Selección de ventana h por convalidación cruzada 'deje-uno-afuera'

Martin Acuña, Facundo Solar

2023-09-15

Funciones utilizadas

$$\hat{f}_h^{(-i)}(x_i) = \frac{1}{(n-1)h} \sum_{j \neq i} K\left(\frac{x_i - x_j}{h}\right)$$

```
fh_i <- function(x, i, h){
    n.x <- length(x)
    suma <- 0
    for(j in 1:n.x){
        if (j!=i){
            suma <- suma + dnorm((x[i]-x[j])/h)
        }
    }
    return((1/((n.x-1)*h)) * suma)
}</pre>
```

$$h_{CV}^* = \arg\max_{h \in H} \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \log \hat{f}_h^{(-i)}(x_i) \right)$$

```
h.CV <- function(x,grilla.h){</pre>
  n.x <- length(x)</pre>
  n.h <- length(grilla.h)</pre>
  maxi <- -9999
  hmax <- NA
  for(j in 1:n.h) {
    h <- grilla.h[j]
    suma <- 0
    for (i in 1:n.x) {
       suma \leftarrow suma + \log(fh_i(x,i,h))
    suma \leftarrow suma * (1/n.x)
    if(suma>maxi){
      maxi <- suma
      hmax <- h
  }
  return(hmax)
```

La funcion principal

```
bw.loocv <- function(x, grilla.h=NA) {
   if (is.na(grilla.h)[1]) {
      grilla.h <- seq(bw.nrd0(x)/100, bw.nrd0(x)*100, length=100)
   }
   n.h <- length(grilla.h)
   n.x <- length(x)
   loglikes <- rep(NA, n.h)
   r <- matrix(NA, ncol = n.x, nrow = n.h)
   for(j in 1:n.h) {
      h <- grilla.h[j]
      for (i in 1:n.x) {
        r[j,i] <- log(fh_i(x,i,h))
      }
      loglikes[j] <- mean(r[j,])
   }
   hmax <- h.CV(x, grilla.h)
   return(list(h.opt=hmax, h.ret = grilla.h, loglikes=loglikes))
}</pre>
```

Generador de la muestra

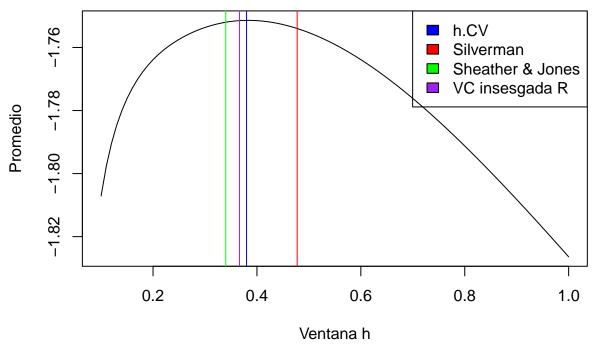
```
muestra <- function(seed, n=200) {
   set.seed(1234)
   binoms <- rbinom(n, size=1, p=0.75)
   return (
       binoms * rnorm(n, mean=0, sd=1)
       + (1 - binoms) * rnorm(n, mean=3.25, sd=sqrt(0.5))
   )
}
write.table(muestra(1234), "entrega1.txt", row.names=FALSE, col.names=FALSE)</pre>
```

Datos utilizados

```
x <- read.table('entrega1.txt')$V1
grilla.h <- seq(0.1,1,0.01)
datos <- bw.loocv(x,grilla.h)</pre>
```

Graficos

Comparacion Log-verosimilitud



Estimacion de la densidad

