

因子の解釈と因子の回転

- 項目Q1D_32, 36, 37は第1因子からの負荷が正で第2因子からの負荷が負
 - 項目Q1D_33,34,35は第1, 第2因子ともに負荷が正
- このパターンからQ1D_32, 36, 37というグループとQ1D_33,34,35のグループに別れることがわかる
- 一般には因子負荷量が算出される時、簡単にはどの因子にどの変数が帰属するのか理解しにくい状態
 - もう少しわかりやすくしたい
 - 因子回転

因子行列^a

	因子	
	1	2
Q1D_32 教育の力がなくても豊かな人間関係を作ることにはできる	.702	-.396
Q1D_36 教育の力がなくても人間のできることはたくさんある	.692	-.381
Q1D_37 教育の力がなくても人は幸せになれる	.686	-.416
Q1D_33 私が受けてきた教育は、私の能力を高めさせてくれている	.573	.500
Q1D_34 私が受けてきた教育は、私の人間関係を豊かにしてくれている	.540	.597
Q1D_35 私が受けてきた教育は、私を幸福にしてくれている	.502	.576

因子抽出法: 最尤法

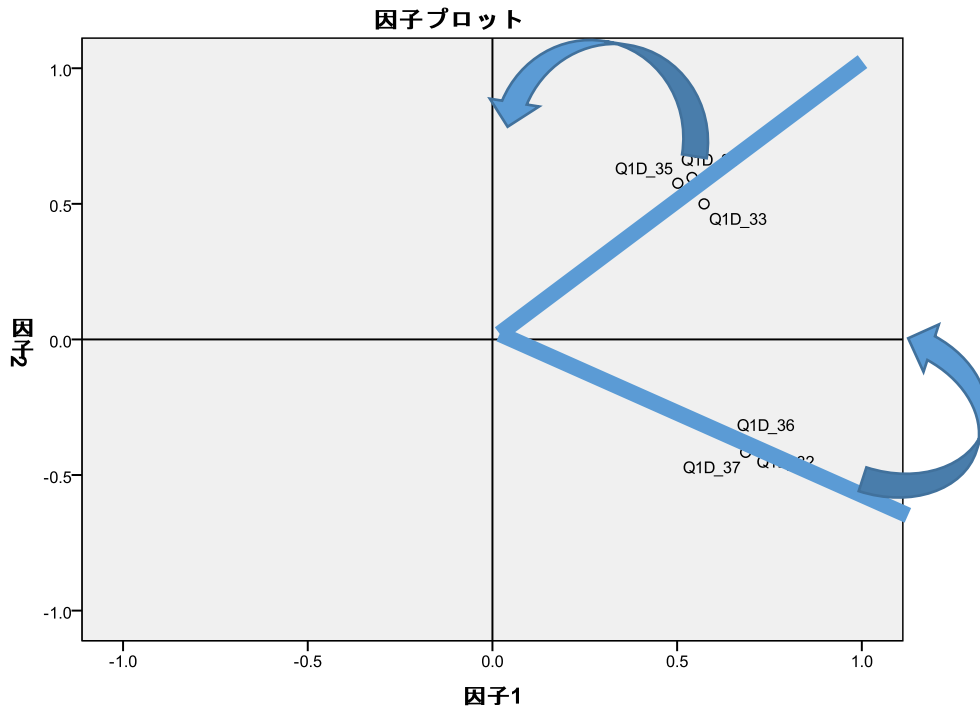
a. 2 個の因子が抽出されました。3 回の反復が必要です。

