Práctica 1

ITAM - Métodos Numéricos y Optimización (MAT-34420)

AUTHOR
Lauro Reyes Rosas - 214532

October 10, 2024

Una función implítica es una función de la forma:

$$F(x,y) = 0$$

Las funciones implícitas se pueden utilizar para modelar objetos geométricos. Así, un objeto geométrico puede estar definido en términos de $F: \mathbb{R}^2 \to \mathbb{R}$ como:

$$\mathcal{G} = \left\{ (x,y) \in \mathbb{R}^2 \mid F(x,y) \leq 0
ight\} \subset \mathbb{R}^2.$$

Considera la región \mathcal{G} determinada por la función:

$$F(x,y) = (x^2 + y - 10)^2 + (x + y^2 - 12)^2 - 100$$

Calcular Bounding Box

Ya que es una función que se puede representar en el plano cartesiano, para calcular el bounding box se hará de forma visual empezando por -10 a 10 ya que igualando a 0 x o y no debe pasar de 10 para que $F(x,y) \leq 0$ gracias a la constante de -100

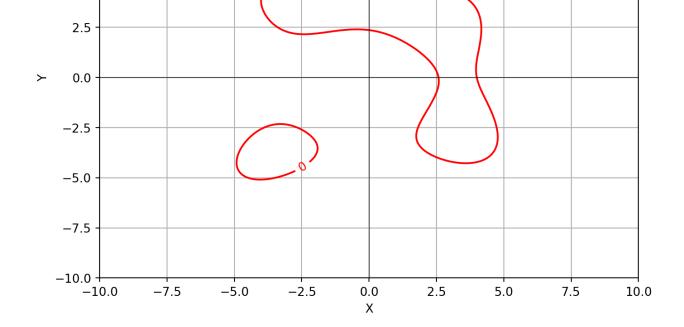
Definimos la función F(x, y)

```
def F(x, y):
return (x**2 + y - 10)**2 + (x + y**2 - 12)**2 - 100
```

Creamos gráfica para ver límites

```
x = np.linspace(-10, 10, 200)
y = np.linspace(-10, 10, 200)
X, Y = np.meshgrid(x, y)
# Calcular F en todos los puntos de la malla
Z = F(X, Y)
# Crear la gráfica
plt.figure(figsize=(8, 6))
contour = plt.contour(X, Y, Z, levels=[0], colors='red') # Dibujar el contorno donde F(x, y) = \{0\}
plt.clabel(contour, inline=True, fontsize=10)
plt.title(r"Contorno de la función F(x, y) = 0")
plt.xlabel("X")
plt.ylabel("Y")
plt.grid(True)
plt.axhline(0, color='black',linewidth=0.5)
plt.axvline(0, color='black',linewidth=0.5)
plt.show()
```





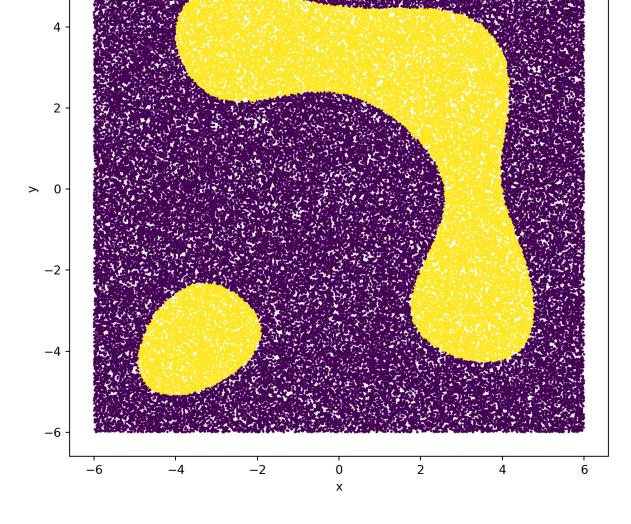
Al ver la gráfica podemos ver que un bounding box correcto, agregando un ligero margen, sería el cuadrado de $x \in [-6,6]$ y $y \in [-6,6]$

Estimación de área por Montecarlo

La estimación de área por Monte Carlo es un método que usa puntos generados al azar para aproximar el área de una figura. Podemos verlo como lanzar muchos puntos dentro de un rectángulo que rodea la figura. Luego, cuentas cuántos puntos caen dentro de la figura y cuántos fuera. Con esa proporción, multiplicada por el área del rectángulo, puedes calcular el área aproximada de la figura, incluso si su forma es irregular.

