

Lab 1 JAE Bayes

Roi Naveiro y David Ríos Insua

22/06/2021

Modelo normal-normal

```
chanque <- scan("data/data3.txt")
chanque
```

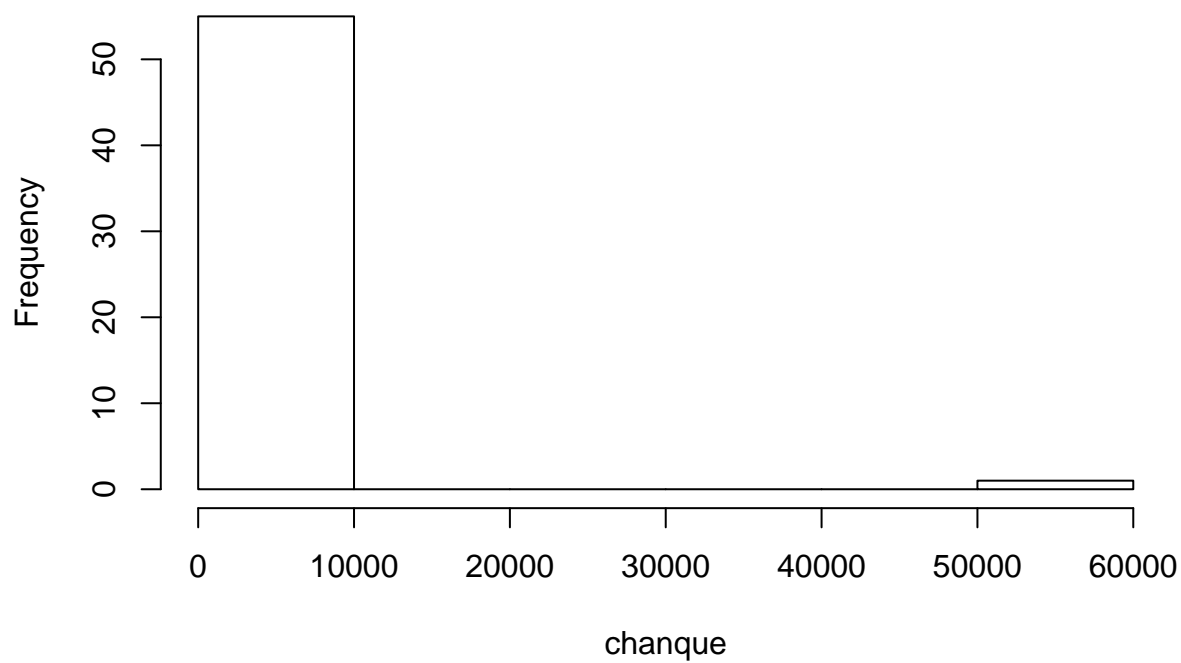
```
## [1] 167.46734 121.13191 373.38283 88.88316 140.78728 119.26913
## [7] 750.07959 263.84966 104.06109 217.86384 323.37006 147.39740
## [13] 1431.21744 131.60111 110.32688 121.47745 116.89087 971.42888
## [19] 238.63365 104.47340 104.07052 330.68254 310.96661 46.68543
## [25] 199.20757 268.54400 469.29151 21.19338 310.88135 277.66667
## [31] 364.04005 27.68808 78.25821 63.64185 197.94149 1136.81185
## [37] 176.35820 343.78977 88.79252 52.39540 63.69630 412.41005
## [43] 237.08532 134.81558 140.46636 190.61819 104.06526 89.03271
## [49] 81.47754 102.75761 45.62324 50.65503 361.81870 129.42763
## [55] 64.68819 58688.55427
```

Los datos recogen longitudes de chanquetes interceptados por pesca ilegal en el puerto de Málaga en centímetros.

EL análisis exploratorio sugiere un outlier que eliminamos del estudio. Repetimos histograma y decidimos transformar por log para mejor normalidad

