

Modelos y Simulación

Licenciatura en Ciencias de la Computación

Licenciatura en Matemática Aplicada

Dra. Patricia Kisbye

2024

Índice general

1. Conceptos básicos de probabilidad	7
1.1. Espacio de probabilidad	7
1.1.1. Espacio muestral	7
1.1.2. Axiomas de probabilidad	8
1.1.3. Probabilidad condicional	9
1.2. Variables aleatorias	11
1.2.1. Distribución conjunta	13
1.2.2. Distribución condicional	14
1.2.3. Convolución de distribuciones	16
1.2.4. Valor esperado	17
1.2.5. Varianza	18
1.2.6. Desigualdad de Chebyshev	19
1.2.7. Leyes de los grandes números	20
1.3. Distribuciones de probabilidad	20
1.3.1. Variables aleatorias discretas	21
1.3.2. Variables aleatorias continuas	24
2. Procesos de Poisson	31
2.1. El proceso de Poisson homogéneo	31
2.1.1. Distribución del número de llegadas $N(t)$	32
2.1.2. Proceso de Poisson homogéneo trasladado	33
2.1.3. Distribución del tiempo entre arribos	33
2.1.4. Distribución del tiempo de arribo	34
2.1.5. Superposición de procesos de Poisson homogéneos	35
2.1.6. Refinamiento de procesos de Poisson homogéneos	37
2.2. Procesos de Poisson no homogéneos	38
3. Números aleatorios	35
3.1. Introducción	35
3.2. Propiedades de un generador de números aleatorios	35

3.2.1.	Breve reseña histórica	36
3.3.	Principios generales	37
3.4.	Generadores congruenciales	38
3.4.1.	Generadores congruenciales lineales	39
3.4.2.	Generadores mixtos	40
3.4.3.	Generadores multiplicativos	41
3.4.4.	El problema de los hiperplanos	43
3.4.5.	Generadores congruenciales lineales combinados	43
3.4.6.	Otros generadores eficientes y portables	49
4.	El Método de Monte Carlo	51
4.1.	Estimación de integrales definidas	53
4.1.1.	Integración sobre $(0, 1)$	53
4.1.2.	Integración sobre un intervalo (a, b)	55
4.1.3.	Integración sobre $(0, \infty)$	56
4.2.	Estimación de integrales múltiples	57
4.2.1.	Estimación del valor de π	58
5.	Generación de variables aleatorias discretas	61
5.1.	Método de la transformada inversa	61
5.1.1.	Generación de una variable aleatoria uniforme discreta	64
5.1.2.	Cálculo de promedios	66
5.1.3.	Generación de una variable aleatoria geométrica	68
5.1.4.	Generación de variables Bernoulli	69
5.1.5.	Generación de una variable aleatoria Poisson	69
5.1.6.	Generación de una variable aleatoria binomial	71
5.2.	Método de aceptación y rechazo	72
5.3.	Método de composición	74
5.4.	Métodos alternativos	76
5.4.1.	El método del alias	76
5.4.2.	Método de la urna	80
6.	Generación de variables aleatorias continuas	83
6.1.	Introducción	83
6.2.	Método de la transformada inversa	83
6.2.1.	Simulación de una variable aleatoria exponencial	87
6.2.2.	Simulación de una variable aleatoria Poisson $X \sim \mathcal{P}(\lambda)$	87
6.2.3.	Simulación de una variable con distribución Gamma(n, λ^{-1})	88
6.3.	El método de aceptación y rechazo	90
6.4.	Simulación de variables aleatorias normales	94

6.4.1.	Por composición usando $ Z $	94
6.4.2.	Método polar	96
6.4.3.	Transformaciones de Box-Muller	97
6.4.4.	Método de razón entre uniformes	99
6.5.	Generación de un Proceso de Poisson	102
6.5.1.	Procesos de Poisson homogéneos	102
6.5.2.	Procesos de Poisson no homogéneos	103
6.6.	Método de aceptación y rechazo transformado	105
6.6.1.	Método de rechazo transformado con compresión	107
7.	Análisis estadístico de datos simulados	111
7.1.	Introducción	111
7.2.	Selección de la distribución	112
7.2.1.	Algunas medidas estadísticas	114
7.3.	Estimación de parámetros	116
7.3.1.	Propiedades de un buen estimador	117
7.3.2.	Error cuadrático medio de un estimador	118
7.3.3.	Estimadores de máxima verosimilitud	118
7.3.4.	La media muestral	120
7.3.5.	La varianza muestral	120
7.4.	Estimación con Simulaciones	121
7.4.1.	Simulación de media muestral	121
7.4.2.	Fórmulas recursivas	122
7.4.3.	Estimador de proporción	124
7.5.	Estimador por intervalos	125
7.5.1.	Estimador por intervalo de $E(X)$	125
7.5.2.	Estimador por intervalos de una proporción	127
7.6.	La técnica de Bootstrap	127
7.6.1.	Muestras bootstrap	127
7.6.2.	Estimación bootstrap	128
7.6.3.	Estimación bootstrap de una proporción	129
7.6.4.	Estimación bootstrap del ECM	130
7.6.5.	Estimación bootstrap de $\text{Var}(\hat{\theta})$	133
8.	Técnicas de validación estadística	135
8.1.	Introducción	135
8.2.	Pruebas de bondad de ajuste	136
8.2.1.	Datos discretos - Test chi-cuadrado de Pearson	136
8.2.2.	Datos continuos - Test de Kolmogorov-Smirnov	142

8.3.	El problema de las dos muestras	148
8.3.1.	Test de suma de rangos para n y m pequeños	150
8.3.2.	Test de suma de rangos para n y m grandes	152
8.4.	Test de rangos para varias muestras	154
8.5.	Validación de Procesos de Poisson	155
8.5.1.	Validación de un proceso de Poisson homogéneo	157
8.5.2.	Estimación de la función de intensidad	158
8.6.	Ejemplo	158
8.6.1.	El problema	158
8.6.2.	Validación del número de arribos como variable aleatoria Poisson	159
8.6.3.	Validación del proceso no homogéneo	160
8.6.4.	Validación del proceso homogéneo	161
8.6.5.	Estimación de la función de intensidad	161
9.	Cadenas de Markov	163
9.1.	Introducción	163
9.2.	Cadenas de Markov	165
9.2.1.	Propiedad de Markov	165
9.2.2.	Probabilidades de transición	165
9.2.3.	Diagrama de transición	169
9.2.4.	Estructura de clases	169
9.2.5.	Clasificación de estados	170
9.2.6.	Cadenas periódicas	172
9.2.7.	Tiempos de alcance y probabilidades de absorción	173
9.2.8.	Tiempo medio de retorno	174
9.2.9.	Distribución estacionaria	175

Capítulo 1

Conceptos básicos de probabilidad

1.1. Espacio de probabilidad

En lo que sigue daremos una noción intuitiva del concepto de *espacio de probabilidad* y los elementos que intervienen en su definición.

1.1.1. Espacio muestral

Dado un experimento, se llama **espacio muestral** al conjunto de resultados del experimento.

Ejemplo 1.1. En una carrera de 3 caballos a , b y c , se considera el orden de llegada a la meta y se representa el resultado con una terna. Así, la terna (b, c, a) indica que el caballo b llegó primero, c llegó segundo y a llegó tercero. Asumimos que no hay posibilidad de empate.

El espacio muestral de este experimento es el conjunto S formado por todos los resultados posibles:

$$S = \{(a, b, c), (a, c, b), (b, a, c), (b, c, a), (c, a, b), (c, b, a)\}.$$

Ejemplo 1.2. Si arrojamus una moneda dos veces, y denotamos por C si sale cara y por X si sale cruz, entonces, el espacio muestral formado por los resultados del experimento puede representarse por el conjunto

$$S = \{(C, C), (C, X), (X, C), (X, X)\}.$$

Ejemplo 1.3. En una urna hay tres bolas verdes y dos rojas. Se sacan dos bolas *simultáneamente*. El espacio muestral está formado por todos los conjuntos posibles de dos bolas. Si denotamos V_1, V_2 y V_3 a las bolas verdes y R_1, R_2 a las rojas, entonces el espacio muestral tiene $\binom{5}{2} = 10$ elementos:

$$S = \{\{V_1, V_2\}, \{V_1, V_3\}, \{V_1, R_1\}, \{V_1, R_2\}, \{V_2, V_3\}, \{V_2, R_1\}, \{V_2, R_2\}, \\ \{V_3, R_1\}, \{V_3, R_2\}, \{R_1, R_2\}\}.$$

Si en cambio el experimento consiste en sacar dos bolas *consecutivamente*, sin reposición, el espacio muestral consiste en 20 elementos, ya que deben considerarse todos los pares ordenados. Esto es, deben distinguirse los resultados (V_1, V_2) de (V_2, V_1) y así sucesivamente.

Cualquier subconjunto del espacio muestral es un **evento**. En el Ejemplo 1.1, el subconjunto

$$U = \{(b, c, a), (c, b, a)\}$$

es un evento, que se puede describir como el conjunto de los resultados en los que el caballo a sale último en la carrera.

Si A y B son eventos de un espacio muestral S , entonces también lo son su unión, su intersección y el complemento, que se denotan $A \cup B$, AB y A^c , respectivamente.

En particular, si A_1, A_2, \dots, A_n son eventos, también lo son:

- La unión de los eventos: $A_1 \cup A_2 \cup \dots \cup A_n$.
- La intersección de los eventos: $A_1 A_2 \dots A_n$.
- El espacio muestral: $S = A \cup A^c$.
- El conjunto vacío: $\emptyset = AA^c$.

Dos eventos A y B se dicen **mutuamente excluyentes** si $AB = \emptyset$. Los eventos A_1, A_2, \dots, A_n se dicen **mutuamente excluyentes dos a dos** si $A_i A_j = \emptyset$ para cada $i \neq j$.

1.1.2. Axiomas de probabilidad

Consideramos un espacio muestral S , y suponemos que existe una función P definida sobre el conjunto de eventos de S que satisface los siguientes axiomas:

Axioma 1: $0 \leq P(A) \leq 1$, para todo evento A .

Axioma 2: $P(S) = 1$.

Axioma 3: Si $A_1, A_2, \dots, A_n, \dots$, son mutuamente excluyentes dos a dos, entonces

$$P\left(\bigcup_{i=1}^n A_i\right) = \sum_{i=1}^n P(A_i), \quad n = 1, 2, \dots$$

Una tal función P se la denomina **probabilidad**, y $P(A)$ es la probabilidad del evento A . El Axioma 1 indica que la probabilidad es un número real entre 0 y 1. El Axioma 2 indica que la probabilidad de que ocurra algún resultado de S es 1. El Axioma 3 indica que si dos o más eventos son mutuamente excluyentes, entonces la probabilidad de que ocurra alguno de ellos es la suma de sus probabilidades.

De los axiomas podemos concluir además que:

- $P(A^c) = 1 - P(A)$, para todo evento A .
- $P(\emptyset) = 0$.
- $P(A \cup B) = P(A) + P(B) - P(AB)$, para cualquier par de eventos A y B .

Un **espacio de probabilidad** es un par (S, P) donde S es un espacio muestral y P es una probabilidad sobre S .

En teoría de Probabilidad, la familia de subconjuntos en la que está definida la función P puede no ser toda la familia de eventos, sino algunos de ellos, siempre que éstos constituyan una sigma-álgebra de subconjuntos Σ . En esta introducción asumiremos que Σ está conformado por todos los subconjuntos de S .

Ejemplo 1.4. Si S son los posibles resultados de la carrera de tres caballos, y se asigna a cada resultado la misma probabilidad:

$$P(\{(a, b, c)\}) = P(\{(b, a, c)\}) = \dots = \frac{1}{6}$$

entonces (S, P) es un espacio de probabilidad.

En particular, la probabilidad que el caballo a salga último es la probabilidad del evento $U = \{(b, c, a), (c, b, a)\}$, es decir:

$$P(U) = P(\{(b, c, a)\} \cup \{(c, b, a)\}) = P(\{(b, c, a)\}) + P(\{(c, b, a)\}) = \frac{1}{6} + \frac{1}{6} = \frac{1}{3}.$$

1.1.3. Probabilidad condicional

Retomando el Ejemplo 1.1, supongamos que el caballo a ha ganado la carrera. Con esta información, ¿cuál es la probabilidad de que el caballo c haya salido último?

El evento que el caballo a haya salido primero está dado por el siguiente subconjunto de resultados:

$$F = \{(a, b, c), (a, c, b)\}.$$

Asumiendo que todos los resultados son igualmente probables, se podría decir que *dado que el caballo a salió primero, la probabilidad que c salga último es $\frac{1}{2}$* .

Dados dos eventos A y F , y una probabilidad P , la **probabilidad condicional** de que ocurra A dado F se define como:

$$P(A | F) = \frac{P(AF)}{P(F)}$$

siempre que $P(F) > 0$.

Ejemplo 1.5. De una urna con 4 bolas rojas y 7 bolas azules se extraen dos bolas de manera consecutiva, sin reposición. ¿Cuál es la probabilidad que la segunda bola sea azul si la primera también lo es?

Para el cálculo de estas probabilidades es útil pensar a la urna como un vector $v = (v_1, \dots, v_{11})$, donde cada v_1, v_2, v_3 y v_4 representan las bolas rojas y las siete restantes una azul. El espacio muestral S consiste en todas las extracciones de dos bolas, por lo cual cada elemento de S puede representarse como un par ordenado (v_i, v_j) , y la probabilidad de cada uno de estos resultados puntuales es:

$$P(\{(v_i, v_j)\}) = \frac{1}{11 \cdot 10}.$$

Debemos calcular una probabilidad condicional $P(A | F)$, donde F es el evento donde la primera bola es azul y A es el evento que la segunda sea azul. Así:

$$P(A | F) = \frac{P(AF)}{P(F)}$$

El evento AF consiste en que ambas bolas sean azules, por lo cual

$$P(AF) = \frac{7 \cdot 6}{11 \cdot 10}.$$

Luego

$$P(A | F) = \frac{7 \cdot 6}{7 \cdot 10} = \frac{6}{10}.$$

Intuitivamente es un resultado razonable, ya que habiendo sacado una bola azul quedan 6 azules sobre un total de 10 bolas.

Dos eventos A y B se dicen **independientes** si $P(A | B) = P(A)$. En este caso se cumple:

$$P(AB) = P(A) \cdot P(B).$$

Notemos que para cualquier par de eventos A y F , se tiene que $A = AF \cup AF^c$. Dado que F y F^c son mutuamente excluyentes, entonces también lo son AF y AF^c . Por lo tanto

$$P(A) = P(AF) + P(AF^c).$$

Esto nos permite calcular la probabilidad de A como una suma ponderada de probabilidades condicionales:

$$\begin{aligned} P(A) &= P(A | F)P(F) + P(A | F^c)P(F^c) \\ &= P(A | F)P(F) + P(A | F^c)(1 - P(F)). \end{aligned} \quad (1.1)$$

En particular, también tenemos que $P(AF) = P(A | F)P(F)$ y $P(AF) = P(F | A)P(A)$. Entonces:

$$P(F | A) = \frac{P(AF)}{P(A)} = \frac{P(A | F)P(F)}{P(A)}. \quad (1.2)$$

La igualdad (1.2) se conoce como **Fórmula de Bayes**, y permite calcular la probabilidad condicional $P(F | A)$ (a posteriori) en términos de $P(F)$ (a priori). Puede generalizarse a un número finito de eventos. Esto es si F_1, F_2, \dots, F_n son eventos mutuamente excluyentes tales que $F_1 \cup F_2 \cup \dots \cup F_n = S$, entonces para cualquier evento A se tiene que:

$$\begin{aligned} P(A) &= P(AF_1) + P(AF_2) + \dots + P(AF_n) \\ &= P(A | F_1)P(F_1) + P(A | F_2)P(F_2) + \dots + P(A | F_n)P(F_n) \\ &= \sum_{i=1}^n P(A | F_i)P(F_i). \end{aligned}$$

Luego, la probabilidad condicional de que ocurra el evento F_j dado A es igual a:

$$P(F_j | A) = \frac{P(A | F_j)P(F_j)}{P(A)} = \frac{P(A | F_j)P(F_j)}{\sum_{i=1}^n P(A | F_i)P(F_i)}. \quad (1.3)$$

1.2. Variables aleatorias

Dado un espacio muestral (S, P) , una **variable aleatoria** es una función $X : S \mapsto \mathbb{R}$ tal que el conjunto $\{s \in S | X(s) \leq x\}$ es un evento sobre el que está definido P , para todo $x \in \mathbb{R}$.

Ejemplo 1.6. Si el experimento consiste en arrojar dos dados, la suma de los valores obtenidos es una variable aleatoria que toma los valores enteros entre 2 y 12.

Ejemplo 1.7. Si el experimento consiste en arrojar una moneda sucesivamente hasta que caiga cara, el número de veces que salió cruz es una variable aleatoria. Específicamente, el espacio muestral determinado por el experimento puede describirse como:

$$S = \{C, XC, XXC, XXXC, \dots\}$$

y la variable aleatoria toma valores en los enteros no negativos: $X : S \mapsto \mathbb{N} \cup 0$.

Ejemplo 1.8. También son ejemplos de variables aleatorias las que resultan de:

- contar el número de personas que ingresan a un local determinado cada día,
- medir el tiempo de servicio en un cajero automático,
- observar las tasas de interés en el mercado financiero.

Si X es una variable aleatoria sobre un espacio de probabilidad (S, P) , y x es un número real, entonces denotamos con $\{X \leq x\}$ al subconjunto de S :

$$\{X \leq x\} := \{s \in S \mid X(s) \leq x\}.$$

Una notación análoga denotará a los eventos $\{X = x\}$, $\{X > x\}$, $\{a < X < b\}$, y así siguiendo.

Dada una variable aleatoria X en un espacio de probabilidad S , se define la **función de distribución acumulada** como:

$$F(x) = P(X \leq x) := P(\{s \in S \mid X(s) \leq x\}). \quad (1.4)$$

La función F tiene dominio en los números reales y toma valores en el intervalo $[0, 1]$. En particular cumple las siguientes propiedades:

- F es no decreciente,
- para todo $x \in \mathbb{R}$ se cumple que $0 \leq F(x) \leq 1$,
- F es continua a derecha.

Diremos que una variable aleatoria es **discreta** si toma sólo un número finito o numerable de valores. En este caso, se define la **función de probabilidad de masa** por

$$p(x) = P(X = x).$$

Si la variable X toma valores en un conjunto finito $\{x_1, x_2, \dots, x_N\}$, entonces se cumple que

$$\sum_{i=1}^N p(x_i) = 1,$$

y si toma una cantidad infinita numerable de valores x_1, x_2, \dots , entonces

$$\sum_{i=1}^{\infty} p(x_i) = 1.$$

Ejemplo 1.9. Si una variable aleatoria toma dos valores, 1 y 2, y $p(1) = 0.3$, entonces $p(2) = 0.7$.

Ejemplo 1.10. Si la probabilidad de que una moneda salga cara es $\frac{1}{3}$, y las tiradas de moneda son eventos independientes, entonces la probabilidad de realizar n tiradas hasta obtener la primera cara es:

$$p(n) = P(\{n-1 \text{ tiradas cruz y una cara}\}) = \left(\frac{2}{3}\right)^{n-1} \frac{1}{3}, \quad n = 1, 2, \dots$$

y se tiene que

$$\sum_{n=1}^{\infty} p(n) = \frac{1}{3} \left(\frac{1}{1 - \frac{2}{3}} \right) = 1.$$

Una variable aleatoria se dice que es una variable **(absolutamente) continua** si existe una función f tal que para todo subconjunto $C \subseteq \mathbb{R}$ se cumple:

$$P(X \in C) = \int_C f(x) dx.$$

La función f se denomina **función de densidad de probabilidad** de la variable aleatoria X .

Por ejemplo, si $C = \{X < 2\}$ y f es la función de densidad de X , entonces

$$P(X \leq 2) = \int_{-\infty}^2 f(x) dx,$$

o si $C = \{-2 < X < 5\}$, entonces

$$P(-2 < X \leq 5) = \int_{-2}^5 f(x) dx.$$

Notemos además que si X es continua, entonces $P(X = a) = \int_a^a f(t) dt$, y por lo tanto $P(X = a) = 0$. En particular, f y la función de distribución acumulada F se relacionan por:

$$F(a) = P(X \leq a) = \int_{-\infty}^a f(x) dx.$$

Derivando con respecto a a tenemos que $F'(a) = f(a)$, para todo $a \in \mathbb{R}$ tal que F es derivable en a .

Además, si $\epsilon > 0$, entonces

$$P(a - \epsilon/2 \leq X \leq a + \epsilon/2) = \int_{a-\epsilon/2}^{a+\epsilon/2} f(x) dx,$$

es decir que para valores de ϵ cercanos a 0 esta probabilidad es aproximadamente $f(a) \cdot \epsilon$. De esta manera $f(a)$ da una medida de la probabilidad de que la variable aleatoria tome valores cercanos a a .

1.2.1. Distribución conjunta

Si X e Y son variables aleatorias sobre un espacio de probabilidad (S, P) , se llama **función de distribución acumulada conjunta** de X e Y a la función $F : \mathbb{R} \times \mathbb{R} \mapsto [0, 1]$ dada por

$$F(a, b) = P(X \leq a, Y \leq b).$$

En particular, si X e Y son variables aleatorias discretas se define la **función de masa de probabilidad conjunta** de X e Y como:

$$p(a, b) = P(X = a, Y = b).$$

Dos variables aleatorias X e Y se dicen **conjuntamente continuas** si existe una función f llamada **función de densidad conjunta** tal que

$$P(X \in C, Y \in D) = \int \int_{x \in C, y \in D} f(x, y) dx dy.$$

Si F es función de distribución conjunta de X e Y , entonces pueden calcularse las distribuciones de probabilidad de X e Y a partir de F , también llamadas **distribuciones marginales** F_X y F_Y . Esto es:

$$F_X(a) = P(X \leq a) = F(a, \infty), \quad F_Y(b) = P(Y \leq b) = F(\infty, b).$$

Si X e Y son variables aleatorias discretas con función de masa conjunta p , entonces las funciones de probabilidad de masa marginales de X e Y están dadas respectivamente por:

$$p_X(a) = \sum_b p(a, b), \quad p_Y(b) = \sum_a p(a, b).$$

Aquí los subíndices de la sumatoria b y a toman todos los valores posibles en el rango de Y y X , respectivamente.

Si X e Y son conjuntamente continuas con función de densidad conjunta f , las distribuciones marginales están dadas por:

$$F_X(a) = \int_{-\infty}^a \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dy dx = \int_{-\infty}^a f_X(x) dx.$$

$$F_Y(b) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^b f(x, y) dy dx = \int_{-\infty}^b f_Y(y) dy.$$

Notemos que las correspondientes densidades marginales f_X y f_Y están dadas por:

$$f_X(x) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dy \quad \text{y} \quad f_Y(y) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dx.$$

Así, a partir de la función de distribución conjunta es posible obtener las distribuciones marginales de X e Y . La recíproca no es cierta en general.

1.2.2. Distribución condicional

Si X e Y son variables aleatorias discretas, entonces la **probabilidad de masa condicional** $p_{X|Y}$ se define como

$$p_{X|Y}(x | y) = P(X = x | Y = y).$$

En particular, tenemos que:

$$p_{X|Y}(x | y) = \frac{P(X = x, Y = y)}{P(Y = y)} = \frac{p(x, y)}{p_Y(y)}.$$

Si X e Y son conjuntamente continuas, se define la **función de densidad condicional** como:

$$f_{X|Y}(x | y) = \frac{f(x, y)}{f_Y(y)}.$$

En particular, la probabilidad condicional $P(X \leq x | Y = y)$ está dada por

$$P(X \leq a | Y = y) = \int_{-\infty}^a \frac{f(x, y)}{f_Y(y)} dx = \int_{-\infty}^a \frac{f(x, y)}{\int_{-\infty}^{\infty} f(s, y) ds} dx.$$

En particular tenemos una versión de la fórmula de Bayes que relaciona las distribuciones condicionales y marginales para dos variables aleatorias X e Y :

$$p_{X|Y}(x | y) = \frac{p_{Y|X}(y | x)p_X(x)}{p_Y(y)}, \quad f_{X|Y}(x | y) = \frac{f_{Y|X}(y | x)f_X(x)}{f_Y(y)}.$$

Ejemplo 1.11. Consideremos X e Y variables aleatorias continuas con función de densidad conjunta

$$f_{X,Y}(x, y) = \begin{cases} \frac{e^{-x/y} e^{-y}}{y} & x \geq 0, 0 < y < \infty \\ 0 & \text{en otro caso.} \end{cases}$$

Entonces la densidad de Y está dada por:

$$f_Y(y) = \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) dx = \int_0^{\infty} \frac{e^{-x/y} e^{-y}}{y} dx = e^{-y}, \quad 0 < y < \infty,$$

y $f_Y(y) = 0$ en otro caso. Luego la función de densidad condicional de X dado Y está dada por:

$$f_{X|Y}(x | y) = \begin{cases} \frac{e^{-x/y}}{y} & 0 < x < \infty, 0 < y < \infty \\ 0 & \text{en otro caso.} \end{cases}$$

Luego la probabilidad condicional de X dado Y se calcula como:

$$P(X \leq a | Y = y) = \int_0^a \frac{e^{-x/y}}{y} dx = 1 - e^{-a/y}, \quad 0 < a < \infty, 0 < y < \infty.$$

Dos variables aleatorias X e Y son **independientes** si para todo C, D subconjuntos de \mathbb{R} se cumple que

$$P(X \in C, Y \in D) = P(X \in C) \cdot P(Y \in D).$$

Esto es, si los conjuntos $\{X \in C\}$ y $\{Y \in D\}$ son eventos independientes.

En tal caso, si X e Y son variables aleatorias discretas se cumple que $p(a, b) = p_X(a) \cdot p_Y(b)$, y si X e Y son variables aleatorias conjuntamente continuas se cumple que $f(x, y) = f_X(x) \cdot f_Y(y)$. Por lo tanto, si X e Y son independientes, la distribución conjunta se obtiene a partir de las distribuciones de X e Y .

1.2.3. Convolución de distribuciones

Dadas dos variables aleatorias X e Y sobre un espacio de probabilidad (S, P) consideremos la distribución de la suma de estas variables, $X + Y$. Así, si X e Y son variables discretas, entonces $X + Y$ también es discreta y se tiene que $X + Y$ toma un valor a cada vez que X e Y toman valores x y $a - x$, y recíprocamente. Por lo tanto:

$$P(X + Y = a) = \sum_x P(X = x, Y = a - x) = \sum_x p(x, a - x),$$

donde $p(x, y)$ denota la probabilidad conjunta de X e Y . Si X e Y son conjuntamente continuas, entonces $X + Y \leq a$ cada vez que X toma un valor x e Y es menor o igual a $a - x$. Luego

$$P(X + Y \leq a) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{a-x} f_{X,Y}(x, y) dy dx = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^a f_{X,Y}(x, y - x) dy dx,$$

con $f_{X,Y}$ la densidad conjunta de X e Y .

Si las variables son independientes, entonces para el caso discreto resulta que la probabilidad de masa de la variable aleatoria $X + Y$ está dada por:

$$P(X + Y = a) = \sum_x p_X(x) p_Y(a - x).$$

Para el caso continuo tenemos que

$$P(X + Y \leq a) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^a f_X(x) f_Y(y - x) dy dx = \int_{-\infty}^a \int_{-\infty}^{\infty} f_X(x) f_Y(y - x) dx dy,$$

de donde vemos que la densidad de $X + Y$ está dada por $\int_{-\infty}^{\infty} f_X(x) f_Y(y - x) dx$. Aquí p_X , p_Y , f_X y f_Y son las probabilidades de masa y densidades marginales respectivamente.

Esto da lugar al concepto de **convolución** de funciones de probabilidad. En particular, para las probabilidades de masa la convolución $p_X * p_Y(a)$ se define por:

$$p_X * p_Y(a) = \sum_x p_X(x) p_Y(a - x).$$

Para las funciones de densidad, la convolución $f_X * f_Y(a)$ se define por:

$$f_X * f_Y(a) = \int_{-\infty}^{\infty} f_X(x) f_Y(a - x) dx.$$

Así, si X e Y son variables aleatorias discretas independientes, entonces la probabilidad de masa de $X + Y$ está dada por la convolución $p_X * p_Y$. Si son continuas e independientes, la densidad de $X + Y$ está dada por la convolución de las densidades marginales, $f_X * f_Y$.

Ejemplo 1.12. Consideremos X e Y dos variables aleatorias independientes con densidades f y g respectivamente, dadas por:

$$f(x) = \begin{cases} e^{-x} & x > 0 \\ 0 & x \leq 0 \end{cases} \quad g(x) = \begin{cases} 3e^{-3x} & x > 0 \\ 0 & x \leq 0. \end{cases}$$

Como $f(x) = 0$ para valores de x negativos, y $g(x - y) = 0$ si $y > x$, tenemos que para $x > 0$:

$$\begin{aligned} (f * g)(x) &= \int_{-\infty}^{\infty} f(y) g(x - y) dy = \int_0^x f(y) g(x - y) dy \\ &= \int_0^x e^{-y} 3 e^{-3(x-y)} dy \\ &= 3 e^{-3x} \int_0^x e^{2y} dy \\ &= \frac{3}{2} e^{-3x} (e^{2x} - 1) = \frac{3}{2} (e^{-x} - e^{-3x}). \end{aligned}$$

Para $x \leq 0$ se verifica $(f * g)(x) = 0$. Así, para $a > 0$ tenemos que:

$$P(X+Y \leq a) = \int_0^a \frac{3}{2} (e^{-x} - e^{-3x}) dx = \frac{3}{2} \left(1 - e^{-a} - \frac{1}{3} (1 - e^{-3a}) \right) = \frac{1}{2} (2 - 3e^{-a} + e^{-3a}).$$

1.2.4. Valor esperado

Dada una variable aleatoria discreta X que toma valores x_i , $i = 1, 2, \dots, n, \dots$, se llama **valor esperado** o **esperanza matemática** a la cantidad (si existe)

$$E[X] = \sum_i x_i P(X = x_i).$$

Si X es una variable aleatoria continua, su valor esperado se define por el valor de la integral (si existe):

$$E[X] = \int_{-\infty}^{\infty} x f(x) dx.$$

Es importante notar que el valor esperado no es necesariamente un valor posible de X .

Ejemplo 1.13. Si X toma los valores 1, 2, 3 y 4, con $p(1) = p(2) = 0.3$, $p(3) = p(4) = 0.2$, entonces

$$E[X] = 1 \cdot 0.3 + 2 \cdot 0.3 + 3 \cdot 0.2 + 4 \cdot 0.2 = 2.3.$$

Sean X e Y dos variables aleatorias sobre un mismo espacio de probabilidad S . Entonces se cumplen las siguientes propiedades:

a) Si $g : \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$, entonces $g(X)$ es una variable aleatoria y

$$\begin{aligned} E[g(X)] &= \sum_i g(x_i) p(x_i), & (\text{si } X \text{ es discreta}), \\ E[g(X)] &= \int_{-\infty}^{\infty} g(x) f(x) dx, & (\text{si } X \text{ es continua}). \end{aligned}$$

En particular, tomando $g(x) = ax + b$ se deduce que

$$E[aX + b] = aE[X] + b.$$

b) El valor esperado es un operador lineal. Esto es,

$$E[X + Y] = E[X] + E[Y].$$

1.2.5. Varianza

La **varianza** es una medida de la dispersión de X en torno a su valor esperado $E[X] = \mu$, y está definido por:

$$\text{Var}(X) = E[(X - \mu)^2].$$

Notemos que

$$\text{Var}(X) = E[(X^2 - 2X\mu + \mu^2)] = E[X^2] - 2\mu E[X] + \mu^2 = E[X^2] - \mu^2.$$

La varianza es siempre un número positivo a menos que la variable aleatoria sea siempre constante. Es importante notar que si a y b son números reales, entonces

$$\text{Var}(aX + b) = a^2 \text{Var}(X).$$

La varianza no verifica la condición de linealidad. En efecto, si $E[X] = \mu$, $E[Y] = \theta$, entonces

$$\begin{aligned} \text{Var}(X + Y) &= E[((X + Y) - (\mu + \theta))^2] \\ &= E[(X - \mu)^2 + (Y - \theta)^2 + 2(X - \mu)(Y - \theta)] \\ &= E[(X - \mu)^2] + E[(Y - \theta)^2] + 2E[(X - \mu)(Y - \theta)] \\ &= \text{Var}(X) + \text{Var}(Y) + 2E[(X - \mu)(Y - \theta)]. \end{aligned}$$

Si X e Y son variables aleatorias, se define la **covarianza** de X e Y por:

$$\text{cov}(X, Y) = E[(X - \mu_X)(Y - \mu_Y)].$$

De esta manera,

$$\text{Var}(X + Y) = \text{Var}(X) + \text{Var}(Y) + 2 \text{cov}(X, Y).$$

Si X e Y son independientes entonces $\text{cov}(X, Y) = 0$ (la recíproca en general no es cierta). Esto puede verse observando que $\text{cov}(X, Y) = E[XY] - E[X]E[Y]$. Luego, si X e Y son independientes y conjuntamente continuas con densidad conjunta f , entonces $f(x, y) = f_X(x)f_Y(y)$ y por lo tanto:

$$E[XY] = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} xy f(x, y) dx dy = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} x f_X(x) y f_Y(y) dx dy = E[X]E[Y].$$

Si X e Y son discretas con probabilidad de masa conjunta p , entonces $p(x, y) = p_X(x)p_Y(y)$ y

$$E[XY] = \sum_i \sum_j x_i y_j p(x_i, y_j) = \sum_i \sum_j x_i p_X(x_i) y_j p_Y(y_j) = E[X]E[Y].$$

Por lo tanto, si X e Y son variables aleatorias independientes, se cumple que

$$\text{Var}(X + Y) = \text{Var}(X) + \text{Var}(Y).$$

Otra medida de dispersión de una variable aleatoria es la **desviación estándar** $\sigma(X)$, definida por

$$\sigma(X) = \sqrt{\text{Var}(X)}.$$

Tiene la ventaja de mantener las mismas unidades (distancia, longitud, tiempo, etc.) que X y $E[X]$. A su vez, se define la **correlación** de dos variables aleatorias X e Y por:

$$\rho(X, Y) = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma(X) \cdot \sigma(Y)}.$$

Se cumple que $\rho(X, Y)$ es un número entre -1 , y 1 y da una medida normalizada de la covarianza entre dos variables aleatorias.

1.2.6. Desigualdad de Chebyshev

Si X toma sólo valores no negativos y $a > 0$, entonces se cumple la desigualdad

$$P(X \geq a) \leq \frac{E[X]}{a}. \quad (1.5)$$

Para probar (1.5) consideramos la variable aleatoria Y dada por

$$Y = \begin{cases} a & \text{si } X \geq a \\ 0 & \text{en caso contrario.} \end{cases}$$

Dado que $Y \leq X$, lo mismo vale para sus valores esperados: $E[Y] \leq E[X]$. Luego,

$$a P(X \geq a) = E[Y] \leq E[X],$$

de donde se deduce el resultado. De esta propiedad para variables aleatorias no negativas puede derivarse la Desigualdad de Chebyshev.

Teorema 1.1 (Desigualdad de Chebyshev). Si X es variable aleatoria con media μ y varianza σ^2 , entonces para $k > 0$

$$P(|X - \mu| \geq k\sigma) \leq \frac{1}{k^2}.$$

Para la demostración, basta considerar la variable aleatoria

$$Y = \frac{|X - \mu|^2}{\sigma^2},$$

que toma valores positivos y su valor esperado es 1: $E[Y] = 1$. Aplicando la desigualdad (1.5) para un $k > 0$, tenemos que:

$$P(Y \geq k^2) \leq \frac{1}{k^2}.$$

Dado que los eventos $\{Y \geq k^2\}$ y $\{\frac{|X - \mu|}{\sigma} \geq k\}$ son iguales, se sigue el resultado.

Así por ejemplo, la probabilidad que los valores de una variable aleatoria estén a una distancia menor a 2 desviaciones estándar del valor esperado es mayor a $1 - 0.25 = 0.75$.

1.2.7. Leyes de los grandes números

Dos variables aleatorias se dicen **idénticamente distribuidas** si tienen una misma función de distribución acumulada.

Los siguientes resultados teóricos enuncian que si se tiene una sucesión de variables aleatorias independientes, idénticamente distribuidas, con valor esperado μ , entonces los promedios de estas variables *convergen*, en algún sentido de convergencia, al valor μ .

Específicamente, si $X_1, X_2, \dots, X_n, \dots$ son variables aleatorias independientes e idénticamente distribuidas, con media μ , se cumplen las siguientes propiedades:

■ **Ley débil de los grandes números:**

$$P\left(\left|\frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} - \mu\right| > \epsilon\right) \rightarrow 0 \quad n \rightarrow \infty.$$

■ **Ley fuerte de los grandes números:**

Con probabilidad 1 se cumple que:

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} = \mu.$$

1.3. Distribuciones de probabilidad

En la literatura se puede encontrar un gran número de distribuciones de probabilidad teóricas. En esta sección consideraremos algunas de estas distribuciones que luego utilizaremos para modelado y simulación.

1.3.1. Variables aleatorias discretas

Distribución uniforme discreta: $U\{1, n\}$

Se dice que una variable aleatoria tiene **distribución uniforme** si todos sus valores son equiprobables. Con $U\{1, n\}$ denotaremos a la variable aleatoria que toma valores en el conjunto $\{1, 2, \dots, n\}$, todos con la misma probabilidad $\frac{1}{n}$.

$$p(i) = \frac{1}{n}, \quad i = 1, 2, \dots, n.$$

El valor esperado y la varianza están dados por:

$$E[X] = \frac{n+1}{2}, \quad \text{Var}(X) = \frac{n^2-1}{12}.$$

Distribución de Bernoulli: $B(p)$

Una variable aleatoria que toma dos valores con probabilidad p (éxito) y $1-p$ (fracaso), se dice **de Bernoulli**. La distribución de Bernoulli teórica se corresponde con la variable aleatoria que toma los valores 1 y 0:

$$X = \begin{cases} 1 & \text{con prob. } p \\ 0 & \text{con prob. } 1-p. \end{cases}.$$

Su valor esperado y varianza están dados por:

$$E[X] = p, \quad \text{Var}(X) = p \cdot (1-p).$$

Distribución Binomial $B(n, p)$

Si consideramos un experimento que consiste en n ensayos independientes, cada uno con probabilidad p de éxito, entonces el número de éxitos tiene una distribución binomial de parámetros n y p . El rango de la variable aleatoria es el conjunto $\{0, 1, 2, \dots, n\}$, y la función de masa de probabilidad está dada por:

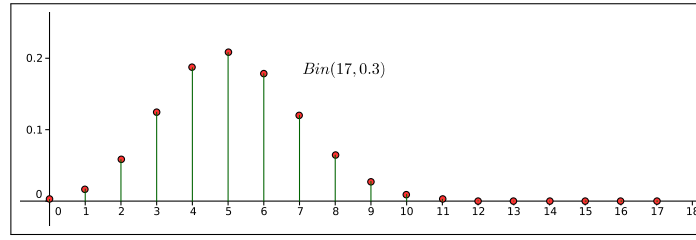
$$p(i) = P(X = i) = \binom{n}{i} p^i (1-p)^{n-i}, \quad 0 \leq i \leq n.$$

Más adelante resultará útil la siguiente fórmula recursiva para las probabilidades de masa:

$$p(0) = (1-p)^n, \quad p(i+1) = \frac{n-i}{i+1} \frac{p}{(1-p)} p(i), \quad 0 \leq i \leq n-1.$$

El valor esperado y la varianza están dados por:

$$E[X] = np, \quad \text{Var}(X) = np(1-p).$$

Figura 1.1: Distribución binomial. $\text{Bin}(17, 0.3)$ **Distribución de Poisson: $\mathcal{P}(\lambda)$**

Una variable aleatoria se dice que es de **Poisson con parámetro λ** si toma valores en $\mathbb{N} \cup 0$ con probabilidad de masa

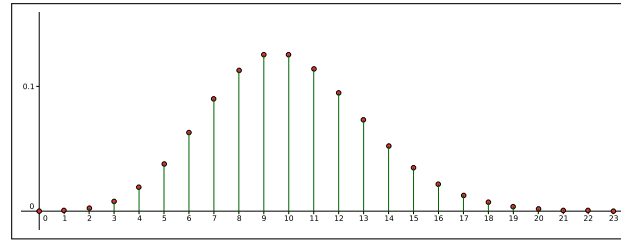
$$p(i) = P(X = i) = e^{-\lambda} \frac{\lambda^i}{i!}, \quad i \geq 0.$$

Una fórmula recursiva para estas probabilidades está dada por:

$$p(0) = e^{-\lambda}, \quad p(i+1) = \frac{\lambda}{i+1} p(i), \quad i \geq 0.$$

El valor esperado y la varianza están dados por:

$$E[X] = \lambda, \quad \text{Var}(X) = \lambda.$$

Figura 1.2: Distribución de Poisson. $\lambda = 10$ **Distribución Geométrica: $\text{Geom}(p)$**

Dada una sucesión de ensayos independientes con probabilidad p de éxito, la variable aleatoria geométrica cuenta el número de ensayos independientes hasta obtener el primer éxito. Su rango es el conjunto de números naturales, \mathbb{N} .

La función de probabilidad de masa está dada por:

$$p(n) = P(X = n) = p(1-p)^{n-1}, \quad n \geq 1.$$

El valor esperado y la varianza están dados por:

$$E[X] = \frac{1}{p}, \quad \text{Var}(X) = \frac{1-p}{p^2}$$

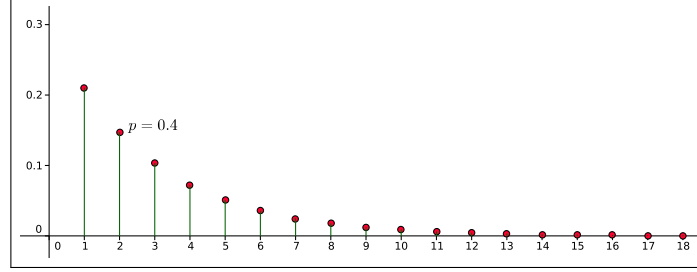


Figura 1.3: Distribución geométrica. $p = 0.4$

Distribución Binomial Negativa o Pascal: $\text{Bn}(r, p)$

Esta distribución se corresponde con la variable aleatoria que mide el número de ensayos independientes con probabilidad de éxito p , hasta obtener r éxitos. La variable toma valores en el intervalo $\{r, r+1, r+2, \dots\} = \{n \in \mathbb{N} \mid n \geq r\}$. La función de probabilidad de masa está dada por

$$P(X = n) = \binom{n-1}{r-1} p^r (1-p)^{n-r}, \quad n \geq r.$$

El valor esperado y la varianza están dados por:

$$E[X] = \frac{r}{p}, \quad \text{Var}(X) = \frac{r(1-p)}{p^2}.$$

Distribución Hipergeométrica $H(n, N, M)$

Esta distribución se corresponde con la variable aleatoria que mide el número de éxitos en una muestra de tamaño n extraída de un conjunto de $N+M$ elementos, donde un éxito equivale a extraer un elemento del subconjunto de cardinal N .

El rango de esta distribución es $\{0, 1, 2, \dots, n\}$. La función de probabilidad de masa está dada por:

$$p(i) = P(X = i) = \frac{\binom{N}{i} \binom{M}{n-i}}{\binom{N+M}{n}}.$$

La probabilidad $p(i)$ es 0 si $i > n$ o $n-i > M$. El valor esperado y la varianza están dadas por:

$$E[X] = \frac{nN}{N+M}, \quad \text{Var}(X) = \frac{nNM}{(N+M)^2} \left(1 - \frac{n-1}{N+M-1}\right).$$

1.3.2. Variables aleatorias continuas

Denotaremos con I_A a la **función indicadora del conjunto** A , dada por

$$I_A(x) = \begin{cases} 1 & x \in A \\ 0 & x \notin A \end{cases}.$$

Distribución uniforme $U(a, b)$

Una variable aleatoria continua X se dice uniformemente distribuida en (a, b) si su función de densidad está dada por

$$f(x) = \frac{1}{b-a} \mathbb{I}_{(a,b)}(x) = \begin{cases} \frac{1}{b-a} & a < x < b \\ 0 & \text{c.c.} \end{cases}$$

Su función de distribución acumulada está dada por:

$$F(x) = \begin{cases} 0 & x \leq a \\ \frac{x-a}{b-a} & a < x < b \\ 1 & x \geq b \end{cases},$$

y la varianza y su valor esperado son:

$$E[X] = \frac{a+b}{2}, \quad \text{Var}(X) = \frac{1}{12}(b-a)^2.$$

Distribución Normal $N(\mu, \sigma)$

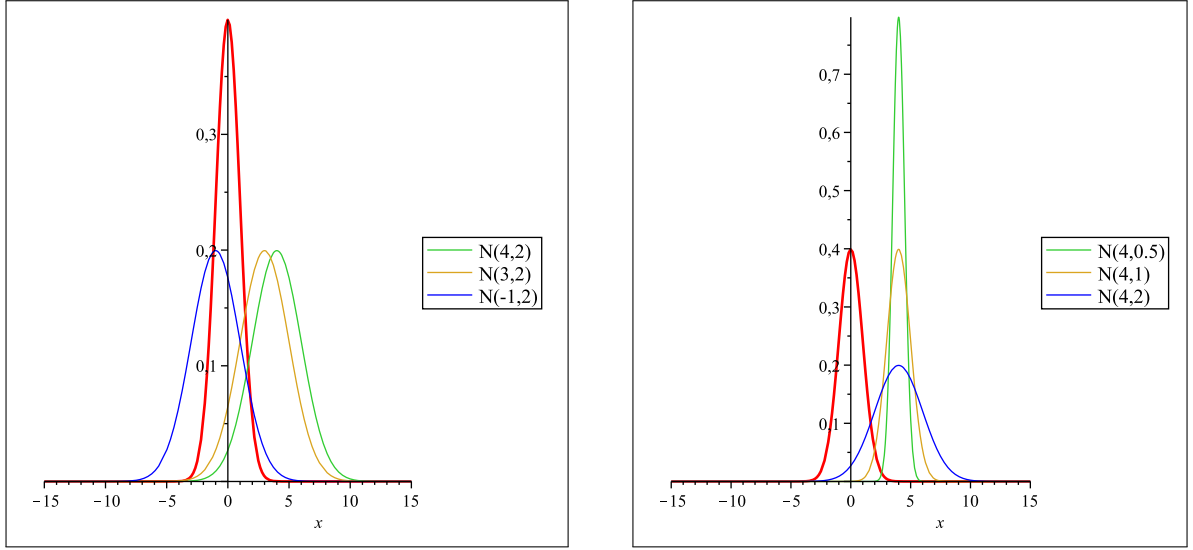
Una variable aleatoria continua X se dice normalmente distribuida con media μ y varianza σ^2 si su función de densidad de probabilidad está dada por

$$f_X(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}\sigma} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}, \quad x \in \mathbb{R}.$$

En tal caso usamos la notación $X \sim N(\mu, \sigma)$. Si $Z \sim N(0, 1)$ se dice que su distribución es **normal estándar**. La función de densidad es entonces:

$$f_Z(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2}}, \quad x \in \mathbb{R}.$$

La Figura 1.3.2 muestra distintas distribuciones normales, comparadas con la distribución normal estándar. En el primer gráfico la varianza es constante y en el segundo es constante la media.

Figura 1.4: Ejemplos de distribución normal, variando μ y σ

Si $X \sim N(\mu, \sigma)$, entonces $\frac{X-\mu}{\sigma}$ tiene distribución normal estándar. Denotemos con Φ a la función de distribución acumulada de una variable aleatoria normal estándar, $Z \sim N(0, 1)$:

$$\Phi(x) = P(Z \leq x) = \frac{1}{2\pi} \int_{-\infty}^x e^{-\frac{t^2}{2}} dt. \quad (1.6)$$

La integral $\Phi(x)$ dada en (1.6) no tiene una fórmula cerrada, por lo cual es usual utilizar valores tabulados para el cálculo o interpolación de valores de Φ . De la expresión para la función de densidad, se observa que es una función par, esto es, $f(x) = f(-x)$. Luego se cumple que

$$\Phi(x) = 1 - \Phi(-x), \quad \text{para todo } x \in \mathbb{R}.$$

Si X es normal con media μ y varianza σ^2 , entonces su función de distribución acumulada puede expresarse en términos de Φ :

$$F(x) = P(X \leq x) = P\left(\frac{X - \mu}{\sigma} \leq \frac{x - \mu}{\sigma}\right) = \Phi\left(\frac{x - \mu}{\sigma}\right).$$

Algunos valores importantes a recordar son las probabilidades de que los valores de una variable aleatoria normal se distribuyan alrededor de la media, a una distancia menor de $k\sigma$, para ciertos valores de k . Para $k = 1, 2, 3$ tenemos:

$$P(|X - \mu| < \sigma) \simeq 68 \%, \quad P(|X - \mu| < 2\sigma) \simeq 95 \%, \quad P(|X - \mu| < 3\sigma) \simeq 99.7 \%.$$

Si $Z \sim N(0, 1)$ y α es un número entre 0 y 1, se suele denotar z_α al número real tal que

$$P(Z > z_\alpha) = \alpha.$$

Así por ejemplo,

$$z_{0.05} = 1.64, \quad z_{0.025} = 1.96, \quad z_{0.01} = 2.33, \quad z_{0.005} = 2.58.$$

Debido a la simetría de la densidad de la normal estándar, estos valores indican en particular que:

$$P(-1.64 \leq Z \leq 1.64) = 90 \%, \quad P(-2.58 \leq Z \leq 2.58) = 99 \%,$$

y resultados similares para el 95 % y el 98 %.

