

# 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 indican 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  $\mu$  es el promedio también conocido como media y  $\sigma$  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  $\mu$  y desviación estándar  $\sigma$  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

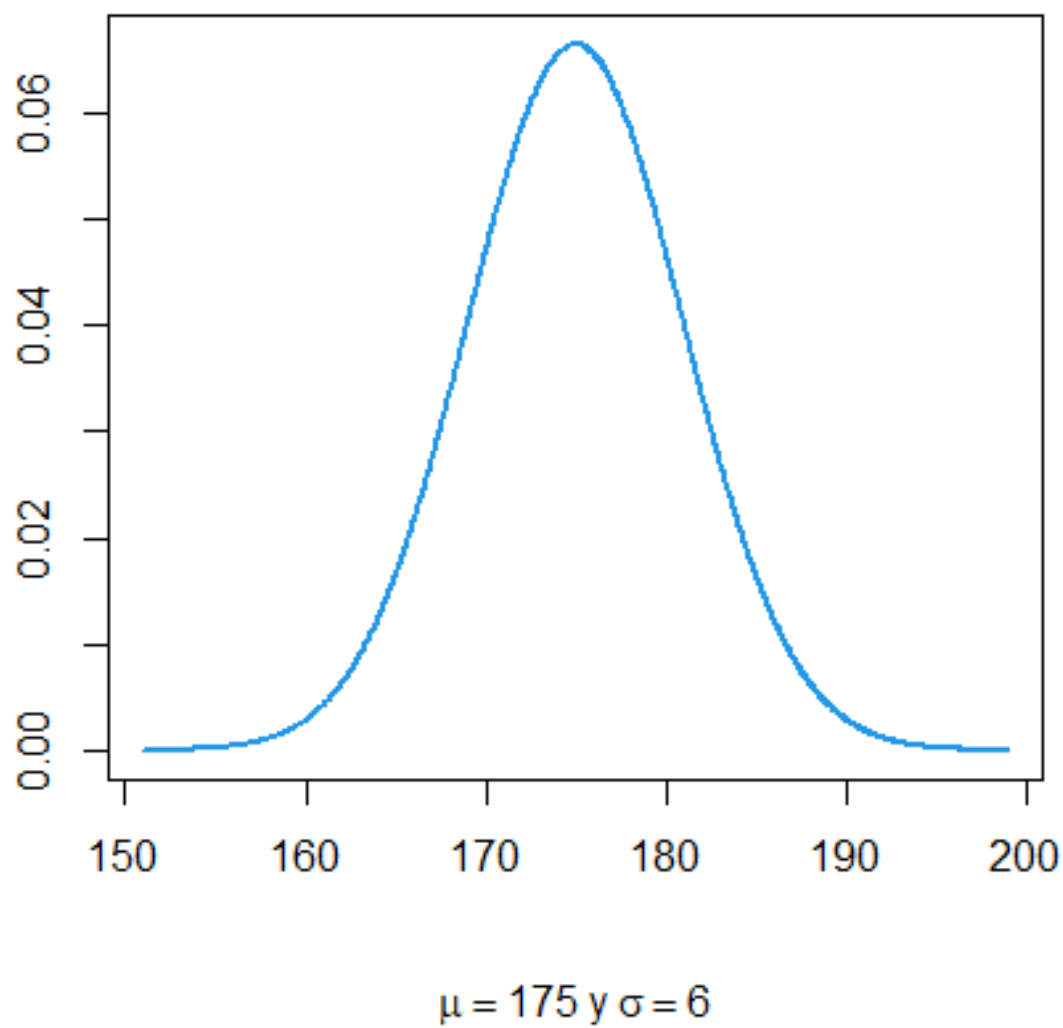


Figure 1: Distribución normal

## 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  $\sigma^2$  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  $\mu$  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.

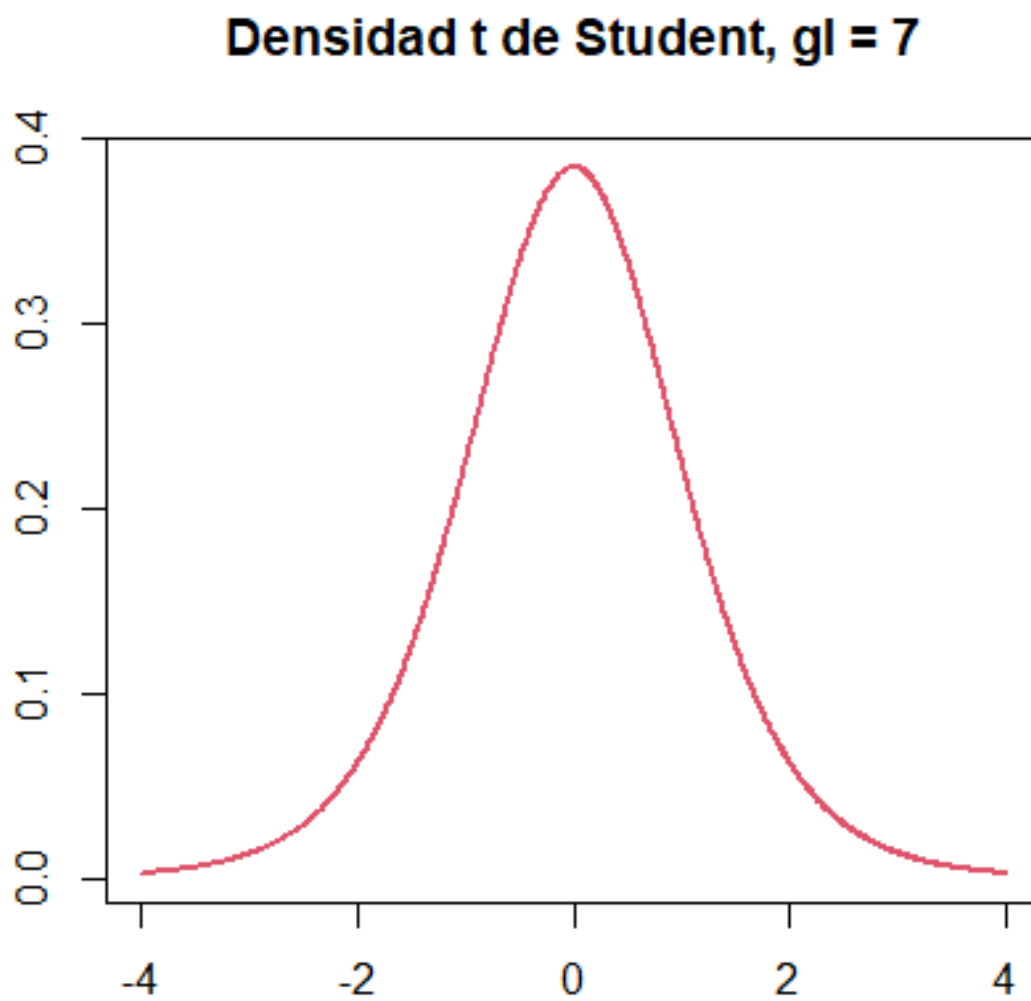


Figure 2: Densidad t de student con 7 GDL

**Definición.** Si  $\hat{\theta}$  es un estimador puntual de un parámetro  $\theta$ , 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 $\theta$	Tamaño(s) muestral(es)	Estimador puntual $\hat{\theta}$	$E(\hat{\theta})$	Error estándar $\sigma_{\hat{\theta}}$
$\mu$	$n$	$\bar{Y}$	$\mu$	$\frac{\sigma}{\sqrt{n}}$
$p$	$n$	$\hat{p} = \frac{y}{n}$	$p$	$\sqrt{\frac{pq}{n}}$
$\mu_1 - \mu_2$	$n_1$ 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 $n_2$	$\hat{p}_1 - \hat{p}_2$	$p_1 - p_2$	$\sqrt{\frac{p_1 q_1}{n_1} + \frac{p_2 q_2}{n_2}}$
$\sigma_1^2$ y $\sigma_2^2$ 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 hipotesis son: \* Hipótesis nula,  $H_0$  \* Hipotesis alternativa,  $H_a$  \* Estadístico de prueba \* Región de rechazo

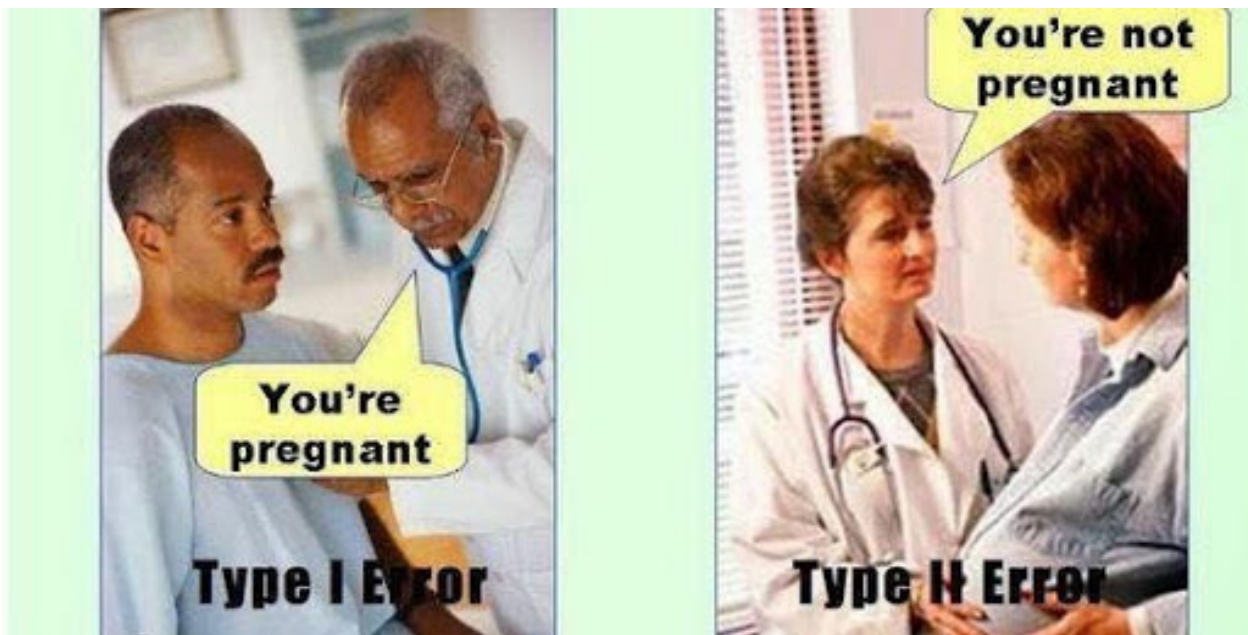
**Nota:** También llamaremos prueba de hipótesis a un contraste de hipótesis, sin caer en discusiones formales. Buscamos decidirnos por una de las hipótesis y no estamos exentos de cometer errores.

