Problema 1 - Teorema del Límite Central

Carlos Sierra Guzman, Camilo Vega Rámirez

2023-02-27

Contenido

Introducción

El presente documento es la respuesta al problema 1 de la Unidad 2 del curso Métodos y Simulación Estidística.

Cada seccion esta compuesta por el puto a resolver, metodologia y resultado.

Al final del documuento se encuentra como anexos los códigos usados para la creación de las metodologias de las secciones, y se cuentan con links en el cuerpo del documento para navegar a travez del mismo.

Problema 1

> *Teorema del Límite Central*
>
> *El Teorema del Límite Central es uno de los más importantes en la inferencia estadística y habla sobre la convergencia de los estimadores como la proporción muestral a la distribución normal. Algunos autores afirman que esta aproximación es bastante buena a partir del umbral n>30.*
>
> *A continuación se describen los siguientes pasos para su verificación:*

Sección A

Punto A a Resolver

> *a. Realice una simulación en la cual genere una población de N=1000 (Lote), donde el porcentaje de individuos (supongamos plantas) enfermas sea del 50%.*

Metodología Punto A

Se crea la función `sim_plantas_enfermas` para simular la una proporción de plantas enfermas dada una población.

Se genera la simulación de N = 1000 con 50% de plantas enfermas y se genera tabla para comprobar que las cantidades sean las correctas.

Ir a código sección a

Resultado A

plantas_enfermas_50	n
FALSE	500
TRUE	500

Sección B

Punto B a Resolver

> *b. Genere una función que permita: Obtener una muestra aleatoria de la población y Calcule el estimador de la proporción muestral* $\hat{p}$ para un tamaño de muestra dado n.

Metodología Punto B

Se crea la función `sample_prop` para extraer `n` muestras de un vector `x`.

Se verifica el funcionamiento de la función para un `n = 500` sobre la población simulada.

Ir a código sección b

Resultado B

```
## [1] "Estimador de prueba = 0.482"
```

Sección C

Punto C a Resolver

> *c. Repita el escenario anterior (b) n=500 veces y analice los resultados en cuanto al comportamiento de los 500 resultados del estimador* $\hat{p}$. ¿Qué tan simétricos o sesgados son los resultados obtenidos? y ¿qué se puede observar en cuanto a la variabilidad?. Realice en su informe un comentario sobre los resultados obtenidos.

Metodología Punto C

Se crea la función `rep_sample_prop` que nos permite repetir la función `sample_prop` un numero `rep` de veces.

Se realiza la simulación de 500 veces el calculo del estimador $\hat{p}$ con una muestra de `n = 500` sobre la población simulada.

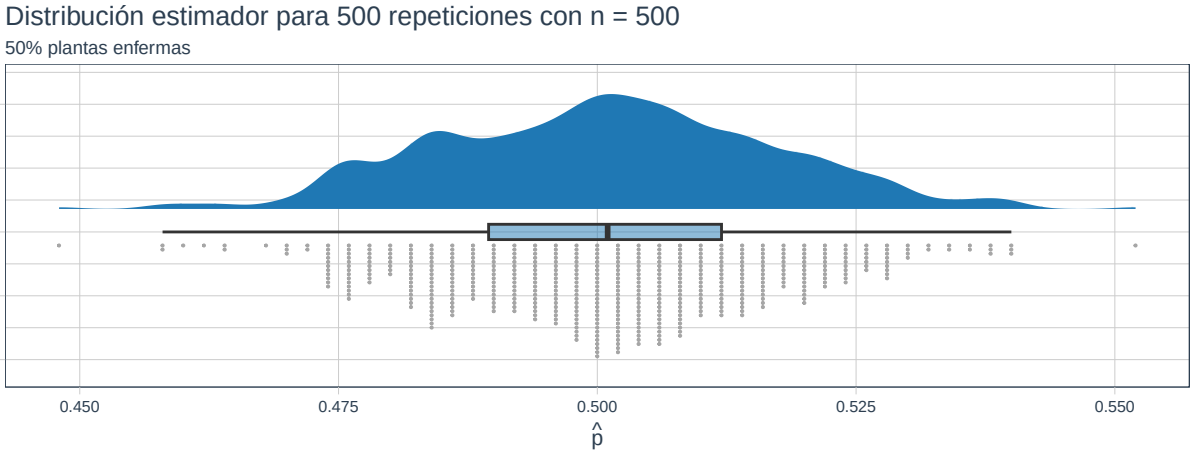
Se crea la función `gg_rain_cloud`, que toma un vector y genera un grafico de rain cloud.

