- betrifft Modelle mit mind. 2 Faktoren
- idR sind Faktoren korreliert (ggf. auch schwach und n.s.)
- · Ziel der ANOVA ist Zuordnung der Quadratsummen
- · bei Überlappung keine eindeutige Zuordnung möglich
- · z.B.



- · verschieden Typen der ANOVA lösen diese Problematik unterschiedlich
- · Beispiel:
 - 2 Faktoren (A und B, $r_{AB}=.1$)
 - ANOVA mit Haupteffekten und Interaktion

Typ I

- sequentielle QS-Zerlegung
 - SS(A)
 - SS(B | A)
 - SS(A*B|A,B)
- · nur bei dieser Form wird Schnittmenge überhaupt berücksichtigt
- · Zuordnung aller erklärbarer Varianz zum ersten eingegebenen Faktor A
- · dann: Wieviel der Residualvarianz kann noch durch B erklärt werden usw.
- als standard in der aov () -Funktion
- · Reheinfolge der Faktoren relevant!
- · ✓ bei balancierten Designs ohne Interaktionen

Typ II

- bedingte QS-Zerlegung:
 - SS(A | B)
 - SS(B | A)
 - SS(A*B|A,B)
- · Faktoren A und B werden jeweils nur die individuell einmaligen QS zugeordnet
- · Also der Anteil der nicht bereits durch die anderen Faktoren erklärt wird
- · Die durch mehrere Faktoren erklärbaren Varianzanteile werden nicht berücksichtigt
- entsprechend ist die Summe ANOVA-QS nicht gleich der Gesamtquadratsumme
- bei unbalancierten Designs

Typ III

- bedingte QS-Zerlegung:
 - SS(A | B,A*B)
 - SS(B|A,A*B)
 - SS(A*B|A,B)
- · auch hier wird Faktoren A und B jeweils nur die individuelle QS zugeordnet
- · aber zusätzlich wird auch noch die Interaktion berücksichtigt
- · damit noch verzerrender als Typ II
- · Die durch mehrere Faktoren erklärbaren Varianzanteil werden *nicht* berücksichtigt
- · entsprechend ist die Summe ANOVA-QS nicht gleich der Gesamtquadratsumme
- · bevorzugte Variante bei Prüfung der Haupteffekte bei vorhandener Interaktion

weitere Typen

· Typ IV und Typ V: praktisch nur von historischem Interesse

in R

```
Typ 1:

        standard in R`s aov()
        aov(yield ~ density + fertilizer, data = df_crop) %>% summary()

Typ 2:

        car::Anova(lm(yield ~ density + fertilizer, data = df_crop), type=2)

Typ 3:

        car::Anova(lm(yield ~ density + fertilizer, data = df_crop), type=3)

im vorliegenden Fall: perfekt balancierte Daten -> gleiche Ergebnisse

        siehe df_crop %>% count(fertilizer, density)
```