

S-PLUS によるモデル解析とブートストラップ法を用いた因子負荷量の推定

- 大学生の結婚に対する意識調査を通して -

目白大学 心理学研究科
片所 強

目次

1	序論	1
2	方法	2
2.1	データセット	2
2.2	シミュレーションの手順	3
2.3	使用する関数	3
2.4	従来法との比較	4
3	結果	4
3.1	従来 of 探索的因子分析	4
3.2	ブートストラップ法による因子分析	6
3.3	従来法とブートストラップ法の比較	10
4	考察	13
4.1	探索的因子分析を適用する際の問題	13
4.2	検証的因子分析の適用	14
4.3	従来法とブートストラップ法	14
4.4	因子分析にブートストラップ法を応用することについて	15

1 序論

心理学の分野で質問紙調査を行うことは、データを得るために最も多く採用されている方法の1つであるといえる。また、その中で因子分析を用いて質問項目を分類することが行われている。例えば、ある場面における不安度を測るための質問項目をいくつか用意しておき、

特定の因子から受ける因子負荷量の高い質問項目を「似たもの」として分類するわけである。すなわち、心理学研究の多くの場面において、因子分析を行う目的は削除の対象となる質問項目を探すことである。

しかし、こうした質問項目を削除する際に因子負荷量の値を一定の基準に満たないのか、それとも基準以上なのかを判断することは容易ではない。なぜならば、そもそも推定された因子負荷量がどれほど信頼できる値であるかが不明だからである。しかも、因子分析は得られたデータセット（標本）によってしばしば因子負荷量の値が異なる。だから、ある調査において削除の対象となった質問項目が、別のある調査においては採用されるかも分からないということである。

そこで因子負荷量に対して「推定された因子負荷量は 0 である」といった帰無仮説を検定するようなことができれば、それは有力な情報となるはずである。そこで母平均値の推定や回帰分析における回帰係数の推定などに応用されている、ブートストラップ法を同じように用いることができないかと考えた。

本論文では S-PLUS を用いて、従来通り探索的因子分析を 1 回行って得られた因子負荷量を見て削除対象であるか否かを判断する場合と、ブートストラップ法を用いて得られた因子負荷量の平均値を判断材料とする場合との比較結果を示す。また、ブートストラップ法を用いる場合、リサンプリングされるたびに変動するブートストラップ標本によって、因子構造を変えてしまうため、探索的因子分析を行う関数 (`factanal()`) は適さないことが分かった。そこで、検証的因子分析を実行する関数 (`cfa()`) が有効的に活用できることを確認できたので紹介する。

2 方法

2.1 データセット

使用するデータセットは 2006 年に大学生を対象として、将来的に結婚をしたり子供を持つことに対する考えを質問紙によって調査し、得られたものである。この質問紙には 30 項目の質問項目が用意されており、(1) 結婚の良い点に関する 10 項目、(2) 結婚の悪い点に関する 8 項目、(3) 子供を持つことに対する価値観に関する 7 項目、そして (4) 子供を持つことに対する不安感に関する 5 項目で構成されている。

各質問項目は 5 段階評価で回答を求めており、回収された質問紙のうち、1 つでも回答に欠損のあったものは削除することにした。結局、154 名分のデータを解析に使用するデータセットとして用意することができた。しかしながら、30 項目 (30 変数) 全てに対して因子分析を行うには、十分なサンプルサイズ (データ数) が得られていない。そこで、シミュレーション実験の例示は、(1) に含まれている 10 項目と (2) に含まれる 8 項目、計 18 項目の変数を用いた場合 (結婚のデータセット) と、(3) の 7 項目と (4) の 5 項目からなる計 12 項目の変数を用いた場合 (子供のデータセット) とに別けて行うことにした。

2.2 シミュレーションの手順

ブートストラップ法とは、得られている標本から繰返し抽出 (リサンプリング) で大きさ n の標本を作成する (このようにして得られた標本をブートストラップ標本という)。この繰返し抽出という作業を i 回行うと、 i 個のブートストラップ標本が得られることになる。そして、それぞれのブートストラップ標本よりパラメータ (平均値や回帰係数など) を推定し、その推定値のヒストグラムを描くと中心極限定理により正規分布状の分布が得られることになる。これより 95% の信頼区間を求めることができるわけである。

このように、元の標本の観測値を繰返し抽出してブートストラップ標本を作成するような方法を case-based resampling という (文献 [6])。例えば、回帰分析においては線形モデル ($Y = \alpha + \beta X + e$) に当てはめ、その残差 (e) を繰返し抽出して行うような方法もある (詳しくは文献 [4] を参照のこと)。本実験では case-based resampling を採用することにした。

具体的な手順は以下のようなものである。

1. 元の標本の大きさと同じ大きさのブートストラップ標本を作成し、
2. そのブートストラップ標本に対して因子分析 (最尤法、プロマックス回転) を実行して因子負荷量を推定する。
3. これを 10000 回繰返し行うことにより、各観測変数に対して 10000 個の因子負荷量が得られる。
4. これよりヒストグラムを描き、95% の信頼区間を求めてみる。

2.3 使用する関数

当初、実験の計画段階では S-PLUS に標準実装されている `factanal()` を用いた探索的因子分析 (EFA) を実行する予定であった。しかしながら、結果の章で詳しく述べるが、2 因子以上の因子構造を持ちうるデータセットに対して、上述の手順通りにシミュレーション実験を行うと、妥当な信頼区間を求めることができない (正規分布上のヒストグラムが描かれない結果となる)。

そこで確認的因子分析と共に検証的因子分析 (CFA) を行う関数を用意し、両者の結果を比較するようにした。この検証的因子分析を行う関数は S-PLUS には標準実装されていないので、群馬大学の青木繁伸氏が定義している R の関数である `cfa()`^{*1} を使わせていただくことにした。

