

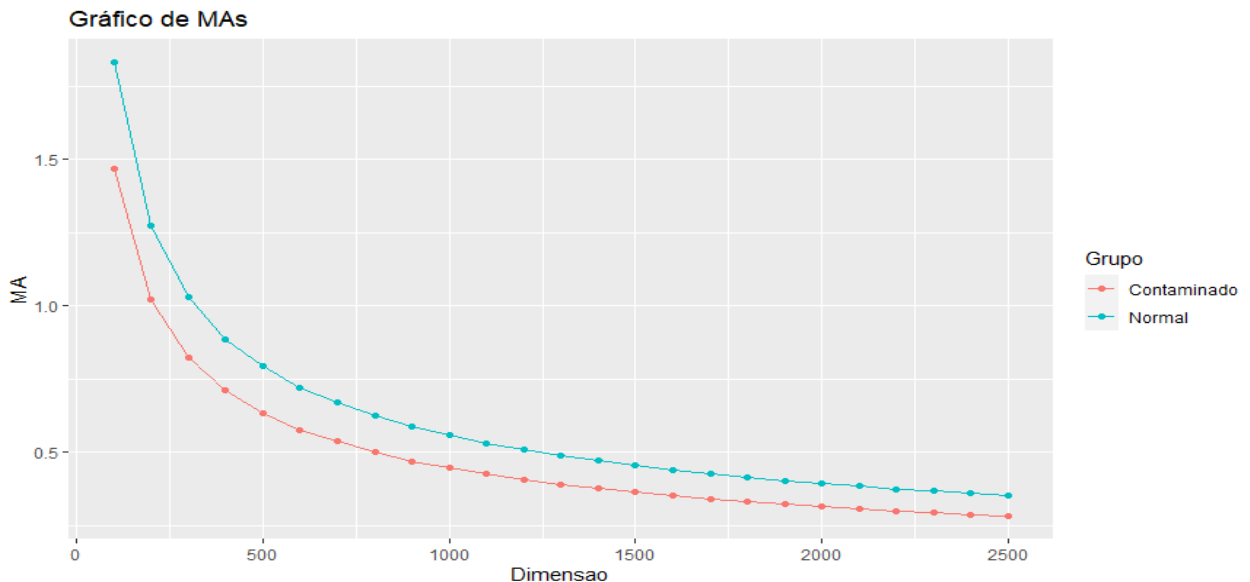
## 1. Valores dos parâmetros

$Semente = 471$      $m = 1050$      $\lambda = 4.85$      $\lambda_c = 0.01$      $\epsilon = 20\%$      $(1 - \alpha) = 0.93$

## 2. Código em R

```
library(ggplot2)
set.seed(471)
dados <- data.frame(matrix(ncol=3, nrow=0))
colnames(dados)<-c("Dimensao", "Grupo", "MA")
count = 1
for (n in seq(from = 100, to = 2500, by = 100)){
  buffer <- vector("double", 1050)
  for (m in c(1:1050)){
    lambda = mean(rexp(n, 4.85))
    baixo = 1/(lambda * (1 + (qnorm(1-(0.07/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n)))
    alto = 1/(lambda * (1 - (qnorm(1-(0.07/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n)))
    buffer[m] <- (alto - baixo)}
  dados[count,] <- c(n, "Normal", mean(buffer))
  count=count+1
  for(m in c(1:1050*0.2)){
    lambda = mean(rexp(n, 0.01))
    baixo = 1/(lambda * (1 + (qnorm(1-(0.07/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n)))
    alto = 1/(lambda * (1 - (qnorm(1-(0.07/2), mean=0, sd=1)) / sqrt(n)))
    buffer[m] <- (alto - baixo)}
  dados[count,] <- c(n, "Contaminado", mean(buffer))
  count=count+1}
dados <- transform(dados, MA = as.double(MA), Dimensao = as.double(Dimensao))
ggplot(dados, aes(group=Grupo, x=Dimensao, y=MA)) + geom_point(aes(color=Grupo)) +
  geom_line(aes(color=Grupo)) + ggtitle("Gráfico de MAs")
```

## 3. Gráfico gerado



## 4. Comentários

Apesar de quanto maior for a dimensão maior também será a sua precisão, no qual se confere no grupo normal na análise. A diminuição da MA no grupo dos contaminados, deve-se ao facto de o  $\lambda_c \ll \lambda$ , no qual o lambda menor está a gerar amplitudes pequenas, no que influencia o cálculo da média de amplitude. Consequentemente, está a dar uma falsa confiança no intervalo de estimativa.