

SESSION 4 SUMMARY

Victor Miguel Terrón Macias

21/1/2021

SESSION 4. ALGUNAS DISTRIBUCIONES, TEOREMA CENTRAL DEL LÍMITE Y CONTRASTE DE HIPOTESIS

CONCEPTOS DE ESTADÍSTICA INFERENCIAL BÁSICOS

DISTRIBUCIÓN BINOMIAL

Se define como un experimento con las siguientes características: * Consiste en un número fijo, n , de pruebas idénticas. * Cada prueba resulta en uno de dos resultados: éxito S o fracaso F * La probabilidad de éxito en una sola prueba es igual a algún valor p y es la misma de una prueba a otra. La probabilidad de fracaso es igual a $q = 1 - p$ * Las pruebas son independientes * La variable aleatoria (v.a.discreta) de interés es Y , el número de éxitos observado durante las n pruebas.

Se dice que una variable aleatoria Y tiene una distribución binomial basada en n pruebas con probabilidad p de éxito, si y solo si.

$$P_x = \binom{n}{x} p^x q^{n-x}$$

De donde P es probabilidad binomial, de donde x es el numero de veces para obtener un resultado específico en n ensayos, de donde $\binom{n}{x}$, de donde p es la probabilidad de exito en un solo ensayo, q es probabilidad de fallo en un solo ensayo y n es el numero de ensayos. Y donde P que es la posibilidad tiene que cumplir con $0 \leq P \leq 1$

EJEMPLO DE APLICACION DE DISTRIBUCION BINOMIAL

La última novela de un autor ha tenido un gran éxito, hasta el punto de que el 80% de los lectores ya la han leído. Hallar la probabilidad de que en un grupo de 4 amigos que son aficionados a la lectura, 2 hayan leído la novela.

1. Hallar la probabilidad de que una persona haya leído el libro es de 0.8, por lo que la probabilidad de que no lo haya leído es de 0.2. De donde tenemos los siguientes datos: $n = 4, k = 2, p = 0.8, q = 0.2$
2. Hallar la probabilidad de que máximo 2 personas del grupo de 4 amigos hayan leído la novela: tenemos los siguientes datos:

$$P(x \leq 2) = P(x = 0) + P(x = 1) + P(x = 2)$$

Sustituyendo los datos en la fórmula de distribución binomial tenemos lo siguiente:

$$P_{x \leq 2} = \binom{4}{0} (0.8)^0 (0.2)^{4-0} + \binom{4}{1} (0.8)^1 (0.2)^{4-1} + \binom{4}{2} (0.8)^2 (0.2)^{4-2} = 0.1808$$

DISTRIBUCIÓN NORMAL

A una distribución normal se le conoce como distribución Gaussiana o distribución de Laplace Gauss. Se utiliza solamente con variables continuas (variables que pueden tomar un número infinito de valores entre dos valores cualesquiera de una característica).

Su gráfica es en forma de campana y simétrica respecto de un determinado parámetro estadístico. Este tipo de distribución propicia el modelado de numerosos fenómenos naturales, sociales y psicológicos. El centro de la campana es el promedio. La desviación estándar nos indica que tan dispersos o separados están los datos con respecto a la media.

Para calcular la probabilidad normal se divide la cantidad de casos favorables entre la cantidad de datos totales, para ello se utiliza la siguiente fórmula:

$$z = \frac{x - \mu}{\sigma}$$

De donde tenemos que x es el valor de la condición y μ es el promedio también conocido como media y σ es la desviación estándar. Manualmente podríamos calcularlo con las tablas de distribución normal.

Las funciones de densidad de probabilidad (de variables aleatorias continuas) cumplen con las siguientes propiedades:

- El área bajo la curva de la función de densidad de probabilidad es igual a 1
- La probabilidad de que X se encuentre en determinado intervalo (a, b) es igual al área bajo la curva entre los puntos a y b .
- $P(X = c) = 0$ para cualquier valor c para el que se encuentre definida la función de densidad.

La función de densidad de probabilidad de una variable aleatoria x que se distribuye como normal con media μ y desviación estándar σ es:

$$f(x) = \frac{1}{\sigma \cdot \sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x - \mu)^2}{(2\sigma)^2}}$$

DISTRIBUCIÓN t DE STUDENT

La función de densidad t de Student se define como:

En el caso de la distribución t la media $\mu = 0$ y

$$\sigma^2 = \frac{v}{(v - 2)}$$

para $v > 2$ respectivamente.

La apariencia general de la distribución t es similar a la de la distribución normal estándar: ambas son simétricas y unimodales, y el valor máximo de la ordenada se alcanza en la media $\mu = 0$. Sin embargo, la distribución t tiene colas más amplias que la normal; esto es, la probabilidad de las colas es mayor que en la distribución normal. A medida que el número de grados de libertad tiende a infinito, la forma límite de la distribución t es la distribución normal estándar.