ただし、この `cfa()` の中には R にのみ実装されている関数 `optim()` が用いられているので、そのままでは S-PLUS で実行することができない。したがって、`cfa()` を用いたシミュレーション実験は R を用いて実行することにした。

*1 <http://aoki2.si.gunma-u.ac.jp/R/cfa.html> でコードを観覧することができる

また、上述の手順を実行する関数は `boot.factanal()` と `boot.cfa()` として著者が作成したものである。詳しくは付録としてコードを載せておくので参照してもらいたい。

なお、95% の信頼区間を求めるためには `quantile()` を用いた (`> quantile(object, c(0.025, 0.975))`)。

2.4 従来法との比較

従来法: データセットに対して探索的因子分析を行い、因子負荷量が 0.4 未満である変数を削除の対象として、残った変数の合計点を尺度得点とする、の結果とブートストラップ法: 10000 個の因子負荷量の平均値が 0.4 未満である変数を削除の対象として、残った変数の合計点を尺度得点とする、の結果を比較してみる。

そのため、シミュレーションの例示と同様な手順をふみ、「子供の存在価値」に含まれる 7 項目と、「子供への不安」に含まれる 5 項目からなる計 12 項目の変数のデータセットについてもブートストラップ法による因子負荷量の推定を行う。つまり、最終的には従来法による結果とブートストラップ法による結果それぞれについて、4 つの尺度得点 (変数) が得られることになる。

この 4 つの変数を用いて、「将来結婚したいと思うか」という質問に「はい」か「いいえ」の 2 件法で答えてもらった、いわゆる 2 値データを応答変数として 2 値ロジットモデルの解析を行い、両者の結果を比較することとする。

3 結果

3.1 従来の探索的因子分析

3.1.1 結婚のデータセット

まず従来通りの探索的因子分析を実行した結果を表 1 に示す。これより変数 (質問項目) X_1 から X_{10} が結婚の良い点、 X_{11} から X_{18} が結婚の悪い点とラベリングすることが妥当であると判断できる。つまり、2 因子構造であると仮定することができるだろう。ただし、心理学の分野では因子負荷量の値が 0.4 未満である項目を削除する傾向があるので、実際に尺度得点などを算出するときには X_7 と X_9 は除外されるだろう。

3.1.2 子供のデータセット

一方で「子供の存在価値 (7 項目)」と「子供への不安 (5 項目)」の計 12 項目 (12 つの変数) についての結果を従来法の結果として表 2 に示してある。これによれば、第 1 因子に含まれる項目群として、 X_1 が削除の対象となる。第 2 因子については X_8 が削除の対象となる。 X_6, X_7 はどちらの因子にも含まれる可能性がある。

表 1 探索的因子分析の因子負荷量

変数 (項目)	第 1 因子	第 2 因子
X1	0.624	
X2	0.511	-0.202
X3	0.488	-0.124
X4	0.530	
X5	0.454	
X6	0.407	
X7	0.254	
X8	0.482	0.183
X9	0.358	0.136
X10	0.444	
X11		0.606
X12		0.510
X13		0.481
X14		0.468
X15	-0.111	0.437
X16		0.431
X17		0.447
X18	-0.165	0.435

表 2 子供に対する価値観 (F1) と不安感 (F2) からの因子負荷量

変数 (項目)	第 1 因子	第 2 因子
X1	-0.112	0.367
X2	-0.246	0.463
X3		0.524
X4		0.556
X5		0.514
X6	0.330	0.311
X7	0.402	0.289
X8	0.394	
X9	0.499	-0.207
X10	0.475	
X11	0.517	
X12	0.560	

3.2 ブートストラップ法による因子分析

3.2.1 結婚のデータセット

次にブートストラップ法を用いて探索的因子分析を行った結果を図 1 と図 2 に示す。これは 10000 個のブートストラップ標本それぞれに探索的因子分析を行い、各変数について 10000 個の因子負荷量が得られているので、それをヒストグラムで表現したものである。図 1 は第 1 因子から変数 X_1, X_2, \dots, X_{10} に対しての因子負荷量のヒストグラムであり、図 2 は第 2 因子から変数 $X_{11}, X_{12}, \dots, X_{18}$ に対しての因子負荷量のヒストグラムである。

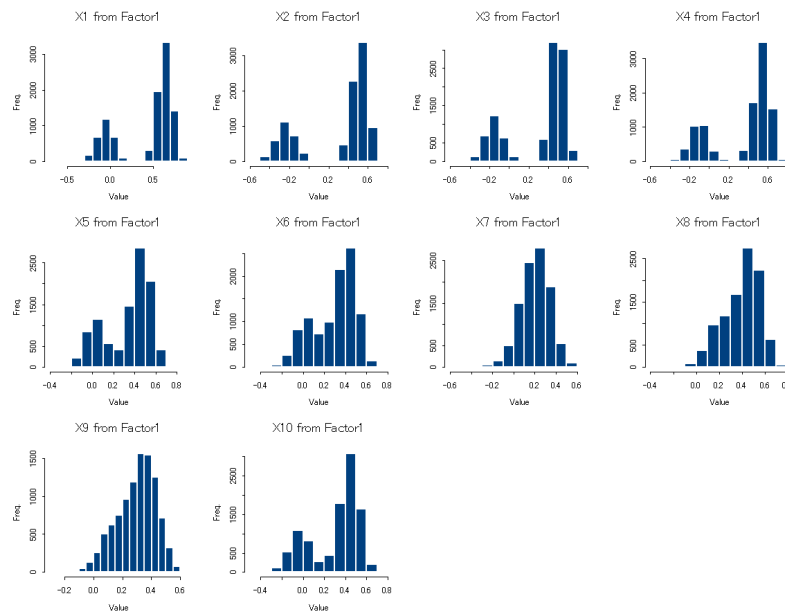


図 1 第 1 因子についての因子負荷量のヒストグラム (EFA)