Se crea la función `medidas_resumen`, que toma un vector y muestra en forma de tabla medidas de resumen respecto a simetria, sesgo y variabilidad.

Se usan `gg_rain_cloud` y `medidas_resumen` sobre las 500 simulaciones para su analisis.

Ir a código sección c

Resultado C



mean	median	sd	min	max	skewness	kurtosis
0.5007	0.501	0.0162	0.448	0.552	0.0028	-0.1586

Con un tamaño de muestra n = 500 y 500 repeticiones, se observa que los estimadores presentan indicadores de skewness y kurtosis, bajos, que sumados a la grafica nos muestran que los datos pueden considerarse simetricos, igualmente tanto la mediana como el promedio del estimador se aproximan al valor real de la proporcion de la población que es de 50% lo que nos indica que la distribución de los estimadores es in-sesgadas, por último la desviación estandar de los estimadores es del 1.60%, con un rango que oscila aproximadamente dentro del ± 5%.

Todo lo anterior nos muestra que con un tamaño de muestra de n = 500 la distribución de los estimadores se asemeja a una distribución normal y muestran una buena aproximación a la proporción real de la población.

Sección D

Punto D a Resolver

> *d. Repita los puntos b y c para tamaños de muestra n=5, 10, 15, 20, 30, 50, 60, 100, 200, 500. Compare los resultados obtenidos para los diferentes tamaños de muestra en cuanto a la normalidad. Utilice pruebas de bondad y ajuste (shapiro wilks :shspiro.test()) y métodos gráficos (grafico de normalidad: qqnorm()). Comente ensu informe los resultados obtenidos.*

Metodología Punto D

Se realiza la simulación de 500 veces el calculo del estimador $\hat{p}$ con multiles tamaños de muiestra `n` (5, 10, 15, 20, 30, 50, 60, 100, 200 y 500) sobre la población simulada, y se colocan en un data frame.

Se crea la función `medidas_resumen_multiple`, que toma un data frame y muestra en forma de tabla medidas de resumen y tests de normalidad de una columna seleccionada agupados por otra columna seleccionada.

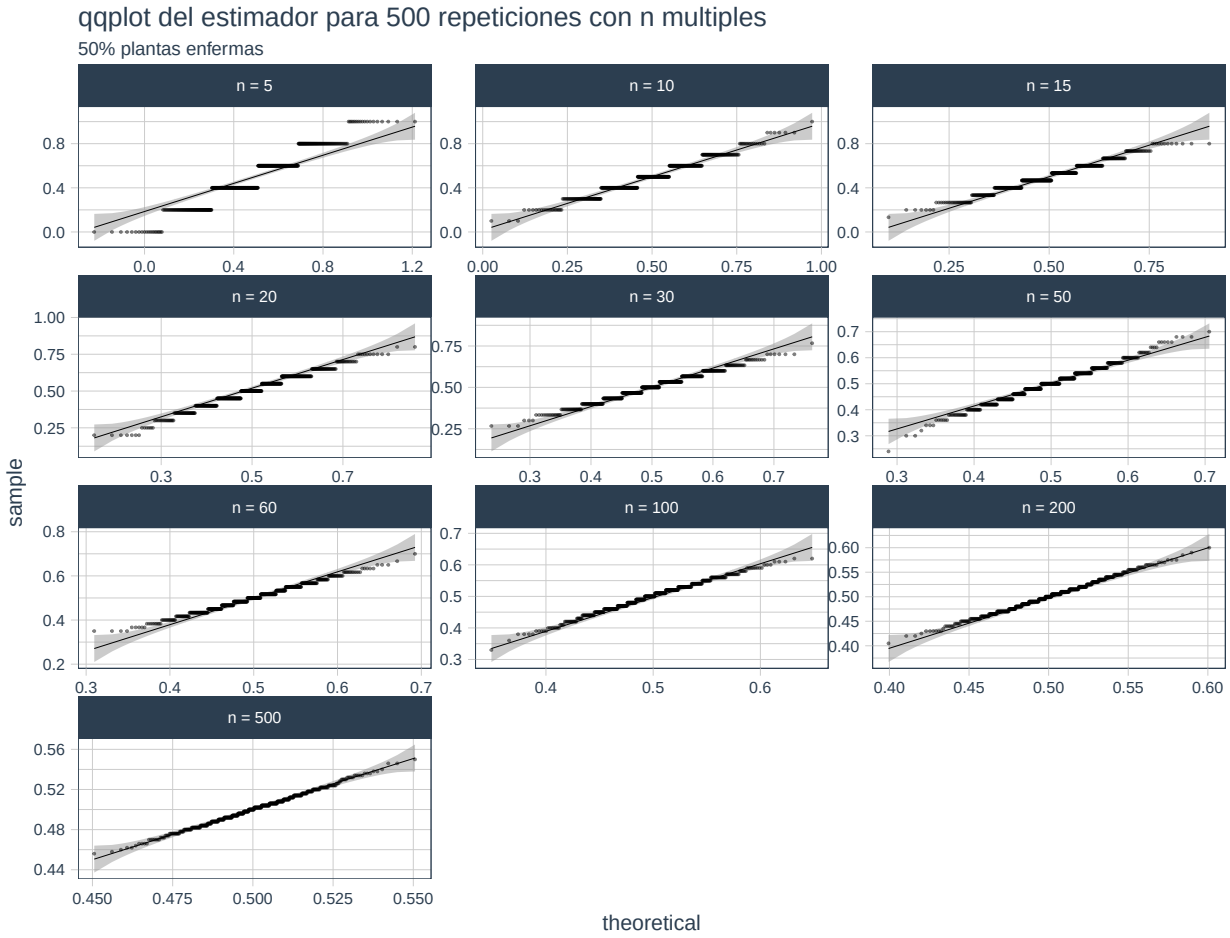
Se crea la función `gg_qq_plot`, que toma un data frame y realiza graficos de normalidad tipo `qqnor` de una columna seleccionada, agrupados por otra columna seleccionada.

