

```

###
### Distribuição normal bivariada
###

library(mvtnorm)
library(ellipse)

# Vetor de médias
mu <- c(3, 5)

# Matriz de covariâncias
Sigma <- matrix(c(2, -0.7, -0.7, 1), ncol = 2)

# 1. Função densidade
# Malha de (x1, x2)
npontos <- 100
x1 <- seq(mu[1] - 3 * sqrt(Sigma[1, 1]), mu[1] + 3 * sqrt(Sigma[1,
1]),
length = npontos)
x2 <- seq(mu[2] - 3 * sqrt(Sigma[2, 2]), mu[2] + 3 * sqrt(Sigma[2,
2]),
length = npontos)

fdens <- dmnorm(expand.grid(x1, x2), mean = mu, sigma = Sigma)
persp(x1, x2, matrix(fdens, ncol = npontos, byrow = TRUE), xlab =
"x1",
ylab = "x2", zlab = "f(x1, x2)", ticktype = "detailed", theta =
60,
col = "lightgreen")

# 2. Curvas de nível da função densidade
niveis <- c(0.99, 0.95, 0.9, 0.8, 0.5)
plot(ellipse(Sigma, centre = mu, level = niveis[1]), type = "l",
xlab = expression(x[1]), ylab = expression(x[2]))
points(mu[1], mu[2], pch = 20)
if (length(niveis) > 1) {
for (i in 2:length(niveis)) {
lines(ellipse(Sigma, centre = mu, level = niveis[i]), type =
"l",
xlab = "", ylab = "")
}
}

# Uma amostra aleatória
x1x2 <- rmvnorm(n = 1000, mean = mu, sigma = Sigma)
points(x1x2, pch = "*", col = "red")

```