Un resultado importante en la teoría de probabilidad es el llamado Teorema Central del Límite. Este teorema establece que la suma de n variables aleatorias independientes, igualmente distribuidas, todas con media μ y varianza σ^2 , tiene una distribución aproximadamente normal, con media $n\mu$ y varianza $n\sigma^2$. Más precisamente:

Teorema 1.2 (Teorema Central del límite). Sean X_1, X_2, \dots , variables aleatorias independientes igualmente distribuidas con media μ y varianza σ^2 . Entonces

$$\lim_{n \rightarrow \infty} P\left(\frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n - n\mu}{\sigma\sqrt{n}} < x\right) = \Phi(x).$$

Este teorema resultará útil para estimaciones estadísticas de intervalos de confianza a partir de una muestra de tamaño n .

Distribución exponencial $\mathcal{E}(\lambda)$

Una variable aleatoria X tiene distribución exponencial con parámetro λ , $\lambda > 0$, si su función de densidad está dada por

$$f_\lambda(x) = \lambda e^{-\lambda x} \mathbb{I}_{(0, \infty)}(x).$$

Su valor esperado y varianza están dados por:

$$E[X] = \frac{1}{\lambda}, \quad \text{Var}(X) = \frac{1}{\lambda^2}.$$

Si $X \sim \mathcal{E}(\lambda)$, entonces $cX \sim \mathcal{E}(\frac{1}{c}\lambda)$.

Se dice que una variable aleatoria X tiene **falta de memoria** si

$$P(X > s + t \mid X > s) = P(X > t),$$

para todo $s, t \in \mathbb{R}$. En efecto, si X tiene distribución exponencial con parámetro λ , entonces para cada t se cumple:

$$P(X > t) = 1 - (1 - e^{-\lambda t}) = e^{-\lambda t}.$$

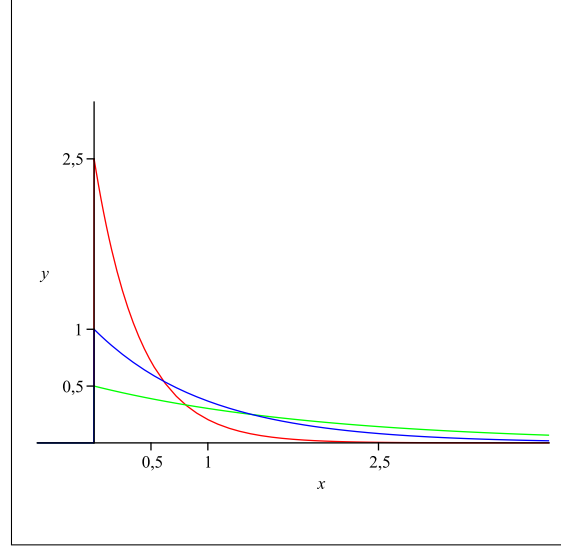


Figura 1.5: Función de densidad de variables exponenciales

Luego,

$$\begin{aligned}
 P(X > s + t \mid X > s) &= \frac{P(X > s + t, X > s)}{P(X > s)} = \frac{P(X > s + t)}{P(X > s)} \\
 &= \frac{e^{-\lambda(t+s)}}{e^{-\lambda s}} = e^{-\lambda t} \\
 &= P(X > t).
 \end{aligned}$$

Las variables aleatorias con distribución exponencial son las únicas variables aleatorias continuas con la propiedad de falta de memoria. El análogo en el caso discreto son las variables aleatorias geométricas.

Sean X_1, X_2, \dots, X_n son variables aleatorias independientes con función de distribución acumulada F_1, F_2, \dots, F_n , y sea M el mínimo entre estas variables:

$$M = \min_{1 \leq i \leq n} \{X_1, X_2, \dots, X_n\}.$$

Entonces M es una variable aleatoria, y su función de distribución acumulada cumple que:

$$1 - F_M(x) = P(M > x) = (1 - F_1(x)) \cdot (1 - F_2(x)) \cdots (1 - F_n(x)).$$

En particular, si las variables aleatorias tienen distribución exponencial:

$$X_i \sim \mathcal{E}(\lambda_i),$$

entonces su distribución satisface:

$$1 - F_M(x) = e^{-\lambda_1 x} \cdot e^{-\lambda_2 x} \cdots e^{-\lambda_n x} = e^{-(\sum_i \lambda_i) x}.$$

Por lo tanto, la distribución del **mínimo entre n variables aleatorias exponenciales independientes** es exponencial:

$$M \sim \mathcal{E}(\lambda_1 + \lambda_2 + \cdots + \lambda_n).$$

Distribución Lognormal $LN(\mu, \sigma)$

Una variable aleatoria continua X se dice **lognormal** si su logaritmo $\ln(X)$ tiene distribución normal. Denotaremos $X \sim LN(\mu, \sigma)$ si el logaritmo de X tiene media μ y desviación estándar σ . En tal caso su función de densidad está dada por:

$$f(x) = \frac{1}{x\sqrt{2\pi\sigma^2}} e^{-(\log(x)-\mu)^2/(2\sigma^2)} \cdot \mathbb{I}_{(0,\infty)}(x).$$

Su valor esperado y varianza están dados por:

$$E[X] = e^{\mu+\sigma^2/2}, \quad Var(X) = e^{2\mu+\sigma^2}(e^{\sigma^2} - 1).$$

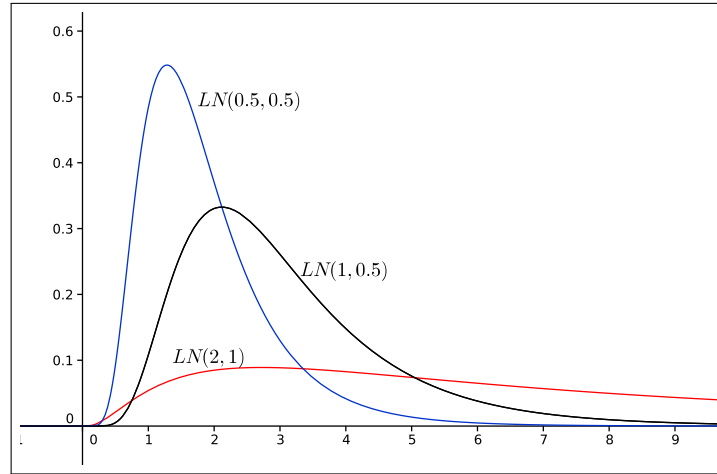


Figura 1.6: Distribución lognormal

Distribución Gamma $\Gamma(\alpha, \beta)$

Una variable aleatoria Gamma con parámetros α y β tiene una función de densidad dada por:

$$f(x) = \frac{1}{\Gamma(\alpha)} \beta^{-\alpha} x^{\alpha-1} e^{-\frac{x}{\beta}}, \quad x > 0.$$

En la Figura 1.7 se muestran los gráficos de $\Gamma(\alpha, 1)$, para $\alpha = 0.5, 1, 2$ y 3 . Notar de la definición de f que $\alpha = 1$ corresponde a la distribución exponencial $\mathcal{E}(1)$. Su valor esperado y varianza están dados por:

$$E[X] = \alpha\beta, \quad Var(X) = \alpha\beta^2.$$

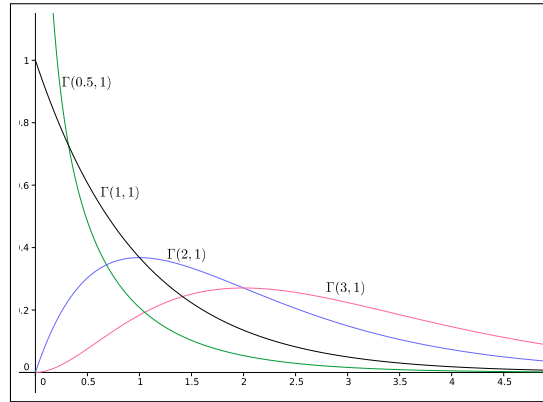


Figura 1.7: Distribuciones Gamma

Distribución Weibull (α, β)

Una variable aleatoria continua Weibull con parámetros α y β , con $\alpha > 0$ y $\beta > 0$, tiene función de densidad dada por:

$$f(x) = \alpha \beta^{-\alpha} x^{\alpha-1} e^{-(x/\beta)^\alpha} \mathbb{I}_{(0, \infty)}(x).$$

En la Figura 1.8 se muestran gráficos para $\beta = 1$ y $\alpha = 0.5, 1, 2$ y 3 . Su valor esperado y varianza son:

$$E[X] = \frac{\beta}{\alpha} \Gamma\left(\frac{1}{\alpha}\right) \quad \text{Var}(X) = \frac{\beta^2}{\alpha} \left[2\Gamma\left(\frac{2}{\alpha}\right) - \frac{1}{\alpha} \left(\Gamma\left(\frac{1}{\alpha}\right) \right)^2 \right].$$

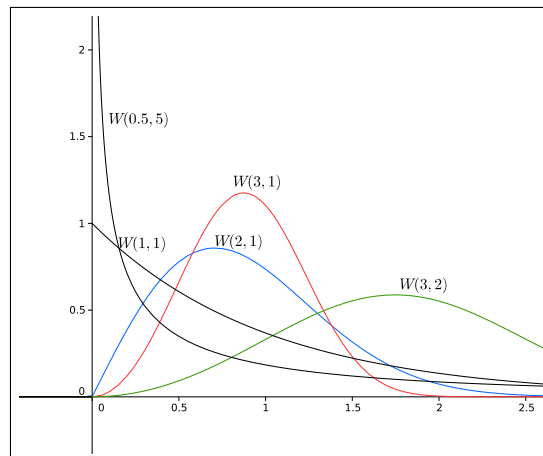


Figura 1.8: Distribución Weibull

Capítulo 2

Procesos de Poisson

Denotamos con I un subconjunto de números reales. I puede ser un intervalo real, o los números naturales, o cualquier otro subconjunto. Dado el espacio de probabilidad (S, P) , un **proceso estocástico** X es una familia de variables aleatorias indexada por el conjunto I . Si I es un intervalo real entonces el proceso estocástico se dice **continuo**. Si I es un subconjunto de \mathbb{Z} el proceso se dice **discreto**. Es decir, para cada $t \in I$, $X(t)$ es una variable aleatoria. En un proceso estocástico, la variable t suele representar una variable temporal o espacial.

2.1. El proceso de Poisson homogéneo

Definición 2.1. Un proceso estocástico continuo $\{N(t), t \geq 0\}$ es un **proceso de Poisson homogéneo de intensidad λ** , para un $\lambda > 0$, si cumple las siguientes propiedades:

- a) $N(0) = 0$
- b) para cada $n \geq 1$ y cada partición $0 \leq t_0 < t_1 < \dots < t_n$ se tiene que $N(t_0), N(t_1) - N(t_0), \dots, N(t_n) - N(t_{n-1})$ son variables aleatorias independientes.
- c) Para cada $t \geq 0, s > 0$, se cumple que la distribución de $N(t + s) - N(t)$ y $N(s)$ están igualmente distribuidas.
- d) $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(N(h) = 1)}{h} = \lambda,$
- e) $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(N(h) \geq 2)}{h} = 0.$

Un proceso de Poisson puede pensarse como el proceso de contar el número de arribos o llegadas ocurridos hasta el tiempo t , sabiendo que la tasa de llegada por unidad de tiempo es λ . Con esta analogía, las propiedades anteriores significan, de manera intuitiva, que:

- a) Al momento $t = 0$ no se contabiliza ningún arribo.

- b) **Incrementos independientes:** Si se consideran dos o más intervalos de tiempo no solapados entre sí, el número de arribos que ocurre en uno y otro intervalo son variables aleatorias independientes.
- c) **Incrementos estacionarios:** La distribución del número de llegadas que ocurre en un período de tiempo depende sólo del tiempo transcurrido y no de la ubicación en el tiempo de este período. Esta propiedad es la que determina que el proceso sea homogéneo.
- d) Las últimas dos propiedades indican que en un intervalo pequeño de tiempo la probabilidad que ocurra una llegada es proporcional a la longitud del intervalo, con constante de **intensidad** igual a la tasa de arribos λ . Además la probabilidad de que lleguen dos o más, simultáneamente, tiende a ser nula cuando el intervalo de tiempo es reducido.

2.1.1. Distribución del número de llegadas $N(t)$

Para cada t , la variable aleatoria $N(t)$ tiene una distribución de Poisson con media λt . Una forma intuitiva de ver esta propiedad del proceso de Poisson es la siguiente.

Consideremos un intervalo de longitud $t > 0$, subdividido en n intervalos de longitud $\frac{t}{n}$.

$$t_0 = 0 < t_1 < t_2 < \dots < t_n = t, \quad t_i = \frac{i}{n} t.$$

Dado que el proceso de Poisson tiene incrementos independientes y para un n suficientemente grande la probabilidad de que ocurra más de un evento es nula, el número de llegadas en un subintervalo $(t_{i-1}, t_i]$ es una Bernoulli con $p_n = \frac{\lambda t}{n}$:

$$P(N(t_i) - N(t_{i-1}) = 1) \simeq \lambda \cdot \frac{t}{n}.$$

Así, el número de llegadas en el intervalo $[0, t]$ es una suma de n variables aleatorias Bernoulli independientes con el mismo parámetro p_n , y por lo tanto $N(t)$ se aproxima a una variable aleatoria con distribución binomial $B(n, \frac{\lambda t}{n})$.

Ahora bien, para n grande y con $n \cdot p_n$ tendiendo a una constante (en este caso λ), estas binomiales convergen a una distribución de Poisson con parámetro $n \cdot \frac{\lambda t}{n} = \lambda \cdot t$.

Por último, vemos que por la condición de estacionariedad la variable $N(t+s) - N(t)$ tiene distribución de Poisson con media λs .

Ejemplo 2.1. Juan recibe mensajes de texto a partir de las 10:00 hs de la mañana a razón de 10 mensajes por hora de acuerdo a un proceso de Poisson homogéneo. Calcular la probabilidad de que Juan haya recibido exactamente 18 mensajes para el mediodía y 70 mensajes para las 17:00 hs.

Denotamos con $N(t)$ al proceso de llegada de mensajes fijando $t = 0$ a las 10 de la mañana y midiendo el tiempo en horas. Entonces queremos determinar:

$$P(N(2) = 18, N(7) = 70).$$

Los eventos $\{N(2) = 18\}$ y $\{N(7) = 70\}$ no son independientes ya que involucran intervalos de tiempo solapados. Pero podemos reescribir la probabilidad deseada como

$$P(N(2) = 18, N(7) - N(2) = 70 - 18) = P(N(2) = 18, N(7) - N(2) = 52).$$

De esta manera podemos usar la propiedad de independencia de las variables $N(2)$ y $N(7) - N(2)$ y luego que $N(7) - N(2)$ y $N(5)$ tienen la misma distribución. Por lo tanto:

$$\begin{aligned} P(N(2) = 18, N(7) - N(2) = 52) &= P(N(2) = 18) \cdot P(N(7) - N(2) = 52) \\ &= P(N(2) = 18) \cdot P(N(5) = 52) \\ &= \left(\frac{e^{-2 \cdot 10} (2 \cdot 10)^{18}}{18!} \right) \left(\frac{e^{-5 \cdot 10} (5 \cdot 10)^{52}}{52!} \right) \\ &= 0.0045 \end{aligned}$$

2.1.2. Proceso de Poisson homogéneo trasladado

Dado un proceso de Poisson homogéneo $N(t)$, $t \geq 0$, con parámetro λ , podemos considerar el proceso de eventos desde un valor fijo $t_0 > 0$. Esto es, el proceso

$$\tilde{N}(t) = N(t + t_0) - N(t_0), \quad t \geq 0.$$

El proceso $\tilde{N}(t)$ es el proceso $N(t)$ con su origen trasladado a t_0 . Notemos que $\tilde{N}(t)$ verifica $\tilde{N}(0) = N(t_0) - N(t_0) = 0$. Además hereda de $N(t)$ la propiedad de tener incrementos estacionarios e independientes como así también se verifica que la tasa de arribos es λ . Luego $\tilde{N}(t)$ es un proceso de Poisson homogéneo con tasa de llegada λ .

Ejemplo 2.2. Consideremos en el Ejemplo 2.1 el proceso $\tilde{N}(t)$ que cuenta los mensajes de texto recibidos por Juan a partir de las 12 hs. Entonces $\tilde{N}(t)$ viene dado por

$$\tilde{N}(t) = N(t + 2) - N(2) = N(t + 2) - 18, \quad t \geq 0,$$

donde el tiempo de origen $t = 0$ corresponde ahora a las 12:00 hs.

2.1.3. Distribución del tiempo entre arribos

Llamamos X_1 al tiempo transcurrido hasta el primer evento, y X_j el tiempo transcurrido entre el $j - 1$ -ésimo y el j -ésimo evento, para cada $j > 1$. Veremos que cada X_i , $i \geq 1$, es una variable aleatoria con distribución exponencial de media $\frac{1}{\lambda}$, es decir con distribución $\mathcal{E}(\lambda)$, y que para todo n las variables X_1, X_2, \dots, X_n son independientes.

Para el tiempo hasta el primer arribo tenemos que:

$$P(X_1 > t) = P(N(t) = 0) = e^{-\lambda t},$$

luego

$$P(X_1 \leq t) = 1 - e^{-\lambda t}.$$

Para X_2 calculamos la probabilidad condicional $P(X_2 > t \mid X_1 = s)$:

$$\begin{aligned} P(X_2 > t \mid X_1 = s) &= P(0 \text{ eventos en } (s, s+t] \mid X_1 = s) \\ &= P(0 \text{ eventos en } (s, s+t]) \\ &= P(N(t+s) - N(s) = 0) \\ &= e^{-\lambda t} \end{aligned}$$

Ahora, como

$$P(X_2 > t) = \int_{-\infty}^{\infty} P(X_2 > t \mid X_1 = s) f_{X_1}(s) ds$$

y $P(X_2 > t \mid X_1 = s)$ no depende de s , resulta:

$$P(X_2 > t) = e^{-\lambda t} \int_{-\infty}^{\infty} f_{X_1}(s) ds = e^{-\lambda t}.$$

Por lo tanto, $X_2 \sim \mathcal{E}(\lambda)$ y es independiente de X_1 .

Analizamos ahora la variable aleatoria X_j . Sea $s = s_1 + \dots + s_{j-1}$: tiempo hasta el evento $j - 1$. Entonces:

$$\begin{aligned} P(0 \text{ eventos en } (s, s+t] \mid X_1 = s_1, \dots, X_{j-1} = s_{j-1}) \\ &= P(N(t+s) - N(s) = 0 \mid X_1 = s_1, \dots, X_{j-1} = s_{j-1}) \\ &= P(0 \text{ eventos en } (s, s+t]) \\ &= e^{-\lambda t} \end{aligned}$$

Nuevamente $P(X_j > t \mid X_1 = s_1, \dots, X_{j-1} = s_{j-1})$ es independiente de los valores s_1, s_2, \dots, s_{j-1} , por lo cual X_j también resulta de distribución exponencial e independiente de X_1, X_2, \dots, X_{j-1} .

Así, para cualquier n las variables aleatorias X_1, X_2, \dots, X_n son variables aleatorias independientes, igualmente distribuidas, con distribución exponencial con media $\frac{1}{\lambda}$.

$$X_i \sim \mathcal{E}(\lambda), \quad i = 1, 2, \dots$$

2.1.4. Distribución del tiempo de arribo

Las variables aleatorias X_1, X_2, \dots, X_n describen los tiempos *entre arribos sucesivos*, y ya hemos visto que son variables aleatorias exponenciales, independientes, $X_j \sim \mathcal{E}(\lambda)$. Ahora bien, si denotamos con S_n a la variable:

$$S_n = \sum_{j=1}^n X_j,$$

entonces S_n representa el *tiempo de arribo* o de llegada del n -ésimo evento. Analizaremos la distribución de estas variables.

Sea F_n la función de distribución acumulada de S_n . Notemos que los siguientes eventos son iguales:

$$\{S_n \leq t\} = \{N(t) \geq n\}.$$

Por lo tanto,

$$F_n(t) = P(S_n \leq t) = P(N(t) \geq n) = \sum_{j=n}^{\infty} P(N(t) = j) = \sum_{j=n}^{\infty} e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^j}{j!}.$$

Luego la función de densidad de S_n está dada por:

$$\begin{aligned} f_n(t) = \frac{d}{dt} F_n(t) &= \sum_{j=n}^{\infty} (-\lambda) e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^j}{j!} + \sum_{j=n}^{\infty} e^{-\lambda t} \frac{j \lambda (\lambda t)^{j-1}}{j!} \\ &= -\sum_{j=n}^{\infty} \lambda e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^j}{j!} + \sum_{j=n}^{\infty} \lambda e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^{j-1}}{(j-1)!} \\ &= \lambda e^{-\lambda t} \frac{(\lambda t)^{n-1}}{(n-1)!} \end{aligned}$$

Así vemos que f_n es la función de densidad de una **variable aleatoria Gamma** con parámetros $(n, \beta = \frac{1}{\lambda})$. Esto es,

$$S_n \sim \text{Gamma}(n, \frac{1}{\lambda}).$$

2.1.5. Superposición de procesos de Poisson homogéneos

Consideremos ahora $N_1(t), N_2(t), \dots, N_n(t)$, para $t \geq 0$, n procesos de Poisson homogéneos independientes entre sí, con tasas $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_n$, respectivamente. Cada uno de ellos consiste en el conteo de una sucesión de eventos con una cierta tasa de arribos constante. La superposición o suma de estos procesos de Poisson es el proceso estocástico $M(t)$ dado por

$$M(t) = N_1(t) + N_2(t) + \dots + N_n(t), t \geq 0.$$

Este proceso también resulta ser un proceso de Poisson homogéneo, y la tasa de arribos correspondiente es

$$\lambda = \lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_n.$$

No desarrollaremos la prueba aquí, aunque no es difícil comprobar que $M(t)$ cumple las propiedades dadas en la Definición 2.1. Para determinar la tasa λ de llegada, es suficiente comprobarlo para $n = 2$, es decir la superposición o suma de dos procesos de Poisson independientes. Luego podemos proceder por inducción en el número de procesos involucrados. En efecto, dado que

$N_1(t)$ y $N_2(t)$ son variables aleatorias independientes con distribución de Poisson de parámetros $\lambda_1 \cdot t$ y $\lambda_2 \cdot t$, entonces $N_1(t) + N_2(t)$ tiene una distribución de Poisson con parámetro $(\lambda_1 + \lambda_2) \cdot t$. Procediendo por inducción, se concluye que $M(t) = N_1(t) + \dots + N_n(t)$ tiene distribución de Poisson con parámetro $\lambda \cdot t = (\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_n) \cdot t$.

En este punto podemos analizar la respuesta a la siguiente pregunta: Dados estos n procesos, ¿cuál es la probabilidad que el primer evento que ocurra sea del proceso $N_k(t)$?

Para responder a esta pregunta usaremos la siguiente notación: Para cada proceso $N_j(t)$ denotaremos con $X_1^{(j)}$ al tiempo transcurrido hasta el primer arribo. Tendremos entonces n variables aleatorias exponenciales, $X_1^{(1)} \sim \mathcal{E}(\lambda_1)$, $X_1^{(2)} \sim \mathcal{E}(\lambda_2)$, \dots , $X_1^{(n)} \sim \mathcal{E}(\lambda_n)$, independientes entre sí. Querriamos determinar para cada k cuál es la probabilidad de que el mínimo entre estas variables aleatorias sea alcanzado por la variable $X_1^{(k)}$ o equivalentemente, que $X_1^{(k)}$ tome un valor menor o igual a las restantes $n - 1$ variables aleatorias. Tenemos que

$$\begin{aligned} P\left(\min\{X_1^{(1)}, \dots, X_1^{(n)}\} = X_1^{(k)}\right) &= P\left(X_1^{(1)} \geq X_1^{(k)}, X_1^{(2)} \geq X_1^{(k)}, \dots, X_1^{(n)} \geq X_1^{(k)}\right) \\ &= P\left(\min\{X_1^{(1)}, \dots, X_1^{(k-1)}, X_1^{(k+1)}, \dots, X_1^{(n)}\} \geq X_1^{(k)}\right). \end{aligned}$$

Ahora bien, el mínimo entre las $n - 1$ exponenciales quitando $X_1^{(k)}$, es una variable aleatoria Y con distribución exponencial de parámetro $\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_{k-1} + \lambda_{k+1} + \dots + \lambda_n$ y es independiente de X_k . Así, llamando f_{X_k} a la densidad de $X_1^{(k)}$, f_Y a la densidad de Y y f_{Y, X_k} a la densidad conjunta, tenemos que lo anterior es igual a

$$\begin{aligned} P(Y \geq X_1^{(k)}) &= \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^y f_{Y, X_k}(y, x) dx dy \\ &= \int_0^{\infty} f_Y(y) \int_0^y f_{X_k}(x) dx dy \\ &= \int_0^{\infty} \lambda_Y e^{-\lambda_Y y} (1 - e^{-\lambda_k y}) dy \\ &= 1 - \lambda_Y \cdot \frac{1}{\lambda_Y + \lambda_k} = \\ &= \frac{\lambda_k}{\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_n} \end{aligned}$$

Concluimos entonces que la probabilidad de que el mínimo entre n variables aleatorias exponenciales independientes, X_1, X_2, \dots, X_n , sea la variable $X_1^{(k)}$ es proporcional a λ_k . Específicamente está dado por

$$P\left(\min\{X_1^{(1)}, \dots, X_1^{(n)}\} = X_1^{(k)}\right) = \frac{\lambda_k}{\lambda_1 + \lambda_2 + \dots + \lambda_n}.$$

Este valor es también la probabilidad de que el primer evento que ocurra de los n procesos de Poisson provenga del proceso $N_k(t)$ con tasa de llegada λ_k .

Ejemplo 2.3. Supongamos que en una estación de tren llegan tres líneas de trenes: Naranja, Amarilla y Verde. Los arribos de estos trenes constituyen cada uno un proceso de Poisson homogéneo con tasas de llegada de un tren cada 15 minutos, un tren cada 10 minutos y un tren cada 20 minutos, respectivamente. Un pasajero llega a la estación de tren y puede tomar cualquiera de estos trenes para ir a su destino.

- ¿Cuál es el tiempo mínimo promedio que debe esperar hasta que llegue el primer tren?
- ¿Cuál es la probabilidad de que el primer tren que llegue sea de la línea Naranja?

Para resolver este problema, recordamos que podemos situar el origen de los procesos al momento de que el pasajero llega al tren. Denotamos X_N , X_A y X_V las variables aleatorias que representan el tiempo de arribo del primer tren de la línea Naranja, Amarilla y Verde, respectivamente. Estas variables aleatorias tienen distribución exponencial con parámetro $\lambda_N = \frac{1}{15}$ para el caso de X_N , $\lambda_A = \frac{1}{10}$ para el caso de X_A y $\lambda_V = \frac{1}{20}$ para X_V . Si consideramos el proceso dado por la superposición de los tres procesos de arribo, tenemos que la tasa de llegada λ es la suma de las tasas de arribo de cada una de las líneas, esto es:

$$\lambda = \frac{1}{10} + \frac{1}{15} + \frac{1}{20} = \frac{13}{60},$$

es decir, 13 trenes cada 60 minutos. Dado que $\frac{1}{\lambda}$ es el valor esperado del tiempo de arribo del primer tren, tenemos que el tiempo promedio de espera es $\frac{60}{13} = 4.615$ minutos.

Para determinar la probabilidad de que el primer tren sea de la línea Naranja calculamos:

$$P(\text{primer tren de la línea Naranja}) = \frac{\frac{1}{15}}{\frac{1}{10} + \frac{1}{15} + \frac{1}{20}} = \frac{4}{13} = 0.31.$$

2.1.6. Refinamiento de procesos de Poisson homogéneos

Relacionado con la superposición está el concepto de refinamiento (thinning) de un proceso de Poisson homogéneo. En este caso se tiene un proceso de conteo $M(t)$, $t \geq 0$, con tasa de llegada λ , e independientemente del proceso $M(t)$ cada evento se clasifica del tipo k con una cierta probabilidad p_k , para $1 \leq k \leq n$ y $p_1 + p_2 + \dots + p_n = 1$. Entonces pueden definirse n procesos de conteo $N_1(t)$, $N_2(t)$, \dots , $N_n(t)$, donde $N_j(t)$ es el número de eventos del tipo j hasta el tiempo t .

Podemos observar que para cada j , $1 \leq j \leq n$, $N_j(t)$ cumple las propiedades de un proceso de Poisson homogéneo. La propiedad de tener incrementos independientes y estacionarios es heredada del proceso $M(t)$. En este caso se verifica que $N_j(t)$ es un proceso de Poisson homogéneo con tasa de arribos $\lambda \cdot p_j$. En efecto, notemos que en un intervalo de longitud h , con h muy pequeño, puede ocurrir uno o ningún evento del proceso $M(t)$. Veamos cuál es la probabilidad de que en este intervalo ocurra un evento del tipo j :

$$P(N_j(t+h) - N_j(t) = 1) = P(M(t+h) - M(t) = 1 \text{ y el evento sea del tipo } j),$$

y como la clasificación es independiente del proceso, esto es igual a

$$P(M(t+h) - M(t) = 1) \cdot p_j = (\lambda h) \cdot p_j = (\lambda \cdot p_j) h.$$

Luego la tasa de llegada del proceso N_j es $\lambda \cdot p_j$.

Ejemplo 2.4. Supongamos que en una carretera pasan vehículos por un cierto punto de acuerdo a un proceso de Poisson homogéneo, con una tasa de 200 vehículos por hora. Hay una probabilidad del 20 % que un vehículo sea un camión, un 70 % que sea un automóvil y un 10 % que sea una moto. Luego se pueden definir tres procesos de conteo: $N_1(t)$ el conteo de camiones, $N_2(t)$ el de automóviles y $N_3(t)$ el de motos. Se cumple que $N_1(t)$ es un proceso de Poisson homogéneo con tasa de llegada $\lambda_1 = 200 \cdot 0.20 = 40$ camiones por hora, $N_2(t)$ tiene tasa de llegada $\lambda_2 = 200 \cdot 0.7 = 140$ automóviles por hora y $N_3(t)$ tiene tasa de llegada $\lambda_3 = 200 \cdot 0.1 = 20$ motos por hora.

Se puede probar además que los n procesos $N_1(t), N_2(t), \dots, N_n(t)$ resultan independientes entre sí. Notemos entonces que con esta propiedad de independencia se puede ver que la superposición de estos n procesos produce el proceso de Poisson homogéneo original $M(t)$.

2.2. Procesos de Poisson no homogéneos

Los procesos de Poisson homogéneos asumen que la tasa de arribos en distintos intervalos de tiempo sólo depende de la longitud de ese período de tiempo. Por ejemplo, si se quisiera modelar el número de llegadas de clientes a un banco se estaría suponiendo que en cualquier hora del día la tasa de llegadas es la misma. Si en cambio se quiere tomar la hipótesis de que el promedio de llegadas varía en distintas horas del día es conveniente introducir una función del tiempo para modelar la tasa de arribos.

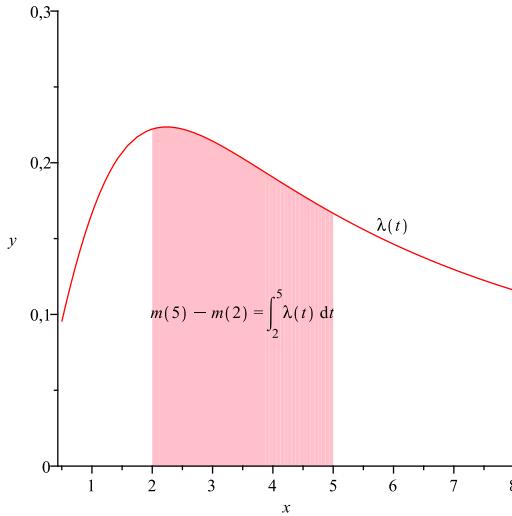
Definición 2.2. Un proceso $N(t), t \geq 0$ es un **proceso de Poisson no homogéneo** con función de intensidad $\lambda(t), t \geq 0$, si:

- a) $N(0) = 0$
- b) para cada $n \geq 1$ y cada partición $0 < t_0 < t_1 < \dots < t_n$ se tiene que $N(t_0), N(t_1) - N(t_0), \dots, N(t_n) - N(t_{n-1})$ son variables aleatorias independientes.
- c) $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(N(t+h) - N(t) = 1)}{h} = \lambda(t),$
- d) $\lim_{h \rightarrow 0} \frac{P(N(t+h) - N(t) \geq 2)}{h} = 0.$

La función **valor medio del proceso** mide la intensidad media del número de llegadas en un intervalo. Está dada por:

$$m(t) = \int_0^t \lambda(s) ds$$

Notemos que en este caso los incrementos son independientes pero no estacionarios, ya que la distribución de $N(t+s) - N(t)$ dependerá de la función de intensidad λ en el período $(t, t+s]$. Por otra parte si $\lambda(t) = \lambda$, constante, entonces $m(t) = \lambda \cdot t$ y es el caso del proceso de Poisson homogéneo.



En particular, se tiene que para cada $t \geq 0$ y $s > 0$, el número de llegadas en el intervalo $(t, t+s]$ es una variable aleatoria Poisson con media $m(t, t+s) = m(t+s) - m(t)$:

$$m(t, t+s) = m(t+s) - m(t) = \int_t^{t+s} \lambda(x) dx.$$

Es decir:

$$P(N(t+s) - N(t) = j) = e^{-m(t,t+s)} \cdot \frac{(m(t,t+s))^j}{j!}.$$

Ejemplo 2.5. Los clientes llegan a una tienda de acuerdo a un proceso de Poisson no homogéneo con función de intensidad

$$\lambda(t) = \begin{cases} 2t & 0 \leq t < 1 \\ 2 & 1 \leq t < 2 \\ 4-t & 2 \leq t \leq 4, \end{cases}$$

donde t se mide en horas. ¿Cuál es la probabilidad de que lleguen dos clientes en las dos primeras horas y tres clientes en las dos horas siguientes?

En este caso se pide calcular:

$$P(N(2) = 2, N(4) - N(2) = 3).$$

Dado que los incrementos son independientes, se puede calcular separadamente $P(N(2) = 2)$ y $P(N(4) - N(2) = 3)$. Para las dos primeras horas tenemos que la intensidad media es:

$$m(0, 2) = \int_0^1 2s \, ds + \int_1^2 2 \, ds = 3,$$

y para las siguientes dos horas es:

$$m(2, 4) = \int_2^4 4 - s \, ds = 2.$$

Por lo tanto:

$$\begin{aligned} P(N(2) = 2) &= e^{-3} \frac{3^2}{2!} = \frac{9}{2e^3} \simeq 0.224 \\ P(N(4) - N(2) = 3) &= e^{-2} \frac{2^3}{3!} = \frac{8}{6e^2} \simeq 0.18. \end{aligned}$$

Así, la probabilidad de que lleguen dos clientes en las primeras dos horas y tres clientes en las dos siguientes es:

$$P(N(2) = 2) \cdot P(N(4) - N(2) = 3) = \frac{6}{e^5} \simeq 0.04.$$

El siguiente resultado será útil para la simulación de procesos de Poisson no homogéneos.

Proposición 2.1. Sea $N(t)$ el número de eventos ocurridos hasta el tiempo t en un proceso de Poisson homogéneo con intensidad λ . Supongamos que en tiempo t un evento es contado con probabilidad $p(t)$, independientemente de lo ocurrido hasta ese instante. Entonces el proceso de conteo de estos eventos $M(t)$ es un proceso de Poisson no homogéneo con intensidad $\lambda(t) = \lambda \cdot p(t)$.

Para comprobar que cumple las propiedades de un proceso de Poisson no homogéneo, notemos que $M(0) = 0$ ya que $N(0) = 0$. Los incrementos son independientes por ser una propiedad de $N(t)$ y porque $p(t)$ es independiente de lo ocurrido hasta el tiempo t . Si $(t, t + h)$ es un intervalo de tiempo pequeño, entonces:

$$P(M(t+h) - M(t) = 1) = P(N(t+h) - N(t) = 1 \text{ y este evento sea contado}) \simeq (\lambda h) \cdot p(t).$$

Por último, la probabilidad de que ocurran dos o más eventos en un período de amplitud h tiende a 0 para un h pequeño ya que también es una propiedad del proceso $N(t)$.

En particular, si $N(t)$ es un proceso de Poisson no homogéneo con función de intensidad $\lambda(t)$ y $\lambda \in \mathbb{R}$ es una constante tal que

$$\lambda(t) \leq \lambda,$$

para todo t , entonces $N(t)$ puede verse como el proceso de contar eventos de un proceso de Poisson homogéneo con intensidad λ donde los eventos son contados con probabilidad

$$p(t) = \frac{\lambda(t)}{\lambda}.$$

Capítulo 3

Números aleatorios

3.1. Introducción

En simulación estocástica los generadores de números (pseudo)aleatorios con distribución uniforme en el intervalo $[0, 1]$ son empleados para diversos usos:

- en forma directa, es decir, porque se desea obtener valores uniformemente distribuidos en $[0, 1]$,
- para generar muestras de otras variables aleatorias, con distribuciones discretas o continuas,
- para generar muestras de un conjunto de variables aleatorias dependientes, como por ejemplo procesos estocásticos y distribuciones multivariadas.

La ejecución de una simulación está fuertemente correlacionada con el generador de variables aleatorias uniformes utilizado, por lo cual es importante garantizar las buenas propiedades del generador. Dado que los valores de la variable son generados a partir de una secuencia de pasos o algoritmo, sería más preciso referirse a **generadores de números pseudoaleatorios**.

3.2. Propiedades de un generador de números aleatorios

Por generador de números pseudoaleatorios entenderemos un algoritmo capaz de producir secuencias de números:

$$u_1, u_2, \dots, u_N,$$

que sean realizaciones de muestras de tamaño N de una variable aleatoria uniforme $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$. Para ello debemos acordar qué entendemos por una *muestra* de esta variable.

Definición 3.1. Una N -upla de variables aleatorias (U_1, U_2, \dots, U_N) es una muestra de tamaño N de una variable aleatoria uniforme en $(0, 1)$ si cumple:

1. Para cada $i = 1, \dots, N$ y cada $u \in \mathbb{R}$ vale

$$\mathbb{P}(U_i \leq u) = \begin{cases} 0 & \text{si } u < 0 \\ u & \text{si } 0 \leq u \leq 1 \\ 1 & \text{si } u > 1. \end{cases}$$

2. Para cada k , $2 \leq k \leq N$ y cada k -upla (i_1, i_2, \dots, i_k) con $1 \leq i_1 < \dots < i_k \leq N$ vale que

$$\mathbb{P}(U_{i_1} \leq u_1, \dots, U_{i_k} \leq u_k) = \mathbb{P}(U_{i_1} \leq u_1) \dots \mathbb{P}(U_{i_k} \leq u_k),$$

cualesquiera sean u_1, \dots, u_k ,

Esta definición significa que no sólo las secuencias de números ($k = 1$) deben estar uniformemente distribuidas en $(0, 1)$, sino que además los pares de números generados (u_{i_1}, u_{i_2}) deben distribuirse uniformemente en un cuadrado de lado 1, las ternas $(u_{i_1}, u_{i_2}, u_{i_3})$ en un cubo de lado 1, y así siguiendo.

Además de satisfacer las propiedades (1) y (2), un buen generador debería satisfacer, en la mejor medida posible, las dos siguientes propiedades:

- a) **repetibilidad y portabilidad**, y
- b) **velocidad computacional**.

Por **repetibilidad** se entiende que, si en ocasiones repetidas se dan los mismos parámetros, el generador debe producir la misma sucesión. Esta propiedad garantiza que los resultados de una simulación sean confiables.

Portabilidad significa que, sobre las mismas condiciones de definición, la sucesión sea la misma, independientemente del lenguaje computacional usado para implementar el algoritmo de generación, y de la computadora utilizada. Esta propiedad suele ser difícil de alcanzar, pero aún así es un aspecto deseable.

La **velocidad computacional** está estrictamente ligada a la precisión deseada en los resultados finales de la simulación para la cual el generador es utilizado. Cuanto más rápido sea el generador, más resultados serán obtenidos en el mismo tiempo de uso del computador.

De hecho, toda vez que se realiza una simulación, se acepta una solución de compromiso entre los requerimientos expuestos anteriormente, pero siempre los prioritarios debieran ser las propiedades (1) y (2) de la Definición 3.1.

3.2.1. Breve reseña histórica

Los primeros científicos y personas interesadas en obtener secuencias de números aleatorios usaron procedimientos físicos. Existe una larga historia de experimentos de simulación basados

en tiradas de monedas o dados, ruletas, que aún hoy son usados en juegos tales como bingos, casinos, loterías, etc. Sin embargo estos procedimientos carecen de la propiedad de repetibilidad.

Probablemente uno de los primeros trabajos serios en generación de números aleatorios fue la tabla de Tippett (1927), que consistía de 10.400 números de cuatro dígitos a partir de 41.600 dígitos aleatorios tomados de datos censales. Lamentablemente no satisfacían ni (1) ni (2) de la Definición 3.1. La primera máquina generadora de números aleatorios fue usada en 1939 por Kendall y Babington-Smith con la cual produjeron una tabla de 100.000 dígitos aleatorios agrupados de a cuatro, formando 25.000 números de cuatro dígitos. También en 1955 la RAND Corporation utilizó extensamente una tabla de 1.000.000 de dígitos aleatorios que fue obtenida a partir de una ruleta electrónica especialmente diseñada. Si bien estos métodos recibieron cierta aceptación, por un lado por satisfacer ciertos tests y/o porque funcionaban en la práctica, tienen la desventaja de no cumplir la condición de repetibilidad. Por lo tanto sólo pueden ser usados en situaciones donde la repetibilidad no es lo buscado, por ejemplo en loterías; o en ciertas aplicaciones estadísticas, como en muestreos aleatorios de poblaciones no muy grandes.

3.3. Principios generales

Al definir un generador, hay ciertos **principios generales** que deben satisfacerse, además de las condiciones que ya hemos marcado:

- P1)** La secuencia generada debe ser intuitivamente aleatoria.
- P2)** Esa aleatoriedad debe ser establecida teóricamente o, al menos, debe pasar ciertos tests de aleatoriedad. La aleatoriedad de una secuencia jamás debe ser asumida sin esas verificaciones.
- P3)** Debe conocerse algo sobre las propiedades teóricas del generador.

El principio **P1** es ciertamente razonable. No debería ser posible poder anticipar cuál es el siguiente número en una secuencia si ésta es aleatoria. El segundo principio (**P2**) se refiere a que deben satisfacerse tests estadísticos en relación a las condiciones (1) y (2) de la Definición 3.1. La tercera premisa, (**P3**), es para poder garantizar de manera teórica la condición de repetibilidad del generador.

Estos principios generales indican que los generadores ad hoc deben ser evitados. Es decir, no cualquier algoritmo que genere números *arbitrariamente* entre 0 y 1 debe considerarse un buen generador.

Ejemplo 3.1. Uno de los primeros trabajos que sugieren un método bien definido de generación de una secuencia determinística intentando imitar una secuencia aleatoria, fue de von Neumann. Este método conocido como "mid square" puede ser escrito de la siguiente manera:

1. Sea X_0 un número entero de 4 dígitos decimales (puede ser que los dígitos de más a la izquierda sean 0). Hacer $i = 0$.
2. Calcular X_i^2 . El resultado es un número de 8 dígitos: $X_i^2 = d_8d_7d_6d_5d_4d_3d_2d_1$, con d_j en el conjunto $\{0, 1, \dots, 9\}$, $0 \leq j \leq 7$.
3. Definir $X_{i+1} = d_6d_5d_4d_3$, esto es, los cuatro dígitos centrales o "middle".
4. Hacer $i = i + 1$ y seguir en 2.

```
def vonNeumann(u):
    u= (u**2 // 100) % 10000
    return u
```

Este método es un ejemplo de lo que llamaríamos un **mal generador de números aleatorios**. Veamos por qué.

Aunque ciertas secuencias obtenidas sean bien aleatorias y se repitan sólo después de un número bien grande de términos, sucede que no se conocen bien las propiedades del generador. En particular, pareciera que las secuencias que se obtienen dependen fuertemente del valor inicial X_0 , o semilla. Los siguientes ejemplos muestran algunas secuencias obtenidas a partir de este algoritmo, donde el primer valor es la semilla dada:

- a) **4010** 801 6416 1650 7225 2006 240 576 3317 24 5 0 0...
- b) **2100** 4100 8100 6100 2100 4100 8100 6100 2100 4100 8100...
- c) **3792** 3792 3792 3792 3792 3792...
- d) **1234** 5227 3215 3362 3030 1809 2724 4201 6484 422 1780...

En (a) puede verse que la secuencia degenera en el valor 0 luego de algunas iteraciones, en (b) la secuencia alterna entre solo cuatro valores y en (c) los valores se repiten paso tras paso.

3.4. Generadores congruenciales

Es claro que con una computadora no es posible generar cualquier número real, en particular si posee infinitas cifras decimales. Los generadores que analizaremos a continuación producen en realidad una secuencia de números enteros

$$y_1, y_2, \dots, y_N, \quad y_j \in \{0, 1, \dots, M-1\},$$

para un cierto entero positivo M "grande", y a partir de esta muestra se considera la sucesión de números en $[0, 1)$ como

$$u_1 = \frac{y_1}{M}, u_2 = \frac{y_2}{M}, \dots, u_N = \frac{y_N}{M}, \dots$$

Nos ocuparemos entonces de generar secuencias de números enteros:

$$y_n = f(y_{n-1}) \quad \text{mód } M,$$

para algún M entero positivo, y comenzando de un valor inicial (semilla) y_0 .

3.4.1. Generadores congruenciales lineales

Definición 3.2. Sea M un entero positivo, $M \geq 2$. Una sucesión $y_1, y_2, \dots, y_n, \dots$ con valores en $\{0, 1, \dots, M-1\}$ se dice **generada por el generador congruencial lineal con parámetros a, c y M y semilla y_0** si

$$y_n = (ay_{n-1} + c) \quad \text{mód } M, \quad n \geq 1,$$

donde a, c e y_0 son enteros del conjunto $\{0, \dots, M-1\}$.

En la terminología usual a se dice un **multiplicador**, c es el **incremento** y M es el **módulo**. Si $c \neq 0$ el generador se dice **mixto** y si $c = 0$ se dice **multiplicativo**.

```
def randMixto(a, c, M, u) :
    return (a*u+c) % M

def randMulti(a, M, u) :
    return (a*u) % M
```

Ejemplo 3.2. La secuencia

$$0, 1, 6, 15, 12, 13, 2, 11, 8, 9, \dots$$

fue generada por un generador congruencial lineal. El lector, ¿podría decir cual será el próximo número (entre 0 y 15)?

Ejemplo 3.3. La secuencia

$$1, 12, 1, 12, 1, 12, 1, 12, 1, 12, \dots$$

ha sido generada por otro generador congruencial. ¿Podría decirse que genera una secuencia intuitivamente aleatoria?

Los ejemplos anteriores muestran que no siempre una secuencia generada por un generador congruencial lineal resulta intuitivamente aleatoria. En principio pareciera que cuanto más números distintos aparecen en la secuencia hasta obtener un valor repetido, más impredecible será el próximo número. Aunque esto no es del todo cierto, ya que una secuencia del tipo $1, 2, 3, \dots, M-1$, es totalmente predecible.

Es claro que la secuencia puede tener a lo sumo M números diferentes, y que si un número se repite entonces también se repite la secuencia que sigue a ese número. Entonces, si K es el menor número tal que

$$y_n = y_{n+K}, \quad \text{para todo } n \geq N_0,$$

para algún N_0 , diremos que K es el **período** de la secuencia y_0, y_1, \dots . Claramente, $K \leq M$.

Pregunta: Ahora, ¿cómo escoger a , c , M y y_0 para obtener las secuencias con mayor período K posible?