Se usan `medidas_resumen_multiple` y `gg_qq_plot` sobre el data frame con las 500 simulaciones para distintos tamaños de nuestra `n` para su analisis.

Ir a código sección d

Resultado D

n	mean	median	sd	Shapiro-Wilk test P-Value
5	0.4936	0.4000	0.2329	0.0000
10	0.4992	0.5000	0.1534	0.0000
15	0.4995	0.4667	0.1298	0.0000
20	0.5057	0.5000	0.1144	0.0000
30	0.4997	0.5000	0.0852	0.0001
50	0.4972	0.5000	0.0675	0.0017
60	0.5011	0.5000	0.0620	0.0045
100	0.4987	0.5000	0.0485	0.0090
200	0.5002	0.5000	0.0326	0.2231
500	0.5006	0.5020	0.0162	0.4944



Podemos ver que a medida que aumentan los tamaños de muestas el promedio y mediana de los estimadores se aproximan cada vez más a la proporción real de la población, igualmente la desviación estardar disminuye.

Así mismo se observa en las graficas de qqnorm que a mayor n, la distribución de los estimadores se parece más a una distrivución normal lo cual se comprueba con el test de Shapiro-Wilk el cual es positivo para normalidad a partir de n = 200.

Podemos entonces decir que estas simulaciones demuestran el teorema del limite central, ya que la distribución de la media de nuestra muestra aleatoria de nuestra población de plantas enfermas se aproxima a una distribución normal cuando el tamaño de la muestra es suficientemente grande.

---

e. Repita toda la simulación (puntos a – d), pero ahora para lotes con 10% de plantas enfermas y de nuevo para lotes con un 90% de plantas enfermas. Concluya sobre los resultados del ejercicio.

```
plantas_enfermas_10 <- sim_plantas_enfermas(1000, 0.1)

table(plantas_enfermas_10) %>%
    as_tibble() %>%
    kable()
```

