TP Inicial

Alan Erdei, Nicolás Ian Rozenberg, Mateo Suffern

2024-03-28

```
# Library(aplpack)
library(ggplot2)
```

Carga y preparación de los datos

```
datos_encuesta <- read.table("./ENNyS_menorA2.txt", header = TRUE)
head(datos_encuesta)</pre>
```

```
##
     Sexo Tipo_embarazo
                              Edad Peso Perim_encef Talla
## 1 Varon
                 Simple 1.84109589 14.48
                                                50.0 87.5
## 2 Mujer
                 Simple 1.49589041 11.88
                                                47.5 76.7
                                                42.0 69.0
## 3 Mujer
                 Simple 0.58082192 6.78
## 4 Mujer
                 Simple 0.07945205 4.18
                                                37.8 49.9
## 5 Varon
                 Simple 1.64931507 11.68
                                                48.1 83.7
## 6 Mujer
                 Simple 0.05479452 3.98
                                                36.0 52.0
```

Cambiamos el tipo de las columnas Sexo y Tipo_embarazo a factor (categórico)

```
datos_encuesta$Sexo <- as.factor(datos_encuesta$Sexo)
datos_encuesta$Tipo_embarazo <- as.factor(datos_encuesta$Tipo_embarazo)
attach(datos_encuesta)</pre>
```

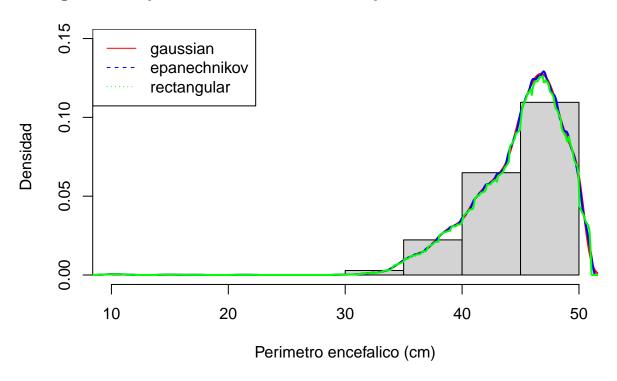
```
perim_encef_hist <- hist(
  Perim_encef,
  probability = TRUE,
  main="Histograma de perimetro encefalico comparado con densidades estimadas",
  xlab="Perimetro encefalico (cm)",
  ylab="Densidad",
  ylim=c(0, 0.15)
)</pre>
```

```
kernels <- c("gaussian", "epanechnikov", "rectangular")
colors <- c("red", "blue", "green")
kde_perim_encef <- list() # A ser utilizado en siguientes ejercicios

for (i in seq_along(kernels)) {
   kde <- density(
        Perim_encef,
        kernel = kernels[i]
   )
   lines(kde, col = colors[i], lw = "2")
   kde_perim_encef[[kernels[i]]] <- kde
}

legend(x="topleft", legend = kernels, col = colors, lty = 1:3)</pre>
```

Histograma de perimetro encefalico comparado con densidades estima



Se puede observar que la densidad estimada por cada uno de los núcleos proporcionados ajustan de forma muy similar y que se asimilan al histograma.

Ejercicio 2

Primero, verificamos que no hayan registros de bebés de edad mayor a 2 años

```
sum(Edad > 2)
## [1] 0
```

No los hay. Estimamos la probabilidad de que el perímetro encefálico se encuentre en el rango de 42 cm a 48 cm primero aproximando la integral de la densidad estimada con el kernel Epanechnikov

```
lower_bound <- 42</pre>
upper_bound <- 48
bw <- kde_perim_encef$epanechnikov$bw</pre>
prob_estim_epa <- function(datos, h, x){</pre>
  n <- length(datos)</pre>
  u \leftarrow (x - datos)/h
  return((3/(4*n)) * sum(
     (u - (u^3)/3 + (2/3)) * (abs(u) <= 1)
    + (4/3) * (u > 1)
  ))
}
prob_res <- prob_estim_epa(</pre>
  Perim_encef,
  bw,
  upper_bound
) - prob_estim_epa(
  Perim_encef,
  bw,
  lower_bound
cat("Probabilidad integrando densidad estimada:", prob_res)
```