因子の回転

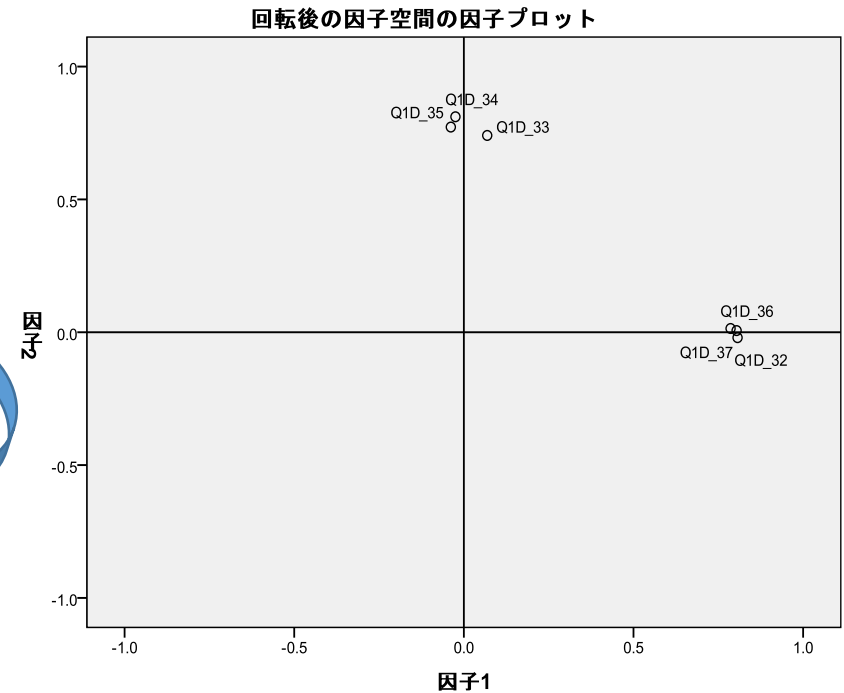
- **因子の回転の目的**は因子負荷を単純構造(各項目ができるだけ少ない因子から高い負荷を受け, 他の因子からの負荷はゼロに近くなるような状態)に近づけて**解釈しやすくすること**
- 大きく分けて直行回転と斜行回転
 - 直交回転は因子間の相関を0に固定, 斜交回転は因子間の相関を許容する
 - 因子間相関が0というのはかなり強い仮定なので, 通常は斜交回転を使用する
- 直交回転(orthogonal rotation)
 - 代表的なのはバリマックス回転(varimax rotation)
 - 抽出された各因子の因子負荷量が最大になるように回転
- 斜交回転(oblique rotation)
 - 直交回転と同じく各項目の因子負荷量が特定の因子だけから高い負荷量を持つように調整する方針は同じ
 - 軸を直交させたままの回転よりも制約が少なく明確な因子帰属が分かる
 - 因子負荷量行列は「**パターン行列**」と「**構造行列**」の二種類
 - 計算が簡単なのでプロマックス回転がよく使用される
 - 近年は独立クラスター回転, ジェオミン回転, オブリミン回転なども使用される(らしい)