図 1 および図 2 を見れば明らかであるが、推定された 10000 個の因子負荷量のヒストグラムは正規分布に従っているとはいえない。大まかにいえば、0.2 の値を境にして左右に 2 つの正規分布のような鐘状の分布が出来上がっているようである。このようにヒストグラムが正規分布の形状をしていない場合に `quantile()` を用いて 95% の信頼区間を求めることは適切ではない。

そこで、`factanal()` の代わりに `cfa()` を用いて、検証的因子分析を適用した場合の結果を図 3 と図 4 に示す。先ほどの探索的因子分析のときとは異なり、検証的因子分析を行った場合には正規分布状のヒストグラムが描かれていることが確認できる。

ブートストラップ法により各変数に対する因子負荷量の平均値とその 95% 信頼区間を求めることができる。図 5 の上図は第 1 因子に含まれると仮定した X_1, X_2, \dots, X_{10} に対する因子負荷量の平均値の 95% 信頼区間を図示したものであり、0.4 未満の変数についてはデータポイントをプロットしてある。下図は第 2 因子に含まれると仮定された $X_{11}, X_{12}, \dots, X_{18}$ について描かれたものである。

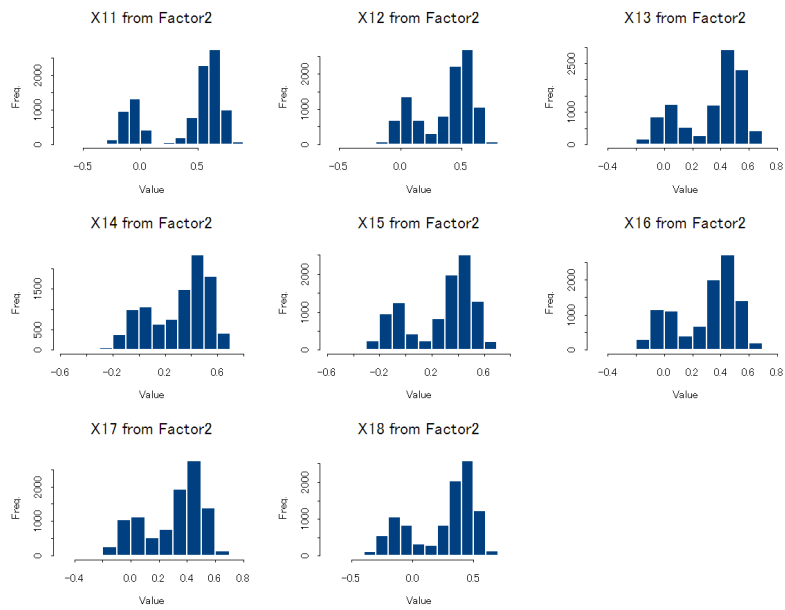


図2 第2因子についての因子負荷量のヒストグラム (EFA)

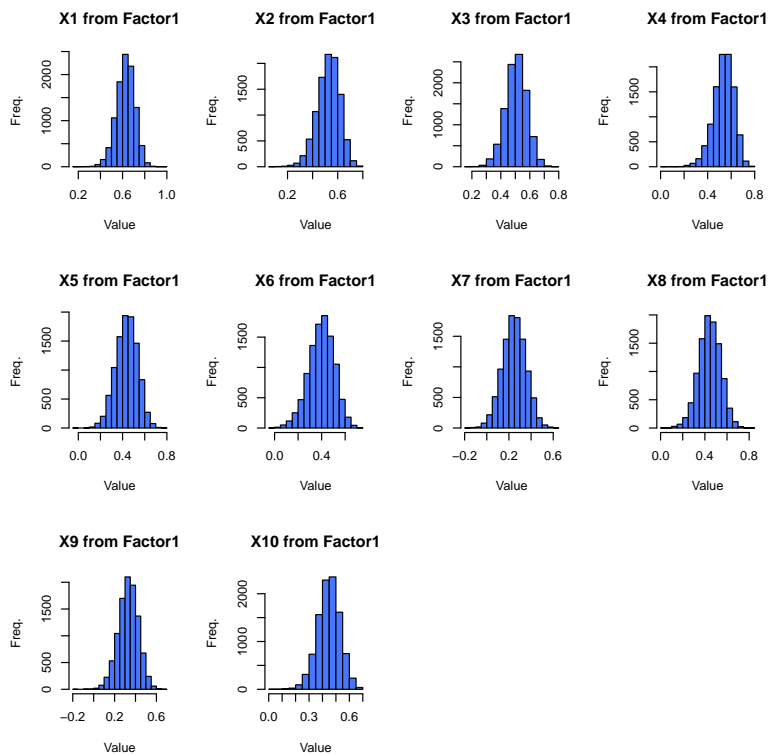


図3 第1因子についての因子負荷量のヒストグラム (CFA)