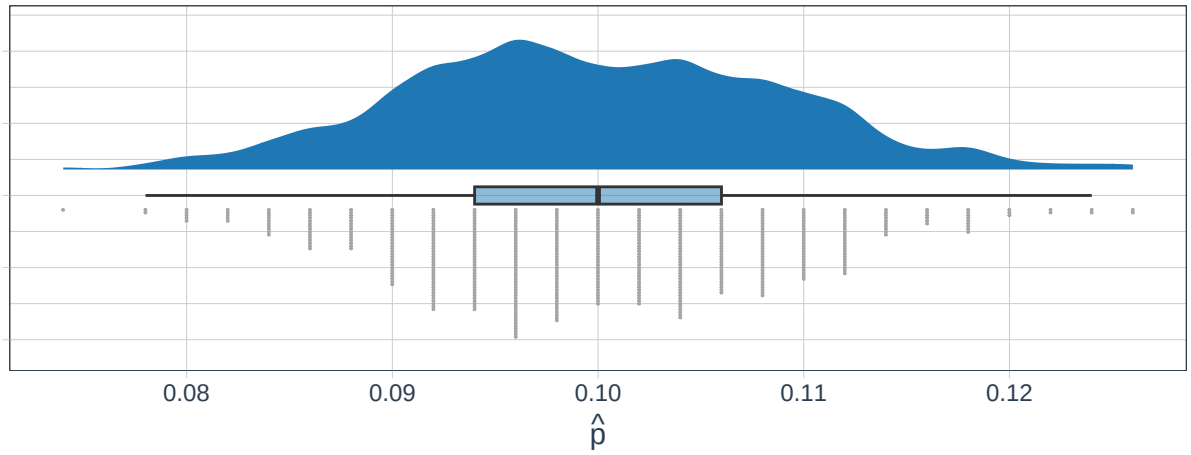
plantas_enfermas_10	n
FALSE	900
TRUE	100

```
# set.seed(1234)
#
# sample_prop(plantas_enfermas_10,500)

set.seed(1234)

muesta_repetida_10 <-  rep_sample_prop(plantas_enfermas_10,500, 500)

muesta_repetida_10 %>%
    as_tibble() %>%
    summarise(mean = mean(value), median = median(value), sd = sd(value),
              min = min(value), max = max(value),
              skewness = skewness(value)) %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
    kable()
```

mean	median	sd	min	max	skewness
0.0999	0.1	0.0091	0.074	0.126	0.1205

```
ggplot(muesta_repetida_10 %>% as_tibble() , aes( y = value)) +
    stat_halfeye(adjust = 0.5, justification = -0.2, .width = 0, point_colour = NA,
                 fill = "#1F78B4") +
    geom_boxplot(width = 0.12, outlier.color = NA, alpha = 0.5, fill = "#1F78B4") +
    stat_dots(side = "left", justification = 1.1, fill = "#1F78B4") +
```

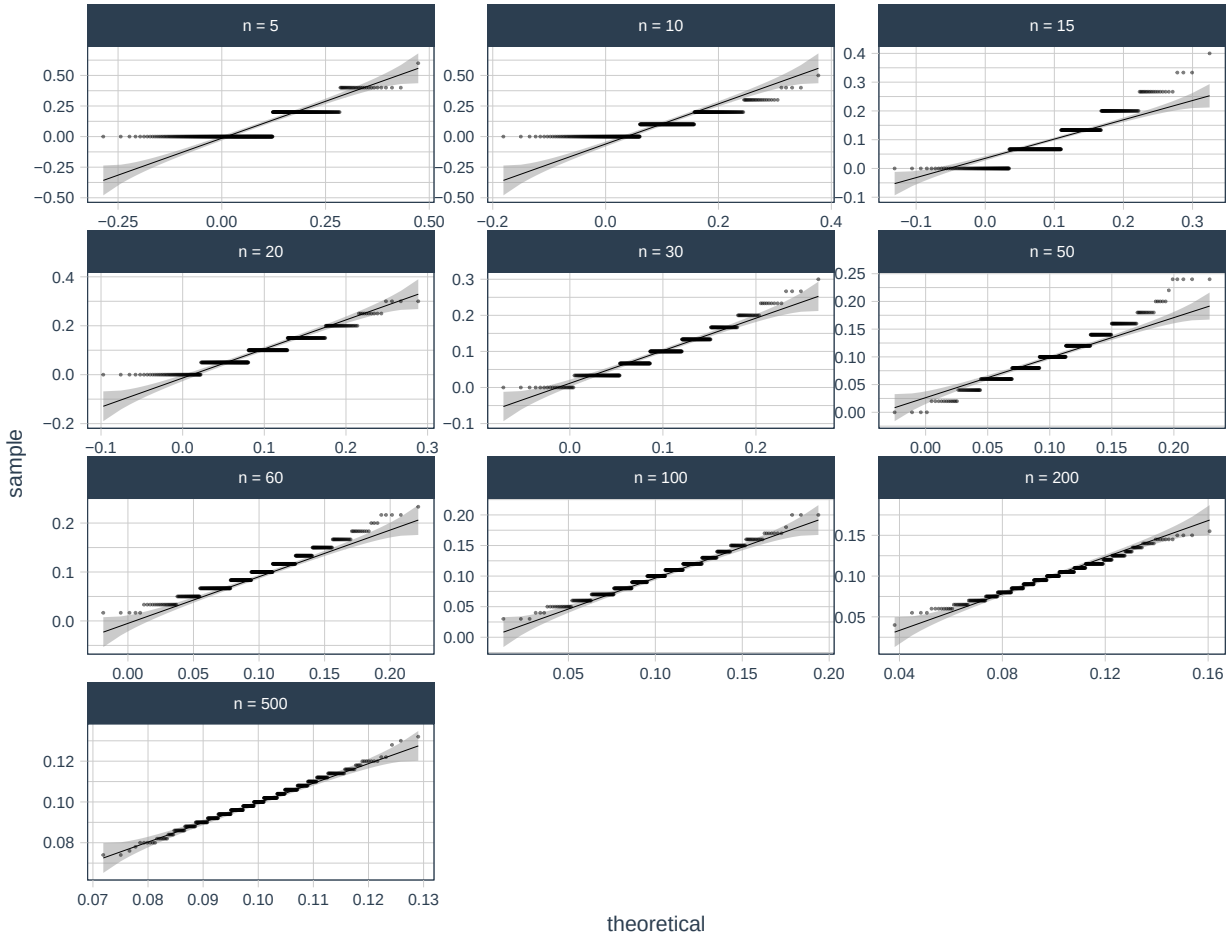
```
    coord_flip() +
    theme_tq() +
    scale_fill_tq(theme = "light") +
    theme(axis.text.y = element_blank()) +
    xlab("") +
    ylab(expression(hat("p")))
```




```
set.seed(1234)

muesta_repetida_multiple_10 <-  map_df(c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60, 100, 200, 500),
                                       ~ tibble(
                                           p_hat = rep_sample_prop(plantas_enfermas_10,
                                                                   ., 500),
                                           n = as_factor(.)))

muesta_repetida_multiple_10 %>%
    group_by(n) %>%
    summarise(mean = mean(p_hat), median = median(p_hat), sd = sd(p_hat),
              `Shapiro test P-Value` = shapiro.test(p_hat)$p.value,
              `Anderson-Darling test P-Value` = ad.test(p_hat)$p.value) %>%
    ungroup() %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
    kable()
```

