João Barreiros C. Rodrigues

Junho 2022

1 Parâmetros

```
seed=341, m=800, \lambda=5.54, \lambda_c=0.51, \epsilon=0.15, (1-\alpha)=0.999
```

2 Código

```
#install.packages("ggplot2") #Install packages, using Netherlands CRAN mirror
#install.packages("dplyr")
library("dplyr")
library("ggplot2") #Link library
set.seed(341)
m = 800
minn=100
maxnn = 2500
lambda = 5.54
lambdac= 0.51
alpha=0.001
alphapercentile=alpha/2 #1-alpha=0.999 therefore we can be assure we are in the 99.5 th percentile
mean0=rep(0,m)
amplitude=rep(0,m)
amplitudemean=rep(0, 25)
cmean0=rep(0,m)
camplitude=rep(0,m)
camplitudemean=rep(0, 25)
ninterval=seq(from = minn, to= maxnn, by =100)
for(n in ninterval){
              for (i in 1:m){ #generate regular observations
    normal=rexp(n,lambda)
                             fullycontaminated=rexp(n,lambdac)
partialcontaminated=normal
                              for(a in 1:n*0.15){
                                            partialcontaminated[a]=fullycontaminated[a]
                              mean0[i]=mean(normal)
                              cmean0[i]=mean(partialcontaminated)
               s=mean0
               cs=cmean0
              amplitude <- qt(1-alphapercentile,df=n-1)/(s*sqrt(n))
camplitude <- qt(1-alphapercentile,df=n-1)/(cs*sqrt(n))</pre>
              amplitude <- qt(l-alphapercentile,df=n-1)/(cs*sqrt(n))
amplitudemean[n/100]=mean(amplitude)
camplitudemean[n/100]=mean(camplitude)
print(n) ##dded in order to be sure the script was indeed running
print(amplitudemean[n/100])
}
df.amplitudemean <- as.data.frame(amplitudemean)
print(df.amplitudemean)</pre>
df.amplitudemean <- cbind(df.amplitudemean, Contaminação="Não Contaminado") #label dataframe df.amplitudemean <- cbind(df.amplitudemean, n=ninterval)
df.camplitudemean <- as.data.frame(camplitudemean)
print(df.camplitudemean)</pre>
df.camplitudemean <- cbind(df.camplitudemean, Contaminação="Contaminado")
df.camplitudemean <- cbind(df.camplitudemean, n=ninterval)
print(df.camplitudemean)

colnames(df.camplitudemean)

print(df.camplitudemean)

print(df.camplitudemean)

print(df.camplitudemean)

print(df.amplitudemean)

df.compact <- union(df.amplitudemean, df.camplitudemean)

print(df.campact)
plot <- ggplot(df.compact, aes(x=n, y=amplitudemean, colour=Contaminação))
plot <- plot + geom_point()+stat_smooth(method="auto", se=FALSE, fullrange=TRUE)
plot <- plot + ggtitle("Média das amplitudes dos intervalos de confiança das 800 observações em função de n") + ylab("Média das
Amplitudes dos intervalos de confiança obtidos") + xlab("Dimensão das amostras (n)") #add title and rename y and x axis
print(plot)
ggsave("module10.png", plot = plot, device=png, width=14) #save plot
```

3 Outputs Gráficos

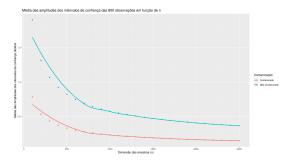


Figura 1: Amplitude do intervalo de confiança em função da dimensão da amosta (n)

4 Comentários

À semelhança do exercício anterior verifica-se uma relação aproximadamente inversamente proporcional entre a dimensão da amostra n e a amplitude do intervalo de confiança em ambas as amostras.

Deve salientar-se que embora a amostra contaminada obedeça à relação anteriormente estipulada, em comparação para igual n, a amostra contaminada tem sempre menor média dos intervalos de confiança. Tal pode ser justificado teoricamente por $\lambda > \lambda_c$