

Laboratório 2 - Planejamento e Análise de Experimentos (MAE0316)

Caio M. de Almeida - 15444560

Eduardo Yukio G. Ishihara - 15449012

Gustavo S. Garone - 15458155 Ian B. Loures - 15459667

João Victor G. de Sousa - 15463912

Banco sem tratamento “none”

Itens a, b e c.

Abaixo, um sumário da ANOVA para o modelo simples (I) (considerando apenas o tratamento)

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Treatment	3	10769	3590	17.39	4.27e-09 ***
Residuals	96	19817	206		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

e seus coeficientes:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Treatment, data = dat2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	1.46	9.01	32.20

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	64.800	2.874	22.551	< 2e-16 ***
Treatment1 virgin	-8.040	4.064	-1.978	0.0507 .
Treatment8 pregnant	-1.440	4.064	-0.354	0.7239
Treatment8 virgin	-26.080	4.064	-6.418	5.24e-09 ***

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.37 on 96 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.3521, Adjusted R-squared: 0.3318
F-statistic: 17.39 on 3 and 96 DF, p-value: 4.273e-09

Agora, para o modelo com interação (II)

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Type	1	6675	6675	32.335	1.4e-07 ***
Partners	1	2372	2372	11.489	0.00102 **
Type:Partners	1	1722	1722	8.343	0.00479 **
Residuals	96	19817	206		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

e seus coeficientes:

Call:
lm(formula = Longevity ~ Type * Partners, data = dat2)

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	1.46	9.01	32.20

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	64.800	2.874	22.551	< 2e-16 ***
Typevirgem	-8.040	4.064	-1.978	0.05074 .
Partners8	-1.440	4.064	-0.354	0.72386
Typevirgem:Partners8	-16.600	5.747	-2.888	0.00479 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

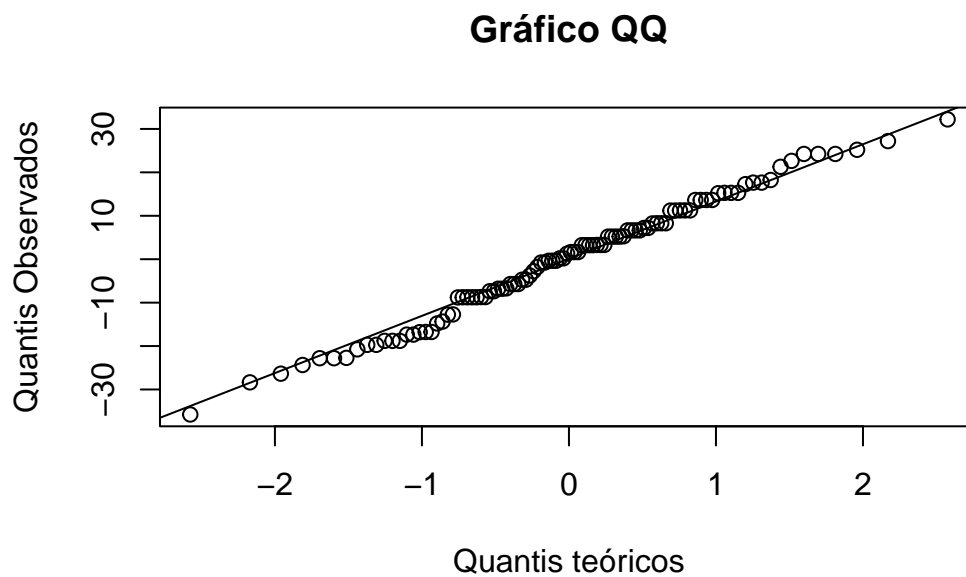
Residual standard error: 14.37 on 96 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.3521, Adjusted R-squared: 0.3318
F-statistic: 17.39 on 3 and 96 DF, p-value: 4.273e-09

Notamos semelhanças no resultado do teste de hipótese (evidências de efeito do tratamento), nos valores dos coeficientes e na soma de quadrados dos resíduos. Notamos que o modelo com interação apresenta individualmente os resultados para os fatores, ao invés de agrupar tudo como tratamento, o que pode ser benéfico na análise.

Da tabela ANOVA com modelo com interações, concluímos que os parceiros, os tipos, e a interação entre parceiro e tipo são estatisticamente significantes para o modelo a $\alpha = 5\%$ de significância.

