Tarea 2

Estadística Actuarial II

José Ignacio Rojas Zárate, C16911 Montserrat Beirute Abarca, C10997
Valeria Vásquez Venegas, C18373

08 de February de 2024

Índice

1. Ejercicio 1 **2**

2. Ejercicio 2 **5**

3. Ejercicio 3 **6**

4. Ejercicio 4 **7**

5. Ejercicio 5 **9**

6. Ejercicio 6 **12**

1. Ejercicio 1

Usando un algoritmo de integración por Montecarlo estime ln(2) con un error absoluto de 10−3

Considere la siguiente integral:

$$\int_0^1 \frac{\ln(x+1)}{2} + \frac{1}{2}\, dx$$

.

Solución:

Empezamos separando la integral en dos partes. Para $\int \frac{\ln(x+1)}{2}\, dx$: Realizamos la sustitución $u = x + 1$ y $du = dx$. Note que si $x \to 0 \Rightarrow u \to 1$ y si $x \to 1 \Rightarrow u \to 2$. Esta primera integral se convierte en: $\frac{1}{2}\int_1^2 \ln(u)\, du$

Ahora, se aplica la regla de integración por partes, donde $m = \ln(u) \Rightarrow dm = \frac{1}{u}du$ y $dv = 1 \Rightarrow v = u$:

$$\frac{1}{2}\left(u\ln(u)\Big|_1^2 - \int_1^2 u\,\frac{1}{u}du\right)$$

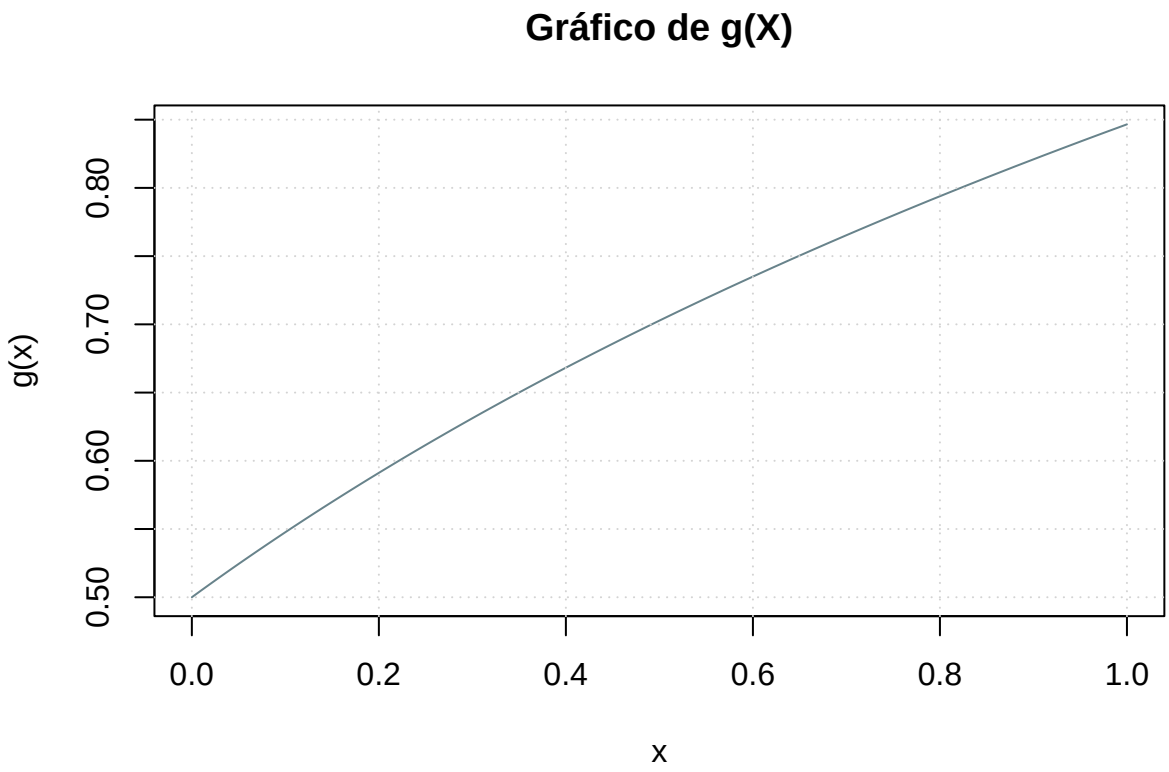
Esto se simplifica a: $\frac{1}{2}\left(\ln(2) - 1\right) = \frac{\ln(2)}{2} - \frac{1}{2}$.

La otra parte de la integral original, $\int_0^1 \frac{1}{2}\, dx = \frac{1}{2}$:

