

Relatório Pergunta 10

José Cutileiro

2022-06-04

```
library(ggplot2)
library(dplyr)
library(tidyr)
library(readxl)

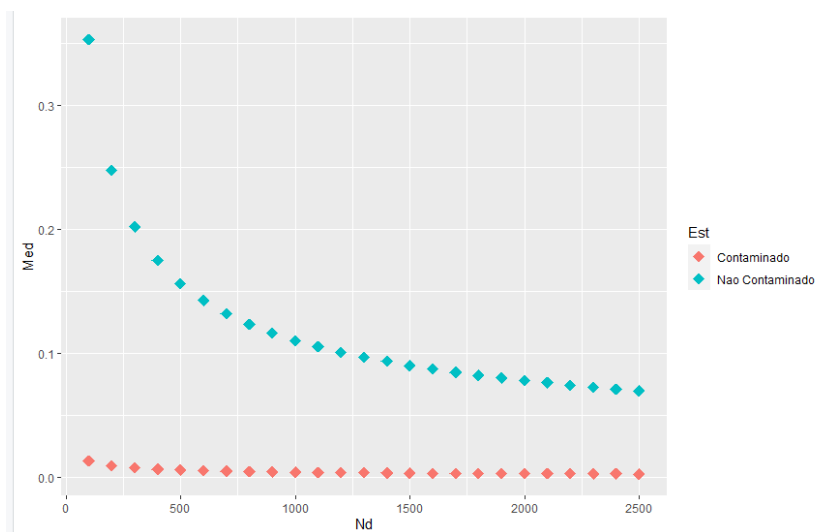
set.seed(735)
m <- 900
a <- qnorm(0.99,mean=0,sd=1)
Meds <- data.frame()
amp <- data.frame()
amp_c <- data.frame()
dados <- data.frame()

for (n in seq(from = 100,to = 2500,by = 100)) {
  dados <- replicate(m, rexp(n,1.06))
  dados_c <- data.frame(dados)
  cont <- replicate(m, rexp(n*0.25,0.01))
  dados_c[seq(1, n*0.25), seq(1,m)] <- cont

  amp <- c()
  amp_c <- c()
  for (i in seq(1,m)) {
    amp <- c(amp, (2/ mean(dados[,i])) *
(a/sqrt(n)))
    amp_c <- c(amp_c, (2/ mean(dados_c[,i])) *
(a/sqrt(n)))
  }
  Meds <- rbind(Meds, list(n, mean(amp), 'Nao
Contaminado'))
  Meds <- rbind(Meds, list(n, mean(amp_c),
'Contaminado'))
}

colnames(Meds) <- c('Nd', 'Med', 'Est')

ggplot(Meds, aes(x=Nd, y=Med, color=Est)) +
  geom_point(shape=18, size = 4)
```



Parametros:

$\lambda = 1.06$, $\lambda_c = 0.01$, $(1 - \alpha) = 0.99$, $m = 900$

Comentário:

É fácil distinguir a curva vermelha da azul dada a grande diferença entre λ e λ_c .