```
> set.seed(1593)
n_values <- c(30, 50, 100, 200, 300, 500, 1000)
gamma <- 0.91
mean_diff <- vector(length = length(n_values))</pre>
for (i in 1:length(n_values)) {
  n <- n_values[i]
diff <- vector(length = k)</pre>
  for (j in 1:k) {
    samples <- rbinom(n, 1, 0.5)</pre>
    p_hat <- mean(samples)</pre>
    z \leftarrow qnorm((1 + gamma) / 2)
    # Método 1
    p1 <- polyroot(c(p_hat^2, -2 * p_hat * p_hat, p_hat^2 - z^2 * p_hat * (1 - p_hat) / n))
    p1 \leftarrow Re(p1[abs(Im(p1)) < 1e-6])
    quadratic_{eq} \leftarrow c(p_{hat^2}, -2 * p_{hat} * (1 - p_{hat}), p_{hat^2} - z^2 * p_{hat} * (1 - p_{hat}) / n)
    p2 <- NULL
    if (any(!is.na(polyroot(quadratic_eq)))) {
      p2 <- Re(polyroot(quadratic_eq))</pre>
          <- p2[abs(Im(p2)) < 1e-6]
    if (!is.null(p2)) {
       diff[j] \leftarrow abs(p2 - p1)
  mean_diff[i] <- mean(diff)</pre>
plot(n_values, mean_diff, type = "b", xlab = "Tamanho da Amostra (n)", ylab = "Media das diferencas")
```

Os resultados obtidos mostram que quanto maior o tamanho da amostra (n), menor é a diferença média entre os dois métodos. Isso indica que à medida que a amostra aumenta, os resultados obtidos pelos dois métodos se aproximam cada vez mais. No geral, os resultados demonstram a importância de considerar o tamanho da amostra ao realizar estimações de proporção e mostrar como os diferentes métodos podem levar a resultados ligeiramente diferentes, especialmente em amostras pequenas.

