library("ggplot2")

set.seed(590)

domain\_of\_n <- vector()

for(i in 1:25)

Parâmetros:

Semente = 590

m = 1000



{

domain\_of\_n <- c(domain\_of\_n,i\*100)

}

MA\_n\_nao\_contaminado <- vector()

MA\_n\_contaminado <- vector()

n\_list <- vector()

for(n in domain\_of\_n)

{

vetor\_de\_amplitudes\_nao\_contaminado <- vector()

vetor\_de\_amplitudes\_contaminado <- vector()

n\_list <- c(n\_list,n)

 for(m in 1:1000)

{

values\_nao\_contamindos <- rexp(n,3.54)

values\_contaminados <- c(rexp(n\*0.30,0.41),values\_nao\_contamindos[1:(0.70\*n)])

margem\_de\_erro\_esquerdo\_nao\_contaminado <- qnorm(0.95 + (1-0.95)/2)\*sd(values\_nao\_contamindos)/(sqrt(n))

margem\_de\_erro\_esquerdo\_contaminado <- qnorm(0.95 + (1-0.95)/2)\*sd(values\_contaminados)/(sqrt(n))

#pois como a margem de erro é simétrica da esquerda e da direita então a

#amplitude é o dobro da margem de erro esquerdo

vetor\_de\_amplitudes\_nao\_contaminado <- c(vetor\_de\_amplitudes\_nao\_contaminado,2\*margem\_de\_erro\_esquerdo\_nao\_contaminado)

vetor\_de\_amplitudes\_contaminado <- c(vetor\_de\_amplitudes\_contaminado,2\*margem\_de\_erro\_esquerdo\_contaminado)

}

MA\_n\_nao\_contaminado <- c(MA\_n\_nao\_contaminado,mean(vetor\_de\_amplitudes\_nao\_contaminado))

MA\_n\_contaminado <- c(MA\_n\_contaminado,mean(vetor\_de\_amplitudes\_contaminado))

}

result <- data.frame(n\_list,MA\_n\_nao\_contaminado,MA\_n\_contaminado)

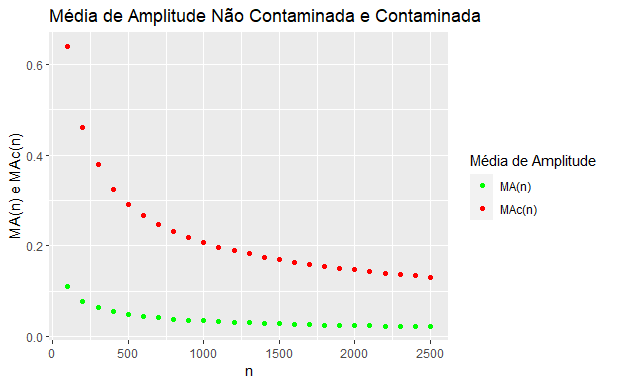
ggplot(data=result,aes(x=n\_list)) +

geom\_point(aes(y=MA\_n\_nao\_contaminado, col= "MA(n)")) +

geom\_point(aes(y=MA\_n\_contaminado, col= "MAc(n)" )) +

labs(title="Média de Amplitude Não Contaminada e Contaminada",colour ='Média de Amplitude')+

xlab("n") + ylab("MA(n) e MAc(n)")+ scale\_color\_manual(values=c("MA(n)" = 'green',"MAc(n)"='red'))



Observações:

Podemos verificar uma discrepância enorme entre a média das amplitudes das amostras não contaminadas e contaminadas resultantes de lambdas(rate) muito diferentes, sendo que, quanto menor for maior será a amplitude do intervalo de confiança e, portanto, a sua média será superior no caso da amostra contaminada. As amostras geradas contaminadas têm 30% desta contaminada com um lambda mais baixo(0.41) mais os restantes 70% no lambda inicial(3.54) e toda a amostra a ser gerada pelo mesmo lambda sendo esse o inicial(3.54). Também se verifica que com o aumento do n em ambas as situações verifica-se uma diminuição da amplitude do intervalo de confiança das amostras de cada n e a amostra não contaminada atinge um valor constante a partir de um n relativamente pequeno, o que nos diz que estimativa pontual do parâmetro em estudo é mais precisa nessa amostra relativamente à amostra contaminada.