**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  $\alpha$ . El valor de  $\alpha$  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  $\beta$ .

### 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  $\alpha$  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  $\theta_0$  y error estándar  $\sigma_{\hat{\theta}}$  .

Por tanto, si deseamos una prueba de nivel  $\alpha$  ,

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

Es la selección apropiada para  $k$  [si  $Z$  tiene una distribución normal estándar, entonces  $Z_{\alpha}$  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 $\mu$ 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  $\mu$  desconocida y varianza  $\sigma^2$  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 $\mu$

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

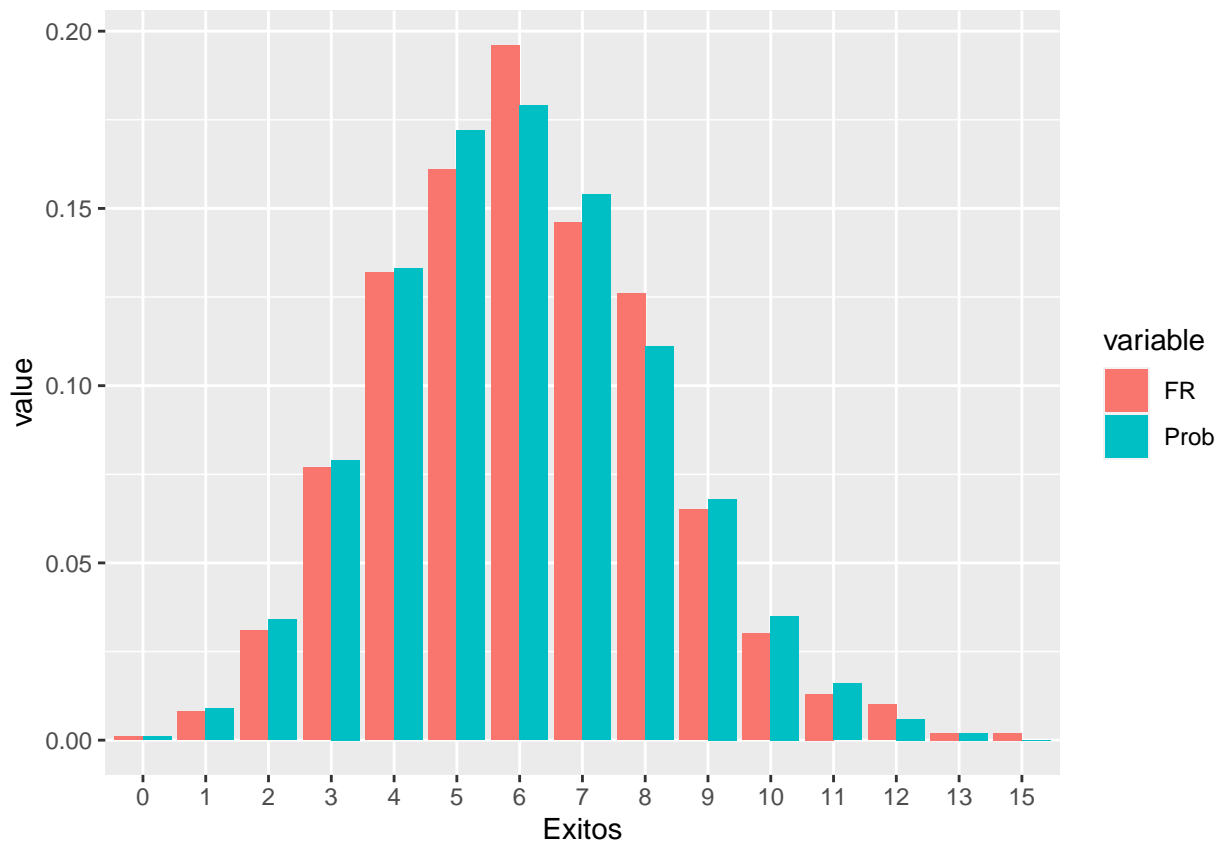
```

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 areas del histograma deben ser igual a 1. La funcion de densidad es el contorno. Es una línea continua que representa la distribucion 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)
```

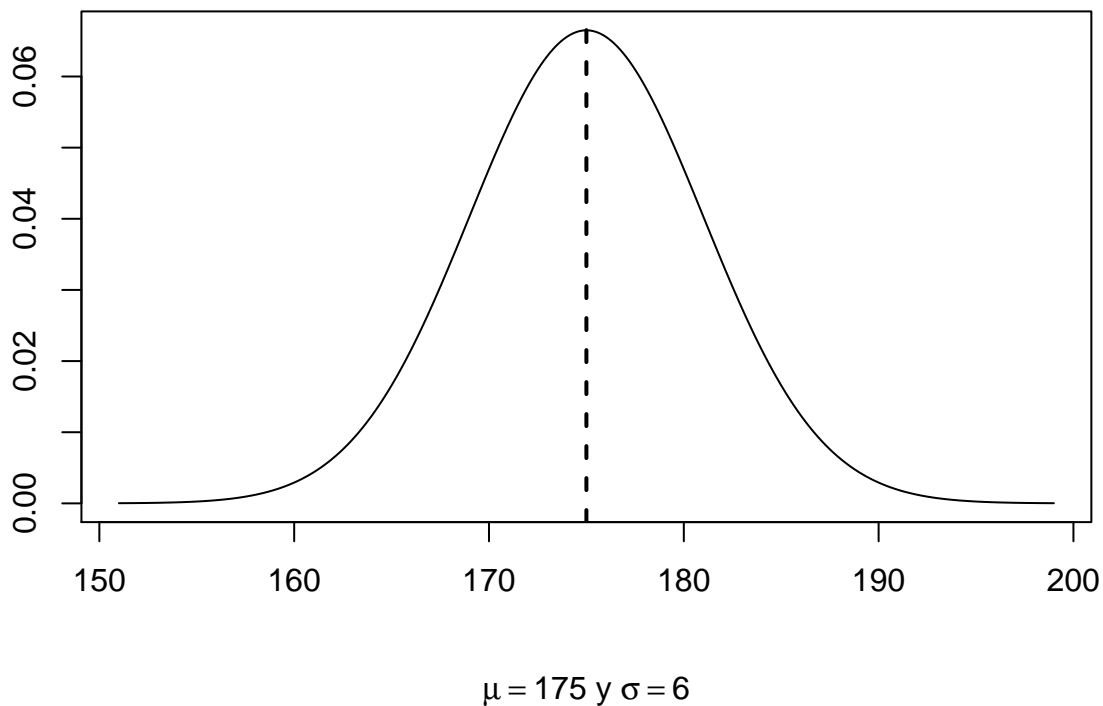


```

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)
```

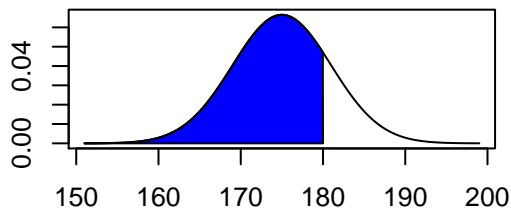
```
[1] 0.04779035
```

```

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")

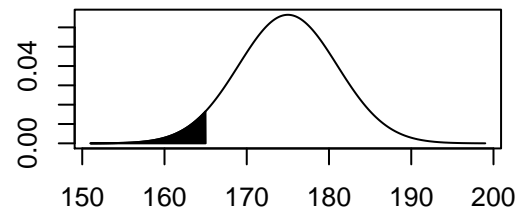
```

### Densidad de Probabilidad Normal



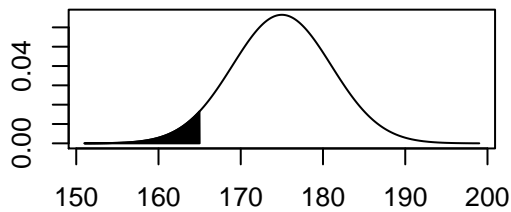
$$\mu = 175 \text{ y } \sigma = 6$$

### 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:

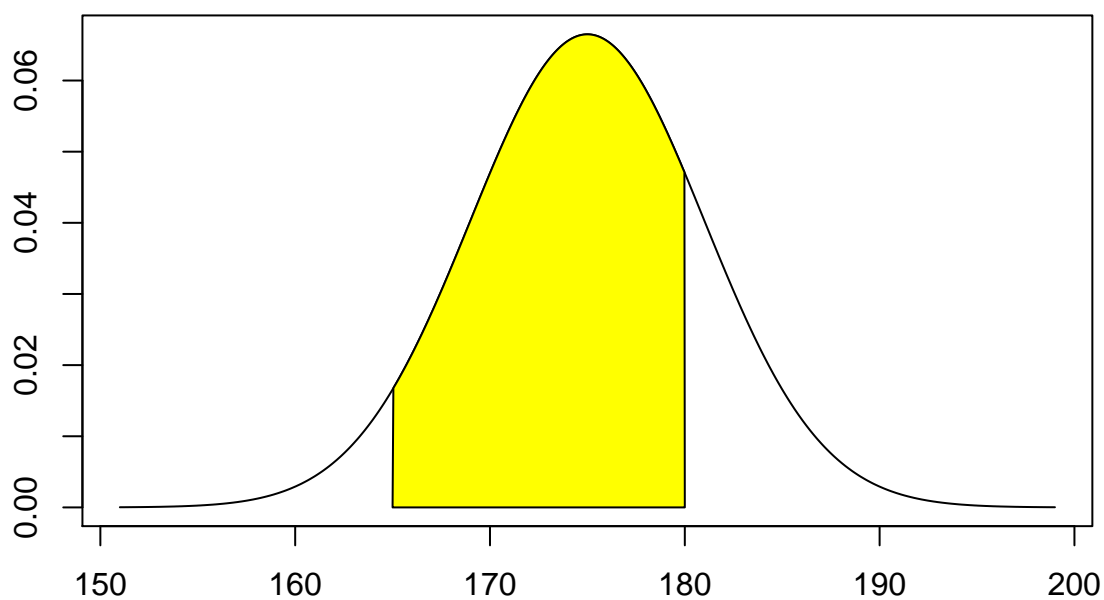
*#PARA OBTENER  $P(165 \leq X \leq 180)$ , es decir, la probabilidad de que  $X$  tome un valor mayor o igual a 165 y menor o igual a 180, debemos correr*

```
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:

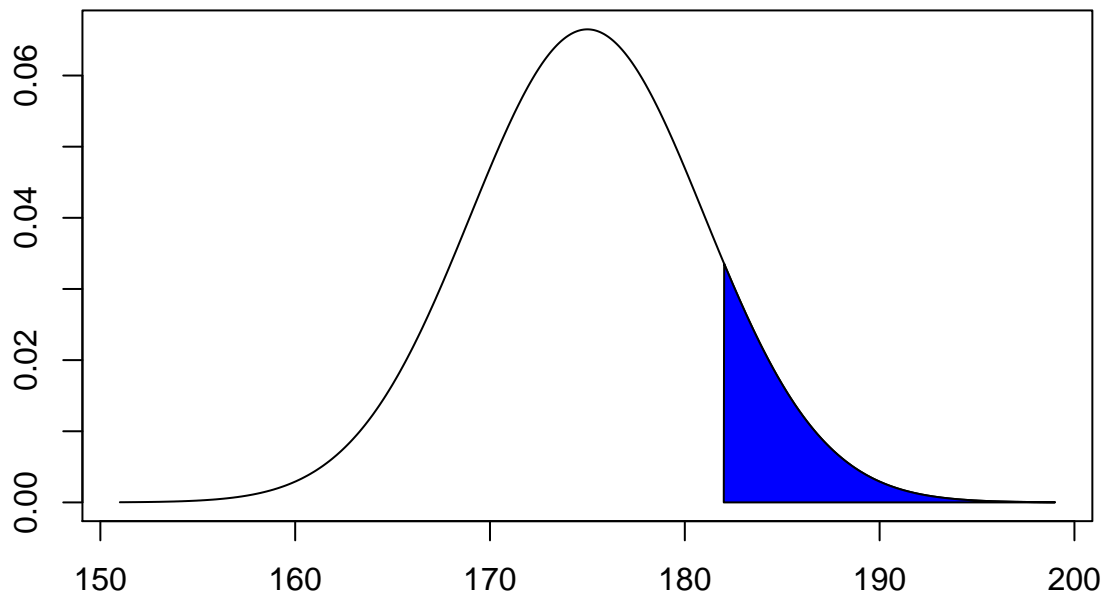
```
pnorm(q = 182, mean = 175, sd = 6, lower.tail = FALSE)
```