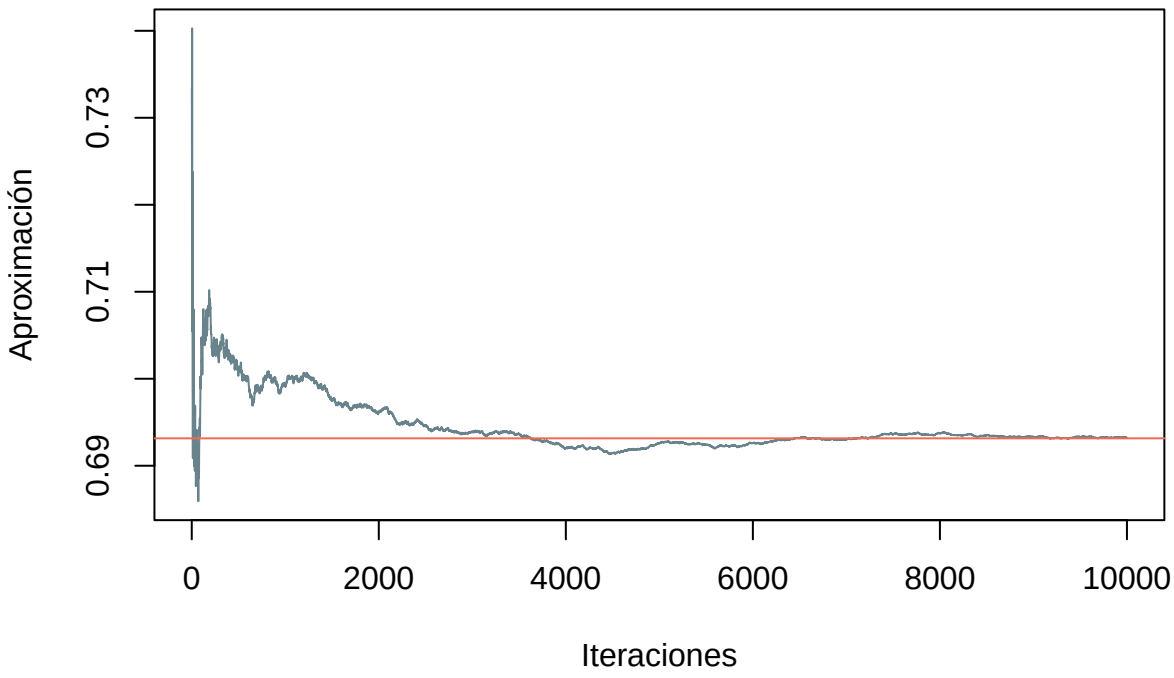
Por lo tanto, la solución a la integral es $\frac{\ln(2)}{2} - \frac{1}{2} + \frac{1}{2} = \ln(2)$.

Ahora, procedemos a aplicar el algoritmo de Montecarlo:

```
set.seed(147) # definimos una semilla
n <-10^4 # tamaño de la muestra
U <-runif(n) # genera un vector con distribución uniforme

g <-Vectorize(function(x) (log(x + 1)/2) + (1/2) ) # construimos la función g

curve(g,0,1,col="lightblue4",lwd=1,main="Gráfico de g(X)")
grid()
```




```r
Y <- g(U) #genera el vector para cada observación
acumulado<-cumsum(Y)/(1:n)
plot(1:n,acumulado,col="lightblue4",type="l",ylab="Aproximación",xlab="Iteraciones")
abline(h=integrate(g,0,1)$value,col="coral2",lwd=1)
```




```
P_est1=mean(Y)

e1 <-(abs(P_est1-log(2)))
```

```
e1
```

```
## [1] 4.587881e-05
```

Concluya que con la función considerada, el algrotimo de integración por Montecarlo arroja un error absoluto de 4.587881e-05 al estimar ln(2).

2. Ejercicio 2

Usando la metodología de Muestreo por Importancia, si $X \sim N(0{,}5, 0{,}5)$ estime:

a. $P(X \leq -5)$

```
pnorm(6,mean = 0.5,sd = (0.5^(1/2)),lower.tail = F)
```

```
## [1] 3.678924e-15
```

Concluya que la $P(X \leq -5) = 3{,}678924e - 15$.

b. Estime el error absoluto de la estimación del punto a:

```
n <-10^4 # Tamaño de la muestra
A <-rexp(n) + 6

g <-Vectorize(function(x) ((1/pi) * exp(-(x-0.5)^2)/(exp(-x+6))))

Y2<-g(A)

M<-matrix(c(mean(Y2),pnorm(6,mean = 0.5,sd = (0.5^(1/2)), lower.tail = F),
            abs(mean(Y2)-pnorm(6,mean = 0.5,sd = (0.5^(1/2)), lower.tail = F)),
            sqrt(var(Y2)/sqrt(10^4))),ncol=4, byrow=TRUE)

colnames(M) <- c("Estimacion", "Valor Real","Error Absoluto","Error Estandar")

M
```

```
##        Estimacion   Valor Real Error Absoluto Error Estandar
## [1,] 2.056013e-15 3.678924e-15   1.622911e-15   4.619617e-16
```

Conculuya que el error absoluto es de 1.622911e-15 al utilizar la metodología de Muestreo por Importancia.

3. Ejercicio 3

Usando el Algoritmo de Aceptación-Rechazo para aproximar el valor de α, de una distribución gamma de parámetro α, 1. Dada una muestra de 100 observaciones (ver valor de x en "Muestragamma.csv". Utilice como función auxiliar una distribución exponencial con parámetro 0.2.

a. Indique el valor estimado de α.

Primero se obtiene la muestra brindada.

```
muestraGamma <- read_csv("muestraGamma.csv",
                         col_types = cols(...1 = col_skip()))
```

Luego se calcula la función de verosimilitud y la constante c, la cual corresponde al máximo de la verosimilitud.

```
lik <- Vectorize(function(alpha) prod(dgamma(muestraGamma$x, shape = alpha)))
c <- optimize(f = lik,int = range(muestraGamma), maximum = TRUE)$objective
```

Una vez calculados los datos anteriores, se procede con el algortimo de aceptación-rechazo.

```
nsim <- 10^4

set.seed(1234)
U <- runif(nsim)
rc <- rexp(nsim, rate = 0.2)
ngen <- length(rc)

Ver <- lik(rc)

for (i in 1:nsim) {
  while ((U[i]*c) > (Ver[i])) {
    U[i] <- runif(1)
    rc[i] <- rexp(1, 0.2)
    Ver[i] <- lik(rc[i])
    ngen = ngen + 1
  }
}
```

El valor estimado para *alpha* es

```
## [1] 2.985526
```

b. Indique el número de generaciones, número medio de generaciones y proporción de rechazos de la estimación realizada.

```
## Número de generaciones:  227537
##  Número medio de generaciones: 22.7537
##  Proporción de rechazos:  0.9560511
```

c. Determine un intervalo de credibilidad al 99 % para el parámetro estimado.

```
q <- quantile(rc, c(0.01, 0.99))
q
```

```
##       1%      99%
## 2.622891 3.360473
```

d. Aceptaría o rechazaría la hipótesis que $\alpha = 3$, basados en el intervalo de credibilidad.

