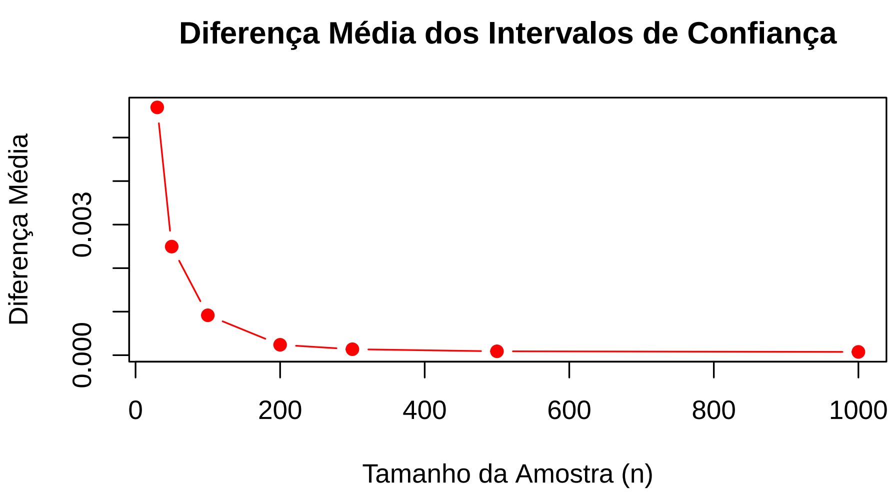
Pergunta 1

```r
pacman::p_load(dplyr, ggplot2, plyr, rootSolve)
set.seed(1595)

n <- c(30, 50, 100, 200, 300, 500, 1000)
prob <- 0.8
k <- 3000
gamma <- 0.9
z <- qnorm((1 + gamma)/2)
mean_diff <- numeric(length(n))
for (i in 1:length(n)) {
  diff_intervals <- numeric(k)
  for (j in 1:k) {
    sample <- rbinom(n[i], 1, prob)
    x_bar <- mean(sample)

    # Método 1
    m1_function <- function(p) (x_bar^2 - (2 * p * x_bar) + (p^2) - ((z^2 * p * (1 - p)) / n[i]))
    m1_roots <- uniroot.all(m1_function, interval = c(0, 1))
    m1_len =  abs(m1_roots[2] - m1_roots[1])
    # Método 2
    m2_low_limit <- x_bar - (z * sqrt((x_bar * (1 - x_bar)) / n[i]))
    m2_upper_limit <- x_bar + (z * sqrt((x_bar * (1 - x_bar)) / n[i]))
    m2_len <- abs(m2_upper_limit - m2_low_limit)

    diff_intervals[j] <- abs(m1_len - m2_len)
  }
  mean_diff[i] <- mean(diff_intervals)
}
plot(n, mean_diff, col="red", type = "b", pch = 19, xlab = "Tamanho da Amostra (n)",
     ylab = "Diferença Média", main = "Diferença Média dos Intervalos de Confiança")
```



Como a diferença entre os valores do método 1 e método 2 é muito pequena, aproximando-se de 0 quando n tende para infiníto. Então conclui-se, que para estimar o parametro p de uma distribuição de bernoulli, podemos recorrer a aproximação $\hat{p} = \overline{X}$ (no denomidador da varríavel fulcral), uma vez que o erro de usar tal aproximação é insignificante.