

Exc 10

Valentim Santos – ist199343

Código

```
my_seed <- 793
m <- 900
n <- seq(100, 2500, by = 100)
lambda <- 1.78
epsilon <- 30/100
lambda_c <- 1.58
trust_level <- 0.94
alpha <- 1 - trust_level

set.seed(my_seed)

# Creates the lists used to store all the samples
buffer <- list()
uncontaminated_vals <- list()
contaminated_vals <- list()

for(num in n) {
  for(i in 1:m) {
    exp <- rexp(num, rate = lambda)
    # Stores the sample in our buffer
    buffer <- append(buffer, list(exp))
  }
  uncontaminated_vals <- append(uncontaminated_vals, list(buffer))
  contaminated_vals <- append(contaminated_vals, list(buffer))
  # Resets the buffer
  buffer <- list()
}

for(num in n) {
  for(i in 1:m) {
    iter <- num/100
    x <- 1
    new_exp_vals <- rexp(num*epsilon, rate = lambda_c)

    for(random_val in sample.int(num, num*epsilon)) {
      contaminated_vals[[iter]][[i]][random_val] <-
        new_exp_vals[[x]]
      x <- x+1
    }
  }
}

total <- 0
MA <- c()

for(num in n) {
  for(i in 1:m) {
    iter <- num/100
    upper_bound <- (mean(uncontaminated_vals[[iter]][[i]])) *
      (1 + qnorm(1 - (alpha/2)) / sqrt(num))
    lower_bound <- (mean(uncontaminated_vals[[iter]][[i]])) *
      (1 - qnorm(1 - (alpha/2)) / sqrt(num))
    amp <- abs(upper_bound - lower_bound)
    total = total + amp
  }
  prob = total/m
  MA <- append(MA, prob)
  total = 0
}

total = 0
MAc <- c()
for(num in n){
  for(i in 1:m){
    iter <- num/100
    upper_bound <- (mean(contaminated_vals[[iter]][[i]])) -
      qnorm(1 - (alpha/2), mean = 0, sd = 1) *
      sqrt(var(contaminated_vals[[iter]][[i]]/num))** -1
    lower_bound <- (mean(contaminated_vals[[iter]][[i]])) -
      qnorm((alpha/2), mean = 0, sd = 1) *
      sqrt(var(contaminated_vals[[iter]][[i]]/num))** -1

    amp <- abs(upper_bound - lower_bound)
    total = total + amp
  }
  prob = total/m
  MAc <- append(MAc, prob)
  total = 0
}

df_1 <- data.frame(n, MA)
df_2 <- data.frame(n, MAc)
df_1$amplitudes <- "MA"
df_2$amplitudes <- "MAc"
colnames(df_1) <- c("n", "means", "amplitudes")
colnames(df_2) <- c("n", "means", "amplitudes")

df_final <- rbind(df_1, df_2)
library(ggplot2)
ggplot(df_final, aes(x = n, y = means, color = amplitudes)) +
  geom_line(size = 0.7)+
  labs(x = "Valor de n", y = "Média de Amplitudes", color =
    "Amplitudes") +
  theme_minimal()
```

Gráfico / Observações

Valores dos parâmetros:

- **semente:** 793
- **m:** 900
- **lambda:** 1.78
- **epsilon:** 0.30
- **lambda C:** 1.58
- **(1 - alpha):** 0.94

Pela análise do gráfico obtido podemos mais uma vez observar que o nível de certidão em relação ao intervalo de confiança usado diminui com o aumento da dimensão das amostras. Sendo que as amostras MAc foram "contaminadas" com valores de uma nova distribuição, com um novo lambda, os valores da mesma são mais dispersos que as amostras não "contaminadas".