Aceptaría, puesto que 3 está dentro del intervalo de credibilidad.

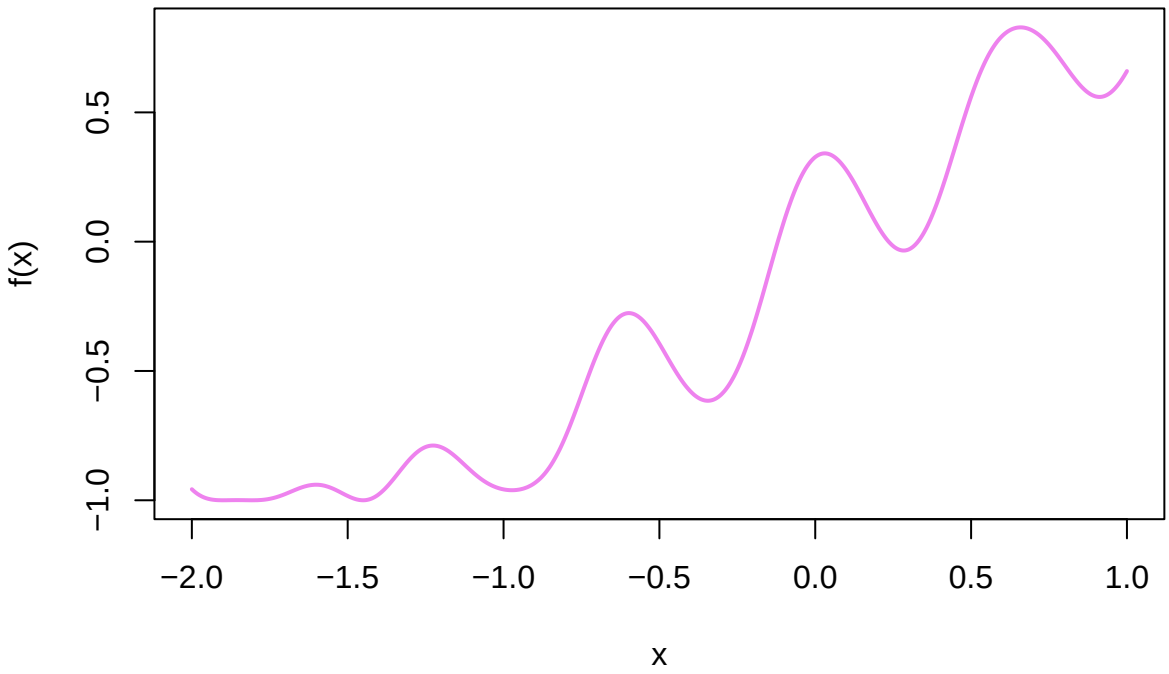
4. Ejercicio 4

Sea $f(x) = sin(x + \frac{cos(10x)}{3})$ **para** $x \in [-2, 2]$**.**

a. Utilizando el algoritmo de recalentamiento simulado estime el mínimo global en [−2,2], con valor inicial en 1.5.

La función a utilizar se ve así:

```
f<-function(x){sin(x+((cos(10*x))/(3)))}
curve(f,col="violet",lwd=2, from=-2, n=1000, ylab="f(x)")
```



Se realiza el algoritmo de Recalentamiento.

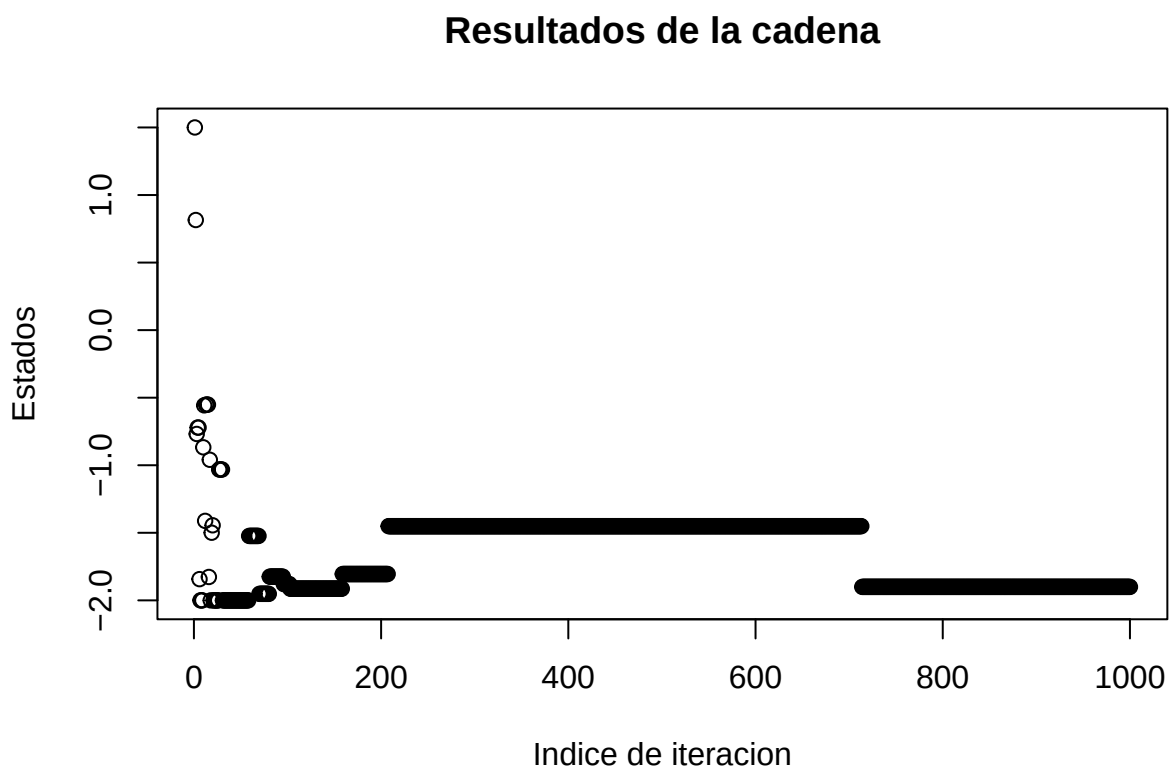
```
resim <- function(f, alpha=0.5, s0=0, niter,mini=-Inf,maxi=Inf) {
  s_n <- s0
  estados<-rep(0,niter)
  iter_count <- 0
  for (k in 1:niter) {
    estados[k]<-s_n
    T <- (1 - alpha)^k
    s_new <- rnorm(1, s_n, 1)
    if(s_new<mini){s_new=mini}
    if(s_new>maxi){s_new=maxi}
    dif <- f(s_new) - f(s_n)
    if (dif < 0) {
      s_n = s_new
      } else {
```

```
        random <- runif(1,0,1)
        if (random < exp(-dif/T)) {
          s_n <- s_new
        }
        }
    iter_count <- iter_count + 1
    }
  return(list(r=s_n,e=estados))
}

Resultado <-resim(f,0.1,1.5,1000,-2,2)
```

```
## El valor mínimo estimado es:  -1.900363
```

