

MAT703. Parcial 2 Fausto Fabian Crespo  
Fernandez

Fausto Fabian Crespo Fernandez

junio 2016

## 0.1. Ejercicio 1

Solución Tenemos que  $X \sim N(8, 14)$  y  $Y \sim N(-3, 50)$  entonces definimos variable aleatoria  $Z = \frac{X+1}{X^2+Y^4}$  y  $W = X$  queremos hallar la densidad de esta variable aleatoria  $Z$ .

podemos encontrar primero la densidad conjunta de  $Z, W$  y luego integrar

$$\text{por } W = X. \text{ Tenemos } p(x, y) = p(z, w) \left| \det \begin{pmatrix} \frac{dZ}{dW} & \frac{dZ}{dY} \\ \frac{dW}{dX} & \frac{dW}{dY} \end{pmatrix} \right|$$

$$= p(z, w) \left| \det \begin{pmatrix} \frac{x^2+y^4-2x(x+1)}{(x^2+y^4)^2} & \frac{-4y^3(x+1)}{(x^2+y^4)^2} \\ 1 & 0 \end{pmatrix} \right|$$

$$= p(z, w) \frac{|4y^3(x+1)|}{(x^2+y^4)^2} \text{ de donde}$$

$$p(z, w) = p(x, y) \frac{(x^2+y^4)^2}{|4y^3(x+1)|}$$

y asumiendo que  $X$  y  $Y$  son independientes tenemos

$$p(z, w) = \frac{1}{\sqrt{(2\pi*14)}} e^{\frac{-1}{2*14}(x-8)^2} \frac{1}{\sqrt{(2\pi*50)}} e^{\frac{-1}{2*50}(y+3)^2} \frac{(x^2+y^4)^2}{|4y^3(x+1)|} \text{ Ahora la densidad de}$$

$Z$  es

$$p(z) = \int_{-\infty}^{\infty} p(z, w) dw$$

$$p(z) = \int_{-\infty}^{\infty} \frac{1}{\sqrt{(2\pi*14)}} e^{\frac{-1}{28}(x-8)^2} \frac{1}{\sqrt{(2\pi*50)}} e^{\frac{-1}{100}(y+3)^2} \frac{(x^2+y^4)^2}{|4y^3(x+1)|} dx$$

$$p(z) = \frac{1}{8\pi\sqrt{(50*14)}} e^{\frac{-1}{100}(y+3)^2} \int_{-\infty}^{\infty} e^{\frac{-1}{28}(x-8)^2} \frac{(x^2+y^4)^2}{|y^3(x+1)|} dx \text{ La media y la varianza de}$$

$Z$  se pueden obtener como

$$E(z) = \int_{-\infty}^{\infty} zp(z)dz$$

$$var(z) = E(z^2) - (E(z))^2$$

También se puede hacer con

$$E(z) = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} z(x, y)p(xy)dxdy = \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} \frac{x+1}{x^2+y^4} p(x)p(y)dxdy$$

Otra forma es usar el polinomio de Taylor para aproximar el valor esperado y la varianza de  $Z$ . Si  $T = (X, Y)$  y  $\theta = E(T) = (8, -3)$  y tenemos la función  $g(T) = \frac{X+1}{X^2+Y^4}$  derivable

$$g(T) \approx g(\theta) + \frac{\partial g}{\partial X}(\theta)(T_1 - \theta_1) + \frac{\partial g}{\partial Y}(\theta)(T_2 - \theta_2) \text{ de aqui sale que}$$

$$E(g(T)) \approx g(\theta) + \frac{\partial g}{\partial X}(\theta)E(T_1 - \theta_1) + \frac{\partial g}{\partial Y}(\theta)E(T_2 - \theta_2) = g(\theta)$$

O sea  $E(Z) \approx (8+1)/(8^2+(-3)^4) = 0,06206897$ . También la varianza es

$$var(g(T)) \approx E((g(T) - g(\theta))^2) \approx E(\frac{\partial g}{\partial X}(\theta)(T_1 - \theta_1) + \frac{\partial g}{\partial Y}(\theta)(T_2 - \theta_2))$$

$$= (\frac{\partial g}{\partial X}(\theta))^2 var(T_1) + (\frac{\partial g}{\partial Y}(\theta))^2 var(T_2) + 2 \frac{\partial g}{\partial X}(\theta) \frac{\partial g}{\partial Y}(\theta) Cov(T_1, T_2)$$

$$\approx 14 * \frac{(3^4-8^2+2*8)^2}{(8^2+3^4)^4} + 50 * \frac{(4*3^3*9)^2}{(8^2+3^4)^4} = 0,1068638$$

El error que se comete con la aproximación de  $g(T)$  es

$$O[(\frac{1}{2}(T_i - \theta_i)^T H(\theta + c(T_i - \theta_i))(T_1 - \theta_1))]$$

con  $H$  la matriz Hessiana (matriz de segundas derivadas de  $z$ ) y  $c \in [0, 1]$ .

