Os valores iniciais 1

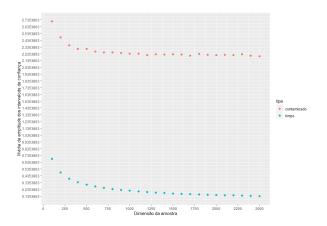
```
semente = 57
m = 950
\lambda = 1.99
\lambda_C = 0.24
1-\alpha = 0.91
```

O código em R

```
#definir valores iniciais
seed = 57
nam = 950
lambda = 1.99
lambdac = 0.24
pc = 0.1
dim = 100
Z = 1.7
set.seed(seed)
intc <- (1/Xc)*Z*Z/sd(datac)
}else{
    X <- append(X,mean(data))
    Xc <- append(Xx,mean(datac))
    int <- append(int,(1/X)*Z*Z/sqrt(dim*i))
    intc <- append(intc,(1/Xc)*Z*qt((1+0.91)/2,dim*i-1)/sd(datac))</pre>
              #fazer a data frame
tipo = c(rep("limpo",length(meanint)),rep("contaminado",length(meanintc)))
meanintall = c(meanint,meanintc)
data = data.frame(x,meanintall,tipo)
              \label{eq:proposed_property}  \begin{tabular}{ll} \#plot do gráfico library(ggplot(2) \\ ggplot(data, aes(x = x, y=meanintall, group = tipo, color = tipo)) + \\ geom_point(shape = 16, size = 2) + \\ scale\_y\_continuous(breaks = seq(min(meanintall), max(meanintall)+0.1, by = 0.1)) + \\ scale\_x\_continuous(breaks = round(seq(min(x)-100, max(x)), by = 250),1)) + \\ labs(x = "Dimensão da amostra", y = "Média da amplitude dos intervalods de confiança") \\ \end{tabular}
```

Download ficheiros R

O gráfico de dispersão 3



Comentários sobre os resultados obtidos 4

Os resultados são os esperados, conseguimos ver uma convergência dos valores do intervalo de confiança á medida que a dimensão da amostra aumenta. Conseguimos ver uma diferença entre os valores contaminados e os normais.