

# Die Varianzanalyse

Katharina Maubach

## Table of contents

|          |  |           |
|----------|--|-----------|
| <b>1</b> | <b>Datenmanagement</b>   | <b>2</b>  |
| <b>2</b> | <b>Voraussetzungsprüfung für einfaktorielle und mehrfaktorielle Varianzanalyse</b> | <b>4</b>  |
| 2.1      | Überprüfung der Normalverteilung . . . . .   | 4         |
| 2.2      | Überprüfung der Homogenität der Fehlervarianzen . . . . .                          | 6         |
| <b>3</b> | <b>Einfaktorielle Varianzanalyse (ohne Messwiederholung)</b>                       | <b>7</b>  |
| 3.1      | Deskriptive Statistiken . . . . .  | 7         |
| 3.2      | Durchführen der Varianzanalyse . . . . .   | 8         |
| 3.3      | Interpretation des Outputs . . . . .   | 9         |
| 3.4      | PostHocTests . . . . .   | 10        |
| 3.5      | Interpretation der Posthoc-Tests und des Gesamtmodells . . . . .                   | 11        |
| 3.6      | Visualisierung der Gruppenunterschiede mittels Fehlerbalken . . . . .              | 11        |
| 3.7      | Exkurs: nicht parametrische Testverfahren . . . . .                                | 13        |
| 3.8      | Umgang mit Messwiederholungen . . . . .  | 14        |
| <b>4</b> | <b>Mehrfaktorielle Varianzanalyse</b>  | <b>14</b> |
| 4.1      | Interpretation des Outputs . . . . .   | 17        |
| 4.1.1    | Post-Hoc Tests . . . . .   | 17        |
| 4.2      | Interpretation der Posthoc-Tests und des Gesamtmodells . . . . .                   | 19        |
| 4.3      | Visualisierung der Interaktionen . . . . .   | 20        |
| 4.4      | Literatur . . . . .  | 22        |

Die Varianzanalyse weitet den Grundgedanken des t-Tests aus, indem sie den simultanen Vergleich von Gruppenmittelwerten über mehr als zwei Gruppen erlaubt. Die einfaktorielle Varianzanalyse definiert die Gruppen dabei anhand eines Faktors (einer unabhängigen Variable), die mehrfaktorielle Varianzanalyse erlaubt mehrere unabhängige kategoriale Variablen im Modell, ist aber nicht mit der multivariaten Varianzanalyse (MANOVA) zu verwechseln, die auch mehrere metrische abhängige Variablen gleichzeitig zulässt. Wenn die Gruppierungsvariable (also die unabhängige Faktor-Variable) mehr als zwei Gruppen unterscheidet, müssen nach



Figure 1: Bild generiert von Midjourney

der Anova Post-Hoc Tests durchgeführt werden. Denn sollte die Varianzanalyse insgesamt signifikante Werte liefern, wurde zwar festgestellt, dass es überzufällige Unterschiede zwischen den durch die Faktorstufen definierten Gruppen gibt, bei drei und mehr Faktorstufen bleibt aber noch unklar, auf welchen Gruppenunterschieden dieses Ergebnis beruht. Post hoc-Tests liefern spezifischere Informationen dazu, welche Gruppenmittelwerte signifikant voneinander abweichen.

## 1 Datenmanagement

Wir laden zunächst die für dieses Skript benötigten Pakete und legen unseren Grafikhintgrund sowie die Formatierung von Zahlen fest.

```
if(!require("pacman")) {install.packages("pacman");library(pacman)}  
p_load(knitr,car, tidyverse, ggplot2, ggpubr, effectsize, DescTools, dplyr,afex, emmeans, PM  
  
theme_set(theme_classic()) #<2>  
options(scipen = 999) #<3>  
options(es.use_symbols = TRUE) #<4>
```

- ① Lädt alle benötigten Pakete mit dem Befehl `p_load()`

- ② Setzt einen universalen Hintergrund (`theme_classic`) für unsere Datenvisualisierungen mit `ggplot2` fest.
- ③ Sorgt dafür, dass sehr kleine Zahlen ausgeschrieben werden.
- ④ Sorgt dafür, dass Symbole im Output gedruckt werden.

Anschließend laden wir unseren Datensatz:

```
daten = haven::read_dta("Datensatz/Allbus_2021.dta")
```

Um mit dem Datensatz arbeiten zu können benötigen wir einige grundlegende Schritte des Datenmanagements [für ausführliche Erklärungen siehe hier](#). Für die Varianzanalyse möchten wir uns anschauen, wie sich der Gesundheitszustand (und das Alter) der Befragten auf ihr Vertrauen in das Gesundheitswesen auswirkt. Wir nutzen dazu die folgenden Variablen:

| Variable | Beschreibung                      | Ausprägungen   |
|----------|-----------------------------------|--|
| hs01     | Gesundheitszustand der Befragten  | -42 = Datenfehler<br>-11 = TNZ Split<br>-9 = Keine Angabe<br>1 = Sehr Gut<br>2 = Gut<br>3 = Zufriedenstellend<br>4 = Weniger Gut<br>5 = Schlecht |
| age      | Alter der Befragten               | -32 = Nicht Generierbar  |
| pt01     | Vertrauen in das Gesundheitswesen | -42 = Datenfehler<br>-11 = TNZ Split<br>-9 = Keine Angabe<br>1 = Gar kein Vertrauen<br>...<br>7 = Großes Vertrauen                               |

Innerhalb unseres Datenmanagements schließen wir fehlerhafte und fehlende Werte der Variablen `sex`, `agef` und `pt12` aus und benennen falls nötig die Variablen um:

```
daten <- daten %>%
  filter(., hs01 > 0 & pt01 > 0 & age > 0) %>% #<1>
  rename(., gesund = hs01, #<2>
         trustges = pt01) %>%
  mutate(gesund = haven::as_factor(gesund), #<3>
         trustges = as.numeric(trustges),
         agef = dichot(age, as.num = T) %>% factor(levels = c(0,1), labels = c("jung", "alt"))
```

- ① Wir schließen fehlende Werte (siehe Tabelle oben aus). Da diese alle negativ sind, können wir einfach alle Werte kleiner als 0 ausschließen.
- ② Hier benennen wir die Variablen anders um unsere weitere Arbeit zu vereinfachen.
- ③ Wir speichern die Variablen als Faktoren. Wir nutzen dabei die Funktion `as_factor` aus dem `haven` Paket um die Bezeichnungen der Faktorstufen direkt zu übernehmen.
- ④ Wir kodieren die Variable `Alter` in eine dichotome Variable (`jung` und `alt`) um. Die Aufteilung geschieht anhand des Medians der Verteilung.

