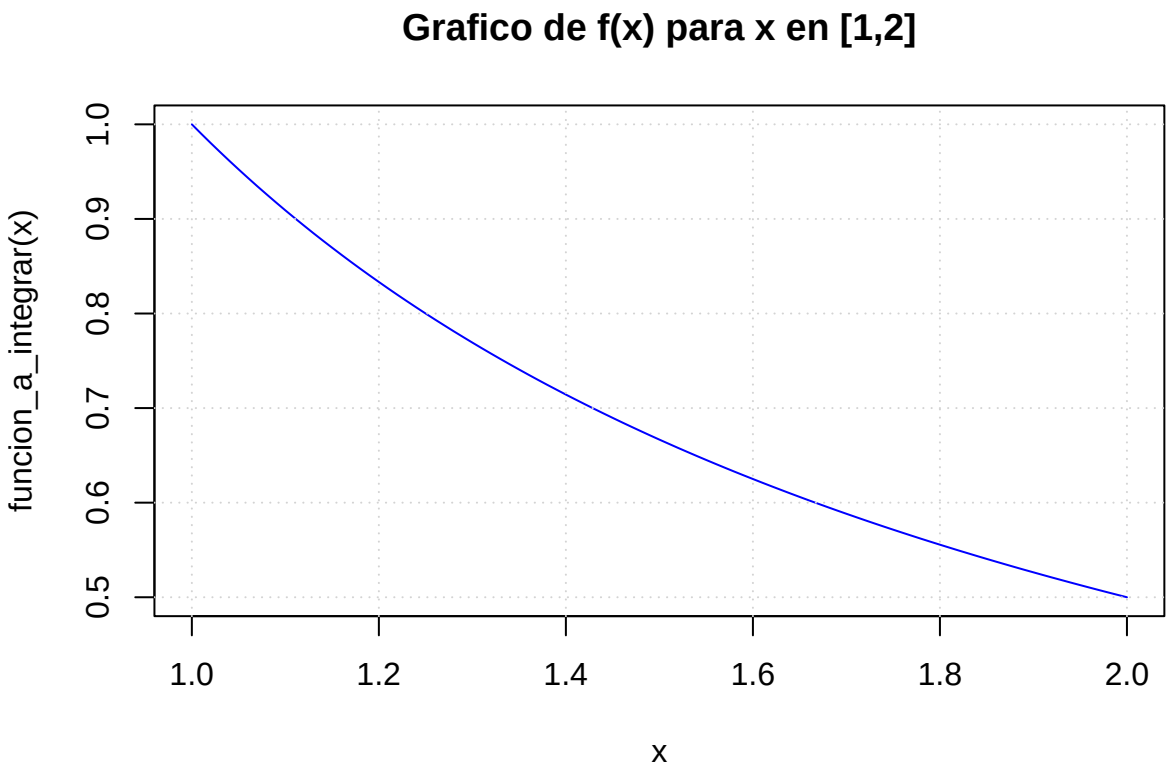
Usando un Algoritmo de Integración por Montecarlo estime ln(2) con un error absoluto de 10—3.

Inicialmente se define la función a integrar por le método de montecarlo. Dado que se busca el valor aproximado de ln(2) y sabiendo que la integral de 1/x = ln(|x|) + c, entonces se define la función a integrar como:

```
funcion_a_integrar <- Vectorize(function(x) 1/x)
```

Como la integral de 1 a 2 de 1/x es ln(2), entonces se genera una muestra aleatoria con distribución uniforme en el intervalo de interés.

```
muestra <- runif(10^6, min = 1, max = 2)


curve(funcion_a_integrar, 1, 2, col = "blue", lwd = 1,
      main = "Grafico de f(x) para x en [1,2]")
grid()
```



Se procede a evaluar los valores generados en la función.

```
muestra_evaluada <- funcion_a_integrar(muestra)
```

Con la muestra evaluada, se toma la esperanza para obtener el valor estimado de ln(2) y se calcula el valor real.

```
ln_2_estimado <- mean(muestra_evaluada)
ln_2_real <- log(2)
```

Se muestran los resultados:

```
{cat("Estimación: ", ln_2_estimado, "\n")
 cat("Valor real: ", ln_2_real, "\n")
 cat("Error absoluto: ", abs(ln_2_estimado - ln_2_real))}
```

```
## Estimación:  0.6933054
## Valor real:  0.6931472
## Error absoluto:  0.0001582311
```

Ejercicio 2

Usando la metodología de Muestreo por Importancia, Si X~N(0.5,0.5) estime:

a. P(X<-5)