Tenemos :

$$H(\theta) = \begin{pmatrix} -2642/3048625 & -15444/3048625 \\ -15444/3048625 & 69012/3048625 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -0,0009 & -0,0051 \\ -0,0051 & 0,0226 \end{pmatrix}$$

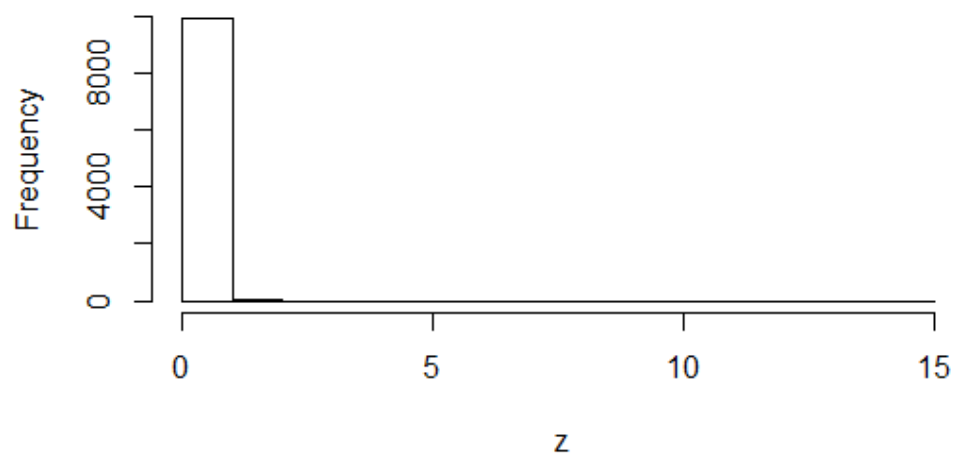
Podemos hacer una simulacion con 100000 extracciones de  $X$  y  $Y$  y calcular  $Z$ , pero antes podemos definir  $U = \ln z = \ln(x+1) + \ln(x^2 + y^4)$  esto es para evitar overflow o underflow. Esto se puede hacer porque el signo de  $Z$  es igual al signo de  $x+1$  (pues el denominador siempre es positivo) pero como el intervalo de confianza al 95 % de  $X$  es  $[8 - 1,96 * \sqrt{(14)}, 8 + 1,96 * \sqrt{(14)}] = [qnorm(0,025, 8, sqrt(14)), qnorm(0,975, 8, sqrt(14))] = [0,6664863, 15,33351]$  la mayoria de las veces los valores de  $X$  simulados serán positivos. Para  $Y$  el intervalo al 95 % es  $[-16,85904, 10,85904]$  y hay que tomar en cuenta que el denominador de  $Z$  puede ser pequenno y por eso es razonable tomar logaritmo de  $Z$

Tenemos en R:

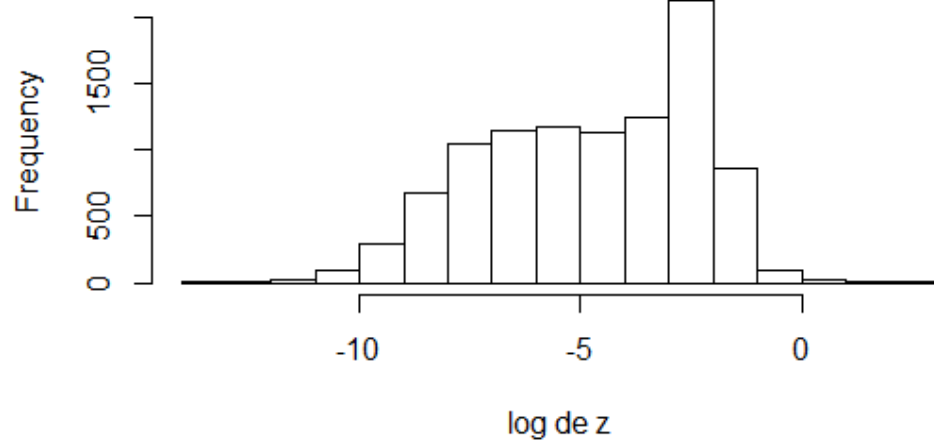
```
n.sim = 100000
x = rnorm(n.sim, 8, sqrt(14))
y = rnorm(n.sim, -3, sqrt(50))
z = (x + 1)/(x^2 + y^4)
print(mean(z))
print(var(z))
log.z = log(x + 1) - log(x^2 + y^4)
hist(log.z, xlab = "logdez", cex = 2)
print(mean(log.z))
print(median(log.z))
deciles = quantile(log.z, probs = c(0,1, 0,2, 0,3, 0,4, 0,5, 0,6, 0,7, 0,8, 0,9))
print(deciles)
lines(density(log.z), col = "red")
hist(exp(log.z), xlab = "z", cex = 2)
print(mean(exp(log.z)))
print(median(exp(log.z)))
deciles = quantile(exp(log.z), probs = c(0,1, 0,2, 0,3, 0,4, 0,5, 0,6, 0,7, 0,8, 0,9))
print(deciles)
lines(density(exp(log.z)), col = "red")
```

Con lo que se obtiene una media de  $z$  de 0.08357222 y varianza de  $z$  de 21.78559. Los gráficos