## 2 Voraussetzungsprüfung für einfaktorielle und mehrfaktorielle Varianzanalyse

Die Varianzanalyse ist ein statistisches Verfahren, dass bestimmte Voraussetzungen bezüglich der abhängigen und unabhängigen Variablen voraussetzt. Dies sind im Überblick:

- Datenniveau der AV (metrisch) und UV (Faktor)
- Normalverteilung der abhängigen Variablen
- Homogenität der Fehlervarianzen der unabhängigen Variablen

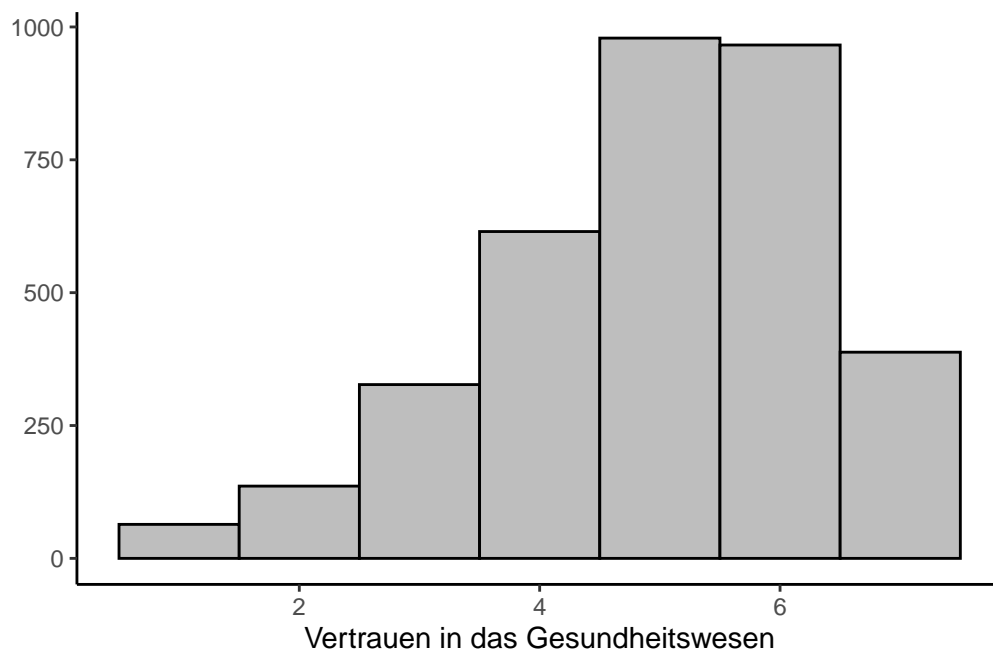
Die meisten Voraussetzungen, die für die Durchführung und Interpretation einer Varianzanalyse erfüllt sein müssen, lassen sich bereits im Vorfeld der eigentlichen Analyse überprüfen. So kann das Messniveau unmittelbar festgestellt werden. Es gilt für die *abhängige (y-)Variable* stets, dass sie *intervallskaliert* sein muss, in R also als ein Vektor vorliegen muss. Die Faktoren bzw. *unabhängige(n) (x-) Variable(n)* hingegen müssen zwingend nominalskaliert sein und in R demnach als *Faktoren* vorliegen.

### 2.1 Überprüfung der Normalverteilung

Eine weitere wichtige, leicht vorab zu prüfende Bedingung, die für eine Varianzanalyse erfüllt sein muss, ist die **Normalverteilung der abhängigen Variable**. Diese können wir graphisch überprüfen:

```
#Histogramm ausgeben
ggplot(daten, aes(trustges)) + #<1>
  geom_histogram(aes(y = after_stat(count)), #<2>
                 color = "black", fill = "grey",
                 binwidth = 1) + #<3>
  labs(x = "Vertrauen in das Gesundheitswesen", #<4>
       y = "")
```

- ① In R nutzen wir das Paket `ggplot2` von Wickham et al. um ein Histogramm auszugeben. Zunächst müssen wir hier das Paket `ggplot2` mit dem Befehl `ggplot()` aufrufen. Anschließend spezifizieren wir innerhalb der Klammer unseren Datensatz (hier `daten`) und unter `aes` unsere Variable (hier `trustges`).
- ② Die Spezifizierungen innerhalb der Klammern unseres Histogramms geben an, dass dieses auf den Zahlen unseres Datensatzes beruhen soll (`aes(y = after_stat(count))`), wir die Außenumrandung schwarz `color = black` und die Füllfarbe grau wünschen (`fill = grey`). Diese Spezifikationen sind optional, sorgen jedoch für ein schöneres Aussehen unserer Grafik.
- ③ Mit `binwidth = 1` verweisen wir hier auf die Breite der Balken unseres Histogramms.
- ④ Für ein verschönertes Aussehen unseres Graphen nutzen wir den Befehl `labs` um zusätzlich die Achsen zu beschriften.



Wir sehen an der Grafik, dass die Variable Vertrauen in das Gesundheitswesen rechtssteil ist, also die Teilnehmer der Befragung eher ein höheres Vertrauen angegeben haben.

Zusätzliche Gewissheit bezüglich des Vorliegens der Normalverteilung bietet der *Kolmogorov-Smirnov-Test* oder der *Shapiro-Wilk-Test* (welcher für kleinere Stichproben zwischen 3 und 5000 Fällen konzipiert ist). In R erhalten wir diese Tests mit dem Befehl `LillieTest()` aus dem Paket `DescTools()` bzw. `shapiro.test()`. Beide Tests testen auf Abweichung von der Normalverteilung, demnach sollte diese nicht signifikant ausfallen (da ein signifikanter Test aussagt, dass eine Abweichung von der Normalverteilung besteht, was wir nicht möchten).

```
LillieTest(daten$trustges)
```

Lilliefors (Kolmogorov-Smirnov) normality test

```
data: daten$trustges  
D = 0.18718, p-value < 0.00000000000000022
```

```
shapiro.test(daten$trustges)
```

Shapiro-Wilk normality test

```
data: daten$trustges  
W = 0.92102, p-value < 0.00000000000000022
```

Im vorliegenden Beispiel sind beide Tests signifikant. Allerdings reagieren beide Tests insbesondere bei großen Stichproben sehr sensibel, sodass bereits leichte Abweichungen von der Normalverteilung (etwa durch Ausreißer) die Tests signifikant werden lassen; in diesen Fällen ist es sinnvoll eher auf die graphische Überprüfung (siehe oben) zu schauen. Sowohl der Kolmogorov-Smirnov-Test als auch die Grafik lassen jedoch nicht auf eine perfekte Normalverteilung unserer abhängigen Variablen schließen. In diesem Fall kann die Varianzanalyse dennoch gerechnet werden, da solange die Verteilung nicht extrem steil ist, das Verfahren einigermaßen robust ist. Bei einer sehr starken Verletzung der Normalverteilung müsste ggf. auf nicht parametrische Tests wie den [Kruskal-Wallis-Test](#) ausgewichen werden.