Inicialmente se analiza mediante el método de integración por Montecarlo, con el cual se obtiene el siguiente resultado:

```
#--Estimación de función de distribución mediante integración por Montecarlo--

set.seed(2901)
n <- 10^4 #tamaño de la muestra

X <- rnorm(n, 0.5, sqrt(0.5))

f <- dnorm(X, 0.5, sqrt(0.5))

valor_estimado_1 <- mean(f)

valor_real <- pnorm(-5, 0.5, sqrt(0.5))

comparacion <- data.frame("Estimación" = valor_estimado_1,
                          "Valor real" = valor_real)

print(comparacion)
```

```
##   Estimación   Valor.real
## 1  0.3991698 3.678924e-15
```

Como se puede observar, la estimación resultante converge lento al valor real. Por lo tanto, mediante Muestreo por Importancia se puede acelelar la convergencia empleando una densidad auxiliar. Para este caso, la densidad auxiliar a utilizar es una exponencial truncada de la forma $\lambda e^{-\lambda(x-t)}$, con x>t.

La probabilidad a estimar es equivalente a P(X>6). Nos basaremos en esta para aproximarla mediante el Muestro por Importancia por medio de una exponencial truncada en 6 con $\lambda = 1$. El procedimiento se muestra en el siguiente algoritmo:

```
#--Estimación de función de distribución mediante Muestreo por Importancia--

A <- rexp(n)+6 #datos aleatorios mayores a 6 con distribución exponencial

w <- dnorm(A, 0.5, sqrt(0.5)) / dexp(A-6)

valor_estimado <- mean(w)

resumen <- data.frame("Estimación" = valor_estimado, "Valor real" = valor_real)

print(resumen)
```

```
##     Estimación   Valor.real
## 1 3.669418e-15 3.678924e-15
```

De tal manera, se obtiene una mejor aproximación de la probabilidad P(X<-5), pues, es muy similar al valor real.

b. Estime el error absoluto de la estimación del punto a.

El error absoluto de la estimación es:

```
error_absoluto <- abs(valor_estimado-valor_real)
print(error_absoluto)
```

```
## [1] 9.506331e-18
```

Ejercicio 3

Usando el Algoritmo de Aceptación-Rechazo para aproximar el valor de alpha, de una distribución gamma de parámetros alpha, 1. Dada una muestra de 100 observaciones (ver valor de x en "Muestragamma.csv". Utilice como función auxiliar una distribución exponencial con parámetro 0.2.

Se procede a leer la muestra suministrada y a guardarla. Además se crea la función de verosimilitud,

```
BD <- read.csv("muestraGamma.csv")
X_i <- BD$x

f_verosimilitud <- Vectorize(function(a) prod(dgamma(X_i, a, 1)))
```

Indique el valor estimado de alpha.

Se maximiza la función de verosimilitud con el objetivo de encontrar el valor de alpha que maximiza la función de verosimilitud y así tomarlo como estimador.

```
maximizacion <- optimize(f = f_verosimilitud, int = range(X_i), maximum = TRUE)
a_estimado <- maximizacion$maximum

# Se muestra el valor estimado de alpha.
cat("Estimación de alpha: ", a_estimado)
```

```
## Estimación de alpha:  2.987683
```

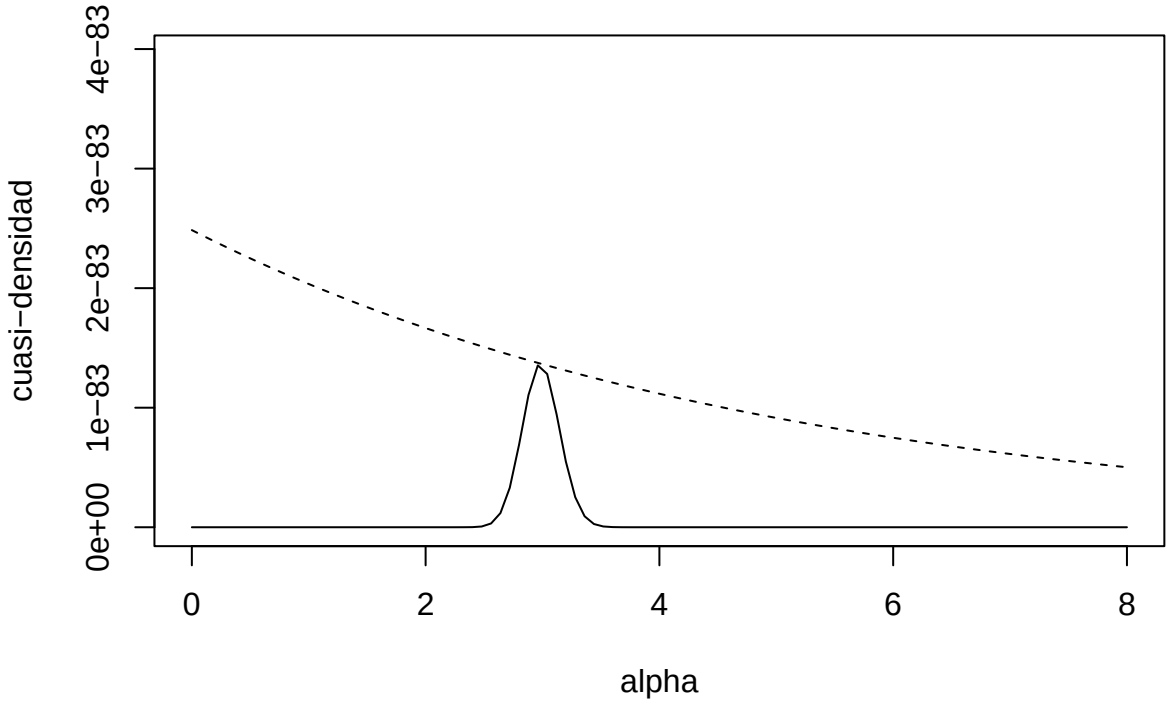
Indique el número de generaciones, número medio de generaciones y proporción de rechazos de la estimación realizada.