**Histogram of  $\exp(\log.z)$**



**Histogram of  $\log.z$**



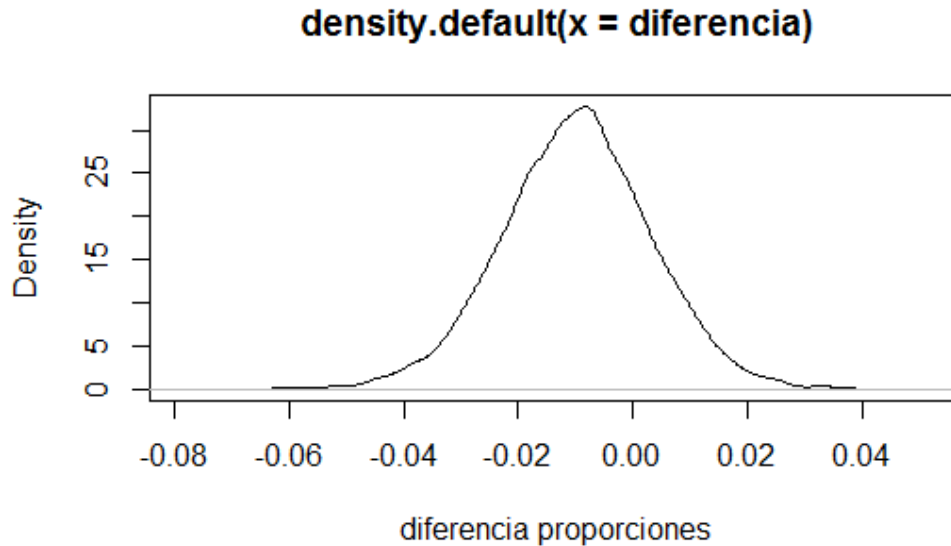
## 0.2. Ejercicio 2

### Solución

Tenemos una prueba de hipótesis  $H_0 : p_1 < p_2$  donde  $p_1$  y  $p_2$  las probabilidades de muerte en el los dos hospitales. Tenemos que las muertes  $y_i \sim \text{Bin}(p_i, n_i)$  o sea  $y_1 \sim \text{Bin}(p_1, 430)$  y  $y_2 \sim \text{Bin}(p_2, 390)$  los estimados para  $\hat{p}_1 = 12/430 = 0,0279$  y  $\hat{p}_2 = 12/430 = 0,041$ .

Una primera opción de analisis es considerar que  $p_1$  y  $p_2$  tienen a prioris  $\text{Beta}(\alpha_i, \beta_i)$  (por ejemplo no informativas  $\text{Beta}(1, 1)$  cada uno ) y la a posteriori es un producto de dos dsitribuciones betas independientes  $\text{Beta}(\alpha_i + y_i, \beta_i + y_i)$  y analizamos la diferencia de  $p_1$  y  $p_2$  con 10000 simulaciones. En R:

```
y1 <- -12;
n1 <- -430;
alpha1 <- -1;
beta1 <- -1
y2 <- -16; n2 <- -390; alpha2 <- -1; beta2 <- -1
p1 <- -rbeta(10000, y1 + alpha1, n - y1 + beta1)
p2 <- -rbeta(10000, y2 + alpha2, n - y2 + beta2)
diferencia <- -p1 - p2
plot(density(diferencia), xlab = "diferenciaproporciones")
quantile(diferencia, c(.025, .975))
mean(diferencia)
median(diferencia)
print(sum(diferencia < 0))
print(mean(diferencia > 0))
Con lo que se tiene
```



y la media de la diferencia es -0.009844688 con intervalo de confianza : 2.5-0.03606110 0.01562444 y la media de los valores negativos de la diferencia es 0.7831 y la media de los valores positivos de la diferencia es 0.2169 que es mayor de 0.05, por tanto según esto no hay evidencia para aceptar  $H_0$  y se rechaza.

Otro enfoque es un modelo jerárquico: podemos asumir que la a priori común para los parámetros  $p_1, p_2$  es una  $Beta(\alpha, \beta)$  y podemos estimar los  $\alpha, \beta$  a partir de los datos que tenemos ya que tenemos la media y la varianza de los datos e igualamos con la media y la varianza de una distribución  $Beta$

En R

```
y = c(12, 16)
n = c(430, 390)
proporciones = y/n
print(proporciones)
esperado.p = mean(proporciones)
varianza.p = var(proporciones)
normaDiferencia <- function(vectorparametros)
{
  alpha = vectorparametros[1]
  beta = vectorparametros[2]
  denominador = alpha + beta
```

```

return((alpha/denominador -
esperado.p)^2+(alpha*beta/(denominador^2*(denominador+1))-varianza.p)^2)
}
library(optimx)
optimos = optimx(par = c(0,5,0,2), normaDiferencia)
print(optimos)
alpha1 = optimos[1,1]
beta1 = optimos[1,2]
print(alpha1)
print(beta1)

```

Con lo que se obtiene  $(\alpha, \beta) = (12,95242, 362,8079)$ . con esto podemos hacer una estimación a posteriori para  $p_2$

En R

```

alpha2 = alpha1 + 16
beta2 = beta1 + 390 - 16
p2.estimado = alpha2/(alpha2 + beta2)
print(p2.estimado)

```

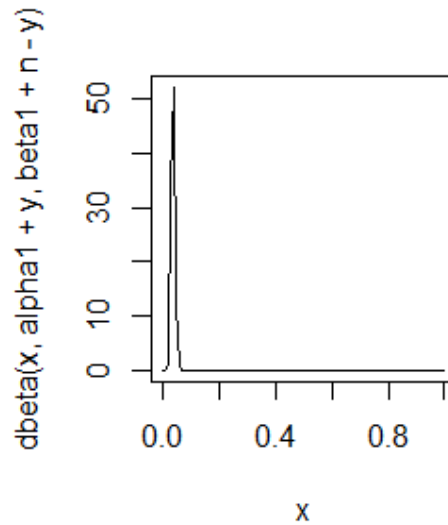
lo que da 0,03780873 La densidad a posteriori y un intervalo de confianza al 95 % para  $p$  es en R:

```

y = 16
n = 390
par(pty = "s")
curve(dbeta(x, alpha1 + y, beta1 + n - y), from = 0, to = 1)
intervalo1 = c(qbeta(0,015, alpha1 + y, beta1 + n - y), qbeta(0,985, alpha1 +
y, beta1 + n - y))
print(intervalo1)