Densidad Normal

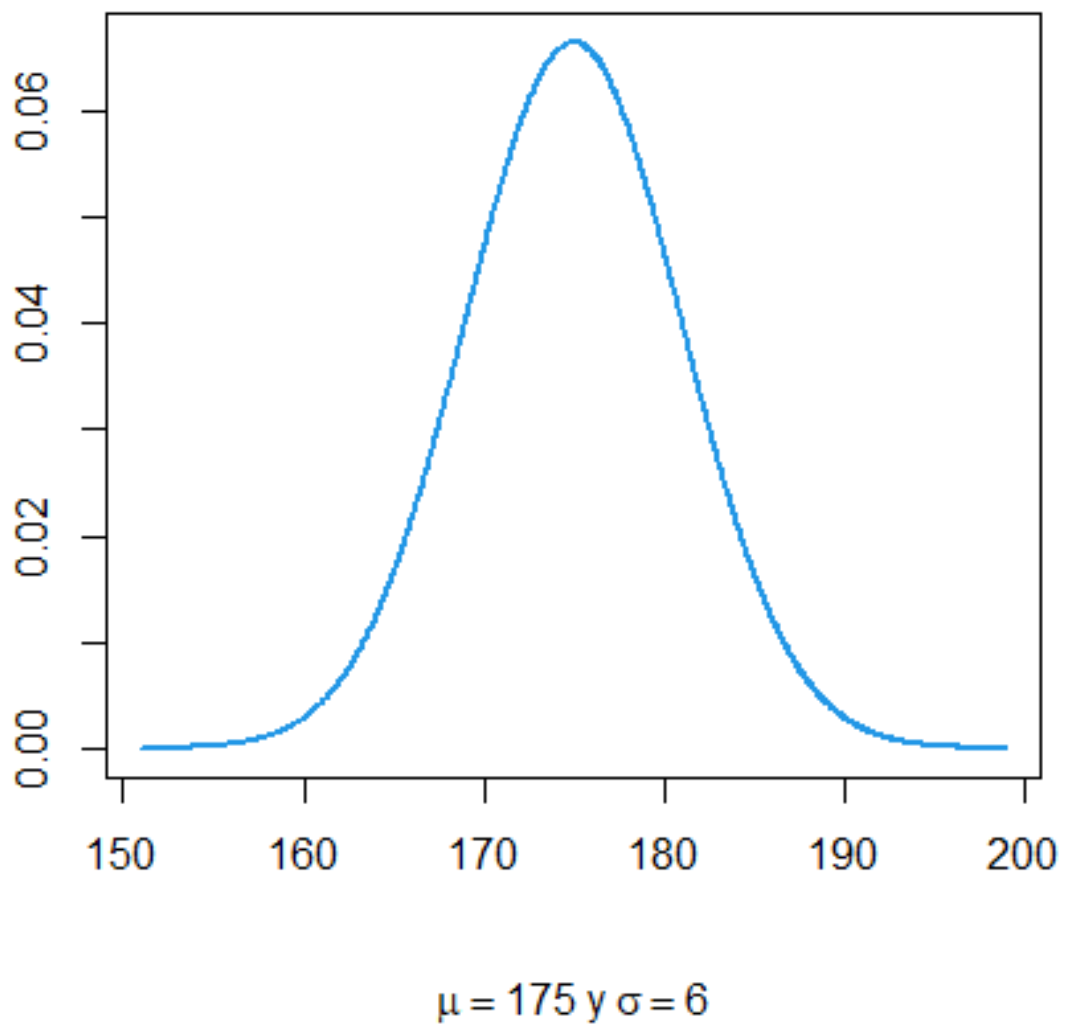


Figure 1: Distribución normal

PROPIEDADES DE LA DISTRIBUCIÓN t DE STUDENT

- Cada curva tiene forma de campana con centro en 0.
- Cada curva t está más dispersa que la curva normal estandar z
- A medida que v aumenta, la distribución de la curva t correspondiente disminuye
- A medida que $v \rightarrow \infty$ la secuencia de curvas t se aproxima a la curva normal estandar, por lo que la curva z recibe a veces el nombre de curva t con grados de libertad $(gl)gl = \infty$.

La distribución de la variable aleatoria t está dada por:

$$f(t) = \frac{\Gamma\left(\frac{v+1}{2}\right)}{\Gamma\left(\frac{v}{2}\right) \cdot \sqrt{\pi v \sigma}} \cdot \left(1 + \frac{1}{v} \left(\frac{x - \mu}{\sigma}\right)^2\right)^{-\frac{v+1}{2}}$$

De donde debemos recordar que σ^2 corresponde a varianza y no desviación estandar. Y que v son los grados de libertad.

La formula de la varianza es:

$$\sigma^2 \cdot \frac{v}{v-2}$$

, la moda es $= \mu$

TEOREMA DEL LÍMITE CENTRAL

Sean y_1, y_2, \dots, y_n variables aleatorias independientes y distribuidas idénticamente con $E(y_i) = \mu$ y $V(y_i) = \sigma^2 < \infty$. Definamos:

$$U_n = \frac{\sum_{i=1}^n y_i - n\mu}{\sigma\sqrt{n}} = \frac{\bar{y} - \mu}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}}$$

Entonces la función de distribución de U_n converge hacia la función de distribución normal estándar cuando $n \rightarrow \infty$. Esto es:

$$P(U_n) = \int_{-\infty}^u \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \cdot e^{-\frac{t^2}{2}} dt$$

Para toda u . Es decir que \bar{y} , está distribuida normalmente en forma asintótica con media μ y varianza

$$\frac{\sigma^2}{n}$$

.

El teorema central del límite se puede aplicar a una muestra aleatoria y_1, y_2, \dots, y_n para cualquier distribución mientras $E(y_i) = \mu$ y $V(y_i) = \sigma^2$ sean finitas y el tamaño muestral sea grande.

ESTIMADORES PUNTUALES INSESGADOS COMUNES

DEFINICIÓN Un estimador es una regla, a menudo expresada como una fórmula, que indica cómo calcular el valor de una estimación con base en las mediciones contenidas en una muestra.