Aún consiguiendo un período K grande, es importante elegir a , c y la semilla y_0 de modo que las secuencias tengan un comportamiento lo más aleatorio posible. Por ejemplo, ¿qué ocurre si elegimos M arbitrario, $a = c = 1$ e $y_0 = 0$? En este caso obtenemos la secuencia

$$0, 1, 2, 3, \dots, M-1,$$

que es de período completo (esto es, $K = M$), pero no es siquiera intuitivamente aleatoria.

Para el caso de generadores congruenciales lineales existen varios resultados teóricos que dan pautas de cómo obtener secuencias con períodos grandes. La aleatoriedad debe ser testada aparte, esto es, ninguno de estos resultados garantizan que se satisfagan los tests de aleatoriedad.

3.4.2. Generadores mixtos

Algo a notar es que, si el generador es multiplicativo ($c = 0$), entonces un buen generador no debería alcanzar nunca el valor 0, de lo contrario la secuencia degeneraría en una sucesión infinita de ceros. Por lo tanto, para obtener un período máximo, esto es $K = M$, necesariamente debe ser un generador mixto.

Teorema 3.1. Consideremos una secuencia dada por el generador:

$$y_{i+1} = a y_i + c \pmod{M}, \quad c \neq 0.$$

Entonces la secuencia tiene período M si y sólo si se cumplen todas las siguientes condiciones:

- El máximo común divisor entre c y M es 1: $(c, M) = 1$.
- $a \equiv 1 \pmod{p}$, para cualquier factor primo p de M .
- Si 4 divide a M , entonces $a \equiv 1 \pmod{4}$.

La demostración puede encontrarse en [?]. Damos un ejemplo y sugerimos al lector pensar en otros casos que respondan a este teorema.

Ejemplo 3.4. Consideremos $M = 16$, $c = 3$, $a = 5$. Notemos que si M es una potencia de 2, es relativamente fácil encontrar valores para c y a .

$$y_{n+1} = 5y_n + 3 \pmod{16}.$$

Entonces:

- Se cumple que $(c, M) = (3, 16) = 1$.
- Se cumple que $5 \equiv 1 \pmod{2}$, donde 2 es el único primo que divide a M .
- 4 divide a 16, y $5 \equiv 1 \pmod{4}$.

Si se cumplen todas las hipótesis, debería obtenerse una secuencia máxima. Tomamos $y_0 = 0$.

$$y_1 = 5 \cdot 0 + 3 \pmod{16}, \quad y_1 = 3,$$

$$y_2 = 5 \cdot 3 + 3 \pmod{16}, \quad y_2 = 2,$$

siguiendo el razonamiento la secuencia continúa:

$$\dots \quad 13 \quad 4 \quad 7 \quad 6 \quad 1 \quad 8 \quad 11 \quad 10 \quad 5 \quad 12 \quad 15 \quad 14 \quad 9 \quad 0 \quad 3 \quad 2 \dots$$

Notemos en particular que, si $M = 2^n$, entonces a debe ser de la forma $4m + 1$ y c debe ser impar. Una ventaja de tomar M igual a una potencia de 2, digamos 2^n , es que computacionalmente tomar módulo equivale a considerar los últimos n bits de la representación.

Ejemplo 3.5. En [?] se presenta el siguiente ejemplo de un modelo de generador provisto por bibliotecas de ANSI C, y que responde a un tipo de generador lineal congruencial mixto. En este caso se toma:

$$a = 1103515245, \quad c = 12345, \quad M = 2^{32}.$$

Así en este caso el período de la secuencia es $K = 2^{32} = 4\,294\,967\,296$.

3.4.3. Generadores multiplicativos

Una desventaja de un generador mixto es que para cada valor generado se efectúa una suma, operación que no se realiza para un generador multiplicativo. Si bien en este caso el período de la secuencia puede ser a lo sumo $M - 1$, es preferible usar este tipo de generadores para ganar en velocidad y costo operacional.

Veamos entonces qué condiciones debe tener un generador multiplicativo para poder obtener un período máximo, $K = M - 1$. Antes de presentar un resultado relacionado con estos generadores, definimos el concepto de **raíz primitiva** de un número natural.

Definición 3.3. Sea M un número natural. Se dice que a es una **raíz primitiva** de M si

$$a^{(M-1)/p} \not\equiv 1 \pmod{M}$$

para cualquier factor primo p de $M - 1$.

Con esta definición, enunciamos el siguiente resultado:

Teorema 3.2. Para un generador multiplicativo

$$y_{i+1} = a y_i \pmod{M},$$

el período K de la secuencia verifica las siguientes tres propiedades:

- Si $K = M - 1$ entonces M es primo.
- Si M es primo, entonces K divide a $M - 1$.
- $K = M - 1$ si y sólo si a es raíz primitiva de M y M es primo.

Entonces el Teorema 3.2 nos da pautas para encontrar generadores multiplicativos con período máximo: determinar un número primo M y una raíz primitiva a de M . Cuanto mayor sea M mayor será el período de la secuencia.

Ejemplo 3.6. Si tomamos $M = 19$, entonces $a = 2$ es una raíz primitiva de M . Para ver esto, notemos que $M - 1 = 18$ es divisible por los primos 2 y 3. Como $a^{18/2} = 2^9$, $a^{18/3} = 2^6$, y 19 no divide a $2^9 - 1$ ni a $2^6 - 1$, entonces 2 es raíz primitiva de $M = 19$.

Si tomamos como semilla $y_0 = 1$ tenemos la secuencia:

1 2 4 8 16 13 7 14 9 18 17 15 11 3 6 12 5 10 1...

que tiene período 19.

Notemos en el Ejemplo 3.6, que los primeros elementos de la secuencia no parecen tan aleatorios. Esto se debe a que la raíz primitiva elegida, 2, es muy pequeña. Luego es conveniente tomar una raíz primitiva más grande para superar más rápidamente el valor de M . Afortunadamente, existen resultados que nos permiten encontrar otras raíces primitivas a partir de una conocida. En particular, si a es raíz primitiva y $(m, M - 1) = 1$, entonces a^m es raíz primitiva.

Entonces, si en el Ejemplo 3.6 tomamos $a = 2^5 = 13 \pmod{19}$, la secuencia obtenida es:

1 13 17 12 4 14 11 10 16 18 6 2 7 15 5 8 9 3 1 ...

Ejemplo 3.7. En [?] se menciona el generador congruencial multiplicativo con

$$a = 7^5 = 16807 \quad M = 2^{31} - 1 = 2147483647.$$

En este caso, M es un **primo de Mersenne**, es decir, de la forma $2^k - 1$. La factorización en primos de $M - 1$ está dada por:

$$M - 1 = 2^{31} - 2 = 2 \cdot 3^2 \cdot 7 \cdot 11 \cdot 31 \cdot 151 \cdot 331.$$

Dado que 7 es raíz primitiva de M y $(5, M - 1) = 1$, entonces $7^5 = 16807$ es raíz primitiva, y la secuencia generada tiene período:

$$K = M - 1 = 2\,147\,483\,646.$$

3.4.4. El problema de los hiperplanos

Una de las **desventajas** de cualquier generador congruencial lineal, sea mixto o multiplicativo es que no se cumple tan satisfactoriamente la condición (2) de la Definición 3.1.

Para el caso de los generadores congruenciales lineales, ocurre lo siguiente. Si la secuencia producida es:

$$y_0, y_1, y_2, \dots, y_n, \dots,$$

está demostrado que los puntos $(y_j, y_{j+1}, \dots, y_{j+k-1})$, $j = 0, 1, 2, \dots$ están ubicados en no más de

$$(k!M)^{1/k} = (k!)^{1/k} \sqrt[k]{M}$$

hiperplanos paralelos en \mathbb{R}^k . ¿Qué nos dice esto? Para un k suficientemente grande, los puntos quedan ubicados en una cantidad finita de hiperplanos, y por lo tanto existen "franjitas" en las que no cae ninguna k -upla. La Figura 3.1 ilustra esta situación para pares ordenados ($k = 2$) en el caso de algunos generadores congruenciales lineales.

Un mal generador y ejemplo de este problema es **RANDU**. Este es un generador del tipo congruencial lineal multiplicativo ($c = 0$), con $M = 2^{31}$ y $a = 2^{16} + 3$:

$$y_n = 65539 \cdot y_{n-1} \pmod{2\,147\,483\,648}.$$

Las ternas generadas por RANDU se ubican en 15 planos paralelos, dentro del cubo de lado 1. Figura 3.2. Cabe mencionar que este generador fue implementado en computadoras de IBM por mucho tiempo, y difundido a otros sistemas.

El período de la secuencia para $y_0 = 1234567890$ es $K = 268.435.466$ y para $y_0 = 1$ es 536.870.912.

3.4.5. Generadores congruenciales lineales combinados

Una forma de producir *mayor aleatoriedad* en una secuencia, y evitar la desventaja de los hiperplanos mencionada en la sección anterior, es utilizar más de un generador congruencial lineal y combinarlos entre ellos. Por combinar entendemos sumarlos o restarlos, y en general se recomienda la resta.

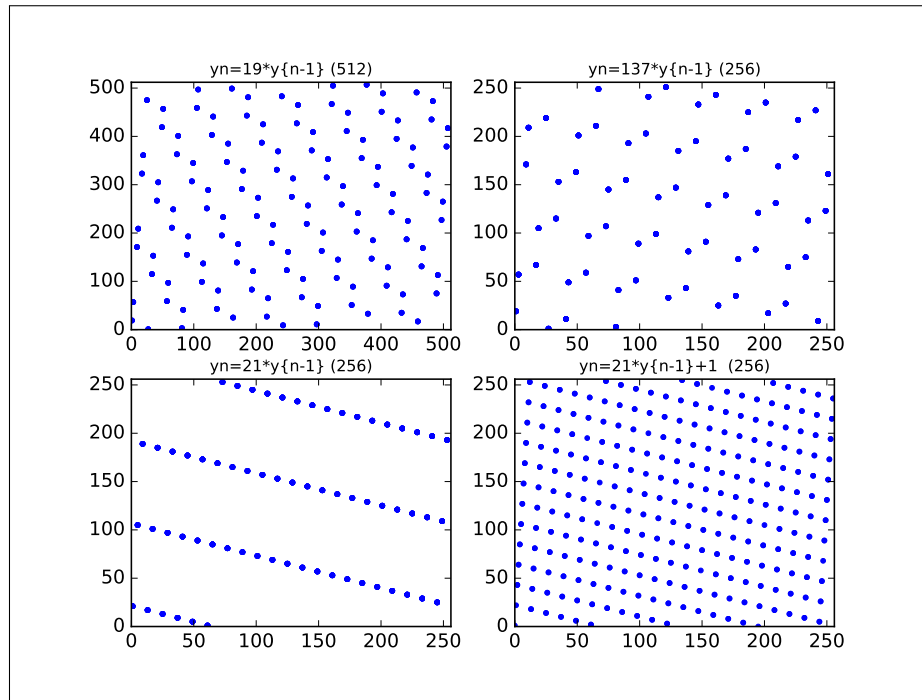


Figura 3.1: Generadores congruenciales. Distribución de pares (y_i, y_{i+1})

Ahora bien, ¿es cierto que si sumamos dos variables aleatorias uniformes obtenemos otra distribución uniforme? La respuesta es NO, y podemos verlo claramente arrojando dos dados. Supongamos que sus caras son igualmente probables, entonces las sumas no lo son: el 7 es más probable que el 2, por ejemplo:

$$2 = 1 + 1 \qquad 3 = 1 + 2 = 2 + 1 \qquad 4 = 1 + 3 = 2 + 2 = 3 + 1$$

Sin embargo, si sumamos las caras y consideramos el resultado módulo 6, entonces, vemos que:

$$\begin{aligned}
 1 &= 1 + 6 = 2 + 5 = 3 + 4 = 4 + 3 = 5 + 2 = 6 + 1 && \text{mód } (6) \\
 2 &= 2 + 6 = 3 + 5 = 4 + 4 = 5 + 3 = 6 + 2 = 1 + 1 && \text{mód } (6) \\
 3 &= 3 + 6 = 4 + 5 = 5 + 4 = 6 + 3 = 2 + 1 = 1 + 2 && \text{mód } (6) \\
 4 &= 4 + 6 = 5 + 5 = 1 + 3 = 2 + 2 = 3 + 1 = 6 + 4 && \text{mód } (6) \\
 5 &= 5 + 6 = 6 + 5 = 1 + 4 = 2 + 3 = 3 + 2 = 4 + 1 && \text{mód } (6) \\
 0 &= 6 + 6 = 1 + 5 = 2 + 4 = 3 + 3 = 4 + 2 = 5 + 1 && \text{mód } (6)
 \end{aligned}$$

Esto es, ahora cada suma tiene la misma probabilidad de ocurrir, y por lo tanto **la suma módulo 6** tiene distribución uniforme.

Ejercicio 3.1. ¿Qué pasaría si uno de los dados tuviera 5 caras, y consideráramos las sumas módulo 6?, ¿y si se consideran módulo 5?

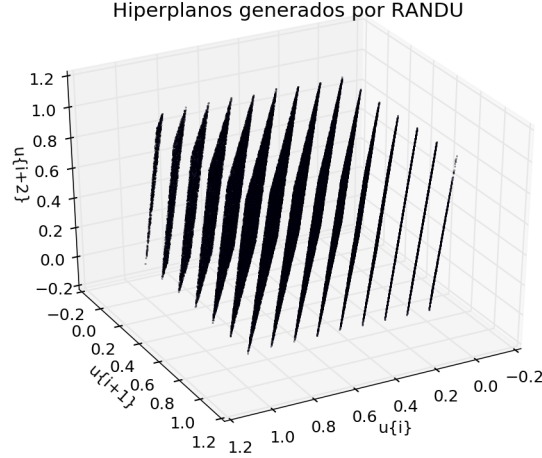


Figura 3.2: Generador RANDU

Este resultado se generaliza en el siguiente teorema:

Teorema 3.3. Sean W_1, W_2, \dots, W_n variables aleatorias discretas independientes, tales que $W_1 \sim U(\{0, d-1\})$ para cierto $d \geq 1$. Entonces

$$W = \left(\sum_{j=1}^n W_j \right) \text{ mód } d$$

es una variable aleatoria uniforme discreta en $\{0, d-1\}$.

Notemos que sólo se requiere que una de las variables aleatorias sea uniforme en $\{0, d-1\}$. La demostración puede encontrarse en [?] y es la siguiente. Es suficiente considerar $n = 2$, ya que $W_2 + \dots + W_n$ es una variable aleatoria discreta. Entonces, para cada k , $0 \leq k \leq d-1$

$$P(W_1 + W_2 \equiv k \text{ mód } d) = P(W_1 + W_2 = k + m \cdot d, \text{ para algún } m).$$

Pero para cada $m \in \mathbb{Z}$,

$$P(W_1 + W_2 = k + m \cdot d) = \sum_{i=0}^{d-1} P(W_1 = i) P(W_2 = k - i + m \cdot d) = \frac{1}{d} \sum_{i=0}^{d-1} P(W_2 = k - i + m \cdot d).$$

Sumando sobre todos los valores de m posibles, resulta

$$P(W_1 + W_2 \equiv k \text{ mód } d) = \frac{1}{d}.$$

Con este resultado vemos que si en particular se suman dos o más generadores congruenciales, tomando módulo uno de los módulos de ellos se obtiene un nuevo generador. ¿Cuál es la ventaja de hacer esto? Recordemos que los generadores congruenciales tienen un determinado período. Si sumamos dos generadores con un mismo período K , entonces K será el período de la suma. Pero si los períodos son diferentes, entonces la suma tiene un período mayor.

Este resultado se basa en el siguiente teorema, y su demostración puede verse en [?].

Teorema 3.4. Consideremos una familia de N generadores, donde para cada j , $j = 1, 2, \dots, N$, el generador j tiene período K_j y evoluciona de acuerdo a una ley:

$$y_{n,j} = f_j(y_{n-1,j}), \quad n \geq 1, \quad y_0 = \text{semilla del generador } j.$$

Entonces el período K de la secuencia

$$s_n = (y_{n,1}, y_{n,2}, \dots, y_{n,N}), \quad n \geq 1,$$

es igual al mínimo común múltiplo de K_1, K_2, \dots, K_N .

Así, los Teoremas 3.3 y 3.4 constituyen la base teórica que nos permite obtener nuevos generadores congruenciales de v.a. uniformes a partir de la suma o resta de dos o más generadores. Además, con una buena elección de los períodos de los generadores se podrá garantizar un período mucho más largo para la combinación.

Ejemplo 3.8. Un generador de estas características es el propuesto en [?]. Se consideran los generadores:

$$x_n = 40014x_{n-1} \quad \text{mód } 2^{31} - 85$$

$$y_n = 40692y_{n-1} \quad \text{mód } 2^{31} - 249$$

Los períodos de estos generadores tienen un solo 2 como factor común:

$$2^{31} - 86 = 2 \cdot 3 \cdot 7 \cdot 631 \cdot 81031, \quad 2^{31} - 250 = 2 \cdot 19 \cdot 31 \cdot 1019 \cdot 1789,$$

por lo que el período de la secuencia $(x_n - y_n) \text{ mód } M$ (para cualquiera de los módulos M) es del orden del producto de los dos períodos dividido 2. En este caso,

$$K \approx 2^{61} = 2\,305\,843\,009\,213\,693\,952 \sim 2.3 \times 10^{18}.$$

La Figura 3.3 ilustra una muestra de aproximadamente 5000 puntos (U_i, U_{i+1}) para cada uno de los tres generadores, con $U_i < 0.001$.

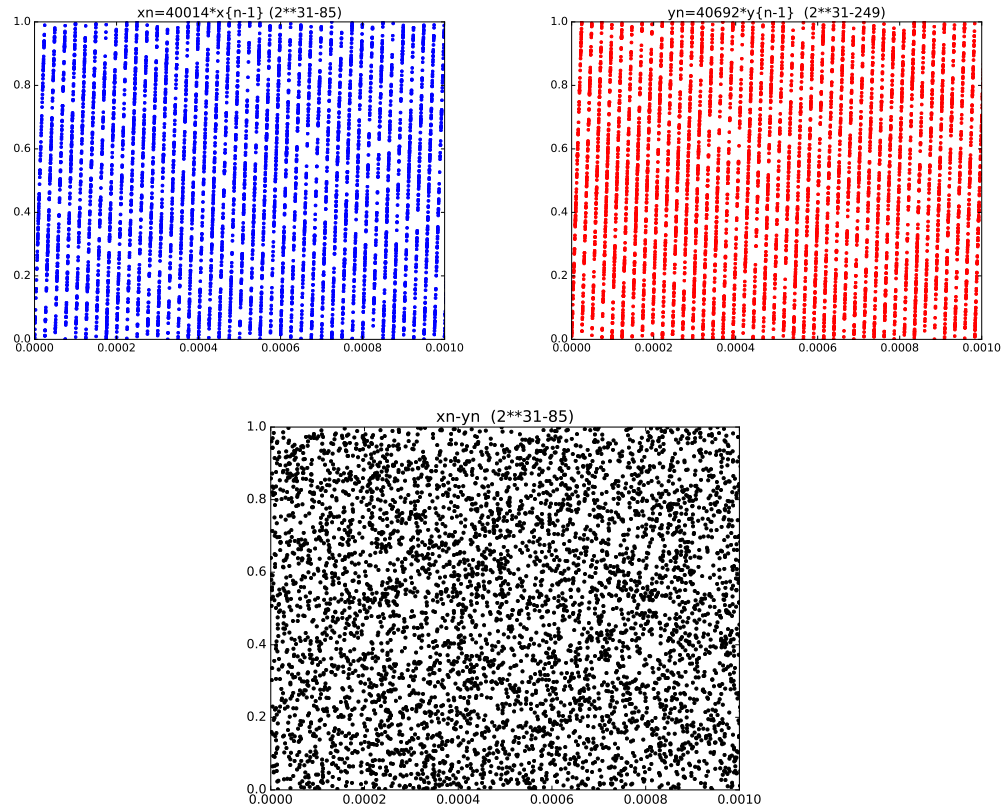


Figura 3.3: Generador del Ejemplo 3.8.

3.4.6. Otros generadores eficientes y portables

Existen otras formas de mejorar la eficiencia de los generadores construidos a partir de un generador congruencial, como son del tipo Fibonacci, resta con préstamo, suma con acarreo, y otros tantos. En [?] se presenta una extensa lista de generadores candidatos a ser combinados para obtener aún mejores generadores. Algunos son los siguientes:

Módulo	Secuencia	Período
2^{32}	$x_n = 69069 x_{n-1} + \text{impar}$	2^{32}
2^{32}	$x_n = x_{n-1} * x_{n-2}$	2^{31}
2^{32}	$x_n = x_{n-1} + x_{n-2} + C$	2^{58}
$2^{31} - 69$	$x_n = x_{n-3} - x_{n-1}$	2^{62}
$2^{32} - 18$	$x_n = x_{n-2} - x_{n-3} - C$	2^{95}

La constante C indica un 0 o un 1 según corresponda, para acarreos o préstamos.

Por último, señalamos que en la biblioteca Python se implementa la rutina **Mersenne-twister**, bastante más compleja que los generadores que hemos visto. Invitamos al lector a investigar sobre este generador en particular.

Capítulo 4

El Método de Monte Carlo

El **método de Monte Carlo** es un procedimiento general para seleccionar muestras aleatorias de una población utilizando números aleatorios.

La denominación Monte Carlo fue popularizado por los científicos Stanislaw Ulam, Enrico Fermi, John von Neumann, y Nicholas Metropolis, entre otros, quienes ya trabajaban sobre **muestreo estadístico**. Su nombre hace referencia al Casino de Montecarlo en Mónaco.

Este método se utiliza para calcular numéricamente expresiones matemáticamente complejas y difíciles de evaluar con exactitud, o que no pueden resolverse analíticamente. En nuestro caso analizaremos el cálculo o estimación de integrales definidas, y aproximaciones al valor de π .

El método de Monte Carlo se basa en dos resultados fundamentales de la Teoría de la Probabilidad:

1. La **Ley Fuerte de los Grandes Números**: Si $X_1, X_2, \dots, X_n, \dots$ son variables aleatorias independientes, idénticamente distribuidas, con media μ , entonces:

$$P\left(\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} = \mu\right) = 1, \quad (4.1)$$

o equivalentemente con probabilidad 1

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n} = \mu.$$

2. Si X es una variable aleatoria absolutamente continua, con función de densidad f , y $g : \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$ es una función, entonces $g \circ X$ es una variable aleatoria y su valor esperado está dado por

$$E[g(X)] = \int_{-\infty}^{\infty} g(x) f(x) dx.$$

Supongamos entonces que se quiere determinar un cierto número θ , desconocido, y que se sabe que este valor puede calcularse como

$$\theta = E[g(X)]$$

para cierta variable aleatoria X que posee una distribución \mathcal{F} . En algunos casos puede ocurrir que, por la naturaleza de la función g , o de la función de densidad de X , resulta muy difícil o imposible determinar $E[g(X)]$. El método de Monte Carlo propone encontrar un **valor estimado** de θ , donde *estimado* significa que hay una alta probabilidad de obtener un valor muy cercano a la verdadera solución. Para esto se considera una secuencia X_1, X_2, \dots de variables aleatorias, independientes, todas con la misma distribución de X , es decir, $X_i \sim \mathcal{F}$ para todo $i \geq 1$. Entonces $g(X_1), g(X_2), \dots, g(X_n), \dots$ son todas variables aleatorias independientes, con media igual $\theta = E[g(X)]$, y por la Ley Fuerte de los Grandes Números se tiene que:

$$\theta = \lim_{n \rightarrow \infty} \frac{g(X_1) + g(X_2) + \dots + g(X_n)}{n},$$

con probabilidad 1.

Notemos que el lado izquierdo de la igualdad es un número, mientras que lo que está a la derecha de la igualdad es el límite de una variable aleatoria. Por esto se indica que la probabilidad de que este límite sea igual a θ es 1.

También es importante aclarar que la Ley Fuerte de los Grandes Números no determina que existe una cota para el error

$$\left| \theta - \frac{g(x_1) + g(x_2) + \dots + g(x_n)}{n} \right|$$

para cualquier realización de las X_i :

$$X_1 = x_1, \quad X_2 = x_2, \quad X_3 = x_3, \quad \dots \quad X_n = x_n,$$

y un n suficientemente grande; sino que establece que para **casi** todas las realizaciones ocurre que

$$\lim_{n \rightarrow \infty} \frac{g(x_1) + g(x_2) + \dots + g(x_n)}{n} = \mu.$$

Dicho de una manera más coloquial, es prácticamente improbable que una realización de las X_i 's no cumpla que el límite de sus promedios

$$\frac{g(x_1) + g(x_2) + \dots + g(x_n)}{n}$$

se aproxime a θ a medida que n tiende a infinito.

4.1. Estimación de integrales definidas

4.1.1. Integración sobre $(0, 1)$

Una de las aplicaciones del método de Monte Carlo es facilitar el cálculo de integrales definidas. En realidad no se determina el valor exacto, sino que se utiliza para **estimar** el valor de la integral principalmente en casos que el cálculo analítico no es posible.

Veamos primero el caso en que se desee calcular el valor θ de una integral definida en el intervalo $[0, 1]$:

$$\theta = \int_0^1 g(x) dx. \quad (4.2)$$

Si ahora consideramos una variable aleatoria uniforme U , $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$, entonces la función de densidad de U es

$$f(x) = I_{(0,1)}(x) = \begin{cases} 1 & 0 < x < 1 \\ 0 & \text{c.c} \end{cases},$$

y por lo tanto (4.2) se puede escribir como un valor esperado:

$$\theta = \int_{-\infty}^{\infty} g(x) f(x) dx = \int_0^1 g(x) f(x) dx = E[g(U)].$$

Ahora, por la Ley Fuerte de los grandes números podemos considerar una sucesión de N variables aleatorias uniformes $U_i \sim \mathcal{U}(0, 1)$, independientes, y aproximar el valor θ con el límite de promedios:

$$\lim_{N \rightarrow \infty} \frac{g(U_1) + g(U_2) + \cdots + g(u_N)}{N} = \lim_{N \rightarrow \infty} \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N g(U_i) \simeq \theta.$$

En la práctica, esta integral puede aproximarse con una muestra de tamaño N suficientemente grande: $U_1 = u_1, U_2 = u_2, \dots, U_N = u_N$ y estimar θ con:

$$\theta = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N g(u_i).$$

Ejemplo 4.1. Para estimar el valor de la integral

$$\int_0^1 (1 - x^2)^{3/2} dx,$$

consideramos una realización de N variables aleatorias uniformes independientes:

$$U_1 = u_1, \quad U_2 = u_2, \quad \dots \quad U_N = u_N$$

y aproximamos el valor de la integral por

$$\int_0^1 (1 - x^2)^{3/2} dx \sim \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (1 - u_i^2)^{3/2}.$$

```

from random import random

def g(u): ##función a integrar en (0,1)
    return (1 - u ** 2) ** (1.5)
##estimación de la integral de g con Nsim simulaciones
def MonteCarlo(g, Nsim):
    Integral = 0
    for _ in range(Nsim):
        Integral += g(random())
    return Integral/Nsim

```

El valor exacto de esta integral es $\frac{3\pi}{16}$, aproximadamente 0.5890486226. (Ver Figura 4.1 y Cuadro 4.1).

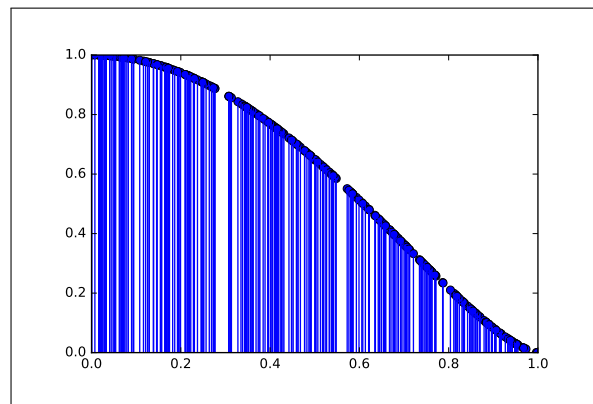


Figura 4.1: $N = 300$, Valor estimado=0.6067846103

# Simulaciones	Valor estimado
1000	0.5788611891947463
10000	0.5863982284155244
100000	0.5906798799945882
1000000	0.5882139637408895

Tabla 4.1: Estimaciones de $\int_0^1 (1 - x^2)^{3/2} dx$

4.1.2. Integración sobre un intervalo (a, b)

Para estimar el valor de una integral definida, sobre un intervalo (a, b) , con a y b reales, se aplica un cambio de variables para transformarla en una integral entre 0 y 1. Esto es, si

$$\theta = \int_a^b g(x) dx,$$

con $a < b$, entonces definimos la variable y :

$$y = \frac{x - a}{b - a}, \quad dy = \frac{1}{b - a} dx$$

y así el valor de θ puede calcularse como:

$$\int_a^b g(x) dx = \int_0^1 g(a + (b - a)y)(b - a) dy = \int_0^1 h(y) dy.$$

donde

$$h(y) = g(a + (b - a)y)(b - a), \quad y \in (0, 1).$$

Ejemplo 4.2. Para estimar el valor de la integral

$$\int_{-1}^1 e^{x+x^2} dx,$$

realizamos un cambio de variable:

$$y = \frac{x + 1}{2}, \quad dy = \frac{1}{2} dx.$$

Luego

$$\int_{-1}^1 e^{x+x^2} dx = \int_0^1 e^{(2y-1)+(2y-1)^2} 2 dy$$

Una estimación con N simulaciones estará dada por el valor de una expresión:

$$\frac{2}{N} \sum_{i=1}^N e^{(2u_i-1)+(2u_i-1)^2}$$

donde u_1, u_2, \dots, u_n es una realización de las variables aleatorias U_1, U_2, \dots, U_N , todas uniformes en $(0, 1)$ e independientes entre sí.

Notar que si $U \sim U(0, 1)$, entonces $2U - 1 \sim U(-1, 1)$.

Función a integrar

```
def funciong(x):
    return exp(x ** 2 + x)
```

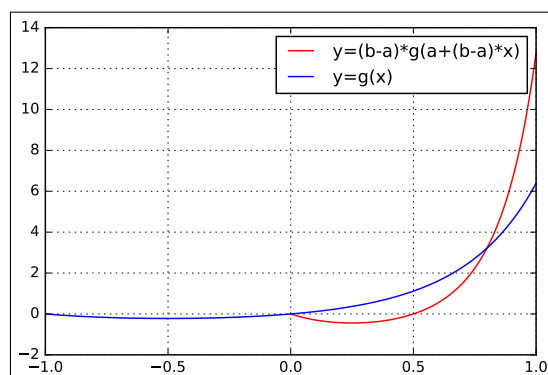
```

##Estima la integral de funciong entre a y b con Nsim simulaciones
def IntegralMonteCarlo(funciong, a, b, Nsim):
    Integral = 0
    for _ in range(Nsim):
        Integral += g(a + (b-a) * random())
    return Integral * (b-a)/Nsim

```

# simulaciones	valor estimado
1000	3.60200514128
10000	3.59901204683
100000	3.56130047278
1000000	3.59370623674
10000000	3.58717156846

Tabla 4.2: Estimaciones de la integral

Figura 4.2: Gráfico de $g(x) = e^{x+x^2}$ con y sin cambio de variables

4.1.3. Integración sobre $(0, \infty)$

En el caso de la estimación de una integral en el intervalo $(0, \infty)$:

$$\theta = \int_0^{\infty} g(x) dx,$$

también se aplica un cambio de variables, transformando biyectivamente el intervalo $(0, \infty)$ en $(0, 1)$. Un cambio de variables posible es el siguiente:

$$y = \frac{1}{x+1}, \quad dy = -\frac{1}{(x+1)^2} dx = -y^2 dx.$$

Luego se tiene que:

$$\int_0^\infty g(x) dx = - \int_1^0 \frac{g(\frac{1}{y} - 1)}{y^2} dy = \int_0^1 \frac{g(\frac{1}{y} - 1)}{y^2} dy = \int_0^1 h(y) dy,$$

con

$$h(y) = \frac{1}{y^2} g\left(\frac{1}{y} - 1\right).$$

Ejemplo 4.3. Para estimar la siguiente integral:

$$\int_0^\infty \cos(x) e^{-x} dx$$

se aplica el método de Monte Carlo para la estimación de la integral con el cambio de variables propuesto:

$$\int_0^1 \frac{\cos(\frac{1}{x} - 1) e^{-(\frac{1}{x} - 1)}}{x^2} dx \sim \theta \sim \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{\cos(\frac{1}{u_i} - 1) e^{-(\frac{1}{u_i} - 1)}}{u_i^2}.$$

# simulaciones	valor estimado
1000	0.540652067791
10000	0.503039650709
100000	0.4991965288
1000000	0.499299312179

Tabla 4.3: Estimaciones de la integral

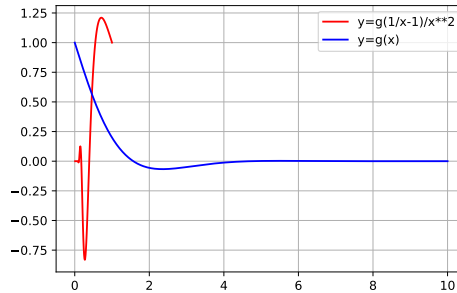


Figura 4.3: Gráfico de $g(x) = \cos(x) e^{-x}$, con y sin cambio de variables

4.2. Estimación de integrales múltiples

El método de Monte Carlo para el cálculo de integrales en una variable no es muy eficiente comparado con otros métodos numéricos que convergen más rápidamente al valor de la integral.

Sin embargo, para la estimación de integrales múltiples este método cobra mayor importancia ya que computacionalmente es menos costoso.

Nuevamente, una integral múltiple de una función en varias variables definida en un hipercubo de lado 1 puede estimarse con el método de Monte Carlo.

Para calcular la cantidad

$$\theta = \int_0^1 \cdots \int_0^1 g(x_1, \dots, x_l) dx_1 \dots dx_l$$

utilizamos el hecho que

$$\theta = E[g(U_1, \dots, U_l)]$$

con U_1, \dots, U_l independientes y uniformes en $(0, 1)$. Esto es así porque su distribución conjunta está dada por:

$$f(x_1, x_2, \dots, x_l) = \mathbb{I}_{(0,1) \times (0,1) \times \dots \times (0,1)}(x_1, x_2, \dots, x_l),$$

y entonces

$$\theta = \int_{-\infty}^{\infty} \cdots \int_{-\infty}^{\infty} g(x_1, \dots, x_l) f(x_1, \dots, x_l) dx_1 \dots dx_l.$$

Si se tienen N muestras independientes de estas l variables,

$$(U_1^1, \dots, U_l^1), \quad (U_1^2, \dots, U_l^2), \quad \dots \quad (U_1^N, \dots, U_l^N)$$

podemos estimar el valor de θ como

$$\theta \sim \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N g(U_1^i, \dots, U_l^i)$$

4.2.1. Estimación del valor de π

Una aplicación de Monte Carlo en su uso para la estimación de integrales múltiples, es el cálculo estimado del valor de π . Recordemos que el área de un círculo de radio r es $\pi \cdot r^2$. Si tomamos $r = 1$, entonces π está dado por el valor de una integral:

$$\pi = \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \mathbb{I}_{\{x^2+y^2 < 1\}}(x, y) dx dy.$$

Si X e Y son v.a. independientes, uniformes en $(-1, 1)$, ambas con densidad

$$f_X(x) = f_Y(x) = \frac{1}{2} \cdot \mathbb{I}_{(-1,1)}(x),$$

entonces su densidad conjunta es igual al producto de sus densidades:

$$f(x, y) = f_X(x) \cdot f_Y(y) = \frac{1}{4} \cdot \mathbb{I}_{(-1,1) \times (-1,1)}(x, y).$$

En particular, (X, Y) resulta un vector aleatorio con distribución uniforme en $(-1, 1) \times (-1, 1)$, y tenemos que

$$\pi = \int_{-1}^1 \int_{-1}^1 \mathbb{I}_{\{x^2+y^2 < 1\}}(x, y) dx dy = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} 4 \cdot \mathbb{I}_{\{x^2+y^2 < 1\}}(x, y) f(x, y) dx dy.$$

Entonces $\frac{\pi}{4} = E[g(X, Y)]$ donde $g(x, y) = \mathbb{I}_{\{x^2+y^2 < 1\}}(x, y)$. Así, para estimar π podemos generar secuencias de pares (X_i, Y_i) , $i \geq 1$, donde X_i e Y_i son variables aleatorias uniformes en $(-1, 1)$, y luego estimar el valor de π como:

$$4 \cdot \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \mathbb{I}_{x^2+y^2 \leq 1}(x_i, y_i).$$

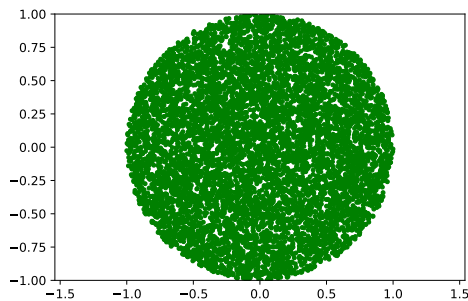
En otras palabras, π será estimado por la proporción de pares (X, Y) que caigan dentro del círculo de radio 1, multiplicado por 4.

Notemos que si $U_1, U_2 \sim U(0, 1)$, entonces

$$X = 2U_1 - 1 \quad Y = 2U_2 - 1$$

verifican $X, Y \sim U(-1, 1)$.

```
def valorPi(Nsim):
    enCirculo = 0.
    for _ in range(Nsim):
        u = 2 * random() - 1
        v = 2 * random() - 1
        if u ** 2 + v ** 2 <= 1:
            enCirculo += 1
    return 4 * enCirculo/Nsim
valorPi(Nsim)
```



# Simulaciones	Valor estimado
1000	3.16
10000	3.1216
100000	3.14292
1000000	3.141056
10000000	3.1420524

Capítulo 5

Generación de variables aleatorias discretas

Existen distintos métodos para generar variables aleatorias discretas a partir de un generador de números aleatorios. En particular veremos los siguientes:

1. Método de la **Transformada Inversa**.
2. Método de **aceptación y rechazo**, o simplemente **método de rechazo**.

Cada uno de estos métodos puede a su vez ser mejorado u optimizado según cuál es la variable aleatoria en particular que se desea simular. En todos los casos se asume la existencia de un buen generador de números aleatorios, es decir, de valores de una variable aleatoria uniforme en $(0, 1)$.

5.1. Método de la transformada inversa

Consideremos una variable aleatoria discreta X , con función de probabilidad de masa dada por:

$$P(X = x_j) = p_j, \quad j = 0, 1, \dots, \quad 0 < p_j < 1,$$

donde los valores $\{x_n\}$ de la variable están ordenados en forma creciente. Esto es, si $i < j$ entonces $x_i < x_j$.

La función de distribución acumulada de X , F_X , satisface:

$$F_X(x) = \begin{cases} 0 & x < x_0 \\ p_0 & x_0 \leq x < x_1 \\ p_0 + p_1 & x_1 \leq x < x_2 \\ \vdots & \vdots \\ p_0 + p_1 + \cdots + p_{n-1} & x_{n-1} \leq x < x_n \\ \dots & \dots \end{cases}.$$

El método de la transformada inversa lleva este nombre porque se basa en la inversa de la función de distribución acumulada F_X . Es claro que si X es una variable aleatoria discreta, entonces F_X no es inyectiva y por lo tanto tampoco es inversible, pero sí establece una correspondencia biunívoca entre ciertos subintervalos de $[0, 1)$ y los valores de la variable aleatoria X a través de la función de distribución F_X . La correspondencia es la siguiente:

$$\begin{aligned} x_0 &\longrightarrow I_0 = [0, p_0) \\ x_1 &\longrightarrow I_1 = [p_0, p_0 + p_1) \\ x_2 &\longrightarrow I_2 = [p_0 + p_1, p_0 + p_1 + p_2) \\ &\dots \quad \dots \end{aligned}$$

Notemos que estos subintervalos del intervalo $[0, 1)$ son disjuntos, su unión es el intervalo $[0, 1)$ y la longitud de I_j es p_j . Por otro lado, si consideramos una variable aleatoria con distribución uniforme $U \sim U(0, 1)$, entonces la probabilidad que U tome valores en el intervalo I_j es p_j :

$$P(p_0 + \cdots + p_{j-1} \leq U < p_0 + p_1 + p_2 + \cdots + p_j) = p_j.$$

El método de la transformada inversa propone generar valores de X generando una variable aleatoria uniforme, y según a qué intervalo pertenece U es el valor de X que se genera. Es decir: si $U \in [0, p_0)$, se genera x_0 . Si $U \in [p_0, p_0 + p_1)$, se genera x_1 , y así siguiendo.

El algoritmo general para una variable aleatoria discreta que toma un número finito de valores es como el siguiente:

```
# x: vector de valores posibles de X
# p: vector de probabilidades
def discretaX(p, x):
    U = random()
    i, F = 0, p[0]
    while U >= F:
        i += 1; F += p[i]
    return x[i]
```

Ejemplo 5.1. Si consideramos la variable aleatoria X que toma valores en el conjunto $\{1, 2, 3, 4\}$, con las probabilidades:

$$p_1 = 0.20, \quad p_2 = 0.15, \quad p_3 = 0.25, \quad p_4 = 0.40,$$

el algoritmo de transformada inversa para generar valores de X es como sigue:

```
def generaX1():
    U = random()
    if U < 0.20: return 1
    elif U < 0.35: return 2
    elif U < 0.60: return 3
    else: return 4
```

Una primera mejora que puede hacerse a este algoritmo, y que en general vale para cualquier generador de variables aleatorias discretas, es ordenar las probabilidades de mayor a menor manteniendo la correspondencia entre estas probabilidades y los valores a generar. Esto reduce el número de comparaciones puesto que cada condicional ($U < F_X$) es más probable que sea aceptado cuanto mayor sea F_X . Así, en el Ejemplo 5.1, las probabilidades se ordenan de la siguiente forma:

$$p_4 = 0.40, \quad p_3 = 0.25, \quad p_1 = 0.20, \quad p_2 = 0.15,$$

y el algoritmo modificado es como sigue:

```
def generaX2():
    U = random()
    if U < 0.40: return 4
    elif U < 0.65: return 3
    elif U < 0.85: return 1
    else: return 2
```

Notemos que el número esperado de comparaciones en el primer caso es

$$1 \cdot 0.20 + 2 \cdot 0.15 + 3 \cdot 0.65 = 2.45$$

mientras que en el segundo es:

$$1 \cdot 0.40 + 2 \cdot 0.25 + 3 \cdot 0.35 = 1.95$$

Dado que $2.45/1.95 \simeq 1.26$ se tiene que el primer algoritmo (`generaX1`) tarda en promedio un 26 % más de tiempo que el segundo (`generaX2`) en lo que se refiere al tiempo en comparaciones.

5.1.1. Generación de una variable aleatoria uniforme discreta

Si X es una variable con distribución uniforme discreta en $\{1, \dots, n\}$ entonces $p_1 = p_2 = \dots = p_n = \frac{1}{n}$. La aplicación del método de la transformada inversa conduce al siguiente algoritmo:

```
def udiscreta(n):
    U = random()
    x = 1; F = 1/n
    while U >= F:
        F += 1 / n
        x += 1
    return x
```

Este algoritmo recorre los subintervalos de longitud $\frac{1}{n}$ hasta encontrar aquel donde se encuentra el valor de U . El algoritmo arrojará el valor $X = j$ si y sólo si U se encuentra en el j -ésimo subintervalo, es decir que se verifica:

$$\frac{j-1}{n} \leq U < \frac{j}{n}$$

Ahora bien, esto implica que nU pertenece al intervalo $[j-1, j)$, y por lo tanto la parte entera inferior de nU , $\lfloor nU \rfloor$, satisface

$$\lfloor nU \rfloor + 1 = j.$$

Así, el algoritmo puede reescribirse como:

```
def udiscreta(n):
    U = random()
    return int(n * U) + 1
```

Este algoritmo puede extenderse al caso de generación de una variable aleatoria discreta uniforme con valores enteros en el intervalo $[m, k]$, esto es, $U \sim U[m, k]$. Notemos que X toma $k - m + 1$ valores:

$$m, \quad m+1, \quad m+2, \quad \dots \quad k = m + (k - m).$$

Por lo tanto es suficiente generar una variable uniforme con valores en $[1, k - m + 1]$ y sumarle $m - 1$ a cada valor.

```
def udiscreta(m, k):
    U = random()
    return int(U * (k - m + 1)) + m
```

Generación de una permutación aleatoria de un conjunto de cardinal N

Una aplicación de la generación de variables aleatorias con distribución uniforme discreta es el de generar **permutaciones aleatorias** en un conjunto de cardinal N . El número de permutaciones de un conjunto de N elementos es $N!$, y el objetivo es poder generar permutaciones **equiprobables**, es decir, cada una con probabilidad $\frac{1}{N!}$ de ocurrencia.

Consideramos un ordenamiento de los elementos de un conjunto A , de cardinal N :

$$(a_0, a_1, \dots, a_{N-1})$$

Una primera idea, pero errónea, es intercambiar a_0 con cualquier elemento de A elegido con distribución uniforme, luego intercambiar a_1 con otro elegido uniformemente en A , y así siguiendo. Si bien se obtiene una permutación de A , ocurre que este procedimiento no genera todas las permutaciones con la misma probabilidad. Un algoritmo que ejecute estos pasos tiene N^{N-1} secuencias diferentes de ejecución, pero

$$\frac{N^{N-1}}{N!}$$

no es un número entero, salvo para $N = 2$. Por lo tanto, para $N > 2$ no es posible que todas las permutaciones se obtengan con la misma probabilidad.

En cambio, si se intercambia a_0 con algún elemento de $\{a_0, \dots, a_{N-1}\}$ elegido aleatoriamente, luego a_1 con alguno de $\{a_1, \dots, a_{N-1}\}$ y así siguiendo hasta intercambiar a_{N-2} con un elemento de $\{a_{N-2}, a_{N-1}\}$, entonces el método genera todas las permutaciones con igual probabilidad:

```
def permutacion(a): #a=[a[0], a[1], ..., a[N-1]]
    N = len(a)
    for j in range(N-1):
        indice = int((N-j) * random()) + j
        a[j], a[indice] = a[indice], a[j]
    return a
```

Notemos que en los sucesivos pasos se generan uniformes en los intervalos de enteros $[0, N-1]$, $[1, N-1]$, \dots , $[N-2, N-1]$. Si se recorre el arreglo en sentido inverso, comenzando por intercambiar a_{N-1} en lugar de a_0 , entonces el algoritmo requiere generar uniformes en $[0, N-1]$, $[0, N-2]$, \dots , $[0, 1]$, que se reducen a calcular una parte entera inferior:

```
def permutacion(a): #a=[a[0],a[1],...,a[N-1]]
    N = len(a)
    for j in range(N-1,0,-1):
        indice = int((j+1) * random())
        a[j], a[indice] = a[indice], a[j]
```

En ciertos casos de muestreo se requiere obtener un subconjunto aleatorio de cierto conjunto de individuos. Es decir, dado un conjunto de N elementos, obtener un subconjunto de r elementos, con $r < N$, pero elegidos aleatoriamente.

Si el ciclo del algoritmo anterior se ejecuta para $j = N - 1, N - 2, \dots, N - r$, los últimos r elementos del vector permutado forman un subconjunto aleatorio de cardinal r , y en consecuencia los restantes forman un subconjunto aleatorio de tamaño $N - r$. Así, para mayor eficiencia, si $r < N/2$ conviene ejecutar el algoritmo r veces y tomar los últimos r elementos, y de lo contrario conviene ejecutarlo $N - r$ veces, y tomar los r primeros.

```
## Devuelve un subconjunto aleatorio de A de r elementos
def subcAleatorio(r,A):
    N = len(A)
    for j in range(N-1, N-1-r, -1):
        indice = int((j+1) * random())
        A[j], A[indice] = A[indice], A[j]
    return A[N-r:]
```

Un **método alternativo** para obtener permutaciones aleatorias de un conjunto de cardinal N consiste en generar N números aleatorios: $u_0, u_1, u_2, \dots, u_{N-1}$, y luego ordenarlos, por ejemplo, de menor a mayor:

$$u_{i_0} < u_{i_1} < u_{i_2} < \dots < u_{i_{N-1}}.$$

Así, los índices de los números ya ordenados forman una permutación del conjunto $\{1, 2, \dots, N\}$:

$$(i_0, i_1, i_2, \dots, i_{N-1}).$$

Sin embargo este método tiene la desventaja de requerir $O(N \log(N))$ comparaciones.

5.1.2. Cálculo de promedios

Recordemos que el Método de Monte Carlo se basa en dos resultados teóricos fundamentales: la Ley Fuerte de los Grandes Números, y la posibilidad de calcular el valor esperado

$E[g(X)]$ a partir de la función de densidad o de probabilidad de masa, según corresponda, de la variable aleatoria X .