```

lo que da



y el intervalo de confianza es  $[0,024386210,05420762]$

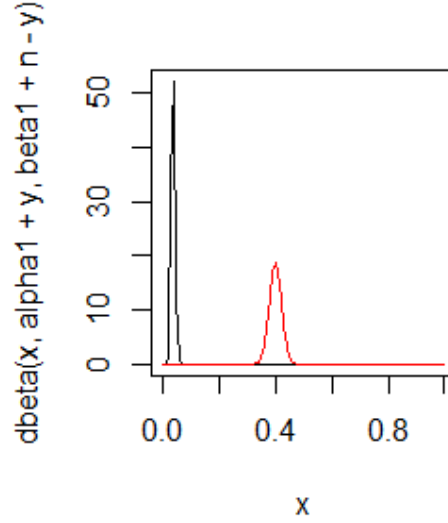
La moda de la a posteriori es 0.4 con el código en R:

```
beta2 <- function(x){
  return(-dbeta(x, alpha1 + y, beta1 + n - y))
}
optimos1 = optimx(par = 0,4, beta2)
moda = optimos1$p1[1]
print(moda)
```

Podemos hacer una aproximación de la distribución a posteriori a la normal y calcular el intervalo de confianza al 95 % para esa aproximación (media la moda y varianza el inverso de la información de Fisher). En R:

```
informacion = (alpha1 + y - 1)/moda2 + (beta1 + n - y - 1)/(1 - moda)2
varianza = 1/informacion
curve(dnorm(x, moda, sqrt(varianza)), from = 0, to = 1, add = TRUE, col =
"red")
intervalo2 = c(qnorm(0,015, moda, sqrt(varianza)), qnorm(0,985, moda, sqrt(varianza)))
print(intervalo2)
```





y el intervalo es  $[0,3539280,446072]$ .

Este último intervalo muy lejos del primer intervalo pues solo tenemos datos de dos hospitales. El primer intervalo de confianza  $[0,024386210,05420762]$  si incluye el valor  $16/390=0.04102564$  por lo tanto rechazamos la hipótesis nula  $H_0$ .

### 0.3. Ejercicio 3

Solución

Tenemos que  $y_i|\nu_i \sim N(\nu_i, S - i^2)$  y que  $\nu_i \sim N(\mu_1, \tau_1^2)$  para los controles  $i = 1, 2, 4, 5, 6, 7$  y  $\nu_i \sim N(\mu_2, \tau_2^2)$  para lo cohortes  $i = 3, 8$ , además sabemos que las a priori son  $\mu_1 \sim N(0, 10)$  y que  $\mu_1 - \mu_2 \sim N(0, 0,1)$ . Tenemos que los hiperparametros son  $\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2$  que influyen en los parámetros  $\nu_1, \nu_2$  o sea un modelo jerárquico. Además sabemos que  $\frac{s_0}{(s_0 + \tau_1)^2} \sim \text{Pareto}(\alpha, x_m)$  y  $\frac{s_0}{(s_0 + \tau_2)^2} \sim \text{Pareto}(\alpha, x_m)$ . Tenemos que la a priori conjunta es

$$p(\nu_1, \dots, \nu_8 | \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2) = \prod_{i=1}^8 N(\nu_i | \mu_e, \tau_e^2) \\ = N(\nu_3 | \mu_2, \tau_2^2) N(\nu_8 | \mu_2, \tau_2^2) \prod_{i=1, i \neq 3, 8}^8 N(\nu_i | \mu_1, \tau_1^2)$$

y  $p(\nu_1, \dots, \nu_8)$

$$= \int N(\nu_3 | \mu_2, \tau_2^2) N(\nu_8 | \mu_2, \tau_2^2) \prod_{i=1, i \neq 3, 8}^8 N(\nu_i | \mu_1, \tau_1^2) p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2) d(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2)$$

Tenemos que

$$p(\nu_1, \dots, \nu_8, \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 | y) \propto p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2) p(\nu_1, \dots, \nu_8 | \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2) p(y | \nu_1, \dots, \nu_8) \\ \propto p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2) N(\nu_3 | \mu_2, \tau_2^2) N(\nu_8 | \mu_2, \tau_2^2) \prod_{i=1, i \neq 3, 8}^8 N(\nu_i | \mu_1, \tau_1^2) \prod_{i=1}^8 N(y_i | \nu_i, s_i^2)$$

y llamando a  $x = (\nu_3 - \mu_2, \nu_8 - \mu_2)_T$  se puede agrupar términos y completando los cuadrados en el exponente para  $\nu_i, i = 1, 2, 4, 5, 6, 7$  y escribir

$$p(\nu_1, \dots, \nu_8, \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 | y) \propto \prod_{i=1}^8 N(\hat{\nu}_i, V_i) \\ \hat{\nu}_i = \frac{\frac{1}{s_i^2} y_i + \frac{1}{\tau_1^2} \mu_1}{\frac{1}{s_i^2} + \frac{1}{\tau_1^2}} \text{ y } V_i^{-1} = \frac{1}{\frac{1}{s_i^2} + \frac{1}{\tau_1^2}} \text{ con } i = 1, 2, 4, 5, 6, 7 \\ \hat{\nu}_i = \frac{\frac{1}{s_i^2} y_i + \frac{1}{\tau_2^2} \mu_2}{\frac{1}{s_i^2} + \frac{1}{\tau_2^2}} \text{ y } V_i^{-1} = \frac{1}{\frac{1}{s_i^2} + \frac{1}{\tau_2^2}} \text{ con } i = 3, 8$$

por tanto tenemos producto de distribuciones independientes y

$$\nu_i | \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2, y \sim N(\hat{\nu}_i, V_i) \text{ con } i = 1, \dots, 8$$