n	mean	median	sd	Shapiro test P-Value	Anderson-Darling test P-Value
5	0.0940	0.0000	0.1229	0.0000	0.0000
10	0.0980	0.1000	0.0904	0.0000	0.0000
15	0.0968	0.0667	0.0738	0.0000	0.0000
20	0.0957	0.1000	0.0625	0.0000	0.0000
30	0.0979	0.1000	0.0548	0.0000	0.0000
50	0.1019	0.1000	0.0411	0.0000	0.0000
60	0.1013	0.1000	0.0389	0.0000	0.0000
100	0.1032	0.1000	0.0293	0.0000	0.0000
200	0.0994	0.1000	0.0198	0.0027	0.0003
500	0.1005	0.1000	0.0093	0.0466	0.0055

```
ggplot(muesta_repetida_multiple_10,  aes(sample = p_hat)) +
    stat_qq_band(alpha = 0.5) +
    stat_qq_line(linewidth = 0.1) +
    stat_qq_point(alpha = 0.5, size = 0) +
    facet_wrap(vars( factor(str_c("n = ",n),
                            levels = c(str_c("n = ",c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60,
                                                      100, 200, 500))))),
               nrow =  4, scales = "free") +
    theme_tq() +
    theme(panel.spacing = unit(0, "lines"),
          text = element_text(size = 8))
```




```
plantas_enfermas_90 <- sim_plantas_enfermas(1000, 0.9)

table(plantas_enfermas_90) %>%
    as_tibble() %>%
    kable()
```