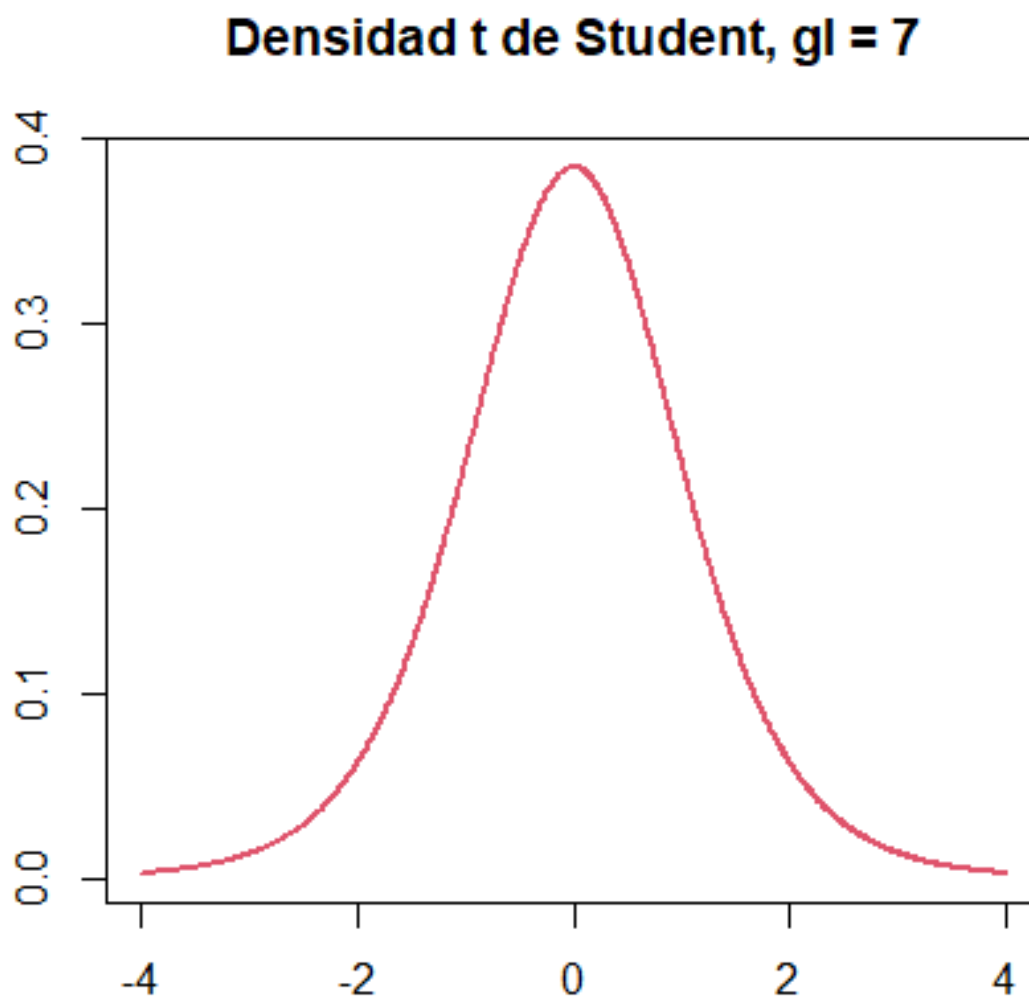


Figure 2: Densidad t de student con 7 GDL

Definición. Si $\hat{\theta}$ es un estimador puntual de un parámetro θ , entonces $\hat{\theta}$ es un estimador insesgado si $E(\hat{\theta}) = \theta$. Si $E(\hat{\theta}) \neq \theta$, se dice que $\hat{\theta}$ está sesgado.

Valores esperados y errores estándar de algunos estimadores puntuales comunes				
Parámetro objetivo θ	Tamaño(s) muestral(es)	Estimador puntual $\hat{\theta}$	$E(\hat{\theta})$	Error estándar $\sigma_{\hat{\theta}}$
μ	n	\bar{Y}	μ	$\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$
p	n	$\hat{p} = \frac{y}{n}$	p	$\sqrt{\frac{pq}{n}}$
$\mu_1 - \mu_2$	n_1 y n_2	$\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2$	$\mu_1 - \mu_2$	$\sqrt{\frac{\sigma_1^2}{n_1} + \frac{\sigma_2^2}{n_2}}$
$p_1 - p_2$	n_1 y n_2	$\hat{p}_1 - \hat{p}_2$	$p_1 - p_2$	$\sqrt{\frac{p_1 q_1}{n_1} + \frac{p_2 q_2}{n_2}}$
σ_1^2 y σ_2^2 son las varianzas de las poblaciones 1 y 2, respectivamente.				
Se supone que las dos muestras son independientes.				

Figure 3: valores esperados y errores estándar de algunos estimadores puntuales comunes

CONTRASTE DE HIPOTESIS

Los elementos de un contraste de hipótesis son: * Hipótesis nula, H_0 * Hipótesis alternativa, H_a * Estadístico de prueba * Región de rechazo

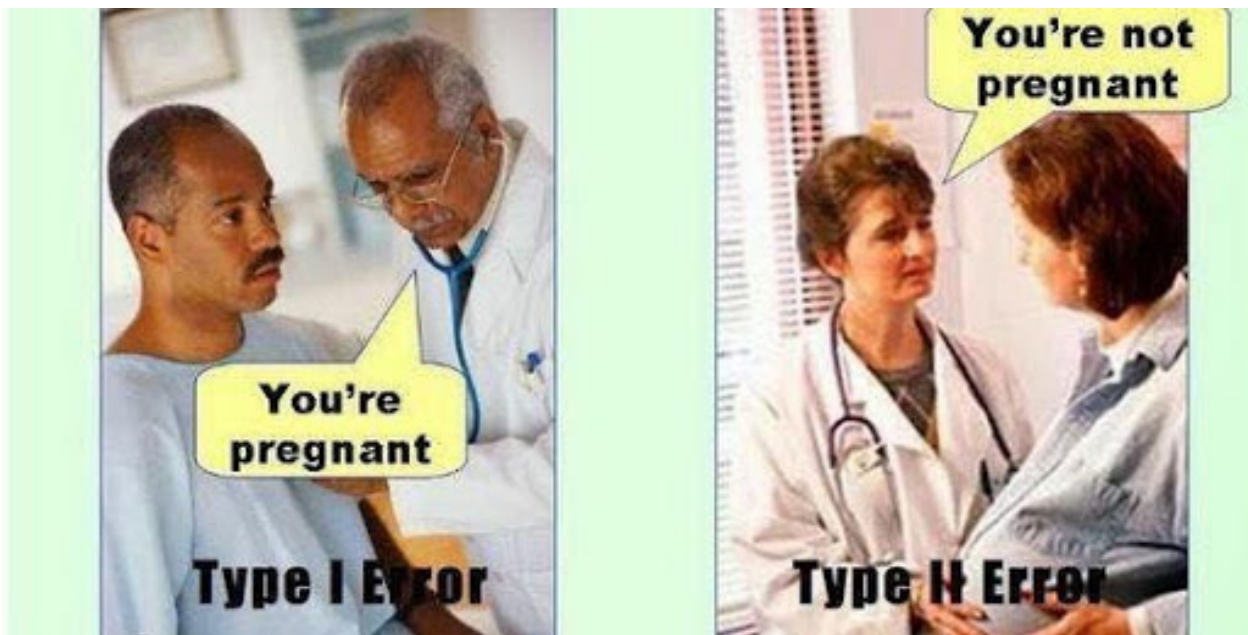
Nota: También llamaremos prueba de hipótesis a un contraste de hipótesis, sin caer en discusiones formales. Buscamos decidirnos por una de las hipótesis y no estamos exentos de cometer errores.

Definición. Se comete un *error tipo I* si H_0 es rechazada cuando H_0 es verdadera. La *probabilidad de un error tipo I* está denotada por α . El valor de α se denomina *nivel de la prueba*.

Se comete un *error tipo II* si H_0 es aceptada cuando H_a es verdadera. La probabilidad de un *error tipo II* está denotada por β .

