

FACTORMAX 法による確認的因子分析法

— 因子間相関を固定しつつ因子推定値間の積和を最大化する斜交 Procrustes 法 —

○ 清水 和 秋 辻 岡 美 延

(関西大学社会学部)

(問題) 心理学的研究において、異なる被験者集団にも適用可能な測定尺度を構成することは重要な問題である。その際、ある特定の被験者集団より得た測定変量の因子分析によつて、その研究分野における因子の内容と方向性を決定することが要請される場合が多い。ところが、他の種々の集団からも同一と見做せる因子が抽出されてはじめて、その因子はその分野の確実な測定尺度となり得るのであり、ここに因子の確認化という研究が必要とされる。

従来このような問題にはプロクラステス法が用いられて来た。この方法は、Mosier (1939) によつて基本的には解かれており、その後多くの研究者によつて改良がなされている。その内で重要なものは、プロクラステス回転された解と基準解とが同一の因子軸体系内で比較可能とする研究であり、直交の場合には、Schönemann (1967)、斜交の場合には Hakstian (1975) 清水・辻岡 (1977, 1978) 等の方法がある。しかしながら、基準解と求める解との差を最少とするモデルを構成する際に、プロクラステス問題には、いかにして仮説的因子負荷行列を作成するかという研究者の任意的な判断要素が大きな役割を占める。この問題を解決したのが以下に述べる Factormax 法である。

(方法) ① 因子推定値

従来の因子分析は、単に因子軸を単純構造へと回転し、その結果を因子行列あるいは布置図から解釈するという段階で留まっていた。また、被験者個人について当該因子に関して一義的に測定する因子得点は、心理学的な妥当性研究においては有効な尺度であるにもかかわらず十分に利用されていない。ここで述べる理論は、この因子得点を中心とした因子の確認化という問題の解明を目的としている。ところが、共通性の推定を行わなければならない因子分析法においては、真の因子得点を直接算出することは不可能で、因子得点の推定を必要とする。すなわち、真の因子得点行列を $F(N \times m)$ 因子推定値行列を $\bar{F}(N \times m)$ となると、

$$(1) \text{tr}[(F - \bar{F})(F - \bar{F})] \rightarrow \text{minimum}$$

とするような重み行列 $W(N \times m)$ を求めることになり、測定変量の標準得点行列を $Z(N \times n)$ とし

$$(2) \bar{F} = ZW$$

とおくと

$$(3) W = R^{-1}V_{fs}$$

となる。ここで、 $R^{-1}(n \times n)$ 次は測定変量間相関行列の逆行列、 $V_{fs}(n \times m)$ 次は因子構造行列である。なお、 N は被験者数、 n は測定変量数、 m は因子数である。

② 基準解 複数個の下位サンプルを含めた結群サンプルをプロクラステス回転の基準と考える。その測定変量間の相関行列より、因子数の決定、共通性の推定、主因子解さらに Varimax 法、Promax 法等により斜交解を計算する。ここで得られる行列を次のように定義する。 $Z(N \times n)$ 測定変量の標準得点行列、 $V_{fs}(n \times m)$ 因子構造行列、 $R(n \times n)$ 測定変量間相関行列、 $T_f(m \times m)$ 因子軸変換行列、 $\bar{F}(N \times m)$ 因子推定値行列、なお、 N は結群サンプルの全被験者数とする。

③ 下位サンプル 今、基準解との一致の程度を検討する下位サンプルを P とし、測定変量の標準得点行列を $Z_p(N_p \times n)$ 次、相関行列を $R_p(n \times n)$ 次とする。この R_p より同一因子数で主因子解 $V(n \times m)$ 次を求める。なお、被験者は N_p 人である。この主因子解をプロクラステス回転した因子構造行列 (pV_{fs}) より得られる P サンプル独自の因子推定値行列を $\bar{G}(N_p \times m)$ 次とする。

また、 P サンプルは結群サンプルに含まれており、基準解の因子体系における P サンプルの因子推定値行列を $\tilde{F}_p(N_p \times m)$ 次) とすると、

$$(4) \tilde{F}_p = (X_p - \mathbf{1}_{N_p} m') S^{-1} R^{-1} V_{fs}$$

とあらわせる。ここで $\mathbf{1}_{N_p}(N_p)$ 次は 1 よりなる単位列ベクトル、 $m'(n)$ 次は測定変量平均行ベクトル、 $S(n \times n)$ 次は対角項に標準偏差をもつ対角行列、 $X_p(N_p \times n)$ 次は測定変量素点行列とする。

④ Factormax 法

次に、 \tilde{F}_p と \bar{G} との関連を最大化することを考えると、

$$(5) \tilde{F}_p \cong \bar{G}$$

のように、この問題をあらわせる。これを実際に解くためには、

$$(6) \frac{1}{N_p} \tilde{F}_p' \bar{G} = \frac{1}{N_p} V_{fs}' R^{-1} Z_p' Z_p R_p^{-1} V_{fs}$$