Se define el valor c como el máximo que alcanza fa función de verosimilitud.

```
c <- maximizacion$objective
```

Se define la función de cuasi densidad a partir de la distribución auxiliar y de la verosimilitud.

```
f_cuasi <- function(a) f_verosimilitud(a)*dexp(a, 0.2)

# Gráfico ilustrativo.
curve(c * dexp(x, 0.2), xlim = c(0, 8), ylim = c(0, c/pi), lty = 2,
      xlab = "alpha", ylab = "cuasi-densidad")
curve(f_cuasi, add = TRUE)
```



Se genera la muestra aleatoria uniforme que serán utilizada en el algoritmo de aceptación-rechazo a partir de un número determinado de simulaciones.

```
n_sim <- 10^4
n_gen <- n_sim
U <- runif(n_sim)
```

Se genera la muestra de la distribución auxiliar exponencial con parámetro lambda = 0,2 y se evalua en la función de verosimilitud.

```
muestra_exp <- rexp(n_sim, 0.2)
muestra_exp_evaluada <- f_verosimilitud(muestra_exp)
```

Ahora se ejecuta el algoritmo de acptación-rechazo.

```
for(i in 1:10^4){
  while((U[i]*c) > muestra_exp_evaluada[i]){
    U[i]=runif(1)
    muestra_exp[i]=rexp(1, 0.2)
    muestra_exp_evaluada[i]<-f_verosimilitud(muestra_exp[i])
    n_gen=n_gen+1}
}
```

Una vez ejecutado el algoritmo se muestra el número de generaciones, número medio de generaciones y proporción de rechazos de la estimación realizada.

```r
{cat("Número de generaciones = ", n_gen)
  cat("\nNúmero medio de aceptados = ", n_gen/n_sim)
  cat("\nProporción de rechazos = ", 1-n_sim/n_gen, "\n")}
```

```
## Número de generaciones =  229026
## Número medio de aceptados =  22.9026
## Proporción de rechazos =  0.9563368
```

Determine un intervalo de credibilidad al 99% para el parámetro alpha estimado.

Se calcula el valor de ajuste dada la implementación de la función de cuasi densidad y se ajusta la función de cuasi densidad.

```r
v_ajuste <- c*n_sim/n_gen
f_cuasi_ajustada <- function(rex) f_cuasi(rex)/v_ajuste
```