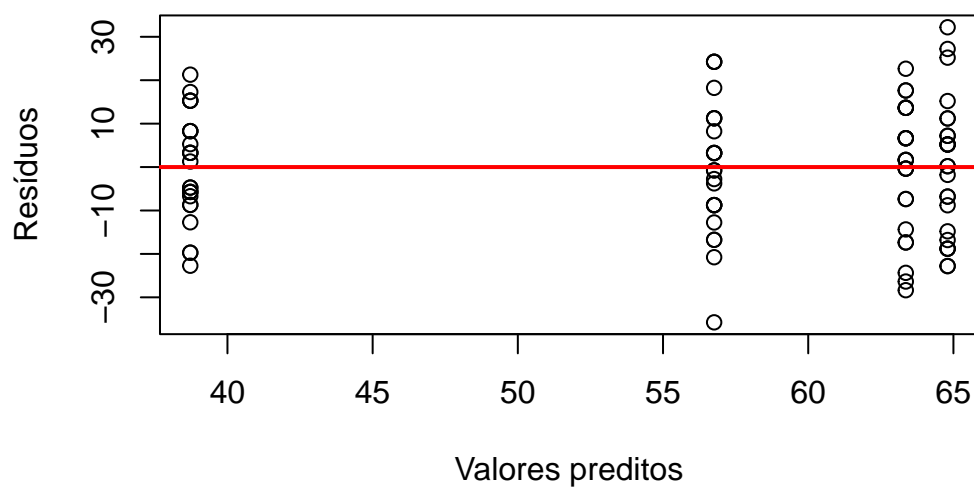
Item d

Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

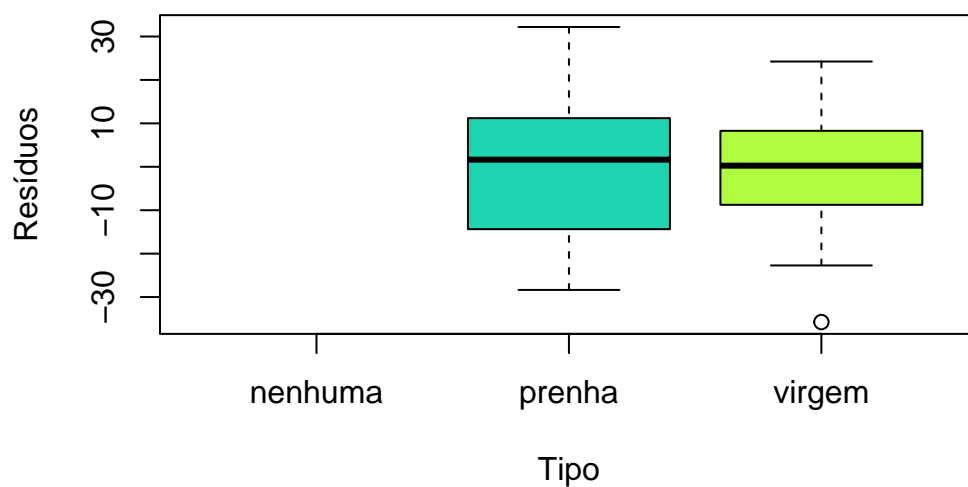


e comparação dos resíduos vs. ajustados

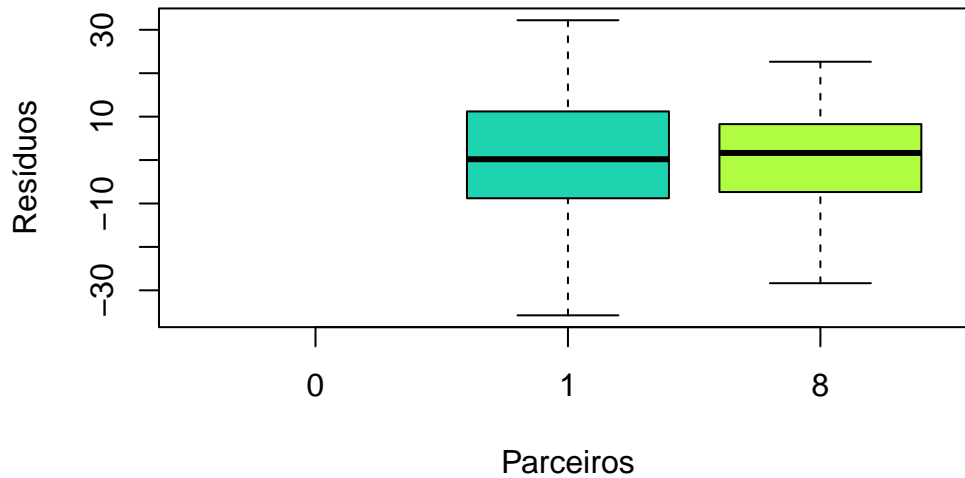
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wilk:

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  residuos
W = 0.98972, p-value = 0.6419
```

Para o teste de Levene:

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = median)
      Df F value Pr(>F)
group 3  0.4027 0.7514
      96
```

Para o teste de Bartlett

```
Bartlett test of homogeneity of variances
```

```
data: Longevity by Type
Bartlett's K-squared = 0.32431, df = 1, p-value = 0.569
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: Longevity by Partners
Bartlett's K-squared = 1.0564, df = 1, p-value = 0.304
```

