

Strukturgleichungsmodelle

Dr. Markus Stöcklin, Universität Basel, Fakultät für Psychologie

1	Einleitung	3
2	Strukturgleichungsmodelle mit R-Toolbox	5
2.1	Dateneingabe	6
2.2	Syntaxhinweise zu lavaan	8
3	Pfadanalyse	9
3.1	Einleitung	9
3.2	Begrifflichkeit	11
3.2.1	Exogene und endogene Variablen	11
3.2.2	Verschiedene Arten von Effekten	12
3.2.3	Arten von Modellen	13
3.2.4	Obere Grenze der Modellkomplexität	14
3.2.5	Identifikation	14
3.2.6	Äquivalente Modelle	15
3.3	Voraussetzungen	16
3.4	Schrittweises Vorgehen	17
3.5	Gütemasse	18
3.5.1	Statistische Modellüberprüfung	19
3.5.2	Masse für den Gesamtmodellfit	20
3.5.3	Masse, die auf Modellvergleichen basieren	22
3.5.4	Masse für Modellsparsamkeit	24
3.6	Darstellung eines Pfadmodells nach APA	25
3.7	Modellvergleiche nach APA	26
3.8	Beispiele	27
3.8.1	Beispiel ohne Gruppenvergleich	27
3.8.2	Beispiel mit Gruppenvergleich	35
4	Konfirmatorische Faktorenanalyse, Messmodelle	45
4.1	Einleitung	45
4.2	Beispiele	47
4.2.1	Beispiel 1 ohne Gruppenvergleich	47
4.2.2	Beispiel 2 ohne Gruppenvergleich	51
4.2.3	Beispiel 1 mit Gruppenvergleich	59
4.2.5	Beispiel 2 mit Gruppenvergleich	69
5	Hybride Modelle	79
5.1	Einleitung	79
5.2	Beispiele	81
5.2.1	Beispiel 1 ohne Gruppenvergleich	81
5.2.2	Beispiel 2 ohne Gruppenvergleich	85
5.2.3	Beispiel 3 ohne Gruppenvergleich	93
5.2.2	Beispiel mit Gruppenvergleich	103
6	Latent Growth Model	109
7	Robuste Schätzmethoden	117

1

1 Einleitung

Der Theorieteil stützt sich auf:

Kline, R. B. (2010). Principles and practice of structural equation modeling. New York: Guilford.

Steinmetz, H. (2015). Lineare Strukturgleichungsmodelle. Eine Einführung mit R. München: Hampp.

Unter dem Begriff "Strukturgleichungsmodelle" (SEM) lässt sich eine Vielzahl statistischer Modelle zusammenfassen. Die multiple Regression und gewisse Varianzanalysen sind Spezialfälle von SEM. In diesem Skript gehen wir auf die Pfadanalyse, die konfirmatorische Faktorenanalyse und hybride Modelle ein. Mit der Pfadanalyse überprüft man postulierte gerichtete Beziehungen zwischen direkt gemessenen Variablen. Im Rahmen der konfirmatorischen Faktorenanalyse definiert man nicht direkt gemessene Variablen (latente Variablen, Konstrukte, Faktoren) mithilfe direkt gemessener Indikatorvariablen. Solche Modelle können auch als Messmodelle aufgefasst werden. Hybride Modelle entstehen, indem man zwischen den latenten Variablen einer konfirmatorischen Faktorenanalyse gerichtete Beziehungen postuliert.

Durch Gruppenvergleiche lässt sich überprüfen, ob es Gruppenunterschiede bei gewissen Modellparametern gibt.

Anhand von Gütekriterien muss man überprüfen, ob das Modell den Daten entspricht.

3

2 Strukturgleichungsmodelle mit [R-Toolbox](#)

Die Syntax findet man auf der Hauptseite der [R-Toolbox](#) unter "Strukturgleichungsmodelle".

Die Daten können entweder als Rohdaten oder als Korrelationsmatrix eingegeben werden. Die Struktur für die Eingabe einer Korrelationsmatrix wird auf der nächsten Folie an einem Beispiel gezeigt.

Im Eingabeteil müssen Sie unter "Daten" angeben, ob Sie von den Rohdaten oder einer Korrelationsmatrix ausgehen. Falls Sie von Korrelationsmatrizen ausgehen, müssen Sie unter "n.gruppen" die Anzahl Gruppen eingeben. Falls Sie mit Rohdaten arbeiten, geben Sie unter "Gruppen" die Bezeichnung der Gruppenvariable ein. Falls Sie nur eine Stichprobe haben, geben Sie "Gruppe <- NULL" ein.

Bei der Modellspezifikation ist die Syntax von [lavaan](#) zu berücksichtigen, vgl. den angegebenen Link. Um ein Modell mit akzeptablem Fit zu erhalten, braucht es in der Regel mehrere Schritte, die nicht einem starren Schema folgen. Auf die Bedeutung des Outputs gehen wir im Rahmen des ersten Beispiels näher ein.

5

2.1 Dateneingabe

Die behandelten Verfahren kann man auf die Rohdaten oder auf Korrelationsmatrizen anwenden. Wenn man die Daten seiner eigenen Untersuchung auswertet, wird man mit den Rohdaten arbeiten. In Lehrbüchern und in der Forschungsliteratur findet man häufig Korrelations- oder Kovarianzmatrizen als Ausgangsdaten.

Für Korrelationsmatrizen verwenden wir folgendes Eingabeformat:

Erste Zeile: Variablenbezeichnungen

Zweite Zeile: Stichprobenumfang

Dritte Zeile: Mittelwerte

Korrelationsmatrix: Die obere Dreiecksmatrix darf Nullen enthalten.

Bei Gruppenvergleichen schreibt man die Matrizen unmittelbar untereinander. Die Variablenbezeichnungen stehen nur zuoberst.

Die Korrelationsmatrix wird in eine Kovarianzmatrix umgerechnet.

Gruppenvergleiche:

Falls mit den Rohdaten gearbeitet wird, muss der Datensatz eine Gruppenvariable enthalten.

6

Korrelationsmatrix für eine Gruppe

	Exercise	Hardiness	Fitness	Stress	Illness
Stichprobenumfang	373.00	373.00	373.00	373.00	373.0
Mittelwerte	40.90	0.00	67.10	4.80	716.7
Standardabweichungen	66.50	3.80	18.40	6.70	624.8
	1.00	0.00	0.00	0.00	0.0
	-0.03	1.00	0.00	0.00	0.0
Korrelationsmatrix	0.39	0.07	1.00	0.00	0.0
	-0.05	-0.23	-0.13	1.00	0.0
	-0.08	-0.16	-0.29	0.34	1.0

Korrelationsmatrizen für zwei Gruppen

	Class	Motiv	Verbal	Achievement	Delinquency
	214.00	214.00	214.00	214.00	214.00
	31.96	-0.01	93.76	2.51	1.40
	10.58	1.35	13.62	0.79	1.63
Gruppe 1	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	0.08	1.00	0.00	0.00	0.00
	0.28	0.30	1.00	0.00	0.00
	0.05	0.21	0.50	1.00	0.00
	-0.11	-0.17	-0.26	-0.33	1.00
	181.00	181.00	181.00	181.00	181.00
	34.64	0.05	104.18	2.88	1.22
	11.53	1.32	16.23	0.96	1.45
Gruppe 2	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00
	0.25	1.00	0.00	0.00	0.00
	0.37	0.40	1.00	0.00	0.00
	0.27	0.28	0.61	1.00	0.00
	-0.11	-0.20	-0.31	-0.21	1.00

7

2.2 Syntaxhinweise zu lavaan

Eine ausführlichere Anleitung finden Sie, wenn Sie in Google "lavaan: An R Package for Structural Equation Modeling" eingeben.

Syntax für die Modellspezifikation:

Latente Variablen	<code>lat.var =~ Ind1 + Ind2 + Ind3</code>	
Regressionen	<code>y ~ x1 + x2 + x3</code>	
Varianz	<code>y1 ~~ y1</code>	
Kovarianzen	<code>x4 ~~ x1 + x2 + x3</code>	# x: exogene Variablen
Auf null gesetzte Kovarianz	<code>y1 ~~ 0*y2</code>	# vgl. Folie 30
Korrelierte Messfehler	<code>y4 ~~ y1 + y2 + y3</code>	# y: endogene Variablen
Intercepts	<code>y1 ~ 1</code>	auf den Wert 0.5 gesetzt: <code>y1 ~ 0.5*1</code>
Auf Null gesetzte Intercepts	<code>y1 ~ 0</code>	# vgl. Folie 67, 75
Gleichsetzen eines Pfades über drei Gruppen:	<code>y ~ x1 + c(a, a, a)*x2 + x3</code>	# Folie 44
Kombination von Parametern	<code>ind := a*b</code>	# vgl. Folien 78, 84
Labels für Parameter	<code>y ~ label("p1")*x1 + label("p2")*x2 + x3</code>	
Mit Hilfe dieser Labels können Bedingungen für die Parameter formuliert werden, z.B.		
Einschränkungen	<code>constraints <- 'p1==p2'</code>	# vgl. Folie 87, 90

Über folgende Aspekte informieren Sie sich am besten anhand der Beispiele:

- Modifikationsindices, Residuen
- Modelle mit Mittelwertstruktur
- Gruppenvergleiche, Messinvarianz

8

3 Pfadanalyse

3.1 Einleitung

Die Pfadanalyse dient der Untersuchung von direkten und indirekten Effekten direkt gemessener Variablen.

Die postulierten gerichteten Beziehungen müssen theoretisch begründet werden. Der statistische Nachweis der Modellgüte ist kein eindeutiger Beleg dafür, dass das Modell die realen Kausalzusammenhänge richtig abbildet. Die beiden Modelle (1) $Y \leftarrow X$ und (2) $X \leftarrow Y$ erklären die Daten gleich gut, obwohl sie sich inhaltlich widersprechen.

Um schliessen zu können, dass X die Ursache von Y ist, sollten folgende Bedingungen erfüllt sein:

- X geht Y zeitlich voraus.
- Die Richtung der Kausalbeziehung muss korrekt spezifiziert sein, d.h. X bewirkt Y und nicht umgekehrt. Keine Wechselwirkung zwischen X und Y.
- Die Beziehung zwischen X und Y ändert nicht, wenn externe Variablen als gemeinsame Ursachen von X und Y konstant gehalten werden.

9

Mathematisch hat die Pfadanalyse viel mit der multiplen Regression gemeinsam. Für gewisse Modelle lassen sich die Parameter auch mit Hilfe der multiplen Korrelation berechnen.

Wenn man jedoch Pfadanalysen mit den dafür entwickelten Programmen rechnet, erhält man auf einfache Weise Angaben über indirekte Effekte und die Modellanpassung (Fit).