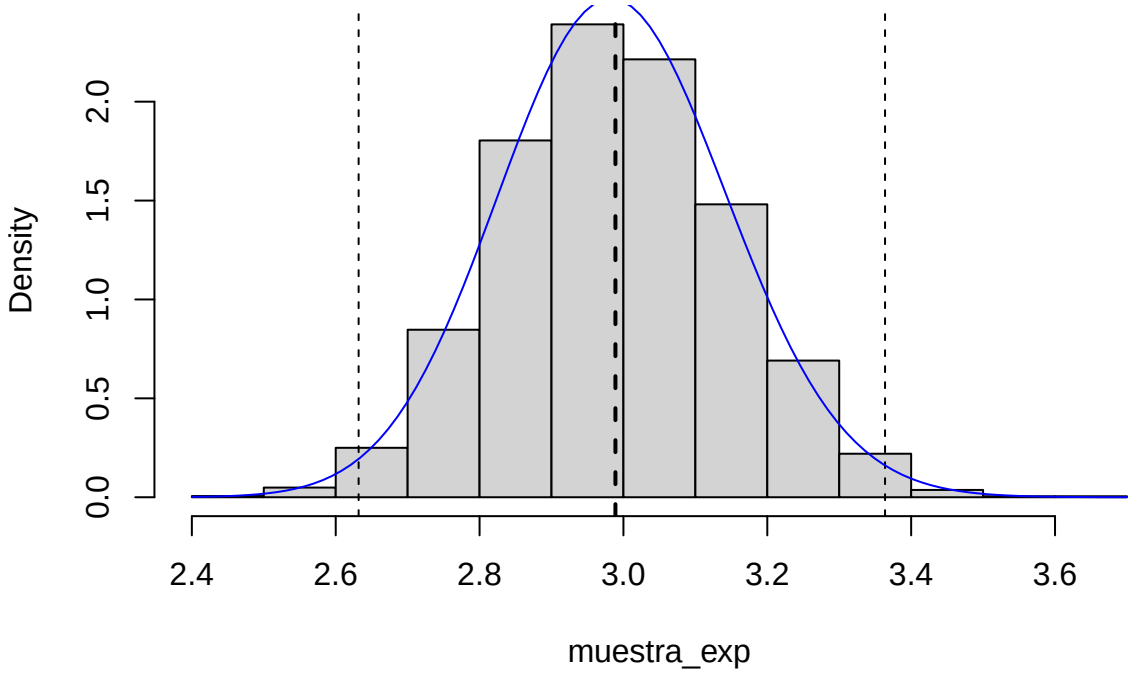
Se procede a determinar e imprimir el intervalo de credibilidad al 99% para el parámetro alpha estimado.

```r
IC <- quantile(muestra_exp, c(0.01, 0.99))
print(IC)
```

```
##       1%      99%
## 2.631846 3.363692
```

Se genera un gráfico de lo anterior, haciendo uso de la función de cuasi densidad ajustada.

```r
hist(muestra_exp, freq = FALSE, main = "")
abline(v = mean(muestra_exp), lty = 2, lwd = 2)
abline(v = IC, lty = 2)
curve(f_cuasi_ajustada, col = "blue", add = TRUE)
```



Aceptaría o rechazaría la hipótesis que alpha = 3, basados en el

intervalo de credibilidad.

Finalmente, dado lo que se muestra en el gráfico anterior y haciendo uso del intervalo de confianza al 99%, se puede aceptar la hipótesis de alpha = 3, pues no solo se encuentra en el intervalo de confianza, sino que también es un valor muy cercano a la media de las estimaciones y a la misma estimación hecha anteriormente. Para mostrar esto, observe que:

```
{cat("Diferencia absoluta entre alpha = 3 y estimación: ",
     abs(3 - a_estimado), "\n")
 cat("Diferencia absoluta entre alpha = 3 y media: ",
     abs(3 - mean(muestra_exp)))}
```

```
## Diferencia absoluta entre alpha = 3 y estimación:  0.01231659
## Diferencia absoluta entre alpha = 3 y media:  0.01114487
```