Bartlett test of homogeneity of variances

```
data: Longevity by interaction(Type, Partners)
Bartlett's K-squared = 1.6876, df = 3, p-value = 0.6397
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado, pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal. Conferimos um sumário do modelo:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Type * Partners, data = dat2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	1.46	9.01	32.20

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	64.800	2.874	22.551	< 2e-16 ***
Typevirgem	-8.040	4.064	-1.978	0.05074 .
Partners8	-1.440	4.064	-0.354	0.72386
Typevirgem:Partners8	-16.600	5.747	-2.888	0.00479 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.37 on 96 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.3521, Adjusted R-squared: 0.3318

F-statistic: 17.39 on 3 and 96 DF, p-value: 4.273e-09

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Item e

Temos um modelo cela de referência:

$$L_{ijk} = \tau_i + \beta_j + (\tau\beta)_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

Esse modelo descreve a longevidade como combinação dos efeitos do tipo τ , dos parceiros β e sua interação $\tau\beta$. Como concluímos que apenas os parâmetros de interação e intercepto são significantes, podemos dizer que a exposição a oito moscas virgens afeta a longevidade de uma mosca quando comparado à cela de referência (exposição a uma mosca preta). Também, como observamos na análise da interação dos fatores, há evidências para afirmar que existe efeito sobre a longevidade da mosca quando fica com números diferentes de parceiros do mesmo tipo. Por exemplo, quando fica com várias parceiras virgens. Como a interação é significativa, notamos também que se trata de um modelo não aditivo.

Item f

Faremos a ANOVA para o modelo de dois fatores, mas, dessa vez sem interação:

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Type	1	6675	6675	30.06	3.32e-07 ***
Partners	1	2372	2372	10.68	0.0015 **
Residuals	97	21540	222		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

e seus coeficientes:

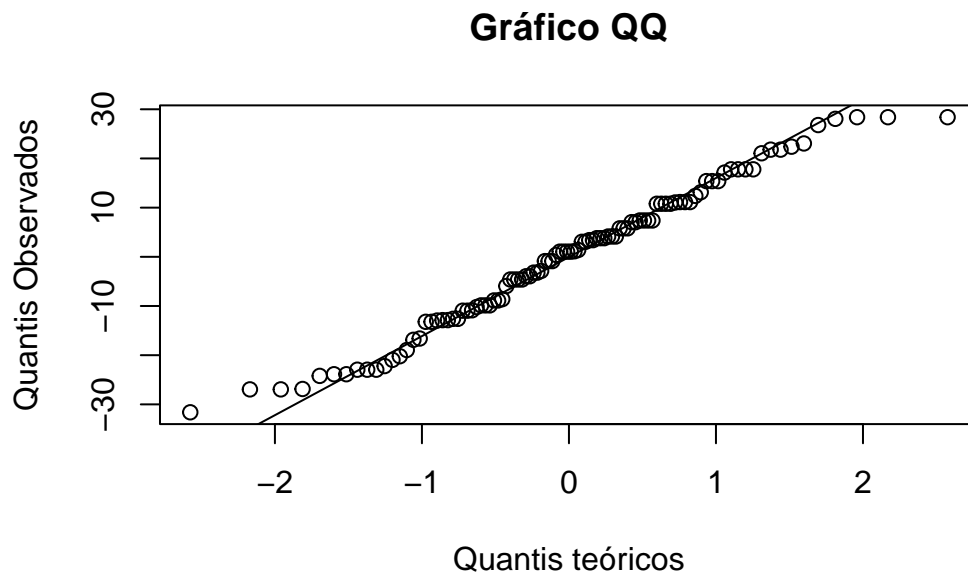
(Intercept)	Typevirgem	Partners8
68.95	-16.34	-9.74

Notamos semelhanças no resultado do teste de hipótese (evidências de efeito do tratamento), nos valores de alguns coeficientes e na soma de quadrados dos resíduos. Notamos que o modelo com interação apresenta individualmente os resultados para os fatores, ao invés de agrupar tudo como tratamento, o que pode ser benéfico na análise.

Da tabela ANOVA com modelo com interações, concluímos que os parceiros, os tipos, e a interação entre parceiro e tipo são estatisticamente significantes para o modelo a $\alpha = 5\%$ de significância.

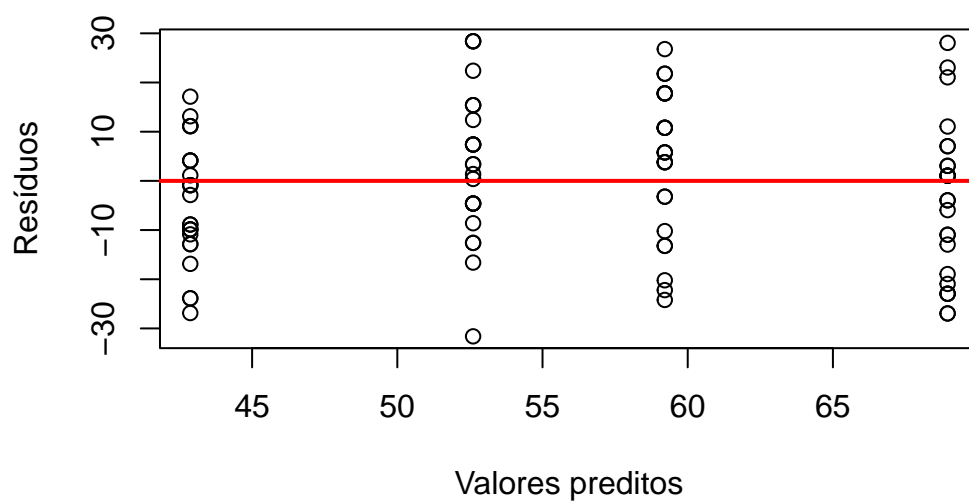
Item g

Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

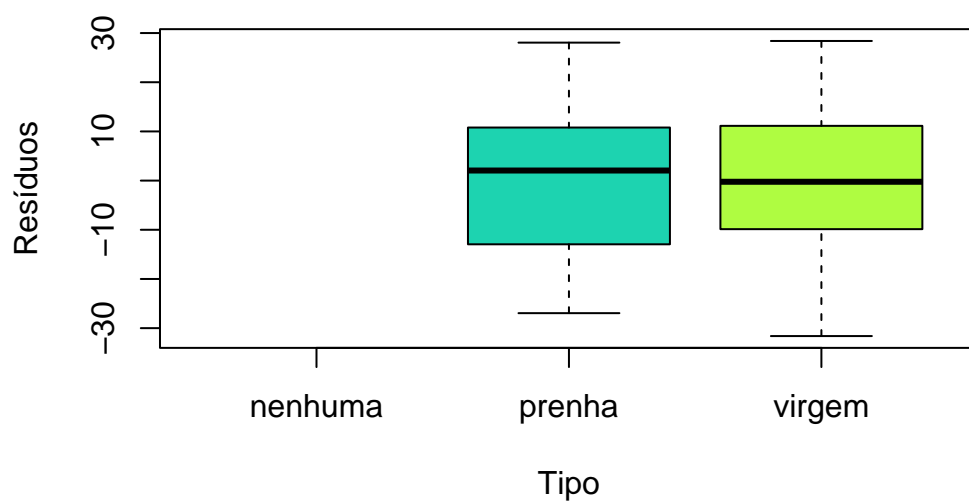


e comparação dos resíduos vs. ajustados

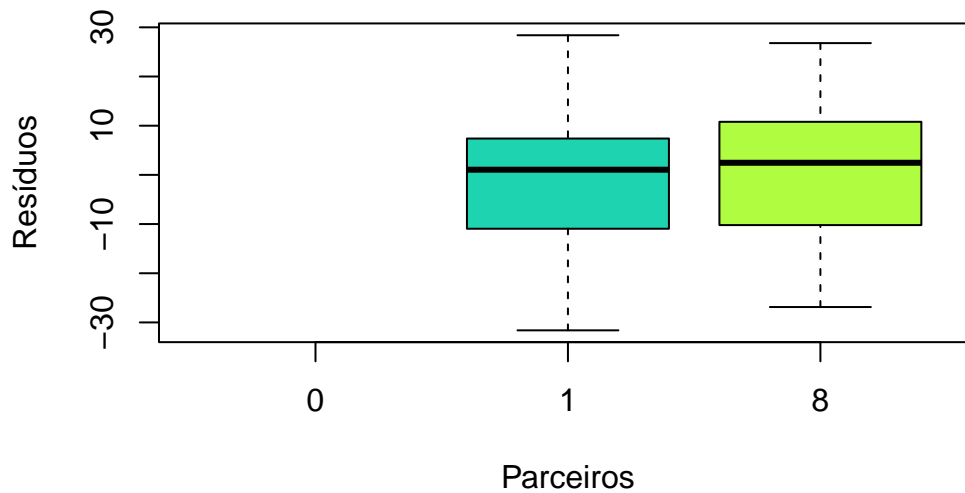
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, maiores no QQ-Plot do que com o modelo anterior, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wilk:

Shapiro-Wilk normality test

