

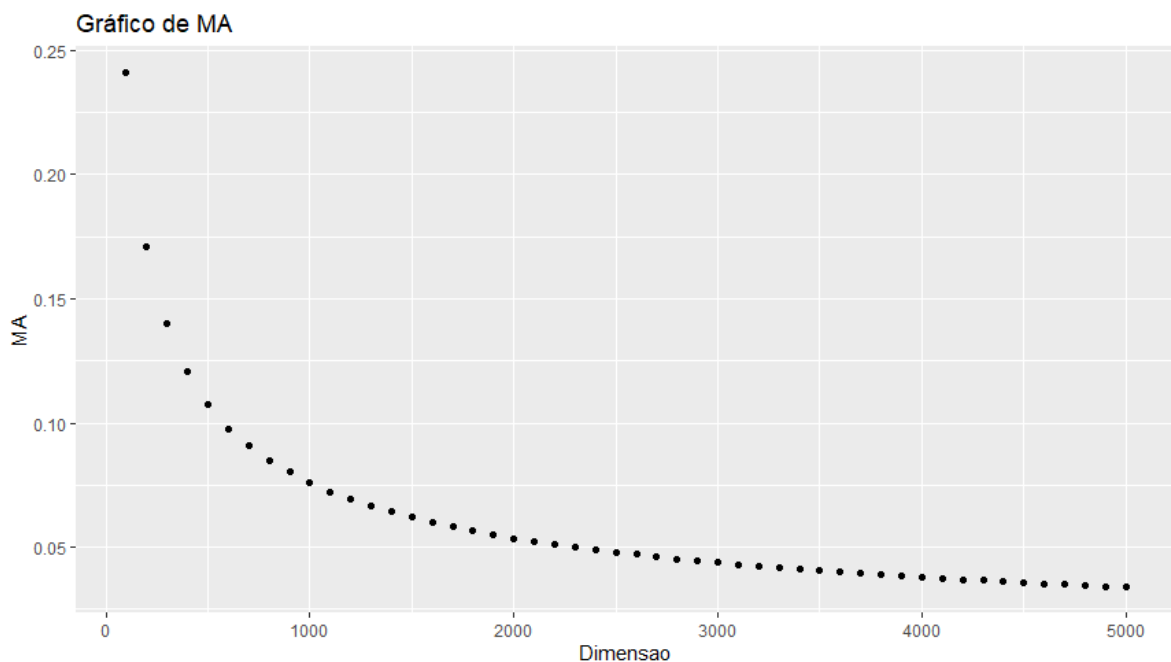
1. Valores dos parâmetros

$Semente = 208$ $m = 550$ $\lambda = 0.73$ $(1 - \alpha) = 0.9$

2. Código em R

```
library(ggplot2)
set.seed(208)
dados <- data.frame(matrix(ncol=2, nrow=0))
colnames(dados)<-c("Dimensão", "MA")
count = 1
for (n in seq(from = 100, to = 5000, by = 100)){
  buffer <- vector("double", 550)
  for (m in c(1:550)){
    lambda = 1/mean(rexp(n, 0.73))
    baixo = lambda * (1 - (qnorm(1-(0.1/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n))
    alto = lambda * (1 + (qnorm(1-(0.1/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n))
    buffer[m] <- (alto - baixo)
  }
  dados[count,] <- c(n, mean(buffer))
  count=count+1
}
ggplot(dados, aes(x=Dimensão, y=MA)) + geom_point() +
ggtitle("Gráfico de MA")
```

3. Gráfico gerado



4. Comentários

Quanto maior for a dimensão das amostras, as amplitudes do intervalo de confiança irão diminuir-se. Isto deve-se ao facto, que a amplitude do intervalo de confiança estar também relacionada com a precisão da estimativa intervalar, ou seja, estamos a admitir que quanto maior for a dimensão das amostras, maior será a sua precisão.