という式を定義し、この行列の対角項のトレースを最大とするような解を求めれば良いことになる。すなわち、基準

解の因子推定値空間における N_p 人の被験者の布置に P サンプル独自に得られた因子推定値の布置を最大限に近づけることになる。ところが、今われわれが問題にしているのは因子パターン (Factor pattern) や準拠構造 (Reference structure) のような因子空間における測定変量の布置であり、二つの別な空間を比較する際には因子軸体系 (因子間相関) が同一でなければならない。そこで、

$$(7) \quad pV_{fs} = VTT_f, \quad T'T = I$$

とおくと、 T_f は基準解の因子軸変換行列であることにより、このプロクラステス解の因子軸間相関は基準のものと同じとする。すなわち、問題は、未知なる直交変換行列 T ($m \times m$ 次) をいかに求めるかという点に帰着される。

次に、(6)式を単純化するために、まず \tilde{Z}_p の項を消去すると、

$$\begin{aligned} (8) \quad \frac{1}{N_p} \tilde{Z}_p' Z_p &= \frac{1}{N_p} S^{-1} (X_p' - m1'_{N_p}) (X_p - 1m_p) S_p^{-1} \\ &= \frac{1}{N_p} S^{-1} (X_p' X_p - X_p' 1m_p - m1'_{N_p} X_p \\ &\quad + m1'_{N_p} 1m_p) S_p^{-1} \\ &= S^{-1} \left(\frac{1}{N_p} X_p' X_p - m_p m_p' \right) S_p^{-1} \\ &= S^{-1} S_p S_p^{-1} \left(\frac{1}{N_p} X_p' X_p - m_p m_p' \right) S_p^{-1} \\ &= S^{-1} S_p R_p \end{aligned}$$

となる。ここで、 m_p (n 次) は測定変量の P サンプル内の平均列ベクトル、 S_p ($n \times n$ 次) は同様に標準偏差を対角項にもつ対角行列である。よつて(6)式は、

$$(9) \quad \frac{1}{N_p} \tilde{F}_p' \tilde{G} = V_{fs}' R^{-1} S^{-1} S_p V T T_f$$

と整理できる。この式に T の直交性という条件をそう入し、 Λ をラグランジュの未定乗数からなる行列 ($m \times m$ 次) とすると、

$$(10) \quad f(T) = \text{tr} \{ V_{fs}' R^{-1} S^{-1} S_p V T T_f \} \\ - \text{tr} \{ \Lambda (T'T - I) \}$$

という関数を定義できる。これを T の各要素に関して偏微分すると、

$$(11) \quad \frac{\partial f(T)}{\partial T} = V' S_p S^{-1} R^{-1} V_{fs}' T_f' - T(\Lambda + \Lambda')$$

をうる。この結果を $0, \Lambda + \Lambda' = \Sigma$ とおくと、 Σ は対称行列であり、

$$(12) \quad V' S_p S^{-1} R^{-1} V_{fs}' T_f' = T \Sigma$$

となる。この両辺にそれぞれの転置を左よりかけると、

$$(13) \quad T_f' V_{fs}' R^{-1} S^{-1} S_p V V' S_p S^{-1} R^{-1} V_{fs}' T_f' \\ = \Sigma T' T \Sigma = \Sigma^2$$

をうる。これを行列 C ($m \times m$ 次) とおき、その m 次までの固有分解より得られる固有値を対角項にもつ対角行列を M 対応する固有ベクトルを列にもつ行列を P とすると、

$$(14) \quad C = P M P'$$

となり、これより、

$$(15) \quad \Sigma = P M^{\frac{1}{2}} P'$$

とあらわせる。この逆行列を (12) 式の右よりかけると、

$$(16) \quad T = V' S_p S^{-1} R^{-1} V_{fs}' T_f' P M^{-\frac{1}{2}} P'$$

により直交変換行列を算出できる。

(考察) 以上のように、この方法においては、従来のプロクラステス法で使用される行列の他に、測定変量の標準偏差や相関行列を必要としても、研究者の手作業による仮説的因子負荷行列を構成せずに、自動的に解を算出することが可能となる。

また、P サンプルを含む結群サンプル全体によつて標準化された \tilde{Z}_p と P サンプル独自で標準化された Z_p との計算 (9) 式において、 S, S_p の標準偏差のみが修正の役割を果たし、平均の情報が必要としない。また、このように複数個のサンプルを同一変量に関して比較した場合、平均の差は大きくとも標準偏差はさほど違わない。従来は、サンプル間の差異を平均値の差の検定によつて行うことが多く、被験者数が多ければ有意な差という結論が出やすい。ところが、それは表面的な差異であり、その内的構造の比較という点ではこのような平均の情報が有効ではないことがわかつた。また、 S_p と S^{-1} とをかければ単位行列に近くなり、解には標準偏差の差異はあまり影響しないと考えられる。

連絡先： 565 吹田市佐井寺南が丘 3-1 アカシャ千里寮

104 号 (06-387-9884)