b. Grafique el resultado de los estados donde estuvo la cadena de la estimación del punto a.

```
plot(Resultado$e, main = "Resultados de la cadena" , xlab = "Indice de iteracion", ylab = "Estados")
```



5. Ejercicio 5

Una aseguradora tiene un producto llamado Doble Seguro de Vida (DSV) el cual paga 2 veces la suma asegurada si la persona fallece antes de los 60 años, paga 1 suma asegurada cuando la persona cumple los 60 años (si no ha fallecido) y paga 1 suma asegurada si fallece después de los 60 años.
Construya con la ayuda de un MCMC la distribución de los pagos por año de que se espera de este seguro. Use al menos 10 000 iteraciones. Y muestre Histograma.

Primero abrimos la base de datos de mortalidad, luego filtramos para obtener los datos de un hombre nacido en 1994.

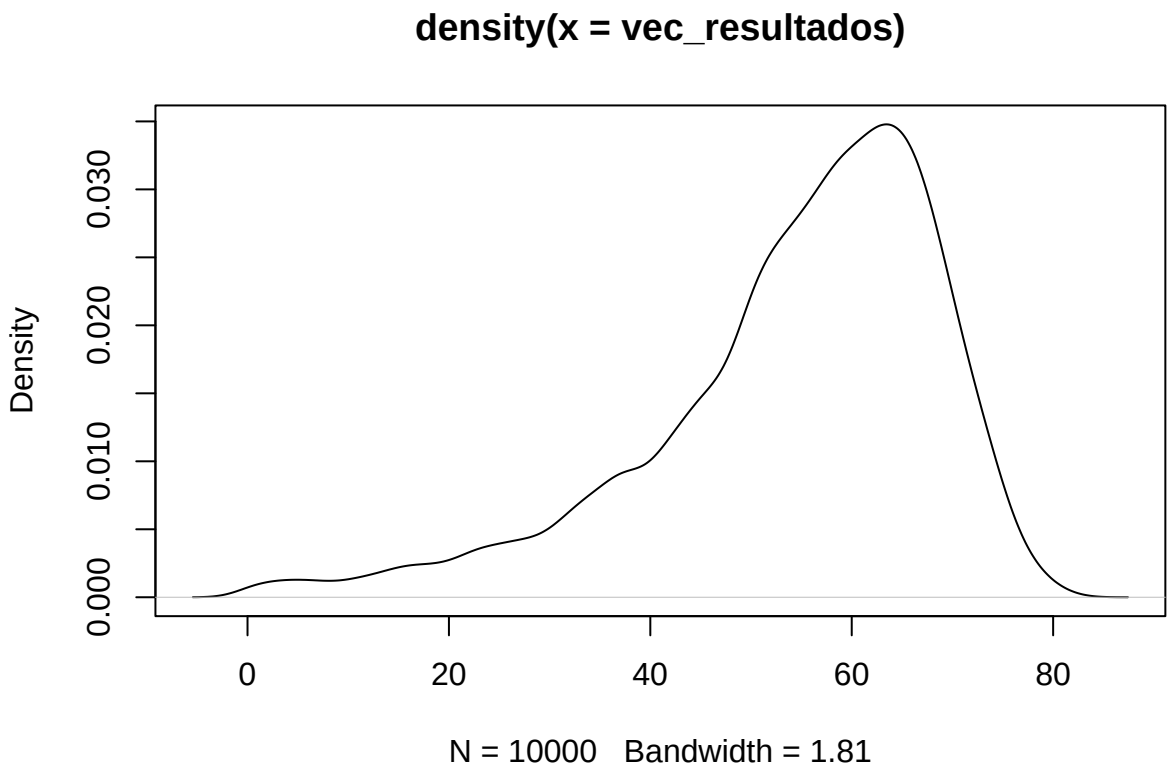
```
tabla_vida_original <- read_excel("tabla.xls")

#filtrando por año de nacimiento y edad
tabla_vida <- tabla_vida_original[(tabla_vida_original$ynac == 1994) &
                                    (tabla_vida_original$sex == 1),]
```

Para realizar la simulación primero definimos algunos aspectos como semilla, numero de iteraciones, vector de mortalidad (filtrado para mortalidades de 30 años en adelante), longitud del vector y un vector vacio donde almacenar los resultados.

```
set.seed(2024)
iteraciones <- 10^4
vec_qx <- tabla_vida$qx[25:length(tabla_vida$qx)]
n <- length(vec_qx)
vec_resultados<-rep(0,iteraciones)

for(i in c(1:iteraciones)){
  U<-runif(n)
  t <- 1
  cont <- 1
  while(t == 1){
    if(U[cont]>vec_qx[cont]) #Aqui se decide si la persona sobrevive o muere
      {cont<-cont+1
    }else{
      t<-0
      }
  }
  vec_resultados[i]<-cont-1
}
```

