

Example 20 - グルーピング 【評価版】

本 whitepaper ではグループ変数を含む SEM モデルのフィットについて、その用例を紹介します。なお、グルーピングに関する基本的事項については [SEM] **Intro 6** (*mwp-131*) をご参照ください。

1. データセット
2. SEM モデル
3. 全データに対するフィット
4. グループ別のフィット

1. データセット

[SEM] **Example 20** においては Example データセット `sem_2fmmby.dta` を用いた用例が紹介されています。

```
. use https://www.stata-press.com/data/r19/sem_2fmmby.dta *1
(two-factor CFA)
```

このデータセットは SSD (summary statistics dataset) で、16 個の変数に関する情報が平均値、標準偏差、相関行列に集約された形で記録されています。 `ssd list` とコマンド入力すればその内容を確認することができます。

ベースとなっているのはオーストラリアにおける小学 4 年生 134 人と小学 5 年生 251 人に対する調査データです。調査は次の 4 項目に関するもので、それぞれ 4 問ずつ質問が設定されています。

変数名	調査内容
<code>phyab1-4</code>	身体能力 (physical ability)
<code>appear1-4</code>	容貌 (physical appearance)
<code>peerrel1-4</code>	同級生との対人関係 (relations with peers)
<code>parrel1-4</code>	両親との対人関係 (relations with parents)

データセット中にはこれらの 16 変数の他にグルーピングを識別するための変数 `grade` が用意されています。コードとしては 1 が小学 4 年のグループに、2 が小学 5 年のグループに対応する形となっているので注意してください。

2. SEM モデル

ここでは対人関係を表す `peerrel1-4` 及び `parrel1-4` のみに着目して、図 1 に示すような測定モデルを構成することにします。

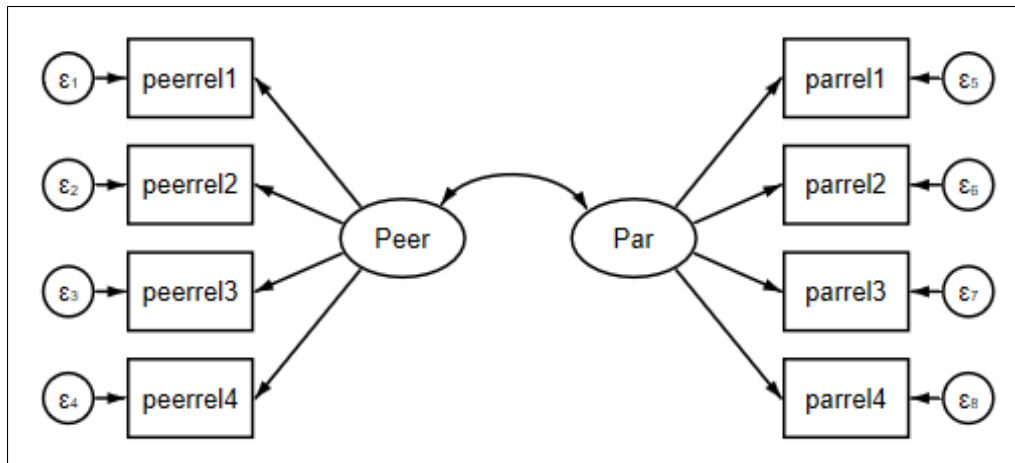


図 1 2 因子測定モデル

ただし `Peer` 及び `Par` はそれぞれ同級生との対人関係、両親との対人関係に対応する因子であり、`peerrel1-4` 及び `parrel1-4` はそれぞれ `Peer`, `Par` の測定結果であると考えerわけです。ただし、`Peer` と `Par` の間には相関があるものとします。



モデルをコマンドインタフェース上で規定する場合には

```
(Peer -> peerrel1 peerrel2 peerrel3 peerrel4) ///
(Par -> parrel1 parrel2 parrel3 parrel4)
```

のように記述することができます。



コマンドインタフェースの場合、潜在外生変数間には相関が存在することが仮定されるため、その指定は省略しても構いません。

3. 全データに対するフィット

最初にグループ変数を見した形でフィットを行うことにします。このことは小学 4 年生のデータと小学 5 年生のデータを全く同列に扱うことを意味します。

- SEM Builder 上で  アイコンをクリックし SEM estimation options ダイアログを開く
- Group タブ: Standard analysis (no groups): • (デフォルト)