Error tipo I y tipo II

H_0 : No hay embarazo vs H_a : Hay embarazo



CONTRASTES COMUNES CON MUESTRAS GRANDES

Suponga que deseamos contrastar un conjunto de hipótesis respecto a un parámetro con base a una muestra aleatoria Y_1, Y_2, \dots, Y_n . En esta sección desarrollaremos procedimientos de contrastes de hipótesis que están basados en un estimador que tiene una distribución muestral normal (aproximadamente) con media y error estándar.

Si 0 es un valor específico de, podemos probar $H_0: \theta = 0$ contra $H_a: \theta > 0$. En este caso, las hipótesis nula y alternativa, el estadístico de prueba y la región de rechazo son como sigue:

$$H_0 : \theta = \theta_0 .$$

$$H_a : \theta > \theta_0 .$$

Estadístico de prueba: $\hat{\theta}$.

Región de rechazo: $RR = \{ \hat{\theta} > k \}$, para alguna selección de k .

El valor real de k en la región de rechazo RR se determina al fijar la probabilidad α de error tipo I (el nivel de la prueba) y escoger k de conformidad. Si H_0 es verdadera, $\hat{\theta}$ tiene una distribución aproximadamente normal con media θ_0 y error estándar $\sigma_{\hat{\theta}}$.

Por tanto, si deseamos una prueba de nivel α ,

$$k = \theta_0 + z_{\alpha} \sigma_{\hat{\theta}}$$

Es la selección apropiada para k [si Z tiene una distribución normal estándar, entonces Z_{α} es tal que $P(Z > Z_{\alpha}) = \alpha$].

Figure 4: A

CONTRASTES DE HIPOTESIS DE NIVEL PARA MUESTRAS GRANDES

¿Cómo decidir cuál hipótesis alternativa usar para una prueba? La respuesta depende de la hipótesis que pretendemos apoyar. Si estamos interesados sólo en detectar un aumento en el porcentaje de piezas defectuosas, por ejemplo, debemos localizar la región de rechazo en la cola superior de la distribución normal estándar. Por otra parte, si deseamos detectar un cambio en p ya sea arriba o debajo de $p=0.10$, debemos localizar la región de rechazo en ambas colas de la distribución normal estándar y emplear una prueba de dos colas.

$$H_0 : \theta = \theta_0 .$$

$$H_a : \{ \theta > \theta_0 \text{ (alternativa de cola superior)} . \theta < \theta_0 \text{ (alternativa de cola inferior)} . \theta \neq \theta_0 \text{ (alternativa de dos colas)} .$$

Estadístico de prueba:

$$Z = \frac{\hat{\theta} - \theta_0}{\sigma_{\hat{\theta}}}$$

Región de rechazo:

$$\{ \{ z > z_{\alpha} \} \text{ (RR de cola superior)} . \{ z < -z_{\alpha} \} \text{ (RR de cola inferior)} . \{ |z| > z_{\frac{\alpha}{2}} \} \text{ (RR de dos colas)} .$$

Figure 5: B

Contraste de hipótesis con muestras pequeñas para μ y $\mu_1 - \mu_2$

Supongamos que Y_1, Y_2, \dots, Y_n denotan una muestra aleatoria de tamaño n de una distribución normal con media μ desconocida y varianza σ^2 desconocida. Si \bar{Y} y S denotan la media muestral y la desviación estándar muestral, respectivamente, y si $H_0 : \mu = \mu_0$ es verdadera, entonces

$$T = \frac{\bar{Y} - \mu_0}{S/\sqrt{n}}$$

Tiene una distribución t con $n-1$ grados de libertad.

Figure 6: C

Contraste de muestra pequeña para μ

Suposiciones: Y_1, Y_2, \dots, Y_n constituyen una muestra aleatoria de una distribución normal con $E(Y_i) = \mu$.

$$H_0 : \mu = \mu_0.$$

$$H_a : \{\mu > \mu_0 \text{ (alternativa de cola superior)} \cdot \mu < \mu_0 \text{ (alternativa de cola inferior)} \cdot \mu \neq \mu_0 \text{ (alternativa de dos colas)}\}.$$

$$\text{Estadístico de prueba: } T = \frac{\bar{Y} - \mu_0}{S/\sqrt{n}}.$$

Región de rechazo:

$$\{t > t_\alpha \text{ (RR de cola superior)} \cdot t < -t_\alpha \text{ (RR de cola inferior)} \cdot |t| > t_{\alpha/2} \text{ (RR de dos colas)}\}.$$

Figure 7: D

Contrastes con muestras pequeñas para comparar dos medias poblacionales

Suposiciones: muestras independientes de distribuciones normales con $\sigma_1^2 = \sigma_2^2$.

$$H_0 : \mu_1 - \mu_2 = D_0. \text{ Donde } D_0 \text{ es un número fijo.}$$

$$H_a : \{\mu_1 - \mu_2 > D_0 \text{ (alternativa de cola superior)} \cdot \mu_1 - \mu_2 < D_0 \text{ (alternativa de cola inferior)}\}.$$

$$\mu_1 - \mu_2 \neq D_0 \quad (\text{alternativa de dos colas})$$

Estadístico de prueba:

$$T = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 - D_0}{S_p \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

Donde T tiene una distribución t de Student con $n_1 + n_2 - 2$ grados de libertad y

$$S_p = \sqrt{\frac{(n_1-1)S_1^2 + (n_2-1)S_2^2}{n_1+n_2-2}}$$

Figure 8: E

Estadístico de prueba:

$$T = \frac{\bar{Y}_1 - \bar{Y}_2 - D_0}{S_p \sqrt{\frac{1}{n_1} + \frac{1}{n_2}}}$$

Donde T tiene una distribución t de Student con $n_1 + n_2 - 2$ grados de libertad y

$$S_p = \sqrt{\frac{(n_1-1)S_1^2 + (n_2-1)S_2^2}{n_1+n_2-2}}$$

Región de rechazo:

$\{t > t_\alpha \text{ (RR de cola superior)}\} \cup \{t < -t_\alpha \text{ (RR de cola inferior)}\} \cup \{|t| > t_{\alpha/2} \text{ (RR de dos colas)}\}.$

Aquí, $P(T > t_\alpha) = \alpha.$

Figure 9: F

WORK

Estudiar algunas distribuciones de probabilidad muy comunes y útiles, obtener estimaciones puntuales con propiedades deseables utilizando algunos estimadores insesgados comunes. Llevar a cabo contrastes de hipótesis que ayuden a tomar decisiones.