Ahora podemos observar la distribución de muertes:

```
plot(density(vec_resultados))
```

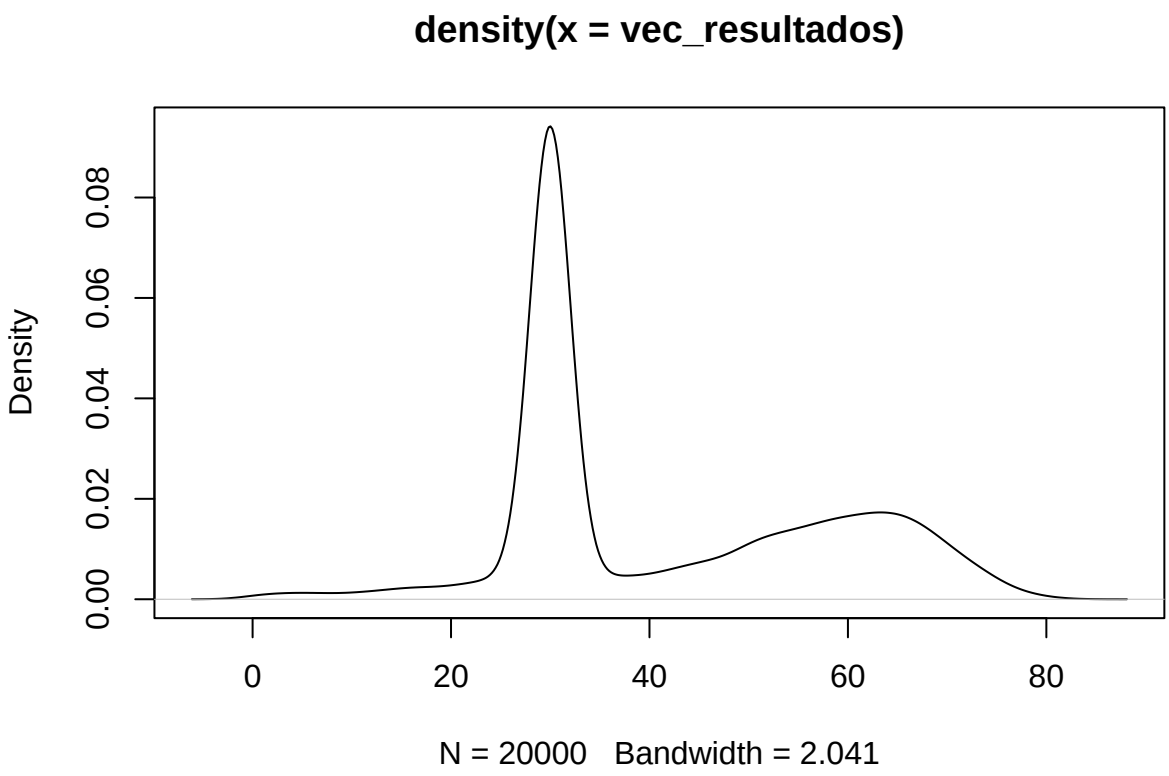


Para poder obtener la distribución de pagos por año, lo que hacemos es considerar que cada muerte después de 30 años (60 años del individuo) representa un pago, pero si la persona muere antes de los próximos 30 años se consideran 2 pagos, por lo que añadimos una observación extra en ese caso. Luego, consideramos que si la persona sobrevive a los 60 años, se le otorga un pago en esa fecha.

```
for (i in 1:length(vec_resultados)){
  if(vec_resultados[i] < (60-30)){
    vec_resultados <- c(vec_resultados, vec_resultados[i])
  }
  if(vec_resultados[i] >= 30){
    vec_resultados <- c(vec_resultados, 30)
  }
}
```

Graficando el resultado:

```
plot(density(vec_resultados))
```


density(x = vec_resultados)
Density
0.00
0.02
0.04
0.06
0.08
0
20
40
60
80
N = 20000 Bandwidth = 2.041

6. Ejercicio 6

Usando el Algoritmo de Metropolis-Hastings construya una muestra de $Z = X_1 - X_2$ donde $X_1 \sim N(\mu, \sigma^2)$ y $X_2 \sim N(\mu/2, \sigma^2/4)$, considere para este ejercicio $\mu = \sigma = 4$.

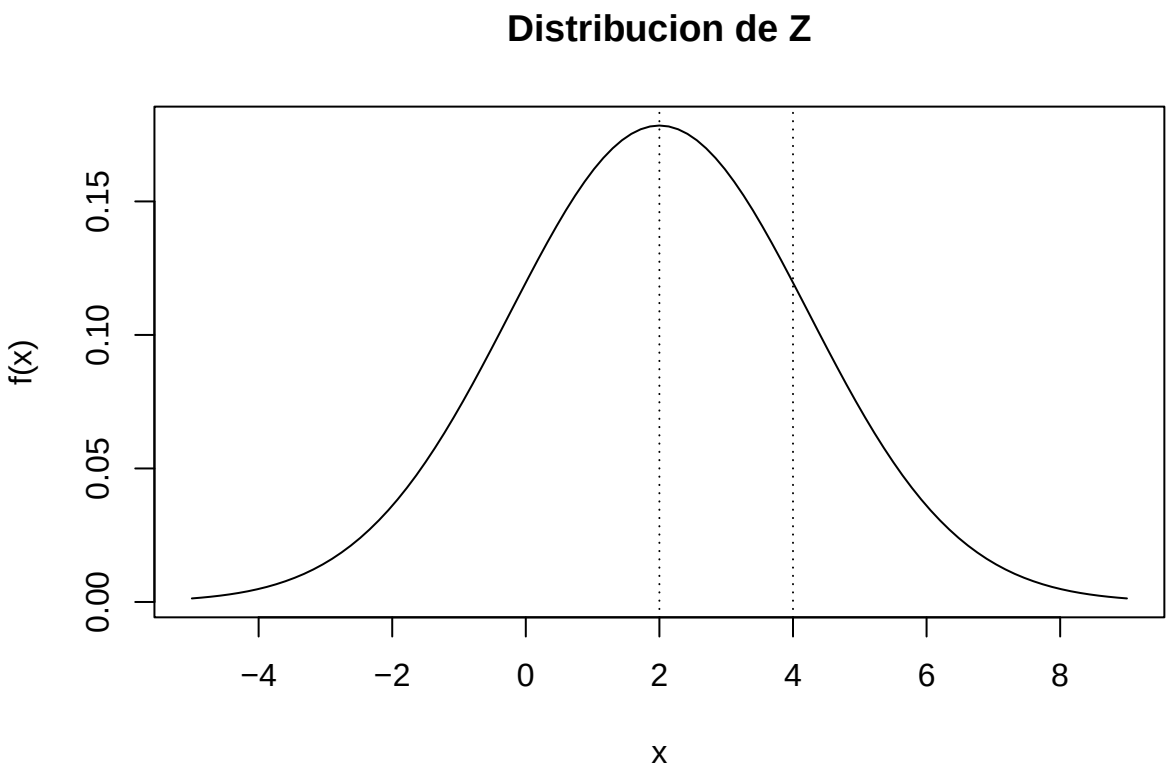
a. Gráfique la distribución de Z junto con las medias de X_1,X_2.