Mit Hilfe dieser Programme lassen sich leicht Modellvergleiche durchführen (Parameter einführen oder entfernen, Gruppenvergleiche).

Mit der Spezialsoftware lassen sich auch Modelle testen, die sich nicht mehr als Regressionsgleichungen spezifizieren lassen (korrelierte Messfehler, Modelle mit Wechselwirkungen).

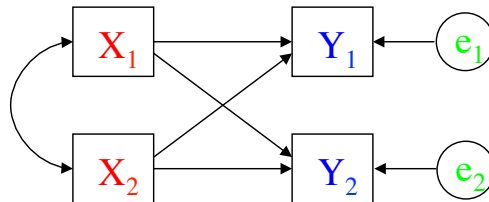
3.2 Begrifflichkeit

Die hier eingeführte Begrifflichkeit gilt auch für Messmodelle und hybride Modelle.

3.2.1 Exogene und endogene Variablen

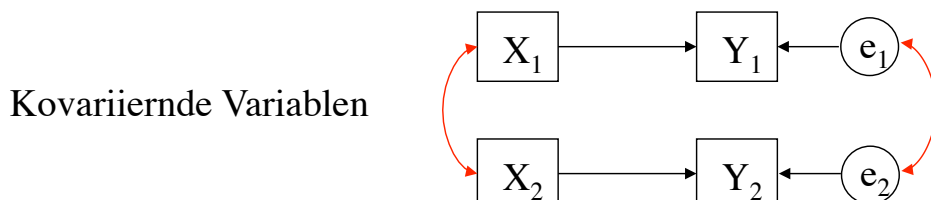
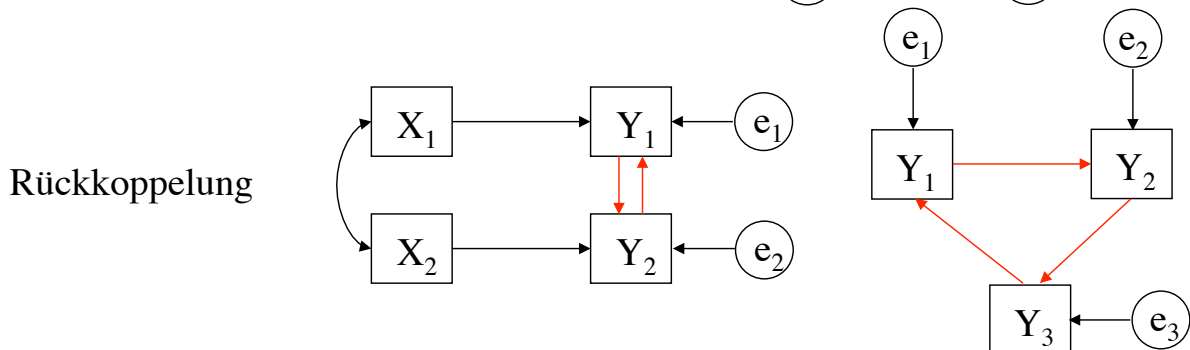
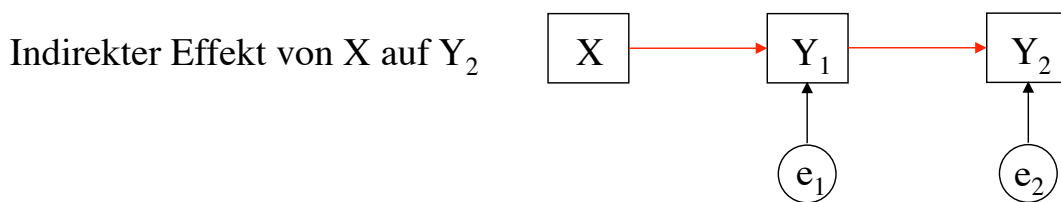
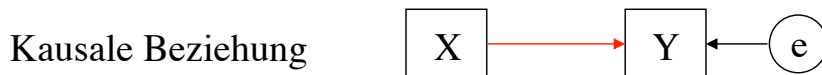
Exogene Variablen sind Prädiktor- oder Indikatorvariablen. Die Ursachen exogener Variablen sind nicht im Modell enthalten, d.f. auf diese Variablen zeigen keine einseitigen Pfeile. Es wird davon ausgegangen, dass exogene Variablen fehlerfrei gemessen werden.

Endogene Variablen repräsentieren Wirkungen anderer im Modell enthaltener Variablen. Jede endogene Variable ist mit einem **Fehlerterm** versehen, der die nicht im Modell berücksichtigten Ursachen repräsentiert.



11

3.2.2 Verschiedene Arten von Effekten

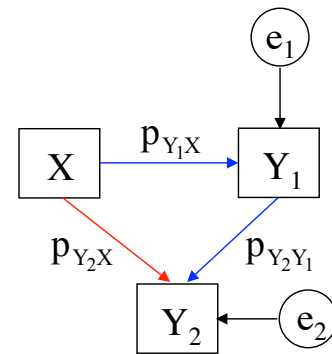


12

Der **direkte Effekt** von X auf Y_2 entspricht dem Pfadkoeffizient p_{Y_2X} .

Der **indirekte Effekt** von X auf Y_2 entspricht dem dem Produkt der Pfadkoeffizienten p_{Y_1X} und $p_{Y_2Y_1}$.

Wenn es möglich ist, auf verschiedenen Wegen von X nach Y_2 zu gelangen, ergibt sich der gesamte indirekte Effekt aus der Summe der einzelnen indirekten Effekte.



3.2.3 Arten von Modellen

- **Rekursive Modelle** enthalten keine korrelierten Messfehler und keine Feedback-Effekte.
- **Nichtrekursive Modelle** enthalten korrelierte Messfehler und/oder Feedback-Effekte.

13

3.2.4 Obere Grenze der Modellkomplexität

Die Anzahl Modellparameter darf die Anzahl der in der Kovarianzmatrix enthaltenen Varianzen und Kovarianzen nicht übersteigen. Dies ist eine notwendige aber keine hinreichende Bedingung für die Berechenbarkeit der Parameter (Identifikation).

Ein Modell, welches v gemessene Variablen enthält, darf höchstens

$$p_{\max} = \frac{v \cdot (v+1)}{2} \text{ Parameter enthalten.}$$

3.2.5 Identifikation

Ein Modell ist identifiziert, wenn es möglich ist, für jeden Parameter einen einzigen Schätzwert zu berechnen.

Underidentified: Die Anzahl zu schätzender Parameter ist grösser p_{\max} . In diesem Fall existiert keine Lösung.

Just-identified: Die Anzahl zu schätzender Parameter ist gleich p_{\max} . In diesem Fall existiert eine Lösung. Das Modell hat null Freiheitsgrade. Der Fit ist notwendigerweise perfekt.

Overidentified: Die Anzahl zu schätzender Parameter ist kleiner p_{\max} . In diesem Fall existiert eine Lösung. Der nicht notwendigerweise perfekte Fit kann überprüft werden. Für nichtrekursive Modelle nicht hinreichend.

14

3.2.6 Äquivalente Modelle

Häufig ist es so, dass es für dieselben Variablen mehrere verschiedene Modellvarianten mit demselben Fit gibt. Modelle, die diese Bedingung erfüllen, sind äquivalent.

Für ein Just-Identified-Model führt jede andere Modellvariante mit derselben Anzahl Parameter wieder auf ein Just-Identified-Model, d.h. diese Varianten sind äquivalent.

Die Tatsache, dass es zu einem Modell äquivalente Modelle gibt, macht deutlich, dass ein guter Fit für ein bestimmtes Modell kein eindeutiger Beleg für die postulierten Beziehungen zwischen den Variablen ist.

Dies unterstreicht die Forderung, dass die Modelle im Sinne von Hypothesen vor der Datenerhebung theoretisch begründet werden sollten.

15

3.3 Voraussetzungen

Modellspezifikation: Das Modell muss alle wichtigen Variablen enthalten.

Linearität: Die Beziehungen zwischen den Variablen sollten linear sein.

Additivität: Es sollten keine nicht modellierten Interaktionen vorhanden sein (Hinweis: Interaktionen lassen sich als Variablen ins Modell einbauen).

Intervallskaliertheit: Endogene Variablen müssen intervallskaliert sein. Dichotome Variablen lassen sich als exogene Variablen verwenden.

Die Fehler dürfen nicht mit den endogenen Variablen korrelieren.

Für das am häufigsten verwendete Schätzverfahren (Maximum Likelihood) sollten die Variablen **multivariat normalverteilt** sein.

Stichprobenumfang: Für jeden Parameter benötigt man etwa 10 Probanden.

16

3.4 Schrittweises Vorgehen

Hypothesen: Die aufgrund theoretischer Überlegungen aufgestellten Hypothesen werden in Form eines Pfadmodells dargestellt.

Identifikation: Man sollte vor der Datenerhebung prüfen, ob das Modell identifiziert ist, d.h. ob das entsprechende Gleichungssystem lösbar ist.

Beurteilung der Schätzergebnisse: Anhand der Fit-Masse kann man erkennen, ob das Modell die Daten genügend gut erklärt.

Modifikation der Modellstruktur: Falls der Fit ungenügend ist, geben die Modifikationsindizes und die standardisierten Residuen Hinweise für Verbesserungen. Es ist jedoch immer zu prüfen, ob diese Vorschläge inhaltlich nachvollziehbar sind.

17

3.5 Gütemasse (Fit-Indices)

Bevor die Parameter interpretiert werden, sollte man schauen, ob das Modell die Daten genügend gut erklärt (Fit).

Eine gute Modellanpassung muss nicht unbedingt ein Indikator für starke Beziehungen zwischen den Variablen sein. Je schwächer die Variablen korrelieren, desto leichter ist es, eine gute Modellanpassung zu erhalten; je stärker die Variablen korrelieren, desto grösser ist die Power, ein unpassendes Modell zu identifizieren.

Eine gute Modellanpassung ist kein eindeutiger Beleg, dass das getestete Modell das beste ist. Zu einem Modell kann es mehrere andere Modelle geben, die den gleichen Fit aufweisen. Fit-Indices helfen einem jedoch, schlechte Modelle zu identifizieren. Damit ist auch klar, dass eine gute Modellanpassung kein eindeutiger Beleg für Kausalität sein kann.

In jüngster Zeit setzt sich immer mehr die Ansicht durch, dass akzeptable Modelle einen nicht signifikanten Chi-Quadrat-Wert und akzeptable standardisierte Residuen (< 2.0) haben sollten.

18

3.5.1 Statistische Modellüberprüfung

Der χ^2 -Test prüft, ob sich die mit Hilfe der geschätzten Modellparameter reproduzierte Kovarianzmatrix signifikant von der aus den Daten geschätzten Populationskovarianzmatrix unterscheidet. Gewünscht ist ein *nicht* signifikantes Ergebnis.

$$\chi^2 = (N-1) \cdot F(S, \Sigma(\hat{\theta})) \quad F(S, \Sigma(\hat{\theta})) : \text{Minimum der Fit-Funktion}$$

Probleme mit der Interpretation:

- 1) Je komplexer ein Modell, desto besser der Fit.
- 2) Je grösser N, desto eher wird ein Modell verworfen.