回転のイメージ

- 回転前

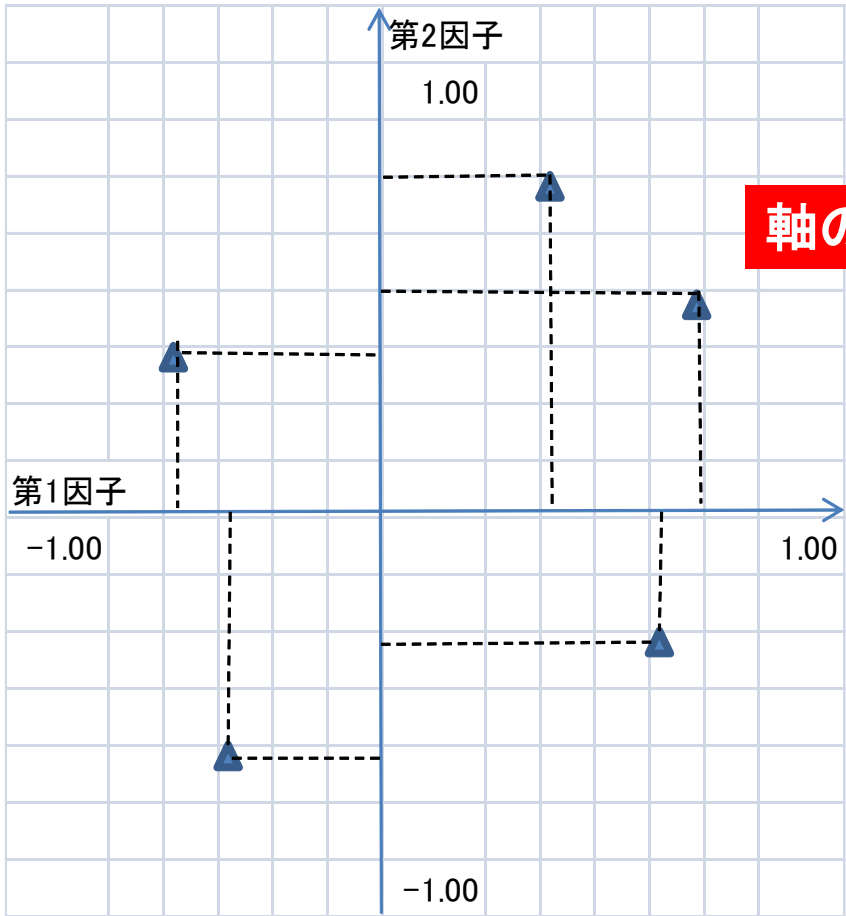


- 回転後

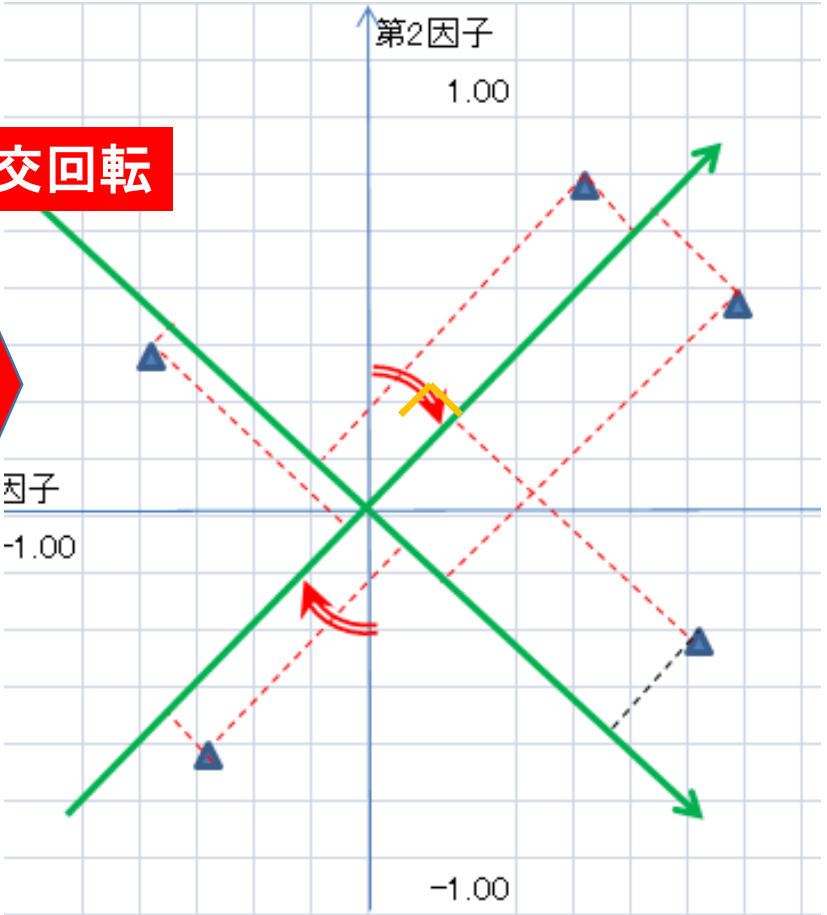
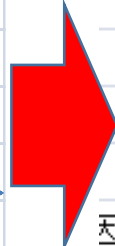