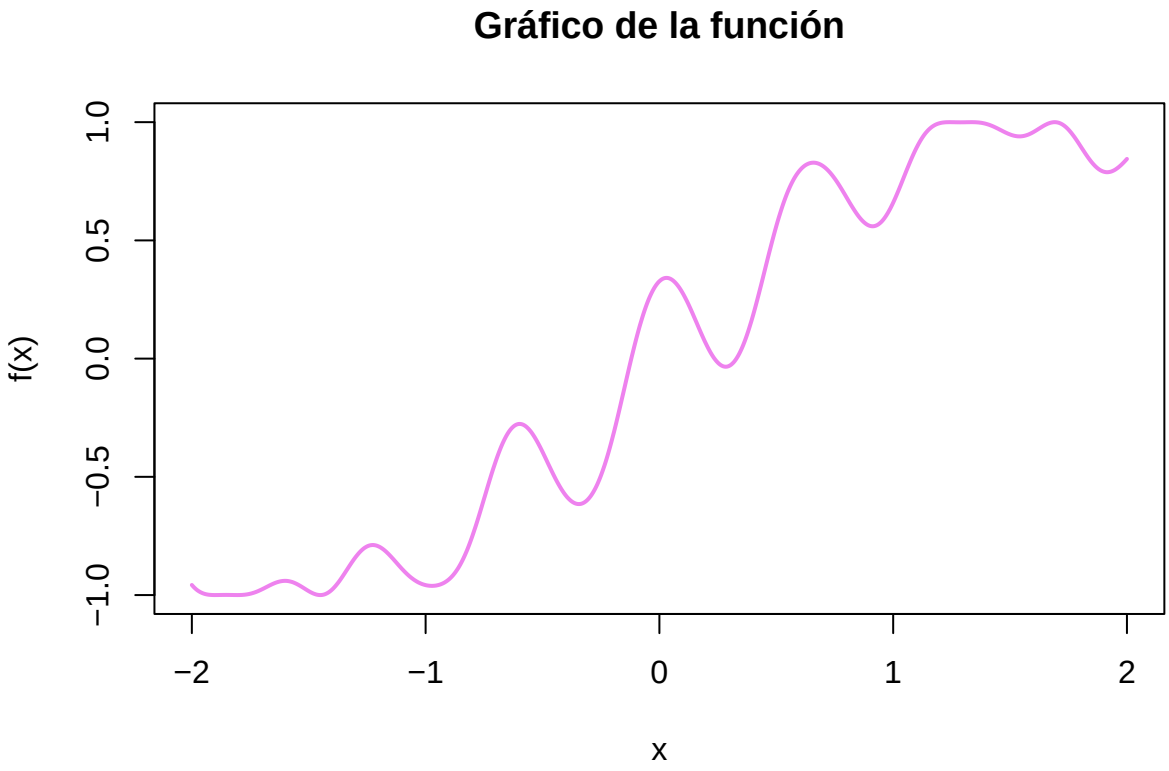
Ejercicio 4

Sea $f(x) = sen\left(x + \frac{cos(10x)}{3}\right)$ **para** $x \in [-2, 2]$

a.Utilizando el algoritmo de recalentamiento simulado estime el mínimo global en [−2,2], con valor inicial en 1.5.

Primero definimos la función en R y la graficamos para darnos una idea de dónde puede estar ubicado el mínimo global de la función en el intervalo.

```
fx <- function(x){sin(x + (cos(10*x)/3))}
curve(fx,col="violet",lwd=2,from=-2,to = 2,n=1000,ylab="f(x)")
title("Gráfico de la función")
```



Ahora definimos la función que va a ejecutar el algoritmo de recalentamiento simulado la cual va a recibir la función definida anteriormente, el alpha que en este caso se establece en 0.1, el valor inicial en 1.5, número de iteraciones que para este ejercicio es de 1000 y por último, el mínimo y máximo del intervalo observado -2 y 2 respectivamente.

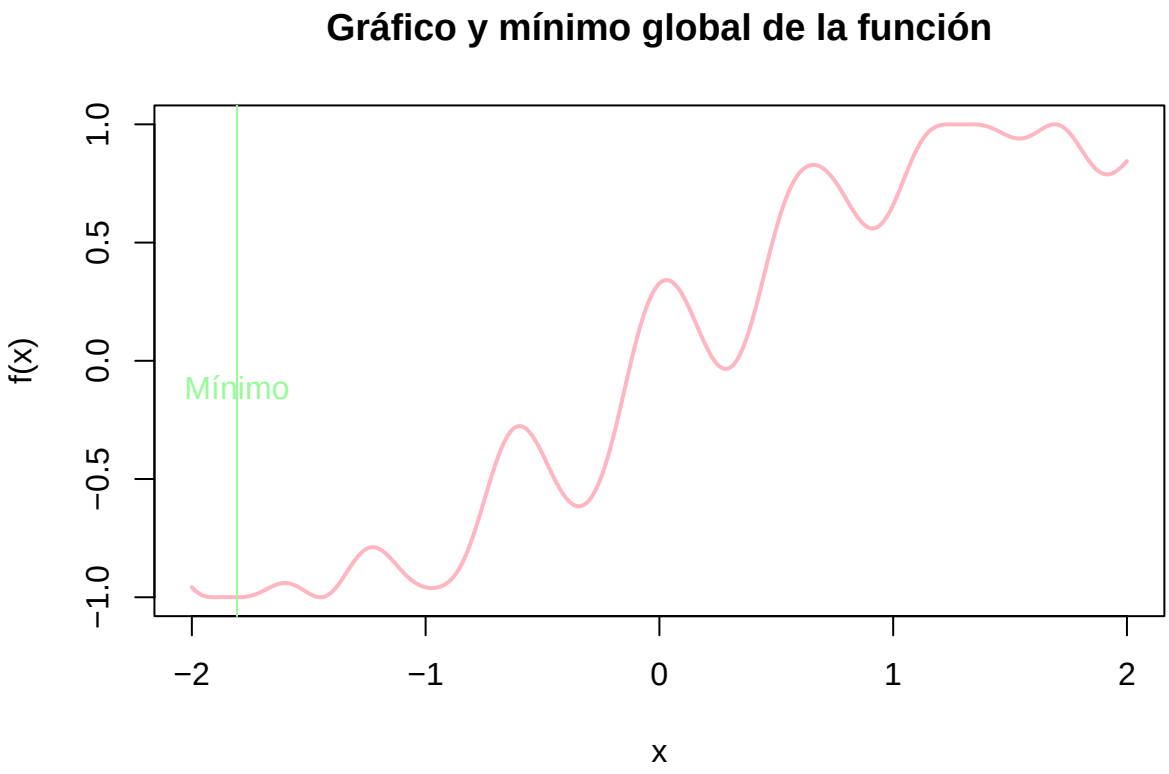
```
recalentamiento_simulado <- function(f,alpha=0.5,s0=0,niter,mini=-Inf,maxi=Inf){
  s_n <- s0
  estados <- rep(0,niter)
  iter_count <- 0

  for(k in 1:niter){
    estados[k]<-s_n
    T <- (1-alpha)^k
    s_new <- rnorm(1,s_n,1)

    if(s_new<mini){
```

```
      s_new <- mini
    }

    if(s_new>maxi){
      s_new <- maxi
    }

    dif <- f(s_new)-f(s_n)

    if(dif< 0){
      s_n <- s_new
    } else {
        random <- runif(1,0,1)

        if(random <exp(-dif/T)){
          s_n <- s_new
        }

    }

    iter_count <- iter_count +1

  }

  return(list(r=s_n,e=estados))
}

Resultado <- recalentamiento_simulado(fx,0.1,1.5,1000,-2,2)
Resultado$r
```

```
## [1] -1.806806
```