Den **relativen χ^2 -Wert** erhält man, indem χ^2 durch die Freiheitsgrade dividiert wird. Dieser Quotient sollte kleiner als 3 sein.

19

3.5.2 Masse für den Gesamtmodellfit

Diese Masse geben an, wie gut ein Strukturgleichungsmodell den Daten entspricht und basieren auf dem Unterschied zwischen der Stichproben-Kovarianzmatrix und der mit Hilfe der geschätzten Modellparameter rekonstruierten Kovarianzmatrix.

Root mean square error of approximation (RMSEA) wird auch Diskrepanz pro Freiheitsgrad genannt. (gut: $RMSEA < .05$, angemessen: $.05 \leq RMSEA \leq .08$, mässig: $.08 \leq RMSEA \leq .10$, schlecht: $RMSEA > .10$)
Der RMSEA ist relativ unabhängig vom Stichprobenumfang und begünstigt sparsame Modelle.

$$RMSEA = \sqrt{\max\left\{\left(\frac{F(S, \Sigma(\hat{\theta}))}{df} - \frac{1}{N-1}\right), 0\right\}} = \sqrt{\max\left\{\left(\frac{\chi^2 - df}{df(N-1)}\right), 0\right\}}$$

$F(S, \Sigma(\hat{\theta}))$: Minimum der Fit-Funktion

PCLOSE überprüft die Nullhypothese, dass $RMSEA \leq 0.05$ ist. Wenn PCLOSE kleiner als .05 ist, lehnt man die Nullhypothese ab und geht davon aus, dass RMSEA grösser als 0.05 ist, was auf mangelhaften Fit hinweist.

20

Root mean square residual (RMSR) entspricht dem Mittelwert der quadrierten Diskrepanzen zwischen S und $\Sigma(\hat{\theta})$.

$$\text{RMSR} = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^p \sum_{j=1}^i (s_{ij} - \hat{\sigma}_{ij})^2}{p(p+1)/2}}$$

RMSR sollte möglichst klein sein. Da jedoch die Standardabweichungen von den Skalen der beobachteten Variablen abhängen, lässt sich kein allgemeingültiges Kriterium angeben.

Um dieses Problem zu umgehen, wurde auch eine standardisierte Variante entwickelt (standardized root mean square, SRMR).

Besser als dieses Mass mit irgendeinem Kriterium zu vergleichen, ist es, sich von R die standardisierten Residuen ausgeben zu lassen. Deren Beträge sollten nicht grösser als 2 sein.

21

3.5.3 Masse, die auf Modellvergleichen basieren

Bei diesen Massen wird der Fit des Zielmodells mit demjenigen eines Modells verglichen, welches keine Zusammenhänge zwischen den Variablen postuliert (baseline model). Meist wird mit dem **independence model** (Index i) verglichen, bei dem nur die Varianzen der beobachteten Variablen geschätzt werden. Das **null model** (Index n) ist noch restriktiver, da in diesem Modell alle Parameter auf null gesetzt werden.

Der **normed fit index (NFI)** wird im wesentlichen als Quotient von χ^2 -Werten des independence models χ_i^2 und des Zielmodells χ_t^2 gebildet:

$$\text{NFI} = \frac{\chi_i^2 - \chi_t^2}{\chi_i^2}$$

Guter Fit: $\text{NFI} > .95$, akzeptabel: $.9 \leq \text{NFI} \leq .95$.

22

Um der Abhängigkeit vom Stichprobenumfang entgegenzuwirken, wurde der **nonnormed fit index (NNFI)**, welcher auch die Modellkomplexität berücksichtigt.

$$\text{NNFI} = \frac{\chi_i^2 / \text{df}_i - \chi_t^2 / \text{df}_t}{\chi_i^2 / \text{df}_i - 1}$$

Guter Fit: $\text{NNFI} > .97$, akzeptabel: $.95 \leq \text{NNFI} \leq .97$

Der **comparative fit index (CFI)** vermeidet die Unterschätzung des Fits bei kleinen Stichproben, welche beim NFI auftritt.

$$\text{CFI} = 1 - \frac{\max[(\chi_t^2 - \text{df}_t), 0]}{\max[(\chi_t^2 - \text{df}_t), (\chi_i^2 - \text{df}_i), 0]}$$

Guter Fit: $\text{CFI} > .97$, akzeptabel: $.95 \leq \text{CFI} \leq .97$

23

3.5.4 Masse für Modellsparsamkeit

Die folgenden Masse bestrafen komplexe Modelle und begünstigen sparsame Modelle. Bei sparsamen Modellen werden weniger Parameter geschätzt als maximal geschätzt werden könnten.

Der **parsimony goodness of fit index (PGFI)** und der **parsimony normed fit index (PNFI)** sind Modifikationen des GFI und des NFI.

$$\text{PGFI} = \frac{\text{df}_t}{\text{df}_n} \cdot \text{GFI}; \quad \text{PNFI} = \frac{\text{df}_t}{\text{df}_i} \cdot \text{NFI}$$

Das **Akaike information criterion (AIC)** kann auch zum Vergleich nicht hierarchischer Modelle verwendet werden. Es existieren keine Normwerte für AIC. Generell gilt, je kleiner desto besser. Das AIC wird erst bei Modellvergleichen nützlich.

$$\text{AIC} = -2 \cdot (\text{Loglikelihood user model (H0)}) + 2 \cdot (\text{Anzahl geschätzter Parameter})$$

24

3.6 Darstellung eines Pfadmodells nach APA

Figure Example 6. Sample chart (path model).⁴

- Names of variables are indicated with the variable symbols.
- Size of numbers is proportional to lettering, enabling complex figure to be placed in a small space on page.

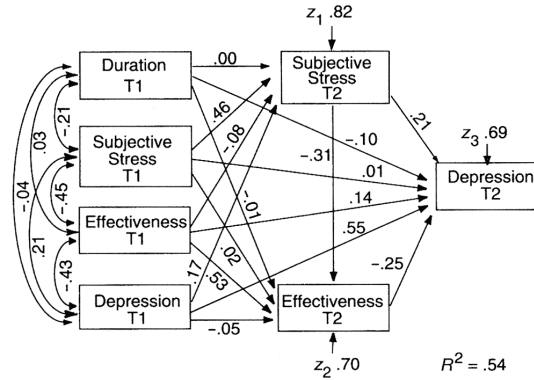


Figure X. Initial path-analytic model: Influence of caregiving duration, subjective caregiving stress, and subjective caregiving effectiveness on changes in depression.

[List captions together on a separate page.]

⁴From "Longitudinal Impact of Interhousehold Caregiving on Adult Children's Mental Health," by A. Townsend, L. Noelker, G. Deimling, and D. Bass, 1989, *Psychology and Aging*, 4, p. 395. Copyright 1989 by the American Psychological Association. Reprinted with permission of the author.

3.7 Modellvergleiche nach APA

Fit Indices for Nested Sequence of Cross-Sectional Models

Model	χ^2	NFI	PFI	χ^2_{diff}	ΔNFI
1. Mobley's (1977)					
measurement model	443.18*	.92	.67		
2. Quit & search intentions	529.80*	.89	.69		
Difference between					
Model 2 & Model 1				86.61*	.03
3. Search intentions &					
thoughts of quitting	519.75*	.90	.69		
Difference between					
Model 3 & Model 1				76.57*	.02
4. Intentions to quit &					
thoughts of quitting	546.97*	.89	.69		
Difference between					
Model 4 & Model 1				103.78*	.03
5. One withdrawal cognition	616.97*	.87	.70		
Difference between					
Model 5 & Model 1				173.79*	.05

Model	χ^2	NFI	PFI	χ^2_{diff}	ΔNFI
6. Hom et al.'s (1984)					
structural model	754.37*	.84	.71		
Difference between					
Model 6 & Model 5				137.39*	.03
7. Structural null model	2,741.49*	.23	.27		
Difference between					
Model 7 & Model 6				1,987.13*	.61
8. Null model	3,849.07*				

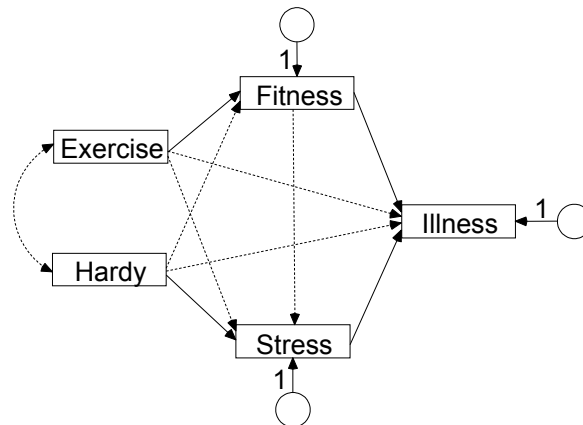
Note. NFI = normed fit index; PFI = parsimonious fit index. From "Structural Equations Modeling Test of a Turnover Theory: Cross-Sectional and Longitudinal Analyses," by P. W. Hom and R. W. Griffeth, 1991, *Journal of Applied Psychology*, 76, p. 356. Copyright 1991 by the American Psychological Association. Reprinted with permission of the author.

*p < .05.

3.8 Beispiele

3.8.1 Beispiel ohne Gruppenvergleich

Roth et al. (1989) untersuchten die Auswirkung von "exercise", "psychological hardiness", auf "health-related problems (fitness, illness, stress)" nach dem unten abgebildeten Kausalmodell, wobei die Autoren davon ausgingen, dass die gestrichelten Pfade unbedeutend sind (vgl. Kline, 1998, S. 114f).



27

Identifikation: Für rekursive Modelle ist das Kriterium für die maximale Anzahl Parameter auch hinreichend.

Das Modell enthält 5 gemessene Variablen, d.h. es dürfen maximal $5 \cdot 6 / 2 = 15$ Parameter geschätzt werden. Zu schätzen sind die Varianzen der exogenen Variablen (2), die Fehlerterme der endogenen Variablen (3), die Kovarianzen (1) und die Pfadkoeffizienten (9). Insgesamt sind für dieses Modell 15 Parameter zu schätzen; es ist somit just-identified. Das Modell hat null Freiheitsgrade, der Fit ist somit perfekt ($\chi^2=0$, $df=0$).