Ahora aplicando la propiedad de la distribución normal siguiente, tenemos

que  $y_i | \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 \sim N(\nu_i, s_i^2 + \tau_1^2)$  para  $i = 1, 2, 4, 5, 6, 7$  y

$y_i | \mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 \sim N(\nu_i, s_i^2 + \tau_2^2)$  para  $i = 3, 8$

y  $p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 | y) \propto N(\nu_1, s_1^2 + \tau_1^2) N(\nu_2, s_2^2 + \tau_1^2) \prod_{i=1, i \neq 3, 8}^8 N(\nu_i, s_i^2 + \tau_1^2)$

y como  $p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 | y) \propto p(\mu_1, \mu_2 | \tau_1, \tau_2, y) p(\tau_1, \tau_2 | y)$  si se asume una distribución condicional a priori uniforme  $p(\mu_1, \mu_2 | \tau_1, \tau_2)$  entonces el logaritmo de la posterior es la suma de dos funciones cuadráticas independientes en  $\mu_1$  y  $\mu_2$  respectivamente  $p(\mu_1, \mu_2 | \tau_1, \tau_2, y)$  es el producto de dos normales y

$$\mu_1 | \tau_1, \tau_2, y \sim N(\tilde{\mu}_1, V_{\mu_1}) \text{ y}$$

$$\mu_2 | \tau_1, \tau_2, y \sim N(\tilde{\mu}_2, V_{\mu_2})$$

$$\text{con } \tilde{\mu}_1 = \frac{\sum_{i=1, i \neq 3, 8}^8 \frac{1}{\tau_1^2 + s_i^2} y_i}{\sum_{i=1, i \neq 3, 8}^8 \frac{1}{\tau_1^2 + s_i^2}} \text{ y } V_{\mu_1} = \sum_{i=1, i \neq 3, 8}^8 \frac{1}{\tau_1^2 + s_i^2} \text{ y}$$

$$\tilde{\mu}_2 = \frac{\sum_{i=1, i=3, 8}^8 \frac{1}{\tau_2^2 + s_i^2} y_i}{\sum_{i=1, i=3, 8}^8 \frac{1}{\tau_2^2 + s_i^2}} \text{ y } V_{\mu_2} = \sum_{i=1, i=3, 8}^8 \frac{1}{\tau_2^2 + s_i^2}$$

O sea que las distribuciones a posteriori de los hiperparámetros  $\mu_1$  y  $\mu_2$  condicionadas a  $\tau_1, \tau_2$  y los datos  $y$  son normales .

La a posteriori para  $\tau_1, \tau_2$  es

$$p(\tau_1, \tau_2 | y) = \frac{p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2 | y)}{p(\mu_1, \mu_2 | \tau_1, \tau_2, y)}$$

$$p(\tau_1, \tau_2 | y) \propto (p(\tau_1) V_{\mu_1}^{1/2}) (\prod_{i=1, i \neq 3, 8}^8 (s_i^2 + \tau_1^2)^{-1/2} \exp(-\frac{(y_i - \mu_1)^2}{2(s_i^2 + \tau_1^2)})) (p(\tau_2) V_{\mu_2}^{1/2}) (\prod_{i=1, i=3, 8}^8 (s_i^2 + \tau_2^2)^{-1/2} \exp(-\frac{(y_i - \mu_2)^2}{2(s_i^2 + \tau_2^2)})) \text{ y las a prioris para } \tau_1 \text{ y } \tau_2 \text{ se pueden calcular con}$$

$$p(\tau_1, \tau_2) = p(\frac{s_{01}}{(s_{01} + \tau_1)^2}) p(\frac{s_{02}}{(s_{02} + \tau_2)^2}) | \det \begin{pmatrix} \frac{-2}{(s_{01} + \tau_1)^3} & 0 \\ 0 & \frac{-2}{(s_{02} + \tau_2)^3} \end{pmatrix} |$$

$$= \frac{\alpha x_m^\alpha}{\tau_1^{\alpha+1}} \frac{\alpha x_m^\alpha}{\tau_1^{\alpha+1}} * 4 \frac{s_{01}s_{02}}{(s_{01}+\tau_1)^3(s_{02}+\tau_2)^3}$$

La a posteriori para  $\mu_1, \mu_2$  es

$p(\mu_1, \mu_2|y) = \frac{p(\mu_1, \mu_2, \tau_1, \tau_2|y)}{p(\tau_1, \tau_2|\mu_1, \mu_2, y)}$ . O sea tendríamos que hallar primero la distribución condicional a posteriori  $p(\tau_1, \tau_2|\mu_1, \mu_2, y)$ . Pero también tenemos