Primero graficamos cómo se vería esta definición con $10^5\,\mathrm{muestras}$:

```
# definimos el bounding box
x_{min}, x_{max} = -6, 6
y_{min}, y_{max} = -6, 6
bounding_box_area = (x_max - x_min) * (y_max - y_min)
# gráfica
num_points = 10**5
# puntos aleatorios
x_random = np.random.uniform(x_min, x_max, num_points)
y_random = np.random.uniform(y_min, y_max, num_points)
F_values = F(x_random, y_random)
# nos quedamos con los valores F(x, y) \le 0
points_inside = F_values <= 0</pre>
area_fraction = np.sum(points_inside) / num_points
estimated_area = bounding_box_area * area_fraction
# Visualización de los puntos
plt.figure(figsize=(8, 8))
plt.scatter(x_random, y_random, c=points_inside, s=1)
plt.title(f"Monte Carlo Estimation of Area: {estimated area:.2f} con $10^5$ muestras")
plt.xlabel("x")
plt.ylabel("y")
plt.show()
```



después de ver cómo se representa en el plano calculamos el área de $\mathcal G$ usando el método de Monte Carlo con $10^2, 10^3, \dots, 10^8$ muestras.

```
np.random.seed(44)
exp = [i for i in range(2,9)]
frames = []
for i in exp:
    num_points = 10**i
   x_random = np.random.uniform(x_min, x_max, num_points)
    y_random = np.random.uniform(y_min, y_max, num_points)
    F_values = F(x_random, y_random)
    points_inside = F_values <= 0</pre>
   # Área estimada
    area_fraction = np.sum(points_inside) / num_points
    estimated_area = bounding_box_area * area_fraction
    # guardar info
    frames.append({"muestras":num_points,"area_estimada":estimated_area})
estimated_area_df = pd.DataFrame(frames)
estimated_area_df.style.format({
    'muestras': '{:.0e}',
    'area_estimada': '{:.2f}'
})
```

	muestras	area_estimada	
0	1e+02	33.12	
1	1e+03	41.90	
2	1e+04	39.08	

3	1e+05	38.96
4	1e+06	38.81
5	1e+07	38.76
6	1e+08	38.77

Vemos que mientras más puntos mejor es nuestra aproximación del área dando un área de 38.77 unidades cuadradas con 10^8 muestras.

Estimación de área con método recursivo

En este caso calculamos el valor de F(x,y) en las esquinas del bounding box, en este caso todo va estar fuera de $\mathcal G$ ya que le dimos un margen, y al tener todas las esquinas fuera de $\mathcal G$ se volvera a calcular pero dividiendo el cuadrado en cuatro partes y se volverá a calcular las esquinas hasta llegar a la profundid máxima, una vez que se llega a la profundidad máxima se hará un montecarlo para ajustar el área del subconjunto que no vamos a volver a dividir.