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM1.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
# Falls die Korrelationsmatrix gegeben ist, müssen alle in der Matrix enthaltenen Variablen berücksichtigt werden.
Variablen <- 1:5
Daten <- "Matrix"      # Für Korrelationsmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 1        # Falls Korrelationsmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL        # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

# Modell spezifizieren
model <- 'Fitness ~ Exercise+Hardiness
Illness ~ Fitness+Stress+Exercise+Hardiness
Stress ~ Hardiness+Exercise+Fitness'
```

28

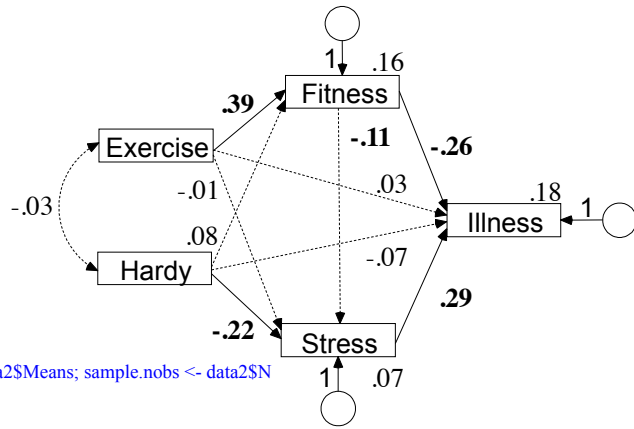
```

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL
} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+1, 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+2,]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*ncol(data)+4):(i*ncol(data)+3),]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*ncol(data)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N
}

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group=Gruppe, fixed.x=FALSE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE) # Hinweis: Wenn Sie rsquare=TRUE einfügen, erhalten Sie die erklärten Varianzanteile

```

Standardisierte Lösung



Output

Der Plot zeigt die standardisierten Pfadkoeffizienten. Die fett gedruckten Pfadkoeffizienten sind mit $\alpha = .05$ signifikant. Die Details des Outputs besprechen wir beim modifizierten Modell.

29

Modifikation der Modellstruktur: In diesem Fall geht es nicht um die Verbesserung des Fits. Es soll überprüft werden, ob das Weglassen der im Modell gestrichelten Beziehungen den Fit substantiell verschlechtert. Hinweis: Da der Pfad Fitness \rightarrow Stress signifikant ist, muss mit einer Verschlechterung gerechnet werden.

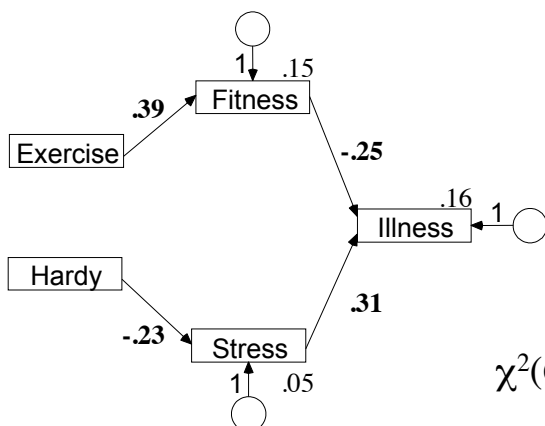
Die Verschlechterung des Fits ist knapp nicht signifikant ($\chi^2(6)=11.44$, $p=.076$).

```

model <- 'Fitness ~ Exercise
Illness ~ Fitness+Stress
Stress ~ Hardiness
Exercise ~~ 0*Hardiness'

```

Standardisierte Lösung



```

fit2 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov,
sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs,
group=Gruppe, fixed.x=FALSE)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

```

```

# Modellvergleich
anova(fit1, fit2)

```

```

# Modifikationsindizes
modindices(fit2)

```

```

# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

```

$\chi^2(6) = 11.44$, $p = .076$, $\chi^2/df = 1.91$, CFI = .965, RMSEA = .049, PCLOSE < .449 30

Output mit Erläuterungen

```

lavaan (0.5-23.1097) converged normally after 47 iterations
  Number of observations              373  N
  Estimator                          ML
  Minimum Function Test Statistic    11.443   $\chi^2$ 
  Degrees of freedom                  6   $df_i$ 
  P-value (Chi-square)                0.076

Model test baseline model:
  Minimum Function Test Statistic    165.944   $\chi^2$ 
  Degrees of freedom                  10   $df_i$ 
  P-value                             0.000

User model versus baseline model:
  Comparative Fit Index (CFI)        0.965
  Tucker-Lewis Index (TLI)          0.942

Loglikelihood and Information Criteria:
  Loglikelihood user model (H0)      -8827.033   $LL_0$ 
  Loglikelihood unrestricted model (H1) -8821.312   $LL_1$ 

  Number of free parameters  Anzahl geschätzter Parameter  9  k
  Akaike (AIC) =  $-2 \cdot LL_0 + 2 \cdot k$  17672.067
  Bayesian (BIC) =  $-2 \cdot LL_0 + k \cdot \ln(N)$  17707.361
  Sample-size adjusted Bayesian (BIC) 17678.807
  =  $-2 \cdot LL_0 + k \cdot \ln((N+2)/24)$ 

Root Mean Square Error of Approximation:
  RMSEA 0.049
  90 Percent Confidence Interval 0.000 0.092
  P-value RMSEA <= 0.05 Sollte nicht signifikant sein 0.449

Standardized Root Mean Square Residual:
  SRMR 0.049
  
```

Der **Chi-Quadrat-Test** prüft, ob sich die mit Hilfe der geschätzten Modellparameter reproduzierte Kovarianzmatrix signifikant von der aus den Daten geschätzten Populationskovarianzmatrix unterscheidet. Gewünscht ist ein *nicht* signifikantes Ergebnis.

Baseline oder Independence Model: Alle Kovarianzen gleich null

Der **Comparative Fit Index (CFI)** vermeidet die Unterschätzung des Fits bei kleinen Stichproben, welche beim NFI auftritt.

$$CFI = 1 - \frac{\max\left[\left(\chi^2 - df_i\right), 0\right]}{\max\left[\left(\chi^2 - df_i\right), \left(\chi^2 - df_i\right), 0\right]}$$

Guter Fit: $CFI > .97$, akzeptabel: $.95 \leq CFI \leq .97$

Um der Abhängigkeit vom Stichprobenumfang entgegenzuwirken, wurde der **Tucker-Lewis Index (TLI)** entwickelt, welcher auch die Modellkomplexität berücksichtigt.

$$TLI = \frac{\chi^2/df_i - \chi^2/df_i}{\chi^2/df_i - 1}$$

Guter Fit: $TLI > .97$, akzeptabel: $.95 \leq TLI \leq .97$

Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) Diskrepanz pro Freiheitsgrad Relativ unabhängig vom Stichprobenumfang, begünstigt sparsame Modelle.

Gut: $RMSEA < .05$

$$RMSEA = \sqrt{\max\left\{\left(\frac{\chi^2 - df_i}{df_i(N-1)}\right), 0\right\}} \quad 31$$

Parameter Estimates:

Regressions:	Standardfehler $SE(\theta)$		p-Wert		standardisierte Parameter	
	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)	Std.lv	Std.all
Fitness ~						
Exercise	0.108	0.013	8.180	0.000	0.108	0.390
Illness ~						
Fitness	-8.490	1.595	-5.323	0.000	-8.490	-0.253
Stress	28.675	4.380	6.547	0.000	28.675	0.311
Stress ~						
Hardiness	-0.406	0.089	-4.564	0.000	-0.406	-0.230
Covariances:						
Exercise ~~						
Hardiness	0.000				0.000	0.000
Variances:						
.Fitness	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)	Std.lv	Std.all
.Fitness	286.295	20.964	13.657	0.000	286.295	0.848
.Illness	320395.438	23461.021	13.657	0.000	320395.438	0.840
.Stress	42.401	3.105	13.657	0.000	42.401	0.947
.Exercise	4410.395	322.952	13.657	0.000	4410.395	1.000
.Hardiness	14.401	1.055	13.657	0.000	14.401	1.000

Modellvergleich

Chi Square Difference Test

	Df	AIC	BIC	Chisq	Chisq diff	Df diff	Pr(>Chisq)
fit1	0	17673	17731	0.000			
fit2	6	17672	17707	11.443	11.443	6	0.0756

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

Modifikationsindizes

	lhs	op	rhs	mi	epc	sepc.lv	sepc.all	sepc.nox
5	Exercise	~~	Hardiness	0.336	-7.561	-7.561	-0.030	-0.030
12	Fitness	~~	Stress	3.907	-11.276	-11.276	-0.092	-0.092
14	Fitness	~~	Hardiness	2.936	5.697	5.697	0.082	0.082
17	Illness	~~	Hardiness	2.465	-179.444	-179.444	-0.077	-0.077
18	Stress	~~	Exercise	1.275	-25.284	-25.284	-0.057	-0.057
20	Fitness	~	Illness	4.386	-0.006	-0.006	-0.211	-0.211
21	Fitness	~	Stress	5.371	-0.303	-0.303	-0.110	-0.110
22	Fitness	~	Hardiness	2.936	0.396	0.396	0.082	0.082
23	Illness	~	Exercise	0.578	0.364	0.364	0.039	0.039
24	Illness	~	Hardiness	2.465	-12.460	-12.460	-0.077	-0.077
25	Stress	~	Fitness	5.109	-0.041	-0.041	-0.114	-0.114
26	Stress	~	Illness	0.532	0.001	0.001	0.112	0.112
27	Stress	~	Exercise	1.275	-0.006	-0.006	-0.057	-0.057
29	Exercise	~	Illness	0.144	0.002	0.002	0.022	0.022
30	Exercise	~	Stress	0.932	-0.496	-0.496	-0.050	-0.050
31	Exercise	~	Hardiness	0.336	-0.525	-0.525	-0.030	-0.030
32	Hardiness	~	Fitness	1.828	0.014	0.014	0.070	0.070
33	Hardiness	~	Illness	3.531	-0.001	-0.001	-0.105	-0.105
35	Hardiness	~	Exercise	0.336	-0.002	-0.002	-0.030	-0.030

Standardisierte Residuen

	Fitnss	Illnss	Stress	Exercs	Hrdnss
Fitness		NA			
Illness	-2.092		1.204		
Stress	-2.490	1.951		NA	
Exercise	NA	0.376	-0.964		NA
Hardiness	1.349	-1.835	NA	-0.579	NA

Modifikationsindizes > 4 versprechen eine signifikante Verbesserung des Fits, wenn man den entsprechenden Parameter im Modell berücksichtigt.

Die Beträge der standardisierten Residuen sollten nicht grösser als 2 sein.

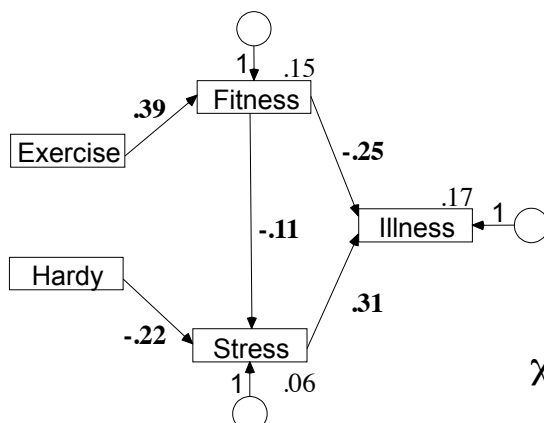
33

Obwohl der Fit des vereinfachten Modells gut ist, legen die Modifikationsindizes nahe, den Pfad "Fitness → Stress" wieder einzuführen. Es wird übrigens auch der Pfad in umgekehrter Richtung vorgeschlagen!

Hinweis: Auch wenn durch die Modifikationsindizes empfohlen wird, mehrere Beziehungen ins Modell aufzunehmen, sollte man schrittweise so vorgehen, dass man immer nur einen Parameter ins Modell aufnimmt und anschliessend wieder die MIs anschaut, bevor man den nächsten aufnimmt (inhaltliche Priorität beachten).

Der zusätzliche Pfad verbessert den Fit signifikant ($\chi^2(1)=5.17, p=.022$).

Standardisierte Lösung



