

Semente: 674; m: 550; λ : 2.02; λ_c : 0.05; ϵ : 0.2; $(1 - \alpha)$: 0.97.

```
library(ggplot2)

set.seed(674)

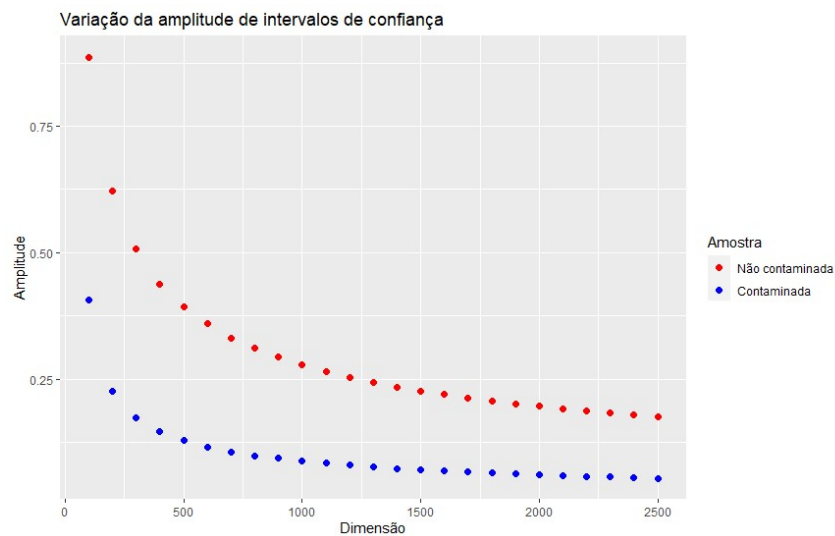
aaNC=c() #Non contaminated amplitude averages
aaC=c() #Contaminated amplitude averages
n <- seq(from = 100, to = 2500, by = 100) #N values
alpha <- 0.03

for(i in n)
{
  amp=c() #Non contaminated amplitudes
  ampC=c() #Contaminated amplitudes
  for(j in 1:550)
  {
    amostraC<-rexp(0.2*i, 0.05) #Generate 20% of contaminated sample
    amostra<-rexp(0.8*i, 2.02) #Generate 80% of non contaminated sample
    amostraC<- append(amostraC, amostra) #Finish contaminated sample
    amostra <- append(amostra, rexp(0.2*i, 2.02)) #Finish non contaminated sample
    lambda_mle <- 1/mean(amostra)

    lower = (mean(amostraC) - qnorm(alpha/2, mean = 0, sd = 1) * sqrt(var(amostraC)/i))**1
    upper = (mean(amostraC) + qnorm(1 - (alpha/2), mean = 0, sd = 1) * sqrt(var(amostraC)/i))**1
    ampC<-append(ampC, upper - lower) #Get contaminated amplitude

    lower <- lambda_mle * (1 - (qnorm(1-(alpha/2), mean = 0, sd=1)) / sqrt(i))
    upper <- lambda_mle * (1 + (qnorm(1-(alpha/2), mean = 0, sd=1)) / sqrt(i))
    amp<-append(amp, upper - lower) #Get non contaminated amplitude
  }
  aaNC<-append(aaNC, mean(amp))
  aaC<-append(aaC, mean(ampC))
}

#Build Plot
ggplot()+
  geom_point(aes(n, aaNC, color="Não contaminada"), size=2)+
  geom_point(aes(n, aaC, color="Contaminada"), size=2)+
  scale_color_manual(name="Amostra", values=c("Não contaminada"="red", "Contaminada"="blue"))+
  labs(title = "Variação da amplitude de intervalos de confiança", x = "Dimensão", y = "Amplitude")
```



(Reiteração da conclusão do exercício 9)

Note-se, ainda, que a amplitude do intervalo de confiança reflete a precisão do mesmo e, portanto, à medida que a dimensão da amostra aumenta, aumenta também a precisão da estimação. Por conseguinte, podemos observar que a amplitude do intervalo da amostra contaminada é inferior à da amostra sem contaminação. Tal acontecimento deve-se ao facto de se ter substituído $(\epsilon \times 100)\% = 20\%$ das observações das amostras da população X por outras com um valor esperado superior $1/\lambda_c > 1/\lambda$.