```
[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



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

```
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
```

```
#COMPROBANDO DE FORMA COMUN  
pnorm(b, 175, 6)
```

```
[1] 0.75
```

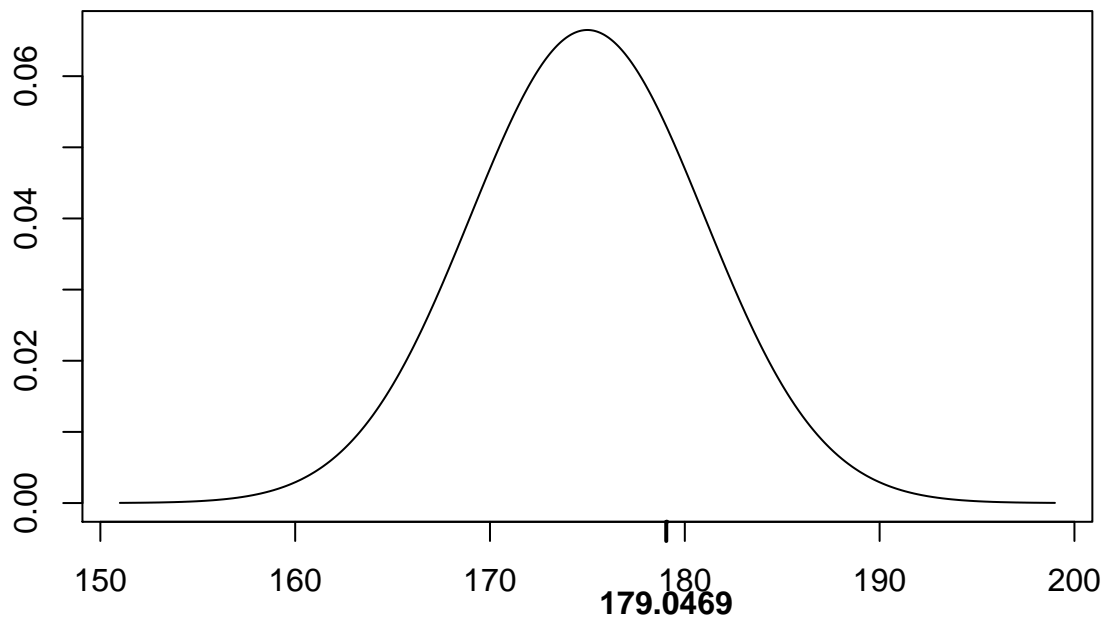
```
# El cuantil se encuentra en el eje de medición (eje horizontal)  
plot(x, y,  
      type = "l",
```

```

xlab="",
ylab="")
title(main = "Densidad de Probabilidad Normal",
      sub = expression(paste(mu == 175, " y ", sigma == 6)))
#COLOCA UNA LÍNEA DONDE SE ENCUENTRA EL CUANTIL
axis(side = 1, at = b, font = 2, padj = 1, lwd = 2)

```

## Densidad de Probabilidad Normal



$\mu = 175$  y  $\sigma = 6$

```

# SIDE un entero que especifica donde se colocará la línea
#1 abajo 2 izquierda 3 arriba 4 derecha
#AT es donde se colocará la línea
#padj ajusta a cada línea, 0 es arriba o derecha, 1 es izq o inferior

```

## MUESTRAS ALEATORIAS

Para generar una muestra aleatoria de tamaño  $n = 1000$  de la v.a.  $X$  corremos la siguiente instrucción

```

set.seed(7563) # Para poder reproducir la muestra en el futuro
muestra <- rnorm(n = 1000, mean = 175, sd = 6)
length(muestra); mdf <- as.data.frame(muestra)

```

```
[1] 1000
```

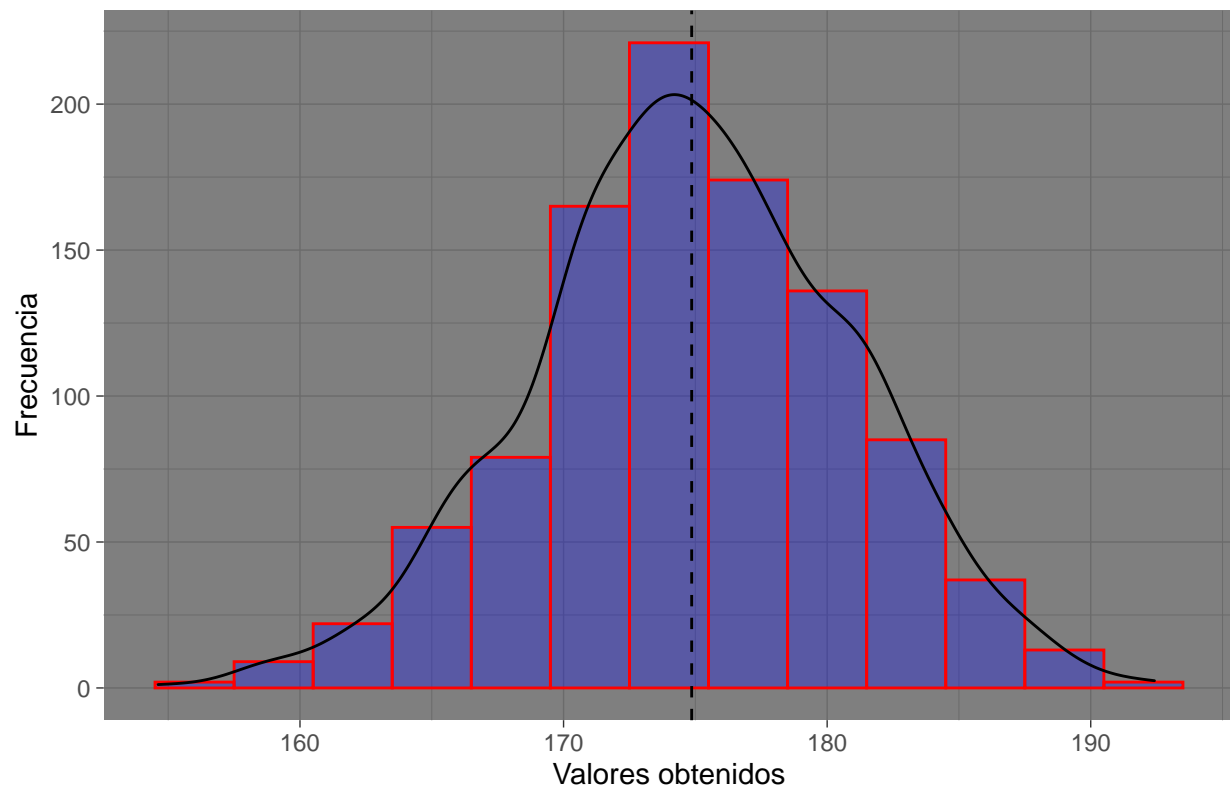
```
tail(mdf)
```

```
      muestra
995 164.7160
996 177.3317
997 156.9474
998 177.1626
999 171.3045
1000 172.4188
```

Observamos que el histograma de la muestra generada tiene forma de campana similar a la densidad de una normal

```
ggplot(mdf, aes(muestra)) +
  geom_histogram(colour = 'red',
                 fill = 'blue',
                 alpha = 0.3, # Intensidad del color fill
                 binwidth = 3) +
  geom_density(aes(y = 3*..count..)) +
  geom_vline(xintercept = mean(mdf$muestra), linetype="dashed", color = "black") +
  ggtitle('Histograma para la muestra normal') +
  labs(x = 'Valores obtenidos', y = 'Frecuencia') +
  theme_dark() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```

## Histograma para la muestra normal



## REGLA EMPÍRICA

La regla empírica es una abreviatura utilizada para recordar el porcentaje de valores que se encuentran dentro de una banda alrededor de la media en una distribución normal con un ancho de dos, cuatro y seis veces la desviación típica, respectivamente.

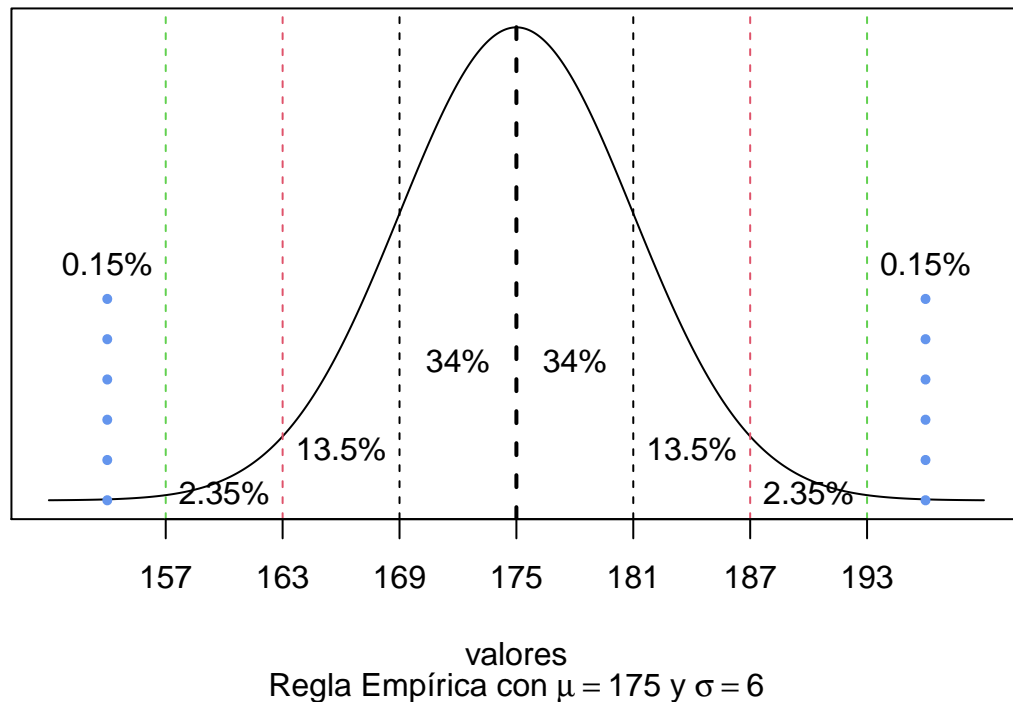
```
mean <- 175; sd <- 6
x <- seq(mean-4*sd, mean+4*sd, 0.01)
y <- dnorm(x, mean, sd)
plot(x, y, type = "l",
     xlab="valores",
     ylab = "",
     xaxt = "n",
     yaxt = "n")
title(main = "Densidad de Probabilidad Normal",
     sub = expression(paste("Regla Empírica con ",
                             mu == 175,
                             " y ",
                             sigma == 6)))