```

model <- 'Fitness ~ Exercise
Illness ~ Fitness+Stress
Stress ~ Hardiness
Stress ~ Fitness
Exercise ~ 0*Hardiness'

```

```

fit3 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov,
sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group=Gruppe,
fixed.x=FALSE)
summary(fit3, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

```

```

anova(fit2, fit3) # Modellvergleich
modindices(fit3) # Modifikationsindizes

```

```

# Standardisierte Residuen

```

```

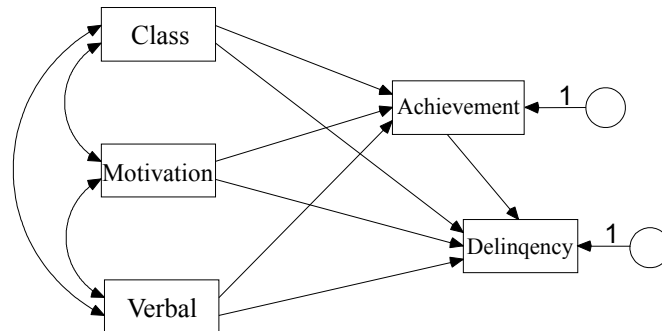
attributes(fit3@Data)$block.label <- fit3@Data@group.label
resid(fit3, "standardized")

```

$\chi^2(5) = 6.27, p = .281, \chi^2/df = 1.25, CFI = .992,$
 RMSEA = .026, PCLOSE < .704 ³⁴

3.8.2 Beispiel mit Gruppenvergleich

Lynam et al. (1993) vergleichen dasselbe Kausalmodell zur Vorhersage von delinquentem Verhalten an einer Stichprobe von 181 weissen und an einer Stichprobe von 214 schwarzen amerikanischen Jugendlichen. Die gemessenen Variablen und die postulierten Beziehungen zeigt untenstehendes Pfadmodell (vgl. Kline, 1998, S. 50 und 182).



Class, Motivation und Verbal wirken direkt und indirekt über Achievement auf Delinquency. Achievement ist somit eine **Mediatorvariable**. Wenn sich Gruppenunterschiede in Pfadkoeffizienten ergeben, so wirkt die Gruppierungsvariable als **Moderator**.

35

Vorgehen

Zuerst wird überprüft, ob alle einander entsprechenden Pfade gleichgesetzt werden können: Vergleich des Modells mit frei geschätzten Parametern (fit1) mit dem Modell mit gleichgesetzten Pfaden (fit2). Es zeigt sich, dass ausser zwei Pfaden alle gleichgesetzt werden können (fit3). Dieses Modell weist ein zu grosses standardisiertes Residuum für "Achievement" und "Delinquency" auf. Im nächsten Modell wird deshalb eine ungerichtete Beziehung zwischen "Achievement" und "Delinquency", d.h. die Kovarianz der Residuen dieser beiden Variablen geschätzt (fit4). Das Aufgeben der gerichteten Beziehung zwischen "Achievement" und "Delinquency" lässt sich dadurch begründen, dass nicht eindeutig klar ist, welches die Ursache und welches die Wirkung ist. Dies zeigt sich auch in den Modifikationsindizes des zweiten Modells, welche sowohl den Pfad "Achievement ~ Delinquency" als auch die Kovarianz "Achievement ~ Delinquency" vorgeschlagen. Der Unterschied in der Kovarianz der Residuen von "Achievement" und "Delinquency" wird getestet (fit5).

Modell mit frei geschätzten Parametern

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM2.txt", header=TRUE)
# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:5
Daten <- "Matrix" # Für Korrelationsmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 2 # Falls Korrelationsmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL
model <- 'Achievement~Class+Motivation+Verbal
Delinquency~Class+Motivation+Verbal+Achievement'
```

36

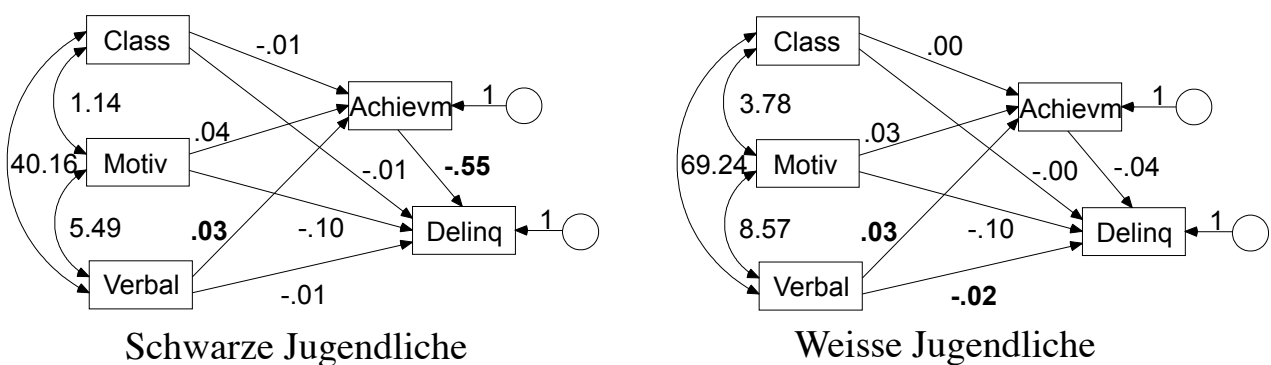
Die erste Matrix enthält die Daten der schwarzen Jugendlichen und die zweite Matrix die Daten der weissen Jugendlichen. Im Output werden diese Gruppen mit "Group 1" und "Group 2" bezeichnet.

```
# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)),]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs,
group=Gruppe, fixed.x=FALSE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

37

Modell mit freien Parametern (unstandardisierte Lösung)



Bei den schwarzen Jugendlichen hat nur "Achievement" einen signifikanten direkten Einfluss auf "Delinquency", bei den Weissen nur "Verbal". "Verbal" hat bei beiden Gruppen einen signifikanten Einfluss auf "Achievement". Bei den Schwarzen wirkt "Achievement" als Mediator (der indirekte Effekt -0.016 von Verbal auf "Delinquency" ist grösser als der direkte Effekt -0.10). Der grosse Gruppenunterschied beim Pfad "Achievement → Delinquency" deutet auf einen Moderatoreffekt hin.

38

Modell mit gleichgesetzten Pfaden: `group.equal="regressions"`

```
fit2 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group=Gruppe, group.equal="regressions", fixed.x=FALSE)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

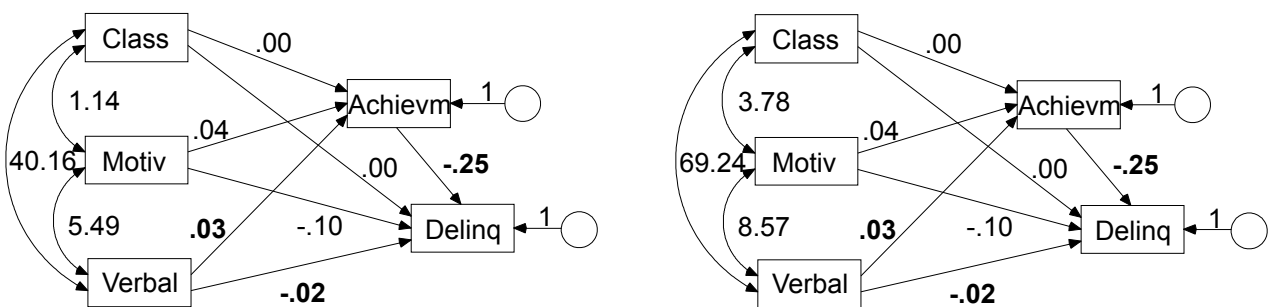
```
# Modellvergleich freie vs. gleichgesetzte Pfade
anova(fit1, fit2)
```

```
# Modifikationsindizes
modindices(fit2)
```

```
# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")
```

39

Unstandardisierte Lösung



Schwarze Jugendliche

Weisse Jugendliche

$$\chi^2(7) = 11.828, p = .106, \chi^2/df = 1.69, CFI = .974, \\ RMSEA = .059, PCLOSE = .342$$

Das Gleichsetzen der einander entsprechenden Pfade führt zwar zu keiner signifikanten Verschlechterung des Fits ($\Delta\chi^2(7) = 11.83, p = .106$). Durch Modellvergleiche lässt sich aber zeigen, dass sich die beiden Gruppen in den Pfaden "Delinquency~Achievement" und "Achievement~Class" unterscheiden. Deshalb werden im nächsten Modell diese Pfade wieder frei geschätzt.