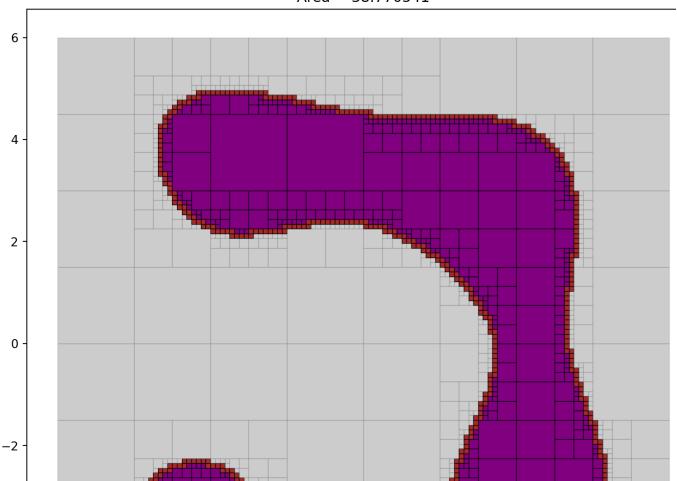
```
def polygon_area(xlims, ylims):
    """calcula el área de un rectángulo basado en sus coordenadas"""
    b = abs(xlims[1] - xlims[0])
    h = abs(ylims[1] - ylims[0])
    area = b * h
    return area
def recursive_plot(fun,xlims,ylims,maxdepth=5):
    Cálculo de área con método recursivo más gráfico explicativo
    fun - función implícita
    xlims - límites en x, array [xmin, xmax]
    ylims - límites en y, array [ymin, ymax]
    maxdepth - profundidad máxima de recursión"""
    result = 0
    # cálculo montecarlo
    n = 1000
    x = np.random.uniform(xlims[0], xlims[1], n)
    y = np.random.uniform(ylims[0], ylims[1], n)
    # cálculo de cuadrado
    polyx = np.array([xlims[0], xlims[0], xlims[1], xlims[1], xlims[0]])
    polyy = np.array([ylims[0], ylims[1], ylims[1], ylims[0], ylims[0]])
    corners = np.array([0,0,0,0])
    for i in np.array([0,1]):
        for j in np.array([0,1]):
            corners[2*i+j] = sign(fun(xlims[i],ylims[j]))
    if np.all(np.array(corners) == -1):
        # todo el conjunto esta en G
        plt.fill( polyx, polyy, color='purple',linewidth=0.5, edgecolor="k")
        result += polygon_area(xlims, ylims)
    elif np.all(np.array(corners) == 1):
        # todo el conjunto está afuera
        # revisar si tiene parte de la función
        suc = np.sum(fun(x,y) \le 0)
        if suc > 0:
            # si la función esta en el conjunto subdividir y volver a evaluar
            xmid = (xlims[0]+xlims[1])/2
            ymid = (ylims[0]+ylims[1])/2
            result += recursive_plot(fun,[xlims[0],xmid],[ylims[0],ymid],maxdepth-1)
            result += recursive_plot(fun,[xmid,xlims[1]],[ylims[0],ymid],maxdepth-1)
            result += recursive_plot(fun,[xlims[0],xmid],[ymid,ylims[1]],maxdepth-1)
            result += recursive plot(fun.[xmid.xlims[1]].[vmid.vlims[1]].maxdepth-1)
```

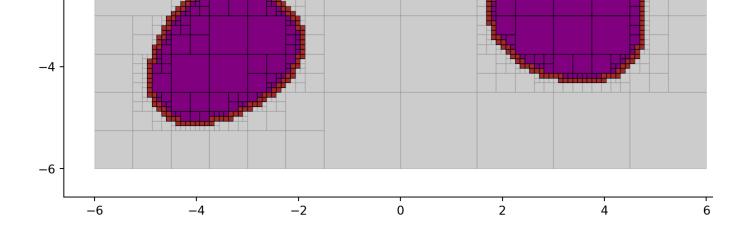
```
else:
        # si no hay parte de la función colorear de gris
        plt.fill( polyx, polyy,
            linewidth=0.5, edgecolor="k", color='gray',alpha=0.4
elif maxdepth == 0:
    # si llegó a la máxima profundidad terminar con montecarlo
    suc = np.sum(fun(x,y) \ll 0)
    plt.fill( polyx, polyy, color='brown',linewidth=0.5, edgecolor="k")
    result += (polygon_area(xlims, ylims) * (suc/n))
else:
    # si la función tiene partes en G y otras no subdividir y volver a evaluar
    xmid = (xlims[0]+xlims[1])/2
    ymid = (ylims[0]+ylims[1])/2
    result += recursive\_plot(fun,[xlims[0],xmid],[ylims[0],ymid],maxdepth-1)
    result += recursive_plot(fun,[xmid,xlims[1]],[ylims[0],ymid],maxdepth-1)
    result += recursive_plot(fun,[xlims[0],xmid],[ymid,ylims[1]],maxdepth-1)
    result += recursive_plot(fun,[xmid,xlims[1]],[ymid,ylims[1]],maxdepth-1)
return result
```

