

## Código:

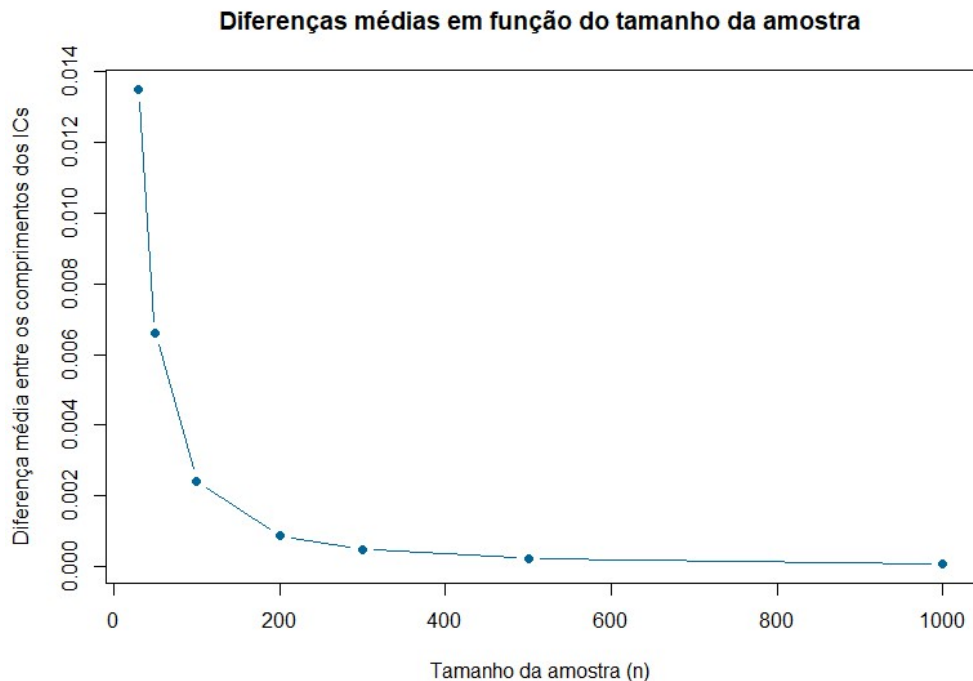
```
set.seed(1926)
ns <- c(30, 50, 100, 200, 300, 500, 1000)
k <- 2000
p <- 0.6
y <- 0.92
medias <- 1:7
for (i in 1:7) {
  n <- ns[i]
  diferencas <- 1:k
  for (j in 1:k) {
    # Gerar amostra aleatória de Bernoulli
    amostra <- rbinom(n, 1, p)

    # Método 1
    x <- mean(amostra)
    z <- qnorm((1 + y) / 2)
    # Dados para resolver a equação de segundo grau em p
    a <- 1 + z^2 / n
    b <- -2 * x - z^2 / n
    c <- x^2
    delta <- b^2 - 4 * a * c
    dif1 <- abs((-b + sqrt(delta)) / (2 * a) - (-b - sqrt(delta)) / (2 * a))

    # Método 2 (valor de z já calculado no método 1)
    sd_estimado <- sqrt(x * (1 - x) / n)
    dif2 <- abs((x - z * sd_estimado) - (x + z * sd_estimado))

    diferencas[j] <- dif2 - dif1
  }
  # Média das k diferenças para cada valor de n
  medias[i] <- mean(diferencas)
}
plot(ns, medias, type = "b", main = "Diferenças médias em função do tamanho da amostra",
      ylab = "Diferença média entre os comprimentos dos ICs",
      xlab = "Tamanho da amostra (n)",
      col = "#006699", pch = 19)
```

## Gráfico:



## Comentários:

Os métodos tendem a ter resultados mais semelhantes quanto maior for o tamanho da amostra.