40

Pfade "Delinquency~Achievement" und "Achievement~Class" frei schätzen

```
fit3 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,  
sample.nobs=sample.nobs, group=Gruppe, group.equal="regressions",  
group.partial=c("Delinquency~Achievement", "Achievement~Class"), fixed.x=FALSE)  
summary(fit3, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)  
  
# Modellvergleich  
anova(fit2, fit3)  
  
# Modifikationsindizes  
modindices(fit3)  
  
# Standardisierte Residuen  
attributes(fit3@Data)$block.label <- fit3@Data@group.label  
resid(fit3, "standardized")
```

Die beiden wieder frei geschätzten Pfade verbessern den Fit signifikant ($\Delta\chi^2(2) = 9.492$, $p = .009$). Das grosse standardisierte Residuum von "Delinquency-Achievement" in Gruppe 1 deutet jedoch darauf hin, dass das Modell trotz des guten Fits Mängel aufweist. Im nächsten Modell lassen wir die Beziehung zwischen Delinquency und Achievement unanalysiert

41

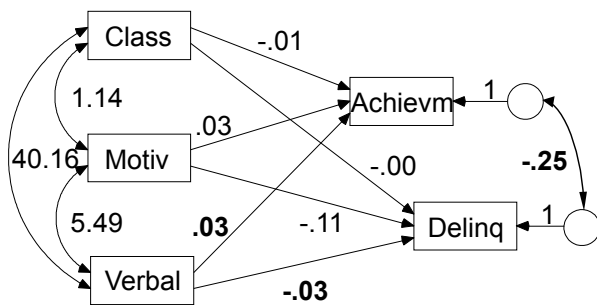
Unanalysierte (ungerichtete) Beziehung zwischen Delinquency und Achievement

```
model <- 'Achievement~Class+Motivation+Verbal  
Delinquency~Class+Motivation+Verbal  
Delinquency ~~ Achievement'  
fit4 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,  
sample.nobs=sample.nobs, group=Gruppe, group.equal="regressions",  
group.partial=c("Achievement~Class"), fixed.x=FALSE)  
summary(fit4, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)  
  
# Modifikationinsdizes  
modindices(fit4)  
  
# Standardisierte Residuen  
attributes(fit4@Data)$block.label <- fit4@Data@group.label  
resid(fit4, "standardized")
```

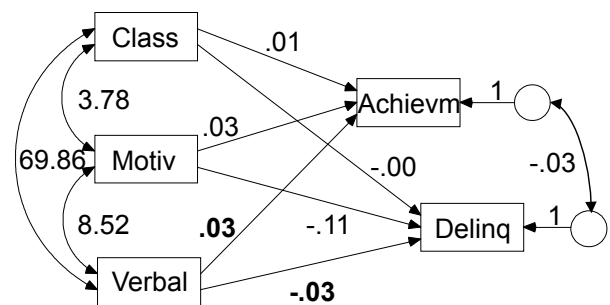
Da sich die gruppenspezifischen Kovarianzen der Residuen von "Delinquency" und "Achievement" unterscheiden und beide Variablen dieselben Prädiktoren haben, kann man sagen, dass ein Gruppenunterschied bezüglich der Partialkorrelationen dieser beiden Variablen besteht. Bei den schwarzen Jugendlichen ist dieser negative Zusammenhang signifikant, bei den weissen Jugendlichen nicht. Bei beiden Gruppen ist "Verbal" der wichtigste Prädiktor für "Delinquency" und "Achievement".

42

Unstandardisierte Lösung



Schwarze Jugendliche



Weisse Jugendliche

$$\chi^2(5) = 1.347, p = .930, \chi^2/df = 0.27, CFI = 1.000, \\ RMSEA = .000, PCLOSE = .975$$

43

Signifikanztest für den Unterschied der Kovarianzen Delinquency~~Achievement

```
model <- 'Achievement~Class+Motivation+Verbal
Delinquency~Class+Motivation+Verbal
Delinquency ~~ c(a, a)*Achievement'
```

```
fit5 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs,
group=Gruppe, group.equal="regressions", group.partial=c("Achievement~Class"), fixed.x=FALSE)
summary(fit5, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
# Modellvergleich
anova(fit4, fit5)
```

Das Gleichsetzen der Kovarianzen von "Achievement" und "Delinquency" verschlechtert den Fit signifikant ($\Delta\chi^2(1) = 4.561, p = .033$), d.h. die Partialkorrelationen unterscheiden sich signifikant.

Signifikanztest für den Unterschied der Intercepts von Achievement

Für diesen Vergleich sollten alle Pfade gleichgesetzt sein.

```
model <- 'Achievement~Class+Motivation+Verbal
Delinquency~Class+Motivation+Verbal
Delinquency ~~ Achievement'
```

```
fit6 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs,
group=Gruppe, group.equal="regressions", meanstructure=TRUE, fixed.x=FALSE)
```

```
model <- 'Achievement~Class+Motivation+Verbal
Delinquency~Class+Motivation+Verbal
Delinquency ~~ Achievement
Achievement ~ c(a, a)*1'
```

```
fit7 <- sem(model, data=Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs,
group=Gruppe, group.equal="regressions", meanstructure=TRUE, fixed.x=FALSE)
```

```
# Modellvergleich
anova(fit6, fit7)
```

Die Intercepts von "Achievement" unterscheiden sich nicht signifikant ($\Delta\chi^2(1) = 0.317, p = .574$). Auf analoge Weise lässt sich zeigen, dass sich die Intercepts von Delinquency nicht signifikant unterscheiden ($\Delta\chi^2(1) = 0.413, p = .520$).

44

4 Konfirmatorische Faktorenanalyse, Messmodelle

4.1 Einleitung

Im Unterschied zur explorativen Faktorenanalyse weiss man, welche Indikatorvariablen auf welchen Faktor laden sollten und auf welche nicht. Während bei einer explorativen Faktorenanalyse jede Indikatorvariable auf jeden Faktor laden kann, erzwingt man im Rahmen einer konfirmatorischen Faktorenanalyse, dass die Indikatorvariablen gemäss den Hypothesen nur auf gewisse Faktoren - meist nur auf einen - laden können. Zweck der konfirmatorischen Faktorenanalyse ist zu überprüfen, wie gut das hypothesenkonforme Modell dem Zusammenhangsmuster der Indikatorvariablen entspricht (Fit-Indices).

Konfirmatorische Faktorenanalysen können auch als Messmodelle aufgefasst werden, da das Ergebnis einer konfirmatorischen Faktorenanalyse angibt, durch welche Indikatorvariablen ein Faktor (Konstrukt) gemessen (operationalisiert) wird.

Wenn man ein Modell mit gerichteten Beziehungen zwischen latenten Variablen überprüfen will (hybrides Modell), sollte man zuerst das zugrunde liegende Messmodell, d.h. das Modell mit den ungerichteten Beziehungen zwischen den latenten Variablen testen. 45

Konfirmatorische Faktorenanalysen werden mit Hilfe von Spezial-Software gerechnet (z.B. AMOS, LISREL, R, Mplus).

Damit die Modellparameter geschätzt werden können, müssen gewisse Bedingungen erfüllt sein:

- 1) Anzahl der Parameter muss kleiner oder gleich gross sein wie die Anzahl der in der Kovarianzmatrix enthaltenen Varianzen und Kovarianzen.
- 2) Einfaktorielle Modelle mindestens 3 Indikatorvariablen
Mehrfaktorielle Modelle mindestens 2 Indikatorvariablen
- 3) Pfade zwischen Messfehlern und Indikatoren werden auf 1 gesetzt
- 4) Pro Faktor wird ein Pfad zu einer Indikatorvariable auf 1 gesetzt

In der Regel geht man von korrelierten Faktoren aus.

4.2 Beispiele

4.2.1 Beispiel 1 ohne Gruppenvergleich

Es soll überprüft werden, ob 6 Schulleistungen durch die beiden Faktoren "verbale Fähigkeiten" (V) und "quantitative Fähigkeiten" (Q) erklärt werden können. Es wird davon ausgegangen, dass die Noten in Mathematik (M), Physik (P) und Chemie (C) durch den Faktor Q und die Noten in Deutsch (D), Geschichte (G) und Französisch (F) durch den Faktor V erklärt werden (vgl. Sharma, 1996, S. 165).

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM3.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:6
Daten <- "Matrix"      # Für Korrelationsmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 1        # Falls Korrelationsmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL        # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

model <- 'V =~ Deutsch+Geschichte+Französisch
          Q =~ Mathematik+Physik+Chemie'
```

47

```
# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL
} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+1, 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+2,]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+4:(i*ncol(data)+3),]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*ncol(data)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}

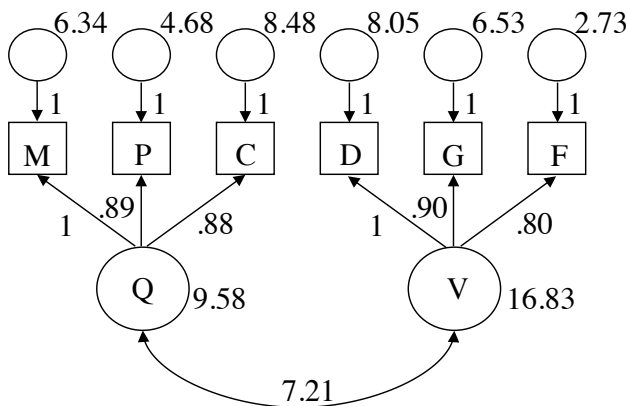
# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit1) # Modifikationsindizes

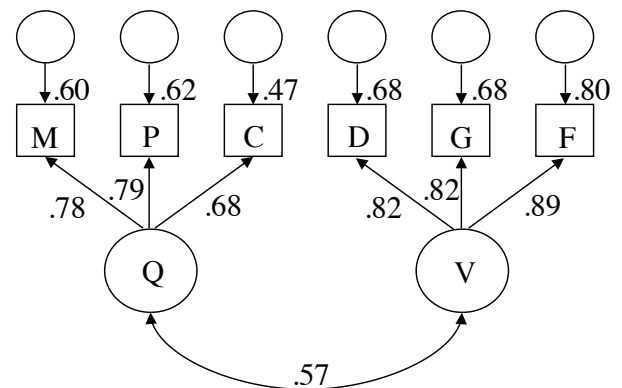
# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")
```

48

Bei der standardisierten Lösung sind die Varianzen der Indikator- und Konstruktvariablen auf 1 gesetzt.



Unstandardisierte Lösung



Standardisierte Lösung

$$\chi^2(8) = 6.08, p = .638, \chi^2/df = 0.760, CFI = 1.000, \\ RMSEA < .001, PCLOSE = .868$$

Dem Output kann man entnehmen, dass alle Indikatorladungen und die Korrelation zwischen den Faktoren signifikant sind.

49

Wenn man zusätzlich noch Mathematik (M) auf verbale Fähigkeiten (V) laden lässt, erhält man befriedigende standardisierte Residuen.