abline(v=mean, lty = 2, lwd = 2)
for(k in c(-3, -2, -1, 1, 2, 3)) abline(v = mean+k*sd, lty = 2, col = abs(k))
ps <- c(mean - 3*sd, mean - 2*sd,
        mean - sd, mean,
        mean + sd,
        mean + 2*sd,
        mean + 3*sd)
axis(side = 1, at = ps)
x0 <- NULL
for(i in 1:length(ps)-1) x0 <- c(x0, (ps[i]+ps[i+1])/2)
y0 <- dnorm(x0, mean, sd)*1/3
text(x = x0, y = y0, labels = c("2.35%", "13.5%", "34%", "34%", "13.5%", "2.35%"))
x1 <- (x[1]+ps[1])/2; y1 <- dnorm(mean, mean, sd)*1/2
xf <- (x[length(x)]+ps[length(ps)]/2); yf <- dnorm(mean, mean, sd)*1/2
text(x = c(x1, xf), y = c(y1, yf), labels = c("0.15%", "0.15%"))
segments(x0 = x1, y0 = 0, x1 = x1, y1 = y1,
         col = "cornflowerblue",
         lwd = 5,
         lty = "dotted")
segments(x0 = xf, y0 = 0, x1 = xf, y1 = yf,
         col = "cornflowerblue",
         lwd = 5,
         lty = "dotted")
```

*# Draw one line as in Example 1*  
*# Color of line*  
*# Thickness of line*



## Densidad de Probabilidad Normal



## DISTRIBUCIÓN t DE STUDENT

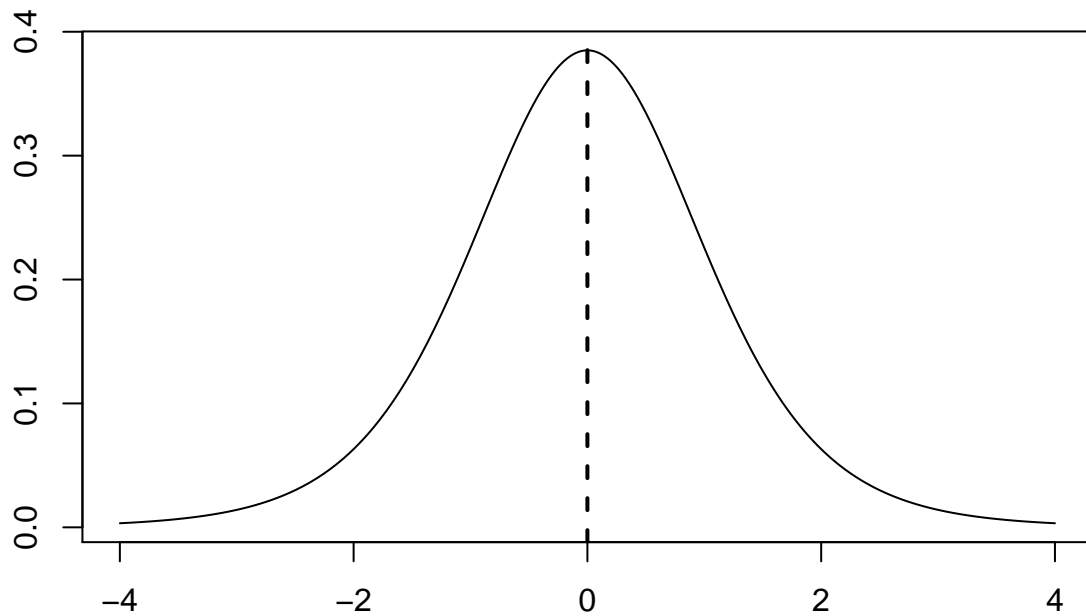
En R para calcular valores de las funciones de densidad, distribución o cuantiles de la distribución t de Student (continua), usamos las funciones `dt`, `pt` y `qt` respectivamente. Para generar muestras aleatorias de esta distribución utilizamos la función `rt`.

Consideremos una variable aleatoria (v.a.)  $T$  que se distribuye como t de Student con 7 grados de libertad (gl) (parámetro  $gl = 7$ )

### FUNCIÓN DE DENSIDAD

```
x <- seq(-4, 4, 0.01) # Algunos valores que puede tomar la v.a.
# T con 7 gl
y <- dt(x, df = 7) # Valores correspondientes de
# la densidad t de Student con 7 gl
plot(x, y, type = "l", main = "Densidad t de Student, gl = 7", xlab="", ylab="")
abline(v = 0, lwd=2, lty=2)
```

## Densidad t de Student, gl = 7



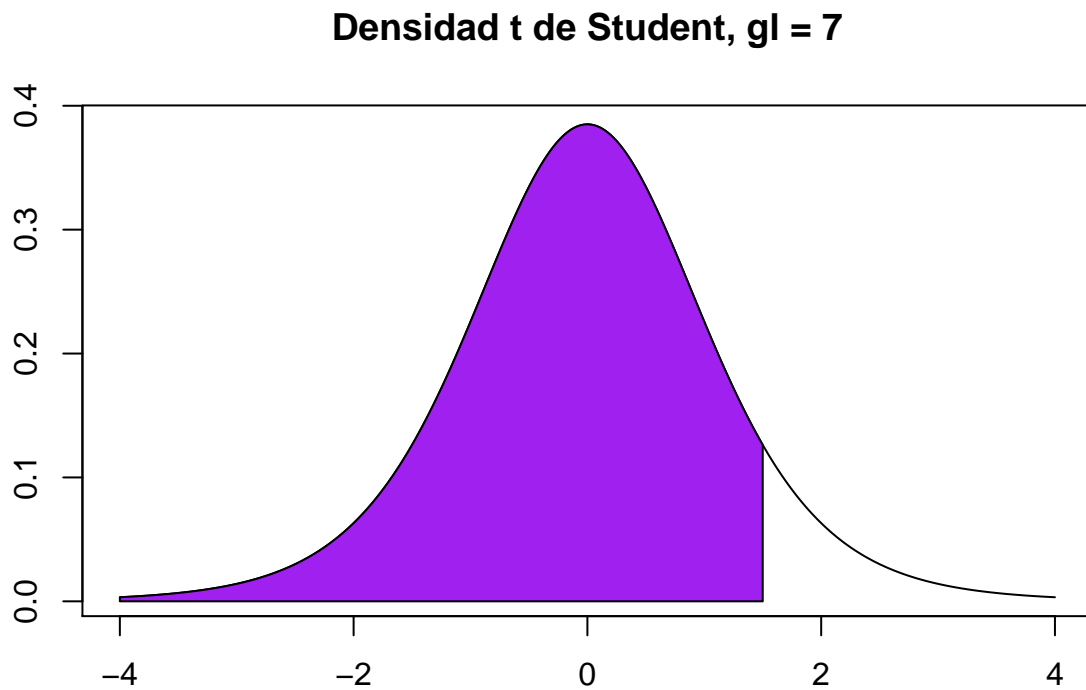
Para encontrar  $P(T \leq 1.5)$ , ejecutamos la siguiente instrucción

```
pt(q = 1.5, df = 7)
```

```
[1] 0.9113508
```

Observemos la región que corresponde a esta probabilidad en la siguiente gráfica

```
plot(x, y,  
     type = "l",  
     main = "Densidad t de Student, gl = 7",  
     xlab="",  
     ylab="")  
polygon(c(min(x), x[x<=1.5], 1.5),  
        c(0, y[x<=1.5], 0),  
        col="purple")
```



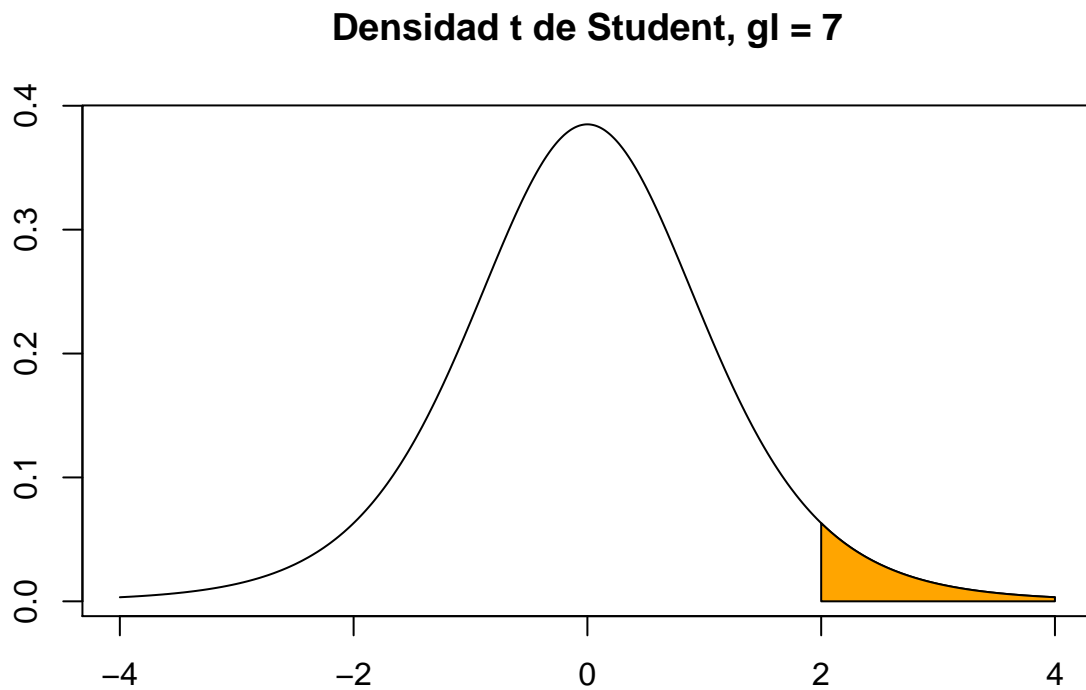
Para encontrar  $P(T \geq 2)$ , ejecutamos