軸を回転させて、項目のかたまりがX軸, Y軸に近くなるようにする

因子の回転—直交回転のイメージ

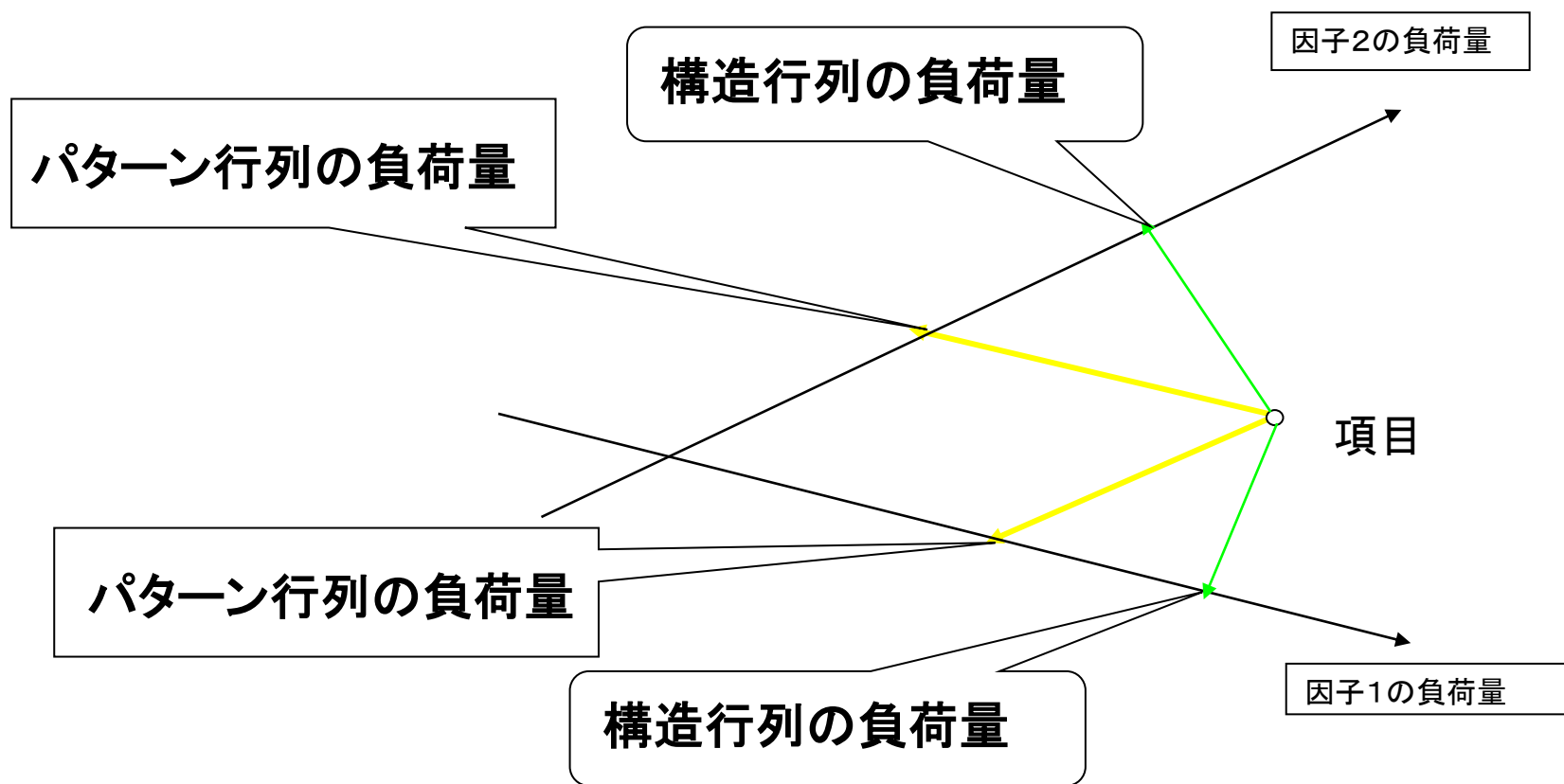


軸の直交回転



因子の回転—斜交回転のイメージ

- 因子パターン行列と因子構造行列



※直交回転の時は両者の行列の値は一致する

回転後の因子負荷量と解釈

• 因子負荷量を確認する

- どの因子からの負荷も小さいものはないか
→おおまかな基準は0.3~0.4未満
- 複数の因子から大きな負荷を受けている項目はないか
→複数の意味がある項目の可能性があるので、尺度として使う場合は不適切な可能性がある