En esta sesión estudiaremos temas relacionados con los siguientes puntos:

- Cálculo de probabilidades y cuantiles de las distribuciones binomial, normal y t de Student
- Generación de muestras aleatorias de las distribuciones estudiadas
- Estudio del teorema central del límite mediante simulaciones
- Propiedades de algunos estimadores puntuales insesgados comunes
- Contraste de hipótesis con muestras grandes y pequeñas

EJEMPLO 1 SESION 4. DISTRIBUCIONES BINOMIAL, NORMAL Y T DE STUDENT

OBJETIVO

- Aprender a obtener probabilidades, cuantiles y muestras aleatorias relacionadas con las distribuciones binomial, normal y t de Student
- Interpretar las probabilidades cuando se condieren las gráficas de las funciones de probabilidad y de densidad

REQUISITOS

- Tener R y Rstudio instalados
- Haber leído el pre-work

DESARROLLO

```
library(ggplot2) # Utilizaremos estos paquetes para algunas gráficas
library(reshape2)
```

DISTRIBUCION BINOMIAL

En el caso de la **Distribución binomial** En R para calcular valores de las funciones de probabilidad, distribución o cuantiles de la distribución binomial (discreta), usamos las funciones *dbinom*, *pbinom* y *qbinom* respectivamente. Para generar muestras aleatorias de esta distribución utilizamos la función *rbinom*.

Consideremos un experimento binomial con $n = 30$ pruebas idénticas e independientes, en donde la probabilidad de éxito en cada prueba es $p = 0.2$ (parámetros $n = 30$ y $p = 0.2$) 1. Suponga que realiza un examen de opción múltiple con 30 preguntas, en donde cada pregunta tiene 5 posibles respuestas, pero solo una es correcta siempre. Si elige la respuesta al azar en cada pregunta, y estamos interesados en el número de respuestas correctas obtenidas al final ¿Podemos decir que estamos ante un experimento binomial?

FUNCIÓN DE PROBABILIDAD

Para obtener $P(X = 20)$, es decir, la probabilidad de observar 20 éxitos exactamente, en R ejecutamos:

```
dbinom(x = 20, size = 30, prob = 0.2)
```

```
[1] 3.382768e-08
```

Para obtener $P(x \leq 20)$, es decir, la probabilidad de observar a lo mucho 20 exitos o menos ejecutamos:

```
pbinom(x<=20, size = 30, prob = 0.2)
```

La diferencia entre *dbinom()* y *pbinom()* es que *dbinom()* me dice cuál es la probabilidad de que $Pr(X = x)$ mientras que *pbinom()* te calcula la probabilidad de que $Pr(X \leq x)$

Para encontrar el valor más pequeño b tal que $P(X \leq b) \geq 0.35$, es decir, el cuantil de orden 0.35, usamos:

CUANTILES

```
qbinom(p = 0.35, size = 30, prob = 0.2) # b = 5

pbinom(q = 4, size = 30, prob = 0.2) # P(X <= 4) = 0.2552 < 0.35
pbinom(q = 5, size = 30, prob = 0.2) # P(X <= 5) = 0.4275 >= 0.35
pbinom(q = 6, size = 30, prob = 0.2) # P(X <= 6) = 0.6070 >= 0.35
```

```
[1] 5
[1] 0.2552333
[1] 0.4275124
[1] 0.6069699
```

MUESTRAS ALEATORIAS

Para obtener una muestra aleatoria de tamaño $n = 1000$, de la distribución binomial con parámetros como especificamos, hacemos

```
set.seed(4857) # Establecemos una semilla,  
# para poder reproducir la muestra en el futuro  
muestra <- rbinom(n = 1000, size = 30, prob = 0.2)  
length(muestra); muestra[1:3]
```

```
[1] 1000  
[1] 4 7 8
```

Podemos observar las frecuencias absolutas de los distintos valores obtenidos

```
as.data.frame(table(muestra))
```

	muestra	Freq
1	0	1
2	1	8
3	2	31
4	3	77
5	4	132
6	5	161
7	6	196
8	7	146
9	8	126
10	9	65
11	10	30
12	11	13
13	12	10
14	13	2
15	15	2

También podemos observar las frecuencias relativas:

```
(df1 <- as.data.frame(table(muestra)/length(muestra)))  
  
valg <- as.character(df1$muestra) # distintos valores generados por rbinom  
(valg <- as.numeric(valg)) # Convertimos a números
```

	muestra	Freq
1	0	0.001
2	1	0.008
3	2	0.031
4	3	0.077
5	4	0.132
6	5	0.161
7	6	0.196
8	7	0.146
9	8	0.126
10	9	0.065

```

11      10 0.030
12      11 0.013
13      12 0.010
14      13 0.002
15      15 0.002
[1]  0  1  2  3  4  5  6  7  8  9 10 11 12 13 15

```

Las frecuencias relativas son muy parecidas a las siguientes probabilidades

```
(v1 <- round(sapply(valg, dbinom, size = 30, p = 0.2), 3))
```

```

[1] 0.001 0.009 0.034 0.079 0.133 0.172 0.179 0.154 0.111 0.068 0.035 0.016
[13] 0.006 0.002 0.000

```

Combinamos y unimos en un solo dataframe *df1* y *v1*

```

(df2 <- cbind(df1, v1))
(names(df2) <- c("Exitos", "FR", "Prob"))

(df2 <- melt(df2)) # función del paquete reshape2