## 2.2 Überprüfung der Homogenität der Fehlervarianzen

Die letzte Voraussetzung, die für eine Varianzanalyse erfüllt sein muss, ist die Homogenität der Fehlervarianzen. Um diese zu testen, nutzen wir den Levene-Test auf Varianzhomogenität. Hierfür nutzen wir die Funktion `leveneTest()` aus dem Paket `car`.

```
#Levene-Test für einfaktorielle Varianzanalyse  
daten %>%  
  leveneTest(trustges ~ gesund, data = ., center = mean) #<1>  
  
#Levene-Test für mehrfaktorielle Varianzanalyse ausgeben  
daten %>%  
  leveneTest(trustges ~ gesund*agef, data = ., center = mean) #<2>
```

- ① Innerhalb der Klammer müssen wir zunächst unsere abhängige Variable angeben. Danach folgt eine Tilde (~). Im Anschluss müssen wir unsere unabhängige(n) Variablen angeben. Die Tilde sagt quasi, dass unsere abhängige Variable durch unsere unabhängigen Variablen bestimmt wird. Haben wir nur eine abhängige Variable, so geben wir diese an.
- ② Haben wir mehrere unabhängige Variablen so können wir diese mit einem \* verbinden. Anschließend wird der Test für beide Variablen sowie den Interaktionsterm ausgegeben.

```
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value    Pr(>F)
group   4  5.9109 0.00009738 ***
      3470
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
Levene's Test for Homogeneity of Variance (center = mean)
      Df F value    Pr(>F)
group   9  5.2437 0.0000004058 ***
      3465
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
```

Wenn der Levene-Test statistisch signifikant ausfällt, sollte die Hypothese homogener Varianzen abgelehnt werden. Falls der Test wie im vorliegenden Fall signifikant ausfällt (da der  $\text{Pr}(>\text{F-Wert})$  kleiner als 0.05 ist) wurde die Voraussetzung der Homogenität der Fehlervarianzen verletzt. In einem solchen Fall können wir wahlweise auf nicht-parametrische Tests ausweichen, oder die Varianzanalyse dennoch berechnen, wenn wahlweise die deskriptiven Kennwerte keine allzu große Streuung aufweisen, oder wir einen alternativen Posthoc-Test wie Tamhane T2 wählen.

### 3 Einfaktorielle Varianzanalyse (ohne Messwiederholung)

Nachdem wir die Voraussetzungen geprüft haben, schauen wir uns die einfaktorielle Varianzanalyse an. Im vorliegenden Beispiel möchten wir überprüfen, inwiefern sich der Gesundheitszustand (Variable `gesund`; Von sehr gut bis schlecht) auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen (Variable `trustges`) auswirkt.

#### 3.1 Deskriptive Statistiken

Zunächst interessieren uns die deskriptiven Statistiken. Dafür gruppieren wir die Ergebnisse unserer abhängigen Variablen anhand der Ausprägungen unserer unabhängigen Variablen und lassen uns jeweils den Mittelwert und die Standardabweichung ausgeben.

```

daten %>%
  group_by(gesund) %>% #<1>
  summarise(Mittelwert = mean(trustges, na.rm = T), #<1>
            Standardabweichung = sd(trustges, na.rm = T)) %>%
  kable(digits = 2, col.names = c("Gesundheitszustand", "M", "SD"), caption = "Descriptives

```

- ① Zunächst möchten wir uns anhand von deskriptiven Statistiken einen Überblick über unsere Daten verschaffen. Dafür nutzen wir die `group_by`-Funktion in Kombination mit der `summarise`-Funktion.
- ② Im nachfolgenden Schritt haben wir mit Hilfe des Befehls `kable()` aus dem Paket `knitr` das Aussehen unserer Tabelle verschönert. Dieser Schritt ist optional.

Table 2: Descriptives Vertrauen

| Gesundheitszustand | M    | SD   |
|--------------------|------|------|
| SEHR GUT           | 5.13 | 1.45 |
| GUT                | 4.99 | 1.32 |
| ZUFRIEDENSTELLEND  | 4.85 | 1.37 |
| WENIGER GUT        | 4.82 | 1.48 |
| SCHLECHT           | 4.71 | 1.55 |

Anhand der deskriptiven Statistiken sehen wir, dass das Vertrauen in das Gesundheitswesen am höchsten ausgeprägt ist, bei Personen die einen guten Gesundheitszustand aufweisen. Ob dieser augenscheinliche Unterschied auch statistisch signifikant ist, möchten wir in einem nächsten Schritt mit der einfaktoriellen ANOVA berechnen.

## 3.2 Durchführen der Varianzanalyse

Zur Berechnung der Varianzanalyse nutzen wir die Funktion `aov_car` aus dem `afex`-Paket:

```

#Einfaktorielle ANOVA
fit <- daten %>%
aov_car(trustges ~ gesund + Error(respid), data = ., anova_table = "pes") #<1>

print(fit)

eta_squared(fit, partial = F) #<2>

```

- ① Innerhalb der Funktion `aov_car` müssen wir zunächst die abhängige Variable (`trustges`) angeben und nach einer Tilde die unabhängige Variabel (`gesund`). Zudem müssen wir



den Zusatz `+ Error()` nutzen und in der Klammer die Fallid (hier `respid`) angeben. Alles speichern wir als Objekt `fit` welches wir anschließend mit `print` aufrufen.

- ② Mit `eta_squared` können wir zusätzlich die Effektstärke angeben. Diese findet sich für die einfaktorielle Anova auch in der Spalte `pes`, aber hier erhalten wir zusätzlich ein Konfidenzintervall für den Effekt.

Anova Table (Type 3 tests)

Response: trustges

| Effect   | df | MSE       | F        | pes  | p.value |
|----------|----|-----------|----------|------|---------|
| 1 gesund | 4, | 3470 1.91 | 5.46 *** | .006 | <.001   |

---

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

# Effect Size for ANOVA (Type III)

| Parameter | $\eta^2$ | 95% CI       |
|-----------|----------|--------------|
| gesund    | 6.25e-03 | [0.00, 1.00] |

- One-sided CIs: upper bound fixed at [1.00].

### 3.3 Interpretation des Outputs

Als Output erhalten wir eine Tabelle, deren einzelne Bestandteile im Folgenden näher erläutert und interpretiert werden.

*Effect* zeigt die unabhängige Variable des Modells, in diesem Fall die Variable Gesundheitszustand(`gesund`). Die vier bedeutet, dass hier insgesamt eine Gruppe mit 4 anderen (= fünf Ausprägungen) verglichen wurde.

Über die Werte der zweiten und vierten Spalte, die *Freiheitsgrade* (`df`) und die *F-Werte* (`F`) ließe sich, wenn man es wollte, der empirische F-Wert in der F-Tabelle, mit dem kritischen Wert (theoretischen F-Wert) vergleichen, um zu prüfen, ob die Nullhypothese, dass keine Unterschiede zwischen den durch die jeweilige Variable definierten Gruppen bestehen, verworfen werden darf. Diesen Aufwand kann man sich allerdings sparen, da R in der Spalte `p.value` die umgekehrte Aussage macht, dass die Nullhypothese mit der dort berichteten Fehlerwahrscheinlichkeit verworfen werden kann. Beim per Konvention in den Sozialwissenschaften mindestens geltenden Konfidenz-Niveau von 95%, dürfen im Umkehrschluss also für alle Modellterme signifikante Unterschiede in der Grundgesamtheit angenommen werden, die hier einen Wert  $<.05$  aufweisen. Die Spalte ist damit die wichtigste der gesamten Tabelle! Im vorliegenden Datenbeispiel ist demnach ein signifikanter Unterschied des Gesundheitszustandes im Bezug auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen ersichtlich.

Die *mittlere quadratische Abweichung (MSE)* oder Fehlervarianz ist die Summe der Abweichungsquadrate aller Werte vom jeweiligen Gruppenmittelwert. Berechnet wird diese durch die Quadratsumme der Fehlerresiduen geteilt durch die Freiheitsgrade. Sie gibt damit die Varianz innerhalb der einzelnen Gruppen (=nicht erklärte Varianz) wieder.