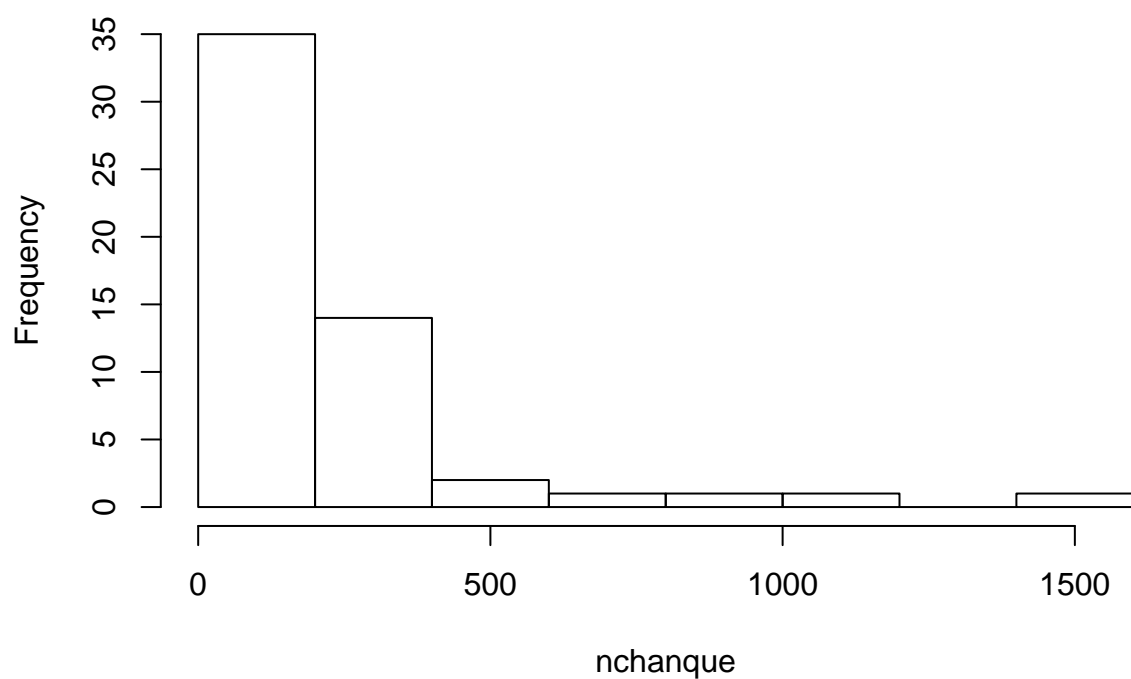
```
hist(chanque)
```

Histogram of chanque

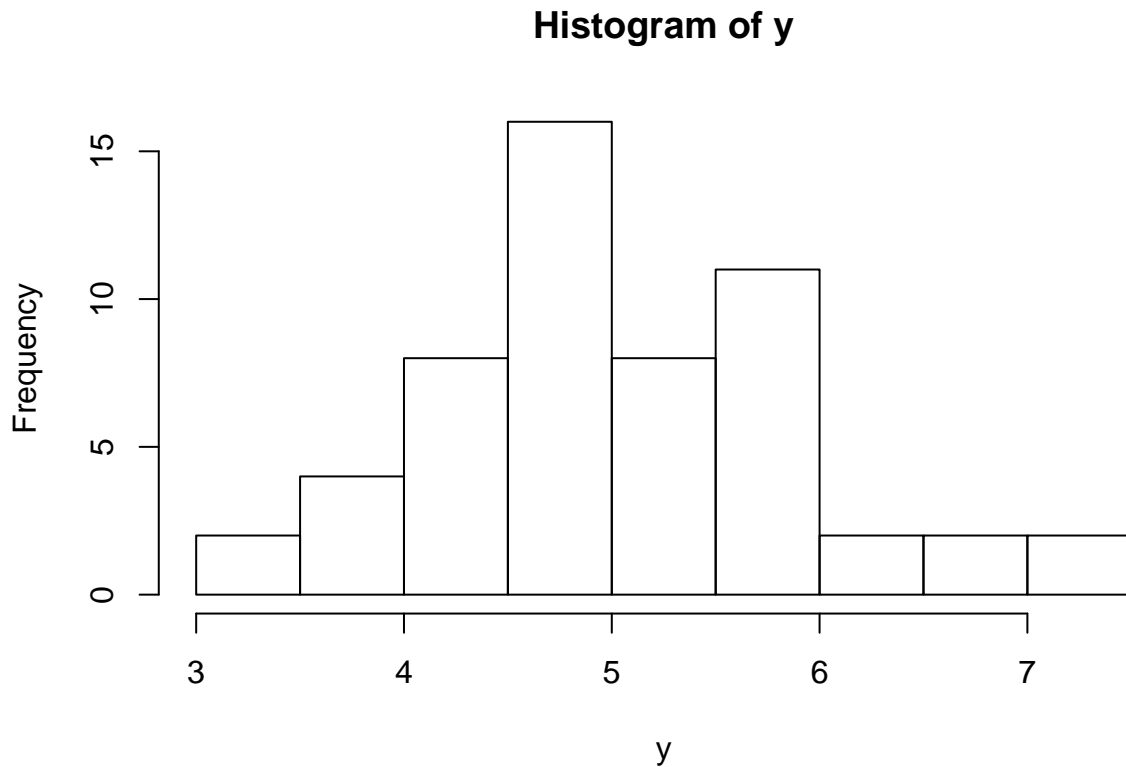


```
nodata<-length(chanque)
Schanque<-sort(chanque)
nchanque<-Schanque[1:nodata-1]
hist(nchanque)
```