$p(\mu_1, \mu_2|y) = p(\mu_1, \mu_2|\tau_1, \tau_2, y)p()$

Podemos hacer una simulación en R:

```

y = c(0,405, 0,386, 0,698, 0,637, 0,247, 0,239, 0,148, 0,693, 0,236, 0,315, 0,278)
y.cohortes = y[c(3, 8)]
y.controles = y[c(1, 2, 4, 5, 6, 7)]
sd.y = c(0,695, 0,451, 0,730, 0,481, 0,134,
0,206, 0,163, 0,544, 0,246, 0,591, 0,487)
var.y = (sd.y)^2
sd.y.cohortes = sd.y[c(3, 8)]
sd.y.controles = sd.y[c(1, 2, 4, 5, 6, 7)]
var.y.cohortes = (sd.y.cohortes)^2
var.y.controles = (sd.y.controles)^2
s0.controles1 = 1/mean(1/var.y.controles)
s0.cohortes = 1/mean(1/var.y.cohortes)
J = length(y)
ycombinado = sum((1/var.y^2) * y)/sum(1/var.y^2)
print(ycombinado)
ycombinado.controles = sum((1/var.y.controles^2)*y.controles)/sum(1/var.y.controles^2)
print(ycombinado.controles)
ycombinado.cohortes = sum((1/var.y.cohortes^2)*y.cohortes)/sum(1/var.y.cohortes^2)
print(ycombinado.cohortes)
var.posteriori = 1/sum(1/var.y^2)
var.posteriori.controles = 1/sum(1/var.y.controles^2)
var.posteriori.cohortes = 1/sum(1/var.y.cohortes^2)
intervalo = c(ycombinado - 1,96 * sqrt(var.posteriori), ycombinado + 1,96 *
sqrt(var.posteriori))
print(var.posteriori)
print(intervalo)
intervalo.controles = c(ycombinado.controles - 1,96 * sqrt(var.posteriori.controles),
ycombinado.controles + 1,96 * sqrt(var.posteriori.controles))
print(var.posteriori.controles)
print(intervalo.controles)

```

```

intervalo.cohortes = c(ycombinado.cohortes-1,96*sqrt(var.posteriori.cohortes),
ycombinado.cohortes + 1,96 * sqrt(var.posteriori.cohortes))
print(var.posteriori.cohortes)
print(intervalo.cohortes)

```

Primero hallamos los efectos combinados(ponderados por  $1/\text{varianza}$ ) y los efectos combinados en controles y cohortes. El  $\bar{y}_{..}$  combinado total es 0.2233408, el de los controles es 0.2209555 y el de los cohortes es 0.6941785. Los intervalos de confianza al 95 % para el efecto combinado en los controles es [0,1935653,0,2483457] y para los cohortes es [0,18708881,2012682] por lo que se ve que hay solapamiento en los intervalos. Si hacemos un test de la estadística clásica para comprobar si todos los  $\nu_j$  estiman la misma cantidad, hacemos un estadística  $\chi^2$  con 11-1 grados de libertad y estadístico  $\sum_{j=1}^{11} (y_j - \bar{y}_{..})^2 / s_j^2 = 17,36874$  con probabilidad de 0.9334073. Lo que indicaría que no rechazamos la hipótesis nula, o sea que si están estimando los mismos valores. En R

```

estadistico.chi = sum((y - ycombinado)^2/var.y^2)
print(estadistico.chi)
prob = pchisq(estadistico.chi, df = length(y) - 1)
print(prob)

```

Se puede también verificar que variabilidad se esperaría si  $\mu_1 = \mu_2$  mediante la distribución normal con media  $\bar{y}_{..}$  y varianza la raíz cuadrada de la media de los  $s_i^2$  en R

```
test = rnorm(11*1000, ycombinado, sqrt(mean.var.y))quantile(test, c(.025, .975))
```

Lo que da que la variabilidad esperada sería [-0,7168376, 1,1621442]

La distribución de Pareto es una distribución de colas pesadas y podemos hacer una simulacion en grid para  $[\tau_1, \tau_2]$  en  $[1, 40] \times [1, 40]$

Luego analizamos las distribuciones a posteriori de  $\tau_1$  y  $\tau_2$  con 1000 simulaciones y un grid de 2000 divisiones del intervalo [0,40] para  $\tau_1$  y  $\tau_2$ . En R:

```
n.sims = 1000
```

```

mu1.estimado <- function(tau1, y.controles, var.y.controles){
sum(y.controles/(var.y.controles^2+tau1^2))/sum(1/(var.y.controles^2+tau1^2))
}

```

```

var.mu1.estimado <- function(tau1, y.controles,
var.y.controles){
1/sum(1/(tau1^2 + var.y.controles^2))
}

