Exercício 9

Código em R: Gráfico pedido:

set.seed(1918)

n\_values <- c(30, 50, 100, 200, 300, 500, 1000)

Uma imagem com texto, diagrama, file, Gráfico

Descrição gerada automaticamentek <- 3000

p <- 0.6

c <- 0.93

z <- qnorm(((1+c)/2), mean = 0, sd = 1)

i <- 1

media\_diferencas <- numeric(length(n\_values))

gerador\_amostras\_bernoulli <- function(n) {

matrix(rbinom(n \* k, size = 1, prob = p), nrow = k, ncol = n)

}

for (n in n\_values) {

amostras <- gerador\_amostras\_bernoulli(n)

diferenca\_intervalos <- numeric(k)

for (j in 1:k) {

x\_media <- mean(amostras[j,])

a <- 1+z^2/n

b <- -2\*x\_media-z^2/n

c <- x\_media^2

eq\_matrix <- matrix(c(a, b, c), nrow = 1)

intervalo\_confianca\_1 <- sort(Re(polyroot(eq\_matrix)))

desvio\_padrao = sqrt(x\_media \* (1 - x\_media) / n)

margem\_erro <- qnorm(1 - (1 - c) / 2) \* desvio\_padrao

intervalo\_confianca\_2 <- c(x\_media - margem\_erro, x\_media + margem\_erro)

diferenca\_intervalos[j] <- ((intervalo\_confianca\_2[2] - intervalo\_confianca\_2[1])

- (intervalo\_confianca\_1[2] - intervalo\_confianca\_1[1]))

}media\_diferencas[i] = mean(diferenca\_intervalos)

i <- i+1

}plot(n\_values, media\_diferencas, type = "b", lwd = 3,

xlab = "Tamanho amostra", ylab = "Diferença médias",

main = "Diferença entre Métodos")

Comentários:

Vendo a comparação entre estes dois métodos, reparamos que existem ligeiras diferenças entre os métodos 1 e 2, embora não sejam significativas e na ordem de 10^-2. Isto significa que o método 2, mais comumente usado, é uma boa aproximação que usa a fórmula padrão para calcular os limites do intervalo de confiança. Embora o método 2 não tenha tanta precisão como o método 1, devido á sua simplicidade, acaba por ser o método mais comum e mais intuitivo.