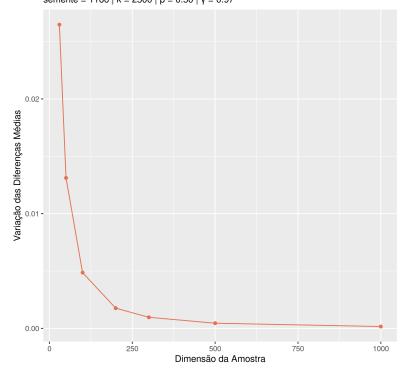
Consideremos que foi fixada uma semente igual a 1166. O objetivo deste exercício é o de gerar 2500 amostras de tamanho n, para cada $n \in \{30, 50, 100, 200, 300, 500, 1000\}$, de uma distribuição de Bernoulli com parâmetro igual a 0.5. De seguida, usar dois métodos distintos que calculam intervalos de confiança de aproximação para o parâmetro mencionado, o que permite obter a diferença entre as amplitudes desses intervalos. Por fim, calcular a média das 2500 diferenças para cada n. Para tal, recorreu-se ao seguinte trecho de código em \mathbb{R} :

```
library("ggplot2")
library("Rlab")
      SEED <- 1166
         AMPLE_COUNT
      BERNOULLI_P <- 0.5
CONF_LEVEL <- 0.97
N <- c(30, 50, 100
                                           100, 200, 300, 500, 1000)
      set.seed(SEED)
     method 1 <- function(samples, conf level) {</pre>
11
                lod_1 <- runction(samples, conf_1
len <- length(samples)
mean <- mean(samples)
z <- qnorm((1 + conf_level) / 2)
sols <- polyroot(c(mean**2, -2 *
return(abs(sols[2] - sols[1]))</pre>
13
14
15
                                                                                                    mean - z**2 / len, 1 + z**2 / len))
16
17
18
     }
19
     method_2 <- function(samples, conf_level) {</pre>
                lod_2 <- function(samples)
len <- length(samples)
mean <- mean(samples)
upper <- mean + qnorm(1 - (1 - conf_level) / 2) * sqrt(mean * (1 - mean) /
lower <- mean - qnorm(1 - (1 - conf_level) / 2) * sqrt(mean * (1 - mean) /
return(abs(upper - lower))</pre>
20
21
22
23
24
25
     }
26
      df <- data.frame()</pre>
27
     df <- data.rrame()
for (n in N) {
    method_diffs <- c()
    for (i in 1:SAMPLE_COUNT) {
        samples <- rbern(n, BERNOULLI_P)
        diff <- method_2(samples, CONF_LEVEL) - method_1(samples, CONF_LEVEL)
        method_diffs <- append(method_diffs, diff)
}</pre>
29
31
33
35
36
                mean_diffs <- mean(method_diffs)
df <- rbind(df, data.frame(n = n, difference = mean_diffs))</pre>
37
38
     }
      ggplot(df, aes(x = n, y = difference)) +
  geom_line(color = "#e76f51") +
  geom_point(color = "#e76f51") +
  xlab("Dimensão da Amostra") +
39
40
           geom_point(color = "#e76f51") +
xlab("Dimensão da Amostra") +
ylab("Variação das Diferenças Médias") +
labs(title = "Relação entre Variação das Diferenças Médias e Dimensão da Amostra",
    subtitle = sprintf("semente = %d | k = %d | p = %.2f | = %.2f",
        SEED, SAMPLE_COUNT, BERNOULLI_P, CONF_LEVEL))
42
43
44
```

O gráfico obtido permite concluir que a relação entre as duas variáveis em causa é inversamente proporcional. Deste modo, à medida que o tamanho das 2500 amostras aumenta, os métodos 1 e 2 apresentam, em média, intervalos de confiança com uma amplitude cada vez mais próxima.

As diferenças médias foram obtidas subtraindo a amplitude do método 2 pela a do método 1 para cada amostra e posteriormente calculando a média dessas diferenças. Assim, já que todos os valores no eixo dos yy são positivos, conclui-se que, em geral, para amostras de dimensões mais pequenas o método 1 é mais favorável para aproximar o parâmetro p, pois o seu intervalo de confiança tem menor amplitude. Porém, para amostras de dimensões maiores, ambos os métodos garantem um

Relação entre Variação das Diferenças Médias e Dimensão da Amostra semente = $1166 \mid k = 2500 \mid p = 0.50 \mid \gamma = 0.97$



intervalo de confiança com amplitude semelhante.