```

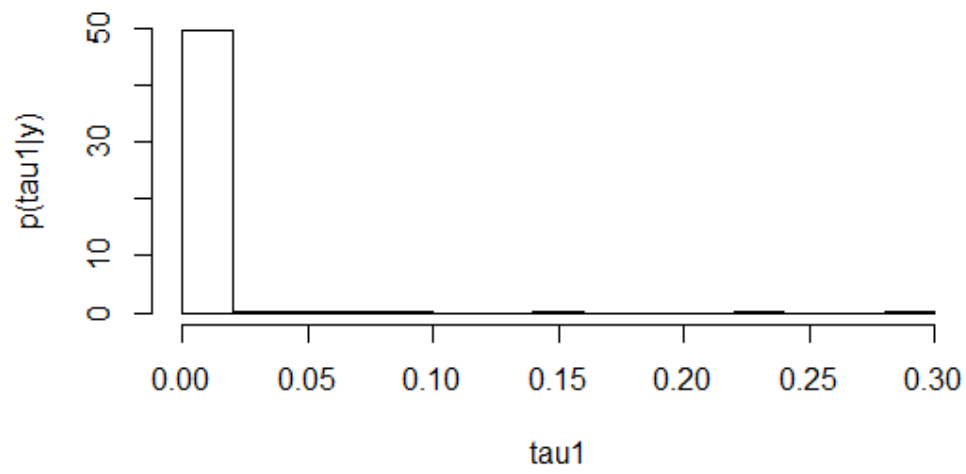
```
mu2.estimado <- function(tau2, y.cohortes, var.y.cohortes){
```

```

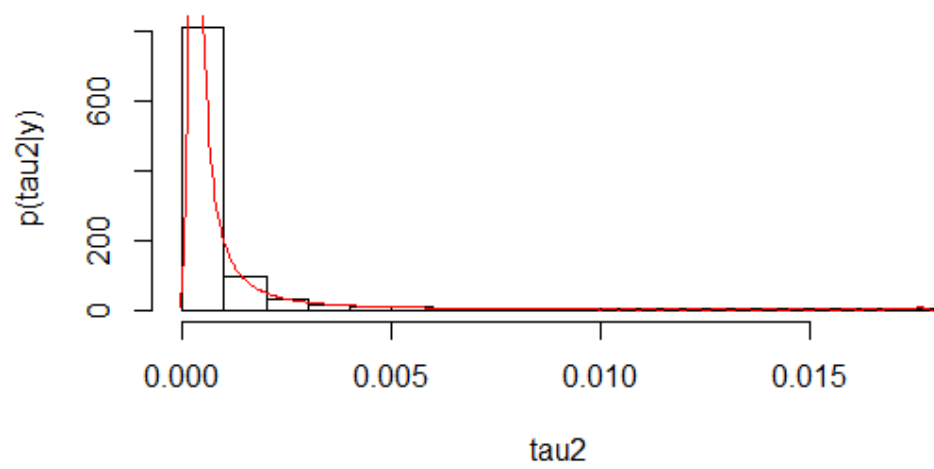
sum(y.cohortes/(var.y.cohortes2+tau22))/sum(1/(var.y.cohortes2+tau22))
}
var.mu2.estimado <- function(tau2, y.cohortes, var.y.cohortes){
1/sum(1/(tau22 + var.y.cohortes2))
}
n.grid <- -2000
tau.grid <- -seq(.01, 40, length = n.grid)
tau1.grid <- -seq(.01, 40, length = n.grid)
tau2.grid <- -seq(.01, 40, length = n.grid)
log.p.tau <- -rep(NA, n.grid)
log.p.tau1 <- -rep(NA, n.grid)
log.p.tau2 <- -rep(NA, n.grid)
for(iin1 : n.grid){
mu1 <- -mu1.estimado(tau1.grid[i], y.controles, var.y.controles)
V1 <- -var.mu1.estimado(tau1.grid[i], y.controles, var.y.controles)
log.p.tau1[i] <- -.5 * log(V1) -
.5 * sum(log(var.y.controles2 + tau1.grid[i]2)) -
.5 * sum((y.controles - mu1)2/(var.y.controles2 + tau1.grid[i]2))
mu2 <- -mu2.estimado(tau2.grid[i], y.cohortes, var.y.cohortes)
V2 <- -var.mu2.estimado(tau2.grid[i], y.cohortes, var.y.cohortes)
log.p.tau2[i] <- -.5 * log(V2) -
.5 * sum(log(var.y.cohortes2 + tau2.grid[i]2)) -
.5 * sum((y.cohortes - mu2)2/(var.y.cohortes2 + tau2.grid[i]2))
}
log.p.tau1 <- -log.p.tau1 - max(log.p.tau1)
p.tau1 <- -exp(log.p.tau1)
p.tau1 <- -p.tau1/sum(p.tau1)
log.p.tau2 <- -log.p.tau2 - max(log.p.tau2)
p.tau2 <- -exp(log.p.tau2)
p.tau2 <- -p.tau2/sum(p.tau2)
hist(p.tau1, probability = TRUE, breaks = 20, xlab = "tau1", ylab = "p(tau1|y)")
lines(density(p.tau1), col = "red")
hist(p.tau2, probability = TRUE, breaks = 20, xlab = "tau2", ylab = "p(tau2|y)")
lines(density(p.tau2), col = "red")
plot(tau1.grid, p.tau1, type = "l", xlab = "tau1", ylab = "p(tau|y)")
plot(tau2.grid, p.tau2, type = "l", xlab = "tau2", ylab = "p(tau|y)")
Con lo que se obtiene

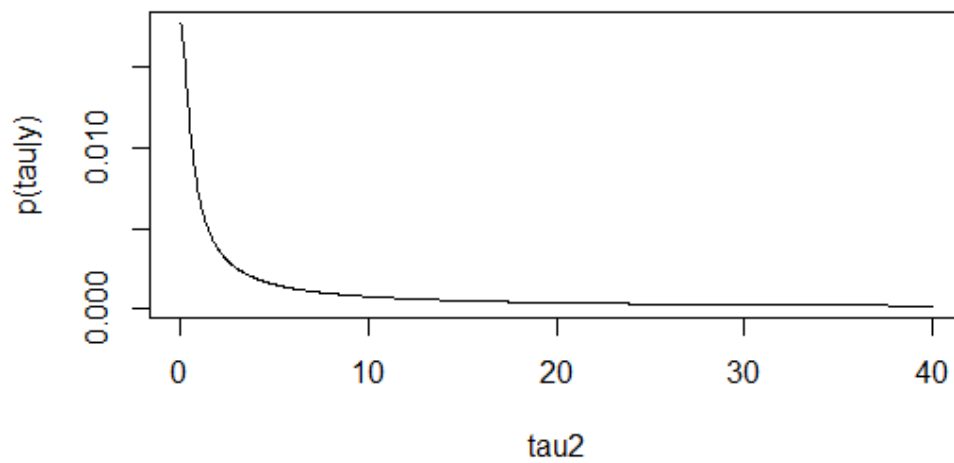
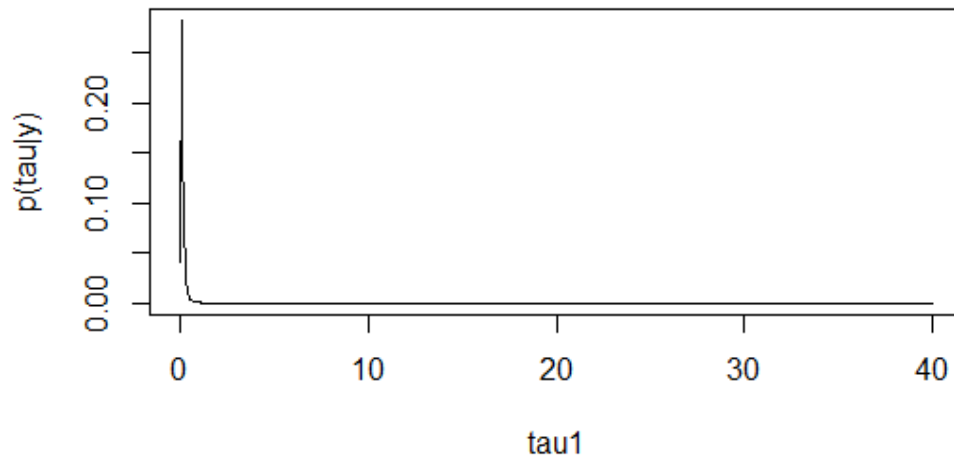
```