Graficamos la función donde el morado es los subconjuntos que detecto que pertenecen a \mathcal{G} y los cafes los aproximo por *montecarlo*.

```
np.random.seed(44)
fig = plt.figure( figsize=(10,10) )
result = recursive_plot(F,[-6,6],[-6,6],7)
plt.axis('equal')
plt.title(f"Area = {result:-2f}")
plt.show()
```

Area = 38.770541





Vemos que el área estimada es muy similar que estimando todo por montecarlo 38.77 unidades cuadradas

Cálculo de probabilidades

Caso de normal bivariada

Calculamos la probabilidad de que un punto aleatorio (x,y) esté en la región \mathcal{G} . Las componentes de $(x,y)\in\mathbb{R}^2$ se distribuyen como normal bivariada con medias μ_x,μ_y , desviaciones estándar σ_x,σ_y , y correlación p_{xy} .

$$\mathbb{P}[(x,y)\in\mathcal{G}]=?$$

Integral para calcular esta probabilidad.

La función de densidad conjunta de la distribución normal bivariada es

$$f(x,y) = rac{1}{2\pi\sigma_X\sigma_Y\sqrt{1-
ho^2}} \mathrm{exp}\left(-rac{1}{2(1-
ho^2)}\Bigg[rac{(x-\mu_X)^2}{\sigma_X^2} + rac{(y-\mu_Y)^2}{\sigma_Y^2} - 2
horac{(x-\mu_X)(y-\mu_Y)}{\sigma_X\sigma_Y}\Bigg]
ight)$$

Dando un integral de

$$\mathbb{P}[(x,y) \in \mathcal{G}] = \iint_{\mathcal{G}} \frac{1}{2\pi\sigma_X \sigma_Y \sqrt{1-\rho^2}} \exp\left(-\frac{1}{2(1-\rho^2)} \left[\frac{(x-\mu_X)^2}{\sigma_X^2} + \frac{(y-\mu_Y)^2}{\sigma_Y^2} - 2\rho \frac{(x-\mu_X)(y-\mu_Y)}{\sigma_X \sigma_Y} \right] \right) dx$$

Montecarlo: En este caso por la complejidad de la integral podemos usar Montecarlo para estimar el valor de \mathcal{G} , para esto se generan múltiples muestras (x,y) con la distribución normal bivariada especificada (con medias μ_x,μ_y , desviaciones estándar σ_x,σ_y , y correlación p_{xy}). Luego, se evalúa la función F(x,y) para determinar si cada muestra cae dentro de la región \mathcal{G} . La probabilidad se estima como la proporción de muestras que cumplen $F(x,y) \leq 0$ respecto al total de muestras generadas.