```
model <- 'V =~ Deutsch+Geschichte+Französisch+Mathematik
Q =~ Mathematik+Physik+Chemie'
```

```
fit2 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
# Modifikationsindizes
modindices(fit2)
```

```
# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")
```

```
# Modellvergleich
anova(fit1, fit2)
```

50

4.2.2 Beispiel 2 ohne Gruppenvergleich

Worland et al. (1984) untersuchten die Auswirkung familiärer Risikofaktoren auf die kognitive und schulische Anpassung von Kindern (vgl. Kline, 1998, S. 252). Von 158 Schülern wurden

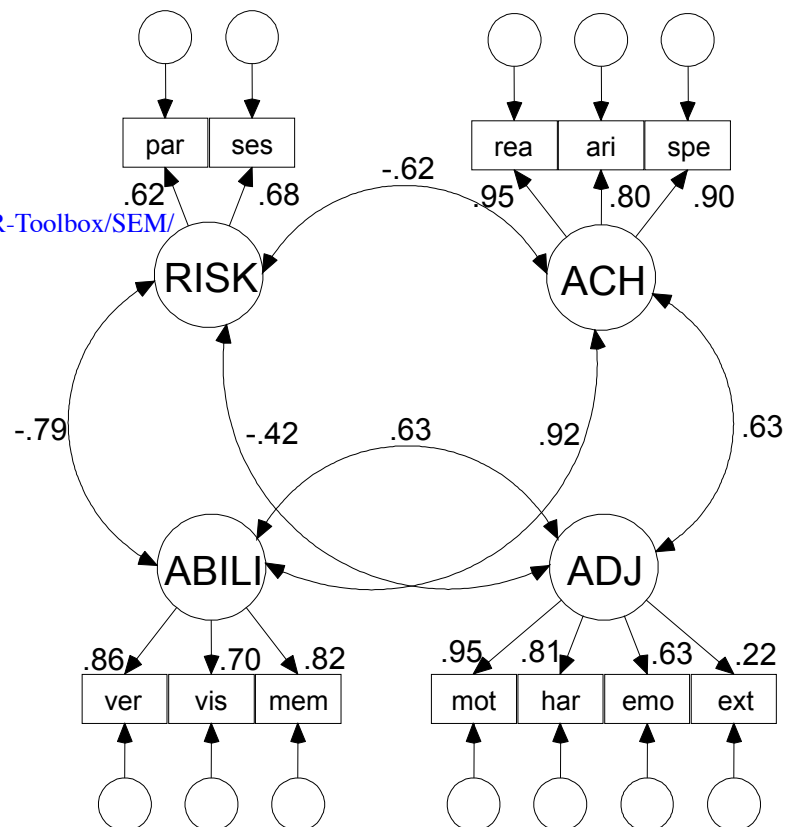
- zwei Indikatoren für familiäres Risiko → RISK (parental psychopathology (par), low family socioeconomic status (ses)),
- drei Indikatoren für die kognitiven Fähigkeiten der Schüler → ABILI (verbal (ver), visual-spatial (vis), memory (mem)),
- drei Indikatoren für schulische Leistung → ACH (reading (rea), spelling (spe), arithmetic (ari)),
- und vier Indikatoren für schulische Anpassung → ADJ (teacher reports of scholastic motivation (mot), extraversion (ext), harmony of social relationships (har), emotional stability (emo)) erhoben.

Zuerst wird ein vierfaktorielles Modell mit korrelierten Faktoren gerechnet. Anschliessend wird durch Berücksichtigung zusätzlicher Parameter versucht, den Fit des Modells zu verbessern.

51

Vierfaktorielles Modell (standardisierte Lösung)

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/
SEM4.txt", header=TRUE)
# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:12
Daten <- "Matrix"
n.gruppen <- 1
Gruppe <- NULL
model <- 'RISK =~ par+ses
ACH =~ rea+ari+spe
ABILI =~ ver+vis+mem
ADJ =~ mot+har+emo+ext'
```



$\chi^2(48) = 177.79, p < .000, \chi^2/df = 3.70, CFI = .894,$
 $RMSEA = .131, PCLOSE < .000$ 52

```

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL
} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)) ,]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")

```

53

Der Fit des vierfaktoriellen Modells ist ungenügend.

Verbesserungsmöglichkeiten:

- Die Faktoren ABILI und ACH korrelieren zu .92, d.h. sie sind sehr redundant. Es empfiehlt sich, diese Faktoren zu einem Faktor "cognitive ability" (CA) zusammenzufassen.
- Die Faktorladung für den Indikator "Extraversion" (ext) ist mit .22 sehr gering. Da dieser Indikator auch nicht auf einen der andern Faktoren hoch lädt, wird er weggelassen.
- Anhand der Modifikationsindices ist zu erkennen, dass die Messfehler einiger Indikatorvariablen korrelieren. Dies kann auftreten, wenn beide Indikatoren eine gemeinsame Ursache haben, die im Modell nicht berücksichtigt ist. Wir berücksichtigen die stärksten dieser Korrelationen.

54

Dreifaktorielles Modell

```

model <- 'RISK =~ par+ses      # Messmodelle
CA =~ rea+ari+spe+ver+vis+mem
ADJ =~ mot+har+emo
rea ~~ spe
spe ~~ ver
ver ~~ mem
ver ~~ vis
ari ~~ mot
par ~~ ari'

fit2 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)

summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit2) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

```

55

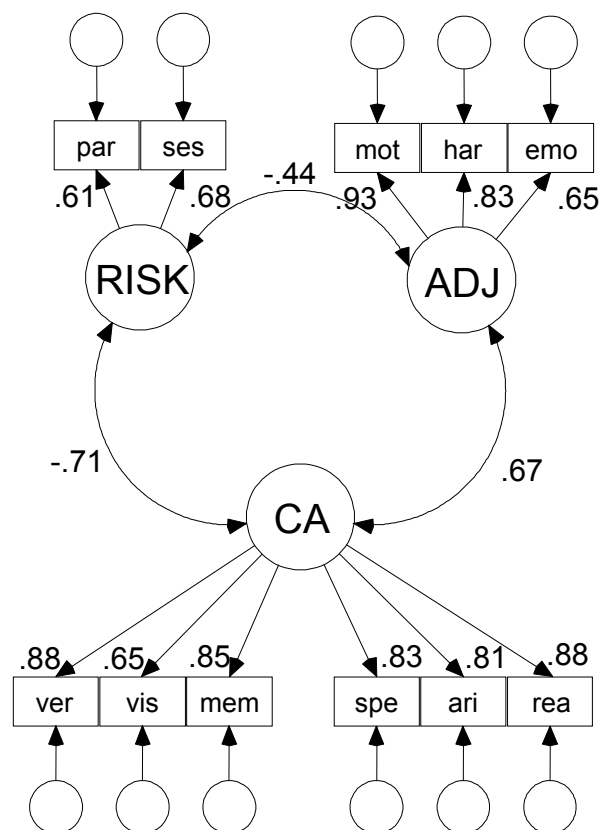
Standardisierte Lösung, korrelierte
Residuen nicht eingezeichnet

Variablenbezeichnungen

RISK: **Familial Risk**
par: Parental Psychopathology
ses: Low Family SES

ADJ: **Classroom Adjustment**
mot: Scholastic Motivation
har: Harmony
emo: Emotional Stability

CA: **Cognitive Achievement**
ver: Verbal
vis: Visual-Spatial
mem: Memory
spe: Spelling
ari: Arithmetic
rea: Reading



$\chi^2(35) = 45.88, p = .103, \chi^2/df = 1.31, CFI = .991,$
RMSEA = .044, PCLOSE = .577

56

Die Fit-Masse des dreifaktoriellen Modells sind besser als diejenigen des Ausgangsmodells. Eine statistische Überprüfung dieser Verbesserung über die Differenz der χ^2 -Werte ist jedoch nicht möglich, da es sich nicht um **hierarchische Modelle** handelt.

Modelle sind hierarchisch, wenn sie durch das Weglassen oder Hinzufügen von Pfaden ineinander überführbar sind. Ein Indikator lässt sich jedoch auf diese Weise nicht in ein Modell einführen oder entfernen.

Zum Vergleich nichthierarchischer Modelle kann das Akaike Informationskriterium AIC verwendet werden. Das AIC hängt stark mit χ^2 zusammen, es wird jedoch die Modellkomplexität mitberücksichtigt.

Je kleiner AIC, desto besser der Fit.

Vierfaktorielles Modell (fit1): AIC=4320.14

Dreifaktorielles Modell (fit2): AIC=3821.62

Es gibt jedoch keinen statistischen Test zur Überprüfung des Unterschiedes der AICs.

4.2.3 Beispiel 1 mit Gruppenvergleich

Wenn man ein **Modell ohne Mittelwertstruktur** schätzt, sollte man sicherstellen, dass der Fit des Modells ohne gleichgesetzte Parameter gut ist (konfigurale Invarianz). Anschliessend kann man prüfen, ob die einander entsprechenden Ladungen über die Gruppen hinweg gleichgesetzt werden können, ohne dass sich der Fit signifikant verschlechtert (schwache oder metrische Invarianz). Falls diese Restriktion ohne grossen Verlust möglich ist, kann man überprüfen, ob auch die einander entsprechenden Residuen gleichgesetzt werden können.

Wenn man ein **Modell mit Mittelwertstruktur** testet, um Gruppenunterschiede in den Mittelwerten der latenten Variablen zu überprüfen, muss die konfigurale und die metrische Invarianz gegeben sein. Darüber hinaus, sollten auch die einander entsprechenden Intercepts gleichgesetzt werden können, ohne dass sich der Fit signifikant verschlechtert (starke Invarianz, Skalarinvarianz). Wenn man auch die einander entsprechenden Residuen gleichsetzen kann, spricht man von strikter Invarianz.

59

Der Datensatz enthält die Ergebnisse verschiedener Fähigkeitstests von Kindern im siebten und achten Schuljahr aus zwei verschiedenen Schulen (Pasteur, Grant-White). Es wird eine dreifaktorielle konfirmatorische Faktorenanalyse spezifiziert. Der Faktor "visual" ist durch die Indikatoren "visual perception" (x1), "cubes" (x2), "lozenges" (x3), der Faktor "textual" durch "paragraph comprehension" (x4), "Sentence completion" (x5), "word meaning" (x6) und der Faktor "speed" durch "speeded addition" (x7), "speeded counting of dots" (x8), "speeded discrimination straight and curved capitals" (x9) definiert. Die Gruppenvariable ist "school" mit den Stufen "Pasteur" und "Grant-White". Es soll geprüft werden, ob es Gruppenunterschiede in den Mittelwerten der drei Faktoren gibt.

Zuerst wird das Modell mit freien Parametern geschätzt und soweit verbessert, bis der Fit akzeptabel ist (konfigurale Invarianz). Dann werden die einander entsprechenden Ladungen gleichgesetzt (schwache oder metrische Invarianz). Je nachdem müssen einzelne Ladungen wieder freigesetzt werden. Anschliessend werden die einander entsprechenden Intercepts gleichgesetzt (starke Invarianz, Skalarinvarianz). Auch hier müssen eventuell einzelne Intercepts wieder freigesetzt werden. Zum Schluss werden die Mittelwerte der latenten Variablen gleichgesetzt, um zu prüfen, ob es signifikante Gruppenunterschiede gibt.