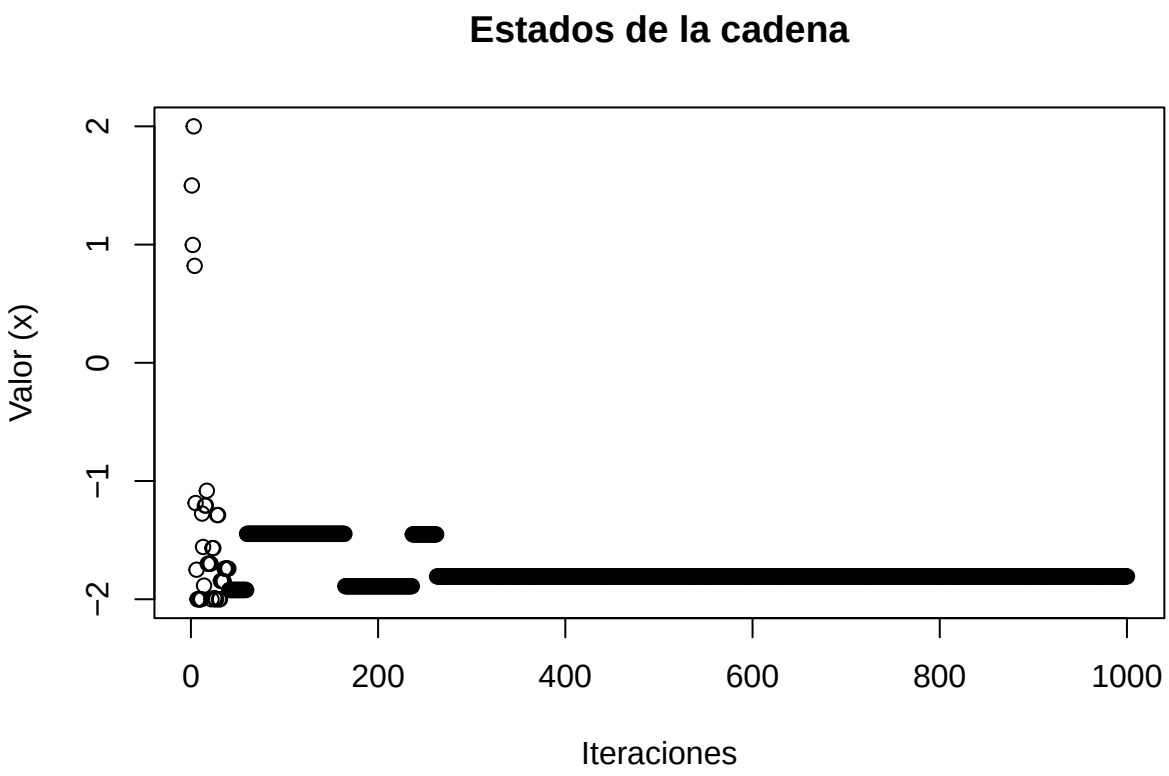
Una vez ejecutado el código arroja que el mínimo global de la función es -1.805683, para corrobar este resultado se decide graficar de nuevo la función junto con el mínimo.

```
curve(fx,col="#FFB6C1",lwd=2,from=-2,to = 2,n=1000,ylab="f(x)")
title("Gráfico y mínimo global de la función")
abline(v=Resultado$r,col="#98FB98")
text(Resultado$r, 0, "Mínimo", pos = 1, col = "#98FB98")
```



b.Grafique el resultado de los estados donde estuvo la cadena de la estimación del punto a.

```
plot(Resultado$e, xlab = "Iteraciones", ylab = "Valor (x)",
     main = "Estados de la cadena")
```