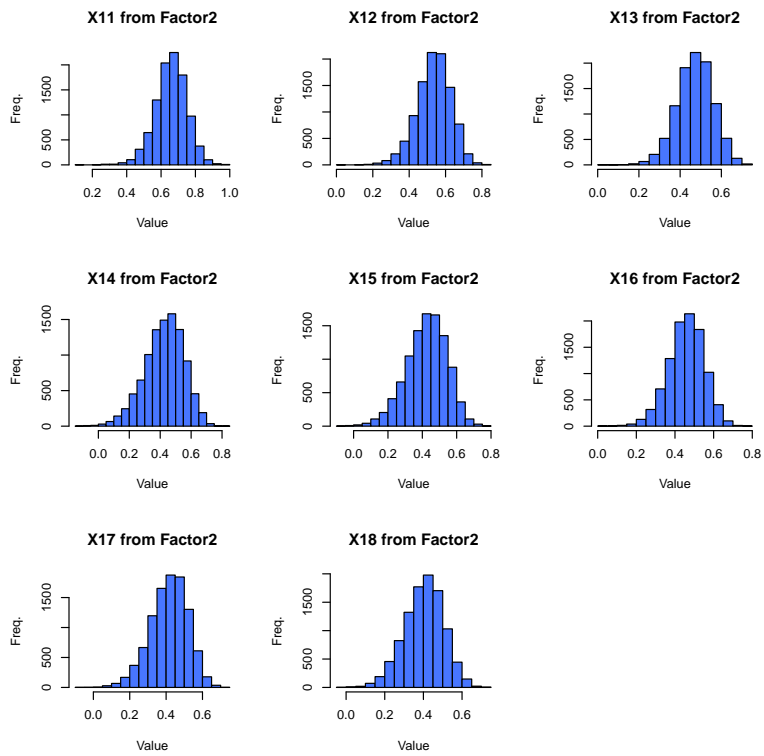


図 4 第 2 因子についての因子負荷量のヒストグラム (CFA)

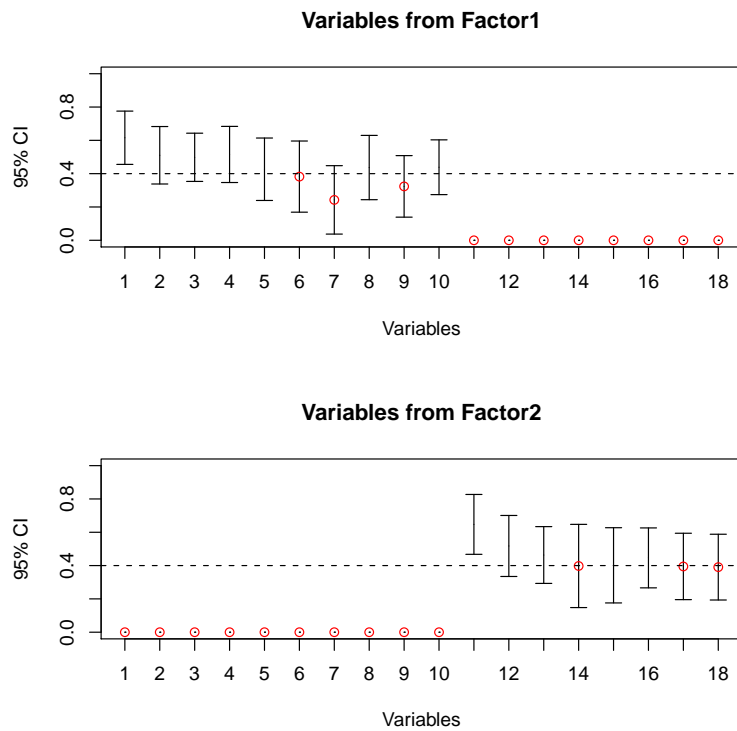


図 5 各変数に対する因子負荷量の平均値の 95% 信頼区間

表 1 では第 1 因子に X_7 と X_9 という 2 つの変数が含まれないという判断ができた。ところが、図 5 によれば、第 1 因子については X_6, X_7, X_9 の 3 つの変数が、第 2 因子については X_{14}, X_{17}, X_{18} の 3 つの変数が削除の対象となるような結果が得られている。

3.2.2 子供のデータセット

さて子供のデータセットについて得られた 95% 信頼区間の結果を図 5 と同様の形式で図 6 に示してある。なお、 X_6 と X_7 はどちらの因子にも含まれる可能性が考えられるため、`cfa()` の因子構造では第 1 因子と第 2 因子にも含まれるような仮定をおいて行っている。

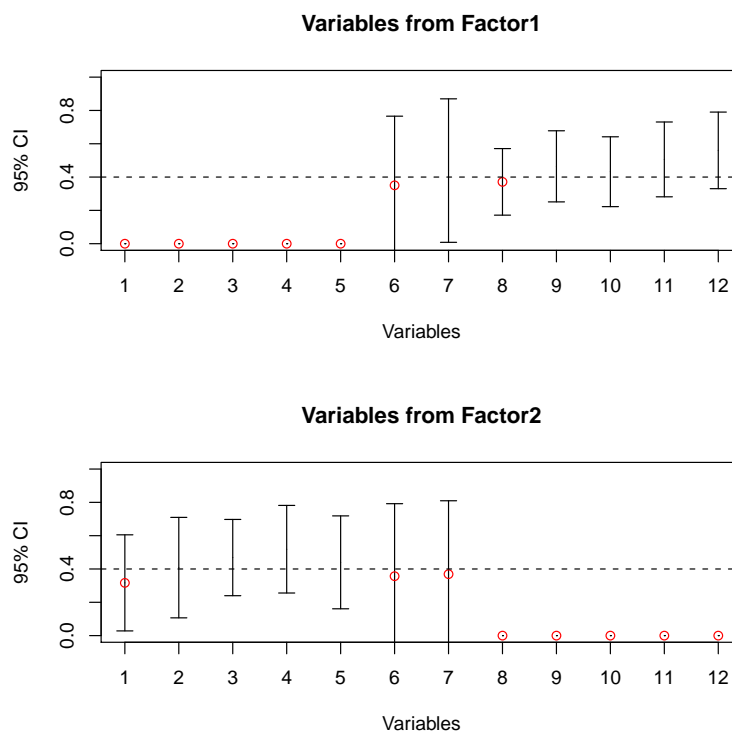


図 6 子供のデータセットの結果

これによれば、まず第 1 因子については X_8 が削除の対象となり、第 2 因子については X_1 が削除の対象となることがわかる。問題は X_6, X_7 だが、 X_6 はどちらの因子にも含まれるべきではない。なぜならば、0.4 を下回っているうえ、信頼区間に 0 を含んでいるので、いわゆる検定では 5% 水準で「推定されたパラメータは 0 である」という帰無仮説を採択することになるからである。