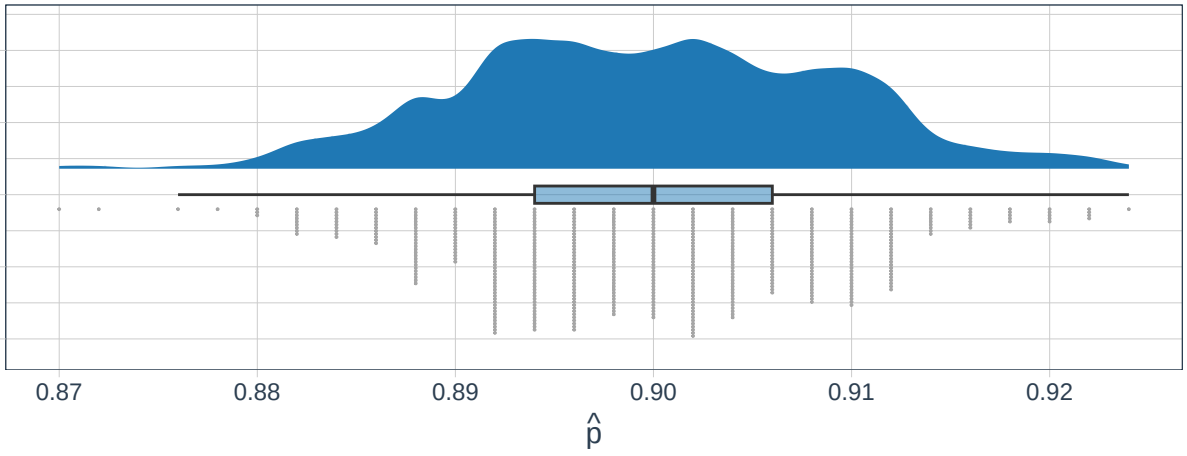
plantas_enfermas_90	n
FALSE	100

plantas_enfermas_90	n
TRUE	900

```
# set.seed(1234)
#
# sample_prop(plantas_enfermas_90,500)

set.seed(1234)

muesta_repetida_90 <-  rep_sample_prop(plantas_enfermas_90, 500, 500)

muesta_repetida_90 %>%
    as_tibble() %>%
    summarise(mean = mean(value), median = median(value), sd = sd(value),
              min = min(value), max = max(value),
              skewness = skewness(value)) %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
    kable()
```

mean	median	sd	min	max	skewness
0.8998	0.9	0.0092	0.87	0.924	-0.0223

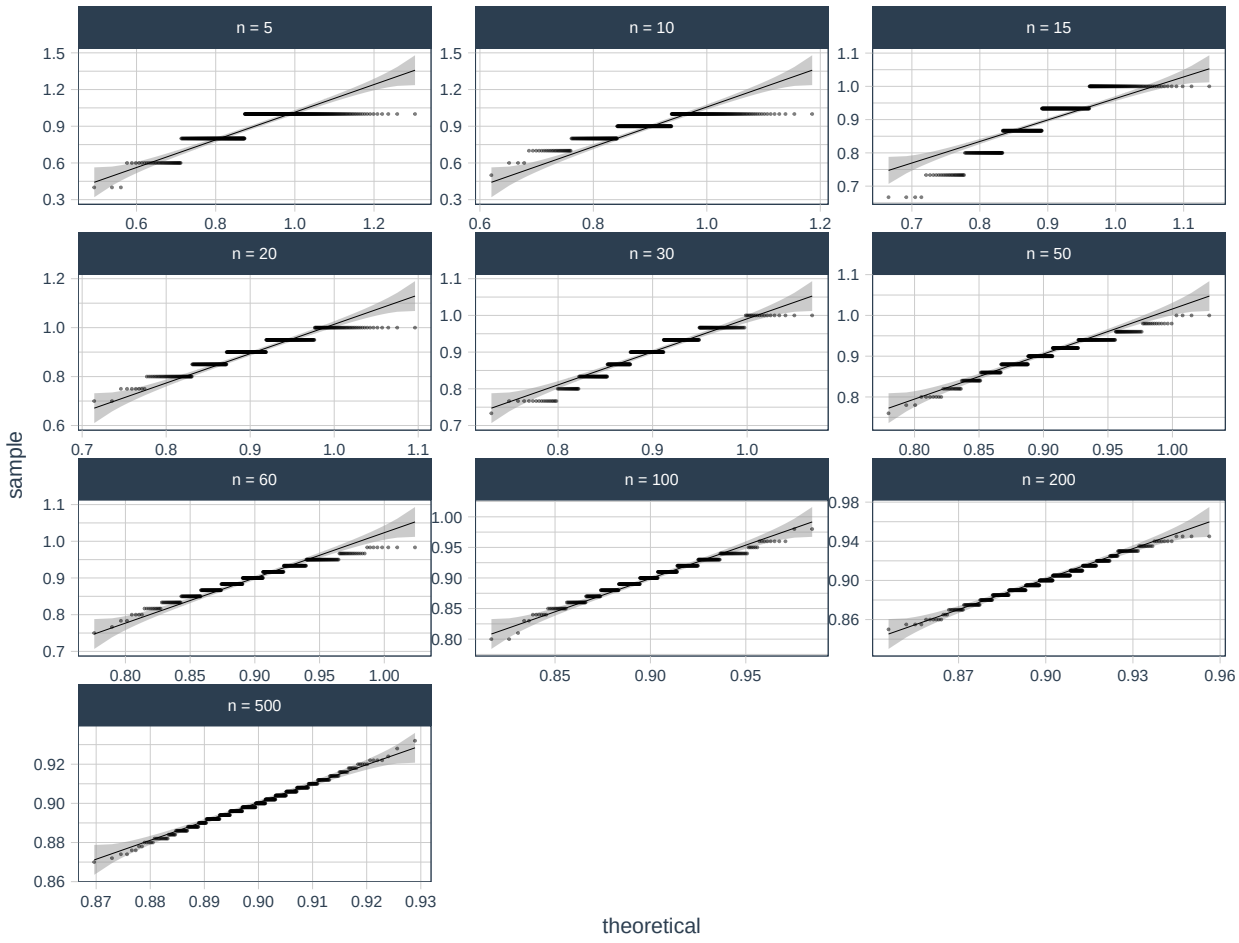
```
ggplot(muesta_repetida_90 %>% as_tibble() , aes( y = value)) +
    stat_halfeye(adjust = 0.5, justification = -0.2, .width = 0, point_colour = NA,
                 fill = "#1F78B4") +
    geom_boxplot(width = 0.12, outlier.color = NA, alpha = 0.5, fill = "#1F78B4") +
    stat_dots(side = "left", justification = 1.1, fill = "#1F78B4") +
    coord_flip() +
    theme_tq() +
    scale_fill_tq(theme = "light") +
    theme(axis.text.y = element_blank()) +
    xlab("") +
    ylab(expression(hat("p")))
```



```
set.seed(1234)

muesta_repetida_multiple_90 <-  map_df(c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60, 100, 200, 500),
                                       ~ tibble(
                                           p_hat = rep_sample_prop(plantas_enfermas_90,
                                                                   ., 500),
                                           n = as_factor(.)))

muesta_repetida_multiple_90 %>%
    group_by(n) %>%
    summarise(mean = mean(p_hat), median = median(p_hat), sd = sd(p_hat),
              `Shapiro test P-Value` = shapiro.test(p_hat)$p.value,
              `Anderson-Darling test P-Value` = ad.test(p_hat)$p.value) %>%
    ungroup() %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
    kable()
```