Die Spalte *pes* steht für das partielle Eta-Quadrat und gibt die Erklärungskraft der einzelnen Faktoren im Hinblick auf die abhängige Variable an – partiell ist das  $\eta^2$ , da es um die Einflüsse der übrigen Modellgrößen bereinigt ist (für unifaktorielle Analysen wie im vorliegenden Fall ist dies nicht relevant, allerdings für die multifaktorielle ANOVA). Die Effektstärke beträgt 0.006 und entspricht damit einem sehr kleinen Effekt (Cohen, 1988). Im Datenbeispiel hat demnach der Gesundheitszustand (und damit auch unser Gesamtmodell) eine Erklärungskraft von lediglich 0.6 Prozent für Unterschiede im Vertrauen auf das Gesundheitssystem. Allerdings wissen wir lediglich, dass sich unsere Gruppen signifikant unterscheiden, nicht jedoch, ob sich alle Gruppen unterscheiden, oder lediglich einzelne. Daher benötigen wir die Posthoc-Tests.

### 3.4 PostHocTests

Zuletzt müssen wir die Posthoc-Tests berechnen, welche uns Aufschluss darüber geben, welche unserer Gruppen sich unterscheiden. Es gibt verschiedene Posthoc-Tests. Grundsätzlich ist der Tukex-Post-Hoc Test zu empfehlen, welche wir über die Funktion `emmeans` aus dem `emmeans`-Package aufrufen:

```
emmeans::emmeans(fit, specs = "gesund") %>% #<1>
  pairs()
```

- ① Innerhalb von `emmeans` können wir einfach auf unser zuvor spezifiziertes Modell `fit` verweisen, müssen allerdings noch mit `specs=` angeben, auf Basis welcher Variablen der Gruppenvergleich durchgeführt werden soll.

| contrast                        | estimate | SE     | df   | t.ratio | p.value |
|---------------------------------|----------|--------|------|---------|---------|
| SEHR GUT - GUT                  | 0.1336   | 0.0696 | 3470 | 1.919   | 0.3075  |
| SEHR GUT - ZUFRIEDENSTELLEND    | 0.2749   | 0.0734 | 3470 | 3.746   | 0.0017  |
| SEHR GUT - WENIGER GUT          | 0.3077   | 0.0924 | 3470 | 3.332   | 0.0078  |
| SEHR GUT - SCHLECHT             | 0.4123   | 0.1474 | 3470 | 2.797   | 0.0414  |
| GUT - ZUFRIEDENSTELLEND         | 0.1413   | 0.0567 | 3470 | 2.490   | 0.0930  |
| GUT - WENIGER GUT               | 0.1741   | 0.0798 | 3470 | 2.183   | 0.1864  |
| GUT - SCHLECHT                  | 0.2787   | 0.1398 | 3470 | 1.993   | 0.2696  |
| ZUFRIEDENSTELLEND - WENIGER GUT | 0.0328   | 0.0831 | 3470 | 0.395   | 0.9949  |
| ZUFRIEDENSTELLEND - SCHLECHT    | 0.1374   | 0.1418 | 3470 | 0.969   | 0.8691  |
| WENIGER GUT - SCHLECHT          | 0.1046   | 0.1524 | 3470 | 0.686   | 0.9595  |

P value adjustment: tukey method for comparing a family of 5 estimates

Bei fehlender Varianzhomogenität können wir zudem den tamhane-T2 Test nutzen. Dieser basiert allerdings auf einem aov-Objekt, daher geben wir hier mit aov die ANOVA erneut aus.

```
daten %>%
aov(trustges ~ gesund, data = .) %>%
  tamhaneT2Test(.)
```

|                   | SEHR GUT | GUT    | ZUFRIEDENSTELLEND | WENIGER GUT |
|-------------------|----------|--------|-------------------|-------------|
| GUT               | 0.4692   | -      | -                 | -           |
| ZUFRIEDENSTELLEND | 0.0029   | 0.1037 | -                 | -           |
| WENIGER GUT       | 0.0174   | 0.3186 | 1.0000            | -           |
| SCHLECHT          | 0.1230   | 0.5471 | 0.9923            | 0.9996      |

### 3.5 Interpretation der Posthoc-Tests und des Gesamtmodells

Hier interessiert uns jeweils der p-value (für den Tamhane T2 Test wird uns nur dieser angezeigt). Werte unter .05 bedeuten, dass zwischen diesen Gruppen ein signifikanter Mittelwertunterschied besteht.

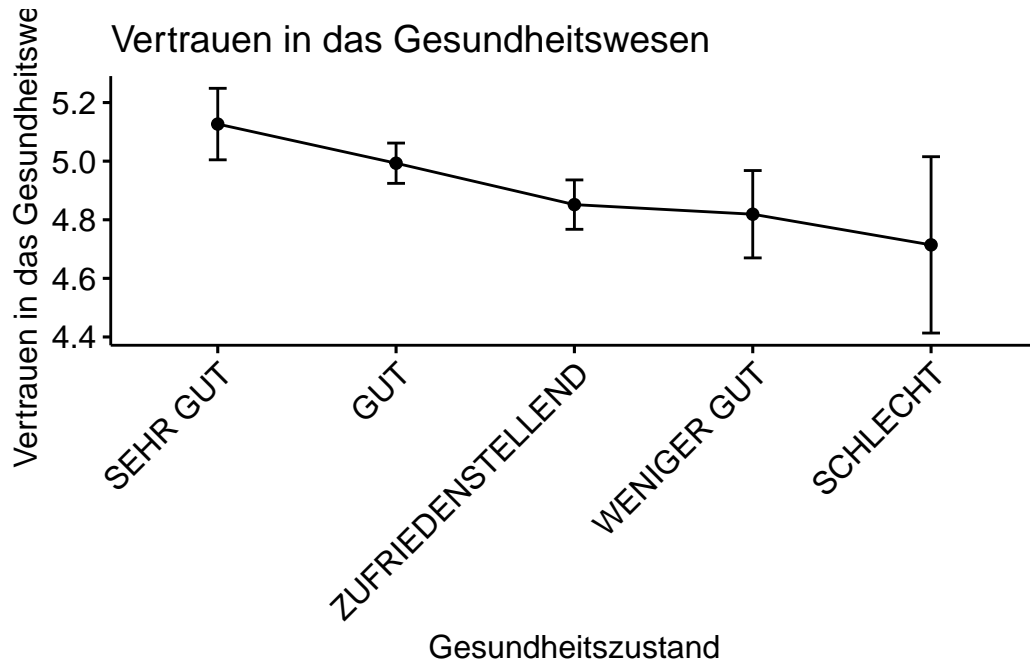
In unserem Beispiel sehen wir signifikante Unterschiede zwischen Personen die einen sehr guten Gesundheitszustand aufweisen und Personen, denen es gesundheitlich schlechter geht (Kategorien zufriedenstellender Gesundheitszustand, weniger guter Gesundheitszustand und je nach Test schlechter Gesundheitszustand). Dementsprechend ist der Gesundheitszustand ein signifikanter Faktor um das Vertrauen in das Gesundheitswesen vorherzusagen. Hier sind jedoch lediglich gravierende Unterschiede in der eigenen Gesundheitseinschätzung maßgeblich für Unterschiede in das Vertrauen.