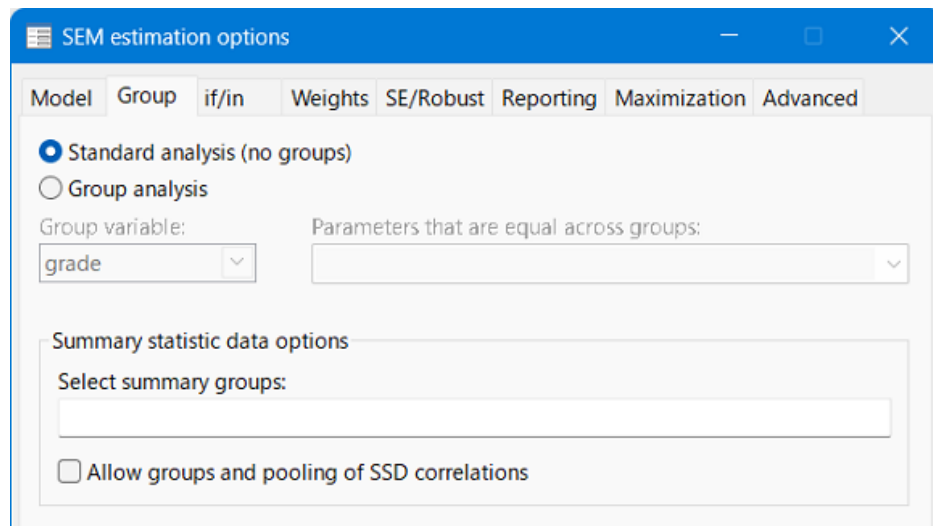


図 2 SEM estimation options ダイアログ - Group タブ

```
. sem (Peer -> peerrel1, ) (Peer -> peerrel2, ) (Peer -> peerrel3, ) (Peer -> pee
> rrel4, ) (Par -> parrel1, ) (Par -> parrel2, ) (Par -> parrel3, ) (Par -> parre
> l4, ), covstruct(_lexogenous, diagonal) latent(Peer Par ) cov( Peer*Par) nocaps
> latent

Endogenous variables
  Measurement: peerrel1 peerrel2 peerrel3 peerrel4 parrel1 parrel2 parrel3
               parrel4

Exogenous variables
  Latent: Peer Par

Fitting target model:
Iteration 0: Log likelihood = -5559.545
Iteration 1: Log likelihood = -5558.609
Iteration 2: Log likelihood = -5558.6017
Iteration 3: Log likelihood = -5558.6017

Structural equation model                                Number of obs = 385
Estimation method: ml

Log likelihood = -5558.6017

( 1) [peerrel1]Peer = 1
( 2) [parrel1]Par = 1
```

	OIM					
	Coefficient	std. err.	z	P> z	[95% conf. interval]	
Measurement						
peerrel1						
Peer	1	(constrained)				
_cons	8.681221	.0937197	92.63	0.000	8.497534	8.864908
peerrel2						
Peer	1.113865	.09796	11.37	0.000	.9218666	1.305863
_cons	7.828623	.1037547	75.45	0.000	7.625268	8.031979
peerrel3						
Peer	1.42191	.114341	12.44	0.000	1.197806	1.646014
_cons	7.359896	.1149905	64.00	0.000	7.134519	7.585273
peerrel4						
Peer	1.204146	.0983865	12.24	0.000	1.011312	1.39698
_cons	8.150779	.1023467	79.64	0.000	7.950183	8.351375
parrel1						
Par	1	(constrained)				
_cons	9.339558	.0648742	143.96	0.000	9.212407	9.46671
parrel2						
Par	1.112383	.1378687	8.07	0.000	.8421655	1.382601
_cons	9.220494	.0742356	124.21	0.000	9.074994	9.365993
parrel3						
Par	2.037924	.204617	9.96	0.000	1.636882	2.438966
_cons	8.676961	.088927	97.57	0.000	8.502667	8.851255
parrel4						
Par	1.52253	.1536868	9.91	0.000	1.221309	1.82375
_cons	9.045247	.0722358	125.22	0.000	8.903667	9.186826
var(e.peerrel1)	1.809309	.1596546			1.521956	2.150916
var(e.peerrel2)	2.193804	.194494			1.843884	2.610129
var(e.peerrel3)	1.911874	.214104			1.535099	2.381126
var(e.peerrel4)	1.753037	.1749613			1.441575	2.131792
var(e.parrel1)	1.120333	.0899209			.9572541	1.311193
var(e.parrel2)	1.503003	.1200739			1.285162	1.757769
var(e.parrel3)	.9680081	.1419777			.7261617	1.290401
var(e.parrel4)	.8498834	.0933687			.685245	1.054078
var(Peer)	1.572294	.2255704			1.186904	2.082822
var(Par)	.5000022	.093189			.3469983	.7204709
cov(Peer,Par)	.4226706	.0725253	5.83	0.000	.2805236	.5648176
LR test of model vs. saturated: chi2(19) = 28.19				Prob > chi2 = 0.0798		

出力末尾に示されている LR 検定の p 値は 0.0798 であるため、全データを対象にしたものであっても、フィットの結果はまずまずであったことがわかります。

4. グループ別のフィット

評価版では割愛しています。