**Histogram of p.tau1**



**Histogram of p.tau2**





Para  $p(\mu_1|y)$  y  $p(\mu_2|y)$  podemos hacer una simulación en R extrayendo primero los valores de  $\tau_1$  y  $\tau_2$  repectivamente y entonces obtener la distrubución de  $\mu_1|\tau_1, y$  y  $\mu_2|\tau_2, y$ . En R

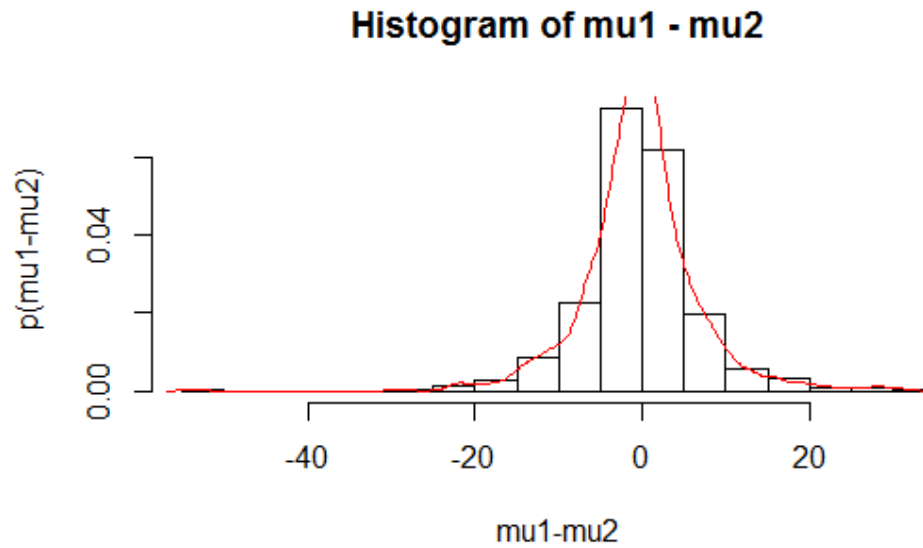
```
n.sims <- 1000
```

```

tau1 <- sample(tau1.grid, n.sims, replace = T, prob = p.tau)
tau2 <- sample(tau2.grid, n.sims, replace = T, prob = p.tau)
mu1 <- rep(NA, n.sims)
mu2 <- rep(NA, n.sims)
theta <- array(NA, c(n.sims, J))
theta.mean <- numeric(n.sims)
theta.sd <- numeric(n.sims)
for(iin1 : n.sims){
mu1[i] <- rnorm(1, mu1.estimado(tau[i], y.controles, var.y.controles),
sqrt(var.mu1.estimado
(tau1[i], y.controles, var.y.controles)))
mu2[i] <- rnorm(1, mu2.estimado(tau[i], y.cohortes, var.y.cohortes),
sqrt(var.mu2.estimado
(tau2[i], y.cohortes, var.y.cohortes)))
}
hist(mu1/mu2, breaks = 20, probability = TRUE, xlab = "mu1/mu2", ylab =
"p(mu1/mu2)")
hist(mu1-mu2, breaks = 20, probability = TRUE, xlab = "mu1-mu2", ylab =
"p(mu1 - mu2)")
lines(density(mu1 - mu2), col = "red")
mean(mu1 - mu2)
median(mu1 - mu2)
plot(mu1, mu2)
diferencia = (mu1 - mu2)/n.sims
print(sum(diferencia < 0))
quantile(diferencia, c(.025, .975))
lo que da un gráfico para  $\mu_1 - \mu_2$ 

```





Con una media de  $\mu_1 - \mu_2$  de -0.3602096 y un intervalo de confianza al 95 % de  $[-14,99556, 13,38560]$ . Como se ve la distribución es simétrica respecto a 0 y no evidencia para decir que  $\mu_1 \neq \mu_2$