```

Using Exitos as id variables

```

      muestra  Freq   v1
1         0 0.001 0.001
2         1 0.008 0.009
3         2 0.031 0.034
4         3 0.077 0.079
5         4 0.132 0.133
6         5 0.161 0.172
7         6 0.196 0.179
8         7 0.146 0.154
9         8 0.126 0.111
10        9 0.065 0.068
11       10 0.030 0.035
12       11 0.013 0.016
13       12 0.010 0.006
14       13 0.002 0.002
15       15 0.002 0.000
[1] "Exitos" "FR"      "Prob"
      Exitos variable value
1         0      FR 0.001
2         1      FR 0.008
3         2      FR 0.031
4         3      FR 0.077
5         4      FR 0.132
6         5      FR 0.161
7         6      FR 0.196
8         7      FR 0.146
9         8      FR 0.126
10        9      FR 0.065
11       10      FR 0.030

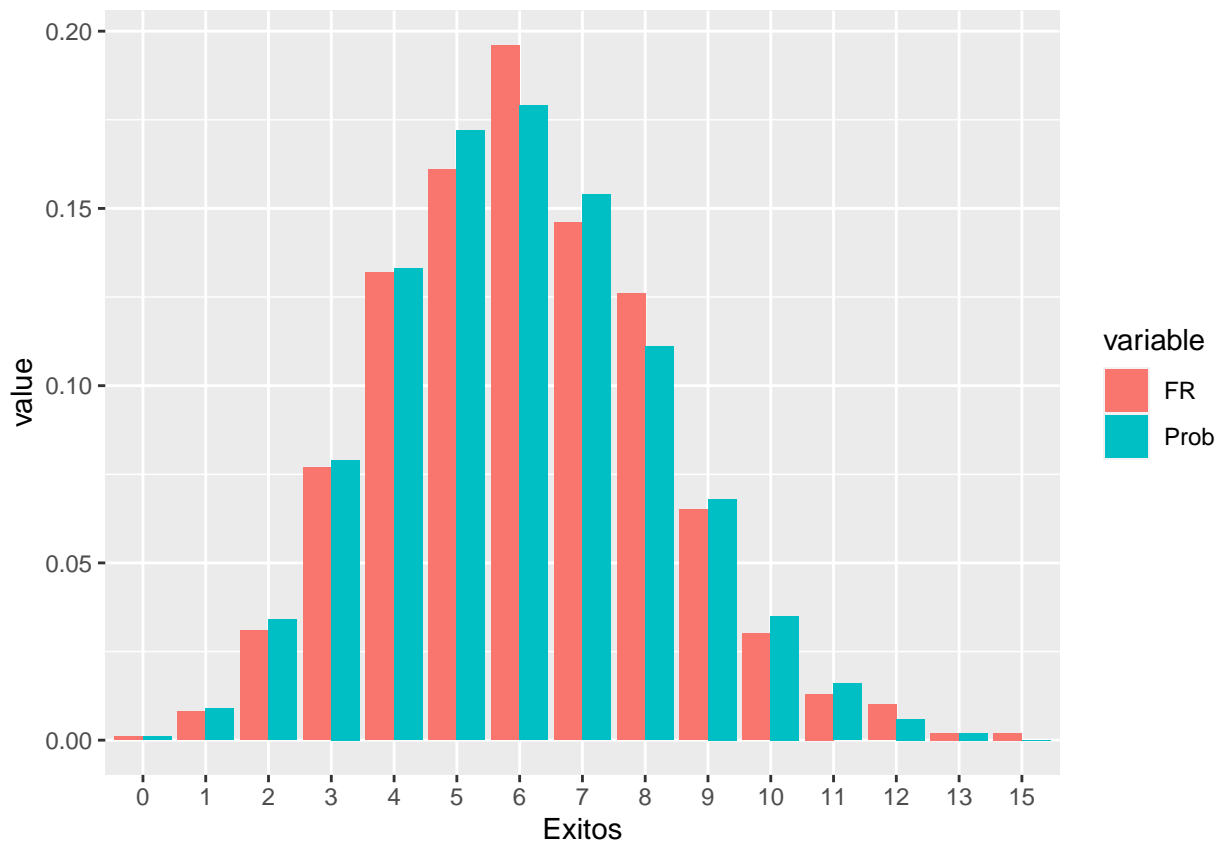
```

12	11	FR	0.013
13	12	FR	0.010
14	13	FR	0.002
15	15	FR	0.002
16	0	Prob	0.001
17	1	Prob	0.009
18	2	Prob	0.034
19	3	Prob	0.079
20	4	Prob	0.133
21	5	Prob	0.172
22	6	Prob	0.179
23	7	Prob	0.154
24	8	Prob	0.111
25	9	Prob	0.068
26	10	Prob	0.035
27	11	Prob	0.016
28	12	Prob	0.006
29	13	Prob	0.002
30	15	Prob	0.000

Melt en cierta forma une los dataframes en uno solo pero basandose en ciertas condiciones

Las frecuencias relativas son muy parecidas a las probabilidades:

```
ggplot(df2, aes(x = Exitos, y = value, fill = variable)) +
  geom_bar (stat="identity", position = "dodge")
```



```
# Funciones del paquete ggplot2
```

DISTRIBUCIÓN NORMAL

En R para calcular valores de las funciones de densidad, distribución o cuantiles de la distribución normal (continua), usamos las funciones *dnorm*, *pnorm* y *qnorm* respectivamente. Para generar muestras aleatorias de esta distribución utilizamos la función *rnorm*.

Consideremos una variable aleatoria (v.a.) X que se distribuye como normal con media 175 y desviación estándar 6 (parámetros $\mu = 175$ y $\sigma = 6$).

FUNCIÓN DE DENSIDAD

La función de densidad sirve para caracterizar el comportamiento probable de una población en tanto específica la posibilidad relativa de que una variable aleatoria continuas X tome un valor cercano a x .

Densidad significa que la suma de todas las áreas del histograma deben ser igual a 1. La función de densidad es el contorno. Es una línea continua que representa la distribución de densidad de TODA LA POBLACIÓN.

FUNCIÓN DE DISTRIBUCIÓN

La función de distribución asocia a cada valor de la variable aleatoria la probabilidad acumulada hasta ese valor, por ejemplo: Calcular la función de distribución de probabilidad de las puntuaciones obtenidas al lanzar un dado.

X	P_i
$x < 1$	0
$1 \leq x < 2$	$\frac{1}{6}$
$2 \leq x < 3$	$\frac{2}{6}$
$3 \leq x < 4$	$\frac{3}{6}$
$4 \leq x < 5$	$\frac{4}{6}$
$5 \leq x < 6$	$\frac{5}{6}$
$x \leq 6$	1

Siguiendo con el ejemplo disponible en el work tenemos lo siguiente:

Para obtener $P(x \leq 180)$, es decir, la probabilidad de que X tome un valor menor o igual a 180, ejecutamos:

```
x <- seq(-4, 4, 0.01)*6 + 175 # Algunos posibles
# valores que puede tomar la v.a.
# X (mínimo: mu-4sigma, máximo: mu+4sigma)
```