Ejercicio 5

Una aseguradora tiene un producto llamado Doble Seguro de Vida (DSV) el cual paga 2 veces la suma asegurada si la persona fallece antes de los 60 años, paga 1 suma asegurada cuando la persona cumple los 60 años (si no ha fallecido) y paga 1 suma asegurada si fallece después de los 60 años. Considerando:

a. Las tablas de vida dinámicas de la SUPEN (https://webapps.supen.fi.cr/tablasVida/Recursos/documentos/tavid2000-2150.xls)

b. Un cliente de 30 años, hombre con una suma asegurable de 1 000 000 colones.

Construya con la ayuda de un MCMC la distribución de los pagos por año de que se espera de este seguro. Use al menos 10 000 iteraciones. Y muestre Histograma.

Primeramente, se carga la tabla de vida dinámica de la SUPEN y se filtra para obtener los datos correspondientes para un hombre que en el presente año (2024) tiene 30 años

```
#Se carga la base de datos
tabla_vida <- read_excel("tavid2000-2150.xls",
                         col_types = "numeric")

#Se filtra la base de datos para obtener los datos de un hombre nacido en 1994
#con edades mayor o igual a 30

datos <- subset(tabla_vida, sex == 1 & ynac == 1994 & edad >=30,
                select = c(edad,qx, year))
```

Además, se calculan las probabilidades de sobrevivencia necesarias para procesos posteriores

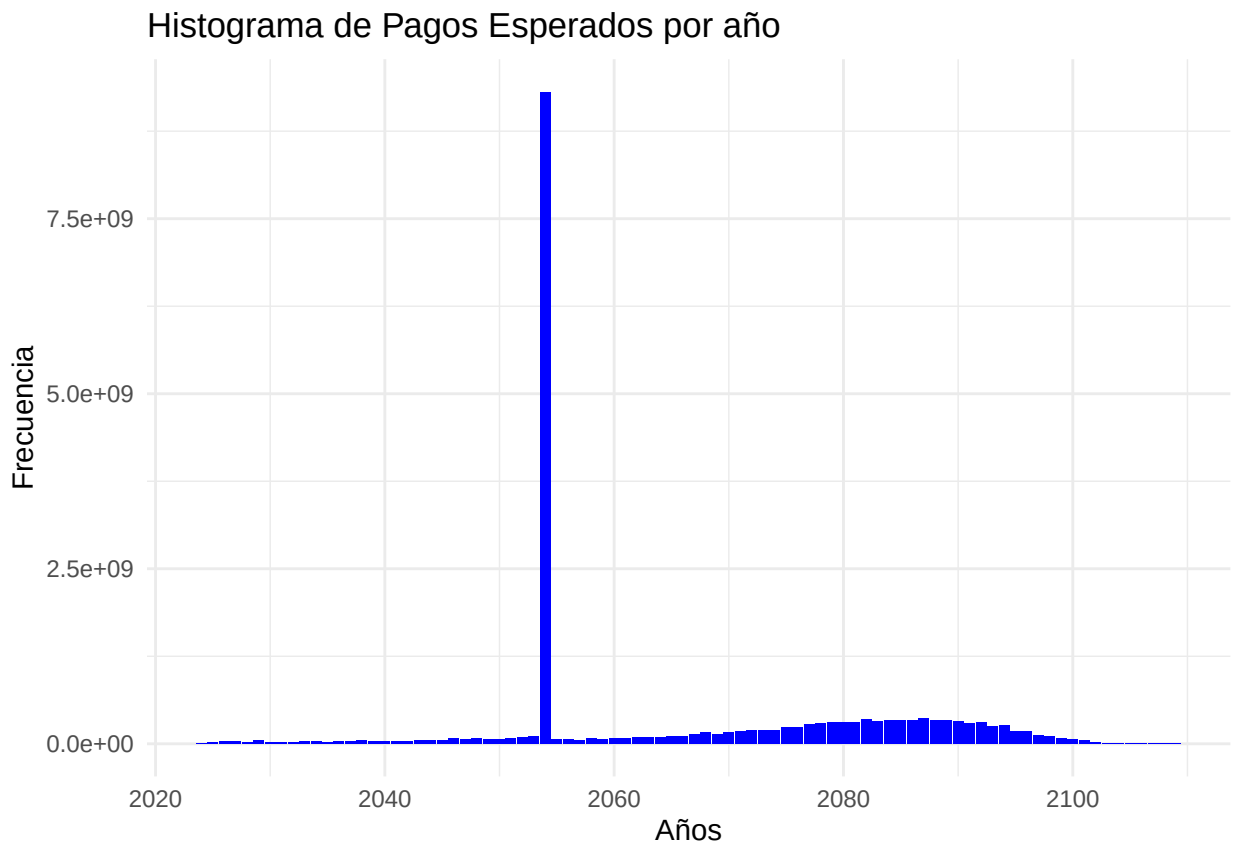
```
#Se obtienen las probabilidades de sobrevivencia

px <- 1- datos$qx

#Se añaden las probabilidades de sobrevivencia a la base datos
datos$px <- px
```