Supongamos que se quiere calcular un promedio de una gran cantidad de valores:

$$\bar{a} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N a_i = \frac{a_1 + a_2 + \cdots + a_N}{N},$$

donde $N \gg 1$, y que por la gran cantidad de términos o por la complejidad de éstos resulta muy complicado calcular la suma. Notemos que si X es una variable aleatoria uniforme discreta en $[1, N]$, y g es una función tal que $g(i) = a_i$, entonces el valor que se desea calcular es justamente $E[g(X)]$:

$$\bar{a} = E[g(X)].$$

Luego, por la Ley Fuerte de los grandes números, se tiene que si $X_1, X_2, \dots, X_n, \dots$ son variables aleatorias independientes, uniformes en $[1, N]$, entonces

$$\frac{1}{n}(g(X_1) + g(X_2) + \cdots + g(X_n)) \simeq \frac{1}{n}(a_{X_1} + a_{X_2} + \cdots + a_{X_n}) = \bar{a}.$$

Así el valor de \bar{a} se puede estimar como un promedio de N términos de la sumatoria elegidos al azar:

$$\bar{a} \sim \frac{1}{M} \sum_{j=1}^M a_{i_j}.$$

Ejemplo 5.2. Se requiere calcular el promedio

$$S = \sum_{i=1}^{10000} e^{\frac{1}{i}}.$$

Luego tomamos $g(i) = \exp(1/i)$, y estimamos $E[g(X)]$ para $X \sim U[1, 10000]$. Notemos que

$$S = 10000 \cdot \frac{1}{10000} \sum_{i=1}^{10000} e^{\frac{1}{i}} = 10000 \cdot E[g(X)].$$

Usando Monte Carlo, se puede estimar el valor de $\frac{S}{10000}$ con 100 simulaciones de la siguiente forma:

- Generar 100 valores de U , $U = u_i$, $1 \leq i \leq 100$, con distribución uniforme en $[1, 10000]$.
- Calcular para cada uno $\exp(1/u_i)$.
- Sumarlos y dividir por 100.

Como estos pasos llevan a una aproximación de $S/10000$, la estimación de S se obtiene multiplicando por 10000.

$$S = \sum_{i=1}^{10000} e^{\frac{1}{i}} \sim 10000 \cdot \frac{1}{100} \sum_{i=1}^{100} e^{\frac{1}{u_i}}.$$

```
Suma=0
Nsim=100
for _ in range(Nsim):
    U = int(random() * 10000) + 1
    Suma += exp(1 / U)
Suma = Suma / Nsim * 10000
```

5.1.3. Generación de una variable aleatoria geométrica

Una variable aleatoria geométrica con probabilidad de éxito p tiene una probabilidad de masa dada por:

$$p_i = P(X = i) = pq^{i-1}, \quad i \geq 1, \quad q = (1 - p),$$

y la función de distribución acumulada cumple:

$$F_X(j-1) = P(X \leq j-1) = 1 - P(X > j-1) = 1 - q^{j-1}.$$

El método de la transformada inversa asigna entonces el valor $X = j$ si la variable aleatoria uniforme U satisface $U \in [1 - q^{j-1}, 1 - q^j)$. En este caso ocurre que:

$$q^j < 1 - U \leq q^{j-1}.$$

Dado que $0 < q < 1$, las potencias de q son decrecientes. Por lo tanto la propiedad anterior equivale a encontrar el menor j tal que $q^j < 1 - U$. Luego:

$$X = \min\{j : q^j < 1 - U\}.$$

Para determinar j , aplicamos el logaritmo, y así:

$$X = j \quad \text{si y sólo si} \quad j = \min\{k \mid k \log(q) < \log(1 - U)\}.$$

o equivalentemente y usando que $\log(q) < 0$:

$$X = j \quad \text{si y sólo si} \quad j = \min\{k \mid k > \frac{\log(1 - U)}{\log(q)}\} = \left\lceil \frac{\log(1 - U)}{\log(q)} \right\rceil + 1$$

Así, el algoritmo para generar valores de una variable aleatoria con distribución geométrica $X \sim \text{Geom}(p)$ es el siguiente:

```
def geometrica(p):
    U = random()
    return int(log(1-U)/log(1-p))+1
```

5.1.4. Generación de variables Bernoulli

Un método sencillo de generar valores de una Bernoulli $B(p)$ es:

```
def Bernoulli(p):
    U=random()
    if U < p: return 1
    else:      return 0
```

Ahora bien, si se quiere obtener una secuencia de valores de N variables Bernoulli, independientes, puede optimizarse el algoritmo anterior utilizando la generación de una variable geométrica. Notemos que $X \sim \text{Geom}(p)$ es la variable que mide el número de ensayos independientes de una variable Bernoulli $B(p)$ hasta obtener un éxito. Entonces, si por ejemplo se genera el valor $X = 5$, esto es equivalente a generar 5 valores consecutivos de una variable $B(p)$:

0 0 0 0 1.

Así, si se quieren generar N valores de variables aleatorias $B(p)$, independientes, es suficiente generar valores de $X \sim \text{Geom}(p)$, x_1, x_2, \dots, x_k , hasta que $x_1 + x_2 + \dots + x_k \geq N$, y así se obtiene la secuencia de Bernoulli:

$\underbrace{0 \quad 0 \quad \dots \quad 1}_{(x_1-1) \text{ ceros y un } 1} \quad \underbrace{0 \quad 0 \quad \dots \quad 1}_{(x_2-1) \text{ ceros y un } 1} \dots \quad \underbrace{0 \quad 0 \quad \dots \quad 1}_{(x_k-1) \text{ ceros y un } 1}.$

```
##devuelve una lista de N Bernoullis B(p)
```

```
def NBernoullis(N,p):
    Bernoullis = [0] * N
    j = geometrica(p)-1
    while j < N:
        Bernoullis[j] = 1
    %      j+ = geometrica(p)
    return Bernoullis
```

5.1.5. Generación de una variable aleatoria Poisson

La función de probabilidad de masa de una variable aleatoria Poisson de razón λ está dada por:

$$p_i = P(X = i) = e^{-\lambda} \frac{\lambda^i}{i!}, \quad i = 0, 1, 2, \dots$$

Notemos que las probabilidades cumplen una relación de recurrencia:

$$p_0 = e^{-\lambda}, \quad p_{i+1} = e^{-\lambda} \frac{\lambda^{i+1}}{(i+1)!} = p_i \frac{\lambda}{i+1}.$$

Así, el algoritmo obtenido por el método de la transformada inversa se puede escribir:

```
def Poisson(lamda):
    U = random()
    i = 0; p = exp(-lamda)
    F = p
    while U >= F:
        i += 1
        p *= lamda / i
        F = F + p
    return i
```

Una observación con respecto a este algoritmo, es que chequea desde el valor 0 en adelante, pero p_0 no es la probabilidad mayor. Se podría optimizar si el algoritmo recorre primero las probabilidades más grandes. Además, el algoritmo realiza $n + 1$ comparaciones para generar el valor n . Dado que el valor esperado de la variable es λ , entonces el número de comparaciones es, en promedio, $\lambda + 1$. Así, a mayor valor de λ mayor será el número de comparaciones que realice el algoritmo.

Una forma de mejorar este algoritmo es comenzar por analizar el valor más probable. El valor máximo de las probabilidades es $p_{\lfloor \lambda \rfloor}$, es decir, que los valores cercanos a λ son los más probables. Así, se puede optimizar el número de comparaciones buscando a partir del valor

$$I = \lfloor \lambda \rfloor,$$

y luego de manera ascendente o descendente según el valor de la variable uniforme U generada:

```
def Poisson(lamda):
    p = exp(-lamda); F = p
    for j in range(1, int(lamda) + 1):
        p *= lamda / j
        F += p
    U = random()
    if U >= F:
        j = int(lamda) + 1
        while U >= F:
            p *= lamda / j; F += p
            j += 1
        return j - 1
    else:
```

```

j = int(lamda)
while U < F:
    F -= p;    p *= j/lamda
    j -= 1
return j+1

```

De esta manera, el promedio de búsquedas se reduce a

$$1 + E[|X - \lambda|].$$

En particular, si $\lambda \gg 1$, la distribución se aproxima a una normal de media y varianza λ , $N(\lambda, \sqrt{\lambda})$, por lo cual $\frac{X-\lambda}{\sqrt{\lambda}}$ se aproxima a una normal estándar $Z \sim N(0, 1)$.

Por lo tanto, el promedio de búsquedas, $1 + E[|X - \lambda|]$, puede estimarse como:

$$\begin{aligned}
 1 + \sqrt{\lambda} E \left[\frac{|X - \lambda|}{\sqrt{\lambda}} \right] &= 1 + \sqrt{\lambda} E[|Z|] \\
 &= 1 + 0.798\sqrt{\lambda},
 \end{aligned}$$

que mejora el promedio en la versión anterior: $1 + \lambda$.

5.1.6. Generación de una variable aleatoria binomial

La generación de una variable aleatoria binomial responde a un caso similar al de una variable Poisson. Si $X \sim B(n, p)$, entonces la función de masa de probabilidad es:

$$p_i = P(X = i) = \frac{n!}{i!(n-i)!} p^i (1-p)^{n-i}, \quad i = 0, 1, \dots, n.$$

En este caso, la fórmula recursiva para las probabilidades está dada por:

$$p_0 = (1-p)^n, \quad p_{i+1} = \frac{n-i}{i+1} \frac{p}{1-p} p_i, \quad 0 \leq i < n.$$

Recordamos además que el valor esperado y la varianza están dados por

$$E[X] = np \quad \text{Var}[X] = np(1-p).$$

Si se aplica directamente el método de transformada inversa, el algoritmo resulta:

```

def Binomial(n, p):
    c = p / (1 - p)
    prob = (1 - p) ** n

```

```

F = prob;      i=0
U = random()
while U >= F:
    prob *= c * (n-i) / (i+1)
    F += prob
    i += 1
return i

```

Al igual que con la generación de variables aleatorias Poisson, el inconveniente de este algoritmo es que al chequear desde 0 hasta generar el valor correspondiente, el número de comparaciones es 1 más que el valor generado. Por lo tanto, el promedio de comparaciones es $E[X] + 1 = np + 1$.

Además de la optimización análoga al método de Poisson, una alternativa que podría mejorar el número de comparaciones es considerar el valor de p . Notemos que si $p > 1/2$ entonces $1 - p < \frac{1}{2}$, y por lo tanto es conveniente que el algoritmo genere $Y \sim B(n, 1 - p)$, que lleva menor número de comparaciones, y devolver el valor $X = n - Y$.

En cuanto a mejorar el algoritmo de manera análoga que Poisson, en este caso el valor más probable corresponde a

$$i = \lfloor np \rfloor,$$

y el promedio de comparaciones, para n grande resulta del orden de

$$1 + \sqrt{np(1-p)} \approx 0.798.$$

5.2. Método de aceptación y rechazo

El **método de aceptación y rechazo** o método de rechazo para generar una variable aleatoria X , supone el conocimiento de un método para la generación de otra variable aleatoria Y que cumpla con las siguientes propiedades:

- Si $P(X = x_j) > 0$, entonces $P(Y = x_j) > 0$, para todo x_j en el rango de X .
- Existe una constante positiva c tal que:

$$\frac{P(X = x_j)}{P(Y = y_j)} \leq c,$$

para todos los x_j tal que $P(X = x_j) > 0$.

Si denotamos $p_j = P(X = x_j)$ y $q_j = P(Y = x_j)$, entonces de la segunda propiedad vemos que:

$$\sum_{j \geq 1} p_j \leq c \cdot \sum_{j \geq 1} q_j \leq c$$

Como el miembro izquierdo de la desigualdad es 1, se tiene que la constante c es siempre mayor o igual a 1. Además la igualdad se daría sólo en el caso en que X e Y tienen la misma distribución de probabilidad, en cuyo caso ya se tendría un método para generar X . Asumimos entonces que $c > 1$, y por lo tanto $\frac{1}{c} < 1$.

```

1 Simular Y
2 U = random()
3 if U < p(Y) / (c * q(Y)) :
4     return Y    ## aceptación: X=Y
5 else:
6     volver a 1 ## rechazo

```

Como puede verse de la descripción del algoritmo, se trata de una iteración de pasos que se repite en caso de un rechazo y finaliza en una aceptación. Existe en esto una cierta analogía con una variable geométrica, en el sentido que se continúa el ciclo o ejecución de los condicionales (ensayos) hasta que se obtiene un éxito: aceptar el valor de Y .

En efecto, en cada paso, la probabilidad de generar algún valor de X es la probabilidad de aceptar el valor de Y en esa iteración, y esto está dado por:

$$\begin{aligned}
 P(\text{aceptar } Y) &= P\left(\{Y = y_1, U < \frac{p_1}{c q_1}\} \cup \{Y = y_2, U < \frac{p_2}{c q_2}\} \cup \dots\right) \\
 &= P\left(\bigcup_{j \geq 1} \{Y = y_j, U < \frac{p_j}{c q_j}\}\right).
 \end{aligned}$$

Notemos que esta unión es disjunta, y además U e Y son independientes. Por lo tanto resulta:

$$P(\text{aceptar } Y) = \sum_{j \geq 1} P(Y = y_j) \cdot P(U \leq \frac{p_j}{c q_j}) = \sum_{j \geq 1} q_j \cdot \frac{p_j}{c q_j} = \frac{1}{c}.$$

Ahora bien, un valor particular x_j de la variable X será generado sí y sólo sí es generado en alguna iteración:

$$\begin{aligned}
 P(\text{generar } x_j) &= \sum_{k \geq 1} P(\text{generar } x_j \text{ en la iteración } k) \\
 &= \sum_{k \geq 1} P(\text{rechazar } Y \text{ } (k-1) \text{ veces y aceptar } Y = x_j \text{ en la iteración } k) \\
 &= \sum_{k \geq 1} \left(1 - \frac{1}{c}\right)^{k-1} P(Y = x_j, U \leq \frac{p_j}{c q_j}) \\
 &= \sum_{k \geq 1} \left(1 - \frac{1}{c}\right)^{k-1} q_j \frac{p_j}{c q_j} \\
 &= p_j.
 \end{aligned}$$

Por lo tanto, el algoritmo simula una variable aleatoria con la distribución deseada. Además, el número de iteraciones del algoritmo hasta aceptar el valor de Y es una variable aleatoria

geométrica con probabilidad de éxito $\frac{1}{c}$ y de fracaso $1 - \frac{1}{c}$. Por lo tanto, cuanto menor sea c más eficiente será el algoritmo.

Ejemplo 5.3. Sea X una variable aleatoria con valores en $\{1, 2, \dots, 10\}$ y probabilidades 0.11, 0.12, 0.09, 0.08, 0.12, 0.10, 0.09, 0.09, 0.10, 0.10. Si se generan valores con el método de la transformada inversa, optimizando de modo que los primeros condicionales tengan mayor probabilidad de ser aceptados, el número esperado de iteraciones (comparaciones) será:

$$(1 + 2) \cdot 0.12 + 3 \cdot 0.11 + (4 + 5 + 6) \cdot 0.10 + (7 + 8) \cdot 0.09 + 9 \cdot 0.17 = 5.07.$$

Por otro lado, si se genera esta variable rechazando con una variable aleatoria $Y \sim U[1, 10]$, tenemos que $P(Y = j) = 0.1$, y por lo tanto

$$P(X = j) \leq 1.2 \cdot P(Y = j), \quad 1 \leq j \leq 10.$$

Luego el valor esperado del número de iteraciones hasta generar un valor de X es igual al valor esperado de una variable aleatoria geométrica con $p = \frac{1}{1.2}$, que es $c = 1.2$. Es decir, que requiere la generación de una variable uniforme y una comparación por cada ciclo.

5.3. Método de composición

El método de composición permite generar una variable aleatoria X con función de probabilidad de masa dada por:

$$P(X = j) = \alpha p_j + (1 - \alpha) q_j \quad j = 0, 1, \dots,$$

donde α es algún número entre 0 y 1.

Entonces, si se tienen métodos eficientes para generar valores de dos variables aleatorias X_1 y X_2 , con funciones de probabilidad de masa

$$P(X_1 = x_j) = p_j, \quad P(X_2 = x_j) = q_j, \quad j = 1, \dots,$$

entonces estos métodos pueden ser utilizados para generar valores de X :

$$X = \begin{cases} X_1 & \text{con probabilidad } \alpha \\ X_2 & \text{con probabilidad } 1 - \alpha \end{cases}$$

El algoritmo sería como el que sigue:

```
U = random()
if U < alfa:
    simular X1
```

```

    return X1
else:
    simular X2
    return X2

```

Notemos que:

$$\begin{aligned}
 P(\text{generar } x_j) &= P(U < \alpha, X_1 = x_j) + P(\alpha \leq U < 1, X_2 = x_j) \\
 &= P(U < \alpha) P(X_1 = x_j) + P(\alpha \leq U < 1) P(X_2 = x_j) \\
 &= \alpha p_j + (1 - \alpha) q_j.
 \end{aligned}$$

Así la probabilidad de generar $X = x_j$ es la probabilidad deseada.

Ejemplo 5.4. Si X es la variable aleatoria que toma los valores del 1 al 5 con probabilidad 0.05, y los valores del 6 al 10 con probabilidad 0.15, entonces X toma algún valor entre 1 y 5 con probabilidad 0.25, y un valor entre 6 y 10 con probabilidad 0.75. Por otro lado, los valores del 1 al 5 son equiprobables y los del 6 al 10 también. Luego se pueden elegir X_1 y X_2 uniformes discretas en $[1, 5]$ y $[6, 10]$ respectivamente, y generar X con el siguiente algoritmo:

```

U = random()
V = random()
if U < 0.75:
    return int(5 * V) + 6
else:
    return int(5 * V) + 1

```

También se pueden considerar las variables aleatorias $Y_1 \sim U[1, 10]$ e $Y_2 \sim U[6, 10]$, de modo que los valores de 1 a 5 sean generados con Y_1 y los restantes puedan ser generados con Y_1 o con Y_2 . Esto es:

$$P(Y_1 = j) = 0.1, \quad 1 \leq j \leq 10, \quad P(Y_2 = j) = 0.2, \quad 6 \leq j \leq 10.$$

Dado que X toma algún valor entre 1 y 5 con probabilidad 0.25, y estos son la mitad de los valores que toma Y_1 , se da una ponderación $\alpha = 0.5$ a Y_1 , y la misma ponderación a Y_2 . Así, en este caso el algoritmo es el siguiente:

```

U = random()
V = random()
If U < 0.5:
    return int(10 * V) + 1
else:
    return int(5 * V) + 6

```

En general, si se tienen n variables aleatorias con funciones de distribución acumulada F_1, F_2, \dots, F_n , y $\alpha_1, \alpha_2, \dots, \alpha_n$ son números positivos tales que

$$\alpha_1 + \alpha_2 + \dots + \alpha_n = 1,$$

entonces la función de distribución acumulada dada por

$$F(x) = \alpha_1 F_1(x) + \alpha_2 F_2(x) + \dots + \alpha_n F_n(x),$$

se llama una **mezcla** o **composición** de las funciones de distribución F_1, F_2, \dots, F_n .

Una variable aleatoria X con función de distribución F puede generarse a través de la simulación de una variable discreta I que toma valores en $\{1, 2, \dots, n\}$ con $P(I = j) = \alpha_j$, y una segunda simulación de una variable con distribución F_j , si $I = j$. Esta forma de generar X se llama **método de composición**.

5.4. Métodos alternativos

5.4.1. El método del alias

Una aplicación del método de composición es el llamado **método del alias**. Este método sirve para generar variables aleatorias que toman un número finito de valores, digamos, $1, 2, \dots, n$.

El método requiere construir en primer lugar los llamados **alias**, pero una vez completada esta etapa la simulación en sí es muy simple. La distribución de la variable X , F_X , se describe como una composición equiprobable de $n - 1$ variables aleatorias:

$$F_X(x) = \frac{1}{n-1} F_1(x) + \frac{1}{n-1} F_2(x) + \dots + \frac{1}{n-1} F_{n-1}(x),$$

y $F_j(x)$ es la distribución de una variable X_j que toma a lo sumo dos valores posibles.

Para definir esta composición o mezcla, se utiliza el siguiente resultado:

Proposición 5.1. Sea $P(X = j) = p_j$, $1 \leq j \leq n$ una función de probabilidad de masa, con $n > 1$. Entonces:

- a) Existe j , $1 \leq j \leq n$, tal que $p_j < \frac{1}{n-1}$.
- b) Dado j como en a), existe $i \neq j$ tal que $p_i + p_j \geq \frac{1}{n-1}$.

La demostración es sencilla. Para ver a), notemos que si no fuera cierto entonces la suma de las probabilidades cumpliría

$$\sum_{j=1}^n p_j \geq n \cdot \frac{1}{n-1} > 1,$$

lo cual es absurdo.

Por otro lado, dado j como en a), debe existir i que cumpla b). De lo contrario, se tendría que:

$$1 - p_j = \sum_{i \neq j} p_i < (n-1) \left(\frac{1}{n-1} - p_j \right) = 1 - (n-1)p_j.$$

Esto es, $p_j > (n-1)p_j$, lo cual sólo es válido si $n = 1$.

El procedimiento es como sigue. En primer lugar, notemos que si se multiplican todas las probabilidades por $n-1$, entonces su suma es igual a $n-1$:

$$(n-1)p_1, \quad (n-1)p_2, \quad \dots, \quad (n-1)p_n. \quad (5.1)$$

La idea es distribuir estos $n-1$ valores dados en (5.1) como probabilidades de masa de $n-1$ variables aleatorias, de modo que estas variables tomen a lo sumo dos valores distintos. Por ejemplo, si se tuviera una variable aleatoria X que toma valores en $\{1, 2, 3\}$ con probabilidades de masa:

$$p_1 = 0.3, \quad p_2 = 0.6, \quad p_3 = 0.1,$$

al mutiplicar por 2 tenemos los valores:

$$2p_1 = 0.6, \quad 2p_2 = 1.2, \quad 2p_3 = 0.2.$$

El objetivo es descomponer la suma de estos tres valores ($= 2$) como la suma de las probabilidades de dos variables aleatorias X_1 y X_2 . El valor más pequeño es 0.2 que corresponde al valor 3. Entonces consideramos una variable X_1 que tome el valor 3 con probabilidad 0.2. Como debe tomar dos valores, el segundo valor debe tener probabilidad 0.8.

Dado que $2p_2 = 1.2 = 0.8 + 0.4$, asignamos a X_1 el valor 2 con probabilidad 0.8. Así formamos una primer variable aleatoria X_1 que tome los valores 3 y 2 con probabilidades 0.2 y 0.8, respectivamente.

Ahora, como $1.2 = 0.8 + 0.4$, entonces la segunda variable a definir tomará los valores 2 y 1 con probabilidades 0.4 y 0.6:

$$X_1 = \begin{cases} 2 & p = 0.8 \\ 3 & q = 0.2 \end{cases} \quad X_2 = \begin{cases} 1 & p = 0.6 \\ 2 & q = 0.4 \end{cases}$$

y ahora, para cada $x = 1, 2, 3$ se cumple que:

$$P(X = x) = \frac{1}{2} P(X_1 = x) + \frac{1}{2} P(X_2 = x).$$

En un caso general, se eligen j e i como en la Proposición 5.1, y se define

$$X_1 = \begin{cases} j & \text{con probabilidad } (n-1)p_j \\ i & \text{con probabilidad } 1 - (n-1)p_j \end{cases}.$$

Notemos que X_1 toma todo el peso del valor j , y parte del peso del valor i . Digamos que de la lista de valores en (5.1) se han utilizado p_j y una "parte" de p_i , de modo que suman 1. Si se restan estos dos valores en (5.1), la suma total es igual a $n - 2$.

Es decir, si dividimos por $n - 2$ se tendría nuevamente una variable aleatoria \tilde{X} con valores en $\{1, 2, \dots, n\} - \{j\}$, que tiene probabilidades

$$P(\tilde{X} = k) = \frac{1}{n-2} (n-1) p_k, \quad k \neq j, i,$$

y $P(\tilde{X} = i)$ es tal que la suma de las probabilidades es 1.

Ahora se eligen nuevos índices j e i con las propiedades dadas en a) y b) de la Proposición 5.1, respectivamente, y se construye una variable X_2 , cambiando n por $n - 1$. El procedimiento sigue hasta que sólo quedan a lo sumo dos valores por generar.

Notemos que en cada paso, la variable X_k definida toma todo el peso de su correspondiente valor j , por lo cual este valor ya no será generado por las siguientes variables X_k . En consecuencia, el algoritmo de construcción del alias tiene $n - 1$ pasos.

Ilustramos estos pasos con un ejemplo:

Ejemplo 5.5. Por ejemplo, si X es la v. a. que toma valores en $\{1, 2, 3, 4\}$ con

$$p_1 = \frac{7}{16}, \quad p_2 = \frac{1}{4}, \quad p_3 = \frac{1}{8}, \quad p_4 = \frac{3}{16}.$$

Multiplicando estas probabilidades por $n - 1 = 3$, obtenemos los siguientes valores tabulados en la Tabla 5.1:

j	1	2	3	4	
$p_j \times (3)$	$\frac{21}{16}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{9}{16}$	Suma=3

Tabla 5.1: Método del alias - Paso 1

La Proposición 5.1 nos dice que alguno de los valores de la tabla es menor que 1, y que para este valor hay otro cuya suma excede a 1. En general, se sugiere tomar el menor y mayor valor de la tabla respectivamente. En este caso: $j = 3$ e $i = 1$.

Consideramos entonces la variable aleatoria:

$$X_1 = \begin{cases} 3 & \text{con probabilidad } 3 \cdot p_3 = \frac{3}{8} \\ 1 & \text{con probabilidad } 1 - \frac{3}{8} = \frac{5}{8}. \end{cases}$$

Así, restando las probabilidades que toma X_1 para los valores 3 y 1, la tabla resulta como en la Tabla 5.2: Notemos que los valores de la segunda fila de la Table 5.2 suman 2, y al menos un

j	1	2	3	4	
$p_j \times 3$	$\frac{21}{16}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{9}{16}$	Suma=2
	$\frac{11}{16}$	$\frac{3}{4}$		$\frac{9}{16}$	

Tabla 5.2: Método del alias - Paso 2

elemento es menor que 1 y la suma de este con algún otro elemento supera a 1. Podemos elegir en este caso $j = 4$ e $i = 2$, y definir la variable:

$$X_2 = \begin{cases} 4 & \text{con probabilidad } \frac{9}{16} \\ 2 & \text{con probabilidad } 1 - \frac{9}{16} = \frac{7}{16} \end{cases}.$$

Repitiendo el paso anterior, la tabla resulta como en el Cuadro 5.3:

j	1	2	3	4	
$p_j \times 3$	$\frac{21}{16}$	$\frac{3}{4}$	$\frac{3}{8}$	$\frac{9}{16}$	Suma=1
	$\frac{11}{16}$	$\frac{3}{4}$		$\frac{9}{16}$	
	$\frac{11}{16}$	$\frac{5}{16}$			

Tabla 5.3: Método del alias - Paso 3

y en este último paso directamente definimos

$$X_3 = \begin{cases} 1 & \text{con probabilidad } \frac{11}{16} \\ 2 & \text{con probabilidad } \frac{5}{16} \end{cases}.$$

De esta forma, la distribución F de la variable aleatoria original X se puede escribir como:

$$F_X(x) = \frac{1}{3} F_{X_1}(x) + \frac{1}{3} F_{X_2}(x) + \frac{1}{3} F_{X_3}(x),$$

y el algoritmo por el método del alias para simular valores de X será como el siguiente:

```
def aliasX():
    I=int (random() * 3)
    V = random()
    if I == 0:
        if V < 5/8:    return 1
        else:         return 3
    elif I == 1:
```

```

    if V < 9/16: return 4
    else:       return 2
else: ##I == 2
    if V < 11/16: return 1
    else:       return 2

```

Ejercicio 5.1. Comprobar que el algoritmo anterior genera los valores del 1 al 4 con las probabilidades deseadas.

El nombre de **alias** proviene del hecho que es posible definir las variables X_k de modo que $P(X_k = k)$ sea positiva, para $1 \leq k < n$. En ese caso, X_k toma el valor k y posiblemente otro valor que se denomina su "alias".

También puede optimizarse este algoritmo generando una única variable uniforme $U \sim U(0, 1)$, y tomar $I = \lfloor (n-1)U \rfloor$, y $V = (n-1)U - I$.

5.4.2. Método de la urna

Otro método simple, pero quizás menos eficiente en cuanto al uso de memoria, es el **método de la urna**. Dada una variable aleatoria X , que toma un número finito de valores, digamos $\{1, 2, \dots, n\}$, llamamos $p_j = P(X = j)$. El método consiste en considerar un valor $k \in \mathbb{N}$ tal que $k p_j$ sea entero, para todo j , $1 \leq j \leq n$.

Ahora se considera un arreglo A de k posiciones, y se almacena cada valor i en $k p_i$ posiciones del arreglo.

El algoritmo simplemente selecciona una posición al azar del arreglo y devuelve el valor en dicha posición.

```

def urnaX():
    I = int(random() * k)
    return A[I]

```

Ejemplo 5.6. Si X toma los valores $\{1, 2, 3\}$ con probabilidades

$$p_1 = 0.24, \quad p_2 = 0.46, \quad p_3 = 0.30,$$

se puede tomar $k = 100$. Así, se define un arreglo A con 100 posiciones, en las cuales se almacena el 1 en 24 posiciones, el 2 en 46 posiciones y el 3 en 30 posiciones.

Una mejora de este método, en cuanto al lugar de almacenamiento, es considerar las posiciones de los décimos, centésimos, milésimos, etc., por separado.

Así, en el Ejemplo 5.6, los décimos en las probabilidades están dados por 2, 4 y 3, y los centésimos están dados por 4, 6 y 0.

Luego se consideran dos arreglos:

1. A_1 : de $2 + 4 + 3 = 9$ posiciones, con 2 posiciones con el valor 1, 4 posiciones con valor 4 y 3 posiciones con el valor 3.
2. A_2 : de $4 + 6 + 0 = 10$ posiciones, con 4 posiciones con el valor 1, 6 con el valor 2 y ninguna con el valor 3.

El arreglo A_1 se le da peso $\frac{90}{100} = 0.9$, y al arreglo A_2 se le da un peso de $\frac{10}{100} = 0.10$, y el algoritmo es como sigue:

```
def urnaXmejorada():  
    U = random()  
    if U < 0.9:  
        I = int(random() * 9)  
        return A1[I]  
    else:  
        I=int(random() * 10)  
        return A2[I]
```

Capítulo 6

Generación de variables aleatorias continuas

6.1. Introducción

Se dice que una variable aleatoria X es continua, o más propiamente, absolutamente continua, si existe $f : \mathbb{R} \mapsto \mathbb{R}$ tal que

$$F(x) := P(X \leq x) = \int_{-\infty}^x f(t) dt.$$

Al igual que para las variables aleatorias discretas, analizaremos dos métodos de generación para variables continuas, con las respectivas mejoras en cada caso particular. Estos métodos también se denominan:

- Método de la transformada inversa.
- Método de aceptación y rechazo.

6.2. Método de la transformada inversa

La generación o simulación de valores de una variable aleatoria por el método de la transformada inversa requiere conocer la función de distribución acumulada de la variable X a simular. Si X es (absolutamente) continua y f es su función de densidad, la función de distribución acumulada:

$$F(x) = \int_{-\infty}^x f(t) dt,$$

cumple la propiedad de ser continua, no decreciente, y:

$$\lim_{x \rightarrow -\infty} F(x) = 0, \quad \lim_{x \rightarrow \infty} F(x) = 1.$$

En esta sección nos referiremos a variables aleatorias X cuya función de distribución sea monótona creciente sobre el conjunto $F^{-1}(0, 1) = \{x \mid 0 < F(x) < 1\}$. De esta manera, la función F tiene inversa sobre el intervalo $(0, 1)$. Para los casos en que no se cumple esta propiedad también es posible definir métodos de simulación de las variables, pero las demostraciones de su validez son un tanto más complejas.

Proposición 6.1. Sea $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$ una variable aleatoria. Para cualquier función de distribución continua F , monótona creciente en $F^{-1}(0, 1)$, la variable aleatoria X definida por:

$$X = F^{-1}(U)$$

tiene distribución F .

Notemos que U toma valores en el intervalo $(0, 1)$, excluyendo los puntos 0 y 1. La propiedad de monotonía de F asegura que F tiene inversa en $(0, 1)$. Así, si $X = F^{-1}(U)$, su función de distribución está dada por:

$$F_X(x) = P(X \leq x) = P(F^{-1}(U) \leq x).$$

Como F es creciente, entonces $a \leq b$ si y sólo si $F(a) \leq F(b)$. En particular, los conjuntos:

$$\{F^{-1}(U) \leq x\} \quad \text{y} \quad \{U \leq F(x)\}$$

son iguales. Así resulta:

$$F_X(x) = P(F(F^{-1}(U)) \leq F(x)) = P(U \leq F(x)) = F(x).$$

Luego X tiene distribución F .

Esta proposición da un método en principio simple para simular una variable aleatoria continua con función de distribución acumulada F :

```
def Tinversa():
    U=random()
    return G(U) # G = F-1
```

Sin embargo, pueden existir algunas complicaciones. Por ejemplo, que la inversa de F involucre funciones computacionalmente costosas ($\sqrt[n]{f(x)}$, $\log(x)$, etc.), o que no pueda ser calculada explícitamente (por ejemplo la distribución de una variable normal, o de una gamma).

Aparecen entonces otras estrategias para generar estas variables, como por ejemplo expresando a F como la distribución del mínimo o del máximo de variables aleatorias independientes, o de la suma de variables independientes, o distribuciones condicionales u otros casos particulares.

Ejemplo 6.1. Escribir un método para generar el valor de una variable aleatoria X con función de densidad

$$f(x) = -\frac{x}{2} + 1, \quad 0 \leq x \leq 2.$$

$$F(x) = \begin{cases} 0 & x \leq 0 \\ -\frac{x^2}{4} + x & 0 < x < 2 \\ 1 & x \geq 2 \end{cases}$$

F resulta entonces monótona creciente en el intervalo $(0, 2)$.

Para simular X debemos determinar la inversa de F en $(0, 1)$. Es decir, para cada $u \in (0, 1)$, encontrar el valor x tal que

$$-\frac{x^2}{4} + x = u.$$

Esta ecuación tiene dos soluciones para x :

$$\begin{cases} x = 2 + 2\sqrt{1-u} \\ x = 2 - 2\sqrt{1-u} \end{cases} \quad \text{o}$$

pero sólo la segunda pertenece al intervalo $(0, 2)$. Luego el algoritmo de simulación de esta variable por el método de la transformada inversa es:

```
def inversaX():
    U = 1 - random()
    return 2 - 2 * sqrt(U)
```

También, utilizando que U y $1 - U$ están igualmente distribuidas, vale el algoritmo:

```
def inversaX():
    U = random()
    return 2 - 2 * sqrt(U)
```

Ejemplo 6.2. Escribir un método para simular una variable aleatoria Y con función de densidad

$$f(x) = \begin{cases} 0.25 & 0 \leq x \leq 2 \\ 0.5 & 2 < x < 3 \\ 0 & \text{en otro caso.} \end{cases}$$

Para esta variable aleatoria la función de distribución acumulada está dada por:

$$F(x) = \begin{cases} 0 & x \leq 0 \\ \frac{x}{4} & 0 \leq x \leq 2 \\ \frac{x-1}{2} & 2 < x < 3 \\ 1 & x \geq 3 \end{cases}$$

Notemos que Y toma valores en el intervalo $(0, 3)$, y que $F(2) = 0.5$. Luego el algoritmo de simulación de la variable es:

```
def inversaY():
    U = random()
    if U < 0.5:
        return 4*U
    else:
        return 2*U+1
```

Ejemplo 6.3. Consideremos X_1, X_2, \dots, X_n n variables aleatorias independientes, con funciones de distribución acumulada F_1, F_2, \dots, F_n , respectivamente:

$$F_i(a) = P(X_i \leq a), \quad i = 1, 2, \dots, n.$$

Llamamos X a la variable aleatoria que es el máximo de las X_i , $1 \leq i \leq n$:

$$X = \max\{X_1, X_2, \dots, X_n\}.$$

Entonces la función de distribución acumulada de X está dada por:

$$F_X(a) = F_1(a) \cdot F_2(a) \dots F_n(a).$$

En particular, si X_1, X_2, \dots, X_n son uniformes en $(0, 1)$, independientes entre sí, tenemos que $F_i(x) = x$, $0 \leq x \leq 1$ e $1 \leq i \leq n$. Luego el máximo de las X_i tiene una distribución dada por:

$$F_X(x) = x^n, \quad 0 \leq x \leq 1.$$

Así, si se desea simular una variable aleatoria con distribución $F_X(x) = x^n$, en lugar de tomar una raíz n -ésima también es posible generar n uniformes y tomar su máximo. ¿Es más eficiente?

```
def raizn(n):
    Maximo = 0.
    for _ in range(n):
        Maximo = max(Maximo, random())
    return Maximo
```

6.2.1. Simulación de una variable aleatoria exponencial

Si X es una variable aleatoria con distribución exponencial con parámetro $\lambda = 1$, $X \sim \mathcal{E}(1)$, entonces su función de distribución acumulada está dada por:

$$F(x) = \begin{cases} 1 - e^{-x} & x > 0 \\ 0 & x \leq 0. \end{cases}$$

Luego la inversa de F sobre $(0, 1)$ está dada por:

$$F^{-1}(u) = -\ln(1 - u), \quad u \in (0, 1).$$

Así, el algoritmo de simulación para $X \sim \mathcal{E}(1)$ es:

```
def exponencial():
    U = 1-random()
    return -log(1-U)
```

Notemos además que si X es exponencial con parámetro 1, esto es, $X \sim \mathcal{E}(1)$, entonces $Y = \frac{1}{\lambda}X$ es exponencial con media $\frac{1}{\lambda}$: $Y \sim \mathcal{E}(\lambda)$. Luego el método por transformada inversa para simular valores de $Y \sim \mathcal{E}(\lambda)$ es:

```
def exponencial(lamda):
    U = 1-random()
    return -log(U)/lamda
```

6.2.2. Simulación de una variable aleatoria Poisson $X \sim \mathcal{P}(\lambda)$

Sea $N(t)$, $t \geq 0$, un proceso de Poisson homogéneo con intensidad λ . Entonces se cumple que:

- Los tiempos de llegada entre eventos son variables aleatorias exponenciales de parámetro λ , es decir, media $\frac{1}{\lambda}$.
- El número de eventos en un intervalo de tiempo de longitud t es una variable aleatoria Poisson de media $\lambda \cdot t$.

En particular $N(1)$ es una variable aleatoria Poisson de media λ que indica el número de arribos hasta el tiempo $t = 1$, y los tiempos entre arribos en el intervalo $[0, 1]$ son exponenciales de parámetro λ .

Por lo tanto, si se simulan variables aleatorias exponenciales X_1, X_2, \dots , con $X_i \sim \mathcal{E}(\lambda)$ para $i \geq 1$, hasta que $X_1 + X_2 + \dots + X_n \leq 1$ y $X_1 + X_2 + \dots + X_n + X_{n+1} > 1$, entonces n representa el número de arribos hasta $t = 1$. Esto es:

$$N(1) = \max\{n \mid X_1 + X_2 + \dots + X_n \leq 1\}$$

Si se simula cada exponencial X_i con $-\frac{1}{\lambda} \ln(1 - U_i)$, con $U_i \sim \mathcal{U}(0, 1)$, tenemos que

$$\begin{aligned} N(1) &= \max\{n \mid X_1 + X_2 + \dots + X_n \leq 1\} \\ &= \max\{n \mid -\frac{1}{\lambda} (\ln(1 - U_1) + \ln(1 - U_2) + \dots + \ln(1 - U_n)) \leq 1\} \\ &= \max\{n \mid -\frac{1}{\lambda} (\ln((1 - U_1) \cdot (1 - U_2) \cdots (1 - U_n))) \leq 1\} \\ &= \max\{n \mid \ln((1 - U_1) \cdot (1 - U_2) \cdots (1 - U_n)) \geq -\lambda\} \\ &= \max\{n \mid (1 - U_1) \cdot (1 - U_2) \cdots (1 - U_n) \geq e^{-\lambda}\} \end{aligned}$$

Luego:

$$N(1) = \min\{n \mid (1 - U_1) \cdot (1 - U_2) \cdots (1 - U_n) < e^{-\lambda}\} - 1$$

```
def Poisson_con_exp(lamda):
    X = 0
    Producto = 1- random()
    cota = exp(-lamda)
    while Producto >= cota:
        Producto *= 1 - random()
        X += 1
    return X
```

6.2.3. Simulación de una variable con distribución $\text{Gamma}(n, \lambda^{-1})$

Hemos visto que la suma de n variables aleatorias exponenciales, independientes, con parámetro λ , es una variable aleatoria con distribución $\text{Gamma}(n, \lambda^{-1})$. Esta propiedad nos permite dar un algoritmo de simulación de una variable Gamma a través de la generación de n exponenciales independientes con el mismo parámetro. Notemos que si U_1, U_2, \dots, U_n son valores de una variable uniforme $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$, entonces:

$$\begin{aligned} X &= -\frac{1}{\lambda} \ln(1 - U_1) - \frac{1}{\lambda} \ln(1 - U_2) \cdots - \frac{1}{\lambda} \ln(1 - U_n) \\ &= -\frac{1}{\lambda} \ln((1 - U_1) \cdot (1 - U_2) \cdots (1 - U_n)) \end{aligned}$$

De esta forma, un algoritmo para la simulación de una variable $\text{Gamma}(n, \lambda^{-1})$ es como sigue:

```
def Gamma(n, lamda):
    'Simula una gamma con parámetros n y 1/lamda'
    U = 1
    for _ in range(n):
        U *= 1-random()
    return -log(U) / lamda
```

Notemos que este método requiere la simulación de n variables uniformes y calcula un único logaritmo, mientras que para generar n exponenciales es necesario calcular n logaritmos. Veamos cómo puede utilizarse la generación de una $Gamma(n, \lambda^{-1})$ para generar n exponenciales independientes de parámetro λ y restringiendo el número de logaritmos a calcular.

Teorema 6.1. Si $X, Y \sim \mathcal{E}(\lambda)$, independientes, entonces

$$f_{X|X+Y}(x | t) = \frac{1}{t} \mathbb{I}_{(0,t)}(x),$$

es decir, X condicional a $X + Y = t$ es uniforme en $(0, t)$.

Demostración. Notemos que la función de densidad conjunta de X y $X + Y$ cumple:

$$\begin{aligned} f_{X|X+Y}(x | t) &= \frac{f_{X,X+Y}(x, t)}{f_{X+Y}(t)} = \frac{f_{X+Y|X}(t, x) f_X(x)}{f_{X+Y}(t)} = \frac{f_Y(t - x) f_X(x)}{f_{X+Y}(t)} \\ &= \frac{e^{-\lambda(t-x)} e^{-\lambda x}}{e^{-\lambda t}} \frac{1}{t} \cdot \mathbb{I}_{[0,t]}(x) = \frac{1}{t} \cdot \mathbb{I}_{[0,t]}(x). \end{aligned}$$

La demostración de este teorema y del caso general para n exponenciales está disponible en el material complementario. \square

Luego, para generar X, Y exponenciales independientes, de parámetro λ podemos aplicar el siguiente algoritmo:

```
def DosExp(lamda):
    V1, V2 = 1-random(), 1-random()
    t = -log(V1 * V2) / lamda
    U = random()
    X = t * U
    Y = t - X
    return X, Y
```

Este algoritmo requiere el cálculo de un único logaritmo y la generación de tres uniformes.

En el caso general, para simular n exponenciales a partir de una $X \sim \text{Gamma}(n, \lambda^{-1})$ se requiere calcular un único logaritmo y $n - 1$ uniformes adicionales: $V_1, V_2, \dots, V_{n-1}, V_j \sim U(0, 1)$. En primer lugar se ordenan los valores de las V_i :

$$V_{i_1} < V_{i_2} < \dots < V_{i_{n-1}}.$$

Si $X = t$, entonces el intervalo $(0, t)$ se divide en n subintervalos consecutivos, no superpuestos, de longitud:

$$tV_{i_1}, \quad t(V_{i_2} - V_{i_1}), \quad t(V_{i_{n-1}} - V_{i_{n-2}}), \quad t(1 - V_{i_{n-1}}).$$

Las longitudes de cada uno de estos intervalos son variables aleatorias con distribución exponencial $\mathcal{E}(\lambda)$ e independientes entre sí. El algoritmo resulta entonces:

```
def Nexponenciales(n, lamda):
    t = 1
    for _ in range(n): t *= random()
    t = -log(t)/lamda
    unif = random.uniform(0, 1, n-1)
    unif.sort()
    exponenciales = [unif[0]*t]
    for i in range(n-2):
        exponenciales.append((unif[i+1]-unif[i])*t)
    exponenciales.append((1-unif[n-2])*t)
    return exponenciales
```

6.3. El método de aceptación y rechazo

Supongamos que se quiere generar una variable aleatoria X con función de densidad f :

$$F(x) = P(X \leq x) = \int_{-\infty}^x f(t) dt,$$

y que se tiene un método para generar otra variable Y , con densidad g , tal que

$$\frac{f(y)}{g(y)} \leq c, \quad \text{para todo } y \in \mathbb{R} \text{ tal que } f(y) \neq 0.$$

El **método de rechazo** para generar X a partir de Y tiene el siguiente algoritmo:

```
def Aceptacion_Rechazo_X():
    while 1:
```

```

Simular Y
U = random()
if U < f(Y) / (c * g(Y)) :
    return Y

```

De manera análoga al caso del método para simular variables aleatorias discretas, se puede probar que:

- a) La variable aleatoria generada por el algoritmo `Aceptacion_Rechazo_X()` tiene densidad f .
- b) El número de iteraciones del algoritmo es una variable aleatoria geométrica con media c .

Entonces, para cada variable X que se desee generar rechazando contra una variable Y , es necesario determinar una cota c para el cociente $\frac{f(x)}{g(x)}$, válida para todo $x \in \mathbb{R}$. Para determinar este valor es útil recordar algunos resultados del Análisis Matemático.

En primer lugar, considerar la función

$$h(x) = \frac{f(x)}{g(x)}, \quad x \text{ tal que } f(x) \neq 0,$$

y para esta función determinar:

- a) Puntos críticos: Esto es, $f'(x) = 0$ o $f'(x)$ no existe.
- b) Analizar cuáles de estos puntos corresponden a máximos locales.
- c) Evaluar h en los extremos de su dominio, si es acotado, o los límites correspondientes.
- d) Elegir una cota a partir de los valores obtenidos en (b) y (c).

Ejemplo 6.4. Se quiere generar una variable aleatoria X con función de densidad:

$$f(x) = 20x(1-x)^3, \quad 0 < x < 1.$$

En particular, X tiene distribución $Beta(2, 4)$:

$f(x) = \frac{\Gamma(\alpha + \beta)}{\Gamma(\alpha)\Gamma(\beta)} x^{\alpha-1} (1-x)^{\beta-1} \mathbb{I}_{(0,1)}(x)$	Variable $Beta(\alpha, \beta)$
--	--------------------------------

Dado que $f(x) \neq 0$ en el intervalo $(0, 1)$, se podría utilizar el método de rechazo generando una variable $Y \sim \mathcal{U}(0, 1)$. Tenemos entonces que

$$f_X(x) = 20x(1-x)^3, \quad f_Y(x) = 1, \quad x \in (0, 1),$$

y $h(x) = \frac{f_X(x)}{f_Y(x)} = f_X(x)$.

Los pasos para analizar una cota de h son los siguientes:

$$\begin{aligned}h(x) &= 20x(1-x)^3, & 0 < x < 1 \\h'(x) &= 20(1-x)^2 \cdot (1-4x)\end{aligned}$$

- Puntos críticos en $(0, 1)$: $x = 1/4$.
- $x = 1/4$ es el único punto crítico, luego es un máximo de h .
- $h(1/4) = f(1/4) = 135/64$ es el valor máximo de h

$$c = \frac{135}{64} = 2.109375.$$

Además,

$$\frac{f(x)}{c \cdot g(x)} = 20 \cdot \frac{64}{135} x(1-x)^3 \sim 9.481481 \cdot x(1-x)^3.$$

Luego, el algoritmo para generar X rechazando con una distribución uniforme es:

```
def Beta_2_4():
    while 1:
        Y = random()
        U = random()
        if U < 9.481481 * Y * (1-Y) ** 3:
            return Y
```

Este método requiere un número promedio de ciclos del orden de $c = \frac{135}{64} \approx 2.11$.