パターン行列^a

• 因子負荷量のパターンからグループを作る

- 項目Q1D_32, 36, 37は第1因子の負荷が大きく、第2因子からの負荷はゼロに近い
→この3項目に共通する因子があるのではないか
- 項目Q1D_33,34,35は第1因子からの負荷がゼロに近く、第2因子からの負荷が大きい
→この3項目に共通する因子があるのではないか
- それぞれのグループの項目の意味内容から因子に名前を付ける

	因子	
	1	2
Q1D_37 教育の力がなくても入は幸せになれる	.807	-.020
Q1D_32 教育の力がなくても豊かな人間関係を作ることにはできる	.804	.006
Q1D_36 教育の力がなくても人間のできることはたくさんある	.786	.014
Q1D_34 私が受けてきた教育は、私の人間関係を豊かにしてくれている	-.025	.811
Q1D_35 私が受けてきた教育は、私を幸福にしてくれている	-.038	.772
Q1D_33 私が受けてきた教育は、私の能力を高めてくれている	.069	.741

因子抽出法: 最尤法

回転法: Kaiser の正規化を伴うプロマックス法⁵⁸

a. 3 回の反復で回転が収束しました。

結果のチェックー因子抽出の妥当性

- 因子抽出をすることが適切かどうかを診断する
 - KMOの適切性指標を確認すればよい
- 反イメージ相関
 - 非対角要素がゼロに近ければOK
- Kaiser-Meyer-Olkins(KMO)によるサンプリングの適切性指標
 - 大きいほどよい
 - 基準は下表の通り

KMOの値	評価
0.9以上	大変適切である
0.8-0.9	適切である
0.7-0.8	まあまあ適切である
0.6-0.7	あまり適切でない
0.5-0.6	適切でない
0.5未満	因子の抽出をすべきでない

論文での探索的因子分析の結果の示し方の例

因子の名前とクロンバックの α 係数

探索的因子分析（主成分法，プロマックス回転）と内的整合性 N=509

因子の名前とクロンバックの α 係数	因子1	因子2	因子3	因子4
服薬における医療従事者との協働性 ($\alpha=0.920$)				
2) 薬について、医師などの医療従事者と、自分の思いや目標を共有できている	0.915	-0.048	0.018	0.028
3) 薬について、医師などの医療従事者と、自分の今までの治療経過を共有できている	0.907	-0.059	0.008	0.030
1) 薬について、医師などの医療従事者に、自分の質問を気兼ねなくしている	0.831	0.035	0.017	0.053
服薬に関する知識情報の入手と利用における満足度 ($\alpha=0.802$)				
8) 自分の薬に必要な情報を探した	-0.116	0.812	0.080	-0.054
7) 薬を継続するための対処をとっ	-0.120	0.704	0.107	0.116
5) 薬の副作用・アレルギー症状、いつもと違う症状について報告している	0.138	0.666	-0.066	-0.151
6) 自分の使用している薬やその必要性について知っている	0.028	0.543	-0.094	0.277
4) 自分の使用している薬についてわからないことを尋ねている	0.427	0.513	-0.042	-0.079
服薬遵守度 ($\alpha=0.738$)				
12) この3週間、薬を一日の	-0.009	0.015	0.889	-0.016
13) この3週間、薬を指示さ	0.123	-0.020	0.766	-0.032
14) 薬を自分だけの判断でや	-0.096	0.071	0.430	0.136
服薬の納得度および生活との調和度 ($\alpha=0.551$)				
9) 薬の必要性について納得している	0.065	0.019	-0.095	0.725
10) 薬の使用は食事、歯磨きのように自分の生活習慣の一部になっている	-0.004	-0.037	0.131	0.698
11) 薬に対する声かけをしてもらうなど、家族や周囲の人の助けを得ることに抵抗がない	0.083	-0.032	0.088	0.316
回転後の負荷量平方和	3.79	3.54	2.10	3.00
累積寄与率 (%)	33.83	44.60	52.66	56.64