Calculamos montecarlo con muestras $10^2,10^3,\ldots,10^8$ suponiendo que las componentes de $(x,y)\in\mathbb{R}^2$ se distribuyen como normal bivariada con $\mu_x=\mu_y\in\{-6,-5,\ldots,5,6\}$, $\sigma_x=\sigma_y\in\{1,2,3,4,5\}$ y $p_{xy}=0$

```
def calcular_probabilidad_region(N, mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y, p_xy, F):
    """
    Calcula la probabilidad de que (x, y) esté en la región G utilizando Monte Carlo.

Args:
    N (int): Número de muestras aleatorias a generar.
    mu_x (float): Media de la distribución en el eje x.
    mu_y (float): Media de la distribución en el eje y.
    sigma_x (float): Desviación estándar en el eje x.
    sigma_y (float): Desviación estándar en el eje y.
    p_xy (float): Correlación entre x e y.
```

```
F (function): Función que define la región G (retorna True si está en la región).
    Returns:
        float: Probabilidad estimada de que (x, y) esté en la región G.
    # Matriz de covarianza para la normal bivariada
    cov_matrix = [[sigma_x**2, p_xy * sigma_x * sigma_y],
                   [p_xy * sigma_x * sigma_y, sigma_y**2]]
    # Generar N muestras aleatorias de la normal bivariada
    muestras = np.random.multivariate_normal([mu_x, mu_y], cov_matrix, N)
    return np.sum(np.array(F(muestras[:, 0], muestras[:, 1])) <= 0) / len(muestras)</pre>
mus = np.arange(-6, 7, 1)
sigmas = [1, 2, 3, 4, 5]
p_xy = 0
N_{\text{values}} = [10**i \text{ for } i \text{ in } range(2, 9)]
frames = list()
# Calcular la probabilidad para cada combinación de parámetros
for mu_x in mus:
    mu_y = mu_x
    for sigma_x in sigmas:
        sigma y = sigma x
        for N in N_values:
            probabilidad = calcular_probabilidad_region(N, mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y, p_xy, F)
            frames.append({"N":N, "mu_x":mu_x, "mu_y":mu_y, "sigma_x":sigma_x,
            "sigma_y":sigma_y, "probabilidad":probabilidad})
probs = pd.DataFrame(frames)
```

Distribuciones con mayor probabilidad

Vemos que las distribuciones con mayor probabilidad son

```
top_probs = (
    probs
    .sort_values('probabilidad',ascending=False)
    .drop_duplicates(subset=['mu_x','mu_y','sigma_x','sigma_y'])
    .head(4)
)
top_probs.style.format({
    'probabilidad': '{:.4f}',
    'N': '{:.1e}'
})
```

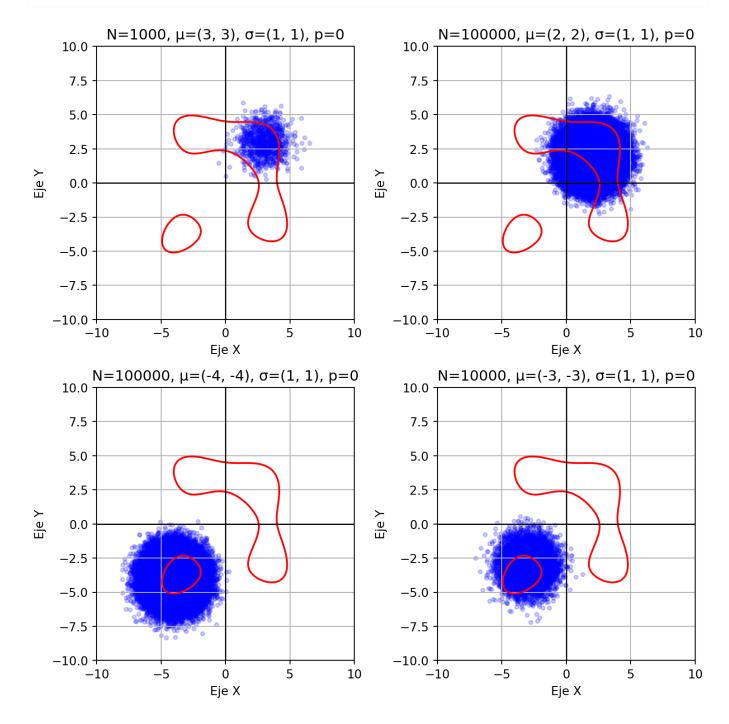
	N	mu_x	mu_y	sigma_x	sigma_y	probabilidad
316	1.0e+03	3	3	1	1	0.7600
283	1.0e+05	2	2	1	1	0.7448
73	1.0e+05	-4	-4	1	1	0.5628
107	1.0e+04	-3	-3	1	1	0.5119