Primero definiremos los parámetros $\mu = \sigma = 4$, además, como $Z = X_1 - X_2$, entonces Z sigue una distribución $Z \sim N(\mu - \mu/2, \sigma^2 + \sigma^2/4)$. Luego definimos la funcion fPI.

```
mu <- 4
sigma <- 4

mu_z <- 4-(4/2)
sigma_z <- 4+(4/4) #En realidad es sigma^2

fPI = function(x)
{
  fx = exp( -((x - mu_z)^2/(2*(sigma_z))))/(sqrt(2*pi*sigma_z))
  return(fx)
}
```

Ahora podemos mostrar la distribución de Z:

```
curve(fPI(x), from=-5,to=9, main="Distribucion de Z",xlab="x",ylab="f(x)")
abline(v = 4, lty = 3) #Media de x1
abline(v = 2, lty = 3) #Media de x2
```



b. Gráfique la distribución (histograma) de la muestra MCMC del algoritmo junto con las medias de

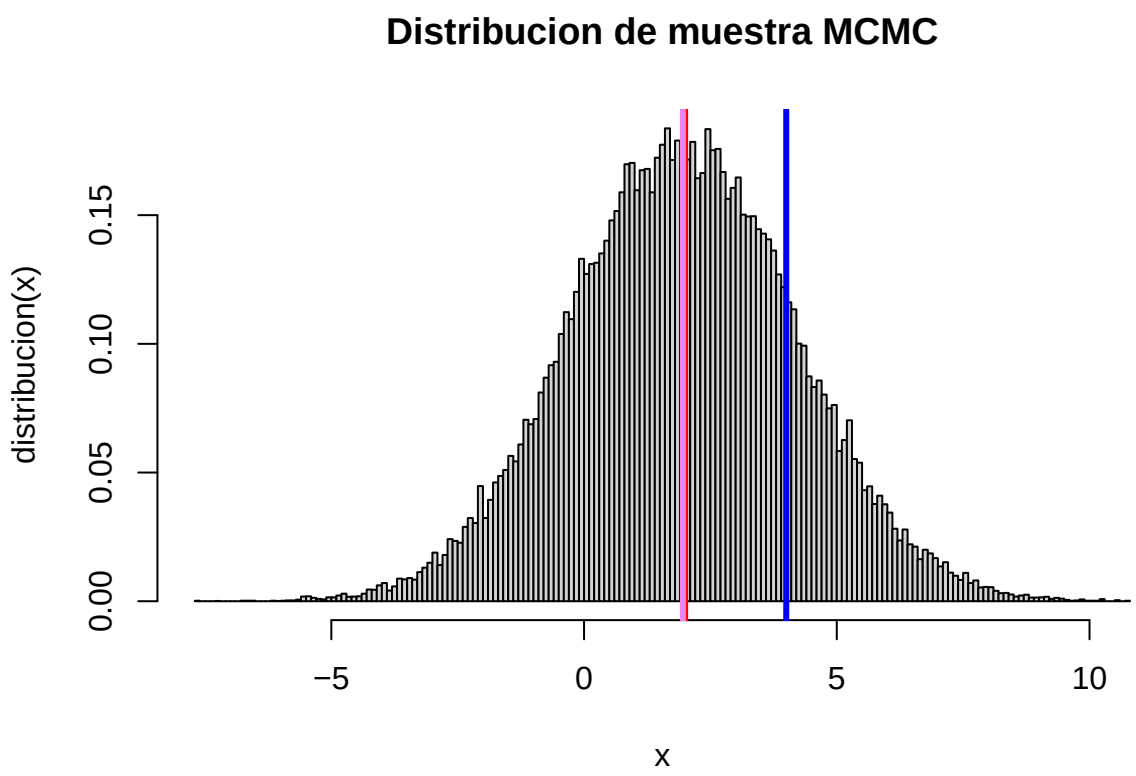
X_1,X_2.