n	mean	median	sd	Shapiro test P-Value	Anderson-Darling test P-Value
5	0.8984	1.0000	0.1313	0.0000	0.0000
10	0.9030	0.9000	0.0916	0.0000	0.0000
15	0.9017	0.9333	0.0765	0.0000	0.0000
20	0.9053	0.9000	0.0618	0.0000	0.0000
30	0.8991	0.9000	0.0550	0.0000	0.0000
50	0.9042	0.9000	0.0403	0.0000	0.0000
60	0.8998	0.9000	0.0401	0.0000	0.0000
100	0.9007	0.9000	0.0272	0.0000	0.0000
200	0.9011	0.9000	0.0179	0.0015	0.0001
500	0.8993	0.8980	0.0096	0.1224	0.0075

```
ggplot(muesta_repetida_multiple_90,  aes(sample = p_hat)) +
    stat_qq_band(alpha = 0.5) +
    stat_qq_line(linewidth = 0.1) +
    stat_qq_point(alpha = 0.5, size = 0) +
    facet_wrap(vars( factor(str_c("n = ",n),
                            levels = c(str_c("n = ",c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60,
                                                      100, 200, 500))))),
               nrow =  4, scales = "free") +
    theme_tq() +
    theme(panel.spacing = unit(0, "lines"),
          text = element_text(size = 8))
```



Código Librerias

```
library(tidyverse)      # Transformación de datos
library(normtest)       # Pruebas de normalidad
library(knitr)          # Renderizar tablas
library(ggdist)         # Expanción de graficas de ggplot
library(tidyquant)      # Tema de graficas de ggplot
library(nortest)        # Pruebas de normalidad
library(rapportools)    # Pruebas de normalidad
library(qqplotr)        # QQplot usando ggplot
```

Código A

Volver a metodología sección a

```
# Función para generar población n, con una propoporción prop de plantas enfermas
sim_plantas_enfermas <- function(n, prop){
    p <- round(n*prop)
    q <- n-p
    c(rep(TRUE,p), rep(FALSE,q))
```

```
}

# Simulando para N = 100 y 0.5 de plantas enfermas
plantas_enfermas_50 <- sim_plantas_enfermas(1000, 0.5)

# Tabla para visualizar simulación
table(plantas_enfermas_50) %>%
    as_tibble() %>%
    kable()
```