```
data:  residuos
W = 0.98076, p-value = 0.1522
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado, pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal. Conferimos um sumário do modelo:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Type + Partners, data = dat2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-31.61	-10.89	1.05	10.79	28.39

Coefficients:

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	68.950	2.581	26.714	< 2e-16 ***
Typevirgem	-16.340	2.980	-5.483	3.32e-07 ***
Partners8	-9.740	2.980	-3.268	0.0015 **

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.9 on 97 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.2958, Adjusted R-squared: 0.2813

F-statistic: 20.37 on 2 and 97 DF, p-value: 4.112e-08

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Item h

Temos um modelo cela de referência:

$$L_{ijk} = \tau_i + \beta_j + \epsilon_{ijk}$$

de seguintes coeficientes

(Intercept)	Typevirgem	Partners8
68.95	-16.34	-9.74

Esse modelo descreve a longevidade como combinação do efeito do tipo τ e dos parceiros β . Como concluímos que todos os parâmetros são estatisticamente significantes nesse modelo, podemos dizer que tanto o número de parceiros como seu tipo afetam a longevidade das moscas quando comparado à cela de referência (uma mosca preta).

Item i

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Type * Partners, data = dat2)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	1.46	9.01	32.20

Coefficients:

```

              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)    64.800      2.874  22.551 < 2e-16 ***
Typevirgem     -8.040      4.064  -1.978  0.05074 .
Partners8      -1.440      4.064  -0.354  0.72386
Typevirgem:Partners8 -16.600    5.747  -2.888  0.00479 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.37 on 96 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.3521,    Adjusted R-squared:  0.3318
F-statistic: 17.39 on 3 and 96 DF,  p-value: 4.273e-09

```

```

Call:
lm(formula = Longevity ~ Type + Partners, data = dat2)

```

```

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-31.61 -10.89   1.05  10.79  28.39

```

```

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)   68.950      2.581  26.714 < 2e-16 ***
Typevirgem   -16.340      2.980  -5.483 3.32e-07 ***
Partners8     -9.740      2.980  -3.268  0.0015 **
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.9 on 97 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.2958,    Adjusted R-squared:  0.2813
F-statistic: 20.37 on 2 and 97 DF,  p-value: 4.112e-08

```

A principal diferença a ser notada é que, no modelo com interação, o efeito significativo recai sobre a interação em si, enquanto o efeito individual (exposição à mosca virgem e a oito parceiros) foram apresentados como não significantes. Por outro lado, no modelo aditivo sem interação, tanto o tipo quando a exposição a mais parceiras são ditas como estatisticamente significantes. Notamos que, conforme esperado, o intercepto da cela de referência é o mesmo. Também notamos que o coeficiente estimado para interação é bastante similar ao do efeito da exposição à moscas virgens, além de que a soma dos coeficientes de ambos é igual.

Escolheríamos o modelo com interação. Do ponto de vista estatístico, notamos que a interação é significativa, fornecendo um modelo melhor ajustado. Dum ponto de vista biológico, considerando o comportamento reprodutivo da *Drosophila*, esperamos que o encontro com

mais virgens tenha um impacto maior na longevidade do que o encontro apenas com uma, e o modelo com interação nos permite visualizar isso mais claramente.