Histogram of nchanque



```
y<-log(nchanque)
hist(y)
```



Calculamos algunos estadísticos que luego emplearemos en la inferencia

```
n<-length(y) ; ybar<-mean(y) ; s2<-var(y)
```

Suponemos una a priori plana para la media μ del log de las tallas. Además, como el número de datos es grande (más de 30, sustituimos σ por s). La a posteriori es normal con media y desviación típica

```
mu0 <- 7.0; k0 <- 1
s20 <- 0.9; nu0 <- 1

## posterior inference
kn<-k0+n ; nun<-nu0+n
mun<- (k0*mu0 + n*ybar)/kn
s2n<- (nu0*s20 +(n-1)*s2 +k0*n*(ybar-mu0)^2/(kn))/(nun)
mun
```

```
## [1] 5.107965
```

```
s2n
```

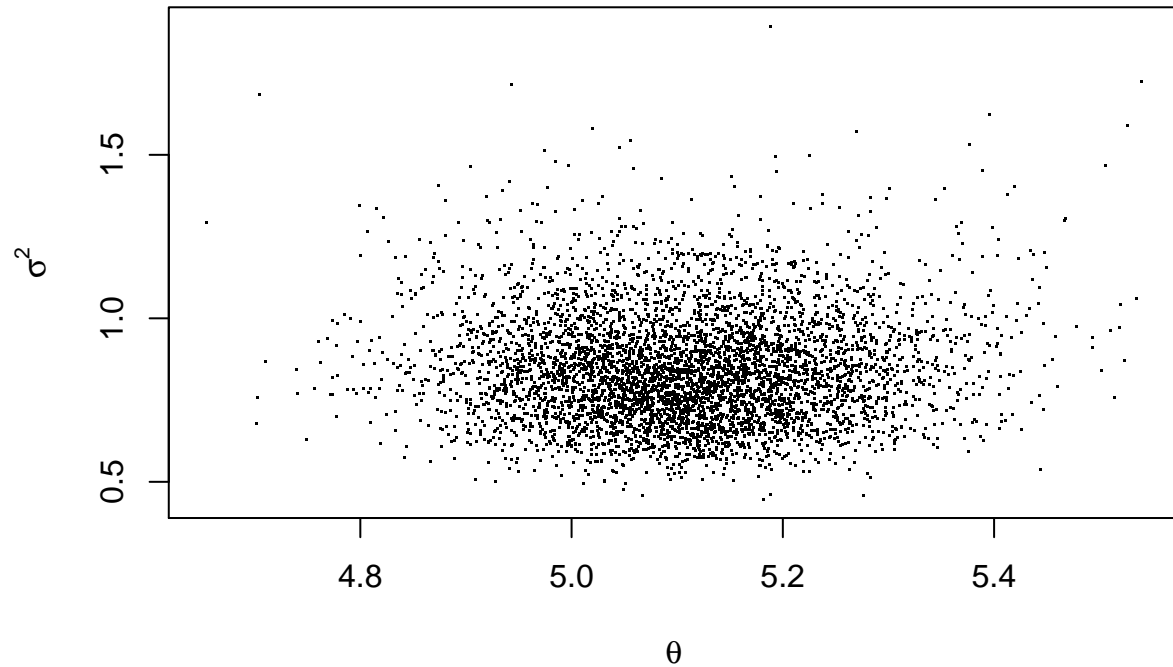
```
## [1] 0.8162347
```

Muestreamos de la distribución a posteriori

```
#### Monte Carlo sampling
set.seed(1)
S<-10000
s2.postsample<-1/rgamma(S, (nu0+n)/2, s2n*(nu0+n)/2 )
theta.postsample<-rnorm(S, mun, sqrt(s2.postsample/(k0+n)))
quantile(theta.postsample, c(.025,.975))
```