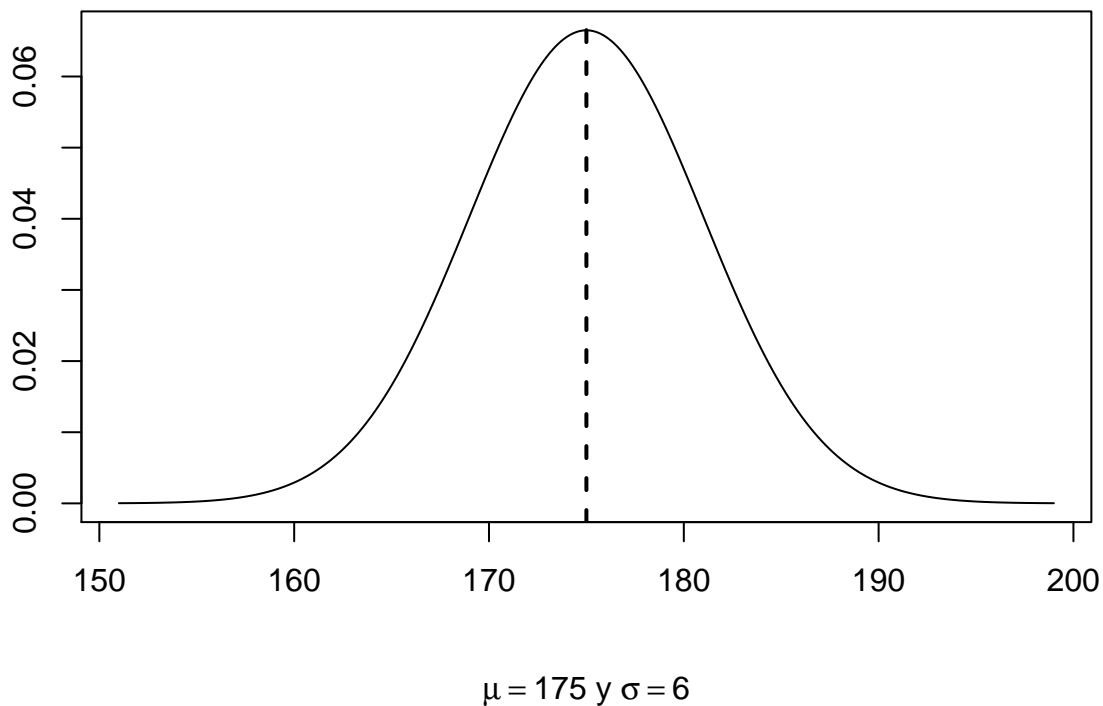


```

y <- dnorm(x, mean = 175, sd = 6) # Valores
# correspondientes de la función de
# densidad de probabilidad
plot(x, y, type = "l", xlab = "", ylab = "")#Te grafica
# en forma de campana los valores de x y y
title(main = "Densidad de Probabilidad Normal",
      sub = expression(paste(mu == 175, " y ", sigma == 6)))#Agrega leyendas
#a gráfico
abline(v = 175, lwd = 2, lty = 2) # La media es 175 grafica la línea

```

Densidad de Probabilidad Normal



```
pnorm(q = 180, mean = 175, sd = 6)
```

```
[1] 0.7976716
```

```

par(mfrow = c(2, 2))#ESTABLECE EL LIENZO EN EL PLOT PARA GRAFICAR
#VARIAS EN UN MISMO ESPACIO
plot(x, y, type = "l",
     xlab = "",
     ylab = "")
#AGREGA LEYENDAS AL GRÁFICO
title(main = "Densidad de Probabilidad Normal",
      sub = expression(paste(mu == 175,
                              " y ",
                              sigma == 6)))

```

```

polygon(c(min(x),
          x[x<=180],
          180),
        c(0, y[x<=180], 0),
        col="blue")#GRAFICA DENTRO DE LA DISTRIBUCIÓN
#LA PROBABILIDAD DE QUE X TOME VALORES MENORES A 180

```

#para obtener la probabilidad de que x $P(x \leq 165)$, es decir, la probabilidad de que X tome un valor menor o igual a 165, ejecutamos:

```
pnorm(q = 165, mean = 175, sd = 6)
```

```
[1] 0.04779035
```

```

plot(x,y,type="l",
     xlab = "",
     ylab = "")
title(main = "Densidad de probabilidad normal",
      sub = expression(paste(mu==175,"y",sigma==6)))
polygon(c(min(x),
          x[x<=165],165),
        c(0,
          y[x<=165],0),
        col = "black")

```

#para obtener la probabilidad de que x $P(x \leq 165)$, es decir, la probabilidad de que X tome un valor menor o igual a 165, ejecutamos:

```
pnorm(q = 165, mean = 175, sd = 6)
```

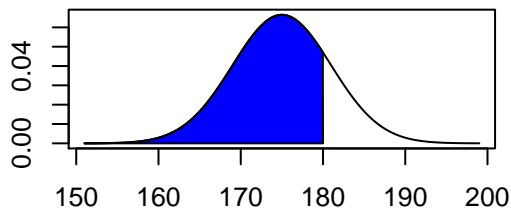
```
[1] 0.04779035
```

```

plot(x,y,type="l",
     xlab = "",
     ylab = "")
title(main = "Densidad de probabilidad normal",
      sub = expression(paste(mu==175,"y",sigma==6)))
polygon(c(min(x),
          x[x<=165],165),
        c(0,
          y[x<=165],0),
        col = "black")

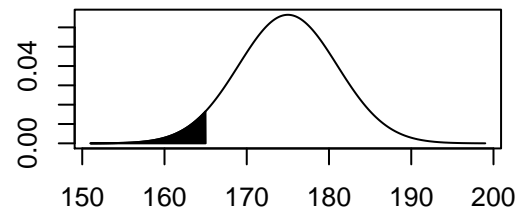
```

Densidad de Probabilidad Normal



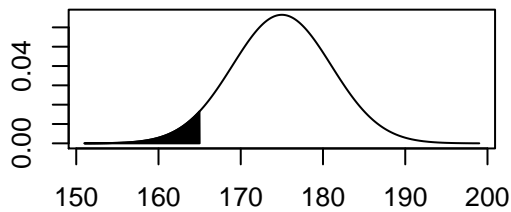
$$\mu = 175 \text{ y } \sigma = 6$$

Densidad de probabilidad normal



$$\mu = 175 \text{ y } \sigma = 6$$

Densidad de probabilidad normal



$$\mu = 175 \text{ y } \sigma = 6$$

Para obtener la probabilidad de que $P(165 \leq X \leq 180)$ ejecutamos el siguiente comando:

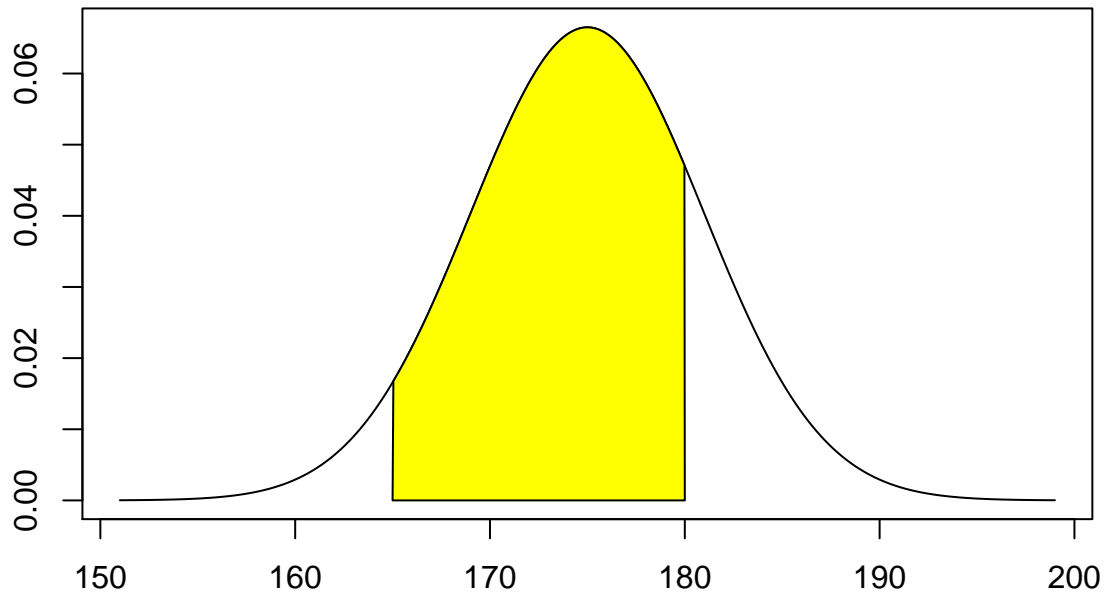
#PARA OBTENER $P(165 \leq X \leq 180)$, es decir, la probabilidad de que X tome un valor mayor o igual a 165 y menor o igual a 180, debemos correr

```
pnorm(q = 180, mean = 175, sd = 6) - pnorm(q = 165, mean = 175, sd = 6)
```

```
[1] 0.7498813
```

```
plot(x,y,type="l",
     xlab = "",
     ylab = "")
title(main = "Densidad de probabilidad normal",
      sub = expression(paste(mu==175,"y",sigma==6)))
polygon(c(165,
          x[x>=165&x<=180],180),
        c(0,
          y[x>=165&x<=180],0),
        col = "yellow")
```

Densidad de probabilidad normal



$$\mu = 175 \text{ y } \sigma = 6$$

Para obtener $P(X \geq 182)$, es decir, la probabilidad de que X tome un valor mayor o igual a 182, una alternativa es:

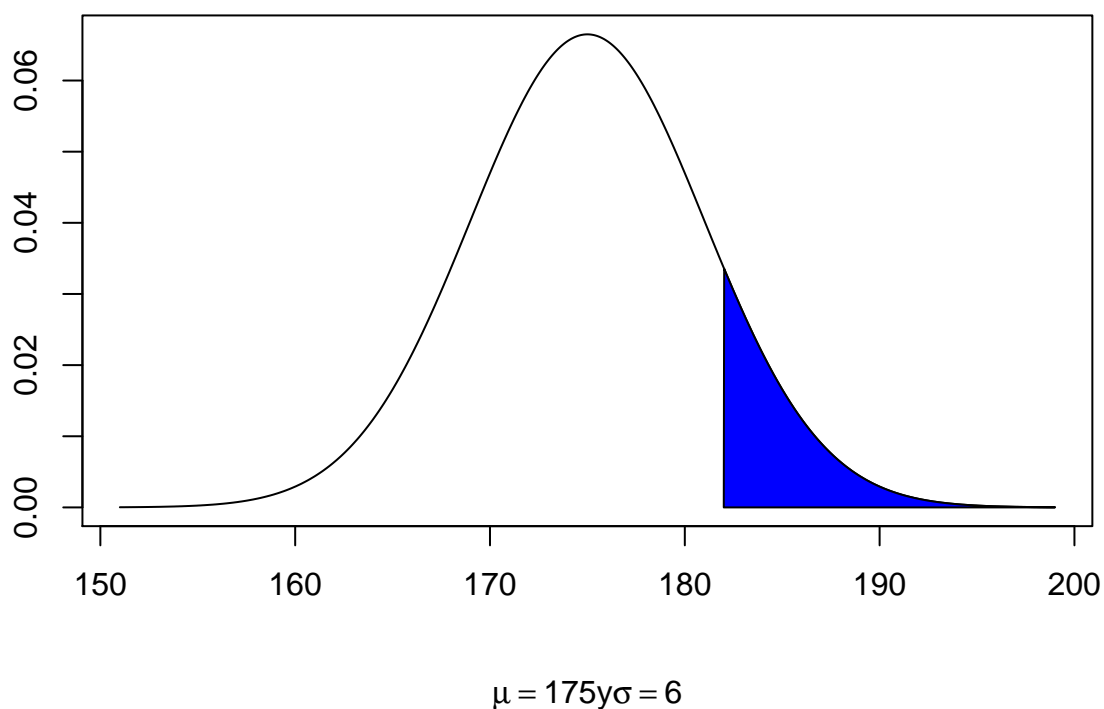
```
pnorm(q = 182, mean = 175, sd = 6, lower.tail = FALSE)
```

```
[1] 0.1216725
```

```
#graficando
plot(x,y,type="l",
     xlab = "",
     ylab = "")
title(main = "Densidad de probabilidad normal",
      sub = expression(paste(mu==175,"y",sigma==6)))

polygon(c(182,
          x[x>=182], max(x)),
        c(0,
          y[x>=182], 0),
        col="blue")
```

Densidad de probabilidad normal



```
dev.off() # Para mostrar solo una gráfica
```

```
null device  
1
```

CUANTILES

Recordemos que los cuantiles ayudan a determinar porcentajes que superan o no un determinado valor de la variable. Para encontrar el número b , tal que $P(X \leq b) = 0.75$, es decir, el cuantil de orden 0.75, ejecutamos:

```
(b <- qnorm(p = 0.75, mean = 175, sd = 6))
```

```
[1] 179.0469
```