それに対して X_7 は第 1 因子からの負荷量の平均値は 0.4 を下回っていない。しかし、信頼区間 $[0.008223965, 0.869707602]$ と実質的には 0 を含んでいるといえるので、第 1 因子にも含めない方が良くかもしれないのである。したがって、変数 X_6, X_7 は削除の対象として考えることにする。

結局、子供のデータセットについては従来どおりの因子分析を適用した場合と、ブートストラップ法を適用した場合とで同じ結果が得られたことになる。

3.3 従来法とブートストラップ法の比較

結婚のデータセットでは従来法とブートストラップ法とで異なる結果が得られた。それに対して子供のデータセットでは両者が共に同じ結果であった。したがって、ここでは結婚のデータセットを用いて2値ロジットモデルの解析結果を比較してみることにする。

結婚のデータセットには「結婚の良い点」の尺度得点(これを *GOOD* とする)、および「結婚の悪い点」の尺度得点(これを *BAD* とする)が含まれている。それに加えて、「将来的に結婚を希望するか否か」についての回答を *HOPE* とし、モデル式:

$$HOPE = GOOD + BAD \quad (1)$$

を解析することにする。ただし、従来法によって得られたデータセットの変数については *TGOOD*, *TBAD* と表記し、ブートストラップ法によって得られたデータセットの変数は *BSGOOD*, *BSBAD* と表記して区別することにする。

なお、「結婚をしたいかどうか」という質問について、既に結婚している者の回答が1つあったのでそれは削除した。したがって、データセットのサンプルサイズは153になったことを断っておく。

3.3.1 従来法によって得られたデータセットに対する2値ロジットモデル解析

まず交互作用項を含めたフルモデルを解析してみると交互作用項は有意ではないことが分かる (BOX 1 の *TGOOD*:*TBAD* の *t* 値は -1.81 である)。

```
BOX 1 HOPE = TGOOD + TBAD + TGOOD : TBAD(交互作用モデル) の解析
> t.model <- glm(HOPE ~ TGOOD * TBAD, binomial)
> summary(t.model)
Coefficients:
                Value Std. Error  t value
(Intercept) -10.04206552  6.178573321  -1.625305
      TGOOD      0.24879414  0.208821552   1.191420
      TBAD      0.49679796  0.257109182   1.932245
TGOOD:TBAD  -0.01603457  0.008838625  -1.814148
Residual Deviance: 110.695 on 149 degrees of freedom
```

そこで関数 `update()` を用いて、`t.model` から交互作用項を除いてみることにする。すると、今度は *TGOOD* が有意になった (BOX 2 の *TGOOD* の *t* 値は -2.39 である)。

BOX 2 $HOPE = TGOOD + TBAD$ (加法モデル) の解析

```
> t.model2 <- update(t.model, ~. -TGOOD:TBAD)
> summary(t.model2)
Coefficients:
                Value Std. Error    t value
(Intercept)  0.68335373 2.02649542  0.3372096
          TGOOD -0.14103204 0.05900046 -2.3903550
          TBAD  0.05742343 0.04739286  1.2116474
Residual Deviance: 113.9146 on 150 degrees of freedom
```

ここで関数 `anova()` の引数に `t.model` を指定してみる。`anova()` の引数に 1 つのオブジェクトを指定した場合、ヌルモデルから変数を 1 つずつ追加していった場合の尤離度解析の結果が得られる。これを見ても、`TGOOD` を追加すると `Deviance` の値が顕著に増加していることから、`TGOOD` は応答変数を説明するために重要な変数であることが確認できる。

そのように見ていくと、`TGOOD` を加えたモデルに `TBAD` を加えても `Deviance` の値は 1.43 しか増加していないので、これは説明の役に立たない変数であることが分かる。`TGOOD:TBAD` は微妙な値だが、これも説明の役には立たない変数であるといえそうである。

BOX 3 `t.model` の尤離度解析

```
> anova(t.model, test="Chisq")
Analysis of Deviance Table

            Df Deviance Resid. Df Resid. Dev  Pr(Chi)
NULL                               152    122.3844
TGOOD  1  7.039042          151    115.3453 0.0079752
TBAD   1  1.430678          150    113.9146 0.2316538
TGOOD:TBAD 1  3.219682          149    110.6950 0.0727578
```

3.3.2 ブートストラップ法によって得られたデータセットに対する 2 値ロジットモデル解析
さてブートストラップ法によって得られたデータセットについて、先ほどと全く同じ要領でモデル解析を行ってみよう (BOX 4)。すると、先ほどの解析では `TGOOD:TBAD` という交互作用項が有意ではなかったが、今回は `BSGOOD:BSBAD` の項が有意である ($t = -2.25$)。ここで `BSGOOD` は有意ではないが ($t = 1.72$)、交互作用項が有意である場合、これは `BSGOOD` と `BSBAD` はお互いに依存しあって (つまり乗法的な効果を与える) `HOPE` に影響を与えるとい

うことになるので、BSGOOD の項が有意であるかどうかに関係なく、これは重要な変数であるといえる。

BOX 4

$HOPE = BSGOOD + BSBAD + BSGOOD : BSBAD$ (交互作用モデル) の解析

```
> bs.model <- glm(HOPE ~ BSGOOD * BSBAD, binomial)
> summary(bs.model)
```

Coefficients:

	Value	Std. Error	t value
(Intercept)	-14.58651885	6.5454175	-2.228509
BSGOOD	0.41918676	0.2434163	1.722098
BSBAD	1.06149240	0.4328537	2.452312
BSGOOD:BSBAD	-0.03681494	0.0163497	-2.251719