Ejemplo 6.5. Analicemos cómo simular una variable aleatoria X , con densidad $\text{Gamma}(\frac{3}{2}, 1)$:

$$f(x) = \begin{cases} Kx^{1/2}e^{-x} & x > 0 \\ 0 & c.c. \end{cases}, \quad K = \frac{1}{\Gamma(\frac{3}{2})} = \frac{2}{\sqrt{\pi}}.$$

En general, si X es una Gamma con función de densidad dada por

$$g(x) = \frac{\beta^\alpha}{\Gamma(\alpha)} e^{-\beta x} x^{\alpha-1}, \quad x > 0,$$

entonces su valor esperado es

$$E[X] = \frac{\alpha}{\beta}.$$

En este caso, $\alpha = \frac{3}{2}$ y $\beta = 1$, por lo cual $E[X] = \frac{3}{2}$. Dado que una variable exponencial tiene el mismo rango que X , una posibilidad entonces es utilizar el método de rechazo con una variable exponencial $Y \sim \mathcal{E}(\lambda)$ que tenga igual media que X , es decir, $Y \sim \mathcal{E}(\frac{2}{3})$.

El método de rechazo implica calcular la constante c tal que $\frac{f_X(x)}{f_Y(x)} \leq c$, si $x > 0$. Esto es, debemos hallar una cota superior para la función:

$$h(x) = \frac{Kx^{1/2}e^{-x}}{\frac{2}{3}e^{-\frac{2}{3}x}} = K\frac{3}{2}x^{1/2}e^{-\frac{1}{3}x}, \quad x > 0.$$

Tenemos que $h'(x) = 0$ si y sólo si

$$\left(\frac{1}{2} - \frac{1}{3}x\right)x^{-\frac{1}{2}}e^{-\frac{1}{3}x} = 0$$

Dado que $\lim_{x \rightarrow \infty} h(x) = 0$ y $\lim_{x \rightarrow 0^+} h(x) = 0$, el valor máximo estará dado en algún punto crítico. En este caso, el valor de x tal que

$$\frac{1}{2} - \frac{1}{3}x = 0, \quad x = \frac{3}{2}.$$

Entonces el valor máximo alcanzado por la función h es:

$$h(3/2) = 3 \left(\frac{3}{2\pi e} \right)^{1/2}.$$

Este valor puede ser utilizado como la cota c del algoritmo. Luego, como Ahora, como

$$\frac{f(x)}{cg(x)} = \sqrt{\frac{2e}{3}} x^{1/2} e^{-x/3} \sim 1.34717$$

Así el algoritmo resulta:

```
def Gamma () :
    while 1:
        U = 1-random()
        Y = - log(U) * 1.5
        V = random()
        if V < 1.3471 * Y ** 0.5 * exp(-Y / 3) :
            return Y
```

Podríamos preguntarnos en el Ejemplo 6.5 si es razonable rechazar con una exponencial de igual media que la Gamma a generar. Para ello, deberíamos encontrar una cota de:

$$\frac{f(x)}{\lambda e^{-\lambda x}}$$

y determinar el valor de λ para la cual la cota es mínima. Notemos que:

$$\frac{f(x)}{\lambda e^{-\lambda x}} = \frac{Kx^{1/2}e^{-(1-\lambda)x}}{\lambda},$$

y esta función es no acotada si $\lambda \geq 1$. Luego corresponde analizar los casos en que $0 < \lambda < 1$.

Analizando puntos críticos, podemos ver que el punto de máximo está en:

$$x = \frac{1}{2(1-\lambda)}, \quad 0 < \lambda < 1.$$

y el valor máximo es igual a

$$c_\lambda = \frac{K}{\lambda} (2(1-\lambda))^{-1/2} e^{-1/2}.$$

El valor máximo c_λ será mínimo si $\lambda(1-\lambda)^{1/2}$ es máximo, y esto ocurre si $\lambda = \frac{2}{3}$. Por lo tanto $\lambda = \frac{2}{3}$ minimiza el valor de la cota c .

6.4. Simulación de variables aleatorias normales

Las variables aleatorias normales tienen un uso extensivo, por lo cual es importante obtener un buen método para simularlas. En primer lugar, recordemos que si $Z \sim N(0, 1)$, entonces

$$X = \sigma \cdot Z + \mu \sim N(\mu, \sigma).$$

Por lo tanto es suficiente tener un buen método para generar variables normales estándar.

El **método de la transformada inversa** no es una opción, puesto que la función de distribución acumulada:

$$F(x) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^x e^{-\frac{t^2}{2}} dt$$

no tiene una expresión cerrada y por lo tanto no se conoce una forma explícita de su inversa.

6.4.1. Por composición usando $|Z|$

Una observación es que la función de densidad de Z es par, por lo cual puede intentarse un método para generar $|Z|$ y usar luego un método de composición. Más precisamente, consideramos $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$ y X la variable aleatoria dada por

$$X = \begin{cases} |Z| & \text{si } U < 0.5 \\ -|Z| & \text{si } U \geq 0.5, \end{cases}.$$

Entonces se cumple que:

$$\begin{aligned} P(X \leq a) &= P(U < 0.5, |Z| \leq a) + P(U > 0.5, -|Z| \leq a) \\ &= \frac{1}{2}P(|Z| \leq a) + \frac{1}{2}P(-|Z| \leq a). \end{aligned}$$

Con un análisis de casos $a \geq 0$ y $a < 0$ podemos ver que $P(X \leq a) = P(Z \leq a)$, es decir que X tiene distribución normal.

Así Z es la mezcla o composición de las variables $|Z|$ y $-|Z|$, ambas con ponderación $1/2$:

$$F_Z(x) = 0.5 \cdot F_{|Z|}(x) + 0.5 \cdot F_{-|Z|}(x),$$

Luego, conociendo un algoritmo para la generación de $|Z|$ tenemos el siguiente método para simular Z :

```
def Normal_composicion():
    Generar |Z|
    if random() < 0.5:
        return |Z|
    else:
        return -|Z|
```

Es necesario entonces un método para generar $|Z|$. Su densidad está dada por:

$$f_{|Z|}(x) = \begin{cases} \frac{2}{\sqrt{2\pi}} e^{-x^2/2} & x > 0 \\ 0 & c.c. \end{cases}$$

Una posibilidad es utilizar el **método de rechazo** con una exponencial, por ejemplo, $X = \mathcal{E}(1)$. Denotamos g a la densidad de X . Así, debemos encontrar una cota para:

$$\frac{f_{|Z|}(x)}{g(x)} = \frac{2}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2} + x}.$$

Esta función alcanza un máximo en el punto en que el exponente es máximo, lo cual ocurre en $x = 1$. El valor máximo y por consiguiente la cota mínima c está dada por:

$$c = \sqrt{\frac{2e}{\pi}} \approx 1.32$$

Para describir el algoritmo, calculamos:

$$\frac{f(x)}{c g(x)} = \exp \left\{ -\frac{(x-1)^2}{2} \right\}.$$

Luego el método de rechazo simula $Y_1 \sim \mathcal{E}(1)$, U uniforme, e itera hasta que:

$$U \leq \exp \left\{ -\frac{(Y_1-1)^2}{2} \right\},$$

es decir:

$$\log(U) \leq -\frac{(Y_1-1)^2}{2} \quad \text{o equivalentemente} \quad -\log(U) \geq \frac{(Y_1-1)^2}{2}.$$

Dado que $Y_2 = -\log(U)$ genera una exponencial $\mathcal{E}(1)$, el algoritmo por el método de rechazo para generar Z se traduce en:

```
def Normal_rechazo(mu, sigma):
    while True:
        Y1 = -log(random())
        Y2 = -log(random())
        if Y2 >= (Y1-1) ** 2 / 2:
            if random() < 0.5:
                return Y1 * sigma + mu
            return -Y1 * sigma + mu
```

Recordemos que una variable con distribución exponencial posee la propiedad de **falta de memoria**:

$$P(X > s + t \mid X > t) = P(X > s).$$

Es decir, condicional a que la variable X sea mayor a t , la cantidad que excede a este valor también tiene distribución exponencial. En particular, en el paso del algoritmo anterior en que se acepta el valor de Y_1 , ocurre que Y_2 supera a $(Y_1 - 1)^2/2$ y por lo tanto la cantidad que excede:

$$Y_2 - (Y_1 - 1)^2/2$$

tiene distribución exponencial $\mathcal{E}(1)$.

De esta manera, el método de rechazo para generar $Z \sim N(0, 1)$ permite generar también una exponencial. Esta exponencial podría ser utilizada en pasos sucesivos como el primer valor de Y_1 , y así disminuir en 1 el número de exponenciales generadas. Como el método tiene un promedio de $c \sim 1.32$ iteraciones, el número de exponenciales necesarias será del orden de

$$2 \cdot 1.32 - 1 = 1.64.$$

6.4.2. Método polar

Otro método eficiente para generar variables normales es el **método polar**. El nombre se refiere al uso de coordenadas polares para referenciar puntos del plano:

$$x = r \cos \theta, \quad y = r \sin \theta, \quad r \geq 0, \quad 0 \leq \theta < 2\pi. \quad (6.1)$$

Consideramos dos variables aleatorias X e Y , normales estándar, independientes. Dado que toman cualquier valor real, entonces el par (X, Y) denota a algún punto del plano. Las coordenadas polares correspondientes a este punto, R y Θ , verifican:

$$R^2 = X^2 + Y^2, \quad \Theta = \arctan \frac{Y}{X}.$$

El objetivo es analizar la distribución de las variables R^2 y Θ y simular estas variables para obtener dos normales estándar.

La función de densidad conjunta de X e Y está dada por:

$$f_{X,Y}(x, y) = f_X(x) \cdot f_Y(y) = \frac{1}{2\pi} e^{-(x^2+y^2)/2}.$$

La transformación de coordenadas (d, θ) a (x, y) está dada por:

$$d = x^2 + y^2, \quad \theta = \arctan \frac{y}{x},$$

y por lo tanto la matriz jacobiana de esta transformación es:

$$\begin{pmatrix} \frac{\partial}{\partial x}(x^2 + y^2) & \frac{\partial}{\partial y}(x^2 + y^2) \\ \frac{\partial}{\partial x}(\arctan \frac{y}{x}) & \frac{\partial}{\partial y}(\arctan \frac{y}{x}) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2x & 2y \\ -\frac{y}{x^2+y^2} & \frac{x}{x^2+y^2} \end{pmatrix}$$

con determinante jacobiano igual a 2. Por lo tanto, la densidad conjunta de R^2 y Θ satisface:

$$f_{R^2, \Theta}(d, \theta) = \frac{1}{2} f_{X,Y}(x, y) = \frac{1}{4\pi} e^{-d/2}.$$

Así, observando que θ toma valores en $[0, 2\pi)$ y $d > 0$, formalmente resulta:

$$f_{R^2, \Theta}(d, \theta) = \underbrace{\frac{1}{2\pi} \mathbb{I}_{[0, 2\pi)}(\theta)}_{\Theta \sim \mathcal{U}(0, 2\pi)} \cdot \underbrace{\frac{1}{2} e^{-d/2} \mathbb{I}_{[0, \infty)}(d)}_{R^2 \sim \mathcal{E}(\frac{1}{2})}.$$

Es decir, R^2 y Θ resultan ser variables aleatorias independientes, con distribución exponencial $\mathcal{E}(\frac{1}{2})$ y uniforme $\mathcal{U}(0, 2\pi)$, respectivamente. El **Método polar** genera dos variables normales estándar, y el algoritmo es como sigue. Corresponde a la función `normal.gauss()` de Python.

```
def MetodoPolar():
    Rcuadrado = -2 * log( 1 - random() )
    Theta= 2 * Pi * random()
    X= sqrt(Rcuadrado) * cos(Theta)
    Y= sqrt(Rcuadrado) * sen(Theta)
    return (X * sigma + mu, Y * sigma + mu)
```

6.4.3. Transformaciones de Box-Muller

Las transformaciones:

$$\begin{cases} X = \sqrt{-2 \log(U_1)} \cos(2\pi U_2) \\ Y = \sqrt{-2 \log(U_1)} \sin(2\pi U_2) \end{cases} \quad (6.2)$$

se denominan **transformaciones de Box-Muller**. Una desventaja de estas transformaciones es que requieren el cálculo de dos funciones trigonométricas: seno y coseno. Para mejorar este paso, notemos que si generamos uniformemente puntos en el círculo unitario, y (V_1, V_2) son las coordenadas de un punto aleatorio en este círculo, entonces para cada r , $0 < r < 1$ se cumple que:

$$P(V_1^2 + V_2^2 \leq r) = P(\sqrt{V_1^2 + V_2^2} \leq \sqrt{r}) = \frac{\pi r}{\pi} = r,$$

y para α , $0 \leq \alpha < 2\pi$,

$$P(0 < \arctan \frac{V_2}{V_1} < \alpha) = \frac{\alpha/2}{\pi} = \frac{1}{2\pi} \alpha.$$

Así, las variables aleatorias $S^2 = V_1^2 + V_2^2$ y $\Theta = \arctan \frac{V_2}{V_1}$ resultan uniformemente distribuidas en $(0, 1)$ y $(0, 2\pi)$ respectivamente. Además por propiedades geométricas no es difícil ver que son independientes:

$$P(S^2 \leq r, \Theta < \alpha) = r \cdot \frac{\alpha}{2\pi}.$$

Así tenemos que:

$$\cos \Theta = \frac{V_1}{\sqrt{V_1^2 + V_2^2}} = \frac{V_1}{\sqrt{S^2}}, \quad \sin \Theta = \frac{V_2}{\sqrt{V_1^2 + V_2^2}} = \frac{V_2}{\sqrt{S^2}}. \quad (6.3)$$

En resumen, para generar $\cos \Theta$ y $\sin \Theta$ debemos:

1. Generar un punto aleatorio (V_1, V_2) del círculo unitario.
2. Calcular $\cos \Theta$ y $\sin \Theta$ usando (6.3).

La generación de puntos aleatorios en el círculo se reduce a generar pares de puntos (V_1, V_2) en el cuadrado $[-1, 1] \times [-1, 1]$ hasta obtener uno en el círculo unitario. Las **transformaciones de Box-Muller** se reescriben entonces como:

$$X = \sqrt{-2 \log U} \frac{V_1}{\sqrt{(V_1^2 + V_2^2)}} \quad (6.4)$$

$$Y = \sqrt{-2 \log U} \frac{V_2}{\sqrt{(V_1^2 + V_2^2)}} \quad (6.5)$$

Ahora, como $S^2 = V_1^2 + V_2^2$ es uniforme en $(0, 1)$ y es independiente de Θ , puede ser utilizado como U en (6.4) y (6.5), resultando las ecuaciones:

$$X = \sqrt{-2 \log U} \cdot \frac{V_1}{\sqrt{U}} = V_1 \cdot \sqrt{\frac{-2 \log U}{U}} \quad (6.6)$$

$$Y = \sqrt{-2 \log U} \cdot \frac{V_2}{\sqrt{U}} = V_2 \cdot \sqrt{\frac{-2 \log U}{U}} \quad (6.7)$$

Finalmente, el método polar con las transformaciones (6.6) para simular dos variables normales resulta:

```

def Polar_Box_Muller(mu, sigma):
    #Generar un punto aleatorio en el círculo unitario.
    while True:
        V1, V2 = 2 * random()-1, 2 * random()-1
        if V1 ** 2 + V2 ** 2 <= 1:
            S = V1 ** 2 + V2 ** 2
            X = V1 * sqrt(-2 * log(S) / S)
            Y = V2 * sqrt(-2 * log(S) / S)
            return (X * sigma + mu, Y * sigma + mu)

```

6.4.4. Método de razón entre uniformes

El método de razón entre uniformes se aplica en la generación de variables aleatorias continuas. Para ello, dada X una variable aleatoria continua con función de densidad f se considera el conjunto del plano C_f dado por:

$$C_f = \left\{ (u, v) \mid 0 < u < \sqrt{f(v/u)} \right\}.$$

Kinderman y Monahan¹ demostraron el siguiente resultado:

Teorema 6.2. Si U y V son variables aleatorias continuas tales que (U, V) está uniformemente distribuida en C_f entonces la variable aleatoria $X = \frac{V}{U}$ tiene distribución f .

Para ver esto, consideremos U y V como en el teorema. Su distribución conjunta está dada por

$$f_{U,V}(u, v) = \frac{1}{|C_f|} \cdot \mathbb{I}_{C_f}(u, v),$$

donde \mathbb{I}_{C_f} denota la función indicadora del conjunto C_f . Sea $T : C_f \mapsto \mathbb{R}^2$ dada por:

$$T(u, v) = \left(\frac{v}{u}, u \right) = (x, y).$$

T es biyectiva sobre su imagen y el valor absoluto del jacobiano de esta transformación es:

$$\left| \det \begin{pmatrix} \frac{\partial x}{\partial u} & \frac{\partial x}{\partial v} \\ \frac{\partial y}{\partial u} & \frac{\partial y}{\partial v} \end{pmatrix} \right| = \left| \det \begin{pmatrix} -\frac{v}{u^2} & \frac{1}{u} \\ 1 & 0 \end{pmatrix} \right| = \left| -\frac{1}{u} \right| = \frac{1}{y}.$$

Luego, si $T(U, V) = (X, Y)$, la densidad conjunta de X e Y está dada por

$$f_{X,Y}(x, y) = y \cdot f_{U,V}(T^{-1}(x, y)) = \begin{cases} \frac{1}{|C_f|} y & \text{si } 0 < y < \sqrt{f(x)} \\ 0 & \text{en otro caso,} \end{cases}$$

¹A. J. KINDERMAN AND J. F. MONAHAN, *Computer generation of random variables using de ratio of uniform deviates*. ACM Transactions on Mathematical Software, Vol 3, No. 3, September 1977, Pages 257-260

y así la densidad marginal de $X = V/U$ es:

$$f_X(x) = \int_0^{\sqrt{f(x)}} \frac{1}{|C_f|} y dy = \frac{1}{2|C_f|} f(x).$$

En particular, para que f_X sea densidad debe ser $|C_f| = \frac{1}{2}$, y queda demostrado que $f_X(x) = f(x)$.

De esta manera, para generar una variable aleatoria X con densidad f puede seguirse el siguiente algoritmo:

1. Generar un vector aleatorio (U, V) uniformemente en un rectángulo $(0, c) \times (a, b)$ que contenga a C_f .
2. Si $U^2 < f(V/U)$ devolver $Z = \frac{V}{U}$, sino volver al paso 1.

Para el caso de Z con distribución normal estándar, el conjunto C_f está dado por

$$C_f = \{(u, v) \mid 0 < u < \frac{1}{\sqrt[4]{2\pi}} e^{-\frac{v^2}{4u^2}}\}.$$

Para simplificar la escritura, llamamos $C = \sqrt[4]{2\pi}$. Así, un par (u, v) pertenece a C_f si y sólo si

$$\ln(u \cdot C) < -\frac{v^2}{4u^2} \quad \text{si y sólo si} \quad 0 \leq v^2 < -4u^2 \ln(u \cdot C), \quad (6.8)$$

La condición (6.8) requiere que $0 < u \leq 1/C$ porque de lo contrario $\ln(u \cdot C) > 0$ o el logaritmo no está definido. Notemos que la función:

$$G(u) = -4u^2 \ln(u \cdot C), \quad 0 < u \leq 1/C$$

alcanza un máximo en el valor u tal que $G'(u) = 0$. Dado que:

$$G'(u) = -4(2u \ln(u \cdot C) + u) = -4u \cdot (2 \ln(u \cdot C) + 1),$$

el máximo se alcanza en $u = e^{-0.5}/C$ y el valor máximo es

$$G(e^{-0.5}/C) = -4 \frac{1}{eC^2} (-0.5) = \frac{2}{eC^2}.$$

Así la ecuación (6.8) implica que $|v| < \frac{2}{C\sqrt{2e}}$. Sea $b = \frac{2}{C\sqrt{2e}}$. Entonces todo par (u, v) en el conjunto C_f satisface que $0 < C \cdot u < 1$ y $-b < v < b$, o lo que es lo mismo C_f está comprendido dentro del rectángulo:

$$R = [0, \frac{1}{C}] \times [-b, b].$$

Así, para generar pares (U, V) uniformemente en C_f podemos generar una secuencia de pares (U, V) uniformes en R hasta que cumplan la condición (6.8). Equivalentemente, generamos pares (U_1, U_2) uniformes en $[0, 1) \times [0, 1)$ y tomamos $U = U_1/C$, $V = 2b \cdot (U_2 - 0.5)$. Luego chequeamos (6.8) observando que

$$Z = \frac{V}{U} = \frac{\frac{4}{C \cdot (2e)^{1/2}} (U_2 - 0.5)}{\frac{U_1}{C}} = \frac{4}{(2e)^{1/2}} \frac{U_2 - 0.5}{U_1},$$

y también que

$$U^2 < f(Z) \quad \text{es equivalente a} \quad U_1^2 < e^{-Z^2/2} \quad \text{o} \quad Z^2 < -4 \ln(U_1).$$

Los pasos son entonces:

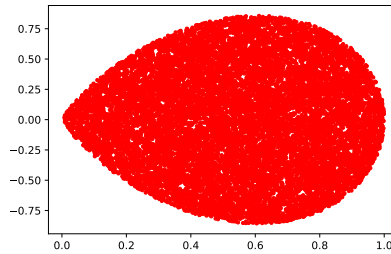
1. Generar $U_1, U_2 \sim \mathcal{U}(0, 1)$.
2. Calcular $Z = (2e)^{-1/2} \frac{U_2 - 0.5}{U_1}$.
3. Si $Z^2 < -4 \ln(U_1)$ devolver Z . Si no volver al paso 1.

El siguiente código es la implementación en Python del método de razón de uniformes para la función `random.normalvariate(mu, sigma)`.

```
from math import exp
NV_MAGICCONST = 4 * exp(-0.5) / sqrt(2.0)
def normalvariate(mu, sigma):
    while 1:
        u1 = random()
        u2 = 1.0 - random()
        z = NV_MAGICCONST * (u1 - 0.5) / u2
        zz = z * z / 4.0
        if zz <= -log(u2):
            break
    return mu + z * sigma
```

La probabilidad de aceptación en este algoritmo es el cociente entre el área de C_f y el área de R :

$$\frac{\text{Área de } C_f}{\text{Área de } R} = \frac{0.5}{\frac{1}{\sqrt{2\pi}} \frac{4}{\sqrt{2e}}} = \frac{\sqrt{\pi e}}{4} = 0.7306$$

Figura 6.1: Región C_f para la distribución normal estándar

6.5. Generación de un Proceso de Poisson

6.5.1. Procesos de Poisson homogéneos

En un proceso de Poisson homogéneo de razón λ , los tiempos de llegada entre eventos sucesivos son exponenciales con parámetro λ . Así, para generar los primeros n eventos de un Proceso de Poisson homogéneo, generamos exponenciales $X_i \sim \mathcal{E}(\lambda)$, $1 \leq i \leq n$:

- Primer evento: al tiempo X_1 .
- j -ésimo evento: al tiempo $X_1 + X_2 + \dots + X_j$, para $1 \leq j \leq n$.

Para generar los eventos en las primeras T unidades de tiempo, generamos eventos hasta que $j + 1$ excede a T . El siguiente algoritmo devuelve NT al número de eventos que ocurren hasta el tiempo T . El i -ésimo elemento de *Eventos* (*Eventos*[$i - 1$]) indica el tiempo en que ocurre el evento i , $1 \leq i \leq NT$:

```
def eventosPoisson(lamda, T):
    t = 0
    NT = 0
    Eventos = []
    while t < T:
        U = 1 - random()
        t += - log(U) / lamda
        if t <= T:
            NT += 1
            Eventos.append(t)
    return NT, Eventos
```

Recordemos que a partir de una variable $\text{Gamma}(n, \lambda^{-1})$ y $n - 1$ uniformes, es posible generar n exponenciales. Para ello, ordenamos las $n - 1$ uniformes en forma creciente y los valores de estas uniformes indican los tiempos de arribo.

Por otro lado, se puede probar el siguiente resultado:

Proposición 6.2. Dado $N(T)$, la distribución de los tiempos de arribo en un Proceso de Poisson homogéneo de intensidad λ es uniforme en $(0, T)$.

Demostración. En el material complementario. □

Por lo tanto, un método alternativo para generar los tiempos de arribo hasta el tiempo T consiste en:

- Generar una variable aleatoria Poisson de media λT , y tomar $n = N(T)$.
- Generar n variables aleatorias uniformes U_1, U_2, \dots, U_n .
- Ordenarlas: $U_{i_1} < U_{i_2} < \dots < U_{i_n}$.
- Los tiempos de arribo son: $TU_{i_1}, TU_{i_2}, \dots, TU_{i_n}$.

Si bien este algoritmo posee la ventaja de no generar una secuencia de exponenciales, requiere realizar un ordenamiento de $n = N(T)$ números.

6.5.2. Procesos de Poisson no homogéneos

Consideremos un proceso de Poisson no homogéneo con función de intensidad $\lambda(t)$, y sea λ tal que

$$\lambda(t) \leq \lambda.$$

En la Proposición 2.1 hemos visto que si $M(t)$ es un proceso homogéneo con intensidad λ , y consideramos $N(t)$ el proceso que cuenta los eventos de $M(t)$ con probabilidad $\frac{\lambda(t)}{\lambda}$, entonces $N(t)$ resulta un proceso de Poisson no homogéneo con intensidad $\lambda(t)$. Esta propiedad nos permite proponer el siguiente algoritmo de generación de un proceso de Poisson no homogéneo con función de intensidad $\lambda(t)$:

```
def Poisson_no_homogeneo_adelgazamiento(T):
    'Devuelve el número de eventos NT y los tiempos en Eventos'
    'lamda_t(t): intensidad, lamda_t(t) <= lamda'
    NT = 0
    Eventos = []
    U = 1 - random()
    t = -log(U) / lamda
    while t <= T:
        V = random()
```

```

if V < lamda_t(t) / lamda:
    NT += 1
    Eventos.append(t)
    t += -log(1 - random()) / lamda
return NT, Eventos

```

Nuevamente, NT finaliza con el número de eventos hasta el tiempo T , es decir es $N(T)$, y $Eventos[0], Eventos[1], \dots, Eventos[NT - 1]$ son los tiempos de cada evento.

Notemos que el algoritmo es más eficiente cuánto más cerca esté λ de $\lambda(t)$, ya que en ese caso $\lambda(t)/\lambda$ es próximo a 1. Una mejora de este algoritmo es particionar el intervalo $(0, T)$ en subintervalos, y aplicar el algoritmo anterior en cada uno de ellos con un valor λ_i adecuado. Esto es, considerar k intervalos consecutivos $[t_{i-1}, t_i)$, $1 \leq i \leq k$ tales que:

$$0 = t_0 < t_1 < \dots < t_k = T,$$

y valores $\lambda_1, \lambda_2, \dots, \lambda_k$ que cumplan

$$\lambda(s) \leq \lambda_i, \quad s \in [t_{i-1}, t_i).$$

Ejemplo 6.6. Consideremos un proceso de Poisson no homogéneo con función de intensidad

$$\lambda(t) = 2t + 1, \quad 0 \leq t \leq 6.$$

Una posibilidad es implementar el algoritmo recién visto a través de la generación de un proceso de Poisson homogéneo con intensidad constante $\lambda = 13$. Pero también podemos subdividir el intervalo $[0, 6]$ en tres subintervalos:

$$I_1 = [0, 2], \quad I_2 = (2, 4], \quad I_3 = (4, 6],$$

y acotar $\lambda(t)$ con $\lambda_1 = 5$, $\lambda_2 = 9$ y $\lambda_3 = 13$ respectivamente.

Notemos que por la propiedad de falta de memoria de la exponencial, si $t \in I_i$ y $t - \frac{\ln(1-U)}{\lambda_i} \in I_j$ con $j > i$, entonces $\frac{\lambda_i}{\lambda_j} \cdot (t - t_i)$ es exponencial con parámetro λ_j . Esta propiedad resulta útil para aprovechar la última exponencial generada en cada subintervalo.

Así, para este ejemplo en particular, el algoritmo resulta:

```
def Poisson_adelgazamiento_mejorado(T):
    interv = [2, 4, 6] #T<=6
    lamda = [5, 9, 13]
    j = 0 #recorre subintervalos.
    t = -log ( 1 - random() ) / lamda[j]
    NT = 0
    Eventos = []
    while t <= T:
        if t <= interv[j]:
            V = random()
            if V < (2 * t + 1) / lamda[j]:
                NT += 1
                Eventos.append(t)
            t += -log(1 - random()) / lamda[j]
        else: #t > interv[j]
            t = interv[j] + (t - interv[j]) * lamda[j] / lamda[j + 1]
            j += 1
    return NT, Eventos
```

6.6. Método de aceptación y rechazo transformado

El método de aceptación y rechazo para simular una variable aleatoria X con densidad f se basa en simular una variable aleatoria Y con densidad g , y aceptar el valor Y generado con probabilidad $\frac{f(Y)}{cg(Y)}$ para cierto $c > 1$. El **método de rechazo transformado** se basa en la misma idea pero utiliza la inversa de la distribución acumulada de Y en lugar de la densidad.

Si g es la función de densidad de Y , entonces su función de distribución acumulada está dada por:

$$G(x) = \int_{-\infty}^x g(t) dt, \quad x \in \mathbb{R}.$$

G toma valores en el intervalo $[0, 1]$ y al igual que para el método de la transformada inversa asumiremos además que su inversa está definida sobre $(0, 1)$ y la denotaremos H :

$$H(u) = G^{-1}(u), \quad u \in (0, 1).$$

Hemos visto además que si U es una variable aleatoria con distribución uniforme en $(0, 1)$ entonces $H(U)$ tiene igual distribución que Y . Por lo tanto el método de aceptación y rechazo podría describirse con los siguientes pasos:

```
def Aceptacion_Rechazo_X():
    while 1:
        U = random()
        V = random()
        if V < f(H(U)) / (c * g(H(U))):
            return H(U)
```

Ahora bien, g es la densidad de Y , y por lo tanto $g(x) = G'(x)$. Además, por ser H la inversa de G tenemos que $G(H(u)) = (G \circ H)(u) = u$ y por lo tanto

$$(G \circ H)'(u) = 1 \quad (6.9)$$

Pero

$$(G \circ H)'(u) = G'(H(u)) \cdot H'(u) = g(H(u)) \cdot H'(u). \quad (6.10)$$

De (6.9) y (6.10) se sigue que

$$g(H(u)) = \frac{1}{H'(u)}.$$

Por lo tanto el método de aceptación y rechazo utilizando la transformada inversa resulta:

```
def Aceptacion_Rechazo_Transformado():
    while 1:
        U = random()
        V = random()
        if V < f(H(U)) * Hprima(U) / c: ## Hprima = derivada de H
            return H(U)
```

Ejemplo 6.7. Para ilustrar la aplicación del método consideremos nuevamente la simulación de la variable $\text{Gamma}(\frac{3}{2}, 1)$ como en el Ejemplo 6.5. Así, si se simula la variable X rechazando con una variable aleatoria exponencial $Y \sim \mathcal{E}(2/3)$ tenemos:

$$f(x) = \frac{2}{\sqrt{\pi}} x^{1/2} e^{-x}, \quad g(x) = \frac{2}{3} e^{-\frac{2}{3}x}, \quad x > 0$$

y la constante c dada por:

$$c = 3\sqrt{\frac{3}{2\pi e}}.$$

La función de distribución acumulada de Y es $G(x) = 1 - e^{-\frac{2}{3}x}$ para $x > 0$. Su inversa $H : (0, 1) \mapsto \mathbb{R}^{>0}$ y su derivada están dadas por:

$$H(u) = -\frac{3}{2} \ln(1 - u), \quad H'(u) = \frac{3}{2(1 - u)}.$$

Para el método de aceptación y rechazo transformado es necesario calcular $f(H(u)) \cdot H'(u)$, para $0 < u < 1$:

$$\begin{aligned} f(H(u)) \cdot H'(u) &= \frac{2}{\sqrt{\pi}} \left(-\frac{3}{2} \ln(1-u) \right)^{1/2} e^{\frac{3}{2} \ln(1-u)} \frac{3}{2(1-u)} \\ &= 3\sqrt{\frac{3}{2\pi}} (-\ln(1-u))^{1/2} (1-u)^{3/2} \frac{1}{1-u} \\ &= 3\sqrt{\frac{3}{2\pi}} (-\ln(1-u) (1-u))^{1/2}. \end{aligned}$$

Dividiendo por la constante c resulta:

$$\frac{f(H(u)) \cdot H'(u)}{3\sqrt{\frac{3}{2\pi e}}} = \frac{1}{3\sqrt{\frac{3}{2\pi e}}} \cdot 3\sqrt{\frac{3}{2\pi}} (-\ln(1-u) (1-u))^{1/2} = e^{1/2} (-\ln(1-u) (1-u))^{1/2}.$$

Así la implementación del método de aceptación y rechazo transformado resulta:

```
exp_un_medio = 1.6487212 ## exp(0.5)
def Gamma():
    while True:
        U = 1 - random()
        V = random()
        if V < exp_un_medio * sqrt(-log(U) * U):
            return -1.5 * log(U)
```

6.6.1. Método de rechazo transformado con compresión

Una particularidad del método de rechazo transformado es que la función

$$\frac{1}{c} \cdot f(H(u)) \cdot H'(u), \quad 0 < u < 1 \quad (6.11)$$

tiene su gráfico en el cuadrado unitario $[0, 1] \times [0, 1]$. El algoritmo consiste en generar puntos aleatorios (U, V) en este cuadrado; si el punto queda por debajo del gráfico de la función se devuelve el valor $H(U)$ y de lo contrario se repite el proceso. Ahora bien, si la variable Y utilizada para rechazar tiene una densidad próxima a la densidad de X , entonces por debajo del gráfico de la función en (6.11) se podrá ubicar un rectángulo con un área más o menos grande. Por ejemplo, para el caso del Ejemplo 6.7, el gráfico de la función dada en (6.11) y un posible rectángulo bajo el gráfico es como en la Figura 6.6.1.

Notemos que si en el algoritmo un punto (U, V) cae en el rectángulo entonces el valor $H(U)$ será necesariamente aceptado, y por lo tanto no es necesario computar $f(H(U)) H'(U)$. De esta manera, si el rectángulo es de la forma $[u_1, u_2] \times [0, v_1]$ el algoritmo general puede modificarse como:

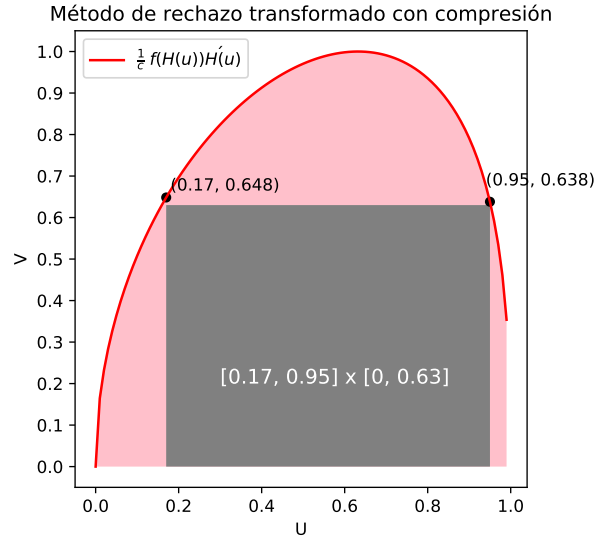


Figura 6.2: $\frac{1}{c} f(H(u)) \cdot H'(u) = e^{1/2} (-(1-u) \ln(1-u))^{1/2}$

```
def Rechazo_con_compresion():
    while True:
        U = random()
        V = random()
        if u_1 <= U <= u_2 and V <= v_1:
            return H(U)
        if V < f(H(U)) * Hprima(U) / c:
            return H(U)
```

Así, si bien el número esperado de iteraciones del algoritmo para devolver un valor sigue siendo c , se logra reducir el número de evaluaciones $f(H(U)) H'(U)$ en una cantidad proporcional al área del rectángulo, siendo ahora:

$$c \cdot (1 - (u_2 - u_1) \cdot v_1).$$

En el Ejemplo 6.7, la constante c es aproximadamente $c \simeq 1.2573168$. Tomando $u_1 = 0.17$, $u_2 = 0.95$, $v_1 = 0.63$ como se muestra en la Figura 6.6.1, el número de evaluaciones promedio se reduce a:

$$1.2573167 \cdot (1 - 0.78 \cdot 0.63) \simeq 0.64.$$

En otras palabras, si para generar 100 números el algoritmo requiere realizar unas 126 iteraciones, aproximadamente caen en el rectángulo unos 62 ($\sim 126 \cdot 0.78 \cdot 0.63$) puntos y por lo tanto sólo en 64 de las 126 iteraciones será necesario evaluar $f(H(U)) \cdot H'(U)$.

En el artículo de Wolfgang Hörmann² se describe la aplicación de este método para el caso particular de la generación de una variable normal y de una variable Poisson, tomando como H un representante de una familia especial de funciones de distribución de variables continuas. Dado que una Poisson se trata de una variable discreta, se utiliza como densidad f el histograma normalizado, esto es, $f(x) = P(X = \lfloor x \rfloor)$ para $x \in \mathbb{R}$. El lenguaje Python implementa la generación de $X \sim \mathcal{P}(\lambda)$, para $\lambda \geq 10$ basándose en el trabajo de Hörman, mientras que para $\lambda < 10$ aplica suma de exponenciales como hemos descripto en la Sección 6.2.2.

²Wolfgang Hörman, *New Generators of Normal and Poisson Deviates Based on Transformed Rejection Method*. Department of Applied Statistics and Data Processing. Wirtschaftsuniversität Wien. Preprint Series. Preprint 4. (1992)

Capítulo 7

Análisis estadístico de datos simulados

7.1. Introducción

Para llevar adelante una simulación de una situación real, debemos conocer algo sobre las fuentes de aleatoriedad de esta situación. Cada fuente de aleatoriedad se corresponderá en alguna medida a una variable aleatoria con cierta distribución de probabilidad, y cuanto mejor esté seleccionada esta distribución más adecuada será la simulación.

En la tabla 7.1 se ilustran algunos ejemplos de sistemas a simular y sus correspondientes fuentes de aleatoriedad.

Tipo de sistema	Fuente de aleatoriedad
Fabricación	Tiempos de procesamiento. Tiempos de falla de una máquina. Tiempos de reparación de máquinas
Defensa	Tiempos de arribo y carga útil de aviones o misiles. Errores de lanzamiento.
Comunicaciones	Tiempos entre llegadas de mensajes. Longitudes de mensajes.
Transporte	Tiempo de embarque Tiempos entre arribos de pasajeros.

Tabla 7.1: Sistemas y fuentes de aleatoriedad

Así, para simular un sistema real es necesario:

- Representar cada fuente de aleatoriedad de acuerdo a una distribución de probabilidad.
- Elegir adecuadamente la distribución, para no afectar los resultados de la simulación.

7.2. Selección de la distribución

Para elegir una distribución es necesario trabajar con datos obtenidos del sistema real a simular. Estos datos pueden luego ser usados a) directamente, b) realizando el muestreo a partir de la distribución *empírica* de los datos o c) utilizando técnicas de inferencia estadística.

Si se utilizan los datos **directamente**, entonces sólo se podrán reproducir datos históricos y resulta una información insuficiente para realizar buenas simulaciones del modelo. De todos modos, los datos son importantes para validar el modelo existente con el modelo simulado.

La **distribución empírica** permite reproducir datos intermedios a los datos observados, lo cual es algo deseable fundamentalmente si se tienen datos de tipo continuo. Esta técnica es recomendable en los casos en que no se puedan ajustar los datos a una distribución teórica.

Por otro lado, las técnicas de **inferencia estadística** tienen varias ventajas con respecto al uso de la distribución empírica. Por un lado, esta última puede tener irregularidades si hay poca información mientras que las distribuciones teóricas tienen una forma más suave. Además pueden simularse datos aún fuera del rango de los datos observados. No es necesario almacenar los datos observados ni las correspondientes probabilidades acumuladas. Por otra parte, en ciertos casos puede ser necesario imponer un determinado tipo de distribución por la naturaleza misma del modelo, y en ese caso se pueden modificar fácilmente los parámetros de la distribución elegida. Las desventajas que puede tener la selección de una distribución teórica es que no se encuentre una distribución adecuada, y que se puedan generar valores extremos no deseados.

Para seleccionar una distribución, se analizan ciertos parámetros que indican la distribución particular dentro de una familia. Por ejemplo, si es una distribución normal se necesita determinar μ y σ . Si es exponencial, se debe determinar λ . Los parámetros de una distribución pueden ser de posición, de escala o de forma, de acuerdo a qué características de la distribución determinan.

En el caso en que no se pueda hallar una distribución teórica adecuada que ajuste a los datos observados, o simplemente porque se prefiere simular a partir de las observaciones, se suele utilizar la **distribución empírica**. Esto es, la distribución de los datos de acuerdo a la muestra que se ha observado.

Así, si los datos observados son X_1, X_2, \dots, X_n , la distribución empírica asigna una función de masa de probabilidad empírica a cada x dada por

$$p_e(x) = \frac{\#\{i \mid X_i = x, 1 \leq i \leq n\}}{n}.$$

En particular, la función de distribución acumulada está dada por:

$$F_e(x) = \frac{\#\{i \mid X_i \leq x, 1 \leq i \leq n\}}{n}.$$

Por ejemplo, si los datos observados son $X_1 = 3.2, X_2 = 4.3, X_3 = -2.0, X_4 = 1.6, X_5 = 0$,

entonces

$$X_{(1)} = -2.0, \quad X_{(2)} = 0, \quad X_{(3)} = 1.6, \quad X_{(4)} = 3.2 \quad X_{(5)} = 4.3,$$

y

$$F_e(x) = \begin{cases} 0 & x < -2.0 \\ \frac{1}{5} & -2.0 \leq x < 0 \\ \frac{2}{5} & 0 \leq x < 1.6 \\ \frac{3}{5} & 1.6 \leq x < 3.2 \\ \frac{4}{5} & 3.2 \leq x < 4.3 \\ 1 & x \geq 4.3 \end{cases}$$

Ahora bien, si se sabe que los datos observados provienen de una variable aleatoria continua, entonces es conveniente suavizar F_e para que también resulte continua. Una posibilidad es definir $F(x) = F_e(x)$ en los puntos observados, y unir con una poligonal en los puntos intermedios a las observaciones. Esto es, en primer lugar se ordenan los valores en forma creciente, denotando $X_{(i)}$ a la observación que ocupa el i -ésimo lugar en el ordenamiento:

$$X_{(1)} < X_{(2)} < \dots, < X_{(n)}.$$

La distribución propuesta es:

$$F_{el}(x) = \begin{cases} 0 & x < X_{(1)} \\ \frac{i-1}{n-1} + \frac{x-X_{(i)}}{(n-1)(X_{(i+1)}-X_{(i)})} & X_{(i)} \leq x \leq X_{(i+1)} \\ 1 & x \geq X_{(n)}. \end{cases}$$

La Figura 7.1 ilustra ambas distribuciones empíricas para los datos del ejemplo. Así, será po-

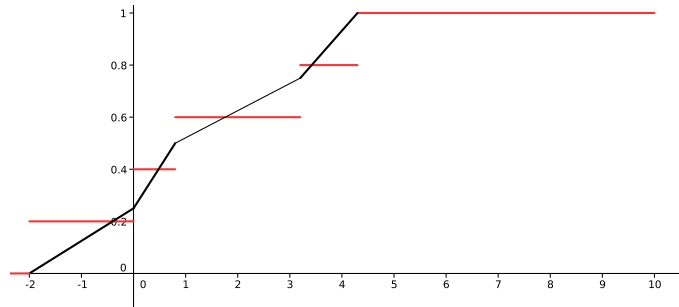


Figura 7.1: Distribuciones empíricas

sible simular cualquier valor entre $X_{(1)}$ y $X_{(n)}$, y se simulará con mayor frecuencia en los intervalos donde han ocurrido más observaciones.

Por último, si lo que se conoce es una agrupación de los datos en distintos intervalos:

$$[a_1, a_2), [a_2, a_3), \dots, [a_{k-1}, a_k),$$

es decir, un histograma de los datos, se puede hacer una distribución empírica que aproxime a la frecuencia acumulada de las observaciones. Esto es, si n_j es la cantidad de observaciones en el intervalo $[a_j, a_{j+1})$, entonces

$$n = n_1 + n_2 + \dots + n_k,$$

y se define la distribución empírica **lineal** G , donde

$$G(a_1) = 0, \quad G(a_j) = \frac{1}{n} (n_1 + n_2 + \dots + n_{j-1}), \quad 2 \leq j \leq k+1$$

y

$$G(x) = \begin{cases} 0 & x < a_1 \\ G(a_j) + \frac{G(a_{j+1}) - G(a_j)}{a_{j+1} - a_j} (x - a_j) & a_j < x < a_{j+1}, \quad 1 \leq j \leq k \\ 1 & x \geq a_{k+1} \end{cases}$$

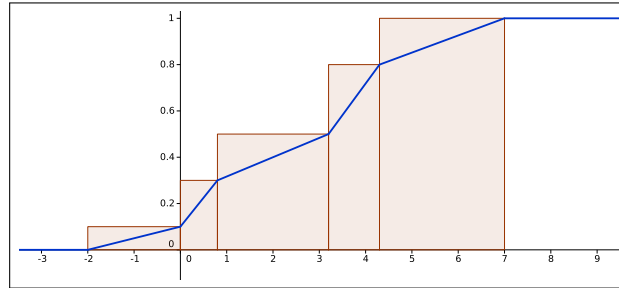


Figura 7.2: Distribución empírica a partir de datos agrupados

7.2.1. Algunas medidas estadísticas

A la hora de seleccionar una determinada distribución teórica de probabilidad para llevar adelante una simulación, es importante conocer algunos valores estadísticos que tienen las distribuciones teóricas y compararlos con los que se obtienen a partir de una muestra.

Por ejemplo, es importante conocer el rango de la variable, su media, su variabilidad, su simetría o tendencia central, entre otras. Ahora bien, estos valores están bien definidos para una distribución teórica pero son desconocidos para una distribución de la cual sólo se conoce una muestra. Entonces, para estimar estos valores, se utilizan los **estadísticos muestrales**. Más

específicamente, un estadístico muestral es una variable aleatoria definida a partir de los valores de una muestra. Por ejemplo, la **media muestral** $X(n)$ es el estadístico definido por:

$$X(n) = \frac{X_1 + X_2 + \cdots + X_n}{n},$$

y que suele utilizarse para estimar la media o valor esperado de la distribución de los datos. La **varianza muestral** $S^2(n)$ es el estadístico definido por

$$S^2(n) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))^2,$$

y es un estimador no sesgado para la varianza.

Así, si se tiene una muestra de datos y a partir de ella se calculan los valores:

$$\bar{x} = X(n), \quad \bar{s}^2 = S^2(n),$$

y se pretende analizar su ajuste a una distribución normal, lo más razonable sería considerar la normal $N(\mu, \sigma)$ con $\mu = \bar{x}$ y $\sigma = \sqrt{\bar{s}^2}$.

La Tabla 7.2 muestra algunas de los estimadores y medidas estadísticas que suelen ser útiles para decidir la elección de una distribución teórica a partir de una muestra de datos observados. En cada caso, se considera que la muestra es de tamaño n , los valores observados son

$$X_1, X_2, \dots, X_n$$

y ordenados se denotan

$$X_{(1)}, X_{(2)}, \dots, X_{(n)}.$$

Función	Estimador muestral	Estima
Min, Max	$X_{(1)}, X_{(n)}$	rango
Media μ	$\bar{X}(n)$	Tendencia central
Mediana	$\hat{m} = \begin{cases} X_{(n+1)/2} \\ \frac{1}{2}(X_{n/2} + X_{(n/2+1)}) \end{cases}$	Tendencia central.
Varianza σ^2	$S^2(n)$	Variabilidad
c.v. $= \frac{\sigma}{\mu}$	$\hat{c}v(n) = \frac{\sqrt{S^2(n)}}{\bar{X}(n)}$	Variabilidad
τ	$\hat{\tau} = \frac{S^2(n)}{\bar{X}(n)}$	Variabilidad
Asimetría $\nu = \frac{E[(X-\mu)^3]}{(\sigma^2)^{3/2}}$	$\hat{\nu}(n) = \frac{\sum_i (X_i - \bar{X}(n))^3 / n}{[S^2(n)]^{3/2}}$	Simetría

Tabla 7.2: Tabla de estimadores

Por ejemplo, si una distribución es simétrica, su media y su mediana son iguales. Luego si la media y la mediana muestral son muy diferentes, no se debería elegir una distribución normal para la simulación.

Por otro lado, para la distribución exponencial el coeficiente de variación es 1: $c.v. = \sigma/\mu = 1$. Es decir, el coeficiente de variación estimado a partir de la muestra debería ser un valor próximo a 1 para decidirse por una distribución exponencial.

Los **histogramas** también son herramientas útiles para seleccionar una distribución, y ciertos tests estadísticos como el test χ -cuadrado se basa justamente en la comparación del histograma de frecuencias observadas y esperadas para determinar cuán buen ajuste hay de la distribución teórica a la distribución de los datos.

