

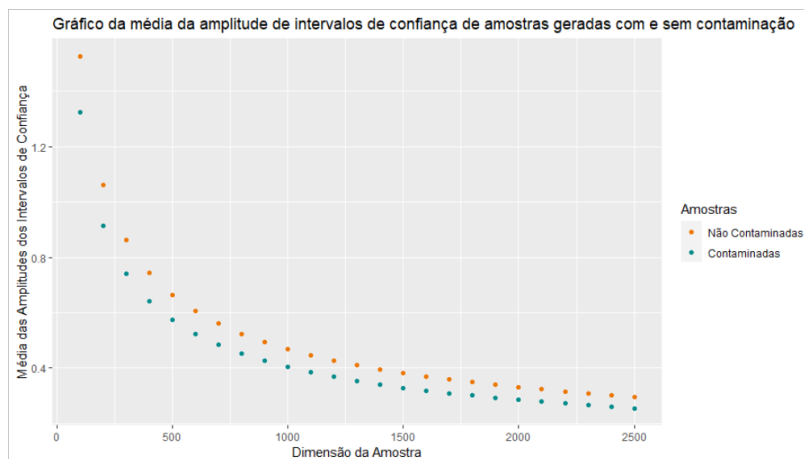
Pergunta 10

Valores de parâmetros:

Semente = 378; $m = 1500$; $\lambda = 4.07$; $\lambda_c = 1.37$; $\epsilon = 0.25$; $(1 - \alpha) = 0.93$

Código:

```
library(ggplot2)
set.seed(378)
MA <- c()
MAC <- c()
n <- seq(100, 2500, by = 100)
q <- qnorm(1 - (0.07 / 2), mean = 0, sd = 1)
for(i in 1:25){
  matemp <- c()
  mactemp <- c()
  for(j in 1:1500){
    x <- c()
    x <- rexp(n[i], 4.07)
    xc <- append(sample(x, size = n[i] * 0.75), rexp(n[i] * 0.25, 1.37))
    lb = (mean(x) + q * sqrt(var(x)/n[i]))*-1
    ub = (mean(x) - q * sqrt(var(x)/n[i]))*-1
    matemp[j] = (ub - lb)
    lb = (mean(xc) + q * sqrt(var(xc)/n[i]))*-1
    ub = (mean(xc) - q * sqrt(var(xc)/n[i]))*-1
    mactemp[j] = (ub - lb)
  }
  MA[i] <- mean(matemp)
  MAC[i] <- mean(mactemp)
}
df <- data.frame(MA, MAC, n)
ggplot(data = df, aes(x = n)) + geom_point(aes(y = MA, color = "Não Contaminadas")) + geom_point(aes(y = MAC,
color = "Contaminadas")) + scale_color_manual(name = "Amostras", values = c( "Não Contaminadas" =
"darkorange2", "Contaminadas" = "darkcyan"), labels = c("Não Contaminadas", "Contaminadas")) + labs(x =
"Dimensão da Amostra", y = "Média das Amplitudes dos Intervalos de Confiança", title = "Gráfico da média da
amplitude de intervalos de confiança de amostras geradas com e sem contaminação")
```



Comentário:

Através do gráfico podemos ver que o eixo xx corresponde à dimensão das amostras obtidas e o eixo yy à média das amplitudes dos intervalos de confiança. Os pontos laranja são as amostras não contaminadas enquanto os azuis são as contaminadas.

A amostra contaminada encontra-se abaixo da não contaminada uma vez que é constituída por 75% dela com 25% de uma contaminação correspondente a uma distribuição exponencial com menor lambda. Assim, as médias de amplitudes também diminuem, resultando no gráfico obtido.