Y graficamos comparando con la F(x, y)

```
params = top_probs.drop(columns=['probabilidad']).values
fig, axes = plt.subplots(2, 2, figsize=(8, 8))
for (i, ax), param in zip(enumerate(axes.flatten()), params):
```

```
N, mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y = param
plt.sca(ax)
# función para hacer subplot con los puntos de la distribución
# bivariada y F
plot_bivariate_gaussian(mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y, N)

plt.tight_layout()
plt.show()
```



Distribuciones con menor probabilidad

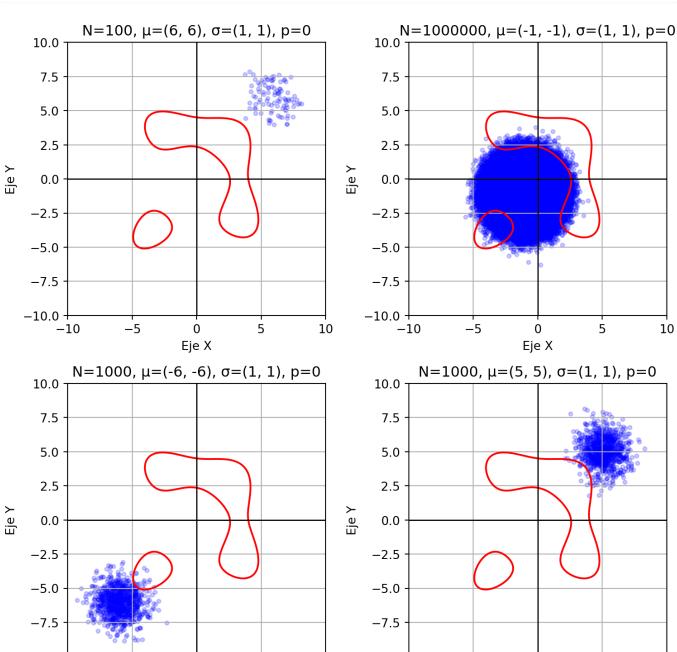
```
low_probs = (
    probs
    .sort_values('probabilidad')
    .query("N < 10**7") # quitar muestras altas por memoria en gráficas
    .drop_duplicates(subset=['mu_x','mu_y','sigma_x','sigma_y'])
    .head(4)
)
low_probs.style.format({
    'probabilidad': '{:.4f}',</pre>
```

```
'N': '{:.1e}'
})
```

	N	mu_x	mu_y	sigma_x	sigma_y	probabilidad
420	1.0e+02	6	6	1	1	0.0000
179	1.0e+06	-1	-1	1	1	0.0097
1	1.0e+03	-6	-6	1	1	0.0140
386	1.0e+03	5	5	1	1	0.0230

```
params = low_probs.drop(columns=['probabilidad']).values
fig, axes = plt.subplots(2, 2, figsize=(8, 8))
for (i, ax), param in zip(enumerate(axes.flatten()), params):
    N, mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y = param
    plt.sca(ax)
    # función para hacer subplot con los puntos de la distribución
    # bivariada y F
    plot_bivariate_gaussian(mu_x, mu_y, sigma_x, sigma_y, N)

plt.tight_layout()
plt.show()
```





Interpretación

A pesar de que la probabilidad máxima con una distribución normal bivariada es

$$\mathbb{P}\left[(x,y)\in\mathcal{G}\mid(x,y)\sim\mathcal{N}(\mu_{xy},\Sigma)
ight]=0.76,$$

esta aproximación no es muy confiable, ya que la región cubierta por la distribución es pequeña y se concentra solo en una parte específica de \mathcal{G} . En contraste, aunque la probabilidad con una distribución uniforme es menor,

$$\mathbb{P}\left[(x,y)\in\mathcal{G}\mid (x,y)\sim\mathcal{U}(-6,6) imes\mathcal{U}(-6,6)
ight]=0.27,$$

esta distribución cubre toda el área de \mathcal{G} , lo que resulta en una mejor estimación del área de F(x,y), ya que no se limita a una región específica.