Para realizar un histograma, el rango de valores obtenidos en los datos se divide en k intervalos adyacentes disjuntos $[a_1, a_2), [a_2, a_3), \dots, [a_k, a_{k+1})$ de igual amplitud Δ , se considera h_j la proporción de datos que caen en el intervalo $[a_j, a_{j+1})$, y el histograma se define por la función

$$h(x) = \begin{cases} 0 & x < a_1 \\ h_j & a_j \leq x < a_{j+1} \\ 1 & x \geq a_{k+1} \end{cases}.$$

Notemos que si f es la densidad real de los datos, entonces

$$P(a_j \leq x < a_{j+1}) = \int_{a_j}^{a_{j+1}} f(x) dx = f(y) \Delta$$

para algún $y \in [a_j, a_{j+1})$.

Así, al ser los intervalos de igual amplitud, las áreas de los rectángulos o barras del histograma son proporcionales a la frecuencia relativa de los datos en el correspondiente intervalo. Luego tiene sentido superponer al histograma normalizado la función de densidad o de probabilidad de masa según corresponda, y comparar ambos gráficos. El histograma normalizado se obtiene dividiendo h_j por Δ para lograr un área total igual a 1.

Otras herramientas estadísticas son los diagramas de caja y q -cuantiles, que permiten hacer un análisis comparativo entre la muestra observada y la distribución teórica.

Los diagramas de caja determinan los cuartiles de la muestra, es decir, los valores donde se ubican el 25 %, 50 % y 75 % de los datos, con una representación gráfica en forma de caja que permite visualizar además la simetría o tendencia central de los datos.

Los q -cuantiles expresan otros cuantiles. Por ejemplo, si $q = 10$, el q -cuantil determina el valor hasta el cual se acumula el 10 % de los datos.

7.3. Estimación de parámetros

Supongamos que hemos obtenido una muestra de n datos, y queremos inferir de qué distribución provienen y qué parámetros corresponden a esa distribución. Por ejemplo, si consideramos que provienen de una distribución exponencial, ¿cómo determinamos el parámetro λ ?

En la práctica, no será posible conocer estos parámetros con exactitud si lo que se conoce es sólo una muestra. Pero existen ciertos métodos para **estimar** estos parámetros.

Definición 7.1. Dada una muestra de n datos observados, se llama **estimador** $\hat{\theta}$ del parámetro θ a cualquier función de los datos observados.

Por ejemplo, si se toma una muestra de tamaño n , X_1, X_2, \dots, X_n , los siguientes son estimadores:

$$\hat{\theta}_1 = \frac{X_1 + X_n}{2}, \quad \hat{\theta}_2 = \frac{X_1 + X_2 + \dots + X_n}{n}. \quad (7.1)$$

Ahora bien, ¿qué relación hay entre el estimador y el parámetro a estimar? ¿Cuándo utilizar un estimador en particular para estimar un determinado parámetro? Esto tendrá que ver con las propiedades del estimador, ya sea en relación con el parámetro a estimar o en comparación con otros posibles estimadores.

7.3.1. Propiedades de un buen estimador

Un **buen estimador** debería cumplir con las siguientes propiedades.

- **Insesgabilidad:** se dice que el estimador es insesgado si $E[\hat{\theta}] = \theta$.

Por ejemplo, si tomamos una muestra de tamaño n , los estimadores $\hat{\theta}_1$ y $\hat{\theta}_2$ de (7.1) son insesgados si lo que se quiere estimar es la media μ de la distribución, puesto que

$$E(\hat{\theta}_1) = \frac{E(X_1) + E(X_n)}{2} = \mu, \quad E(\hat{\theta}_2) = \frac{E(X_1) + E(X_2) + \dots + E(X_n)}{n} = \mu.$$

- **Consistencia:** si al aumentar la muestra, el estimador se aproxima al parámetro.

Notemos que el estimador $\hat{\theta}_1$ no es un estimador consistente ya que sólo utiliza dos elementos de la muestra, por lo cual no mejora la estimación incrementando el tamaño de esta muestra. En cambio por el Teorema Central del Límite, el estimador $\hat{\theta}_2$ tiende a la media de la distribución.

- **Eficiencia:** se calcula comparando su varianza con la de otro estimador. Cuanto menor es la varianza, se dice que el estimador es más eficiente.

Por ejemplo, en (7.1), tenemos que para $i = 1, 2$,

$$\text{Var}(\hat{\theta}_i) = E[(\hat{\theta}_i - E(\hat{\theta}_i))^2] = E[(\hat{\theta}_i - \mu)^2].$$

Luego,

$$\text{Var}(\hat{\theta}_1) = E((\hat{\theta}_1 - \mu)^2) = E\left[\left(\frac{X_1 - \mu}{2} + \frac{X_2 - \mu}{2}\right)^2\right] = \frac{\text{Var}(X_1) + \text{Var}(X_2)}{4} = \frac{1}{2} \text{Var}(X).$$

En cambio, si se toman los n elementos de la muestra tenemos que:

$$\text{Var}(\hat{\theta}_2) = \frac{1}{n} \text{Var}(X).$$

Así, $\text{Var}(\hat{\theta}_2) < \text{Var}(\hat{\theta}_1)$ para $n > 2$, y por lo tanto $\hat{\theta}_2$ es más eficiente que $\hat{\theta}_1$.

- **Suficiencia:** significa que el estimador utiliza toda la información obtenida de la muestra.

7.3.2. Error cuadrático medio de un estimador

Si $\hat{\theta}$ es un estimador del parámetro θ de una distribución F , se define el **error cuadrático medio** (ECM) de $\hat{\theta}$ con respecto al parámetro θ como

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) = E[(\hat{\theta} - \theta)^2].$$

Así, el ECM es una medida de dispersión del estimador con respecto al parámetro a estimar. Si el estimador es insesgado, es decir $E(\hat{\theta}) = \theta$, entonces el ECM coincide con la varianza del estimador. En general, se tiene:

$$\begin{aligned} E[(\hat{\theta} - \theta)^2] &= E[(\hat{\theta} - E[\hat{\theta}] + E[\hat{\theta}] - \theta)^2] \\ &= E[(\hat{\theta} - E[\hat{\theta}])^2] + (E[\hat{\theta}] - \theta)^2 \\ &= \text{Var}(\hat{\theta}) + (E(\hat{\theta}) - \theta)^2 \end{aligned}$$

El término $E(\hat{\theta} - \theta)$ se denomina **sesgo** del estimador. Así, el error cuadrático medio de un estimador es igual a su varianza más el sesgo al cuadrado. Si el estimador es insesgado, su ECM es igual a la varianza.

7.3.3. Estimadores de máxima verosimilitud

Hemos visto qué propiedades debería tener un buen estimador. Veremos ahora cómo podemos construir un estimador de un parámetro. Existen distintos métodos, y cada método hace alguna suposición sobre los datos que se obtienen en la muestra. Veremos el caso de los estimadores de máxima verosimilitud (maximum likelihood estimators (MLE)).

El estimador de máxima verosimilitud de un parámetro (o un conjunto de parámetros) θ , asume que la muestra obtenida tiene máxima probabilidad de ocurrir entre todas las muestras posibles de tamaño n , y que los datos X_1, X_2, \dots, X_n son independientes.

Supongamos que se tiene la hipótesis de una distribución **discreta** para los datos observados, y se desconoce un parámetro θ . Sea $p_\theta(x)$ la probabilidad de masa para dicha distribución. Entonces, dado que se han observado datos X_1, X_2, \dots, X_n , se define la función de máxima verosimilitud $L(\theta)$ como sigue:

$$L(\theta) = p_\theta(X_1) \cdot p_\theta(X_2) \cdots p_\theta(X_n).$$

Si la distribución supuesta es **continua**, y $f_\theta(x)$ es la densidad para dicha distribución, se define de manera análoga:

$$L(\theta) = f_\theta(X_1) \cdot f_\theta(X_2) \cdots f_\theta(X_n).$$

En cualquiera de los casos, el estimador de máxima verosimilitud es el valor $\hat{\theta}$ que maximiza $L(\theta)$:

$$L(\hat{\theta}) \geq L(\theta), \quad \theta \text{ valor posible.}$$

Ejemplo 7.1. Supongamos que se ha tomado una muestra de tamaño n , y se tienen suficientes razones para suponer que tiene una distribución exponencial. Esta distribución depende de un parámetro λ , y este parámetro se estimará a partir de la muestra.

Dado que la función de densidad de una variable $X \sim \mathcal{E}(\lambda)$ es

$$f_\lambda(x) = \lambda e^{-\lambda x}, \quad x > 0,$$

el estimador $\hat{\lambda}$ del parámetro λ será aquel que maximice la función $L(\lambda)$:

$$L(\lambda) = (\lambda e^{-\lambda X_1}) (\lambda e^{-\lambda X_2}) \dots (\lambda e^{-\lambda X_n}) = \lambda^n \exp \left(-\lambda \sum_{i=1}^n X_i \right)$$

El máximo de $L(\lambda)$ se alcanza donde su derivada es 0, y este valor corresponde a

$$\hat{\lambda} = \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i \right)^{-1} = \frac{1}{\bar{X}(n)}.$$

Recordemos que si $X \sim \mathcal{E}(\lambda)$ entonces $E[X] = \frac{1}{\lambda}$. Luego el estimador de máxima verosimilitud para el valor esperado $\theta = 1/\lambda$ es en este caso:

$$\hat{\theta} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i.$$

Ejemplo 7.2. Consideremos ahora el estimador \hat{p} de la probabilidad de éxito de una distribución geométrica $Geom(p)$. En este caso, el parámetro a estimar es $\theta = p$ ($0 < p < 1$) y la probabilidad de masa está dada por

$$p_\theta(x) = \theta(1 - \theta)^{x-1}, \quad x = 1, 2, \dots$$

La función a maximizar es:

$$\begin{aligned} L(\theta) &= \theta(1 - \theta)^{(X_1-1)} \theta(1 - \theta)^{(X_2-1)} \dots \theta(1 - \theta)^{(X_n-1)} \\ &= \theta^n (1 - \theta)^{\sum_{i=1}^n (X_i-1)} = \left(\frac{\theta}{1 - \theta} \right)^n (1 - \theta)^{\sum_{i=1}^n X_i} \end{aligned}$$

Derivando $L(\theta)$ con respecto a θ e igualando a 0 obtenemos la expresión $\hat{\theta} = \hat{p}$ en términos de la muestra de tamaño n que corresponde al estimador de máxima verosimilitud:

$$\hat{p} = \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i \right)^{-1}$$

Nuevamente, dado que $\theta = 1/p$ es la esperanza de una variable geométrica con probabilidad de éxito p , tenemos que el estimador de la esperanza es

$$\hat{\theta} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n X_i.$$

7.3.4. La media muestral

Dadas n observaciones: X_1, X_2, \dots, X_n , con una misma distribución, la media muestral es el estimador definido por:

$$\bar{X}(n) = \frac{1}{n} (X_1 + X_2 + \dots + X_n).$$

Hemos visto que en el caso de una variable exponencial y de una geométrica, la media muestral es el estimador de máxima verosimilitud del valor esperado. Ahora bien, este es **el** estimador utilizado para $E[X]$ cualquiera sea la distribución de X . En primer lugar, la media muestral es un **estimador insesgado** para $E[X]$. En efecto, si $E(X_i) = \theta$, $1 \leq i \leq n$, entonces

$$E[\bar{X}(n)] = E\left[\sum_{i=1}^n \frac{X_i}{n}\right] = \sum_{i=1}^n \frac{E[X_i]}{n} = \frac{n\theta}{n} = \theta.$$

En particular, la varianza de este estimador es igual a su error cuadrático medio:

$$\begin{aligned} ECM(\bar{X}(n), \theta) &= E[(\bar{X}(n) - \theta)^2] \\ &= \text{Var}(\bar{X}(n)) = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \text{Var}(X_i) = \frac{\sigma^2}{n} \end{aligned}$$

Así, cuanto mayor sea el tamaño de la muestra, menor será la varianza de la media muestral. Esto en principio permite aproximar el valor esperado con mayor certeza cuanto mayor sea el tamaño de la muestra.

7.3.5. La varianza muestral

En el caso de la media muestral, el error cuadrático medio para la estimación de la media es igual a su varianza: $\frac{\sigma^2}{n}$. Entonces, si se quiere que esta varianza sea menor que, por ejemplo, 0.001, la muestra deberá tener un tamaño n tal que

$$\frac{\sigma^2}{n} < 0.001.$$

Ahora bien, en general se desconoce el valor de σ por lo cual la fórmula anterior da poca información y se hace necesario tener a su vez un estimador para la varianza.

Se denomina **varianza muestral** para muestras de tamaño n al estimador $S^2(n)$ dado por:

$$S^2(n) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))^2.$$

Notemos que:

$$\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))^2 = \sum_{i=1}^n X_i^2 - n\bar{X}^2(n)$$

Además,

$$\begin{aligned}
 E[X_i^2] &= \text{Var}(X_i) + (E[X_i])^2 = \sigma^2 + \theta^2. \\
 E[\bar{X}^2(n)] &= \frac{\sigma^2}{n} + \theta^2. \\
 (n-1)E[S^2(n)] &= nE[X_1^2] - nE[\bar{X}^2(n)] = n(\sigma^2 + \theta^2) - n\left(\frac{\sigma^2}{n} + \theta^2\right) \\
 E[S^2(n)] &= \sigma^2
 \end{aligned}$$

Utilizaremos $S(n) = \sqrt{S^2(n)}$ como estimador de la desviación estándar.

7.4. Estimación con Simulaciones

La media muestral y la varianza muestral son estimadores que dependen del tamaño de la muestra, y hemos visto que cuanto mayor sea el tamaño de la muestra menor será la varianza del estimador media muestral.

En el caso particular en que se estén simulando datos con un programa determinado, el tamaño de la muestra se incrementa fácilmente aumentando el número de simulaciones. Entonces, por ejemplo, si un determinado programa simula la llegada de clientes a dos servidores en paralelo, y se desea estimar el promedio de clientes que son atendidos diariamente, cuanto mayor sea el número de simulaciones mejor será la estimación de este promedio. Ahora bien, ¿cuántas simulaciones es un "buen número" de simulaciones?

Además de un valor esperado, puede querer estimarse la probabilidad de atender a más de cinco clientes en una determinada hora, o que haya más de dos clientes sin atender a la hora del cierre. Estas probabilidades también pueden ser estimadas con el estimador de media muestral, pero aplicado a otra variable particular. Nuevamente, incrementar el número de simulaciones mejorará la estimación de esta probabilidad. Veamos con qué criterio podemos elegir un número aceptable de simulaciones.

7.4.1. Simulación de media muestral

Supongamos que con un programa de simulación es posible generar sucesivamente datos $\{X_i\}$, independientes, y se desea estimar la media μ de los datos, es decir $\mu = E[X_i]$. Entonces para un determinado n se podrá tomar el valor $\bar{X}(n)$ como una estimación de la media μ . Ahora bien, ¿cuán aproximado es este valor a la media que se desea estimar?

Sabemos por el Teorema Central del Límite, que la variable

$$\frac{\bar{X}(n) - \mu}{\sigma/\sqrt{n}}$$

tiene una distribución aproximadamente normal estándar, y por lo tanto

$$P\left(|\bar{X}(n) - \mu| < c \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right) \sim P(|Z| < c).$$

Entonces, el valor c tendrá que ver con el nivel de certeza de la aproximación a μ . Si queremos que la media muestral esté a una distancia menor que h de la media con una probabilidad del 95 %, debemos considerar $c = 1.96$. Por otra parte requerimos que el error cuadrático medio o varianza del estimador, σ^2/n , no supere cierto valor d para tener una mayor precisión en la estimación. Así, en caso de conocerse el valor de σ el número n de simulaciones debe satisfacer

$$\frac{\sigma^2}{n} < d. \quad (7.2)$$

Si en cambio el valor de σ es desconocido, entonces la desigualdad (7.2) se aplica con $S(n)$ en lugar de σ . Esto requiere que en cada simulación sea necesario calcular nuevamente la varianza muestral. Así, un procedimiento para determinar hasta qué valor de n deben generarse datos X_n es el siguiente:

```
def Media_Muestral_X(d):
    'Estimación de X(n) con ECM d'
    mediaX = simular X #X(1)
    Scuaad, n = 0, 1 #Scuaad = S^2(1)
    while n<=100 or sqrt(Scuaad/n)>d:
        n += 1
        simular X
        actualizar mediaX #X(n)
        actualizar Scuaad #S^2(n)
    return mediaX
```

7.4.2. Fórmulas recursivas

En el algoritmo anterior, se debe calcular la media muestral y la varianza muestral en cada iteración. Por ello, es conveniente tener un método iterativo que permita calcular $\bar{X}(n)$ y $S(n)$ en cada paso, sin reutilizar todos los valores generados previamente. Para el caso de la media muestral, la recursividad puede verse como sigue:

$$\begin{aligned} \bar{X}(n+1) &= \frac{1}{n+1} \sum_{i=1}^{n+1} X_i = \frac{1}{n+1} \left(\sum_{i=1}^n X_i + X_{n+1} \right) \\ &= \frac{1}{n+1} (n \bar{X}(n) + X_{n+1}) = \bar{X}(n) + \frac{X_{n+1} - \bar{X}(n)}{n+1}. \end{aligned}$$

$$\boxed{\bar{X}(n+1) = \bar{X}(n) + \frac{X_{n+1} - \bar{X}(n)}{n+1}.}$$

En el caso de la varianza muestral tenemos que las fórmulas para $S(n+1)$ y $S(n)$ están dadas por:

$$S^2(n+1) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n+1} (X_i - \bar{X}(n+1))^2 \quad S^2(n) = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))^2.$$

Para encontrar una relación entre ambas consideramos $nS^2(n+1)$ y sumamos y restamos $\bar{X}(n)$ en la expresión de la sumatoria:

$$\begin{aligned} nS^2(n+1) &= \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n) + \bar{X}(n) - \bar{X}(n+1))^2 + (X_{n+1} - \bar{X}(n+1))^2 \\ &= \sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))^2 + 2(\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1)) \underbrace{\sum_{i=1}^n (X_i - \bar{X}(n))}_{=0} + n(\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1))^2 \\ &\quad + (X_{n+1} - \bar{X}(n+1))^2 \\ &= (n-1)S^2(n) + n(\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1))^2 + (X_{n+1} - \bar{X}(n+1))^2. \end{aligned}$$

A su vez, de la fórmula de recurrencia para la media muestral tenemos que:

$$\begin{aligned} X_{n+1} - \bar{X}(n+1) &= X_{n+1} - \left(\bar{X}(n) + \frac{X_{n+1} - \bar{X}(n)}{n+1} \right) \\ &= \frac{n}{n+1} (X_{n+1} - \bar{X}(n)) = n \cdot (\bar{X}(n+1) - \bar{X}(n)). \end{aligned}$$

Volviendo al cálculo anterior tenemos que:

$$\begin{aligned} nS^2(n+1) &= (n-1)S^2(n) + n \cdot (\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1))^2 + (n \cdot (\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1)))^2 \\ &= n(n+1) \cdot (\bar{X}(n) - \bar{X}(n+1))^2. \end{aligned}$$

Finalmente la fórmula de recurrencia para $S(n)$ está dada por:

$$\boxed{S^2(n+1) = \left(1 - \frac{1}{n}\right) S^2(n) + (n+1) (\bar{X}(n+1) - \bar{X}(n))^2.}$$

Así, repasando las ideas, el estimador **media muestral** se calcula iteradamente para estimar el valor esperado de los valores simulados. Esta iteración prosigue hasta que el error cuadrático medio o varianza del estimador, σ^2/n , es menor a un valor d deseado. En caso de no conocerse σ se estima su valor con el estimador $S^2(n)$.

Así el algoritmo resulta:

```
def Media_Muestral_X(d):
    'Estimación del valor esperado con ECM<d'
    Media = simular X # X(1)
    Scuaad, n = 0, 1 #Scuaad = S^2(1)
    while n <= 100 or sqrt(Scuaad/n) > d:
        n += 1
        simular X
        MediaAnt = Media
        Media = MediaAnt + (X - MediaAnt) / n
        Scuaad = Scuaad * (1 - 1 / (n-1)) + n*(Media - MediaAnt)**2
    return Media
```

7.4.3. Estimador de proporción

El estimador $\bar{X}(n)$ puede utilizarse también para estimar la proporción de casos en una población, o la probabilidad de ocurrencia de un evento. En este caso, en la i -ésima simulación se tendrá una variable de Bernoulli X_i con el valor 1 si ocurre el evento y 0 en caso contrario. Así:

$$E[X_i] = P(X_i = 1) = P(\text{ocurrencia del evento}).$$

Por lo tanto la media muestral es en este caso un estimador de esta proporción.

Ejemplo 7.3. En una simulación de llegada de clientes a un servidor que atiende entre las 8:00 y las 12:00, podría analizarse la proporción de días que quedan más de 2 clientes por atender a la hora del cierre. En ese caso, el día i (simulación i), se considera una variable aleatoria Bernoulli X_i que valdrá 1 si quedan más de dos clientes y 0 en caso contrario.

El objetivo será entonces estimar la probabilidad p de éxito, y el estimador de p será la media muestral:

$$\hat{p}(n) = \bar{X}(n),$$

donde n será el número total de simulaciones. Este número n dependerá de la *precisión* con que se quiera estimar p , en particular, del error cuadrático medio aceptable para el estimador: σ^2/n . Ahora bien, en el caso de una variable Bernoulli, la varianza σ^2 es $p(1 - p)$, y por lo tanto un estimador para la varianza de la variable simulada es

$$\hat{\sigma}^2 = \bar{X}(n) (1 - \bar{X}(n)),$$

y un estimador del error cuadrático medio del estimador, que coincide con su varianza es:

$$ECM(\hat{p}(n), p) = \text{Var}(\hat{p}(n)) = \frac{\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))}{n}.$$

Así, si X_1, X_2, \dots, X_n , es una sucesión de v.a. independientes, Bernoulli, el algoritmo para la estimación de $p = E(X_i)$ es el siguiente:

```
def estimador_p(d):
    'Estimación de proporción con ECM<d'
    p = 0
    n = 0
    while n <= 100 or sqrt(p * (1-p) / n) > d:
        n += 1
        Simular X
        p = p + (X - p) / n
    return p
```

7.5. Estimador por intervalos

Al utilizar un estimador puntual para un parámetro, se elige un valor particular para el parámetro de acuerdo a la muestra obtenida. Así por ejemplo, si se está estimando la media de una distribución con una muestra de tamaño 100, y resulta $\bar{X}(100) = -2.5$, entonces se utilizará como parámetro exactamente ese valor.

Un **estimador por intervalo** de un parámetro es un intervalo para el que se predice que el parámetro está contenido en él. Es decir, en este caso se tiene un intervalo aleatorio con una cierta probabilidad de contener al parámetro buscado. La **confianza** que se da al intervalo es la probabilidad de que el intervalo contenga al parámetro.

7.5.1. Estimador por intervalo de $E(X)$

El estimador $\bar{X}(n)$ es un estimador puntual del valor esperado de X . Además sabemos que si $E(X) = \theta$ y $\text{Var}(X) = \sigma^2$, entonces la distribución de $\bar{X}(n)$ tiende a una normal estándar:

$$\frac{\bar{X}(n) - \theta}{\sigma/\sqrt{n}} = Z \sim N(0, 1).$$

Recordemos que para $0 < \alpha < 1$, utilizamos la notación z_α para indicar el número real tal que $P(Z > z_\alpha) = \alpha$. Luego, dado que la normal estándar tiene una distribución simétrica con respecto a $x = 0$, para n suficientemente grande (> 100), tenemos que

$$P\left(-z_{\alpha/2} < \frac{\bar{X}(n) - \theta}{\frac{\sigma}{\sqrt{n}}} < z_{\alpha/2}\right) = 1 - \alpha.$$

o equivalentemente

$$P\left(\bar{X}(n) - z_{\alpha/2} \frac{\sigma}{\sqrt{n}} < \theta < \bar{X}(n) + z_{\alpha/2} \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right) = 1 - \alpha. \quad (7.3)$$

La ecuación (7.3) determina un intervalo aleatorio que contiene al parámetro θ con una **confianza** de $1 - \alpha$. Así por ejemplo, si se quiere un intervalo de confianza del 95 %, entonces $\alpha/2 = 0.025$, y $z_{\alpha/2} = 1.96$, y para un $n > 100$ el intervalo será:

$$\left(\bar{X}(n) - 1.96 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \bar{X}(n) + 1.96 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right)$$

Análogamente, los intervalos de confianza del 98 % y del 90 % para un n determinado serán:

$$\left(\bar{X}(n) - 2.33 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \bar{X}(n) + 2.33 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right) \quad \text{y} \quad \left(\bar{X}(n) - 1.64 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \bar{X}(n) + 1.64 \frac{\sigma}{\sqrt{n}}\right).$$

Si σ es desconocido, los intervalos anteriores se definen utilizando el estimador $\hat{\sigma} = \sqrt{S^2(n)}$. Notemos que si la muestra es de tamaño n , la longitud del intervalo de confianza del $100(1 - \alpha)$ % es

$$l = 2 \cdot z_{\alpha/2} \frac{\sigma}{\sqrt{n}}, \quad \text{o} \quad l = 2 \cdot z_{\alpha/2} \frac{S(n)}{\sqrt{n}},$$

es decir que su longitud depende del valor de n , y más específicamente, es inversamente proporcional al valor de n . Así, en una simulación, si se quiere obtener un intervalo de confianza del $100(1 - \alpha)$ % y con una longitud menor a cierto número L , se continuarán generando valores hasta que

$$2 \cdot z_{\alpha/2} \frac{S(n)}{\sqrt{n}} < L.$$

```
def Media_Muestral_X(z_alfa_2, L): #z_alfa_2 = z_(alfa/2)
    'Confianza = (1 - alfa)%, amplitud del intervalo: L'
    d = L / (2 * z_alfa_2)
    Media = simular X
    Scuald, n = 0, 1
    while n <= 100 or sqrt(Scuald / n) > d:
        n += 1
        simular X
        Media_Ant = Media
        Media = MediaAnt + (X - MediaAnt) / n
        Scuald = Scuald * (1 - 1 / (n-1)) + n*(Media - Media_Ant)**2
    return Media
```

7.5.2. Estimador por intervalos de una proporción

En el caso de una variable Bernoulli, el estimador por intervalos del parámetro p también es el estimador por intervalos de la media poblacional. En este caso, el estimador para la varianza es $\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))$, y para n suficientemente grande se tiene que

$$\frac{\bar{X}(n) - p}{\sqrt{\frac{\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))}{n}}} = Z \sim N(0, 1).$$

Así, un intervalo de confianza del $100(1 - \alpha) \%$ se obtiene a partir de la propiedad:

$$P \left(-z_{\alpha/2} < \sqrt{n} \frac{\bar{X}(n) - p}{\sqrt{\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))}} < z_{\alpha/2} \right) = 1 - \alpha.$$

o equivalentemente, el intervalo de confianza es:

$$\left(\bar{X}(n) - z_{\alpha/2} \frac{\sqrt{\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))}}{\sqrt{n}}, \bar{X}(n) + z_{\alpha/2} \frac{\sqrt{\bar{X}(n)(1 - \bar{X}(n))}}{\sqrt{n}} \right)$$

```
def estimador_p(z_alfa_2, L):
    'Confianza: 100(1-alpha)%'
    'L: amplitud del intervalo'
    d = L / (2 * z_alfa_2)
    p = 0; n = 0
    while n <= 100 or sqrt(p * (1 - p) / n) > d:
        n += 1
        Simular X
        p = p + (X - p) / n
    return p
```

7.6. La técnica de Bootstrap

7.6.1. Muestras bootstrap

En términos generales, una técnica **bootstrap** es aquella que recupera una información a partir de los datos, sin asumir ninguna hipótesis sobre ellos.

Las técnicas bootstrap están asociadas al concepto de **muestra bootstrap**. Recordemos que si se han obtenido n observaciones de una variable X con distribución F : $X_1 = x_1, X_2 = x_2, \dots, X_n = x_n$, entonces la distribución empírica F_e asigna a X la probabilidad:

$$p_i = P(X = x_i) = \frac{\#\{j \mid x_j = x_i\}}{n}.$$

Una **muestra bootstrap** es una muestra aleatoria de tamaño n tomada de X a partir de la distribución F_e . Dicho de otro modo, es una muestra aleatoria de tamaño n tomada con reposición del conjunto $\{x_1, x_2, \dots, x_n\}$.

Ejemplo 7.4. Supongamos que se tienen las siguientes observaciones de una variable X :

$$x_1 = 1.4, \quad x_2 = 2.5, \quad x_3 = -0.5, \quad x_4 = 2.5.$$

La distribución empírica F_e asigna probabilidad

$$P_{F_e}(X = 2.5) = 0.5, \quad P_{F_e}(X = 1.4) = P_{F_e}(X = -0.5) = 0.25.$$

Una muestra bootstrap es una muestra de tamaño $n = 4$ tomada de esta distribución empírica. Así por ejemplo,

$$(1.4, 1.4, 1.4, 1.4), \quad (-0.5, 1.4, 2.5, 1.4), \quad (2.5, -0.5, -0.5, 1.4),$$

son tres muestras bootstrap.

Si $\hat{\theta}$ es un estimador, entonces para cada muestra bootstrap también podemos evaluar $\hat{\theta}$ en esta muestra. Esto se denomina **replicación bootstrap** de $\hat{\theta}$. Por ejemplo, si $\hat{\theta} = \bar{X}(4)$ y la muestra bootstrap es $(-0.5, 1.4, 2.5, 1.4)$, entonces la replicación bootstrap es

$$\hat{\theta}(-0.5, 1.4, 2.5, 1.4) = \frac{-0.5 + 1.4 + 2.5 + 1.4}{4} = 1.2.$$

7.6.2. Estimación bootstrap

Supongamos ahora que se desea estimar determinado parámetro θ de la distribución F a partir de la muestra $X_1 = x_1, X_2 = x_2, \dots, X_n = x_n$. Para ello utilizamos un estimador $\hat{\theta}$, y tomamos como estimación de θ a $\hat{\theta}(x_1, \dots, x_n)$. En algunos casos, como es el de la media muestral, sabemos que si la muestra es suficientemente grande la aproximación al parámetro a estimar $E_F[X]$ es buena, ya que la varianza del estimador es del orden de σ^2/n y además es un estimador insesgado. Pero esta suerte no ocurre con cualquier estimador, y entonces es necesario tener alguna medida de cuán bien este estimador aproxima al parámetro que se desea estimar. En particular, es importante conocer la varianza del estimador, y el error cuadrático medio del estimador con respecto al parámetro a estimar.

En casos que no se conozca la distribución F , el método bootstrap es una alternativa. Notemos que el error cuadrático medio y la varianza del estimador se definen ambos como un valor esperado:

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) = E[(\hat{\theta} - \theta)^2], \quad \text{Var}(\hat{\theta}) = E[(\hat{\theta} - E[\hat{\theta}])^2].$$

La estimación bootstrap **estima** estos valores a partir de la distribución empírica de los datos y utilizando muestras bootstrap:

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) \sim E_{F_e}[(\hat{\theta} - \theta_{F_e})^2], \quad \text{Var}(\hat{\theta}) = E_{F_e}[(\hat{\theta} - E_{F_e}[\hat{\theta}])^2].$$

Del mismo modo se podría querer estimar una probabilidad, por ejemplo $P(a < \hat{\theta} < b)$. Dado que esta probabilidad puede verse como el valor esperado de una variable aleatoria Bernoulli:

$$X = \begin{cases} 1 & \hat{\theta}(X_1, \dots, X_n) \in (a, b) \\ 0 & \text{en otro caso,} \end{cases}$$

entonces también puede realizarse una estimación bootstrap de la probabilidad:

$$P(a < \hat{\theta} < b) \sim \frac{1}{n^n} \# \{ (x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*) \mid a < \hat{\theta}(x_1^*, x_2^*, \dots, x_n^*) < b \},$$

donde el supraíndice $*$ indica que es una muestra bootstrap de $\{x_1, \dots, x_n\}$.

Estas estimaciones se denominan **estimaciones bootstrap ideales**, ya que toman todas las muestras bootstrap posibles. Sin embargo, en la práctica esto es computacionalmente muy costoso ya que requiere realizar n^n replicaciones bootstrap. Veamos un ejemplo para clarificar ideas.

7.6.3. Estimación bootstrap de una proporción

Ejemplo 7.5. Se han observado los siguientes datos:

$$x_1 = 1.4, \quad x_2 = 2.5, \quad x_3 = -0.5.$$

y se quiere analizar propiedades del estimador

$$\hat{\theta}(X_1, \dots, X_n) = \frac{\overline{X}(n)}{S(n)}.$$

Por ejemplo, se quiere estimar la probabilidad

$$P(-0.2 \leq \hat{\theta} \leq 0.2). \quad (7.4)$$

La estimación bootstrap de esta probabilidad se determina usando la distribución empírica. Notemos que en nuestro caso $n = 3$, y que para este valor de n hay $3^3 = 27$ replicaciones bootstrap:

$$\hat{\theta}(a_1, a_2, a_3), \quad a_i \in \{1.4, 2.5, -0.5\}.$$

La distribución empírica asigna una probabilidad de $1/3$ a cada valor x_i , y en consecuencia cada muestra (a_1, a_2, a_3) tiene probabilidad $1/27$. Consideramos aquí un caso donde los valores son todos distintos. Por ejemplo, una muestra bootstrap posible es $(a_1, a_2, a_3) = (2.5, -0.5, -0.5)$ y la replicación bootstrap del estimador es:

$$\hat{\theta}(a_1, a_2, a_3) = \frac{\overbrace{(2.5 - 0.5 - 0.5)}^{=0.5}/3}{\sqrt{(2.5 - 0.5)^2 + (-0.5 - 0.5)^2 + (-0.5 - 0.5)^2}/2}.$$

Si la muestra tiene $a_1 = a_2 = a_3$, comprobamos si $-0.2 S(n) \leq \bar{X}(n) \leq 0.2 S(n)$, que para el caso particular de este ejemplo siempre será falso.

Entonces el valor buscado en (7.4) está dado por la probabilidad de que el estimador esté entre -0.2 y 0.2 bajo la distribución empírica. Esto es:

$$P_{F_e}(-0.2 \leq \hat{\theta} \leq 0.2) = \frac{1}{3^3} \# \{(a_1, a_2, a_3) \mid -0.2 \leq \hat{\theta}(a_1, a_2, a_3) \leq 0.2\},$$

que en este caso particular es $\frac{1}{9}$, o aproximadamente 0.11.

En el Ejemplo 7.5 el tamaño de la muestra es pequeño, por lo cual la estimación bootstrap de la probabilidad requiere sólo 27 cálculos. En tal caso se dice que es una **estimación bootstrap ideal**. Ahora bien, si el tamaño de la muestra n es mucho más grande, entonces la estimación bootstrap ideal requiere n^n cálculos lo cual puede ser computacionalmente muy costoso o hasta imposible.

En estos casos la técnica Bootstrap consiste en seleccionar aleatoriamente N muestras bootstrap, con N menor a n^n , y estimar el valor esperado a calcular con el promedio para estas N muestras. Esto es una aplicación del método de Monte Carlo.

7.6.4. Estimación bootstrap del ECM

Veamos el caso particular de la estimación del error cuadrático medio de un estimador $\hat{\theta}$ con respecto a un parámetro θ . En el caso que se conozca la distribución F de los datos, se podrá calcular con mayor o menor complejidad el valor exacto del ECM:

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) = E_F((\hat{\theta} - \theta)^2).$$

Aquí el subíndice F indica que el valor esperado se calcula en términos de esa distribución. Por ejemplo, si se asumen los datos con distribución normal estándar, entonces se tendrá:

$$ECM(\hat{\theta}; \theta) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} \cdots \int_{-\infty}^{\infty} (\hat{\theta}(x_1, x_2, \dots, x_n) - \theta)^2 \frac{1}{(\sqrt{2\pi})^n} e^{-(x_1^2 + \cdots + x_n^2)/(2\sigma^2)} dx_1 dx_2 \dots dx_n.$$

En cambio, si la distribución F de los datos es desconocida no es posible determinar de manera exacta este valor, y una alternativa es aproximarla con muestras bootstrap. Así, si la muestra es de tamaño n , y los datos obtenidos son x_1, x_2, \dots, x_n , el error cuadrático medio se calculará de la siguiente manera:

a) Se calcula el parámetro $\theta(F_e)$. Por ejemplo, si θ_e es la varianza, entonces

$$\theta(F_e) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2, \quad \text{con} \quad \bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i.$$

- b) Se consideran N muestras bootstrap y se calculan las respectivas replicas bootstrap del estimador. Esto es, del conjunto de muestras bootstrap:

$$\{(x_{i_1}, x_{i_2}, \dots, x_{i_n}) \mid x_{i_j} \in \{x_1, \dots, x_n\}, 1 \leq j \leq n\}$$

de cardinal n^n se toman N elementos aleatoriamente:

$$(x_{i_1}^{(1)}, x_{i_2}^{(1)}, \dots, x_{i_n}^{(1)}), (x_{i_1}^{(2)}, x_{i_2}^{(2)}, \dots, x_{i_n}^{(2)}), \dots, (x_{i_1}^{(N)}, x_{i_2}^{(N)}, \dots, x_{i_n}^{(N)}),$$

y en cada una de estas muestras se replica el estimador. Así por ejemplo, si $\hat{\theta}$ es la varianza muestral, entonces en la muestra bootstrap $(x_{i_1}, \dots, x_{i_n})$ se evalúa:

$$\hat{\theta} = \frac{1}{n-1} \sum_{j=1}^n (x_{i_j} - \bar{y})^2, \quad \text{con } \bar{y} = \frac{1}{n} \sum_{j=1}^n x_{i_j}.$$

- c) Por último, el error cuadrático medio para la distribución empírica es un valor esperado de las diferencias al cuadrado entre las realizaciones bootstrap y el parámetro a estimar. Dado que no se han tomado todas las muestras bootstrap, este valor esperado se aproxima por Monte Carlo como un promedio de los N valores obtenidos:

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) \sim \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \left(\hat{\theta}(x_{i_1}^{(j)}, x_{i_2}^{(j)}, \dots, x_{i_n}^{(j)}) - \theta(F_e) \right)^2.$$

Ejemplo 7.6. En el Ejemplo 7.5, la estimación bootstrap **ideal** del error cuadrático medio de la varianza muestral con respecto a la varianza se calcula tomando las 27 muestras bootstrap, y los parámetros utilizados se calculan con la distribución empírica. Así, como la media empírica es

$$\mu_{F_e} = \frac{1.4 + 2.5 - 0.5}{3} = \frac{3.4}{3},$$

entonces la varianza empírica es

$$\sigma_{F_e}^2 = \frac{(1.4 - \frac{3.4}{3})^2 + (2.5 - \frac{3.4}{3})^2 + (-0.5 - \frac{3.4}{3})^2}{3} = \frac{47.46}{27} \simeq 1.53556.$$

Luego la estimación bootstrap del error cuadrático medio del estimador con respecto a la varianza está dado por:

$$ECM(S^2(3), \sigma_{F_e}^2) = \frac{1}{27} \cdot \sum_{a=(a_1, a_2, a_3)} \left(\frac{1}{2} \sum_{i=1}^3 (a_i - \bar{a})^2 - \underbrace{1.53556}_{\sigma_{F_e}^2} \right)^2, \quad \bar{a} = \frac{a_1 + a_2 + a_3}{3}$$

Ejemplo 7.7. Supongamos que se tienen datos de un sistema durante M días. Para cada día, se conoce el número de clientes que han ingresado al sistema, que llamamos n_1, n_2, \dots, n_M . A su vez, para el día j , se conoce el tiempo que cada cliente pasó en el sistema:

$$T_{1,j}, T_{2,j}, \dots, T_{n_j,j}, \quad 1 \leq j \leq M.$$

Una pregunta posible, es determinar cuál es el tiempo promedio que un cliente pasa en el sistema.

Notemos que en un día en particular, los tiempos de permanencia de los clientes pueden no ser variables aleatorias independientes. Sin embargo, podemos asumir que los tiempos totales de permanencia en días distintos sí son variables que provienen de una misma distribución, e independientes entre sí. Denotamos con D_j la suma de los tiempos de permanencia de todos los clientes en el día j :

$$D_j = T_{1,j} + T_{2,j} + \dots, T_{n_j,j}, \quad 1 \leq j \leq n.$$

El parámetro que se desea estimar es el promedio de permanencia de un cliente en el sistema, que por el Teorema Central del Límite puede determinarse como:

$$\theta = \lim_{K \rightarrow \infty} \frac{D_1 + D_2 + \dots + D_K}{n_1 + n_2 + \dots + n_K},$$

en caso que fuera posible tomar muestras de cualquier tamaño K . Así, un estimador natural de θ es el cociente de las medias muestrales para D y n , ya que:

$$\hat{\theta} = \frac{D_1 + D_2 + \dots + D_M}{n_1 + n_2 + \dots + n_M} = \frac{\frac{D_1 + D_2 + \dots + D_M}{M}}{\frac{n_1 + n_2 + \dots + n_M}{M}} = \frac{\bar{D}}{\bar{n}}.$$

Para determinar el error cuadrático medio del estimador, se debería conocer la distribución F de la variable (vector) aleatorio (D, n) , y en base a esta información determinar:

$$ECM(\hat{\theta}, \theta) = E_F \left[\left(\hat{\theta}(D, n) - \frac{E[D]}{E[n]} \right)^2 \right].$$

Pero si no se conoce esta distribución, se puede aplicar la técnica bootstrap utilizando la distribución empírica de los datos obtenidos en la muestra. Así, asignamos la probabilidad:

$$P_{F_e}(D = D_j, n = n_j) = \frac{1}{M}, \quad 1 \leq j \leq M,$$

y el parámetro θ a estimar en la distribución empírica está dado por:

$$\theta(F_e) = \frac{E_{F_e}(D)}{E_{F_e}(n)} = \frac{D_1 + D_2 + \dots + D_M}{n_1 + n_2 + \dots + n_M}.$$

Consideramos ahora B muestras bootstrap:

$$b^{(j)} = ((D_{i_1}, n_{i_1}), (D_{i_2}, n_{i_2}), \dots, (D_{i_M}, n_{i_M}))^{(j)}, \quad 1 \leq j \leq B,$$

y calculamos las correspondientes realizaciones bootstrap:

$$\hat{\theta}(b^{(j)}) = \frac{D_{i_1} + D_{i_2} + \cdots + D_{i_M}}{n_{i_1} + n_{i_2} + \cdots + n_{i_M}}, \quad 1 \leq j \leq B.$$

Por último, la estimación bootstrap del error cuadrático medio está dada por:

$$\frac{1}{B} \sum_{j=1}^B \left(\hat{\theta}(b^{(j)}) - \theta(F_e) \right)^2.$$

Notemos que si el tamaño de la muestra M es grande y se considerara una estimación bootstrap ideal, el cálculo anterior puede implicar una suma de una gran cantidad de términos. Por ejemplo, si $M = 20$,

$$20^{20} = 104\,857\,600\,000\,000\,000\,000\,000\,000.$$

7.6.5. Estimación bootstrap de $\text{Var}(\hat{\theta})$

En el caso de la estimación bootstrap de la varianza de un estimador $\hat{\theta} = \hat{\theta}(X_1, X_2, \dots, X_n)$, utilizamos el estimador varianza muestral. Es decir, si $\hat{\theta}$ es un estimador queremos calcular el valor:

$$E \left(\left(\hat{\theta} - E(\hat{\theta}) \right)^2 \right),$$

y que la técnica bootstrap aproxima con la distribución empírica. Esto es:

$$E_{F_e} \left(\left(\hat{\theta} - E_{F_e}(\hat{\theta}) \right)^2 \right) \sim E \left(\left(\hat{\theta} - E(\hat{\theta}) \right)^2 \right).$$

En la distribución empírica, $\hat{\theta}$ toma valores en n^n muestras posibles, por lo cual la varianza empírica del estimador puede no ser fácilmente calculable y en ese caso se estima a su vez con la varianza muestral a partir de una muestra de tamaño N de valores del estimador:

$$\frac{1}{N-1} \sum_{i=1}^N (\hat{\theta}_i - \bar{\hat{\theta}})^2, \quad \bar{\hat{\theta}} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \hat{\theta}_i.$$

Supongamos entonces que se tiene una muestra de tamaño n :

$$x_{i_1}, x_{i_2}, \dots, x_{i_n}.$$

Para la estimación bootstrap se consideran N muestras bootstrap:

$$b_1 = (x_{i_1}^{(1)}, x_{i_2}^{(1)}, \dots, x_{i_n}^{(1)}), \quad b_2 = (x_{i_1}^{(2)}, x_{i_2}^{(2)}, \dots, x_{i_n}^{(2)}), \quad \dots, \quad b_N = (x_{i_1}^{(N)}, x_{i_2}^{(N)}, \dots, x_{i_n}^{(N)}),$$

y se calculan las N replicas bootstrap correspondientes:

$$\hat{\theta}(b_1), \quad \hat{\theta}(b_2), \quad \dots \quad \hat{\theta}(b_N).$$

Hasta aquí es el equivalente de haber tomado una muestra de tamaño N de la variable aleatoria $\hat{\theta}$. Ahora se evalúa la media muestral en la muestra obtenida:

$$\hat{\theta}_m = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \hat{\theta}(b_j),$$

y la estimación bootstrap de la varianza del estimador será,

$$\hat{\text{Var}}_{F_e}(\hat{\theta}) = \frac{1}{N-1} \sum_{j=1}^N (\hat{\theta}(b_j) - \hat{\theta}_m)^2.$$

Capítulo 8

Técnicas de validación estadística

8.1. Introducción

Dado un conjunto de observaciones obtenidas a partir de una recolección de datos puede ser de interés determinar cuál es la distribución de estos datos. También puede haberse realizado una simulación que modele un sistema real, y luego se desea testear si los datos simulados tienen la misma distribución que los datos que se observaron en la realidad.

Una forma de determinar si un conjunto de observaciones proviene de una distribución dada es a través de las pruebas de **bondad de ajuste**. Una prueba de bondad de ajuste es un **test de hipótesis**, en la cual la hipótesis nula, H_0 , afirma que los datos provienen de una determinada distribución F . La hipótesis alternativa, H_1 , es la negación de H_0 .

Según cuál sea la hipótesis se define un determinado **estadístico muestral** $T = T(X_1, X_2, \dots, X_n)$. El estadístico es una variable aleatoria, que, bajo la hipótesis nula, tiene una distribución conocida o de la cual se saben algunas propiedades. Esto es, se conoce algo de $P_{H_0}(T \leq t)$, donde el subíndice H_0 indica que la distribución de T está basada en que las observaciones satisfacen la hipótesis H_0 .

Así, dada una muestra de datos $X_1 = x_1, X_2 = x_2, \dots, X_n = x_n$, se evalúa el estadístico en esta muestra y se toma una decisión de rechazar o no rechazar la hipótesis nula según "cuán probable" es haber obtenido ese valor. En algunos casos se trata de medir si el valor obtenido es demasiado alto. Así por ejemplo, si el valor obtenido es $T = t$, y

$$p = P_{H_0}(T \geq t) \leq \alpha \quad (8.1)$$

entonces se **rechaza** la hipótesis nula con un nivel de rechazo α . En otros casos se analiza si el valor obtenido no es muy bajo ni muy alto, y en esos casos se considera:

$$p = \min\{P_{H_0}(T \geq t), P_{H_0}(T \leq t)\}. \quad (8.2)$$

Las cantidades p en (8.1) y (8.2) se denominan también p -valor. Un p -valor pequeño es un indicador de rechazo de la hipótesis nula.

8.2. Pruebas de bondad de ajuste

8.2.1. Datos discretos - Test chi-cuadrado de Pearson

Denotamos con Y_1, Y_2, \dots, Y_n una muestra de observaciones independientes, que toman alguno de los valores en el conjunto $\{1, 2, \dots, k\}$.

Parámetros especificados

Supongamos que se desea testear si los datos observados provienen de una determinada distribución teórica F conocida, y sea X una variable aleatoria con distribución F . Llamamos

$$p_i = P(X = i), \quad N_i = \#\{j \mid Y_j = i, 1 \leq j \leq n\}.$$

Esto es, p_i es la probabilidad que una variable con distribución F tome el valor i , y N_i es la frecuencia con la que el valor i aparece en la muestra, es decir, la **frecuencia observada**.