Exercício 2

Item a

Reparametrizaremos conforme a dica, uma vez que, como discutido, não seria possível estimar todos os parâmetros com a parametrização padrão da cela de referência. Posteriormente, discutiremos a parametrização por médias

Item b

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Partners * Type, data = dat)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	0.20	11.20	32.44

Coefficients: (4 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	63.560	2.962	21.461	< 2e-16 ***
Partners8	-0.200	4.188	-0.048	0.96199
Partners1	1.240	4.188	0.296	0.76770
Typevirgem	-8.040	4.188	-1.920	0.05728 .
Typeprenha	NA	NA	NA	NA
Partners8:Typevirgem	-16.600	5.923	-2.803	0.00591 **
Partners1:Typevirgem	NA	NA	NA	NA
Partners8:Typeprenha	NA	NA	NA	NA
Partners1:Typeprenha	NA	NA	NA	NA

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.81 on 120 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.3121, Adjusted R-squared: 0.2892

F-statistic: 13.61 on 4 and 120 DF, p-value: 3.516e-09

Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
----	--------	---------	---------	--------

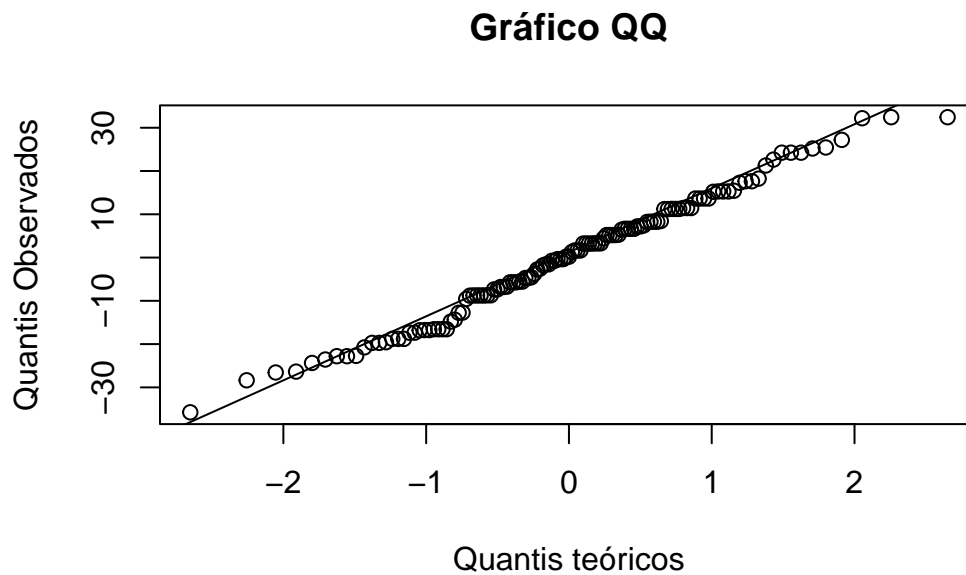
Partners	2	3542	1771	8.077	0.000512	***
Type	1	6675	6675	30.440	2.02e-07	***
Partners:Type	1	1722	1722	7.854	0.005914	**
Residuals	120	26314	219			

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Pela tabela ANOVA, concluímos que o tipo, os parceiros e a interação Type:Parceiro são significantes a $\alpha = 0.05$ de significância estatística. Percebemos também que apenas $\Delta_2 = (\tau\beta)_{22} + (\tau\beta)_{11} - (\tau\beta)_{12} - (\tau\beta)_{21}$ e o intercepto são significantes.