### 3.6 Visualisierung der Gruppenunterschiede mittels Fehlerbalken

Oftmals lohnt es sich, die Ergebnisse der Varianzanalyse auch graphisch darzustellen. Hierzu nutzen wir Fehlerbalkendiagramme:

```
daten %>%
  ggline(x= "gesund", #<1>
        y = "trustges", #<1>
        add = "mean_ci", #<2>
        title = "Vertrauen in das Gesundheitswesen", #<3>
        xlab = "Gesundheitszustand", #<3>
        ylab = "Vertrauen in das Gesundheitswesen") + #<3>
  rotate_x_text(45) #<4>
```

- ① Wir wählen auf der x-Achse die Variable `gesund` aus und auf der y-Achse die Variable `trustges`.
- ② Wir fügen für die jeweiligen Faktorstufen der Variablen `gesund` die Mittelwerte sowie Konfidenzintervalle hinzu.
- ③ Wir benennen unsere Grafik um.
- ④ Da die Labels unserer Faktorstufen sehr lang sind, drehen wir diese um 45 Grad. Dies geschieht mit der Funktion `rotate_x_text()` aus dem Paket `ggpubr`.



Die Punkte in der Grafik visualisieren die Mittelwerte der einzelnen Gesundheitszustände mit Bezug auf die Variable Vertrauen in das Gesundheitswesen. Um die Punkte sind jeweils mit Strichen die Konfidenzintervalle eingezeichnet. Wenn sich die Bereich der Konfidenzintervalle nicht überschneiden, besteht ein signifikanter Mittelwertunterschied.

Daher können wir anhand der Grafik ablesen, dass das Vertrauen in das Gesundheitswesen am höchsten bei Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand ist und sukzessive abnimmt, je schlechter der Gesundheitszustand der Befragten ausfällt. Auch die Ergebnisse aus den Posthoc-Tests zeigen sich innerhalb der Grafik: Die Konfidenzintervalle von Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand und einem zufriedenstellenden und weniger guten überschneiden sich nicht. Insofern finden wir bei diesen Gruppen signifikante Mittelwertunterschiede.

### 💡 Wie gebe ich die Ergebnisse korrekt an?

Die Ergebnisse der Varianzanalyse werden zumeist in Textform dargestellt. Dafür werden folgende Informationen benötigt:

- die Mittelwerte und Standardabweichung der einzelnen Faktorstufen
- der df-Wert
- der F-Wert
- der p-Wert
- der  $\eta^2$ -Wert
- die Posthoc-Test Ergebnisse

Das Format ist üblicherweise:

**Beispiel:** Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand haben durchschnittlich ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen ( $M = 5.13; SD = 1.45$ ) als Personen mit einem guten ( $M = 4.99; SD = 1.32$ ), zufriedenstellenden ( $M = 4.85; SD = 1.37$ ), weniger guten ( $M = 4.82; SD = 1.48$ ) oder schlechtem ( $M = 4.71; SD = 1.55$ ) Gesundheitszustand. Der Gesundheitszustand hat dabei einen signifikanten Einfluss auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen ( $F(3,470) = 5.46, p < 0.001$ ). Die Effektstärke nach Cohen (1992) liegt bei  $\eta^2 = 0.006$  und entspricht einem kleinen Effekt. Post-Hoc Paarvergleiche mit Tukey ergaben, dass sich der Mittelwert für die Personen mit sehr guten Gesundheitszustand signifikant von den Personen mit zufriedenstellendem ( $p < 0.029$ ) und weniger gutem ( $p < 0.0174$ ) Zustand unterscheidet. Die anderen Gesundheitsgruppen unterscheiden sich hingegen nicht signifikant voneinander.

## 3.7 Exkurs: nicht parametrische Testverfahren

Wenn wir die Voraussetzungen der Varianzanalyse nicht erfüllen, können wir statt der Varianzanalyse den Kruskal-Wallis Test rechnen. Hierfür müssen unsere Daten nicht die Voraussetzungen der Normalverteilung sowie der Homogenität der Fehlervarianzen erfüllen.

Den Kruskal-Wallis-Test rufen wir mit der Funktion `kruskal.test()` auf:

```
kruskal.test(trustges ~ gesund, data = daten)
```

Kruskal-Wallis rank sum test

data: trustges by gesund

Kruskal-Wallis chi-squared = 25.191, df = 4, p-value = 0.00004606

Hier interessiert uns insbesondere der p-Wert. Wir sehen, wie auch in der Varianzanalyse, dass sich unsere Gruppen signifikant voneinander unterscheiden. Im Anschluss müssen wir dann erneut die Posthoc Tests durchführen.

#### 💡 Wie gebe ich die Ergebnisse korrekt an?

Die Ergebnisse des Kruskal-Wallis Tests werden simultan zur Varianzanalyse in Textform angegeben. Dafür werden folgende Informationen benötigt:

- die Mittelwerte und Standardabweichung der einzelnen Faktorstufen
- der df-Wert
- der chi-squared-Wert
- der p-Wert
- die Posthoc-Test Ergebnisse

Das Format ist üblicherweise:

**Beispiel:** Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand haben durchschnittlich ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen ( $M = 5.13; SD=1.45$ ) als Personen mit einem guten ( $M = 4.99; SD=1.32$ ), zufriedenstellenden ( $M = 4.85; SD=1.37$ ), weniger guten ( $M = 4.82; SD=1.48$ ) oder schlechtem ( $M = 4.71; SD=1.55$ ) Gesundheitszustand. Der Gesundheitszustand hat dabei einen signifikanten Einfluss auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen  $H(4) = 25.191, p < 0.001$ . Post-Hoc Paarvergleiche mit Tamhames ergaben, dass sich der Mittelwert für die Personen mit sehr guten Gesundheitszustand signifikant von den Personen mit zufriedenstellendem ( $p < 0.029$ ) und weniger gutem ( $p < 0.0174$ ) Zustand unterscheidet. Die anderen Gesundheitsgruppen unterscheiden sich hingegen nicht signifikant voneinander.

#### Exkurs: Einfaktorielle Varianzanalyse mit Messwiederholung

### 3.8 Umgang mit Messwiederholungen

Haben wir mehr als zwei Testzeitpunkte vorliegen, so können wir die ANOVA mit Messwiederholung rechnen. Die ANOVA mit Messwiederholung weitet dabei den Gedanken der t-Test für abhängige Stichproben weiter aus. Solltet ihr euch für dieses Verfahren interessieren, findet ihr [hier](#) weitere Infos dazu.

## 4 Mehrfaktorielle Varianzanalyse

In der mehrfaktoriellen Varianzanalyse haben wir eine abhängige Variable und mehrere unabhängige Variablen. Um diese durchzuführen, können wir unser Modell aus der einfachen Varianzanalyse einfach um weitere Variablen erweitern. In diesem Beispiel nutzen wir neben

der Variablen zum Gesundheitszustand (`gesund`) zusätzlich die Variable Alter (`agef`) um das Vertrauen in das Gesundheitssystem (`trustges`) vorherzusagen.