因子に属する質問項目

回転後の因子負荷量

α : クロンバックの α 係数

服薬アドヒアランス尺度全合計値: $\alpha=0.839$

上野 治香, 山崎 喜比古, 石川 ひろの, 日本の慢性疾患患者を対象とした服薬アドヒアランス尺度の信頼性及び妥当性の検討, 日本健康教育学会誌, 2014, 22 巻, 1 号, p. 13-29, <https://doi.org/10.11260/kenkokoyoiku.22.13>

確認的因子分析

- 構造方程式モデリング(教科書pp.271~301)を応用したもの
 - 目的は分析者が想定した因子構造をデータに当てはめて、当てはまりが良いかどうかを評価すること
 - 探索的因子分析はデータから因子構造を**探索**するのが目的であるのに対して、**確認的**因子分析は想定した因子構造にデータが当てはまるかを**確認**するのが目的
 - 確認的因子分析の手順
 - 仮説に基づいて因子構造を設定
 - 因子帰属がないと考えられる項目の因子負荷は積極的にゼロに固定する
 - 設定した因子構造の係数(因子負荷量, 分散, 共分散)をデータから推定する
 - 推定した因子構造の当てはまりの良さを適合度指標をもとに評価する
- 探索的因子分析との違い
 - 確認的因子分析では因子の数以外に、どの質問項目への回答(変数)がどの因子から影響を受けているか(**因子帰属**)も**分析者が指定する**
 - 探索的因子分析では因子数だけ決めて因子帰属は分析結果から判断する
 - 因子構造を仮説に基づいて設定するので、因子負荷量の解釈を容易にするための**因子の回転は行う必要がない**

探索的因子分析と確認的因子分析の比較

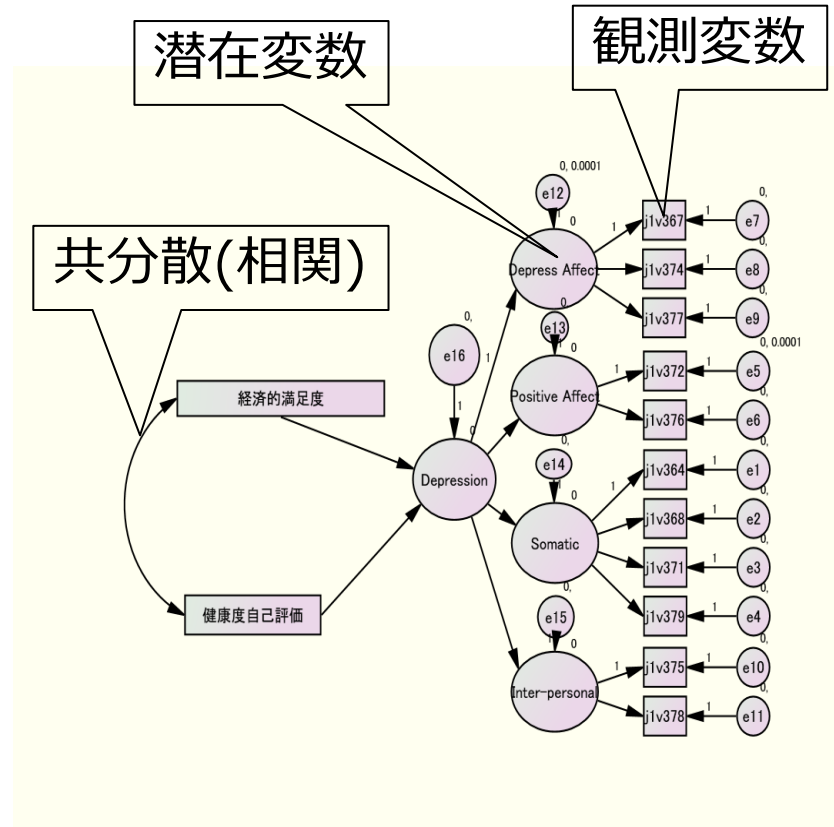
	探索的因子分析	確認的因子分析
目的	因子構造の探索	因子構造の当てはまりの確認
因子数	分析者が決める	分析者が決める
因子帰属 (どの項目がどの 因子に属するか)	推定結果に基づいて判断 する	分析者が事前に決める
因子の回転	直行回転, 斜交回転の別 とそれに応じてさらに 細 かい回転方法を設定 する	直行回転(因子間に相関を設 定しない), 斜交回転(因子間 に相関を設定する)の 2種類