```
pt(q = 2, df = 7, lower.tail = FALSE)
```

```
[1] 0.04280966
```

Observemos la región que corresponde a esta probabilidad en la siguiente gráfica

```
plot(x, y, type = "l",  
     main = "Densidad t de Student, gl = 7",  
     xlab="", ylab="")  
polygon(c(2, x[x>=2], max(x)),  
       c(0, y[x>=2], 0),  
       col="orange")
```



## CUANTILES

Para encontrar el número  $d$  tal que  $P(T \leq d) = 0.025$ , es decir, el cuantil de orden 0.025, corremos la siguiente instrucción

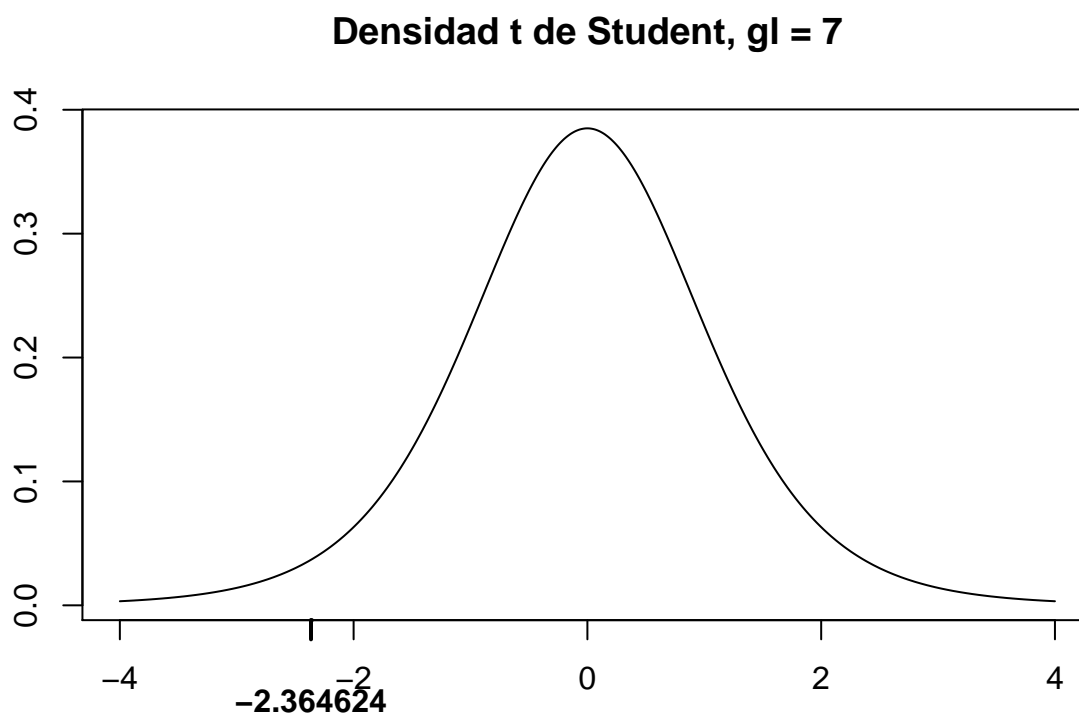
```
(d <- qt(p = 0.025, df = 7))
```

```
[1] -2.364624
```

```
#comprobando  
pt(q = d, df = 7)
```

```
[1] 0.025
```

```
# Mostramos el cuantil encontrado en el eje de medición (eje horizontal)  
plot(x, y,  
     type = "l",  
     main = "Densidad t de Student, gl = 7",  
     xlab="",  
     ylab="")  
axis(side = 1,  
     at = d,  
     font = 2,  
     padj = 1,  
     lwd = 2)
```



## MUESTRAS ALEATORIAS

Para generar una muestra aleatoria de tamaño  $n = 1000$  de la v.a.  $T$  corremos la siguiente instrucción

```
set.seed(777) # Para poder reproducir la muestra en el futuro
muestra <- rt(n = 1000, df = 7)
length(muestra); mdf <- as.data.frame(muestra)
```

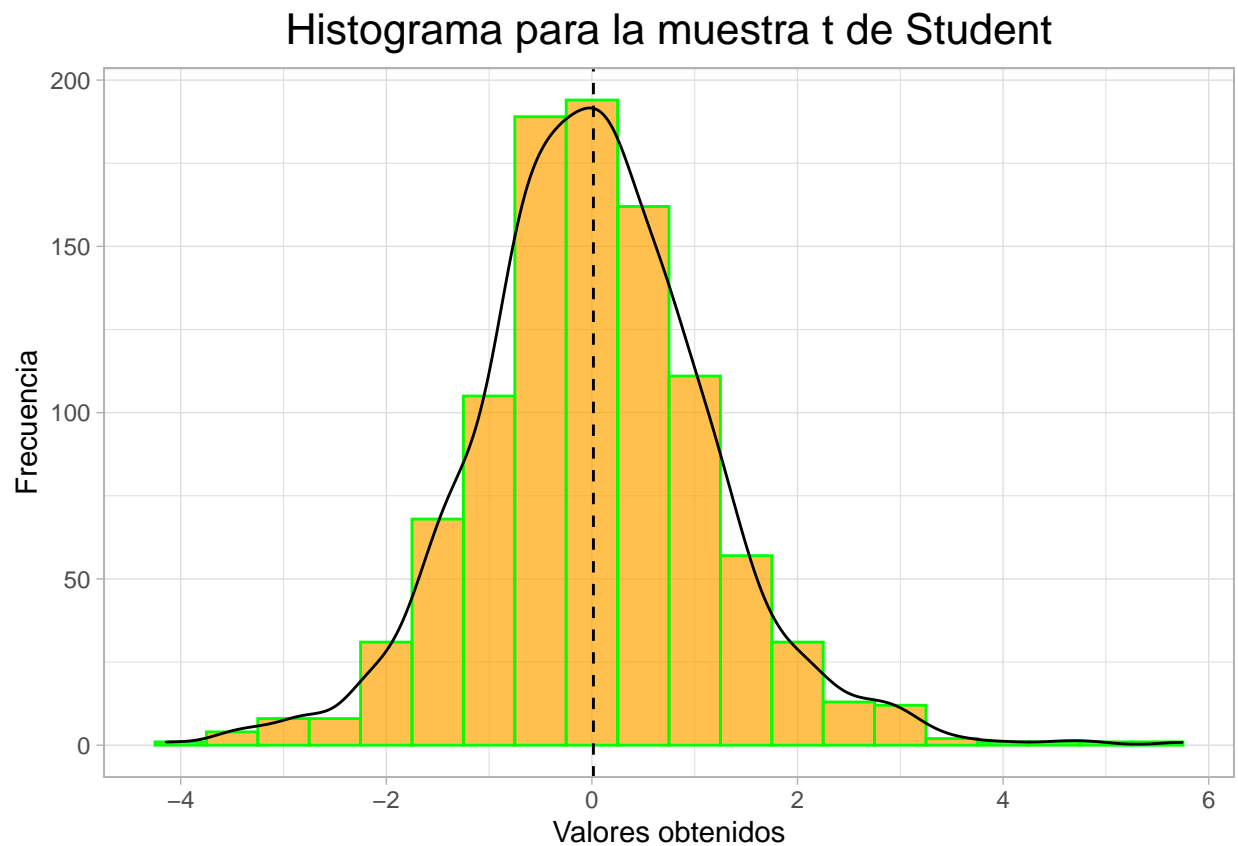
```
[1] 1000
```

```
tail(mdf)
```

```
      muestra
995 0.6257672958
996 -0.2794513280
997 -0.3037697310
998 0.4514007565
999 -0.0003503659
1000 -0.1808370397
```

Observamos que el histograma de la muestra generada tiene forma de campana similar a la densidad  $t$  de Student

```
ggplot(mdf, aes(muestra)) +
  geom_histogram(colour = 'green',
                 fill = 'orange',
                 alpha = 0.7, # Intensidad del color fill
                 binwidth = 0.5) +
  geom_density(aes(y = 0.5*..count..))+
  geom_vline(xintercept = mean(mdf$muestra), linetype="dashed", color = "black") +
  ggtitle('Histograma para la muestra t de Student') +
  labs(x = 'Valores obtenidos', y = 'Frecuencia')+
  theme_light() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```



## ATENUAR COLORES

Para atenuar colores es necesario utilizar  $\alpha = 0.8$  o la cantidad porcentual para atenuarse.

# RETO 1. DISTRIBUCIONES BINOMIAL, NORMAL Y T DE STUDENT

## OBJETIVO

- Calcular probabilidades y cuantiles relacionadas con algunas distribuciones de probabilidad útiles y comunes
- Generar muestras aleatorias que provengan de las distribuciones estudiadas

## REQUISITOS

- Haber trabajado con el Prewrite y el Work

## DESARROLLO

### DISTRIBUCIÓN BINOMIAL

Consideremos un experimento binomial con  $n = 35$  pruebas idénticas e independientes, en donde la probabilidad de éxito en cada prueba es  $p = 0.51$ . Encuentre lo siguiente:

1. La probabilidad de observar exactamente 10 éxitos
2. La probabilidad de observar 10 o más éxitos
3. El cuantil de orden 0.5
4. Genere una muestra aleatoria de tamaño 1000 de esta distribución, construya una tabla de frecuencias relativas con los resultados y realice el gráfico de barras de los resultados que muestre las frecuencias relativas.