Residual Deviance: 107.5487 on 149 degrees of freedom

最後に従来法によって得られる予測確率とブートストラップ法によって得られる予測確率、および、それぞれの残差プロットを図7に示しておく。図7の上図2つが横軸に被験者番号(1から153まで)をとり、縦軸に予測確率(これは「結婚したい」と回答する確率)をとって描いたものである。下図は、横軸は同じく被験者を、縦軸に残差をとってプロットしたものである。また、予測確率と見比べるために、実際に「結婚をしたい」という回答度数と「結婚したくない」という回答度数を表3にまとめておいた。

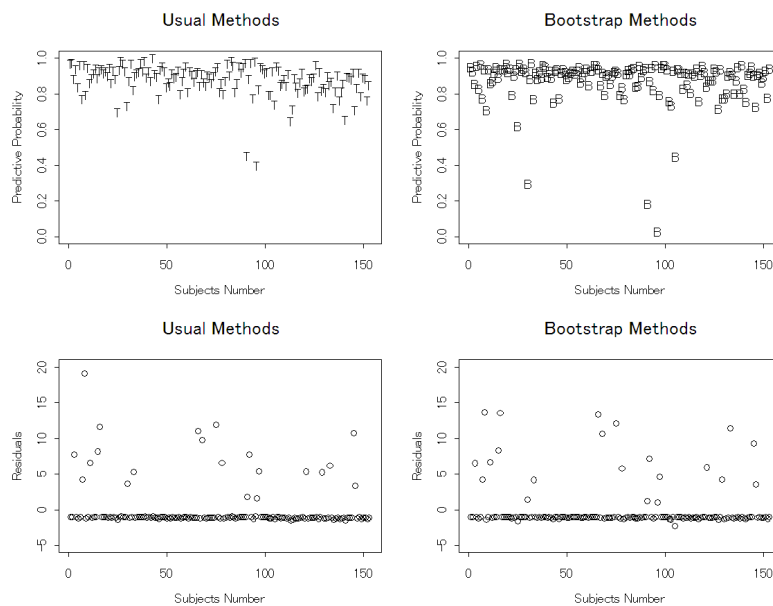


図7 予測確率のプロットと残差プロット

表 3 子供に対する価値観 (F1) と不安感 (F2) からの因子負荷量

結婚したい	結婚したくない	合計
132	21	153

4 考察

4.1 探索的因子分析を適用する際の問題

さて、今実験ではまず初めに2つのデータセット(結婚のデータセットと子供のデータセット)について心理学の分野で従来的に用いられている探索的因子分析を行った。当初、ブートストラップ法によって、リサンプリングされたデータセット(ブートストラップ標本)に対して探索的因子分析(S-PLUSのfactanal()を用いた)を実行してみた。その結果が図1と図2に示されている。

これらの図において、ほぼ共通して見られる分布の形状は0付近を境界値として左右に鐘形状の(正規分布のような)ヒストグラムが現れている、ということである。これは因子分析を行うデータセット(標本)の変動によってしばしば因子構造が変化するために起こるものである。例えば、あるデータセットでは $Factor1 = \{X_1, X_2, \dots, X_{10}\}$ という第1因子構造と $Factor2 = \{X_{11}, X_{12}, \dots, X_{18}\}$ という第2因子構造が現れるかもしれない。ところが、別のデータセットでは逆に $Factor1 = \{X_{11}, X_{12}, \dots, X_{18}\}$ と $Factor2 = \{X_1, X_2, \dots, X_{10}\}$ という因子構造が結果として得られるかもしれないのである。

ただし、こういった現象は実質的に同様の意味を持つので解釈するうえで問題とはならない。しかしながら、これはブートストラップ法を用いるときのように、繰返し計算を行い、そこから得られる推定値のヒストグラムを描く場合に深刻である。実際、図1と図2を見て明らかなように、正規分布上にならない場合に信頼区間を求めることは適切ではない。

ところで、例えば図1の”X7 from Factor1”や”X9 from Factor1”を見てみると、これらは比較的正規分布に近い形状を保っている。結果的にこの2つの変数(質問項目)は削除の対象になることが確認されたが、どうやらデータセットの変動によって因子構造の影響を受けない変数があるのではないかと予想できる。逆にいえば、これはどちらの因子にも含まれるべき変数ではない(どちらの因子とも関係の薄い)変数であることを示しているようである。

そのように考えると、このようなヒストグラムを描いてみることは、どの変数がデータセットの変動に影響されにくい変数であるのかを目算するために役立つかもしれない。しかしながら、”X8 from Factor1”のように、鐘形状のヒストグラムが両方向に分かれて出ていないような場合であっても、結果として特定の因子に含まれるという場合もある。したがって、視覚的に判断する材料となりうるが、直接的にこれで判断することはできない。

4.2 検証的因子分析の適用

ブートストラップ法を用いる際に探索的因子分析を採用することは、因子構造がリサンプリングされたデータセット変動に伴って変わるので好ましくない。これを解決するための方策は最初から妥当な因子構造を指定して行う、いわゆる検証的因子分析を適用することである。そしてその結果が図3と図4に示してある。

これらを見ると、探索的因子分析による結果と比べても、明らかに正規分布の形状を保っていることが確認できるだろう。そもそもブートストラップ法とは、リサンプリングされたデータセットからパラメータを推定することを繰り返し何度も行い、それによって中心極限定理を生じさせることに意味がある。なぜならば、ある推定値が正規分布に従うならば、そこから信頼区間を求めることに妥当性を持つからである。

ブートストラップ法を用いて各変数に対する因子負荷量の95%信頼区間は図5と図6に示してある。

因子分析はデータセットの変動によって結果が変わりやすいことは既に確認できている。それゆえ、ある一度の因子分析の実行結果が、どれほど信頼できるものであるか曖昧な部分もある。