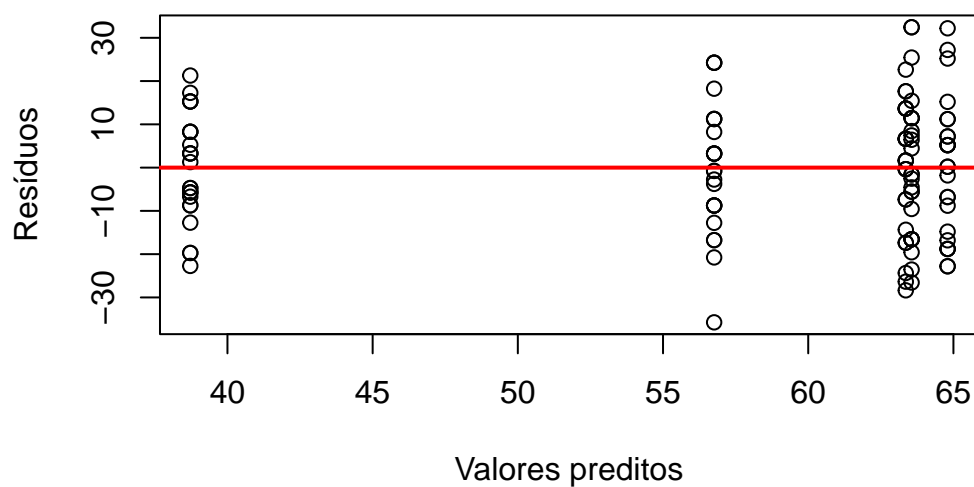
Item c

Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

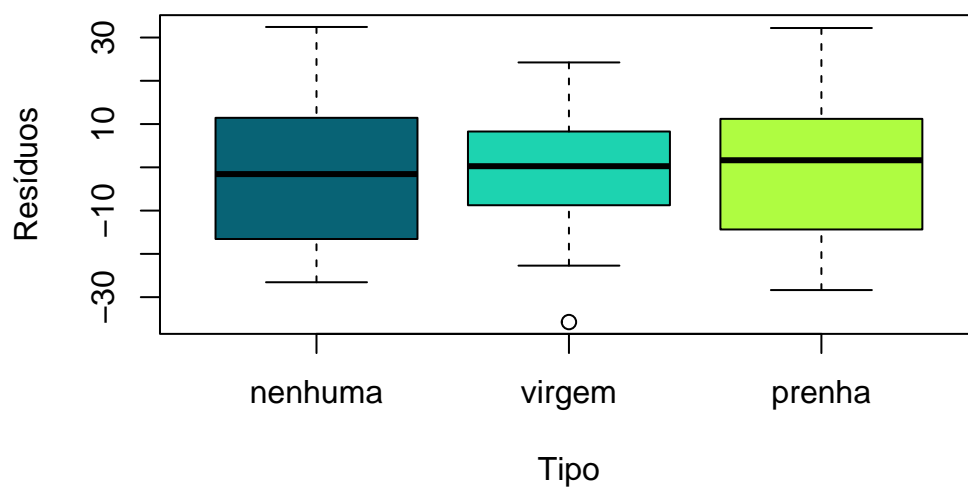


e comparação dos resíduos vs. ajustados

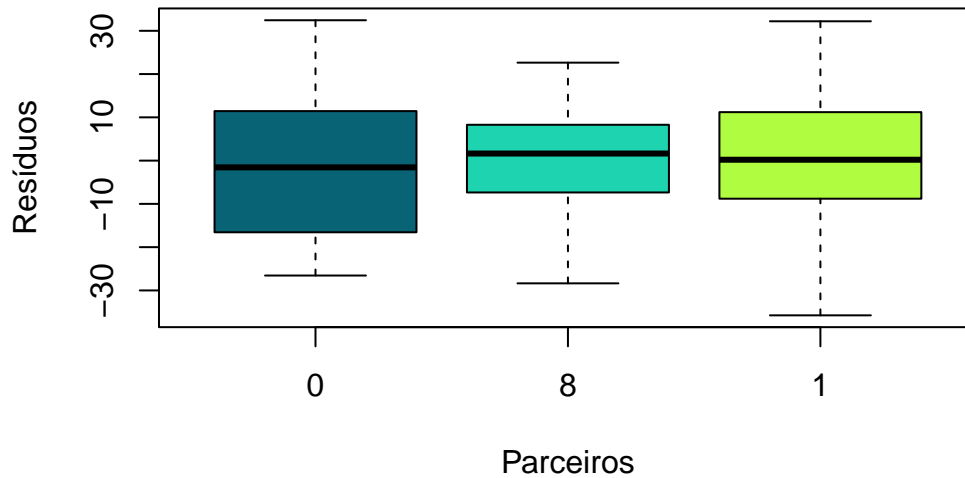
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, maiores no QQ-Plot do que com o modelo anterior, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wilk:

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  residuos  
W = 0.98887, p-value = 0.4088
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado, pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal.

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Item d

Subitem I

Esperaríamos estimar nove parâmetros para o caso atual, com dois Types, dois Partners e um None. Para o caso com três níveis em cada fator, esperaríamos estimar seis parâmetros para os níveis, nove parâmetros para as interações e mais um parâmetro para a cela de referência None

(intercepto), totalizando dezesseis. Generalizando, para dois fatores com n níveis, esperamos $(n + 1)^2$ parâmetros para serem estimados no modelo cela de referência.

Subitem II

Encontramos nove parâmetros para serem estimados com o banco original, conforme discutido na dica e no sumário do modelo.

Subitem III

Encontramos nove, e não dezesseis, pois o None age como a cela de referência, não como um nível para os outros fatores. Isto é, não há dados para, por exemplo, uma mosca exposta a 0 virgens ou exposta a 0 grávidas, ou um terceiro tipo que não virgem ou grávida.

Item e

Vamos conferir o sumário do modelo:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Partners * Type, data = dat)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-35.76	-8.76	0.20	11.20	32.44

Coefficients: (4 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	63.560	2.962	21.461	< 2e-16 ***
Partners8	-0.200	4.188	-0.048	0.96199
Partners1	1.240	4.188	0.296	0.76770
Typevirgem	-8.040	4.188	-1.920	0.05728 .
Typeprenha	NA	NA	NA	NA
Partners8:Typevirgem	-16.600	5.923	-2.803	0.00591 **
Partners1:Typevirgem	NA	NA	NA	NA
Partners8:Typeprenha	NA	NA	NA	NA
Partners1:Typeprenha	NA	NA	NA	NA

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 14.81 on 120 degrees of freedom
Multiple R-squared: 0.3121, Adjusted R-squared: 0.2892
F-statistic: 13.61 on 4 and 120 DF, p-value: 3.516e-09

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Partners	2	3542	1771	8.077	0.000512 ***
Type	1	6675	6675	30.440	2.02e-07 ***
Partners:Type	1	1722	1722	7.854	0.005914 **
Residuals	120	26314	219		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Interpretaremos apenas os parâmetros significativos a $\alpha = 0.05$. Notamos que apenas o intercepto (cela de referência: exposição a nenhuma mosca) e $\Delta_2 = (\tau\beta)_{22} + (\tau\beta)_{11} - (\tau\beta)_{12} - (\tau\beta)_{21}$ são significantes. Δ_2 significativa indica que há evidências para rejeitar que a soma entre a interação TypeVirgin:Partners1 e TypePregnant:Partners8 subtraída da soma entre a interação TypeVirgin:Partners8 e TypePregnant:Partners1 é nula. Isto é, como o valor estimado é negativo, concluímos que esta diferença Δ_2 afeta negativamente a longevidade das moscas, o que pode indicar um efeito maior do segundo termo da diferença. Como vimos anteriormente, sem inclusão do None, isso pode decorrer por conta do impacto significativo da interação Partners8:TypeVirgin.