Si los datos provienen realmente de la distribución F , es de esperar que N_i sea próximo a np_i , por lo cual podría considerarse

$$(N_i - np_i)^2$$

como una medida de cuán próximos están los datos de la distribución teórica. Ahora bien, notemos que si por ejemplo $(N_i - np_i)^2 = 1$, este valor 1 será mucho más significativo si $np_i = 2$ que si $np_i = 100$. Por ello, es más adecuado considerar para cada i el valor

$$\frac{(N_i - np_i)^2}{np_i}$$

como una medida de distancia entre la distribución empírica de los datos y la distribución F . En particular, el estadístico para el **test chi cuadrado de Pearson** está dado por:

$$T = \sum_{i=1}^k \frac{(N_i - np_i)^2}{np_i}.$$

Si el valor de T es grande, se considera que hay evidencias que la muestra no proviene de la distribución F : **se rechaza la hipótesis nula**. Por el contrario, si el valor de T es pequeño, no hay evidencias suficientes para rechazar la hipótesis. Si la hipótesis nula es cierta y n es grande, entonces el estadístico T tiene una distribución χ^2 -cuadrado con $k - 1$ grados de libertad: χ_{k-1}^2 .

Si el nivel de rechazo es del 5 %, entonces un p -valor menor que 0.05 es indicativo que la muestra no proviene de la distribución F , es decir, que **debe rechazarse la hipótesis nula**. Por el contrario, valores de p más grandes no dan evidencia que se deba rechazar la hipótesis.

Si en cambio se rechaza al 1 % entonces un p -valor menor a 0.01 indicará que se debe rechazar la hipótesis nula.

Ejemplo 8.1. Supongamos que se ha tomado una muestra de 100 datos (o se han simulado 100 valores), que toman alguno de los valores entre 0 y 7. Las frecuencias observadas N_i son las siguientes:

2, 7, 20, 22, 24, 23, 0, 2.

Se quiere testear la hipótesis que estos valores provienen de una distribución binomial $Bi(7, 0.5)$ con un nivel de rechazo del 5 %.

El diseño de este test implica establecer la hipótesis nula, el estadístico a utilizar y la fórmula del p -valor que será utilizada para decidir el rechazo o no de la hipótesis nula. En este caso la hipótesis nula es:

H_0 La muestra proviene de una variable Y tal que $P(Y = i) = P(Bin(Y, 0.5) = i)$.

El estadístico a utilizar para esta prueba de hipótesis es

$$T = \sum_{i=0}^7 \frac{(N_i - np_i)^2}{np_i},$$

donde N_i son las frecuencias observadas en la muestra, n es el tamaño de la muestra, $k = 8$ es el número de agrupamientos de valores considerados y las probabilidades teóricas p_i están dadas por:

[0.0078125, 0.0546875, 0.1640625, 0.2734375, 0.2734375, 0.1640625, 0.0546875, 0.0078125].

Si $T = t$ es el valor del estadístico, el p -valor es:

$$P_{H_0}(T \geq t) = P(\chi_{k-1}^2 \geq t).$$

Así, para esta muestra en particular las frecuencias esperadas son:

[0.78125, 5.46875, 16.40625, 27.34375, 27.34375, 16.40625, 5.46875, 0.78125].

El valor del estadístico T es:

$$T = \frac{(2 - 0.78125)^2}{0.78125} + \frac{(7 - 5.46875)^2}{5.46875} + \dots + \frac{(0 - 5.46875)^2}{5.46875} + \frac{(2 - 0.78125)^2}{0.78125} = 14.59.$$

Como hemos considerado 8 términos en el estadístico T , entonces debemos testear con una distribución χ_{8-1}^2 . En particular,

$$P(\chi_7^2 \geq 14.59) \approx 0.04.$$

Para un nivel de confianza del 95 % la hipótesis nula se rechaza porque el p -valor es menor al 5 %. Para un nivel de confianza del 99 % la hipótesis nula no se rechaza.

Simulación del p -valor

Si el p -valor obtenido es muy próximo al nivel de rechazo, puede existir la duda si conviene o no rechazar la hipótesis. Esto es por ejemplo, si el nivel de rechazo es $\alpha = 0.05$, el valor del estadístico obtenido es $T = t_0$ y se tiene que

$$P_{H_0}(T \geq t_0) \sim 0.05.$$

Una forma de ayudar a tomar esta decisión es simular muestras de tamaño n de la distribución F y para cada una de ellas calcular el estadístico T . Para un número de simulaciones suficientemente grande, la proporción de valores de T que exceden al valor $T = t_0$ tomado en la muestra original es una buena estimación del p -valor.

En caso que n sea muy grande en relación a k , es conveniente generar directamente las frecuencias observadas. Esto es, supongamos que la variable aleatoria X toma valores $1, 2, \dots, k$, con $p_i = P(X = i)$, entonces se simulan los valores N_1, N_2, \dots, N_k . Como N_1 es la cantidad de datos iguales a 1 en una muestra de tamaño n , entonces N_1 tiene distribución binomial $Bin(n, p_1)$.

Una vez generado N_1 , se genera N_2 que es la cantidad de datos restantes ($n - N_1$) iguales a 2. Dado que ya se han contado los datos iguales a 1, cada uno de los datos restantes tomará el valor 2 con probabilidad:

$$\lambda_2 = P(X = 2 \mid X \neq 1) = \frac{P(X = 2)}{P(X \neq 1)} = \frac{p_2}{1 - p_1}.$$

Por lo tanto N_2 tiene distribución binomial $Bin(n - N_1, \frac{p_2}{1 - p_1})$.

Los siguientes $n - N_1 - N_2$ datos tomarán el valor 3 con probabilidad:

$$\lambda_3 = P(X = 3 \mid X \neq 1, X \neq 2) = \frac{p_3}{1 - p_1 - p_2}.$$

Así siguiendo, las variables N_j condicionadas a los valores obtenidos previamente tienen distribución binomial:

$$N_j \sim Bin(n - (N_1 + N_2 + \dots + N_{j-1}), \lambda_j), \quad \lambda_j = \frac{p_j}{1 - P(X < j)}.$$

Notar que $\lambda_k = 1$, por lo cual $N_k = n - \sum_{j=1}^{k-1} N_j$.

Así, para estimar el valor p se generan directamente los valores N_1, N_2, \dots, N_k y se calcula el estadístico T . Repitiendo este procedimiento una cierta cantidad de veces, el p -valor se calcula como la proporción de valores que superan el valor $T = t$ en la muestra original.

Parámetros no especificados

Las pruebas de bondad de ajuste también pueden aplicarse si los parámetros de la distribución F no son todos conocidos. Por ejemplo, se podría testear si los datos provienen de una distribución de Poisson $\mathcal{P}(\lambda)$, desconociendo λ .

En este caso, se estima el o los parámetros no especificados. Esto determinará una cierta distribución \hat{F} . Por ejemplo, si se estima λ en la Poisson, se tendrá una distribución $\hat{F} = \mathcal{P}(\hat{\lambda})$.

Sea $\hat{p}_i = P_{\hat{F}}(X = i)$, donde el subíndice indica que X tiene distribución \hat{F} . El estadístico es en este caso:

$$T = \sum_{j=1}^k \frac{(N_i - n\hat{p}_i)^2}{n\hat{p}_i}.$$

Sea m el número de parámetros que se utilizan para el cálculo de p_i y que deben ser estimados. Es decir, no están especificados. Se puede demostrar que, para n suficientemente grande, el estadístico T tiene aproximadamente una distribución chi-cuadrado con $k - 1 - m$ grados de libertad. En particular, el p -valor puede estimarse como

$$p - \text{valor} \approx P(\chi_{k-1-m}^2 \geq t).$$

En caso de utilizar simulaciones para estimar el p -valor, el procedimiento es como sigue:

1. Supongamos que la hipótesis nula H_0 es que los datos Y_1, \dots, Y_n provienen de una distribución F , y asumamos que existen m parámetros de esta distribución que son desconocidos: $\theta_1, \dots, \theta_m$.
2. A partir de la muestra de datos, se estiman los parámetros obteniendo valores $\hat{\theta}_1, \dots, \hat{\theta}_m$. Esto determina una distribución \hat{F} y una probabilidad \hat{p}_i para cada valor i de la variable aleatoria. A partir de estas estimaciones se calcula el estadístico

$$T = \sum_{i=1}^k \frac{(N_i - n\hat{p}_i)^2}{n\hat{p}_i}.$$

Llamamos t al valor obtenido.

3. En cada simulación, se generan n datos a partir de la distribución \hat{F} . Luego se vuelven a estimar los parámetros $\theta_1, \dots, \theta_m$ obteniendo estimaciones $\theta_1(\text{sim}), \dots, \theta_m(\text{sim})$ a partir de la muestra simulada. Estos parámetros determinan una distribución F_{sim} . Con estas estimaciones se calculan las probabilidades $p_i(\text{sim})$, es decir, $p_i(\text{sim}) = P_{F_{\text{sim}}}(X = i)$ si X tiene distribución F_{sim} . Luego se calcula el estadístico utilizando las probabilidades $p_i(\text{sim})$:

$$T_{\text{sim}} = \sum_{i=1}^k \frac{(N_i - n\hat{p}_i(\text{sim}))^2}{n\hat{p}_i(\text{sim})}.$$

4. El p -valor se estima como la proporción de T_{sim} mayores o iguales a t .

Ejemplo 8.2. Supongamos que a lo largo de 30 días han habido

- 6 días en que no ocurrió ningún accidente,
- 2 días en los que ocurrió 1 accidente,
- 1 en el que ocurrieron 2 accidentes,
- 9 días en que ocurrieron 3 accidentes,
- 7 en que ocurrieron 4 accidentes,
- 4 que ocurrieron 5, y
- 1 en que ocurrieron 8 accidentes.

Se quiere testear la hipótesis que los datos provienen de una distribución de Poisson $\mathcal{P}(\lambda)$. Es decir, que el número de accidentes por día tiene distribución Poisson, pero la tasa λ es desconocida y por lo tanto se estimará a partir de los datos. Como λ representa la media o valor esperado, entonces puede estimarse con la media muestral:

$$\hat{\lambda} = \frac{6 \cdot 0 + 2 \cdot 1 + 1 \cdot 2 + 9 \cdot 3 + 7 \cdot 4 + 4 \cdot 5 + 1 \cdot 8}{30} = \frac{87}{30} = 2.9.$$

Por otra parte, como una variable Poisson toma infinitos valores, decidiremos agruparlos en una cantidad finita. Podemos agrupar los datos en 6 grupos: los que toman el valor 0, 1, 2, 3, 4 y los mayores o iguales a 5. Así tendremos frecuencias observadas:

$$N_0 = 6, \quad N_1 = 2, \quad N_2 = 1, \quad N_3 = 9, \quad N_4 = 7, \quad N_5 = 5.$$

De esta manera, en el diseño del test la hipótesis nula es:

H0: Los datos provienen de una distribución Y tal que:

$$\hat{p}_i = P(Y = i) = e^{-\hat{\lambda}} \frac{\hat{\lambda}^i}{i!}, \quad 0 \leq i \leq 4, \quad \hat{p}_5 = P(Y = 5) = 1 - \sum_{j=1}^4 P(Y = j),$$

con $\hat{\lambda}$ igual a la media de los datos observados. El estadístico a utilizar será:

$$T = \sum_{j=0}^4 \frac{(N_j - np_j)^2}{np_j},$$

y el p -valor se determinará a partir del valor $T = t$ observado en la muestra como:

$$p = P_{H_0}(T \geq t) = P(\chi_{5-1-1}^2 \geq t) = P(\chi_3^2 \geq t).$$

Luego tenemos que:

$$\hat{p}_0 = 0.05, \quad \hat{p}_1 = 0.1596, \quad \hat{p}_2 = 0.2312, \quad \hat{p}_3 = 0.2237, \quad \hat{p}_4 = 0.1622, \quad \hat{p}_5 = 0.1682.$$

El valor del estadístico T está dado por:

$$\begin{aligned} T &= \frac{(6 - 30\hat{p}_0)^2}{30\hat{p}_0} + \frac{(2 - 30\hat{p}_1)^2}{30\hat{p}_1} + \frac{(1 - 30\hat{p}_2)^2}{30\hat{p}_2} + \frac{(9 - 30\hat{p}_3)^2}{30\hat{p}_3} + \frac{(7 - 30\hat{p}_4)^2}{30\hat{p}_4} + \frac{(5 - 30\hat{p}_5)^2}{30\hat{p}_5} \\ &= 19.887. \end{aligned}$$

Dado que el estadístico tiene $k = 6$ sumandos y se ha estimado $m = 1$ parámetro, el p -valor se estima con una chi cuadrado de $k - 1 - m = 4$ grados de libertad::

$$p - \text{valor} \approx P(\chi_4^2 \geq 19.887) \sim 0.0005.$$

Para un nivel de rechazo $\alpha = 0.01$ la hipótesis nula es rechazada.

En una simulación para el cálculo del p -valor se generarán N muestras de tamaño 30 de una $X \sim \mathcal{P}(2.9)$. Por ejemplo, si en la simulación j se obtienen los valores:

$$3 \ 3 \ 3 \ 1 \ 6 \ 3 \ 4 \ 4 \ 1 \ 6 \ 5 \ 6 \ 2 \ 1 \ 5 \ 3 \ 8 \ 4 \ 1 \ 4 \ 1 \ 2 \ 7 \ 1 \ 2 \ 2 \ 2 \ 3 \ 4 \ 2,$$

entonces

$$N_0 = 0, \quad N_1 = 6, \quad N_2 = 6, \quad N_3 = 6, \quad N_4 = 5, \quad N_5 = 7,$$

y $\lambda(\text{sim}) = \frac{99}{30} = 3.3$. Para este valor de $\lambda(\text{sim})$ se calculan las correspondientes probabilidades $p(\text{sim})$:

$$\hat{p}_i(\text{sim}) = e^{-3.3} \cdot \frac{3.3^i}{i!}, \quad 1 \leq i \leq 4, \quad \hat{p}_5(\text{sim}) = 1 - \sum_{i=0}^4 \hat{p}_i(\text{sim})$$

y se calcula el valor del estadístico:

$$T_{\text{sim}} = \sum_{i=0}^5 \frac{(N_i - n\hat{p}_i(\text{sim}))^2}{n\hat{p}_i(\text{sim})} = 2.7165.$$

El siguiente segmento de código estima el p -valor con 10000 simulaciones.

```

datos = np.zeros(30, int)    #muestras
N = np.zeros(6, int)        #frecuencias observadas
p = np.zeros(6, float)      #p(sim)
pvalor = 0
for _ in range(10000):
    for j in range(30):
        datos[j] = poisson(2.9)
    N *= 0

```

```

for observacion in datos:
    if observacion < 5:
        N[observacion] += 1
    else:
        N[5] += 1
_lambda = sum(datos) / len(datos)
p[0] = exp(-_lambda)
for i in range(1,5):
    p[i] = p[i-1] * _lambda / i
p[5] = 1 - sum(p[:5])
T = 0
for i in range(6):
    T += (N[i] - 30 * p[i])**2 / (30 * p[i])
if T >= 19.887012:
    pvalor += 1
print('p valor: ', pvalor / 10000)

```

8.2.2. Datos continuos - Test de Kolmogorov-Smirnov

Si las observaciones provienen de datos de tipo continuo, puede aplicarse también el test χ -cuadrado realizando una discretización. Esto es, pueden agruparse los datos en k intervalos consecutivos:

$$(-\infty, y_1], (y_1, y_2], (y_2, y_3], \dots, (y_{k-1}, \infty),$$

y considerar N_i como el número de observaciones en el intervalo i , y p_i la probabilidad dada por la distribución F de que la variable esté en el i -ésimo intervalo:

$$\begin{aligned}
 p_0 &= F(y_1), \\
 p_i &= F(y_i) - F(y_{i-1}), \quad 1 < i < k, \\
 p_k &= 1 - F(y_{k-1}).
 \end{aligned}$$

Este método, si bien puede utilizarse, tiene la desventaja de agrupar los datos en intervalos y no considerar cómo se distribuyen estos datos dentro del intervalo. El test de Kolmogorov-Smirnov resulta más adecuado para datos de tipo continuo.

Con parámetros especificados

Consideramos al igual que antes una muestra Y_1, Y_2, \dots, Y_n de datos que se suponen independientes, y la hipótesis nula está dada por:

$$H_0 : \text{los datos provienen de la distribución continua } F.$$

En primer lugar se ordenan los datos de menor a mayor. Con $Y_{(j)}$ denotamos al dato que ocupa el j -ésimo lugar luego del ordenamiento. Se considera luego la distribución empírica de los datos, F_e , donde

$$F_e(x) = \frac{\#\{j \mid Y_j \leq x\}}{n}.$$

En particular, si se asumen todos los datos distintos, se tiene que

$$F_e(x) = \begin{cases} 0 & x < Y_{(1)} \\ \frac{j}{n} & Y_{(j)} \leq x < Y_{(j+1)}, \quad 1 \leq j < n \\ 1 & x \geq Y_{(n)}. \end{cases}$$

El test de Kolmogorov-Smirnov esencialmente compara la distribución empírica de los datos con la distribución F , estimando la distancia máxima entre los dos gráficos. Así, el **estadístico de Kolmogorov-Smirnov** está dado por:

$$D = \sup_{x \in \mathbb{R}} |F_e(x) - F(x)| \quad (8.3)$$

$$= \sup \left\{ \sup_{x \in \mathbb{R}} \{F_e(x) - F(x)\}, \sup_{x \in \mathbb{R}} \{F(x) - F_e(x)\} \right\}. \quad (8.4)$$

Dado que $|F_e(x) - F(x)|$ no es una función continua en todos los reales, no podemos asegurar que alcance un máximo propiamente. Sin embargo, por tomar valores en un subconjunto acotado de \mathbb{R} podemos garantizar la existencia de un supremo.

Como $F_e(Y_{(n)}) = 1$, y $F(x) \leq 1$ para cualquier x , entonces $\sup_x \{F_e(x) - F(x)\}$ es no negativo. Además, como F es monótona creciente en el intervalo donde no vale 0 ni 1, entonces $F_e(x) - F(x)$ es decreciente en los intervalos donde F_e es constante. En particular, $F_e(x) - F(x)$ alcanza el máximo en alguno de los n puntos $Y_{(j)}$. Luego

$$\sup_{x \in \mathbb{R}} \{F_e(x) - F(x)\} = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ \frac{j}{n} - F(Y_{(j)}) \right\}.$$

Por otra parte, $F(x) \geq 0$ para todo x y $F_e(x) = 0$ si $x < Y_{(1)}$, por lo tanto el máximo de $F(x) - F_e(x)$ es no negativo. Por otra parte, como F es creciente en los intervalos donde F_e es constante, entonces $F(x) - F_e(x)$ tiene una discontinuidad de salto en cada $Y_{(j)}$, y podría decirse que el supremo se alcanza justo antes de un valor $Y_{(j)}$. Este supremo es igual a $F(Y_{(j)}) - F_e(Y_{(j-1)})$. Luego:

$$\sup_{x \in \mathbb{R}} (F(x) - F_e(x)) = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ F(Y_{(j)}) - \frac{j-1}{n} \right\}.$$

Finalmente, el estadístico D en (8.3) puede escribirse como:

$$D = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ \frac{j}{n} - F(Y_{(j)}), F(Y_{(j)}) - \frac{j-1}{n} \right\}.$$

Bajo la hipótesis H_0 , el estadístico D sigue una distribución de Kolmogorov, con una expresión bastante compleja y de la cual se tienen algunos valores tabulados para $\lim_{n \rightarrow \infty} \sqrt{n}D^1$. Por lo tanto, en la práctica es conveniente calcular el p -valor con simulaciones. Esto es, realizar k simulaciones de muestras de tamaño n de una variable con distribución F , calcular el correspondiente valor del estadístico $D = d_i$ para cada muestra, $1 \leq i \leq k$. Finalmente, se estima el p -valor a la proporción de valores d_i que exceden al valor d :

$$p - \text{valor} = \frac{\#\{i \mid d_i > d\}}{k}.$$

Una simplificación de este paso es el hecho que la distribución de D es independiente de la distribución F . Esto es, si Y_1, Y_2, \dots, Y_n denota una muestra de tamaño n de una variable con distribución F , y X_1, X_2, \dots, X_n denota una muestra de tamaño n de una variable con distribución G , y definimos los estadísticos D_F y D_G por:

$$D_F = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ \frac{j}{n} - F(Y_{(j)}), F(Y_{(j)}) - \frac{j-1}{n} \right\},$$

$$D_G = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ \frac{j}{n} - G(X_{(j)}), G(X_{(j)}) - \frac{j-1}{n} \right\},$$

entonces para cualquier d se cumple que

$$P_F(D_F \geq d) = P_G(D_G \geq d).$$

Resumimos este hecho en el siguiente teorema:

Teorema 8.1. La probabilidad $P_F(D \geq d)$ es la misma para cualquier distribución continua F .

Demostración. Denotamos con D al estadístico de Kolmogorov-Smirnov, y sea d el p -valor obtenido a partir de n observaciones independientes de una distribución continua F :

$$P_F(D \geq d) = P_F \left(\sup_{x \in \mathbb{R}} \left| \frac{\#\{i \mid Y_i \leq x\}}{n} - F(x) \right| \geq d \right).$$

Aquí el subíndice F hace referencia a la hipótesis nula. Esto es, $P_F(D \geq d)$ indica la probabilidad de que el supremo de $|F_e(x) - F(x)|$ sea mayor a d dado que las observaciones provienen de la distribución F .

Dado que F es no decreciente, entonces $Y_i \leq x$ si y sólo si $F(Y_i) \leq F(x)$. Por otra parte, $F(x)$ toma todo el rango de valores en $[0, 1]$ si x toma cualquier valor en \mathbb{R} . Luego podemos sustituir la variable $F(x)$ para $x \in \mathbb{R}$ por una variable y , con $0 \leq y \leq 1$. Así resulta:

$$P_F(D \geq d) = P \left(\sup_{0 \leq y \leq 1} \left| \frac{\#\{i \mid F(Y_i) \leq y\}}{n} - y \right| \geq d \right).$$

¹Smirnov N (1948). *Table for estimating the goodness of fit of empirical distributions*. Annals of Mathematical Statistics. 19: 279–281. doi:10.1214/aoms/1177730256.

Por otra parte, ya hemos visto que si Y tiene distribución F , entonces $F(Y)$ tiene distribución uniforme en $(0, 1)$. Por lo tanto, si Y_1, Y_2, \dots, Y_n son observaciones independientes de una variable con distribución F , entonces $F(Y_1), F(Y_2), \dots, F(Y_n)$ son observaciones independientes de una variable U con distribución uniforme. Entonces, si G es la función de distribución uniforme en $(0, 1)$ tenemos que:

$$\begin{aligned} P_F(D \geq d) &= P \left(\sup_{0 \leq y \leq 1} \left| \frac{\#\{i \mid F(Y_i) \leq y\}}{n} - y \right| \geq d \right) \\ &= P \left(\sup_{0 \leq y \leq 1} \underbrace{\left| \frac{\#\{i \mid U_i \leq y\}}{n} - y \right|}_{G_e(y) - G(y)} \geq d \right) \\ &= P_G(D \geq d). \end{aligned}$$

Luego, el p -valor obtenido bajo la hipótesis nula que los datos provienen de la distribución continua F es el mismo que si los datos provienen de la distribución uniforme. Como F es cualquier distribución continua, concluimos que el p -valor es independiente de F . \square

Volviendo a la estimación del p -valor a través de simulaciones, el Teorema 8.1 permite utilizar muestras a partir de la distribución uniforme en lugar de muestras de distribución F : Esto es, una vez observado el estadístico $D = d$ con la muestra Y_1, Y_2, \dots, Y_n , se realizan k simulaciones de muestras de tamaño n de una variable uniforme $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$. Para cada una de estas muestras simuladas, se calcula el correspondiente estadístico d_i , $1 \leq i \leq k$. Notemos que para la distribución uniforme, $G(u) = u$ para $u \in (0, 1)$. Luego el estadístico D está dado por:

$$D = \max_{1 \leq j \leq n} \left\{ \frac{j}{n} - U_{(j)}, U_{(j)} - \frac{j-1}{n} \right\}.$$

De esta manera, para estimar el p -valor a través de simulaciones es suficiente con generar muestras de tamaño n de variables aleatorias uniformes en $(0, 1)$ y calcular la proporción de valores d_i que exceden a d .

Ejemplo 8.3. Se quiere testear la hipótesis que una determinada muestra proviene de una distribución exponencial con media 100:

$$F(x) = 1 - e^{-x/100}.$$

Los valores ordenados para una muestra de tamaño 10 para esta distribución son:

55, 72, 81, 94, 112, 116, 124, 140, 145, 155,

¿qué conclusión puede obtenerse con un nivel de rechazo del 5 %?

La siguiente tabla resume los valores que deben analizarse para determinar el estadístico D . Para hacer más clara la lectura se han considerado sólo tres decimales. En particular, se observa que el valor máximo de $|F_e(x) - F(x)|$ se alcanza en $x = 55$:

j	$Y_{(j)}$	$F(Y_{(j)})$	$\frac{j}{n} - F(Y_{(j)})$	$F(Y_{(j)}) - \frac{j-1}{n}$
1	55	0.423	-0.323	0.423
2	72	0.513	-0.313	0.413
3	81	0.555	-0.255	0.355
4	94	0.609	-0.209	0.309
5	112	0.674	-0.174	0.274
6	116	0.687	-0.087	0.187
7	124	0.711	-0.011	0.111
8	140	0.753	0.047	0.053
9	145	0.765	0.135	-0.035
10	155	0.788	0.212	-0.112
$d = 0.423$				

La estimación del p -valor para este caso se hará generando k (por ejemplo $k = 10000$) muestras de tamaño 10 de una distribución uniforme. Para la i -ésima muestra, se calcula el valor d_i del estadístico D :

$$d_i = \max_{1 \leq j \leq 10} \left\{ \frac{j}{10} - U_{(j)}, U_{(j)} - \frac{j-1}{10} \right\}.$$

```

d_KS = 0.423 #estadístico
pvalor = 0.
n = 10
Nsim = 10000
for _ in range(Nsim):
    uniformes = random.uniform(0,1,n)
    uniformes.sort()
    d_j = 0
    for j in range(n):
        u_j = uniformes[j]
        d_j = max(d_j, (j + 1) / n - u_j, u_j - j / n)
    if d_j >= d_KS:
        pvalor += 1
print(pvalor/Nsim)

```

El p -valor calculado es:

$$p - \text{valor} \approx \frac{\#\{i \mid d_i \geq 0.423\}}{10000} = 0.0407.$$

Para un $\alpha = 0.05$, (confianza del 95 %), la hipótesis nula es rechazada.

Parámetros no especificados.

Si se quiere testear la hipótesis que las observaciones Y_1, Y_2, \dots, Y_n provienen de una distribución F con ciertos parámetros desconocidos, entonces en primer lugar se estiman los parámetros $\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_m$, y luego se calcula el estadístico de Kolmogorov-Smirnov:

$$D = \sup_{x \in \mathbb{R}} |F_e(x) - F_{\hat{\theta}}(x)|,$$

donde F_e es la distribución empírica de los datos, y $F_{\hat{\theta}}$ es la función de distribución obtenida con la estimación de los parámetros θ .

Si el valor de D que se obtiene es d , entonces se puede aproximar el p -valor como en el caso de parámetros especificados:

$$P_{F_{\hat{\theta}}}(D \geq d) = P_U(D \geq d),$$

donde $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$.

En caso que el p -valor resultara en el área de rechazo (< 0.05 por ejemplo), es conveniente realizar una segunda simulación más certera. Más específicamente:

1. Se generan N simulaciones de muestras de tamaño n , generadas a partir del $F_{\hat{\theta}}$.
2. Para cada una de estas muestras sim , $1 \leq sim \leq N$:

$$X_{1,sim}, X_{2,sim}, \dots, X_{n,sim},$$

se vuelven a estimar los parámetros. Llamamos $\hat{\theta}_1(sim), \hat{\theta}_2(sim), \dots, \hat{\theta}_m(sim)$. Con estas estimaciones se calcula el estadístico de Kolmogorov Smirnov a partir de la distribución empírica de la muestra simulada, y la distribución $F_{\hat{\theta}(sim)}$:

$$d_{sim} = \sup_{x \in \mathbb{R}} |F_{e,sim}(x) - F_{\hat{\theta}(sim)}(x)|.$$

3. La proporción de valores d_{sim} que superen el valor d de la muestra original será la estimación del p -valor.

Ejemplo 8.4. En el Ejemplo 8.3 podría validarse la hipótesis de que los datos provienen de una distribución exponencial, pero estimar la media a partir de la muestra. Tendríamos entonces

$$\hat{\theta} = \bar{X}(10) = 109.4.$$

El estadístico de Kolmogorov Smirnov para este valor del parámetro resulta $d_{KS} = 0.3951$, y el p -valor obtenido usando uniformes es:

$$P(D \geq 0.3951) \sim 0.0658.$$

Con este p -valor no se rechazaría la hipótesis nula a un nivel de rechazo del 5 %. Sin embargo, al ser un valor cercano a 0.05 se podría realizar una segunda simulación que no utilice uniformes sino muestras de exponenciales con media 109.4. En cada simulación el parámetro θ se estima nuevamente.

```

def F_exponencial(x, _lambda):
    'Distr. acumulada de la exponencial'
    return 1 - exp(-x * _lambda)
def K_S(datos, theta):
    'Estadístico de Kolmogorov Smirnov'
    n = len(datos)
    d = 0
    for j in range(n):
        x = datos[j]
        d = max(d, (j + 1) / n - F_exponencial(x, theta),
                F_exponencial(x, theta) - j / n)
    return d
....
d_KS = 0.3951 #estadístico
_lambda = 1. / 109.4
pvalor = 0.
Nsim = 10000
for _ in range(Nsim):
    muestra = []
    for _ in range(n):
        muestra.append(-log(1 - random()) / _lambda)
    muestra.sort()
    _lambda_est = n / sum(muestra)
    d_j = K_S(muestra, _lambda_est)
    if d_j >= d_KS:
        pvalor += 1
pvalor = pvalor / Nsim

```

El p -valor obtenido es ahora:

$$P(D \geq 0.3951) \sim 0.0064,$$

que fortalece la decisión de rechazar la hipótesis nula.

8.3. El problema de las dos muestras

En una simulación es posible generar valores de una variable aleatoria que sean útiles para el modelo, pero que no necesariamente se conozca su distribución. Por ejemplo: el tiempo total de permanencia de clientes en un servidor a lo largo de un día, o la cantidad de clientes que llegan en determinada franja horaria. Aún desconociendo la distribución, lo que sí es deseable es que

los datos que se simulan sean coherentes con las observaciones que se han obtenido del modelo real. Esto es, si se ha simulado una muestra de valores provenientes de una distribución: X_1, X_2, \dots, X_m , y se tiene una muestra observada Y_1, Y_2, \dots, Y_n , también de una distribución, interesa conocer si el conjunto de las $n + m$ variables corresponden a observaciones independientes y si provienen de la misma distribución.

En general, el **problema de las dos muestras** considera dos muestras de observaciones que provienen de distribuciones F_1 y F_2 respectivamente, y se trata de validar la siguiente hipótesis:

H_0 : Las $n + m$ variables $X_1, X_2, \dots, X_n, Y_1, Y_2, \dots, Y_m$, son independientes y provienen de una misma distribución F .

Para validar esta hipótesis, consideremos un ordenamiento de las $n + m$ variables y supongamos que todos los elementos son distintos para asegurar que el ordenamiento es único. Si las $n + m$ variables están igualmente distribuidas y son independientes, entonces todos los ordenamientos son equiprobables. Consideremos las variables X_1, X_2, \dots, X_n (Se podría elegir las otras m indistintamente.)

Denotaremos con $R(X_i)$ a la posición que ocupa el elemento X_i luego del ordenamiento, y

$$R = \sum_{i=1}^n R(X_i).$$

Por ejemplo, si $X_1 = 12, X_2 = 4, X_3 = 6, Y_1 = 9, Y_2 = 1$, el ordenamiento resulta:

$$Y_2 = 1, \quad X_2 = 4, \quad X_3 = 6, \quad Y_1 = 9, \quad X_1 = 12,$$

y entonces

$$R = R(X_1) + R(X_2) + R(X_3) = 5 + 2 + 3 = 10.$$

Diremos que $R(X_i)$ es el **rango del elemento** X_i y R es el **rango de la muestra** de tamaño n . Si se observa el valor $R = r$, y r es un valor muy grande, es indicativo que los valores $X_i, 1 \leq i \leq n$ son en general mayores que los $Y_j, 1 \leq j \leq m$. Análogamente, si r es muy pequeño, esto indica que los valores de los Y_j son mayores que los X_i . Como estas dos situaciones dan razón para rechazar la hipótesis nula H_0 , el p -valor estará asociado con las siguientes probabilidades:

$$P_{H_0}(R \geq r), \quad P_{H_0}(R \leq r).$$

Esto es, si alguna de estas probabilidades es muy pequeña se rechaza H_0 . Así, el p -valor se define como

$$p - \text{valor} = 2 \cdot \min \{ P_{H_0}(R \geq r), P_{H_0}(R \leq r) \}.$$

Se toma $2 \min \{ \}$ porque la región de confianza del $100(1 - \alpha) \%$ se elige entre dos valores r_1 y r_2 tales que

$$P_{H_0}(R \leq r_1) = P_{H_0}(R \geq r_2) = \frac{\alpha}{2}.$$

Así, si el nivel de confianza es $1 - \alpha = 0.90$, entonces la hipótesis nula será rechazada si alguna de las dos probabilidades es menor a 0.05, o lo que es lo mismo, si dos veces el mínimo es menor a 0.1.

El test de hipótesis que utiliza este p -valor se denomina **test de suma de rangos**, o de **Wilcoxon** o de **Mann-Whitney**.

Resta ahora la tarea de calcular estas probabilidades. Para ello pueden usarse dos métodos diferentes, según si n y m son valores pequeños o grandes.

8.3.1. Test de suma de rangos para n y m pequeños

Si n y m no son valores grandes y los datos son todos distintos, puede utilizarse una fórmula recursiva para calcular el p -valor. Si n o m son grandes, esta fórmula es válida pero poco eficiente.

Usaremos la notación

$$P_{n,m}(r) := P(R \leq r),$$

donde los subíndices n, m indican que los datos provienen de dos muestras de tamaño n (primera muestra) y m (segunda muestra) respectivamente, y R es el rango de la muestra de tamaño n . La fórmula recursiva se obtiene del siguiente modo. El elemento más grande de los $n + m$ valores pertenece a la primera o a la segunda muestra, y el rango de este elemento es obviamente $n + m$.

- Si este elemento pertenece a la primera muestra, entonces el rango de esta muestra es $n + m$ más el rango de los $n - 1$ elementos restantes. Luego, la probabilidad de que R sea menor o igual a r **dado que** que el mayor elemento esté en la primera muestra es igual a la probabilidad que el rango de los $n - 1$ elementos restantes de la primera muestra sea menor o igual a $r - n - m$:

$$P(R \leq r \mid \text{mayor elemento en la 1ra. muestra}) = P_{n-1,m}(r - m - n).$$

- Si el elemento mayor pertenece a la segunda muestra, entonces $R \leq r$ independientemente que este elemento esté en la segunda muestra o se lo excluya del conjunto total:

$$P(R \leq r \mid \text{mayor elemento en la 2da. muestra}) = P_{n,m-1}(r).$$

- Ahora, como el elemento mayor puede estar en la primera muestra con probabilidad $\frac{n}{n+m}$ y en la segunda con probabilidad $\frac{m}{n+m}$, entonces:

$$P_{n,m}(r) = \frac{n}{n+m} P_{n-1,m}(r - m - n) + \frac{m}{n+m} P_{n,m-1}(r).$$

Por último, si $n + m = 1$, entonces $R = 1$ en caso que $n = 1$ y $R = 0$ si $m = 1$. Así:

$$P_{1,0}(k) = P(R \leq k) = \begin{cases} 0 & k < 1 \\ 1 & k \geq 1 \end{cases}, \quad P_{0,1}(k) = P(R \leq k) = \begin{cases} 0 & k < 0 \\ 1 & k \geq 0 \end{cases}.$$

Por último, como el valor observado r es un número entero, entonces:

$$P_{H_0}(R \geq r) = 1 - P_{H_0}(R < r) = 1 - P_{H_0}(R \leq r - 1) = 1 - P_{n,m}(r - 1),$$

el p -valor puede obtenerse recursivamente.

```
def rangos(n,m,r):
    if n == 1 and m == 0:
        if r < 1:
            p = 0.
        else:
            p = 1.
    elif n == 0 and m == 1:
        if r < 0:
            p = 0.
        else:
            p = 1.
    else:
        if n == 0:
            p = rangos(0,m-1,r)
        elif m == 0:
            p = rangos(n-1,0,r-n)
        else: # n>0, m>0
            p = (n*rangos(n-1,m,r-n-m) + m*rangos(n,m-1,r)) / (n+m)
    return p
```

La desventaja de este método es que puede implicar un gran número de recursiones. En particular, si elegimos r como el menor de los rangos entre la primera y la segunda muestra, r podría tomar un valor cercano a la mitad de la suma de todos los rangos: $\frac{(n+m)(n+m+1)}{4}$. Luego la cantidad de valores de $P_{k,l}(d)$ que deberán efectuarse es del orden de

$$\frac{nm(n+m)(n+m+1)}{4},$$

que para $n = m$ es $O(n^4)$.

8.3.2. Test de suma de rangos para n y m grandes

En el caso en que n y m son grandes se sigue el siguiente procedimiento. Recordemos que

$$R = \sum_{i=1}^n R(X_i).$$

Bajo la hipótesis H_0 , se puede probar que R tiene una distribución aproximadamente normal:

$$R \sim N(E[R], \sqrt{\text{Var}(R)}), \quad \text{o bien} \quad \frac{R - E[R]}{\sqrt{\text{Var}(R)}} \sim N(0, 1).$$

Ejemplo 8.5. La Figura 8.1 muestra dos histogramas de rangos de 1000 muestras de tamaño $n = 10$, comparadas con muestras de tamaño m , para $m = 10$ y $m = 20$ respectivamente. de variables exponenciales $X_i \sim \mathcal{E}(1)$, $Y_j \sim \mathcal{E}(1)$.

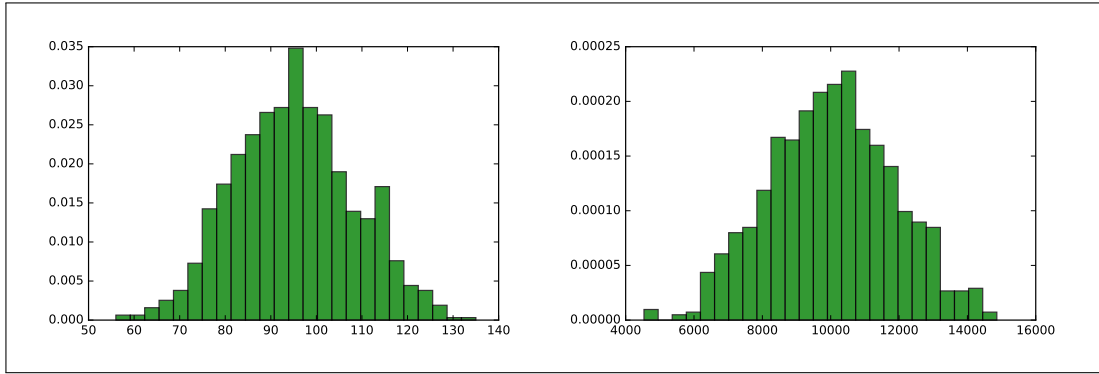


Figura 8.1: Suma de rangos: $n = m = 10$ y $n = 10$, $m = 2000$

Tenemos que $R(X_i)$ puede ser cualquier valor entre 1 y $n + m$, con igual probabilidad. Por lo tanto

$$E[R(X_i)] = \frac{n + m + 1}{2}, \quad E[R] = n \frac{n + m + 1}{2}.$$

Para el cálculo de la varianza, notemos que $R(X_i)$ y $R(X_j)$ no son independientes, en particular porque no pueden tomar simultáneamente el mismo valor. Puede probarse que

$$\text{Var}(R(X_i)) = \frac{(n + m + 1)(n + m - 1)}{12}$$

$$\text{cov}(R(X_i), R(X_j)) = -\frac{n + m + 1}{12},$$

y por lo tanto

$$\begin{aligned}\text{Var}(R) &= \sum_{i=1}^n \text{Var}(R(X_i)) + \sum_{i \neq j} \text{cov}(R(X_i), R(X_j)) \\ &= \frac{n(n+m-1)(n+m+1)}{12} - n(n-1) \frac{n+m+1}{12} \\ &= nm \frac{n+m+1}{12}.\end{aligned}$$

Así, bajo la hipótesis nula H_0 , se tiene que

$$\frac{R - n(n+m+1)/2}{\sqrt{nm(n+m+1)/12}} \sim N(0, 1).$$

Luego, si $Z \sim N(0, 1)$ y

$$r^* = \frac{r - n(n+m+1)/2}{\sqrt{nm(n+m+1)/12}},$$

entonces el p -valor puede calcularse como

$$2 \min \{P(Z \leq r^*), P(Z \geq r^*)\}.$$

Por la propiedad de simetría de Z , este mínimo es $P(Z \leq r^*)$ si $r^* \leq 0$ y es $P(Z \geq r^*)$ en caso contrario. En términos de r esto es:

$$p - \text{valor} = \begin{cases} 2 P(Z \leq r^*) & \text{si } r \leq n \frac{n+m+1}{2} \\ 2 P(Z > r^*) & \text{en caso contrario.} \end{cases} \quad (8.5)$$

Si los $n + m$ datos son todos distintos, entonces todos los ordenamientos son igualmente probables y equivalen a todos los ordenamientos del conjunto de números $\{1, 2, 3, \dots, n + m\}$. Por lo tanto, una vez observado el valor $R = r$, el p -valor puede determinarse simulando N permutaciones de los primeros $n + m$ números naturales y calculando en cada simulación el valor $R = R(1) + R(2) + \dots + R(n)$. Finalmente,

$$p - \text{valor} = 2 \min \left\{ \frac{\#\{R \mid R \geq r\}}{N}, \frac{\#\{R \mid R \leq r\}}{N} \right\}.$$

Por último, si los $n + m$ datos no son todos distintos entonces hay más de un ordenamiento posible y en consecuencia puede haber más de un rango para la muestra de tamaño n . En este caso, el rango R se define como el promedio de los rangos de cada ordenamiento. Por ejemplo, si los datos de las dos muestras son:

$$2 \quad 5 \quad 3, \quad \quad \quad 3 \quad 4 \quad 4,$$

los ordenamientos posibles y los correspondientes rangos de la primera muestra son:

$$\begin{array}{cccccc} \mathbf{2} & \mathbf{3} & 3 & 4 & 4 & \mathbf{5} & R = 9 \\ \mathbf{2} & 3 & \mathbf{3} & 4 & 4 & \mathbf{5} & R = 10 \end{array}$$

y en este caso se define el rango como $R = 9.5$. En este caso el p -valor se estima con la aproximación a la normal estándar, es decir, con la fórmula (8.5).

8.4. Test de rangos para varias muestras

En el caso que se quiera testear que varias muestras provienen de observaciones independientes de una misma distribución F , se aplica el **Test de rangos para varias muestras**. En este caso, se consideran m muestras provenientes de distribuciones F_1, F_2, \dots, F_m , respectivamente:

$$\begin{array}{c} X_1^{(1)}, X_2^{(1)}, \dots, X_{n_1}^{(1)}, \\ X_1^{(2)}, X_2^{(2)}, \dots, X_{n_2}^{(2)}, \\ \vdots \\ X_1^{(m)}, X_2^{(m)}, \dots, X_{n_m}^{(m)}, \end{array}$$

de tamaños n_1, n_2, \dots, n_m respectivamente. La hipótesis nula es:

- H_0 : Las $n = n_1 + n_2 + \dots + n_m$ observaciones son independientes y provienen de una misma distribución F .

Asumimos en principio que todos los valores son distintos.

Luego de haber ordenado los $n = n_1 + n_2 + \dots + n_m$ valores, se calcula el rango de cada una de las muestras. Denotamos con R_i al rango de la i -ésima muestra, para $1 \leq i \leq m$. Si todas las muestras provienen de la misma distribución, entonces todos los ordenamientos son igualmente probables. Al igual que antes, el valor esperado de R_i está dado por:

$$E[R_i] = n_i \frac{n+1}{2}.$$

El **Test de rangos para múltiples muestras** o **Test de Kruskal-Wallis** se basa en el siguiente estadístico:

$$R = \frac{12}{n(n+1)} \sum_{i=1}^m \frac{(R_i - n_i \frac{n+1}{2})^2}{n_i}.$$

Notemos que bajo la hipótesis que todos los valores provienen de la misma distribución, es razonable suponer que los rangos R_i estén próximos a su valor esperado $E[R_i]$, en relación a su varianza. Es decir, es aceptable tener un valor *pequeño* de R . Por el contrario, si se observa un valor $R = r$ *grande*, entonces se rechaza la hipótesis nula. Luego el p -valor se define en este caso como

$$p - \text{valor} = P_{H_0}(R \geq r),$$

y la hipótesis nula será rechazada si este valor es menor que α determinado por un cierto grado de confianza $1 - \alpha$.

Bajo la hipótesis nula H_0 , R se distribuye aproximadamente como una variable aleatoria chi cuadrado con $m - 1$ grados de libertad:

$$p - \text{valor} = P(\chi_{m-1}^2 \geq r). \quad (8.6)$$

Finalmente, en el caso en que las observaciones tomen valores repetidos, el rango R_i se define como el promedio de los rangos de la muestra i en todos los ordenamientos posibles. Para el p -valor se utiliza la misma aproximación que en (8.6).

8.5. Validación de Procesos de Poisson

Supongamos que se han observado o simulado los tiempos de arribo de clientes a un servidor a los largo de varios días, e interesa testear que el número de arribos constituye un proceso de Poisson no homogéneo. Para validar esta hipótesis, consideramos la siguiente hipótesis nula:

Hipótesis 1: Los procesos de arribos de cada día responden a procesos de Poisson no homogéneos, independientes y con una misma función de intensidad.

Sea m el número de días en que se han observado los tiempos de llegada, y denotamos N_1, N_2, \dots, N_m el número de arribos en cada día, respectivamente. Sea $[0, T]$ el intervalo de tiempo correspondiente a un día.

Si los procesos observados son de Poisson, con la misma función de intensidad e independientes entre sí, entonces N_1, N_2, \dots, N_m es una muestra de una variable aleatoria Poisson $\mathcal{P}(m_T)$. Aquí m_T corresponde al valor medio de la función de intensidad en un día.

Testeamos entonces la siguiente hipótesis nula, más débil que la anterior:

Hipótesis 2: Las observaciones N_1, N_2, \dots, N_m son independientes y provienen de una misma distribución de Poisson.

Para testear la Hipótesis 2, puede utilizarse el test chi cuadrado estimando el parámetro no especificado, m_T . Este parámetro indica la tasa promedio de llegada en $[0, T]$ y puede ser estimado como

$$\hat{m}_T = \frac{N_1 + N_2 + \dots + N_m}{m}.$$

Otra forma de analizarlo y que puede resultar más eficiente, es basarse en la propiedad que el valor esperado y la varianza de una variable aleatoria Poisson son iguales. Luego se consideran la media muestral \bar{N} y la varianza muestral S^2 como estimadores de la media y la varianza:

$$\bar{N} = \frac{1}{m} \sum_{i=1}^m N_i, \quad S^2 = \frac{1}{m-1} \sum_{i=1}^m (N_i - \bar{N})^2.$$

Si la hipótesis nula es cierta, el estadístico

$$T = \frac{S^2}{\bar{N}} \quad (8.7)$$

no debería tomar valores ni muy pequeños ni muy grandes. Como siempre, el concepto de valor *pequeño* o *grande* es siempre en relación a los valores que toma T cuando la hipótesis nula es cierta.

Llamamos $\hat{\lambda}$ el parámetro m_T estimado en la muestra. Entonces el p -valor para la observación $T = t$ del estadístico, se define como:

$$p - \text{valor} = 2 \min\{P_{\hat{\lambda}}(T \leq t), P_{\hat{\lambda}}(T \geq t)\}, \quad (8.8)$$

donde el subíndice en $P_{\hat{\lambda}}$ indica que la probabilidad es calculada asumiendo que las variables son de Poisson con media $\hat{\lambda}$. El p -valor en (8.8) se aproxima realizando M simulaciones. En la j -ésima simulación, $1 \leq j \leq M$,

1. se simula una muestra de tamaño m , $X_1^{(j)}, X_2^{(j)}, \dots, X_m^{(j)}$ de una variable con distribución de Poisson. Esto es, $X_i^{(j)} \sim \mathcal{P}(\hat{\lambda})$.
2. Se evalúa el estadístico T dado en (8.7) en la muestra, obteniendo el valor $T = t_j$.

Finalmente, el p -valor se obtiene como

$$2 \min \left\{ \frac{\#\{j \mid t_j \leq t\}}{M}, \frac{\#\{j \mid t_j \geq t\}}{M} \right\}.$$

En el caso en que este p -valor no sea muy pequeño, la Hipótesis 2 no se rechaza y podemos asumir que *la cantidad de arribos* en los m días observados: N_1, N_2, \dots, N_m , son independientes y provienen de una distribución de Poisson.