Primero definimos la funcion fpK y luego aplicamos el algoritmo

```
#Usaremos dist cauchy para el proceso de markov
fpK = function(x,y){
  pK = dcauchy(y,location = x) #x es el centro del pico de la distribución.
  return(pK)
}

#Aplicando el algoritmo
N = 10^5 # Número de Iteraciones
L = 1000 # periodo quemado (burn in)

MCMC = matrix(data = 0, nrow = N, ncol = 12)
colnames(MCMC) =
  c("x","y","PIx","PIy","Kxy","Kyx","Rxy","Ryx","Mxy","Myx","Fxy","Salto")
# 1. Inicial con un valor arbitrario de x del dominio de distribución
x = runif(1,-50,50)

for (i in 1:N){
  # 2. Generamos la propuesta con una distribucion arbitraria
  y = rcauchy(1,location = x) #Valor aleatorio según X

  #3. Tasa de Aceptación
  PIx = fPI(x)
  PIy = fPI(y)
  Kxy = fpK(x,y)
  Kyx = fpK(y,x)
  Rxy = (PIy*Kyx) / (PIx*Kxy)
  Ryx = (PIx*Kxy) / (PIy*Kyx)
  # Matriz estocástica de los estados de la distribución estacionaria
  if (x!=y){
    Mxy = Kxy*min(1,Rxy)
    Myx = Kyx*min(1,Ryx)
  }
  else
  { Mxy = -1
  Myx = -1
  }

  #4. Criterio de Aceptacion o Rechazo
  #Probabilidad de aceptación,runif(1)
  Fxy = runif(1)
  MCMC[i,] = c(x,y,PIx,PIy,Kxy,Kyx,Rxy,Ryx,Mxy,Myx,Fxy,0)
  if (Fxy < Rxy)
  {x = y
  lsalto = 1
  }
  else
  { lsalto = 0
  }
  MCMC[i,12] = lsalto
}
mcmc = MCMC[(L+1):N,"x"]
```

Ahora para mostrar el histograma:

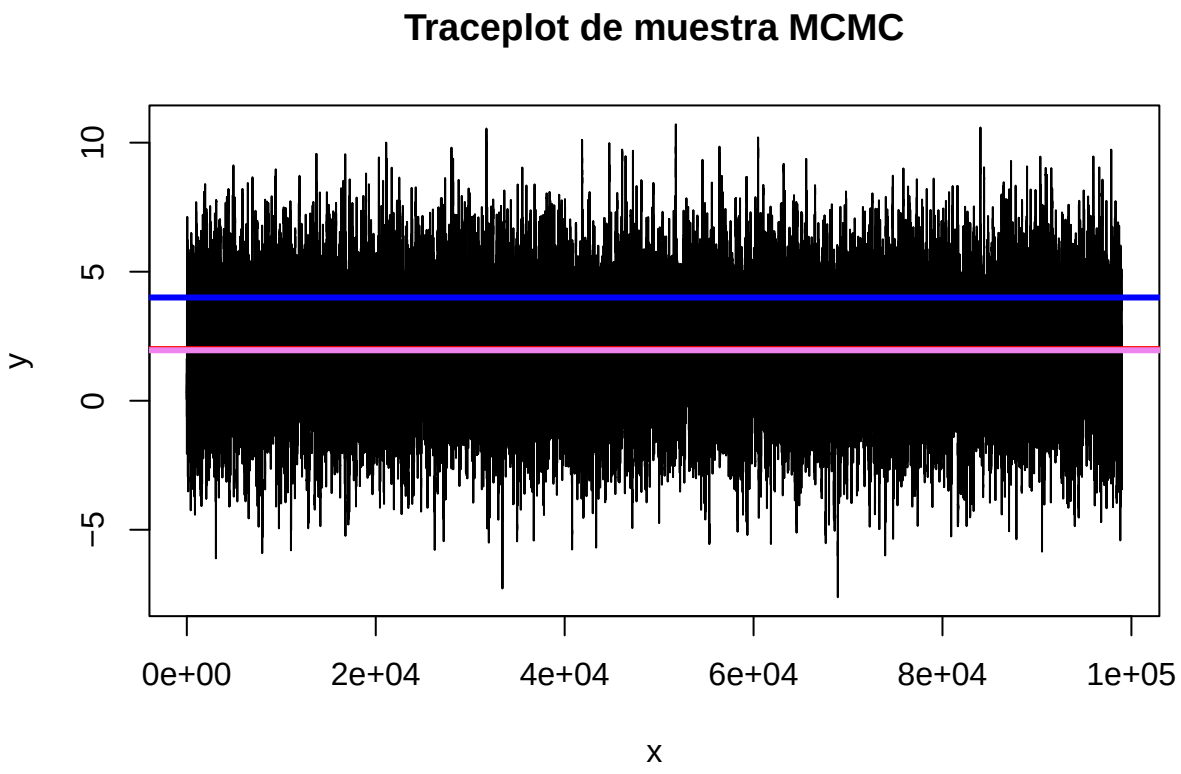
```
media=mean(mcmc)

hist(mcmc,
freq = FALSE,
main = "Distribucion de muestra MCMC",
xlab = "x",
ylab = "distribucion(x)",
breaks = 200)
abline(v=mu, col='blue', lwd=3)       #Media de X1
abline(v=mu/2, col='red', lwd=3)      #Media de X2
abline(v=media, col='violet', lwd=3) #Media de Z
```



c. Estime la media de la distribución resultante de Z.
La media de mcmc es: 1.9555262