Zunächst möchten wir uns anhand von deskriptiven Statistiken einen Überblick über unsere Daten verschaffen. Dafür schauen wir uns einem ersten Schritt gesondert die Variable Alter an:

```
daten %>%
  group_by(agef) %>%
  summarise(Mittelwert = mean(trustges, na.rm = T),
            Standardabweichung = SD(trustges, na.rm = T)) %>%
  kable(digits = 2, col.names = c("Alter", "M", "SD"), caption = "Descriptives Vertrauen")
```

Table 3: Descriptives Vertrauen

| Alter | M    | SD   |
|-------|------|------|
| jung  | 4.85 | 1.40 |
| alt   | 5.05 | 1.36 |

Wir sehen, dass ältere Menschen grundsätzlich ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen haben, als jüngere Menschen. Anschließend gruppieren wir unsere deskriptiven Statistiken anhand unserer beiden unabhängigen Variablen Alter und Gesundheitszustand:

```
daten %>%
  group_by(gesund, agef) %>%
  summarise(Mittelwert = mean(trustges, na.rm = T),
            Standardabweichung = SD(trustges, na.rm = T)) %>%
  kable(digits = 2, col.names = c("Gesundheitszustand", "Alter", "M", "SD"), caption = "Descriptives Vertrauen")
```

Table 4: Descriptives Vertrauen

| Gesundheitszustand | Alter | M    | SD   |
|--------------------|-------|------|------|
| SEHR GUT           | jung  | 5.15 | 1.42 |
| SEHR GUT           | alt   | 5.05 | 1.57 |
| GUT                | jung  | 4.89 | 1.30 |
| GUT                | alt   | 5.14 | 1.35 |
| ZUFRIEDENSTELLEND  | jung  | 4.58 | 1.42 |
| ZUFRIEDENSTELLEND  | alt   | 5.01 | 1.31 |
| WENIGER GUT        | jung  | 4.50 | 1.60 |
| WENIGER GUT        | alt   | 4.97 | 1.40 |

| Gesundheitszustand | Alter | M    | SD   |
|--------------------|-------|------|------|
| SCHLECHT           | jung  | 4.41 | 1.95 |
| SCHLECHT           | alt   | 4.82 | 1.39 |

In dieser Tabelle sehen wir das Vertrauen in das Gesundheitssystem in Abhängigkeit von dem Gesundheitszustand der Befragten sowie ihrem Alter, wobei insbesondere die Unterschiede in den Mittelwerten von Interesse sind. Diese Mittelwerte im Fließtext kurz zu erwähnen, gehört zum „guten Ton“ bei der Auswertung einer Varianzanalyse und sollte daher nicht vergessen werden.

Nun können wir unsere ANOVA aufstellen. Es gibt verschiedene Möglichkeiten eine ANOVA zu berechnen, namentlich Type I, II und III. Die einzelnen Typen unterscheiden sich darin, wie die Parameter (insbesondere die Quadratsumme) berechnet wird. Typ I sollte vor allem für ausgeglichene Daten verwendet werden, also Daten bei der für jede Gruppe die gleiche Anzahl an Fällen vorliegen. Ist dies nicht der Fall, sollte Typ II oder Typ III (beispielsweise die Option der Anova in SPSS) verwendet werden. Der typische Befehl für eine Anova in R ist der Befehl `aov()`. Dieser ist jedoch nur für die Typ I Anova ausgelegt, daher nutzen wir hier erneut den Befehl `aov_car()` (sowie den `distict`-Befehl) aus dem `afex`-Paket welcher standardmäßig die Anova nach Typ III berechnet. Im Prinzip nutzen wir die selbe Syntax wie bei der unifaktoriellen Anova. Wir ergänzen allerdings unsere zweite unabhängige Variable, beziehungsweise verbinden die beiden unabhängigen Variablen mit einem `*`. Dadurch erhalten wir sowohl die Werte für die einzelnen Variablen als auch für den Interaktionsterm, also das Zusammenspiel der Variablen.

```
fit2 <- daten %>%
  afex::aov_car(trustges ~ gesund * agef + Error(respid),
               data = ., anova_table = "pes")
print(fit2)
```

Anova Table (Type 3 tests)

Response: trustges

|   | Effect      | df      | MSE  | F         | pes  | p.value |
|---|-------------|---------|------|-----------|------|---------|
| 1 | gesund      | 4, 3465 | 1.89 | 7.66 ***  | .009 | <.001   |
| 2 | agef        | 1, 3465 | 1.89 | 14.63 *** | .004 | <.001   |
| 3 | gesund:agef | 4, 3465 | 1.89 | 2.93 *    | .003 | .020    |

---

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



## 4.1 Interpretation des Outputs

Die Erläuterungen der einzelnen Parameter sind gleich zu den Erläuterungen der univariaten ANOVA, daher werden diese nicht wiederholt. Es zeigt sich, dass der Gesundheitszustand erneut einen signifikanten Einfluss ( $p < .001$ ) auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen hat (welcher im vorliegenden Modell etwas höher mit 0.9 Prozent erklärter Varianz ausfällt). Zusätzlich hat neben der Gesundheitszustand auch das Alter der Befragten einen signifikanten ( $p < .001$ ), wenngleich geringeren Einfluss auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen. Zudem sehen wir einen signifikanten Einfluss der Interaktion von Alter und Gesundheitszustand ( $p = .020$ ).

Im Anschluss müssen wir, wie in der univariaten ANOVA, die Posthoc-Tests berechnen (im vorliegenden Fall können wir lediglich den Tukey-Test berechnen, das der Tamhane-Test nur für einfaktorielle Designs funktioniert).

### 4.1.1 Post-Hoc Tests

```
emmeans::emmeans(fit2, specs = c("gesund", "agef")) %>%  
  pairs()
```

| contrast                                  | estimate | SE     | df   | t.ratio |
|---|----------|--------|------|---------|
| SEHR GUT jung - GUT jung                  | 0.26152  | 0.0818 | 3465 | 3.198   |
| SEHR GUT jung - ZUFRIEDENSTELLEND jung    | 0.56895  | 0.0971 | 3465 | 5.861   |
| SEHR GUT jung - WENIGER GUT jung          | 0.65126  | 0.1406 | 3465 | 4.632   |
| SEHR GUT jung - SCHLECHT jung             | 0.73979  | 0.2727 | 3465 | 2.713   |
| SEHR GUT jung - SEHR GUT alt              | 0.09591  | 0.1434 | 3465 | 0.669   |
| SEHR GUT jung - GUT alt                   | 0.00434  | 0.0871 | 3465 | 0.050   |
| SEHR GUT jung - ZUFRIEDENSTELLEND alt     | 0.13472  | 0.0858 | 3465 | 1.570   |
| SEHR GUT jung - WENIGER GUT alt           | 0.17433  | 0.1083 | 3465 | 1.609   |
| SEHR GUT jung - SCHLECHT alt              | 0.32668  | 0.1692 | 3465 | 1.931   |
| GUT jung - ZUFRIEDENSTELLEND jung         | 0.30743  | 0.0853 | 3465 | 3.602   |
| GUT jung - WENIGER GUT jung               | 0.38974  | 0.1328 | 3465 | 2.935   |
| GUT jung - SCHLECHT jung                  | 0.47827  | 0.2688 | 3465 | 1.779   |
| GUT jung - SEHR GUT alt                   | -0.16560 | 0.1357 | 3465 | -1.220  |
| GUT jung - GUT alt                        | -0.25718 | 0.0738 | 3465 | -3.484  |
| GUT jung - ZUFRIEDENSTELLEND alt          | -0.12680 | 0.0723 | 3465 | -1.755  |
| GUT jung - WENIGER GUT alt                | -0.08719 | 0.0980 | 3465 | -0.890  |
| GUT jung - SCHLECHT alt                   | 0.06517  | 0.1628 | 3465 | 0.400   |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - WENIGER GUT jung | 0.08231  | 0.1427 | 3465 | 0.577   |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - SCHLECHT jung    | 0.17084  | 0.2738 | 3465 | 0.624   |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - SEHR GUT alt     | -0.47303 | 0.1455 | 3465 | -3.252  |