Queda aún por testear la Hipótesis 1, que reescribimos como:

- a) cada día el proceso de arribos es un proceso de Poisson no homogéneo, y
- b) la intensidad del proceso de Poisson es la misma en todos los días.

Consideramos entonces los tiempos de arribos en cada uno de los días:

$$\begin{aligned} &X_1^{(1)}, X_2^{(1)}, \dots, X_{n_1}^{(1)}, \\ &X_1^{(2)}, X_2^{(2)}, \dots, X_{n_2}^{(2)}, \\ &\vdots \\ &X_1^{(m)}, X_2^{(m)}, \dots, X_{n_m}^{(m)}. \end{aligned}$$

Se puede demostrar que si cada una de estas m muestras corresponden a los tiempos de arribos de procesos de Poisson no homogéneos con la misma función de intensidad $\lambda(t)$, entonces las $n = n_1 + n_2 + \dots + n_m$ observaciones son independientes y provienen de una misma distribución.

En base a este resultado, se puede aplicar el **test de rangos para múltiples muestras**, pero atendiendo a la siguiente diferencia. Este test presupone que cada una de las muestras efectivamente contiene observaciones independientes y de *alguna* distribución, y lo que se analiza es si en realidad las m muestras provienen todas de la *misma* distribución.

En cambio, en el caso que se han observado los tiempos de arribos en los m días, no se presupone que cada día correspondan a un proceso de Poisson no homogéneo, o provengan de alguna distribución, pues esto es precisamente lo que se quiere testear. Así, si bien se considera el mismo estadístico:

$$R = \frac{12}{n(n+1)} \sum_{i=1}^m \frac{(R_i - n_i \frac{n+1}{2})^2}{n_i},$$

no se esperan ni valores grandes ni tampoco pequeños. Esto es, si t es pequeño puede ser un indicativo que las observaciones no son independientes. Luego, el p -valor para la observación $R = r$ se define por:

$$\begin{aligned} p - \text{valor} &= 2 \min \{P(R \leq r), P(R \geq r)\} \\ &= 2 \min \{P(\chi_{m-1}^2 \leq r), P(\chi_{m-1}^2 \geq r)\}. \end{aligned}$$

8.5.1. Validación de un proceso de Poisson homogéneo

Todo el análisis previo también es válido para un proceso de Poisson homogéneo, ya que en este caso se estaría considerando una función de intensidad constante. Sin embargo, un proceso de Poisson homogéneo posee propiedades que no se hacen extensivas a un proceso no homogéneo en general. Una de estas propiedades es la siguiente:

- Dado el número de arribos $N(T)$, los tiempos de arribos se distribuyen uniformemente en $(0, T)$.

Así, si las m muestras provienen de m procesos de Poisson homogéneos, todos con la misma tasa, entonces cada una de las muestras contiene observaciones independientes de una variable con distribución uniforme en $(0, T)$. Por lo tanto el conjunto de los $n = n_1 + n_2 + \dots + n_m$ tiempos de arribo observados deberían también estar uniformemente distribuidos en $(0, T)$. Esta hipótesis puede testearse con Kolmogorov-Smirnov, o el test chi cuadrado.

8.5.2. Estimación de la función de intensidad

Una vez que se ha validado que los procesos de arribos en los diferentes días responden a procesos de Poisson con una misma función de intensidad, puede interesar determinar cuál es esta función de intensidad.

Si se ha testado que corresponden a procesos homogéneos, entonces la tasa de llegada puede estimarse como el cociente entre el número total de llegadas y el tiempo total en los m días:

$$\hat{\lambda} = \frac{n_1 + n_2 + \cdots + n_m}{mT}.$$

Recalcamos que un día corresponde a un intervalo de tiempo $[0, T]$, es decir, T unidades de tiempo.

Si en cambio se ha rechazado la hipótesis que el proceso sea homogéneo, la función de intensidad puede reconstruirse del siguiente modo. Consideramos los n tiempos de arribos de los m días, ordenados de menor a mayor: $Y_1, Y_2, Y_3, \dots, Y_n$.

Definimos $Y_0 = 0$, y observamos que en el intervalo de tiempo

$$(Y_j, Y_{j+1}], \quad j \geq 0$$

se ha observado un único arribo en los m días, de donde podríamos estimar un promedio de $1/m$ arribos diarios. Por lo tanto un estimador de $\lambda(t)$ puede ser tal que:

$$N(Y_{j+1}) - N(Y_j) = \int_{Y_j}^{Y_{j+1}} \hat{\lambda}(t) dt = \frac{1}{m}.$$

Luego puede aproximarse la función de intensidad como constante entre dos observaciones consecutivas:

$$\hat{\lambda}(t) = \frac{1}{m(Y_{j+1} - Y_j)}, \quad Y_j < t \leq Y_{j+1},$$

8.6. Ejemplo

8.6.1. El problema

A lo largo de cuatro jornadas se han observado los siguientes tiempos de llegada en un intervalo de dos horas y media de tiempo:

Tiempos de arribo X_{ji}						N_j
1.626	1.767	1.771	1.955	2.335		5
0.927	1.593	1.832				3
0.291	0.442	0.769	1.512	2.109		5
0.679	1.110	2.085	2.340			4
0.265	2.177	2.225				3
1.664	1.945	2.472				3
0.123	1.991	2.106	2.156	2.267		5
0.201	0.775	1.002	1.217	2.077	2.449	6
0.202	1.321	1.347	1.754			4
1.854	2.400					2

Se desea validar la hipótesis que los arribos han ocurrido de acuerdo a un proceso de Poisson no homogéneo con la misma intensidad $\lambda(t)$.

8.6.2. Validación del número de arribos como variable aleatoria Poisson

En primer lugar, validamos la hipótesis:

Hipótesis a) El número de arribos es una variable aleatoria Poisson.

Para esto, estimamos el parámetro λ del proceso:

$$\hat{\lambda} = \frac{N_1 + N_2 + \cdots + N_{10}}{10} = 4.0,$$

y calculamos el estadístico para la prueba chi-cuadrado de bondad de ajuste. En este caso podemos tomar $k = 6$, el número máximo de arribos. Llamamos A_j a la frecuencia observada del valor j . Sea

$$p_j = e^{-\hat{\lambda}} \frac{\hat{\lambda}^j}{j!}, \quad 0 \leq j < k, \quad p_k = 1 - \sum_{j=0}^{k-1} p_j.$$

Así las probabilidades teóricas y el estadístico resultan:

$$[p_0, p_1, p_2, p_3, p_4, p_5, p_6] = [0.018, 0.073, 0.147, 0.195, 0.195, 0.156, 0.215]$$

$$T = \sum_{j=0}^k \frac{(A_j - 10p_j)^2}{10p_j} = 3.560.$$

Para estimar este p valor, realizamos 10000 simulaciones. En cada simulación se genera una muestra de tamaño 10 de variables Poisson con media 4.0. Por cada muestra se vuelve a estimar su media, se calcula el valor del estadístico y se compara con el de la muestra original: $t_0 = 3.560$. El p -valor obtenido con 10000 simulaciones es

$$P_{H_0}(T \geq 3.560) = P(\chi_{7-1-1}^2 \geq 3.560) \simeq 0.6123.$$

Un segundo test consiste en calcular el estadístico $\tilde{T} = \frac{S^2(10)}{\bar{X}(10)}$, que en este caso resulta con el valor

$$\tilde{T} \simeq \frac{0.527}{1.528} \simeq 0.345.$$

La misma simulación de 10000 muestras de tamaño 10 de variables aleatorias $\mathcal{P}(4.0)$ arroja un p -valor

$$p = 2 \cdot \min\{P_{H_0}(\tilde{T} \geq 0.345), P_{H_0}(\tilde{T} \leq 0.345)\} = 0.108.$$

A un nivel de rechazo del 5 % la hipótesis nula no es rechazada.

8.6.3. Validación del proceso no homogéneo

Dado que no se rechaza la hipótesis de que el número de arribos diario sea una variable aleatoria Poisson, podemos avanzar sobre la segunda hipótesis:

Hipótesis 2: Las muestras provienen de observaciones independientes de una misma distribución.

Recordamos que si las observaciones provienen de muestras de Procesos de Poisson no homogéneos, todos con la misma intensidad, entonces los tiempos de arribos son muestras con observaciones independientes todas ellas de una misma distribución. Aplicamos entonces el Test de Rangos para múltiples muestras, con la observación que en este caso no hay una hipótesis de cuál es la distribución común.

Los rangos de las muestras son los siguientes:

$$[R_1, R_2, \dots, R_{10}] = [123, 50, 66, 85, 71, 84, 125, 102, 52, 62].$$

El total de observaciones es $N = 40$, por lo cual

$$\frac{12}{N(N+1)} \sum_{i=1}^{10} \frac{(R_i - A_i \frac{N+1}{2})^2}{A_i} \simeq 8.897.$$

Para estimar el p -valor realizamos 10000 simulaciones, cada una con 10 muestras de una misma distribución de tamaños A_1, A_2, \dots, A_{10} respectivamente. Eligiendo muestras de una distribución uniforme $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$, y calculando el estadístico para el test de rangos de múltiples muestras obtenemos:

$$p - \text{valor} \sim P(\chi_9^2 \geq 8.897) = 0.4738.$$

Por lo tanto **no se rechaza la hipótesis nula** de que los datos provienen de 10 muestras de una misma distribución. En particular no hay evidencias para rechazar que provengan todas de observaciones de proceso de Poisson no homogéneo.

8.6.4. Validación del proceso homogéneo

En particular podría tratarse de un proceso de Poisson homogéneo. En este caso, los tiempos de arribo deberían estar uniformemente distribuidos en el intervalo $(0, 2.5)$. El estadístico de Kolmogorov-Smirnov arroja el valor:

$$D = d_{KS} = 0.2372.$$

Una simulación para el p -valor con 10000 muestras de tamaño 40 tomadas de una distribución $U \sim \mathcal{U}(0, 1)$ estima:

$$p - \text{valor} = P(D \geq 0.2372) = 0.0176.$$

A un nivel del 5 % se rechaza la hipótesis nula.

8.6.5. Estimación de la función de intensidad

Para la estimación de la función de intensidad $\lambda(t)$, se ordenan las 40 observaciones de menor a mayor,

$$Y_1 < Y_2 < \dots < Y_{40},$$

se define $Y_0 = 0$ y una estimación de $\lambda(t)$ es:

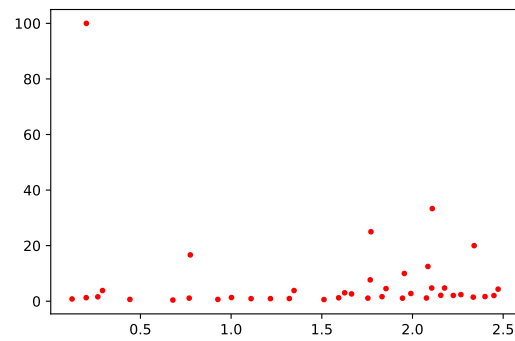
$$\hat{\lambda}(t) = \frac{1}{10(Y_{j+1} - Y_j)}, \quad Y_j \leq t < Y_{j+1}, \quad 0 \leq j < 40. \quad (8.9)$$

Esto es, dado que $N(Y_{j+1}) - N(Y_j) = 1$, significa que en 10 jornadas ocurrió un único evento en el intervalo (Y_j, Y_{j+1}) . Luego la tasa de llegada promedio es:

$$N(Y_{j+1}) - N(Y_j) = \int_{Y_j}^{Y_{j+1}} \lambda(t) dt = \frac{1}{10},$$

de donde se sigue que una aproximación de $\lambda(t)$ como constante es como en (8.9). El gráfico de $\hat{\lambda}(Y_j)$, $0 \leq j \leq 40$ se muestra en la Figura 8.6.5. Como puede observarse, existen varios valores extremos o *outliers* producidos por valores muy cercanos en el tiempo: 0.201, 0.202 en comparación con otros valores vecinos.

Esto hace necesario la construcción de otros estimadores más *robustos* para la función de intensidad $\lambda(t)$, tema que está fuera del objetivo de este curso.



Capítulo 9

Cadenas de Markov

9.1. Introducción

Dado un espacio de probabilidad (Ω, \mathbb{P}) y un conjunto de números $T, T \subset \mathbb{R}$, un proceso estocástico X en Ω es una función

$$X : T \times \Omega \mapsto \mathbb{R}.$$

Así, para cada $t \in T$, $X(t, \cdot)$ es una variable aleatoria, y para cada $\omega \in \Omega$, $X(\cdot, \omega)$ es una función.

Si T es un subconjunto de los números enteros u otro subconjunto discreto, se dice que es un proceso estocástico **discreto**, y de lo contrario es un proceso estocástico **continuo**. La variable $t \in T$ suele ser una variable temporal o una variable espacial.

Ejemplo 9.1. Supongamos que una moneda se arroja infinitas veces, y denotemos con C y X el resultado de **cara** y **cruz**, respectivamente. Las tiradas son independientes y la probabilidad de obtener una cara la denotamos con p . Consideramos Ω el conjunto de todos los resultados posibles. Así un elemento $\omega \in \Omega$ es una sucesión infinita de caras y cruces:

$$\omega = \omega_1\omega_2\omega_3\omega_4 \dots \omega_n \dots \quad \omega_i = C \text{ o } \omega_i = X, \quad i \geq 1.$$

Ahora consideramos un juego en el que comenzamos con un número positivo en $t = 0$, digamos $X_0 = 12$, y en cada tiempo $t = 1, 2, 3, \dots$ se arroja la moneda y si sale C se multiplica al número por 2 y si sale cruz se divide por 2. Llamamos X_1, X_2, X_3, \dots a los sucesivos resultados.

En este caso, el proceso estocástico está dado por una función X que depende de las tiradas de moneda $\omega \in \Omega$ y de cada tiempo t . Así, si $\omega = CXX \dots$, entonces $X_0 = 12$, $X_1 = 24$, $X_2 = 12$ y $X_3 = 6$. Es decir, obtenemos una función de $T = \{0, 1, 2, 3, \dots\} \mapsto \mathbb{R}$. Por otro lado, si fijamos $t = 2$, entonces X_2 resulta una variable aleatoria que depende de las tiradas de

moneda, en este caso sólo de las dos primeras tiradas de moneda:

$$X_2(\omega) = \begin{cases} 48 & \text{si } \omega = CC\omega_3\omega_4 \dots \\ 12 & \text{si } \omega = CX\omega_3\omega_4 \dots \text{ o } \omega = XC\omega_3\omega_4 \dots \\ 3 & \text{si } \omega = XX\omega_3\omega_4 \dots \end{cases}$$

Notemos que si p es la probabilidad de que la moneda salga cara y las tiradas son independientes, entonces X_2 tiene distribución binomial con parámetros $(2, p)$. A su vez, X_1 es Bernoulli y $X_3 \sim \text{Bin}(3, p)$.

$$P(X_2 = 48) = P(\omega = CC\omega_3\omega_4 \dots) = p^2$$

$$P(X_3 = 6) = P(\omega = CXX \dots) + P(\omega = CXC \dots) + P(\omega = XXC \dots) = \binom{3}{1} p(1-p)^2$$

$$P(X_3 = 96) = P(\omega = CCC\omega_4 \dots) = p^3.$$

Esto es, en cada tiempo t se tiene que X_t es una variable aleatoria con una cierta distribución. En particular, el estado inicial X_0 podría haberse elegido igual a 12 con probabilidad 1 o también podría ser una variable aleatoria con cierta distribución.

El **conjunto de estados** de un proceso estocástico X está dado por todos los valores que puede tomar el proceso. Esto es:

$$S = \{X(t, \omega) \mid t \in I, \omega \in \Omega\}.$$

En el Ejemplo 9.1, el conjunto de estados es infinito y discreto, y está dado por todos los valores posibles de X_t : $S = \{1.5, 3, 6, 12, 24, 48, 96, \dots\}$.

Según si el conjunto de estados es continuo o discreto y si T es discreto o continuo, los procesos estocásticos reciben diferentes nombres.

- Una **cadena** es un proceso estocástico donde T es discreto y S es discreto. Es el caso del Ejemplo 9.1.
- Un **proceso puntual** es un proceso con T continuo y S discreto. Un caso particular son los Procesos de Poisson.
- Si T es discreto y S es continuo se tiene una **sucesión de variables aleatorias continuas**. Por ejemplo, podría medirse cada día la temperatura media en un cierto punto geográfico.
- Si T es continuo y S es continuo se trata de un **Proceso continuo**. Un ejemplo son los movimientos brownianos que modelan el comportamiento aleatorio de una partícula que se desplaza sobre un fluido. En este caso T es una variable espacial.

En estas notas nos centraremos en cadenas, y particularmente las llamadas cadenas de Markov.

9.2. Cadenas de Markov

9.2.1. Propiedad de Markov

Un proceso estocástico tiene la **Propiedad de Markov** si, dado el estado presente los estados futuros no dependen del pasado. El enunciado formal de esta propiedad para un proceso estocástico general requiere definir conceptos que no son objeto de este curso. Pero podemos dar una definición más concreta para el caso de un proceso estocástico discreto.

Definición 9.1. Dado el proceso estocástico discreto

$$X_0, X_1, X_2, \dots, X_n, \dots,$$

donde X_i indica el estado del sistema en el tiempo i , el proceso cumple la **propiedad de Markov** si

$$P(X_{n+1} \leq x \mid X_n, X_{n-1}, \dots, X_0) = P(X_{n+1} \leq x \mid X_n).$$

También se dice que X es un **proceso de Markov** o **proceso Markoviano**.

Un proceso de Markov con un conjunto discreto de estados S es una **cadena de Markov**. En este caso la propiedad de Markov se puede escribir también como:

$$P(X_{n+1} = j \mid X_n = x_n, X_{n-1} = x_{n-1}, \dots, X_0 = x_0) = P(X_{n+1} = j \mid X_n = x_n), \quad (9.1)$$

para cada $j, x_0, x_1, \dots, x_n \in S$.

Ejemplo 9.2. El proceso estocástico del Ejemplo 9.1 es una cadena de Markov. Por ejemplo, dados los valores de X_0, X_1 y X_2 , el valor de X_3 sólo depende de X_2 :

$$\begin{aligned} P(X_3 = j \mid X_2, X_1, X_0) &= P(X_2 \cdot 2 = j \mid X_2, X_1, X_0) + P(X_2 \cdot \frac{1}{2} = j \mid X_2, X_1, X_0) \\ &= P(X_3 = j \mid X_2). \end{aligned}$$

9.2.2. Probabilidades de transición

Dada una cadena de Markov $(X_n)_{n \geq 0}$ con conjunto de estados $S = \{0, 1, 2, \dots\}$, se llaman **probabilidades de transición** a los números:

$$P(X_{n+1} = j \mid X_n = i), \quad i, j \in S, \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

Una cadena de Markov se dice **homogénea** si sus probabilidades de transición no dependen del tiempo n . Consideraremos sólo este tipo de cadenas de Markov y usaremos la notación:

$$p_{ij} = P(X_{n+1} = j \mid X_n = i), \quad i, j \in S,$$

Así p_{ij} es la probabilidad de transición en un paso desde el estado i al estado j . Las probabilidades de transición verifican las siguientes propiedades:

- $p_{ij} \geq 0$, para todo $i, j \in S$.
- $\sum_{j \in S} p_{ij} = 1$, para todo $i \in S$.

La **distribución inicial** de la cadena $(X_n)_{n \geq 0}$ es la función

$$\pi(j) = P(X_0 = j), \quad j \in S.$$

La función π verifica las siguientes propiedades:

- $\pi(j) \geq 0$, para todo $j \in S$.
- $\sum_{j \in S} \pi(j) = 1$.

Así, dada la distribución inicial y las probabilidades de transición, la cadena de Markov queda unívocamente determinada. En particular, la distribución conjunta de X_0, X_1, \dots, X_n viene dada por:

$$P(X_0 = x_0, X_1 = x_1, \dots, X_n = x_n) = \pi(x_0)p_{x_0x_1}p_{x_1x_2} \cdots p_{x_{n-1}x_n}.$$

La **matriz de transición** de una cadena de Markov homogénea con un número finito de estados $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ es la matriz $(N + 1) \times (N + 1)$ definida por:

$$Q = (p_{ij}) = \begin{pmatrix} p_{00} & p_{01} & p_{02} & \cdots \\ p_{10} & p_{11} & p_{12} & \cdots \\ p_{20} & p_{21} & p_{22} & \cdots \\ \cdots & \cdots & \cdots & \cdots \end{pmatrix}.$$

De las propiedades de las probabilidades de transición puede verse que esta matriz Q tiene las siguientes propiedades:

- Sus elementos p_{ij} cumplen $0 \leq p_{ij} \leq 1$.
- Los elementos de una fila suman 1.

La matriz de transición permite también calcular la probabilidad de pasar de un estado a otro en más de un paso.

Teorema 9.1 (Ecuaciones de Chapman Kolmogorov). Sea $Q = (p_{ij})$ la matriz de transición de una cadena de Markov. Entonces la matriz Q^n contiene las probabilidades de transición en n etapas. Esto es

$$(Q^n)_{ij} = P(X_{t+n} = j \mid X_t = i) = P(X_n = j \mid X_0 = i).$$

Demostración. Demostraremos este hecho por inducción. Para $n = 1$ el resultado se deduce de la definición de Q . Para $n = 2$, notemos que

$$\begin{aligned}
 P(X_2 = j \mid X_0 = i) &= \sum_{k \in S} P(X_2 = j, X_1 = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} P(X_2 = j \mid X_1 = k, X_0 = i) P(X_1 = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} P(X_2 = j \mid X_1 = k) P(X_1 = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} p_{ik} \cdot p_{kj} = Q_{ij}^2
 \end{aligned}$$

Supongamos que se cumple para $k = n$ que Q^n contiene las probabilidades de transición en n pasos. Denotaremos con $q_{ij}^{(n)}$ para indicar la entrada matricial (i, j) de Q^n . Entonces:

$$\begin{aligned}
 P(X_{n+1} = j \mid X_0 = i) &= \sum_{k \in S} P(X_{n+1} = j, X_n = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} P(X_{n+1} = j \mid X_n = k, X_0 = i) P(X_n = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} P(X_{n+1} = j \mid X_n = k) P(X_n = k \mid X_0 = i) \\
 &= \sum_{k \in S} p_{ik}^{(n)} \cdot p_{kj} = Q_{ij}^{n+1}
 \end{aligned}$$

□

Notación: Seguiremos utilizando la notación $p_{ij}^{(n)}$ para indicar la entrada matricial (i, j) de Q^n .

Ejemplo 9.3. Supongamos que una máquina puede tener dos estados: en condiciones de operar (estado 0) y descompuesta (estado 1). Las probabilidades de transición están dadas por:

$$p_{01} = P(0, 1) = P(X_{n+1} = 1 \mid X_n = 0) = 0.15$$

$$p_{10} = P(1, 0) = P(X_{n+1} = 0 \mid X_n = 1) = 0.75.$$

Luego la matriz de transición es:

$$Q = \begin{pmatrix} 0.85 & 0.15 \\ 0.75 & 0.25 \end{pmatrix}$$

Así, si el estado inicial es 0, la máquina tiene una probabilidad del 15 % de romperse y un 85 % de permanecer operativa. Si la máquina está rota tiene un 25 % de permanecer rota y un 75 % de ser reparada.

Las matrices Q , Q^2 , Q^3 y Q^4 están dadas por:

$$Q = \begin{pmatrix} 0.85 & 0.15 \\ 0.75 & 0.25 \end{pmatrix} \quad Q^2 = \begin{pmatrix} 0.835 & 0.165 \\ 0.825 & 0.175 \end{pmatrix}$$

$$Q^3 = \begin{pmatrix} 0.8335 & 0.1665 \\ 0.8325 & 0.1675 \end{pmatrix} \quad Q^4 = \begin{pmatrix} 0.83335 & 0.16665 \\ 0.83325 & 0.16675 \end{pmatrix}.$$

Observemos que si la máquina está inicialmente descompuesta ($X_0 = 1$), entonces en el paso 4 tendremos:

$$P(X_4 = 1, X_0 = 1) = P(X_4 = 1 \mid X_0 = 1)P(X_0 = 1) = 0.16674 \cdot 1 \sim 17 \%.$$

En esta cadena, la máquina tiende a tener una probabilidad del 83 % de estar reparada y un 17 % de romperse, independientemente del estado inicial.

Para tener una expresión exacta de las probabilidades $p_{ij}^{(n)}$ puede utilizarse la propiedad de los autovalores de la matriz Q cuando ésta es diagonalizable. En este ejemplo la matriz Q tiene dos autovalores: 1 y 0.1. Esto indica que para cada par i, j existen números $a, b \in \mathbb{R}$ tales que:

$$p_{ij}^{(n)} = a \cdot 1^n + b \cdot (0.1)^n.$$

Dado que Q^0 es la matriz identidad y $Q^1 = Q$, reemplazamos los valores conocidos para $n = 0$ y $n = 1$ para obtener a y b .

En este caso tendremos por ejemplo que:

$$\begin{cases} p_{00}^0 = 1 = a + b \\ p_{00}^1 = 0.85 = a + b \cdot 0.1 \end{cases}$$

cuya solución es $a = \frac{5}{6}$, $b = \frac{1}{6}$. De esta manera tenemos que

$$p_{00}^{(n)} = \frac{5}{6} + \frac{1}{6} \cdot (0.1)^n, \quad \text{para todo } n \in \mathbb{N}.$$

Ejemplo 9.4. El país de Oz está bendecido por muchas bondades, pero no por el buen tiempo. Nunca hay dos días soleados seguidos. Cada día que hay sol, es igualmente probable que al día siguiente llueva o nieve. Si llueve o nieva, al día siguiente sigue igual o cambia el clima con igual probabilidad, y en caso que cambie el clima sólo la mitad de las veces sigue un día soleado.

Con esta información podemos construir una cadena de Markov con estados L , N y S según sea un día de lluvia, de nieve o de sol respectivamente. La matriz de transición resulta:

L	N	S
L	0.5	0.25
N	0.25	0.5
S	0.5	0

o específicamente $Q = \begin{pmatrix} 0.5 & 0.25 & 0.25 \\ 0.25 & 0.5 & 0.25 \\ 0.5 & 0.5 & 0 \end{pmatrix}.$

9.2.3. Diagrama de transición

Dada una cadena de Markov con un conjunto finito de estados, el **diagrama de transición** de la cadena es un grafo dirigido cuyos nodos(vértices) son los estados de la cadena y cuyos arcos(aristas) se etiquetan con la probabilidad de transición entre los estados que ellos unen. Si $p_{ij} = 0$ entonces no existe arco del nodo i al nodo j .

La Figura 9.1 muestra el diagrama de transición para el Ejemplo 9.3: Para el Ejemplo 9.4

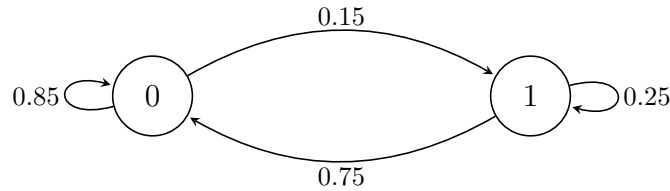


Figura 9.1: Diagrama de transición

el diagrama de transición es como en la Figura 9.2.

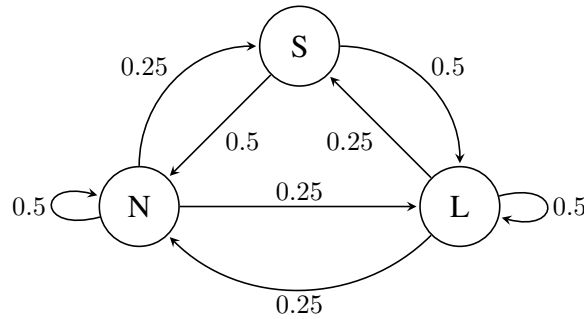


Figura 9.2: Diagrama: el clima en el país de Oz

9.2.4. Estructura de clases

Dada una cadena de Markov $(X_n)_{n \geq 0}$, diremos que el estado j es **accesible** desde i , o que puede ser alcanzado desde i , si hay una probabilidad positiva de que la cadena iniciada en i llegue al estado j . Esto es:

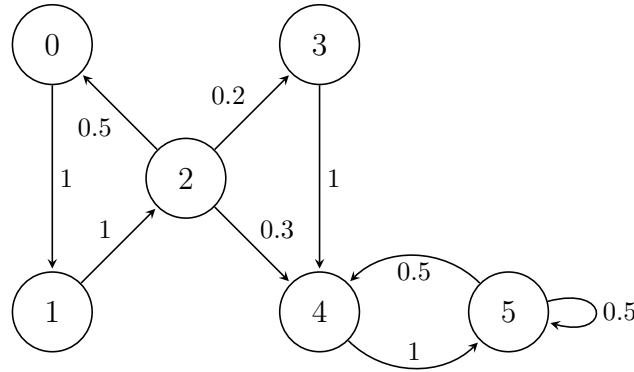
$$P(X_n = j \text{ para algún } n \geq 0 \mid X_0 = i) = p_{ij}^{(n)} > 0.$$

Decimos que dos estados i y j se **comunican** entre sí si j es accesible desde i e i es accesible desde j . Esta relación divide al espacio de estados S en distintas clases comunicantes.

Un subconjunto C no vacío de estados de una cadena de Markov se dice **cerrado**, si y sólo si para todo $i \in C$ y $j \notin C$, j no es alcanzable desde i . Así, una cadena que alcanza un estado en C siempre permanecerá en C .

Definición 9.2. Un subconjunto cerrado $C \subseteq S$ se dice que es **irreducible** si y sólo si no contiene ningún subconjunto propio cerrado. Una cadena de Markov se dice irreducible si su espacio de estados S es irreducible.

Ejemplo 9.5. Consideremos una cadena de Markov con estados $S = \{0, 1, 2, 3, 4, 5\}$ con el siguiente diagrama de transición:



Existen tres clases comunicantes: $\{0, 1, 2\}$, $\{3\}$ y $\{4, 5\}$, y sólo la clase $\{4, 5\}$ es un subconjunto cerrado. El conjunto $\{3, 4, 5\}$ también es un conjunto cerrado, que no es irreducible porque contiene a $\{4, 5\}$.

9.2.5. Clasificación de estados

Dada una cadena de Markov, denotaremos con ν_{ij} a la probabilidad de que la cadena de Markov que comienza en i llegue al estado j en un tiempo positivo.

$$\nu_{ij} = P(X_n = j, \text{ algún } n \geq 1 \mid X_0 = i).$$

Decimos que existe un camino de i a j si $\nu_{ij} > 0$. Si $\nu_{ij} = 1$ significa que partiendo del estado i cualquier camino pasa por el estado j . Mientras que si $\nu_{ij} < 1$ entonces hay al menos un camino que parte de i y desde el cual no es posible llegar a j . A partir de esta notación, definimos los siguientes tipos de estados.

- j es un **estado recurrente** si $\nu_{jj} = 1$.
- j es un **estado transitorio** si no es recurrente.
- j es un **estado absorbente** si $p_{jj} = 1$

Un estado absorbente es un estado recurrente. En un diagrama de transición un estado absorbente es como en la Figura 9.3.

En el Ejemplo 9.5, el estado 3 es absorbente y los demás son estados transitorios. Notemos que si un estado es recurrente, entonces todos los caminos que salen de él vuelven en un tiempo finito.

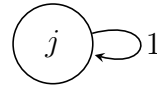


Figura 9.3: Estado absorbente

Definición 9.3. Una cadena de Markov se dice **recurrente** si todos sus estados son recurrentes, y se dice **transitoria** si todos sus estados son transitorios.

Si una cadena de Markov tiene un número finito de estados entonces no puede ser transitoria. Debe tener algún estado recurrente.

Proposición 9.1. Si i es un estado recurrente y existe un camino de i a j , entonces j es recurrente y $\nu_{ij} = \nu_{ji} = 1$.

Demostración. Supongamos por el absurdo que j es transitorio. Entonces existe un camino C que sale de j y no vuelve a j . Pero si j es alcanzable desde i e i es recurrente, entonces no sería posible volver a i pasando por este camino, lo cual es absurdo. Luego j es recurrente. \square

Los estados recurrentes se clasifican además en estados recurrentes positivos y recurrentes nulos. Los primeros son aquellos cuyo tiempo medio hasta retornar al estado es finito, en caso contrario se dicen recurrentes nulos. En el caso de cadenas con un número finito de estados sólo pueden darse estados recurrentes positivos.

Ejemplo 9.6. Dada la siguiente matriz de transición:

	0	1	2	3	4	5
0	1	0	0	0	0	0
1	1/4	1/2	1/4	0	0	0
2	0	1/5	2/5	1/5	0	1/5
3	0	0	0	1/6	1/3	1/2
4	0	0	0	1/2	0	1/2
5	0	0	0	1/4	0	3/4

calcular sus estados recurrentes y transitorios.

Su diagrama de transición se representa en la Figura 9.4.

Tenemos que:

- 0 es un estado absorbente.
- 1 y 2 son estados transitorios, ya que existen caminos que salen de ellos y no es posible volver a ellos.
- 0, 3, 4 y 5 son estados recurrentes.

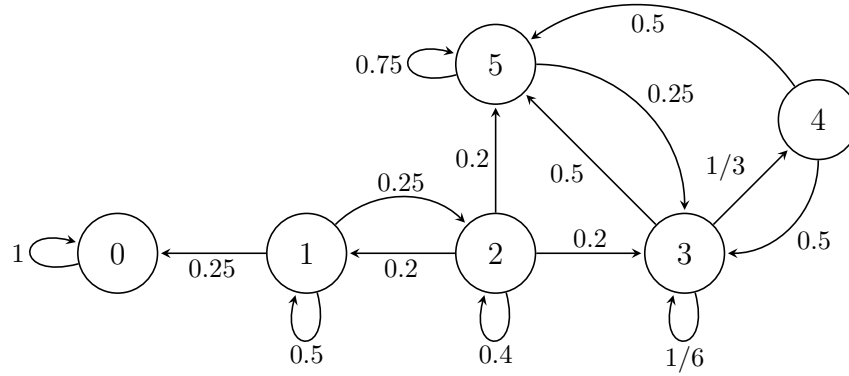


Figura 9.4: Diagrama de transición

Para cada estado j consideramos el conjunto $C_i = \{i\} \cup \{j \mid \nu_{ij} > 0\}$. Esto es, C_i son todos los estados accesibles desde i . Cada conjunto C_i es un conjunto cerrado. En particular:

- $C_0 = \{0\}$.
- $C_3 = \{3, 4, 5\} = C_4 = C_5$
- $C_0 \cup C_3 = \{0, 3, 4, 5\}$
- $S = \{0, 1, 2, 3, 4, 5\} = C_2 = C_1$.

De estos cuatro conjuntos cerrados, C_0 y C_3 son además irreducibles.

9.2.6. Cadenas periódicas

Si i es un estado recurrente de una cadena significa que existe un $n > 1$ tal que $P(X_n = i \mid X_0 = i) > 0$. Es claro que si esta probabilidad es positiva para valores positivos n y m , también lo es para cualquier combinación $h \cdot m + l \cdot n$, con h y l enteros no negativos. En particular, el **período** del estado i se define como

$$k = MCD\{n > 0 : P(X_n = i \mid X_0 = i) > 0\}$$

donde MCD indica el máximo común divisor. Si $k = 1$ el estado se dice **aperiódico**. Si $k > 1$ el estado se dice **periódico** de período k .

En la Figura 9.5 del estado 0 es posible retornar al mismo estado en tres pasos ($X_0 = 0, X_1 = 1, X_2 = 2, X_3 = 0$), o en 5 pasos: ($X_0 = 0, X_1 = 1, X_2 = 2, X_3 = 3, X_4 = 4, X_5 = 5$). Luego, como $MCD(3, 5) = 1$ el estado es aperiódico. En la segunda cadena todos los estados tienen período 3.

Se puede probar que en una cadena irreducible, o todos los estados tienen un mismo período k o bien todos son aperiódicos. En el primer caso se dice que la cadena es **periódica** de período k y de lo contrario es **aperiódica**.

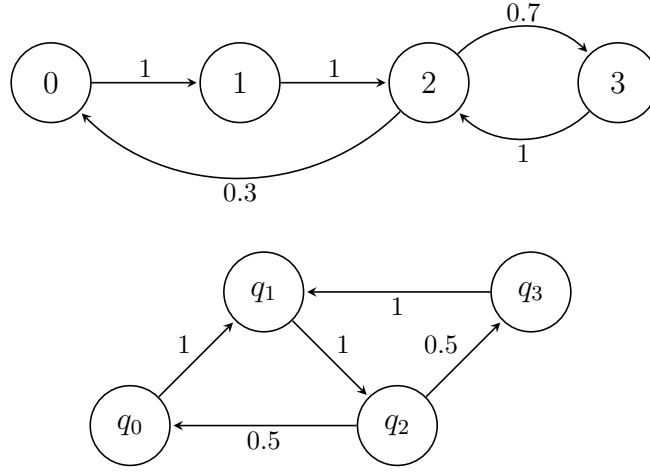


Figura 9.5: Períodos en una cadena de Markov

Observamos que si la cadena es finita, entonces si es irreducible también es recurrente. Sin embargo si la cadena es infinita podría ser irreducible, aperiódica y transitoria.

9.2.7. Tiempos de alcance y probabilidades de absorción

Consideremos una cadena de Markov $(X_n)_{n \geq 0}$ con espacio de estados S y probabilidades de transición p_{ij} . El **tiempo mínimo de alcance** de un subconjunto A de S es la variable aleatoria H^A dada por:

$$H^A = \inf\{n \geq 0 \mid X_n \in A\},$$

donde acordamos que el ínfimo del conjunto vacío \emptyset es ∞ . La probabilidad de alcanzar A desde el estado i se define como:

$$h_i^A = P(H^A < \infty \mid X_0 = i).$$

Si A es un conjunto cerrado, entonces h_i^A se dice una **probabilidad de absorción**. Si $A = \{j\}$, entonces $h_i^{\{j\}}$ es la suma de las probabilidades de que en el n -ésimo paso se alcance por primera vez el valor j :

$$h_i^{\{j\}} = \sum_{n \geq 0} P(H^A = n \mid X_0 = i).$$

El **tiempo medio de alcance** del conjunto A desde el estado i se define como la esperanza condicional:

$$k_i^A = E[H^A \mid X_0 = i] = \begin{cases} \sum_{n=0}^{\infty} n \cdot P(H^A = n \mid X_0 = i), & \text{si } P(H^A = \infty \mid X_0 = i) = 0 \\ \infty & \text{si } P(H^A = \infty \mid X_0 = i) > 0 \end{cases}$$

Notemos que h_i y k_i están definidas por una suma infinita, en la cual se consideran todas las cadenas iniciadas en i y que eventualmente llegan al conjunto A . Esto hace que pueda resultar

complejo su cálculo. Una forma alternativa de calcular la probabilidad de alcance y el tiempo medio es a través de un sistema de ecuaciones. Enunciaremos los teoremas que quedarán sin demostración: En primer lugar, si S es el conjunto de estados entonces llamaremos **vector de probabilidades de alcance** y **vector de tiempos medios de alcance** a los conjuntos

$$h^A = \{h_i^A \mid i \in S\} \quad \text{y} \quad k^A = \{k_i^A \mid i \in S\}.$$

Teorema 9.2. El vector de probabilidades de alcance h^A es la solución mínima no negativa del sistema de ecuaciones lineales:

$$\begin{cases} h_i^A = 1 & i \in A \\ h_i^A = \sum_{j \in S} p_{ij} h_j^A & i \notin A. \end{cases}.$$

Teorema 9.3. El vector de tiempos medios de alcance k^A es la solución mínima no negativa del sistema de ecuaciones lineales:

$$\begin{cases} k_i^A = 0 & i \in A \\ k_i^A = 1 + \sum_{j \in S} p_{ij} k_j^A & i \notin A. \end{cases}.$$

9.2.8. Tiempo medio de retorno

Dada una cadena de Markov (X_n) y j un estado recurrente de la cadena, el tiempo medio de retorno se define como el valor esperado del tiempo de alcance del estado j sobre todos los caminos de al menos un paso. Es decir, dado el conjunto:

$$R^{(j)} = \inf\{n \geq 1 \mid X_n = j\},$$

se pretende determinar $r_j = E[R^{(j)} \mid X_0 = j]$. Este valor esperado está definido entonces por:

$$r_j = \sum_{n=1}^{\infty} n P(R^{(j)} = n).$$

También puede determinarse a partir de las probabilidades de alcance desde cada uno de los estados, viendo que cada camino de j a j de longitud mayor o igual a 1, tiene una longitud 1 más la longitud de un camino que comienza en el estado adoptado por X_1 . Así, denotando con $k_i^{(j)}$ al tiempo esperado de alcance desde el estado i al estado j , tenemos que el tiempo medio de retorno al estado j es:

$$r_j = 1 + \sum_{i \in S} p_{ji} k_i^{(j)}.$$

9.2.9. Distribución estacionaria

Dada una cadena de Markov con probabilidades de transición Q , decimos que π es una **distribución estacionaria** si se cumple que

$$\pi Q = Q.$$

No todas las cadenas de Markov tienen distribución estacionaria. Por ejemplo, una cadena infinita con estados $\{0, 1, 2, \dots\}$ donde $p_{i,i+1} = 1$ para todo i no lo tiene. Otras cadenas de Markov tienen más de una distribución estacionaria, por ejemplo si Q es la matriz identidad. En el caso de cadenas finitas siempre existe al menos una. En una cadena de Markov X_0, X_1, X_2, \dots , cada X_t es una variable aleatoria con una cierta distribución. Para ciertas cadenas de Markov ocurre que para valores grandes de t estas distribuciones convergen a una distribución dada.

Por otra parte hemos visto que en ciertos casos ocurre que

$$\lim_{ij} q_{ij}^{(n)} = p_j,$$

es decir que las probabilidades de transición en n pasos del estado i al estado j no dependen de i . En este caso y si los valores p_j determinan una distribución de probabilidad, se puede probar que estas probabilidades límite constituyen también una distribución estacionaria.

Definición 9.4. Una cadena de Markov es **ergódica** si es irreducible, aperiódica y recurrente.

En el caso de cadenas de Markov finitas, si es irreducible también es recurrente. Por lo cual una cadena ergódica es una cadena irreducible y aperiódica.

Teorema 9.4. Si X es una cadena de Markov ergódica, entonces para todo estado $j \in S$ existe el límite

$$\lim_{n \rightarrow \infty} p_{ij}^{(n)} = p_j. \quad (9.2)$$

En términos de la matriz de transición, significa que las filas de la matriz Q^n tienden todas a un mismo vector.

Definición 9.5. Se dice que una cadena de Markov **alcanza** una distribución estacionaria si existe el límite en (9.2) y además

$$\sum_{j \in S} p_j = 1.$$

Si bien este límite existe, puede ocurrir que el límite sea 0 para todo j por lo cual no converge a un vector de probabilidad o distribución estacionaria. Esto puede ocurrir en particular si la cadena es infinita. El siguiente Teorema da condiciones suficientes para que una cadena de Markov alcance una distribución estacionaria. Si $S = \{0, 1, 2, \dots, N\}$ y π es la distribución estacionaria, denotamos $q_j = \pi(j)$.

Teorema 9.5. Si X es una cadena de Markov finita y ergódica, entonces la distribución estacionaria existe y viene dada por las siguientes ecuaciones:

$$q_j = \sum_{i=0}^N q_i p_{ij}, \quad j = 0, 1, \dots, N \quad (9.3)$$

$$\sum_{i=0}^N q_i = 1. \quad (9.4)$$

El Teorema 9.5 no sólo da condiciones suficientes para la existencia de la distribución estacionaria sino que además da un método para hallarla. La ecuación (9.3) dice que el vector q de probabilidades satisface:

$$q \cdot Q = q,$$

y la ecuación (9.4) indica que la suma de los elementos del vector es 1. En particular es suficiente con resolver (9.3) y luego normalizar el vector para que la suma de sus componentes sea 1.

Observemos que si se cumple (9.3) entonces también es cierto que

$$\sum_{i=0}^N q_i p_{ij} = \sum_{i=0}^N q_j p_{ji}, \quad 0 \leq j \leq N. \quad (9.5)$$

puesto que la segunda sumatoria es igual a q_j . Las ecuaciones (9.5) se llaman también **ecuaciones de equilibrio**. Esto no implica necesariamente que $q_j p_{ji} = q_i p_{ij}$, pero si esto ocurre se dice que la cadena de Markov es **reversible**.

Ejemplo 9.7. En el Ejemplo 9.4 la cadena de Markov es ergódica y finita, luego alcanza una distribución estacionaria. Para determinarla resolvemos:

$$(p_0, p_1, p_2) \begin{pmatrix} 0.5 & 0.25 & 0.25 \\ 0.25 & 0.5 & 0.25 \\ 0.5 & 0.5 & 0 \end{pmatrix} = (p_0, p_1, p_2).$$

Así resultan las ecuaciones:

$$\begin{cases} 0.5 p_0 + 0.25 p_1 + 0.5 p_2 &= p_0 \\ 0.25 p_0 + 0.5 p_1 + 0.5 p_2 &= p_1 \\ 0.25 p_0 + 0.25 p_1 &= p_2. \end{cases}$$

La solución a este sistema es

$$(p_0, p_1, p_2) = \left(\frac{2}{5}, \frac{2}{5}, \frac{1}{5} \right).$$

Esto significa en particular que en un período prolongado, el 40 % de los días lloverá, otro 40 % caerá nieve y sólo el 20 % de los días habrá sol.

Ejemplo 9.8. Determinar si existe la distribución estacionaria para la cadena de Markov con estados $S = \{0, 1, 2\}$ y matriz de transición:

$$Q = \begin{pmatrix} 0.3 & 0.5 & 0.2 \\ 0.6 & 0 & 0.4 \\ 0 & 0.4 & 0.6 \end{pmatrix}.$$

El diagrama de transición en la Figura 9.6 permite analizar con mayor facilidad si la cadena es o no ergódica:

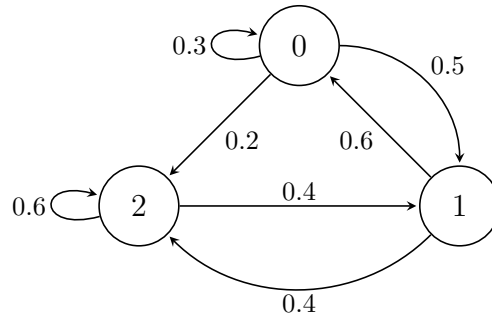


Figura 9.6: Diagrama de transición

Dado que es ergódica y finita, sabemos que existe una distribución estacionaria, y es solución de $pQ = p$. Buscamos primero una solución $(\lambda_0, \lambda_1, \lambda_2)$ a este sistema:

$$\begin{cases} 0.3\lambda_0 + 0.6\lambda_1 & = \lambda_0 \\ 0.5\lambda_0 + 0.4\lambda_2 & = \lambda_1 \\ 0.2\lambda_0 + 0.4\lambda_1 + 0.6\lambda_2 & = \lambda_2. \end{cases}$$

Para resolverla podemos suponer primero $\lambda_0 = 1$, hallar la solución y luego normalizar para obtener el vector de probabilidad (p_0, p_1, p_2) . Así tenemos de la primer ecuación que:

$$0.6\lambda_1 = 0.7, \quad \text{luego} \quad \lambda_1 = \frac{7}{6}.$$

Ahora de la segunda ecuación obtenemos:

$$0.4\lambda_2 = \frac{7}{6} - \frac{1}{2} = \frac{3}{6}, \quad \text{luego} \quad \lambda_2 = \frac{10}{6}.$$

Esto significa que el vector de probabilidad correspondiente a la distribución estacionaria es de la forma:

$$(k, \frac{7}{6}k, \frac{10}{6}k)$$

y la suma de sus componentes es 1. Luego $k = \frac{6}{23}$ y la distribución estacionaria está dada por

$$(p_0, p_1, p_2) = \left(\frac{6}{23}, \frac{7}{23}, \frac{10}{23} \right).$$

Ejemplo 9.9. Consideremos una cadena de Markov con dos estados $S = \{0, 1\}$ y probabilidades de transición dadas por la matriz

$$Q = \begin{pmatrix} 0 & 1 \\ 1 & 0 \end{pmatrix}.$$

Notemos que el vector de probabilidad $(p_0, p_1) = (0.5, 0.5)$ cumple las ecuaciones de equilibrio: $p \cdot Q = p$. Sin embargo no es una distribución estacionaria puesto que no existe el límite $\lim_{n \rightarrow \infty} q_{ij}^{(n)}$. En efecto, $Q^n = Id$ si n es par y $Q^n = Q$ si n es impar, por lo que $q_{ij}^{(n)}$ es una sucesión que alterna indefinidamente ceros y unos.