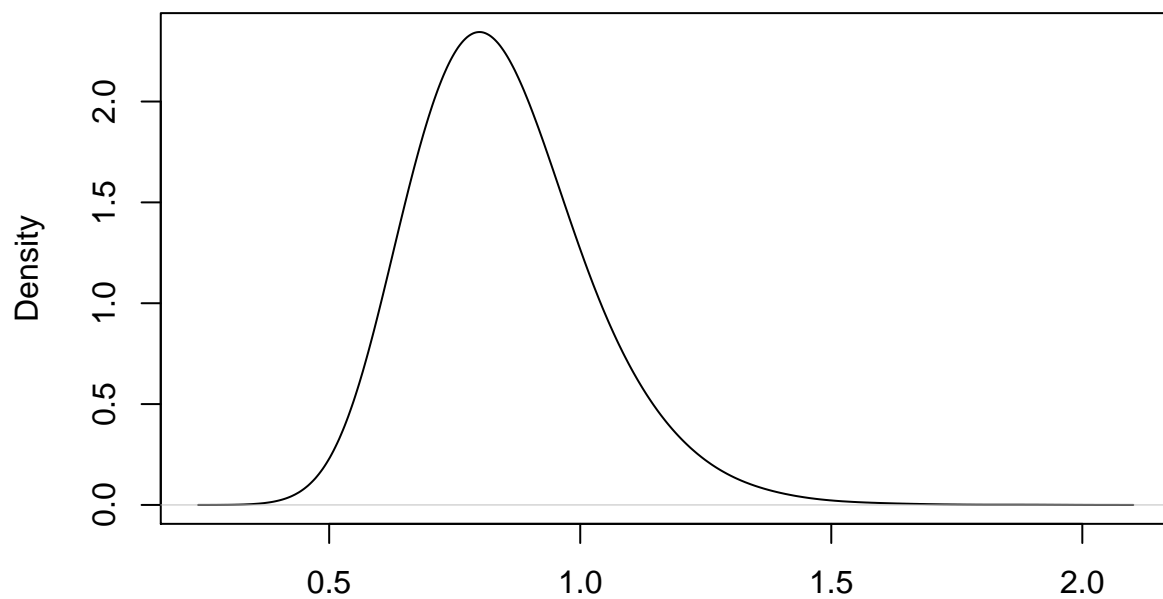
```
##      2.5%      97.5%  
## 4.872503 5.358297
```

```
##  
plot(theta.postsample[1:5000], s2.postsample[1:5000], pch=".",  
      xlab=expression(theta), ylab=expression(sigma^2) )
```



```
plot(density(s2.postsample, adjust=3))
```

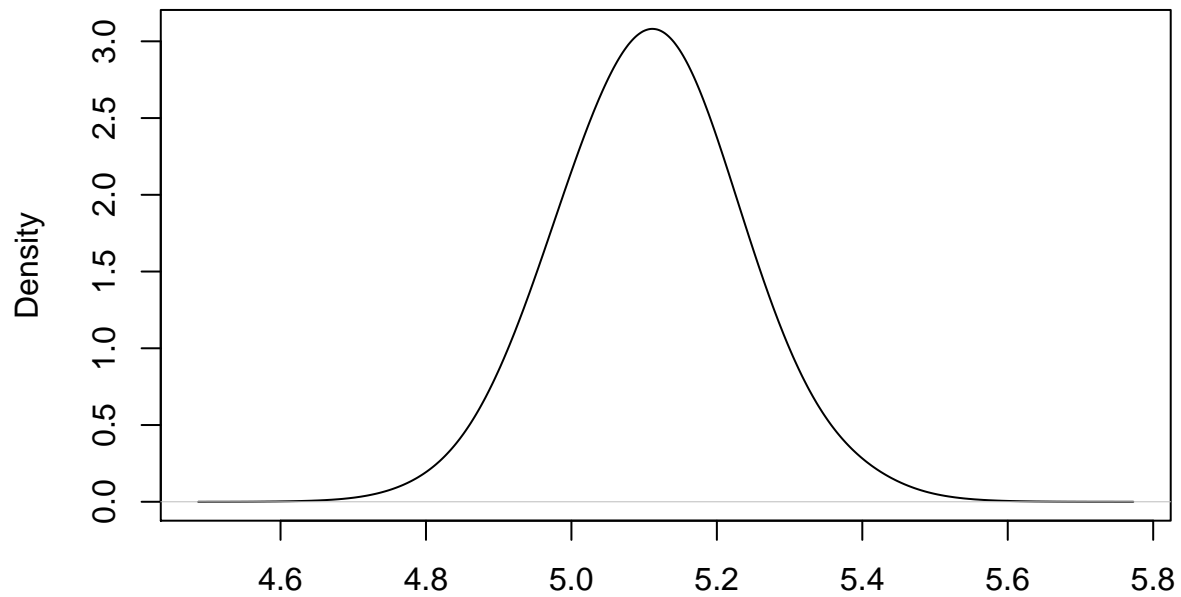
density.default(x = s2.postsample, adjust = 3)



N = 10000 Bandwidth = 0.06936

```
plot(density(theta.postsample,adjust=3))
```

density.default(x = theta.postsample, adjust = 3)



N = 10000 Bandwidth = 0.05149

Imaginad que (el log de) la minima talla legal es 5.3. Contrastamos las hipótesis $H_0: \mu \leq 5.3$ $H_1: \mu > 5.3$.

```
##
```