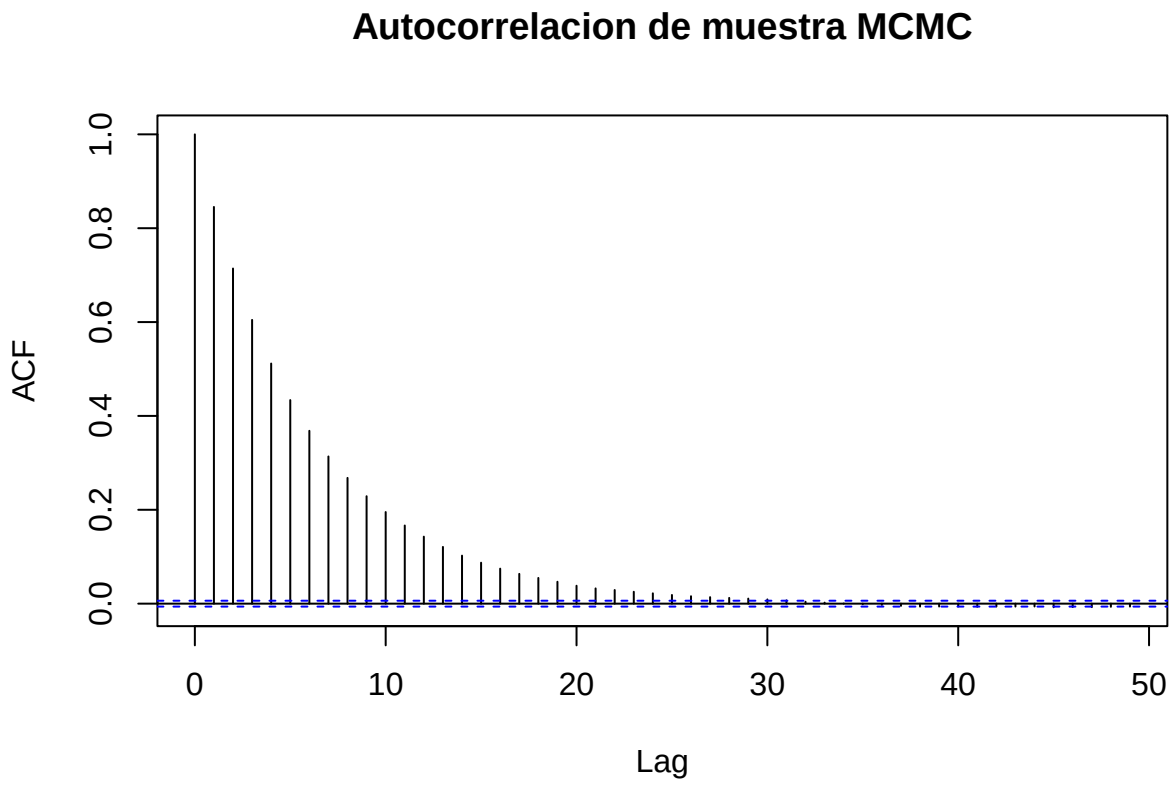
d. Gráfique el Traceplot de muestra MCMC del algoritmo junto con las medias de X_1,X_2,Z.

```
#Traceplot
plot(mcmc,type="l",xlab = "x", ylab = "y", main = "Traceplot de muestra MCMC")
abline(h=mu, col='blue', lwd=3)       #Media de X1
abline(h=mu/2, col='red', lwd=3)      #Media de X2
abline(h=media, col='violet', lwd=3) #Media de Z
```



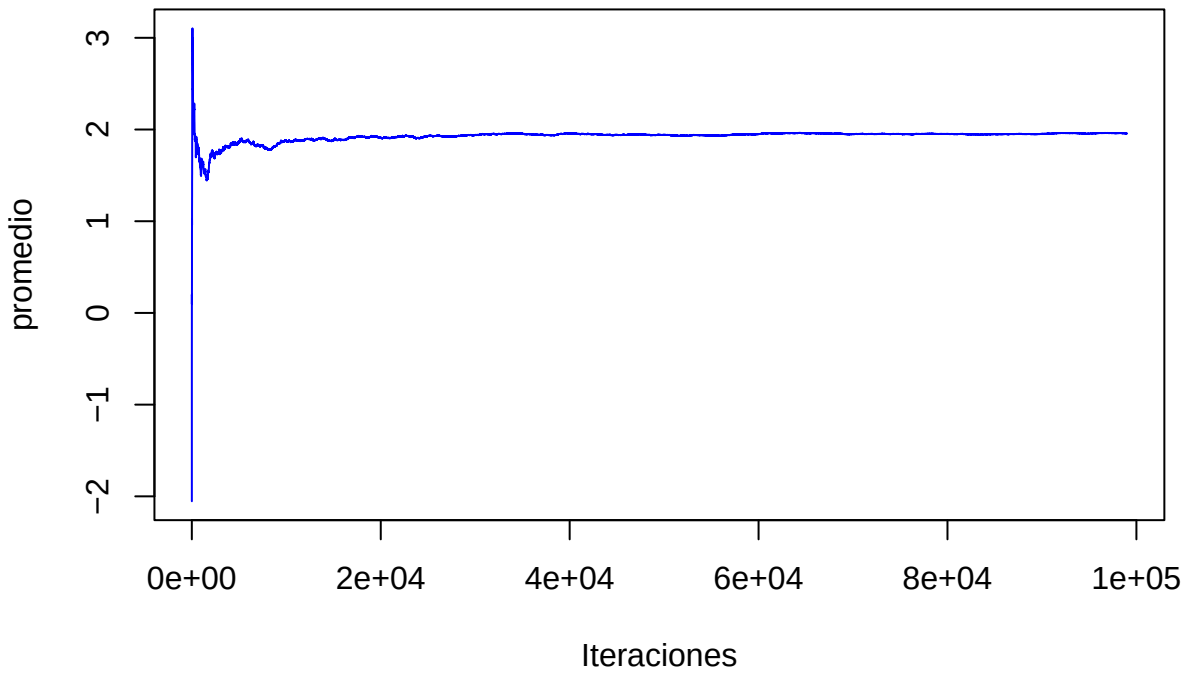
e. El gráfico de Autocorrelación de la muestra MCMC del algoritmo.

```
#Grafico de Autocorrelación
acf(mcmc,main = "Autocorrelacion de muestra MCMC")
```



f. El gráfico de la convergencia de la media de la muestra MCMC del algoritmo.

```
#Grafico convergencia de la media
m=N-L
acumulado<-cumsum(mcmc)/(1:m)
plot(1:m,acumulado,col="blue",type="l",ylab="promedio",xlab="Iteraciones")
```



g. La tasa de aceptación del algoritmo.

```
cat("Tasa de aceptación \n",
    "NumeroSaltos/TotalIteraciones :" , mean(MCMC[,"Salto"]) ,"\n")
```

```
## Tasa de aceptación
##  NumeroSaltos/TotalIteraciones : 0.70926
```