例えば、図6を見てみよう。子供のデータセットに対して探索的因子分析を行った結果(表2)、 X_6, X_7 はどちらの因子にも含まれる可能性が示された。そこでこの両変数を第1因子と第2因子に含まれるように仮定をおき検証的因子分析を行ったわけである。図6の下図ではデータポイントが描かれているので、これは10000個の因子負荷量の平均値が0.4未満であることを意味している。それに対して上図ではデータポイントが描かれていないので0.4以上である。

したがって、 X_7 は第1因子に含まれるべき変数であるといえる。しかしながら、95%信頼区間を見てみると、 $[0.008223965, 0.869707602]$ となっており、信頼区間に0を含んでいることが確認できる(正確には0は含まれないが、0.008は実質的に0であるといえよう)。これは検定でいえば5%水準で有意ではないということの意味している(帰無仮説は「推定されたパラメータは0である」というものである)。ゆえに X_7 は第1因子には含めない方が良好だろうと判断できる。

4.3 従来法とブートストラップ法

ここで改めて結果をまとめておくと、結婚のデータセット(全18変数から成る)について、従来法では $\{X_7, X_9\}$ が削除の対象となり、ブートストラップ法では $\{X_6, X_7, X_9, X_{14}, X_{17}, X_{18}\}$ が削除の対象となった。結婚のデータセットではブートストラップ法の結果が従来法と比べてかなり異なっているようである。一方で子供のデータセット(全12変数から成る)では、従来法とブートストラップ法ともに $\{X_1, X_6, X_7, X_8\}$ が削除の対象となった。こちらでは従来法とブートストラップ法の結果に違いが見られなかった

わけである。

では具体的に、従来法による結果とブートストラップ法による結果が異なるとき：削除の対象となる変数が異なるとき、その後の解析にどのような影響がでるのだろうか。子供のデータセットのように両方法で同じ結果が得られるならば、そもそも従来法によって得られた結果に信頼性が高まるだろう。しかし、結婚のデータセットのような場合ではどちらがより好ましいのかという疑問があるだろう。

そこで「将来的に結婚をしたいかどうか」について2件法（「はい」か「いいえ」）で回答を求めた結果として得られた *HOPE* を応答変数とし、結婚の良い点 (*GOOD*) と悪い点 (*BAD*) を説明変数とした2値ロジットモデルの解析結果を比較した。その結果、従来法によって得られた尺度得点を用いた場合では、*GOOD* と *BAD* の交互作用項が有意ではなく (BOX 1)、加法モデルが最適なモデルであると判断された (BOX 2)。対してブートストラップ法によって得られた尺度得点を用いた場合、*GOOD* と *BAD* の交互作用項は有意であった (BOX 4)。

つまり、従来法では最終的な結論として「結婚をしたい (あるいはしたくない) と回答する確率は結婚の良い点によってのみ予測される」といえる。一方でブートストラップ法では「結婚をしたいと回答する確率は結婚の良い点と悪い点が乗法的に作用して予測される」という結論を得ることになる。簡単にいえば、前者は *HOPE* を予測するために重要な変数は *GOOD* だけ1つのみである。それに対して後者は *HOPE* を予測するためには *GOOD* と *BAD* のどちらも重要な変数であるということになる。

実際に図7の予測確率のプロットと残差プロットを見てみると、「Usual Methods」(従来法) と「Bootstrap Methods」(ブートストラップ法) に明らかな違いはないように見える。いずれのモデル (*t.model2* と *bs.model1*) においても、「結婚したい」という回答をする者が多いことを予測できている。しかし、実際の回答で「結婚したくない」と答えている人数が21人いるので(表3)、「結婚したくない」と回答している者の予測が上手くできていないようである。図を見ると縦軸の0に近いところにデータポイントがほとんど存在していないのが確認できよう。その点に関していえば、「Bootstrap Methods」の方が「結婚したくない」という回答をより上手く予測しているともいえない(いずれにしても団栗の背比べ程度の違いであろう)。

4.4 因子分析にブートストラップ法を応用することについて

因子負荷量の推定に対してブートストラップ法を用いる利点は2つあると考えている。1つは標本の変動によって影響を受けやすい因子負荷量の推定値をより正確に推定することができる点である。もう1つは95%の信頼区間を計算することによって、因子負荷量が実質的に0であるかどうかを判断できるという点である。

また、探索的因子分析を適用した場合に得られるヒストグラムは、データセットの変動によって因子構造が変わる際に、ある変数とその影響を受けやすい変数かどうかを把握する

材料となりうる。換言すれば、データセットの変動によって影響を受けないような変数は、元々、どちらの因子にも含まれない可能性が高いということである。さらに、ある変数がどちらの因子に含まれるか曖昧な場合に、検証的因子分析を適用して信頼区間を得ることによって、その変数を削除の対象にするかどうかを考察するための情報を与えてくれるだろう。

しかし、ブートストラップ法を用いたところで、子供のデータセットのように従来通りただ一回の探索的因子分析を実行した結果と変わらないこともある。積極的に解釈すれば、従来法による結果の信頼性を高めるともいえるが、所詮はトートロジーに過ぎないという考え方もできる。それから、結婚のデータセットのように、削除の対象となる変数が大きく異なる場合であっても、最終的に得られる統計モデル(今回は2値ロジットモデルを解析した)による予測値がさほど変わらないことも生じうる。つまり、ブートストラップ法を応用することは冗長な作業であるとも考えられるわけである。

このように冗長な作業であると考えられる大きな理由として、関数 `factanal()` を用いた場合もそうであるが、なにより `cfa()` を用いて繰返し計算を行うには膨大な時間がかかるということがあげられる。PCの環境にもよるが、著者のPC環境で60分ほどの時間を要した(CPUがAtomなのでより多くの時間を費やしたといえる)。これはあまり効率的な作業とはいえないだろう。