Código B

Volver a metodología sección b

```
# Función para tomar una muestra de tamaño n de un vector x
sample_prop <- function(x, n){
    sample(x, n) %>%
        sum()/n
}

# Reproducibilidad
set.seed(4321)

# Test de función con n = 500, sobre el vector plantas_enfermas_50
str_c("Estimador de prueba = ",
sample_prop(plantas_enfermas_50,500))
```

Código C

Volver a metodología sección c

```
# Función para repetir la función sample_prop un rep número de veces
rep_sample_prop <- function(x, n, rep){
    map_dbl(1:rep, ~ sample_prop(x,n))
}

# Reproducibilidad
set.seed(4321)

# Creación de 500 estimadores, para un n = 500 de muestras de plantas_enfermas_50
muesta_repetida_50 <-  rep_sample_prop(plantas_enfermas_50,500, 500)

# Función para crear grafico de rain cloud sobre un vector
gg_rain_cloud <- function(x, title, subtitle){
    ggplot(x %>% as_tibble() , aes( y = value)) +
    stat_halfeye(adjust = 0.5, justification = -0.2, .width = 0, point_colour = NA,
                 fill = "#1F78B4") +
    geom_boxplot(width = 0.12, outlier.color = NA, alpha = 0.5, fill = "#1F78B4") +
    stat_dots(side = "left", justification = 1.1, fill = "#1F78B4") +
    coord_flip() +
    theme_tq() +
    scale_fill_tq(theme = "light") +
```

```
    theme(axis.text.y = element_blank(),
          text = element_text(size = 8)) +
    xlab("") +
    ylab(expression(hat("p"))) +
    ggtitle(label = title,
            subtitle = subtitle)
}

# Función para crear tabla con medidas de resumen sobre un vector
medidas_resumen <-  function(x){
    x %>%
    as_tibble() %>%
    summarise(mean = mean(value), median = median(value), sd = sd(value),
              min = min(value), max = max(value),
              skewness = skewness(value), kurtosis= kurtosis(value))  %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
    kable()
}

# Creación rain cloud y tabla de resumen sobre las 500 rerpeticiones con muestra
# n = 500, sobre la población simulada
gg_rain_cloud(
    muesta_repetida_50,
    "Distribución estimador para 500 repeticiones con n = 500",
    "50% plantas enfermas")
medidas_resumen(muesta_repetida_50)
```

Código D

Volver a metodología sección d

```
# Reproducibilidad
set.seed(4321)

# Creación de 500 estimadores, para multiples n de muestras de plantas_enfermas_50
muesta_repetida_multiple_50 <-  map_df(c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60, 100, 200, 500),
                                       ~ tibble(
                                           p_hat = rep_sample_prop(plantas_enfermas_50,
                                                                   ., 500),
                                           n = as_factor(.)))

# Función para crear tabla con medidas de resumen sobre un data frame, para una
# columna agrupada por otra columna
medidas_resumen_multiple <- function(df, value, group){
  value <- enquo(value)
  group <- enquo(group)
  df %>%
    group_by(!!group) %>%
    summarise(mean = mean(!!value), median = median(!!value),
              sd = sd(!!value),
              `Shapiro-Wilk test P-Value` = shapiro.test(!!value)$p.value) %>%
    ungroup() %>%
    mutate(across(where(is.numeric), ~ round(.,4))) %>%
```

```
    kable()
}

# Función para crear grafico de qqplot sobre un data frame, para una columna
# agrupada por otra columna
gg_qq_plot <- function(df, value, group, title, subtitle){
  ggplot(df,  aes(sample = {{value}})) +
    stat_qq_band(alpha = 0.5) +
    stat_qq_line(linewidth = 0.1) +
    stat_qq_point(alpha = 0.5, size = 0) +
    facet_wrap(vars(factor(str_c("n = ",{{group}}),
                           levels = c(str_c("n = ",c(5, 10, 15, 20, 30, 50, 60,
                                                     100, 200, 500))))),
               nrow =  4, scales = "free") +
    theme_tq() +
    theme(panel.spacing = unit(0, "lines"),
          text = element_text(size = 8)) +
    ggtitle(label = title,
            subtitle = subtitle)
}


# Creación de tabla de resumen y qqplots sobre las 500 rerpeticiones con muestra
# n multiples, sobre la población simulada
medidas_resumen_multiple(muesta_repetida_multiple_50, p_hat, n)
gg_qq_plot(muesta_repetida_multiple_50, p_hat, n,
           "qqplot del estimador para 500 repeticiones con n multiples",
           "50% plantas enfermas")
```