La construcción de la distribución de los pagos por año mediante MCMC se muestran en el siguiente código:

```
suma_asegurada_1 <- 10^6
suma_asegurada_2 <- 2*10^6

#--------------------MCMC---------------------------------|

#Se simulan diversas trayectorias de vida de la persona
set.seed(2901)
iteraciones=10^4
n=length(px)
pago <- rep(0, 86)

for (i in 1:iteraciones) {
  U <- runif(n)  # Se toman como probabilidades de muerte
  t <- 1
  cont <- 1

  #Determinación del año de fallecimiento
  while (t == 1) {
    if (U[cont] < px[cont]) {
      cont <- cont + 1
    } else {
      t <- 0
    }
  }
  año_fallecimiento <- cont - 1

  #Asignar los pagos correspondientes al año de fallecimiento
  if (año_fallecimiento < 30) {
    pago[año_fallecimiento + 1] <- pago[año_fallecimiento + 1]+suma_asegurada_2
  } else if (año_fallecimiento ==30) {
    pago[31] <- pago[31]+ suma_asegurada_1
  }else {
    pago[31] <- pago[31] + suma_asegurada_1
    pago[año_fallecimiento + 1] <- pago[año_fallecimiento + 1]+suma_asegurada_1
  }
}

resultado <- data.frame("Años pago"= datos$year, "Pago" = pago)
```

El histograma de los pagos esperados por año es el siguiente:

```r
ggplot(data = resultado, aes(x = Años.pago, y = Pago)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "blue") +
  labs(title = "Histograma de Pagos Esperados por año", x = "Años",
       y = "Frecuencia")+
  theme_minimal()
```



Es evidente que la mayor cantidad de pagos se sitúan a los 60 años y posteriomente después de los 60, lo que indica que es más probable que el cliente fallezca después de los 60 años.

Se puede verificar el resultado obtenido por MCMC si lo comparamos con un histograma obtenido mediante un método determinista como el que se muestra a continuación:

```r
#----- Método determinista-----------------------------------------------------/

qx<- datos$qx

#Se crea una función que obtiene n_p_30(probabilidad de sobrevivencia acumulada)
n_p_30 <- c(0)

n_p_30_function <- function(px) {

  for (i in 1:length(px)) {
    resultado <-1
    for(j in 1: i){
      resultado <- resultado*px[j]
    }
```

```
    n_p_30[i] <- resultado
  }

  return(n_p_30)
}

n_p_30 <- n_p_30_function(px)

datos$n_p_30 <- n_p_30


#se calculan los pagos esperados para cada año
pago_esperado <- c(0)
pago_esperado[1] <- suma_asegurada_2*qx[1]

#caso fallecimiento antes de los 60 años
for (i in 2: 29 ) {
    pago_esperado[i] <- suma_asegurada_2*n_p_30[i-1]*qx[i]
}

#caso sobrevive a los 60 años

pago_esperado[30] <-suma_asegurada_1*n_p_30[30]

#caso fallecimiento después de los 60 años

for (i in 1: (length(px)-30)) {
  pago_esperado[30+i] <- suma_asegurada_1*n_p_30[30+i-1]*qx[30+i]
}

resultado_determinista <- data.frame("Años pago"= datos$year,
                                     "Pago" = pago_esperado)

ggplot(data = resultado_determinista, aes(x = Años.pago, y = Pago)) +
  geom_bar(stat = "identity", fill = "blue") +
  labs(title = "Histograma de Pagos Esperados por año", x = "Años",
       y = "Frecuencia")+
  theme_minimal()
```

Como se puede observar, los pagos esperados mediante el método determinista y el MCMC muestran distribuciones muy similares. Por tanto, se verifica que el resultado que se obtuvo por el método MCMC es aceptable.