Probabilidad integrando densidad estimada: 0.5795061

Ahora utilizando tanto los datos arrojados por el histograma. Primero, observamos que los límites se encuentran en los últimos dos bins.

```
perim_encef_hist$breaks

## [1] 10 15 20 25 30 35 40 45 50

nbins <- length(perim_encef_hist$density)
prob_estim_hist <- (
    perim_encef_hist$density[nbins-1] * (45-42)
    + perim_encef_hist$density[nbins] * (48-45)
)
cat("Probabilidad obtenida mediante histograma:", prob_estim_hist)</pre>
```

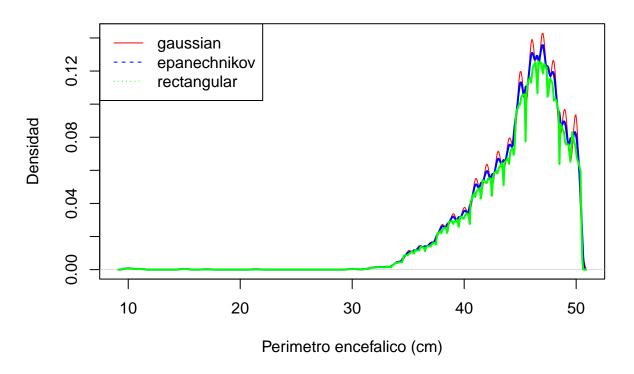
Probabilidad obtenida mediante histograma: 0.5233615

Ejercicio 3

Graficamos las densidades estimadas utilizando tanto el doble de ventana, como la mitad.

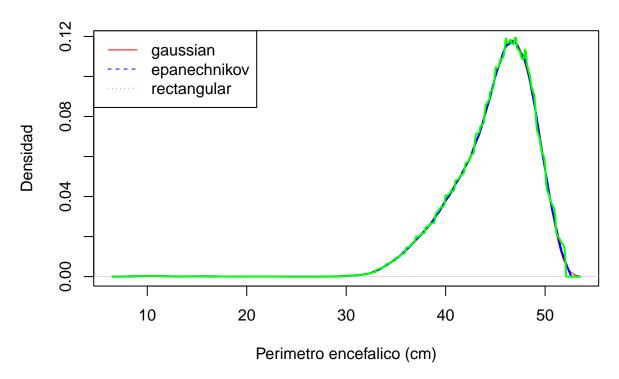
```
for (i in seq_along(kernels)) {
    kde <- density(</pre>
        Perim_encef,
        kernel = kernels[i],
        adjust = 1/2
    )
    if (i == 1){
       plot(
            kde,
            col = colors[i],
            main = sprintf("Densidad estimada con ventana %f", kde$bw),
            xlab="Perimetro encefalico (cm)",
            ylab="Densidad"
    }
    else{
        lines(
            col = colors[i],
            lw = "2"
        )
    }
}
legend(x="topleft", legend = kernels, col = colors, lty = 1:3)
```

Densidad estimada con ventana 0.292076



```
for (i in seq_along(kernels)) {
    kde <- density(</pre>
        Perim_encef,
        kernel = kernels[i],
        adjust=2
    )
    if (i == 1){
        plot(
            kde,
            col = colors[i],
            main = sprintf("Densidad estimada con ventana %f", kde$bw),
            xlab="Perimetro encefalico (cm)",
            ylab="Densidad"
    }
    else{
        lines(
            kde,
            col = colors[i],
            lw = "2"
    }
}
legend(x="topleft", legend = kernels, col = colors, lty = 1:3)
```