|  |          |        |      |        |
|--|----------|--------|------|--------|
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - GUT alt               | -0.56461 | 0.0905 | 3465 | -6.240 |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - ZUFRIEDENSTELLEND alt | -0.43423 | 0.0892 | 3465 | -4.868 |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - WENIGER GUT alt       | -0.39462 | 0.1111 | 3465 | -3.553 |
| ZUFRIEDENSTELLEND jung - SCHLECHT alt          | -0.24226 | 0.1710 | 3465 | -1.417 |
| WENIGER GUT jung - SCHLECHT jung               | 0.08853  | 0.2921 | 3465 | 0.303  |
| WENIGER GUT jung - SEHR GUT alt                | -0.55535 | 0.1775 | 3465 | -3.129 |
| WENIGER GUT jung - GUT alt                     | -0.64692 | 0.1361 | 3465 | -4.752 |
| WENIGER GUT jung - ZUFRIEDENSTELLEND alt       | -0.51655 | 0.1353 | 3465 | -3.818 |
| WENIGER GUT jung - WENIGER GUT alt             | -0.47693 | 0.1506 | 3465 | -3.167 |
| WENIGER GUT jung - SCHLECHT alt                | -0.32458 | 0.1989 | 3465 | -1.632 |
| SCHLECHT jung - SEHR GUT alt                   | -0.64387 | 0.2935 | 3465 | -2.194 |
| SCHLECHT jung - GUT alt                        | -0.73545 | 0.2704 | 3465 | -2.719 |
| SCHLECHT jung - ZUFRIEDENSTELLEND alt          | -0.60507 | 0.2700 | 3465 | -2.241 |
| SCHLECHT jung - WENIGER GUT alt                | -0.56546 | 0.2780 | 3465 | -2.034 |
| SCHLECHT jung - SCHLECHT alt                   | -0.41311 | 0.3069 | 3465 | -1.346 |
| SEHR GUT alt - GUT alt                         | -0.09158 | 0.1390 | 3465 | -0.659 |
| SEHR GUT alt - ZUFRIEDENSTELLEND alt           | 0.03880  | 0.1382 | 3465 | 0.281  |
| SEHR GUT alt - WENIGER GUT alt                 | 0.07841  | 0.1532 | 3465 | 0.512  |
| SEHR GUT alt - SCHLECHT alt                    | 0.23077  | 0.2009 | 3465 | 1.149  |
| GUT alt - ZUFRIEDENSTELLEND alt                | 0.13038  | 0.0782 | 3465 | 1.666  |
| GUT alt - WENIGER GUT alt                      | 0.16999  | 0.1025 | 3465 | 1.659  |
| GUT alt - SCHLECHT alt                         | 0.32234  | 0.1655 | 3465 | 1.948  |
| ZUFRIEDENSTELLEND alt - WENIGER GUT alt        | 0.03961  | 0.1013 | 3465 | 0.391  |
| ZUFRIEDENSTELLEND alt - SCHLECHT alt           | 0.19197  | 0.1648 | 3465 | 1.165  |
| WENIGER GUT alt - SCHLECHT alt                 | 0.15236  | 0.1776 | 3465 | 0.858  |

p.value

0.0453  
 <.0001  
 0.0002  
 0.1688  
 0.9997  
 1.0000  
 0.8626  
 0.8440  
 0.6480  
 0.0119  
 0.0964  
 0.7484  
 0.9693  
 0.0179  
 0.7635  
 0.9968  
 1.0000

0.9999  
 0.9998  
 0.0384  
 <.0001  
 0.0001  
 0.0141  
 0.9222  
 1.0000  
 0.0558  
 0.0001  
 0.0053  
 0.0498  
 0.8328  
 0.4609  
 0.1661  
 0.4288  
 0.5748  
 0.9428  
 0.9997  
 1.0000  
 1.0000  
 0.9795  
 0.8145  
 0.8183  
 0.6362  
 1.0000  
 0.9775  
 0.9976

P value adjustment: tukey method for comparing a family of 10 estimates

## 4.2 Interpretation der Posthoc-Tests und des Gesamtmodells

Die Tabelle zu den Posthoc-Tests ist erwartungsgemäß sehr lang, da alle unsere einzelnen Gruppen miteinander verglichen werden müssen. Hier zeigt sich bereits, dass die mehrfaktorielle Varianzanalyse nur dann Sinn ergibt, wenn unsere Variablen nicht zu viele Ausprägungen aufweisen.

Erneut konzentrieren wir uns vorrangig auf die Signifikanzwerte. Wenn wir uns nur auf die junge Altersgruppe konzentrieren, erkennen wir die bereits bekannten Gruppenunterschieden aus der einfaktoriellen Varianzanalyse (zwischen Personen die einen sehr guten Gesundheitszustand aufweisen und Personen, mit einem zufriedenstellenden und weniger guten Gesundheit-

szustand) wieder. Des Weiteren zeigen sich signifikante Gruppenunterschiede zwischen jungen und alten Personen, die einen guten Gesundheitszustand aufweisen, sowie jungen Personen die einen zufriedenstellenden oder weniger guten Gesundheitszustand haben und alten Personen die einen sehr guten, guten, zufriedenstellenden oder weniger guten Gesundheitszustand haben.

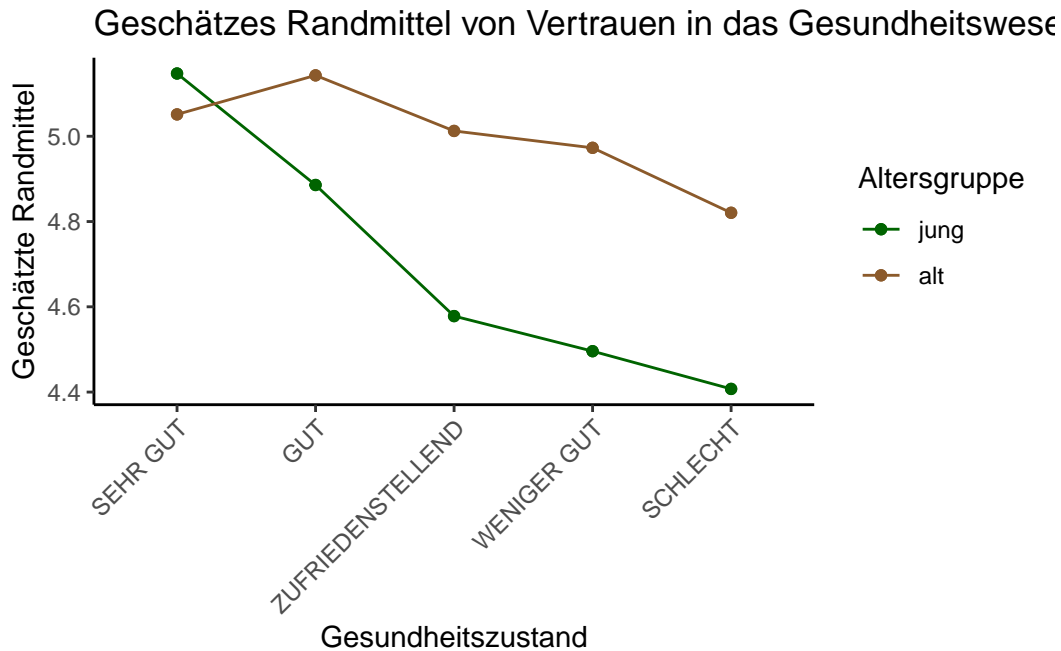
Dementsprechend ist das Alter sowie der Gesundheitszustand ein signifikanter Vorhersagefaktor wobei sich eine Vielzahl an Gruppen signifikant unterscheiden. Insbesondere bei solch komplexen Gruppenunterschieden ist es sinnvoll, die Ergebnisse auch einmal zu visualisieren.