### DISTRIBUCIÓN NORMAL

Considere una variable aleatoria normal con media 110 y desviación estándar 7. Realice lo siguiente:

1. Grafique la función de densidad de probabilidad
2. Encuentre la probabilidad de que la v.a. sea mayor o igual a 140
3. Encuentre el cuantil de orden 0.95
4. Genere una muestra aleatoria de tamaño 1000 y realice el histograma de frecuencias relativas para esta muestra

#### #RETO 1 SESSION 4

```
##distribucion binomial
# Consideremos un experimento binomial con $n = 35$ pruebas idénticas e
# independientes, en donde la probabilidad de éxito en cada prueba es
# $p = 0.51$. Encuentre lo siguiente:
#
# 1. La probabilidad de observar exactamente 10 éxitos
# 2. La probabilidad de observar 10 o más éxitos
# 3. El cuantil de orden 0.5
# 4. Genere una muestra aleatoria de tamaño 1000 de esta
# distribución, construya una tabla de frecuencias relativas con los
```

```
# resultados y realice el gráfico de barras de los resultados que  
# muestre las frecuencias relativas.
```

```
library(ggplot2)  
#PUNTO 1  
dbinom(x=10,size = 35,prob = 0.51)
```

```
[1] 0.003930318
```

```
#PUNTO 2  
pbinom(q=9,size = 35,prob = 0.51,  
       lower.tail = FALSE)
```

```
[1] 0.9979185
```

```
#PUNTO 3  
qbinom(p = 0.5,size = 35,prob = 0.51)
```

```
[1] 18
```

```
# PUNTO 4  
set.seed(123)  
ale1000<- rbinom(n = 1000,size = 35,prob = 0.51)  
class(ale1000)
```

```
[1] "integer"
```

```
ale1000dataaframe<-as.data.frame(table(ale1000)/length(ale1000))  
head(ale1000dataaframe)
```

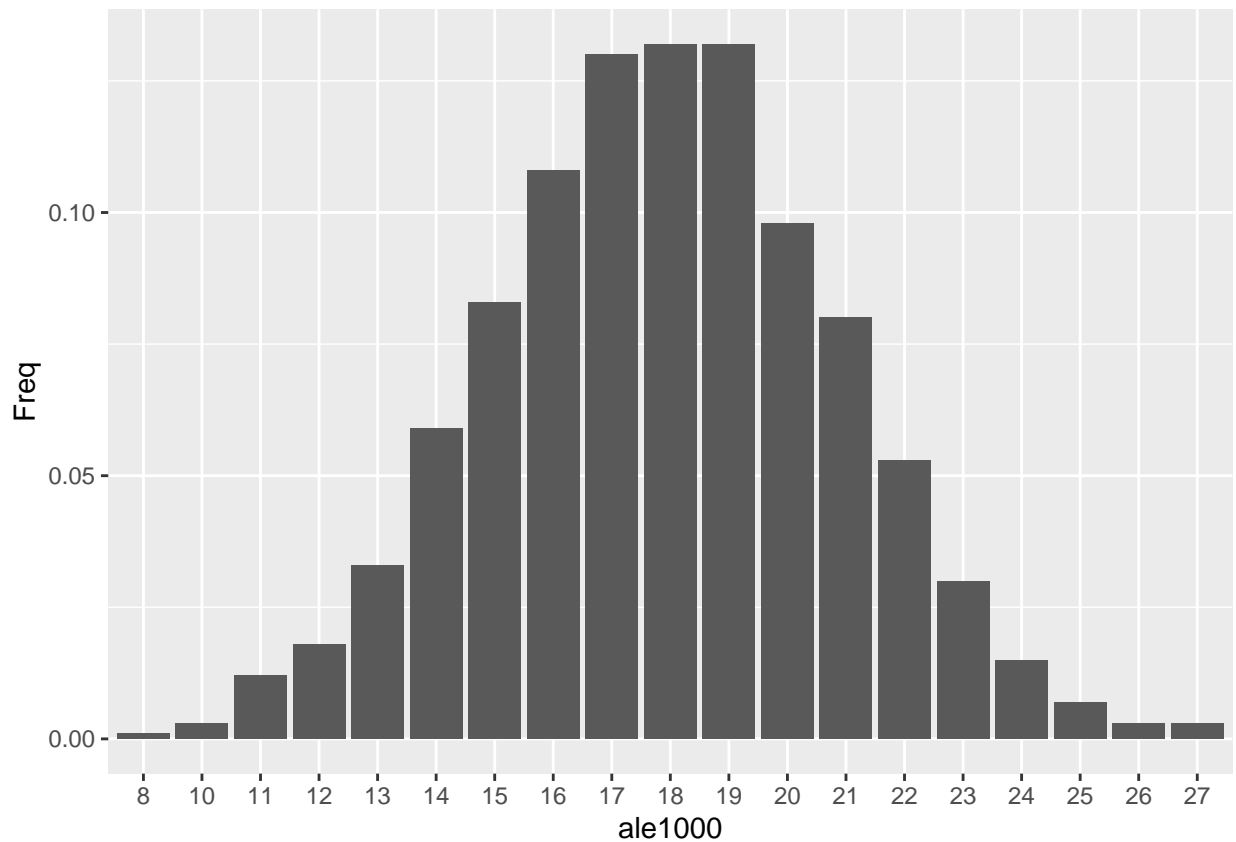
	ale1000	Freq
1	8	0.001
2	10	0.003
3	11	0.012
4	12	0.018
5	13	0.033
6	14	0.059

```
tail(ale1000dataaframe)
```

	ale1000	Freq
14	22	0.053
15	23	0.030
16	24	0.015
17	25	0.007
18	26	0.003
19	27	0.003



```
ggplot(ale1000dataaframe,
  aes(x = ale1000,y = Freq))+geom_bar(stat = "identity")
```



```
##DISTRIBUCION NORMAL
# Considere una variable aleatoria normal con media 110
#y desviación estándar 7. Realice lo siguiente:
# 1. Grafique la función de densidad de probabilidad
# 2. Encuentre la probabilidad de que la v.a. sea mayor o igual a 140
# 3. Encuentre el cuantil de orden 0.95
# 4. Genere una muestra aleatoria de tamaño 1000 y realice el histograma
# de frecuencias relativas para esta muestra
```

```
#PUNTO 1
```

```
#GENERANDO LOS VALORES ALEATORIOS
```

```
vala1<- seq(10,100,by = 0.1)
View(vala1)
vala2<- dnorm(x = vala1,mean = 110,sd = 7)
class(vala1)
```

```
[1] "numeric"
```

```
class(vala2)
```

```
[1] "numeric"
```

```
df<-data.frame(vala1, vala2)
class(df)
```

```
[1] "data.frame"
```

```
View(df)
grafico<-ggplot(df, aes(vala1, vala2))+geom_line()
```

```
#PUNTO 2. PROBABILIDAD DE QUE VARIABLE ALEATORIA SEA MAYOR O IGUAL A 140
#LOWR TAIL SI ES VERDADERO LA PROBABILIDAD SERÁ  $P(X \leq x)$  SI ES FALSO ES  $P(X > x)$ 
pnorm(q = 140, mean = 110, sd = 7, lower.tail = FALSE)
```

```
[1] 9.107649e-06
```

```
#PUNTO 3. CUARTIL DE ORDEN 0.95
qnorm(p = 0.95, mean = 110, sd = 7)
```

```
[1] 121.514
```

```
#PUNTO 4. MUESTRA ALEATORIA DE TAMAÑO 1000 Y GENERE HISTOGRAMA DE FRECUENCIAS
set.seed(123)
datara<-rnorm(n = 1000, mean = 110, sd = 7)
dataradf<-as.data.frame(x = datara)
class(dataradf)
```