Item f

Reparametrizaremos conforme a dica, uma vez que, como discutido, não seria possível estimar todos os parâmetros com a parametrização padrão da cela de referência. Posteriormente, discutiremos a parametrização por médias

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Partners + Type, data = dat)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-31.61	-10.95	1.05	10.79	32.44

Coefficients: (1 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	63.560	3.044	20.878	< 2e-16 ***
Partners8	-4.350	4.027	-1.080	0.282
Partners1	5.390	4.027	1.338	0.183

```
Typevirgem    -16.340      3.044   -5.367 3.91e-07 ***
Typepreinha      NA        NA        NA        NA
```

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 15.22 on 121 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.2671, Adjusted R-squared: 0.2489

F-statistic: 14.7 on 3 and 121 DF, p-value: 3.193e-08

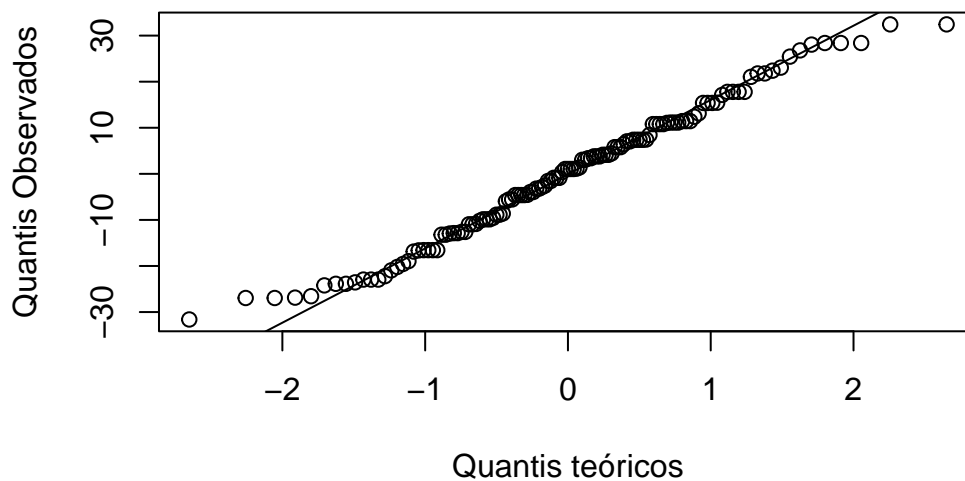
	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)	
Partners	2	3542	1771	7.644	0.000748	***
Type	1	6675	6675	28.808	3.91e-07	***
Residuals	121	28036	232			

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Pela tabela ANOVA, concluímos que o tipo e os parceiros são significantes a $\alpha = 0.05$ de significância estatística. Percebemos também que apenas $\Delta_1 = \tau_2 - \tau_1$ e o intercepto são significantes.

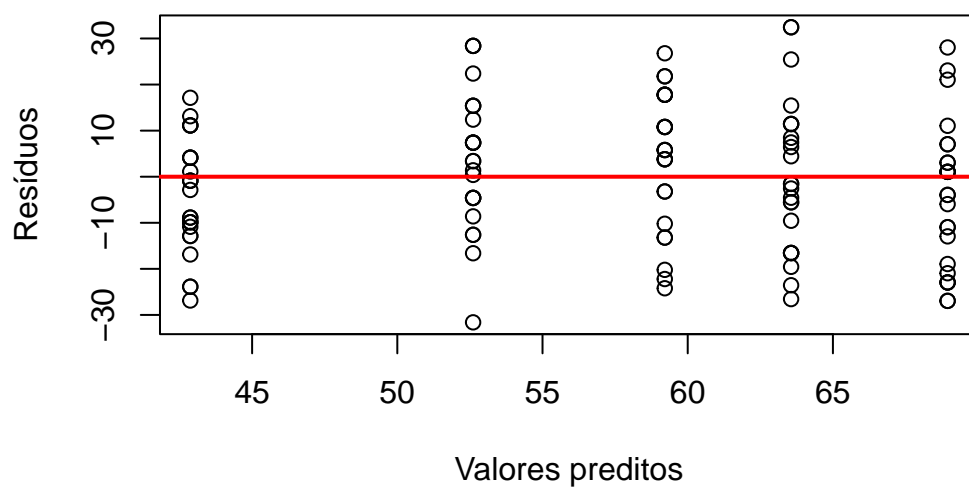
Esperamos que os resíduos sigam distribuição normal. Verificamos pelo QQ-Plot:

Gráfico QQ

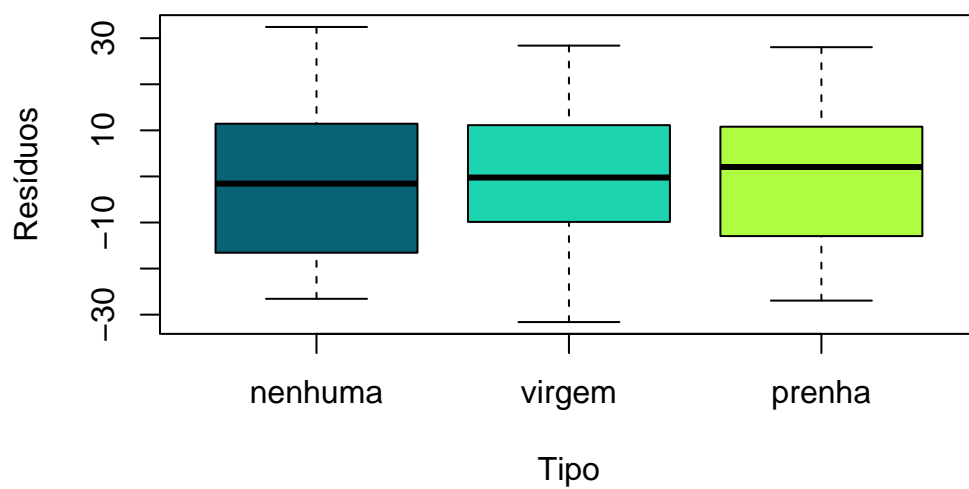


e comparação dos resíduos vs. ajustados

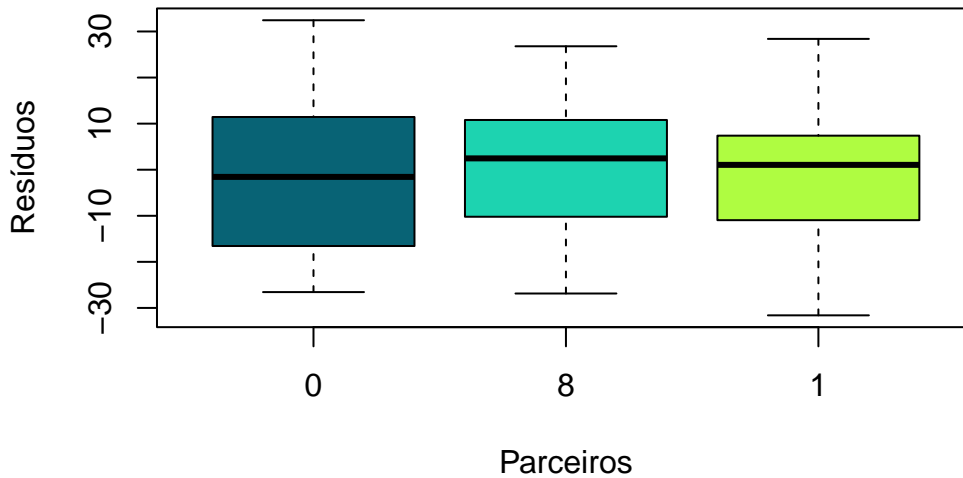
Resíduos vs Valores preditos



Comparação dos resíduos por tipo



Comparação dos resíduos por parceiros



Apesar de apresentar algumas divergências, maiores no QQ-Plot do que com o modelo anterior, os resíduos parecem seguir normalidade por quantis. Verificaremos com alguns testes:

Para o teste de Shapiro-Wilk:

```
Shapiro-Wilk normality test
```

```
data:  residuos  
W = 0.98437, p-value = 0.1601
```

Concluimos que o modelo pode ser aplicado, pois não há evidências para rejeitar a hipótese de que os resíduos seguem distribuição normal.

Encontramos um R^2 baixo, mas isto é esperado para um modelo com mais de um fator.

Esperaríamos estimar cinco parâmetros para o caso atual, com dois Types, dois Partners e um None. Para o caso com três níveis em cada fator, esperaríamos estimar seis parâmetros para os níveis e mais um parâmetro para a cela de referência None (intercepto), totalizando sete parâmetros. Generalizando, para h fatores com n níveis, esperamos $n * h + 1$ parâmetros para serem estimados no modelo cela de referência.

Encontramos cinco parâmetros para serem estimados com o banco original, conforme discutido na dica e no sumário do modelo.

Encontramos cinco, e não sete, pois o None age como a cela de referência, não como um nível para os outros fatores. Isto é, não há dados para, por exemplo, uma mosca exposta a 0 virgens ou exposta a 0 grávidas, ou um terceiro tipo que não virgem ou grávida.

Vamos reconferir o sumário do modelo:

Call:

```
lm(formula = Longevity ~ Partners + Type, data = dat)
```

Residuals:

Min	1Q	Median	3Q	Max
-31.61	-10.95	1.05	10.79	32.44

Coefficients: (1 not defined because of singularities)

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	63.560	3.044	20.878	< 2e-16 ***
Partners8	-4.350	4.027	-1.080	0.282
Partners1	5.390	4.027	1.338	0.183
Typevirgem	-16.340	3.044	-5.367	3.91e-07 ***
Typeprenha	NA	NA	NA	NA

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 15.22 on 121 degrees of freedom

Multiple R-squared: 0.2671, Adjusted R-squared: 0.2489

F-statistic: 14.7 on 3 and 121 DF, p-value: 3.193e-08

	Df	Sum Sq	Mean Sq	F value	Pr(>F)
Partners	2	3542	1771	7.644	0.000748 ***
Type	1	6675	6675	28.808	3.91e-07 ***
Residuals	121	28036	232		

Signif. codes: 0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Interpretaremos apenas os parâmetros significativos a $\alpha = 0.05$. Notamos que apenas o intercepto (cela de referência: exposição a nenhuma mosca) e $\Delta_1 = \tau_2 - \tau_1$ são significantes. Δ_1 significativa indica que há evidências para rejeitar que o efeito τ_1 e τ_2 são iguais. Isto é, como o valor estimado é negativo, concluimos que o efeito τ_2 é maior que o efeito τ_1 . Isso indica que o efeito de exposição à moscas virgens difere da exposição à moscas prenhas, como esperado.

Item g

Escolheríamos o modelo com interação. Reiterando os argumentos anteriores, do ponto de vista estatístico, notamos que a interação é significativa, fornecendo um modelo melhor ajustado. Dum ponto de vista biológico, considerando o comportamento reprodutivo da *Drosophila*, esperamos que o encontro com mais virgens tenha um impacto maior na longevidade do que o encontro apenas com uma, e o modelo com interação nos permite visualizar isso mais claramente.