用語の整理

- 観測変数(observed variable)
 - 実際にデータが得られている変数のこと
 - 質問紙への回答や検査等の測定値など
- 潜在変数(latent variable)
 - 実際にデータが得られない変数のこと
 - 因子分析の因子など
- 内生変数(endogenous variable)
 - 少なくとも一回は他の変数の結果になる変数
- 外生変数(exogenous variable)
 - 一度も他の変数の結果にならない変数
- 測定方程式(measurement equation/model)
 - 因子分析の方程式のこと
- 構造方程式(structural equation/model)
 - 変数と変数の関連性を表す方程式のこと
- パス係数
 - 変数から変数への影響力の大きさ
 - 標準化したものと標準化していないものがある
 - 重回帰分析の偏回帰係数, 因子分析の因子負荷量に相当. 解釈も同じ⁴³

パス図

- 確認的因子分析を含めた構造方程式モデルでは複雑な変数間の関係を扱える
- 数式だけだと関係性がわかりにくいので、変数と変数の関係を表した図が**パス図**
- **パス図のルール**
 - 潜在変数(因子分析の因子など)は楕円
 - 観測変数は四角
 - 原因(説明変数)から結果(目的変数)に向けて矢印(→)を引く
 - 矢印が刺さる変数(=結果になる変数→内生変数)には誤差をつける
 - 共変動(共分散、相関)は双方向の矢印(↔)



パス図の例

適合度指標(1) 乖離度

- カイ二乗値
 - 観測値とモデルのズレ
 - ズレが小さいほうがよい
 - カイ二乗値を使って検定ができる
 - 帰無仮説は「モデルがデータに適合している」
→帰無仮説が棄却されなければモデルがデータに適合している
 - サンプルサイズが大きいと帰無仮説が棄却されやすくなるのが欠点
- RMSEA(Root Mean Square Error of Approximation)
 - 1自由度あたりのモデルの分布と真の分布のズレ
 - 0.05以下で当てはまりが良い, 0.08以下は許容範囲, 0.1以上は当てはまりが悪い
 - 値が0.05未満かの検定を用いることもできる

適合度指標(2)

独立モデルとの比較によるもの

- NFI(Normed Fit Index)
 - 独立モデル(観測変数間の相関がないモデル)との距離
 - 値が大きいほどよい
- CFI(Comparative Fit Index)
 - NFIを0から1の間の値を取るように変換したもの
 - 1に近いほど当てはまりがよい
 - 0.9以上は許容範囲, 0.95以上なら当てはまりがよいと評価
- PCFI(Parsimonious Comparative Fit Index)
 - CFIにモデルの複雑さでペナルティをかけたもの
 - シンプルなモデルの方が評価される

適合度指標(3) 情報量基準

- AIC (Akaike's Information Criterion)
 - $AIC = \chi^2 - 2 \times (\text{自由度})$
 - AICの値が小さいほどよいモデルであると評価される
 - 絶対基準はなく複数のモデルを比較する時に使用される
 - SEMに限らず尤度に基づく統計モデル全般に使用できる
- CAIC (Consistent Akaike's Information Criterion)
 - $CAIC = \chi^2 - (\log(N) + 1) \times (\text{自由度})$
 - AICよりも自由度の小ささ(=モデルの複雑さ)に対するペナルティを強めたもの
 - AICよりもシンプルなモデルの方が評価が高くなる
- BIC/SBC (Bayesian Information Criterion/ Schwarz's Bayesian Criterion)
 - $BIC = \chi^2 - \log(N) \times (\text{自由度})$
 - CAICよりも自由度の小ささ(=モデルの複雑さ)に対するペナルティを強めたもの
 - CAICよりもシンプルなモデルの評価が高くなる