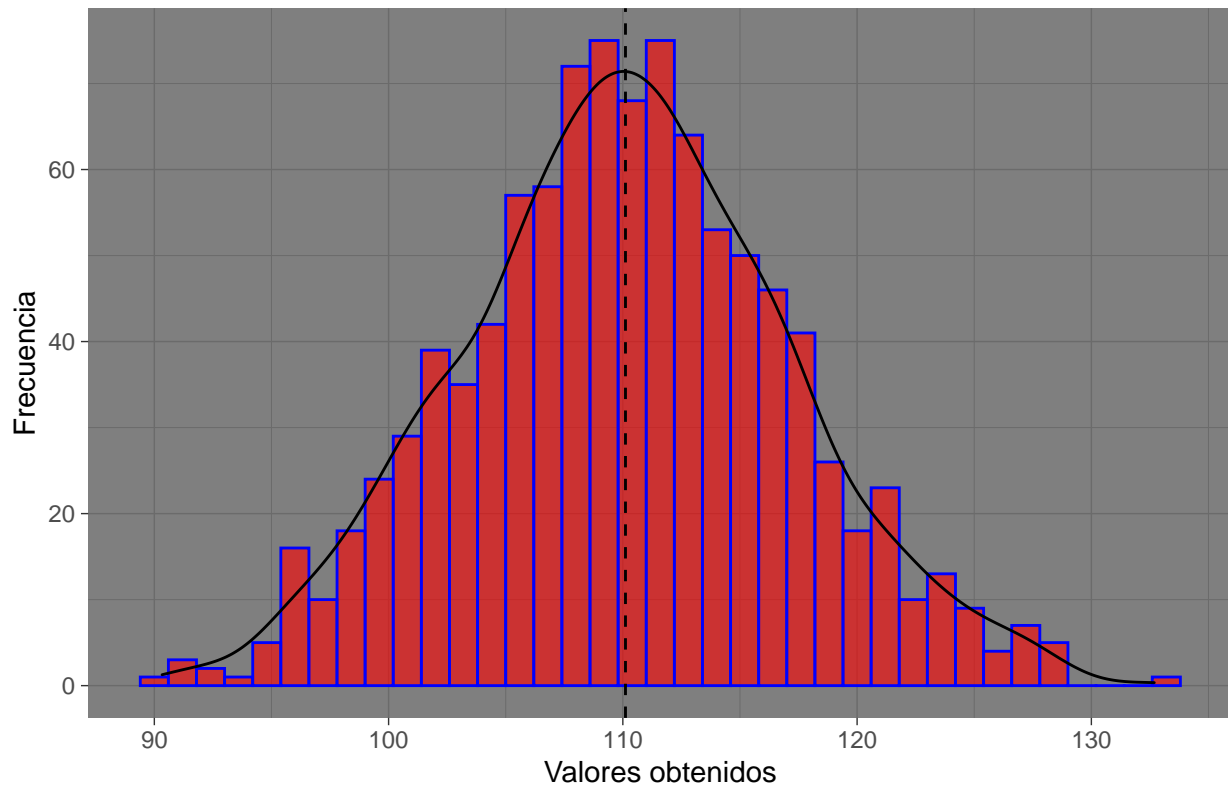
```
[1] "numeric"
```

```
class(dataradf)
```

```
[1] "data.frame"
```

```
ggplot(data = dataradf, aes(dataradf)) +
  geom_histogram(colour="blue",
                 fill="red",
                 alpha=0.6,
                 binwidth = 1.2) +
  geom_density(aes(y=1.2*..count..)) +
  geom_vline(xintercept = mean(dataradf),
             linetype="dashed", color = "black") +
  ggtitle(label = 'Histograma para la muestra normal') +
  labs(x='Valores obtenidos', y='Frecuencia') +
  theme_dark() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```

## Histograma para la muestra normal



## TEOREMA CENTRAL DEL LÍMITE

### OBJETIVO

- Comprender lo que afirma el teorema central del límite obteniendo muestras aleatorias de diferentes tamaños en R y observando la manera en la que se distribuyen las medias de las muestras generadas

### REQUISITOS

- Tener R y RStudio instalados
- Haber estudiado el Prework

### ##DESARROLLO

El teorema central del límite (TCL) es una teoría estadística que establece que, dada una muestra suficientemente grande de la población, la distribución de las medias muestrales seguirá una distribución normal.

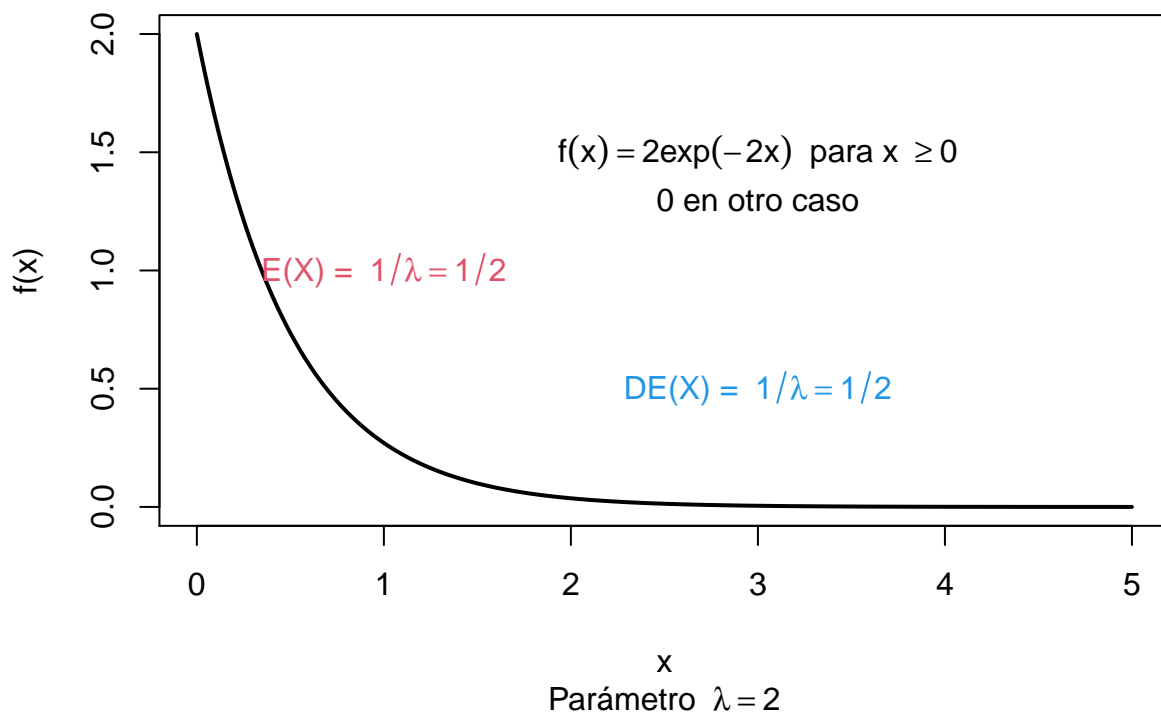
Además, el TCL afirma que a medida que el tamaño de la muestra se incrementa, la media muestral se acercará a la media de la población. Por tanto, mediante el TCL podemos definir la distribución de la media muestral de una determinada población con una varianza conocida. De manera que la distribución seguirá una distribución normal si el tamaño de la muestra es lo suficientemente grande.

Cargamos el paquete ggplot2 para hacer algunas gráficas

### #TEOREMA CENTRAL DEL LIMITE

```
library(ggplot2)
# Consideremos una variable aleatoria (v.a.) X
# con distribución exponencial y parámetro lambda = 2
x <- seq(0, 5, 0.02)
plot(x, dexp(x, rate = 2), type = "l", lwd = 2, ylab = "")
title(main = "Función de Densidad Exponencial", ylab = "f(x)",
      sub = expression("Parámetro " ~ lambda == 2))
text(x = 3, y = 1.5, labels = expression(f(x) == 2*exp(-2*x) ~ " para x " >= 0))
text(x = 3, y = 1.3, labels = paste("0 en otro caso"))
text(x = 1, y = 1, labels = expression("E(X) = " ~ 1/lambda == 1/2), col = 2)
text(x = 3, y = 0.5, labels = expression("DE(X) = " ~ 1/lambda == 1/2), col = 4)
```

## Función de Densidad Exponencial



```
print("Ahora obtenemos una muestra aleatoria de tamaño n = 4 de la distribución exponencial considerada")
```

```
[1] "Ahora obtenemos una muestra aleatoria de tamaño n = 4 de la distribución exponencial considerada"
```

```
set.seed(10) # Para reproducir posteriormente la muestra
(m1.4 <- rexp(n = 4, rate = 2))
```

```
[1] 0.007478203 0.460110602 0.376079469 0.787520925
```

```
print("Obtenemos la media de la muestra generada")
```

```
[1] "Obtenemos la media de la muestra generada"
```

```
mean(m1.4)
```

```
[1] 0.4077973
```

```
print("Ahora obtenemos 5 muestras de tamaño 3")
```

```
[1] "Ahora obtenemos 5 muestras de tamaño 3"
```

```
set.seed(64) # Para reproducir las muestras en el futuro  
(m5.3 <- sapply(X = rep(3, 5), FUN = rexp, 2))
```

	[,1]	[,2]	[,3]	[,4]	[,5]
[1,]	1.5874413	0.031138339	0.08650897	0.3297026	0.82773066
[2,]	0.3272063	0.120168796	0.59122902	0.1333955	0.30709894
[3,]	1.5801568	0.006056407	1.08174334	0.5965121	0.02107677

```
print("Obtenemos las medias de las 5 muestras")
```

```
[1] "Obtenemos las medias de las 5 muestras"
```

```
(media5.3 <- apply(m5.3, 2, mean))
```

```
[1] 1.16493482 0.05245451 0.58649378 0.35320341 0.38530212
```

```
print("Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 7 y las 1000 medias correspondientes a las muestras")
```

```
[1] "Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 7 y las 1000 medias correspondientes a las muestras"
```

```
set.seed(465) # Para reproducir las muestras en el futuro  
m1000.7 <- sapply(X = rep(7, 1000), FUN = rexp, 2)  
media1000.7 <- apply(m1000.7, 2, mean)  
mdf <- as.data.frame(media1000.7)  
tail(mdf)
```

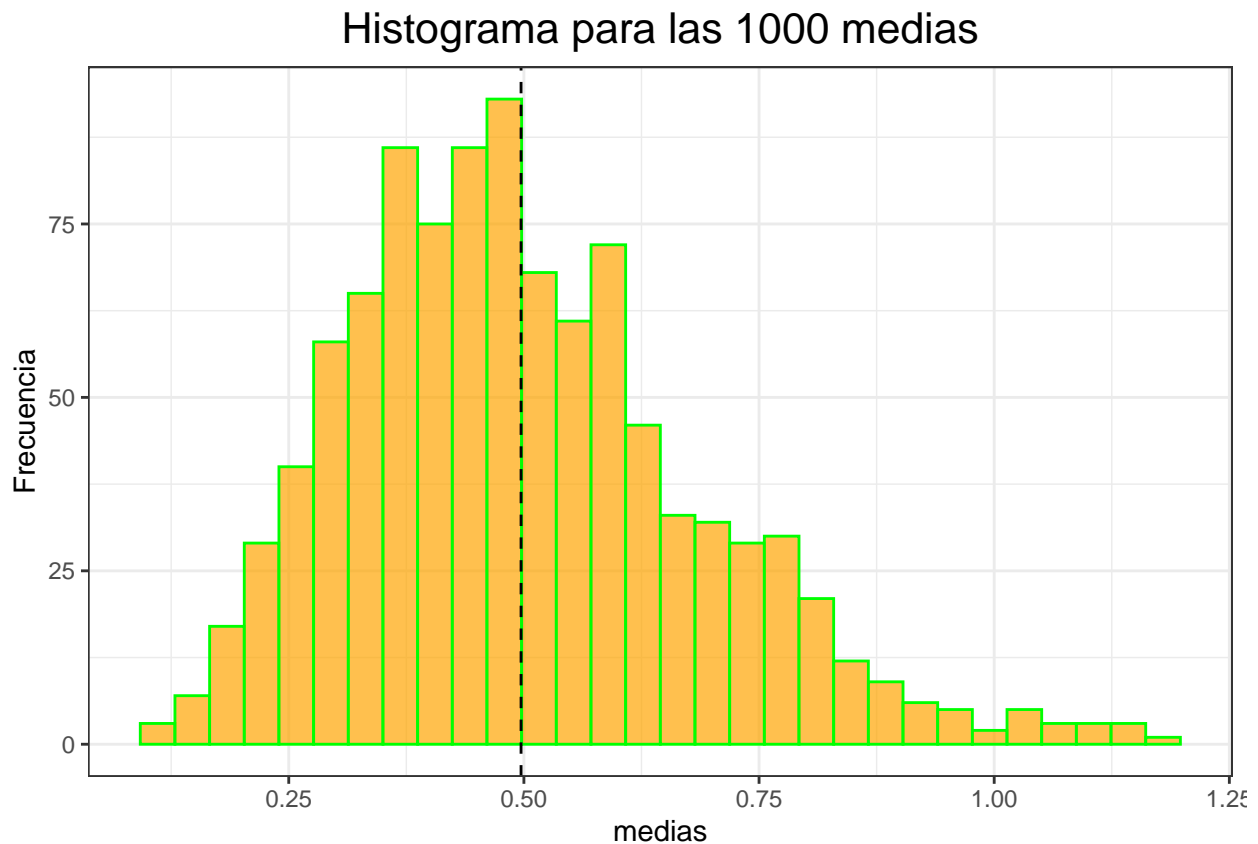
	media1000.7
995	0.5444073
996	0.3751581
997	0.5589332
998	0.6565002
999	0.2337858
1000	0.3259742

```
print("Observamos que el histograma de las medias tiene forma de campana")
```

```
[1] "Observamos que el histograma de las medias tiene forma de campana"
```

```
ggplot(mdf, aes(media1000.7)) +  
  geom_histogram(colour = 'green',  
                 fill = 'orange',  
                 alpha = 0.7) + # Intensidad del color fill  
  geom_vline(xintercept = mean(media1000.7), linetype="dashed", color = "black") +  
  ggtitle('Histograma para las 1000 medias') +  
  labs(x = 'medias', y = 'Frecuencia') +  
  theme_bw() +  
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```