### 4.3 Visualisierung der Interaktionen

Um einen möglichen Interaktionseffekt auch anschaulich vermitteln bzw. oft auch verstehen zu können, empfiehlt es sich, diesen als Diagramm darzustellen. Hierzu nutzen wir die Pakete `emmeans` und `ggplot2`.

```
#Interaktionsplot ausgeben
emmip(fit2, agef ~ gesund) + #<1>
  labs(title = "Geschätztes Randmittel von Vertrauen in das Gesundheitswesen", #<2>
        y = "Geschätzte Randmittel",
        x = "Gesundheitszustand") +
  scale_color_manual(values = c("darkgreen", "tan4"), name = "Altersgruppe") + #<3>
  rotate_x_text(45) #<4>
```

- ① Innerhalb von `emmip` geben wir zunächst unser Modell der Varianzanalyse an und spezifizieren anschließend durch eine Tilde getrennt unsere Variablen. Die Reihenfolge der Variablen kann hier gerne variiert werden um anschließend zu schauen, wiewur man die Grafik besser interpretieren kann.
- ② Mit `labs` geben die Bezeichnung für den Titel sowie die Achsen der Grafik an.
- ③ Mit `scale_color_manual` legen wir eigene Farben für unseren Plot fest. Mittels `name = "Altersgruppe"` ändern wir den Titel der Plotlegende.
- ④ Wir drehen unsere Grafikbeschriftung der x-Achse um 45 Grad, damit auch lange Labels lesbar sind.



Anhand der Grafik werden die Interaktionseffekte sowie die Gruppenunterschiede der Posthoc-Tests noch einmal verdeutlicht: Während bei jungen Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand das Vertrauen in das Gesundheitswesen am höchsten ausgeprägt ist, nimmt dieses anschließend steil ab. Bei älteren Menschen wiederum ist das Vertrauen in das Gesundheitswesen bei Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand zwar geringer als bei jüngeren Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand, nimmt anschließend aber zu und im weiteren Verlauf weit weniger drastisch ab. Daher wird auch deutlich, weswegen wir eine solch hohe Anzahl an signifikanten Gruppenunterschieden zwischen den verschiedenen Gesundheitszuständen bei alten und jungen Leuten finden konnten.

#### 💡 Wie gebe ich die Ergebnisse korrekt an?

Die Ergebnisse der mehrfaktoriellen Varianzanalyse werden zumeist in Textform dargestellt. Dafür werden folgende Informationen benötigt:

- die Mittelwerte und Standardabweichung der einzelnen Faktorstufen
- der df-Wert
- der F-Wert
- der p-Wert
- die jeweiligen  $\eta^2$ -Wert
- die Posthoc-Test Ergebnisse

Das Format ist üblicherweise:

**Beispiel:** Personen mit einem sehr guten Gesundheitszustand haben durchschnittlich ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen ( $M = 5.13; SD = 1.45$ ) als Personen mit einem guten ( $M = 4.99; SD = 1.32$ ), zufriedenstellenden ( $M = 4.85; SD = 1.37$ ), weniger guten ( $M = 4.82; SD = 1.48$ ) oder schlechtem ( $M = 4.71; SD = 1.55$ ) Gesundheitszustand. Des Weiteren haben ältere Personen ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen ( $M = 5.05; SD = 1.36$ ) als jüngere Personen ( $M = 4.85; SD = 1.40$ ). Der Gesundheitszustand ( $F_{3465} = 7.66, p < 0.001$ ,  $p^2 =$  und das Alter ( $F_{3465} = 14.63, p < 0.001$ ) haben jeweils einen signifikanten Einfluss auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen. Post-Hoc Paarvergleiche mit Tukey ergaben, dass sich der Mittelwert für junge Personen mit sehr guten Gesundheitszustand signifikant von jungen Personen mit gutem ( $p = .045$ ), zufriedenstellendem ( $p < 0.001$ ) und weniger gutem ( $p < 0.001$ ) Zustand unterscheidet. Des Weiteren unterscheiden sich junge Personen mit guten Gesundheitszustand von jungen Personen mit zufriedenstellenden Gesundheitszustand ( $p = .01$ ) sowie von alten Personen mit guten Gesundheitszustand ( $p = .018$ ). Darüber hinaus unterscheiden sich junge Personen mit einem zufriedenstellenden Gesundheitszustand von alten Personen mit einem sehr guten ( $p = .03$ ), guten ( $p < 0.001$ ), zufriedenstellenden ( $p < 0.001$ ) und weniger guten ( $p = .01$ ) Gesundheitszustand. Zuletzt unterscheiden sich junge Personen mit einem weniger guten Gesundheitszustand von alten Personen mit einem guten ( $p < 0.001$ ), zufriedenstellenden ( $p = .005$ ) und weniger guten Gesundheitszustand ( $p = .0489$ ). Das Ergebnis zeigt zudem eine signifikante Interaktion von Gesundheitszustand und Alter ( $(F_{3465}) = 2.93, p = 0.020$ ,  $p^2 = .003$ ) auf das Vertrauen in das Gesundheitswesen. Dies weist darauf hin, dass sich der Gesundheitszustand je nach Altersgruppe unterschiedlich auswirkt. Bei einem sehr guten Gesundheitszustand ist das Vertrauen in das Gesundheitswesen bei jungen Menschen ( $M = 5.15, SD = 1.42$ ) stärker ausgeprägt als bei alten Menschen ( $M = 5.05, SD = 1.57$ ). Bei allen anderen Gesundheitszuständen ist es genau umgekehrt. Hier haben jeweils ältere Menschen ein höheres Vertrauen in das Gesundheitswesen als jüngere Menschen.

## 4.4 Literatur

### Literatur und Beispiele aus der Praxis

Wir empfehlen euch folgende Lehrbücher, falls ihr weiterführende Informationen braucht.

Gehrau, V., Maubach, K., & Fujarski, S. (2022). Einfache Datenauswertung mit R. [Link](#)

Field, Z., Miles, J., & Field, A. (2012). Discovering statistics using R. Discovering statistics using r, 1-992. [Link](#)