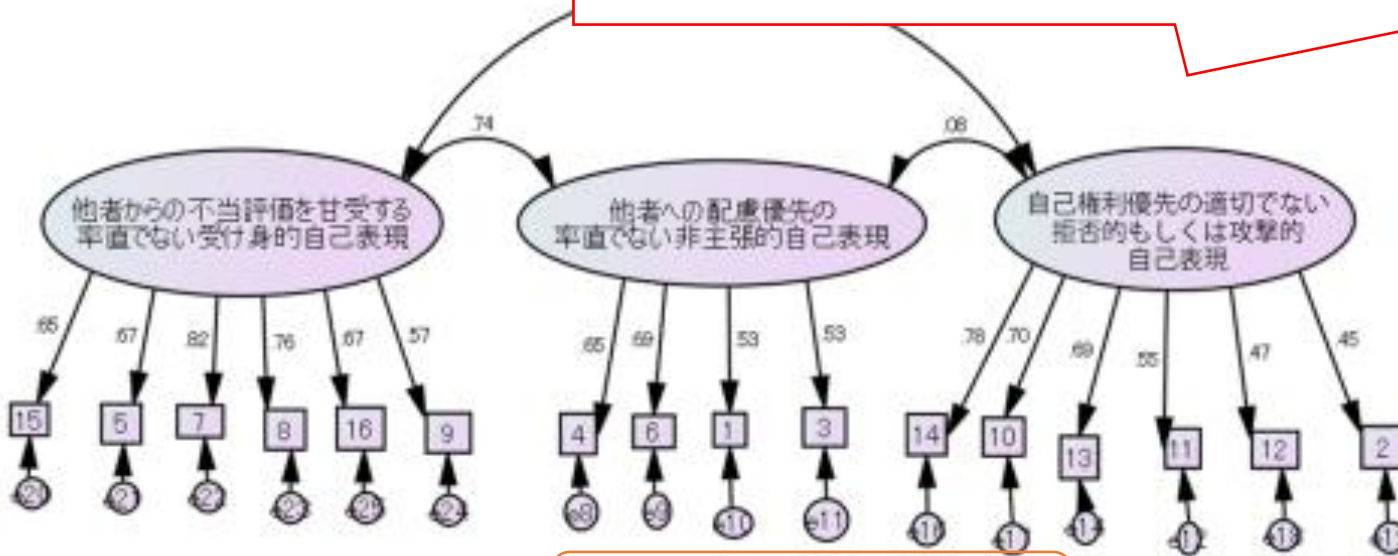
適合度指標(4) GFI

- GFI (Goodness of Fit Index)
 - 標本分散共分散行列とモデルを当てはめて推定した分散共分散行列を比較して評価
 - 重回帰分析の決定係数と似た指標
 - 推定するパラメータが多くなるほど高くなる
 - 1以下の値を取り, 1に近いほど適合度がよい
 - 0.9以上が経験的な基準
- AGFI (Adjusted Goodness of Fit Index)
 - GFIを推定するパラメータの数で調整したもの
 - 重回帰分析における自由度調整済み決定係数と同じようなもの
 - 同じGFIを取るモデルが2つあれば, パラメータが少ないモデルのほうがよいと評価される

確認的因子分析の結果の示し方の例

因子構造のパス図

楕円が因子, 四角が観測変数(質問紙への回答)



$p=0.000$ GFI=.929 AGFI=.905 RMSEA=.065

図1 新卒看護師のアサーティブネス尺度の確証的因子分析

適合度指標

参考文献

- Terwee, C. B., Bot, S. D. M., de Boer, M. R., van der Windt, D. A. W. M., Knol, D. L., Dekker, J., Bouter, L. M., & de Vet, H. C. W. (2007). Quality criteria were proposed for measurement properties of health status questionnaires. *Journal of Clinical Epidemiology*, 60(1), 34–42. <https://doi.org/10.1016/j.jclinepi.2006.03.012>
- 石川慎一郎. 因子分析における因子抽出法間の比較—日本人英語学習者の語彙学習方略データを利用して—. 統計数理研究所共同研究レポート, 232, 25-38.
- Robert F. DeVellis. *Scale Development: Theory and Applications*, Second Edition. Sage, 2003.
- 堀啓造. 因子分析における因子数決定法-平行分析を中心にして-. 香川大学経済論叢, 77(4), 35-70.
- 豊田秀樹(編著). *因子分析入門*. 東京図書, 2012.