‘stat\_bin()’ using ‘bins = 30’. Pick better value with ‘binwidth’.



```
mean(media1000.7); 1/2 # Media de las 1000 medias y media de
```

```
[1] 0.4969754
```

```
[1] 0.5
```

```
# la población de la cual vienen las 1000 muestras
sd(media1000.7); (1/2)/sqrt(7) # DE de las 1000 medias y DE
```

```
[1] 0.1854891
```

```
[1] 0.1889822
```

```
# de la población de la cual vienen las 1000 muestras dividida
# por la raíz del tamaño de la muestra
```

```
print("Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 33 y las 1000 medias correspondientes a las muestras")
```

```
[1] "Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 33 y las 1000 medias correspondientes a las muestras"
```

```
set.seed(4465) # Para reproducir las muestras en el futuro
m1000.33 <- sapply(X = rep(33, 1000), FUN = rexp, 2)
media1000.33 <- apply(m1000.33, 2, mean)
mdf <- as.data.frame(media1000.33)
tail(mdf)
```

```
      media1000.33
995      0.3818621
996      0.3609060
997      0.5153507
998      0.5261520
999      0.5053655
1000     0.4573147
```

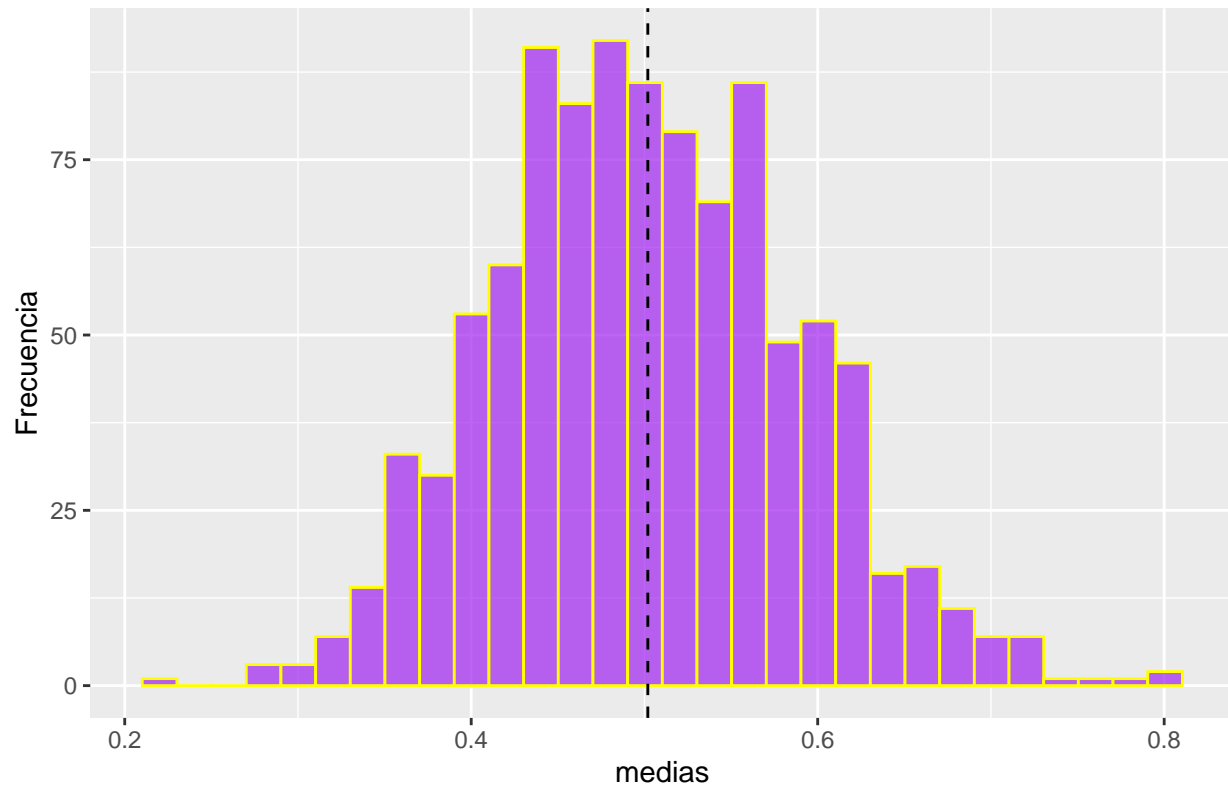
```
print("Observamos que el histograma de las medias es más parecida todavía a una campana")
```

```
[1] "Observamos que el histograma de las medias es más parecida todavía a una campana"
```

```
ggplot(mdf, aes(media1000.33)) +
  geom_histogram(colour = 'yellow',
                 fill = 'purple',
                 alpha = 0.7) + # Intensidad del color fill
  geom_vline(xintercept = mean(media1000.33), linetype="dashed", color = "black") +
  ggtitle('Histograma para las 1000 medias') +
  labs(x = 'medias', y = 'Frecuencia')+
  theme_get() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```

‘stat\_bin()’ using ‘bins = 30’. Pick better value with ‘binwidth’.

## Histograma para las 1000 medias



```
mean(media1000.33); 1/2 # Media de las 1000 medias y media de la
```

```
[1] 0.501952
```

```
[1] 0.5
```

```
# población de la cual vienen las 1000 muestras
sd(media1000.33); (1/2)/sqrt(33) # DE de las 1000 medias
```

```
[1] 0.08624136
```

```
[1] 0.08703883
```

```
# y DE de la población de la cual vienen las 1000 muestras dividida
# por la raíz del tamaño de la muestra
```

```
print("Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 400 y las 1000 medias correspondientes a las muestras")
```

```
[1] "Ahora obtenemos 1000 muestras de tamaño 400 y las 1000 medias correspondientes a las muestras"
```

```
set.seed(543465) # Para reproducir las muestras en el futuro
m1000.400 <- sapply(X = rep(400, 1000), FUN = rexp, 2)
media1000.400 <- apply(m1000.400, 2, mean)
mdf <- as.data.frame(media1000.400)
tail(mdf)
```



```
media1000.400
995      0.4656883
996      0.4779040
997      0.4803765
998      0.4944309
999      0.4988992
1000     0.5106146
```

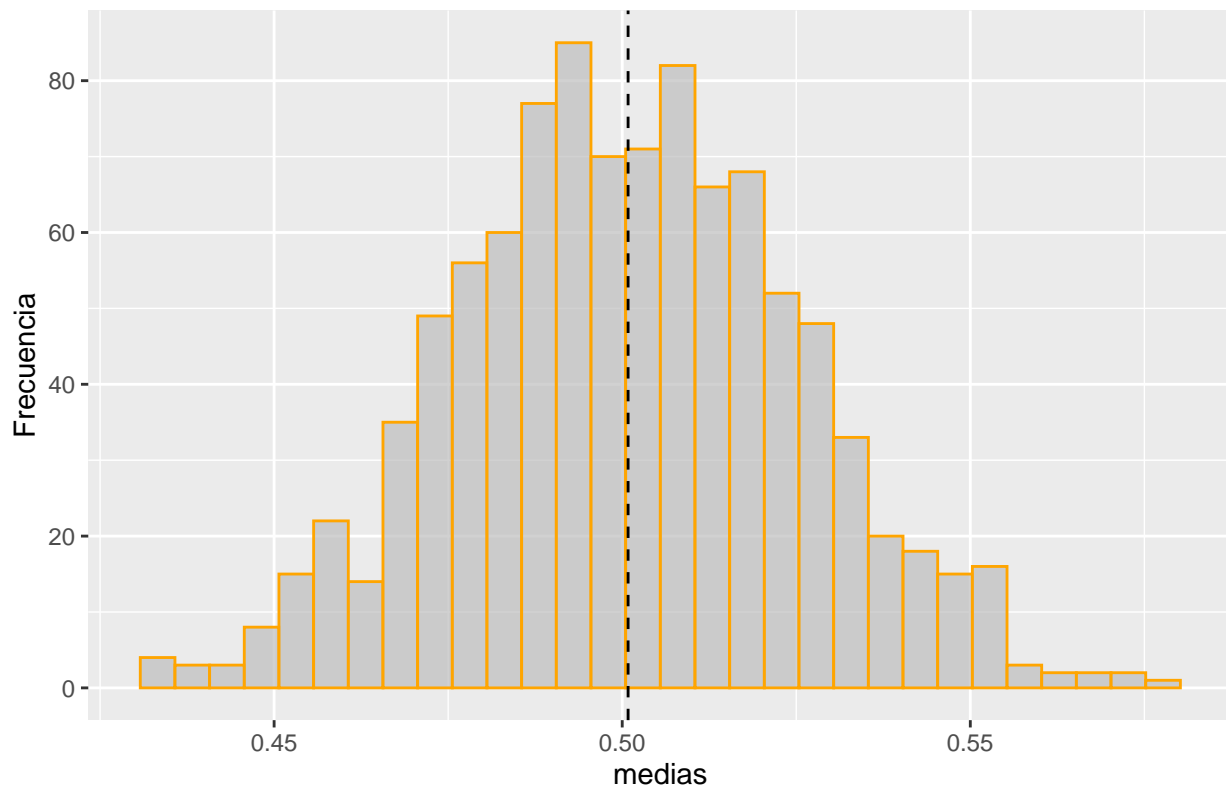
```
print("Observamos que el histograma de las medias es más parecida todavía a una campana")
```

```
[1] "Observamos que el histograma de las medias es más parecida todavía a una campana"
```

```
ggplot(mdf, aes(media1000.400)) +
  geom_histogram(colour = 'orange',
                fill = 'gray',
                alpha = 0.7) + # Intensidad del color fill
  geom_vline(xintercept = mean(media1000.400), linetype="dashed", color = "black") +
  ggtitle('Histograma para las 1000 medias') +
  labs(x = 'medias', y = 'Frecuencia')+
  theme_gray() +
  theme(plot.title = element_text(hjust = 0.5, size = 16))
```

‘stat\_bin()’ using ‘bins = 30’. Pick better value with ‘binwidth’.

## Histograma para las 1000 medias



```
mean(media1000.400); 1/2 # Media de las 1000 medias y media
```

```
[1] 0.5008446
```

```
[1] 0.5
```

```
# de la población de la cual vienen las 1000 muestras  
sd(media1000.400); (1/2)/sqrt(400) # DE de las 1000 medias
```

```
[1] 0.02453529
```

```
[1] 0.025
```

```
# y DE de la población de la cual vienen las 1000 muestras  
# dividida por la raíz del tamaño de la muestra
```