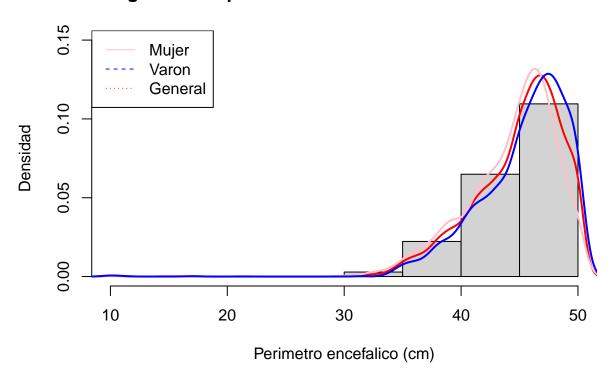
Densidad estimada con ventana 1.168303



```
hist(Perim_encef,
     probability = TRUE,
     main = "Histograma comparado con densidades de acuerdo al sexo",
     xlab="Perimetro encefalico (cm)",
     ylab="Densidad",
     ylim=c(0, 0.15)
)
lines(
  kde_perim_encef[["gaussian"]],
  col = "red",
  lw = "2"
sexos <- c("Mujer", "Varon")</pre>
colors <- c("pink", "blue")</pre>
for (i in seq_along(sexos)){
  kde <- density(</pre>
    Perim_encef[Sexo == sexos[i]],
    kernel = "gaussian",
  )
 lines(
```

```
kde,
  col = colors[i],
  lw = "2"
)
}
legend(x="topleft", legend = c(sexos, "General"), col = c(colors, "red"),lty = 1:3)
```

Histograma comparado con densidades de acuerdo al sexo

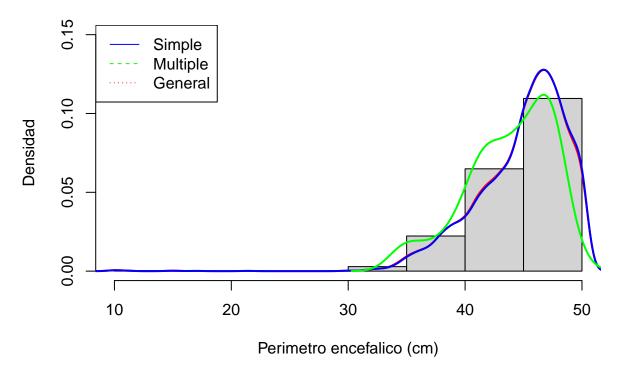


Se puede observar que el perímetro encefálico tiende a ser de menor longitud que el de los varones, puesto que la curva de densidad estimada para las mujeres es más alta para valores más pequeños.

```
hist(
   Perim_encef,
   probability = TRUE,
   main = "Histograma comparado con densidades",
   xlab="Perimetro encefalico (cm)",
   ylab="Densidad",
   ylim=c(0, 0.15)
)
lines(
   kde_perim_encef[["gaussian"]],
   col = "red",
   lw = "2"
```

```
tipos_embarazo <- c("Simple", "Multiple")
colors <- c("blue", "green")
for (i in seq_along(tipos_embarazo)){
   kde <- density(
        Perim_encef[Tipo_embarazo == tipos_embarazo[i]],
        kernel = "gaussian",
)
   lines(
        kde,
        col = colors[i],
        lw = "2",
)
}
legend(x="topleft", c(tipos_embarazo, "General"), col = c(colors, c("red")),lty = 1:3)</pre>
```

Histograma comparado con densidades



La densidad estimada del perímetro encefálico para los casos de nacimiento múltiple difiere considerablemente de la densidad general estimada, y la de los casos de nacimiento simple. Calculamos la frecuencia relativa de cada tipo de embarazo.

```
table(Tipo_embarazo) / length(Tipo_embarazo)

## Tipo_embarazo
## Multiple Simple
```

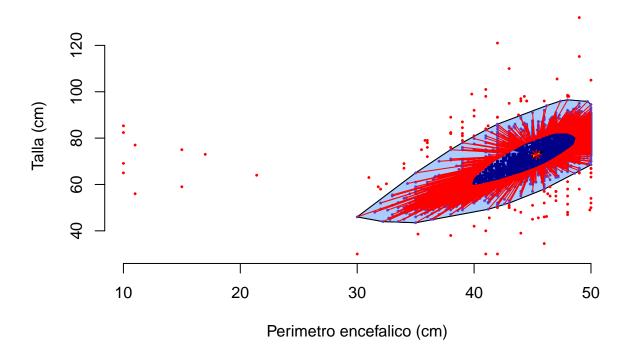
0.03347428 0.96652572

Vemos que aproximadamente el 3% de los registros provienen de embarazos múltiples, por lo que consideramos que no podemos sacar conclusiones acerca de esta diferencia.