また、1標本の平均値の推定や回帰モデルの係数の推定に対して、リサンプリングされるブートストラップ標本の大きさは慣例的に10000程度にされていることが多いが、因子分析ではもっと多くの繰返し計算が必要かもしれない。そうなれば、それに費やす時間はさらに増すことになり、これはますます効率的な作業とはいえなくなる。

ただ、本実験で示したような方法はどのような解析法についても応用することができよう。例えば、主成分分析や判別分析などに応用してみるのも面白いだろう。しかし、そのためには、S言語のようにプログラミング機能と強力な行列演算のための関数が用意されている環境が必須である。幸いS-PLUSにはシミュレーションを行うための多くの関数が最初から実装されているので、プログラミング初心者であっても比較的簡単に独自の関数を組むことができるはずである。

こうしたシミュレーションを行うことは、新たな知見を得る可能性もさることながら、統計学の諸理論を学ぶためにも非常に有用なことである。例えば、ブートストラップ法を数式だけの理論で理解しようとしたら大変だが、S-PLUSを用いて行ってみれば実はとても簡単な理屈に基づいた方法であることが分かる。その点でS-PLUSを用いてデータ解析を行うことは、統計学を学ぶものにとっても非常に有益であることを強調しておく。

付録

探索的因子分析を繰返し行うための関数


```

# dat は原データ, repeat.num は繰り返し数,
# s.size はリサンプリングの数
boot.factanal <- function(dat, repeat.num, s.size){
  # 引数に指定された行列の行数と列数の取得
  n <- nrow(dat)
  k <- ncol(dat)
  # n 行 k 列の空のマトリックスを作成
  f1.mat <- matrix(numeric(repeat.num*k),
    nrow=repeat.num, ncol=k)
  f2.mat <- matrix(numeric(repeat.num*k),
    nrow=repeat.num, ncol=k)
  # サンプリングするときを使う
  x <- 1:n
  for(i in 1:repeat.num){
    # dat から s.size 個のデータをリサンプリング
    ana.dat <- dat[sample(x, s.size, replace=TRUE), ]
    # ana.dat に対して因子分析を行う
    res <- factanal(ana.dat, factors=2, rotation="promax")
    # 因子負荷量を取り出す
    f1 <- res$loadings[ ,1]
    f2 <- res$loadings[ ,2]
    # i 行目に因子負荷量を代入していく
    f1.mat[i, ] <- f1
    f2.mat[i, ] <- f2
  }
  list(factor1 = f1.mat, factor2 = f2.mat)
}

```

```

# 検証的因子分析を繰り返し行うための関数
# 使い方は boot.factanal() と同じ
# 引数 loc は因子構造を表すベクトルを指定する
boot.cfa <- function(dat, repeat.num, s.size, h.loc){
  # 引数に指定された行列の行数と列数の取得
  n <- nrow(dat)

```

```

k <- ncol(dat)
# n 行 k 列の空のマトリックスを作成
f1.mat <- matrix(numeric(repeat.num*k),
                 nrow=repeat.num, ncol=k)
f2.mat <- matrix(numeric(repeat.num*k),
                 nrow=repeat.num, ncol=k)
# サンプリングするときに使う
x <- 1:n
# 因子構造を示すベクトル
my.loc <- h.loc
for(i in 1:repeat.num){
  # dat から s.size 個のデータをリサンプリング
  ana.dat <- dat[sample(x, s.size, replace=TRUE), ]
# 相関行列の作成
my.cor <- cor(ana.dat)
  # 相関行列を用いて因子分析を行う
  # n はサンプルサイズ, loc は因子構造を示すベクトル
  res <- cfa(my.cor, n = 154, loc = my.loc)
  # 因子負荷量を取り出す
  f1 <- res$loadings[ ,1]
  f2 <- res$loadings[ ,2]
  # i 行目に因子負荷量を代入していく
  f1.mat[i, ] <- f1
  f2.mat[i, ] <- f2
}
list(factor1 = f1.mat, factor2 = f2.mat)
}

```

```

> # boot.factanal() の使用例
> result <- boot.factanal(my.data, 10000, 154)

> # 因子負荷量のヒストグラムを描く
> for(i in 1:10) result$factor1[,i]

```

```

> # 95%の信頼区間を計算する
> for(i in 1:18) print(
+ quantile(result$factor1[,i], c(0.025, 0.975)))
--- ---
> # boot.cfa() の使用例
> # X1~X10 が第 1 因子、X11~X18 が第 2 因子という因子構造を表すベクトル
> my.loc <- c(rep(c(1, 2), c(10, 8)))
> result <- boot.cfa(my.data, 10000, 154)

```

参考文献

- [1] Michael J. Crawley. *Statistics: An Introduction using R*. Jhon Wiley & Sons, 2005. (野間口謙太郎, 菊池泰樹 訳. 2008. 統計学: R を用いた入門書. 共立出版.)
- [2] A. C. Davison and D. V. Hinkley. *Bootstrap Methods and Their Application*. Cambridge University Press, 1997.
- [3] Brian S. Everitt. *An R and S-PLUS Companion to Multivariate Analysis*. Springer, 2005. (石田基広 他 訳. 2007. R と S-PLUS による多変量解析. シュプリンガー・ジャパン).
- [4] 小西貞則, 越智義道, 大森裕浩. 計算統計学の方法 ブートストラップ・EM アルゴリズム・MCMC. 朝倉書店, 2008.
- [5] Bryan F. J. Manly. *Randomization, Bootstrap And Monte Carlo Methods in Biology*. Chapman & Hall, 2006.
- [6] W. N. Venables and B. D. Ripley. *Modern Applied Statistics with S-Plus*. Springer-Verlag, 1999. (伊藤幹夫 他 訳. 2001. S-PLUS による統計解析. シュプリンガー・フェアラーク東京.)