Ejercicio 6

```
bagplot_pc_t <- bagplot(
   Perim_encef,
   Talla,
   main = "Bagplot entre Perimetro encefalico y Talla",
   xlab="Perimetro encefalico (cm)",
   ylab="Talla (cm)"
)</pre>
```

Bagplot entre Perimetro encefalico y Talla

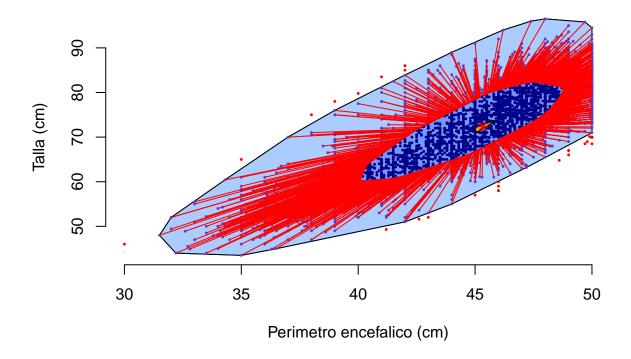


Se pueden identificar fácilmente varios puntos atípicos, especialmente con perímetro encefálico chico, y tallas alrededor de la media de la talla. No necesariamente tienen talla alta en estos casos. Sí se ven tallas muy altas (Hay puntos con tallas mayores a 90 cm). También casos donde la talla es muy baja (menor a 40 cm) y un perímetro encefálico muy alto (cercano a 50 cm).

```
bagplot_pc_t_2 <- bagplot(
  c(bagplot_pc_t$pxy.bag[,'x'], bagplot_pc_t$pxy.outer[,'x']),</pre>
```

```
c(bagplot_pc_t$pxy.bag[,'y'], bagplot_pc_t$pxy.outer[,'y']),
main = "Bagplot entre Perimetro encefalico y Talla",
xlab="Perimetro encefalico (cm)",
ylab="Talla (cm)"
)
```

Bagplot entre Perimetro encefalico y Talla



Se visualizan datos atípicos, mas muchos menos que con los datos anteriores y más cercanos a la cápsula convexa.

```
#plot(NULL, xlim = range(Perim_encef), ylim = range(Talla), xlab = "Perimetro encefalico", ylab = "Tall
xlim = c(min(Perim_encef), max(Perim_encef))
ylim = c(min(Talla), max(Talla))

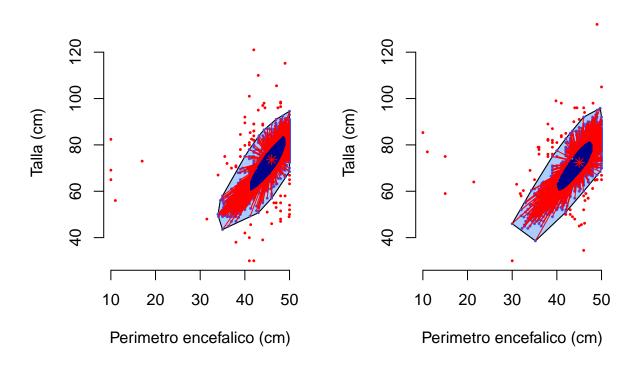
par(mfrow = c(1, 2))

for (sexo in unique(Sexo)) {
    subset_data <- datos_encuesta[Sexo == sexo, ]

    bagplot_pc_t <- bagplot(
        subset_data$Perim_encef,
        subset_data$Talla,</pre>
```

```
main = sprintf("Bagplot entre Perimetro encefalico y Talla (%s)", sexo),
    xlab="Perimetro encefalico (cm)",
    ylab="Talla (cm)",
    xlim=xlim,
    ylim=ylim
)
```

lot entre Perimetro encefalico y Tablot entre Perimetro encefalico y Tal



Se puede observar que existe una distribución conjunta muy similar para ambos sexos, y la ubicación de outliers también muy similar. Parecería ser que la relación entre perímetro encefálico y talla no cambia mucho entre ambos, y que la aparición de outliers no parece depender del sexo.