60

Modell mit freien Parametern (konfigurale Invarianz)

Anhand dieses Modells werden Möglichkeiten der Modellverbesserung gesucht.

```
# Datensatz einlesen
library(lavaan); data <- HolzingerSwineford1939

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:15
Daten <- "Rohdaten" # Für Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 2 # Falls Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- "school" # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

# Modell spezifizieren
model <- 'visual =~ x1 + x2 + x3
          textual =~ x4 + x5 + x6
          speed =~ x7 + x8 + x9'

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+1, 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+2,]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+4:(i*ncol(data)+3)) ,]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr[upper.tri(matr)])
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*ncol(data)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}
```

61

```
# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")
```

Der Fit dieses Modells ist ungenügend ($\chi^2(48) = 116.19$, $p < .001$). Anhand der Modifikationsindizes ist zu erkennen, dass gewisse Indikatoren nicht nur auf einen Faktor laden. Pro zusätzlichen Parameter wurde das Modell neu gerechnet und anhand des Fits, der Modifikationsindizes und der standardisierten Residuen entschieden, welcher zusätzliche Parameter im nächsten Modell aufgenommen wird. Die zusätzlichen Parameter sollten inhaltlich sinnvoll interpretierbar sein (vgl. nächste Folie).

Modifiziertes Modell

```
model <- 'visual =~ x1 + x2 + x3 + x8 + x9
          textual =~ x4 + x5 + x6 + x1
          speed =~ x7 + x8 + x9'

fit2 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit2) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

anova(fit1, fit2) # Modellvergleich
```

62

Die Indikatoren x9 "speeded discrimination straight and curved capitals" und x8 "speeded counting of dots" laden in beiden Gruppen signifikant auf die Faktoren "visual" und "speed", was inhaltlich durchaus nachvollziehbar ist.

Bei der Gruppe "Pasteur" lädt der Indikator x1 "visual perception" signifikant auf die Faktoren "visual" und "textual"; bei der Gruppe "Grant-White" nur auf den Faktor "visual". Dies könnte Sinn machen, wenn man davon ausgeht, dass die Schüler von "Pasteur" deutlich leseschwächer sind als diejenigen von "Grant-White".

Die Modifikationsindices legen die Berücksichtigung der Korrelation der Residuen von x4 und x6 nahe. Dies führt jedoch dazu, dass die Varianzen der Residuen von x4 und x6 der Gruppe Pasteur negativ geschätzt werden, was keinen Sinn macht. Bei andern Kandidaten korrelierter Residuen konvergiert die Lösung nicht.

Wir verzichten auf weitere, nur schwer begründbare Modellverbesserungen.

Dieses Modell entspricht den Daten besser ($\chi^2(42) = 57.88$, $p = .052$). Die Verbesserung des Fits ist signifikant ($\Delta\chi^2(6) = 58.31$, $p < .001$).

63

Modell mit gleichgesetzten Ladungen (schwache Invarianz)

```
fit3 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =  
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings"))  
anova(fit2, fit3) # Modellvergleich
```

Dass sich die beiden Modelle nicht signifikant unterscheiden, spricht zwar für die schwache Invarianz ($\Delta\chi^2(9) = 12.044$, $p = .211$). Es fällt aber auf, dass die Ladung von x1 auf "textual" in der Gruppe "Pasteur" deutlich grösser ist als in der Gruppe "Grant-White", vgl. fit2. Wir schätzen deshalb diese Ladung wieder frei.

```
fit4 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =  
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings"), group.partial=c("textual =~ x1"))  
anova(fit3, fit4) # Modellvergleich
```

Dies führt zu einer signifikanten Verbesserung des Fits ($\Delta\chi^2(1) = 5.037$, $p = .025$).

64

Modell mit zusätzlich gleichgesetzten Intercepts (starke Invarianz)

```
fit5 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("textual =~ x1"))
```

```
anova(fit4, fit5) # Modellvergleich
```

Die starke Invarianz ist nicht gegeben, d.h. gewisse Intercepts müssen wieder frei geschätzt werden ($\Delta\chi^2(6) = 40.747$, $p < .001$). Wir schätzen die Intercepts von x3 und x7 frei.

```
fit6 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("textual =~ x1", "x3 ~ 1", "x7 ~
1"))
```

```
anova(fit4, fit6) # Modellvergleich
```

Bis auf die beiden wieder frei geschätzten Intercepts ist die starke Invarianz erfüllt ($\Delta\chi^2(4) = 6.250$, $p = .181$).

Output für das letzte Modell, vgl. nächste Folie

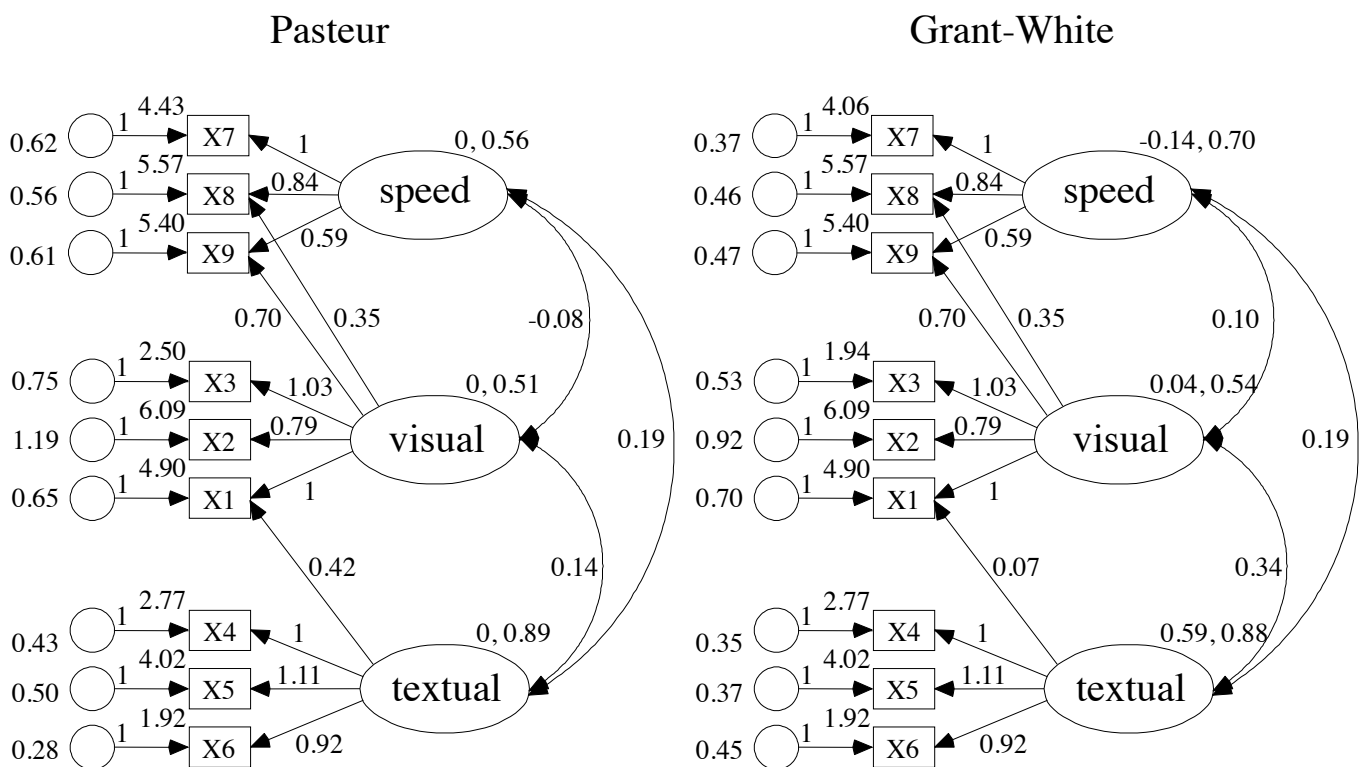
```
summary(fit6, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
# Modifikationsindizes
modindices(fit6)
```

```
# Standardisierte Residuen
```

```
attributes(fit6@Data)$block.label <- fit6@Data@group.label
resid(fit6, "standardized")
```

65



$\chi^2(54) = 71.132$, $p = .059$, $\chi^2/df = 1.317$, CFI = .981,
RMSEA = .046, PCLOSE = .568

66

Vergleich der Mittelwerte der latenten Variablen

Die Mittelwerte der ersten Gruppe (Pasteur) werden auf Null gesetzt und die andern frei geschätzt (Referenzgruppe). Wenn nur zwei Gruppen verglichen werden, kann man bei den andern Gruppen unter "Intercepts" schauen, welche Mittelwerte sich signifikant von denjenigen der Referenzgruppe unterscheiden. In unserem Beispiel ist dies nur bei "textual" der Fall. Der Mittelwert von Grant-White ist 0.59 höher als derjenige von Pasteur ($z = 5.018$, $p < 0.001$).

Bei mehr als zwei Gruppen kann man die Mittelwerte einer latenten Variablen über alle Gruppen auf Null setzen und testen, ob sich dadurch der Fit signifikant verschlechtert.

Beispiel für "textual"

```
model <- 'visual =~ x1 + x2 + x3 + x8 + x9
         textual =~ x4 + x5 + x6 + x1
         speed  =~ x7 + x8 + x9
         textual ~ 0'
```

```
fit7 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("textual =~ x1", "x3 ~ 1", "x7 ~
1"))
```

```
anova(fit6, fit7) # Modellvergleich
```

Die Mittelwerte von "textual" unterscheiden sich signifikant ($\Delta\chi^2(1) = 24.849$, $p < .001$).

4.2.4 Beispiel 2 mit Gruppenvergleich

In einer von Sörbom reanalysierten Studie von Holzinger & Swineford (1939) soll überprüft werden, ob sich in drei IQ-Dimensionen (Space, Verbal, Memory) Unterschiede in Abhängigkeit der Schulzugehörigkeit (Pasteur, Grant-White) und den arithmetischen Fähigkeiten (low, high) nachweisen lassen. Die Schüler jeder Schule werden anhand des Medians eines Additionstests in zwei Gruppen unterteilt (low, high) (vgl. Jöreskog & Sörbom, 1993, S. 70f).

Im Datensatz sind die Matrizen wie folgt geordnet:
Pasteur Low, Pasteur High, Grant Low, Grant High

Die latenten Variablen Space, Verbal und Memory wurden über je drei Indikatorvariablen erfasst:

- Space: visual perception (vis.perc), Cubes (cubes), paper form board (paper)
- Verbal (general information (gen.info), sentence completion (sen.comp), word classification (word.cla))
- MEMORY (figure recognition (fig.rec) object number (obj.num), number-figure (numb.fig))

69

Modell mit freien Parametern (konfigurale Invarianz)

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM6.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:9
Daten <- "Matrix"      # Für Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 4        # Falls Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL        # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

# Modell spezifizieren
model <- 'Space=~vis.perc+cubes+paper
          Verbal=~gen.info+sen.comp+word.cla
          Memory=~fig.rec+object.num+numb.fig'

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
  data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
  Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL} else {
  data <- as.matrix(data)
  Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
  Means <- vector("list", length=n.gruppen)
  N <- vector(length=n.gruppen)
  for (i in 1:n.gruppen) {
    # Stichprobengroesse einlesen
    N[i] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+1, 1]
    # Mittelwerte einlesen
    Means[[i]] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+2,]
    # Dreiecksmatrix einlesen
    matr <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+4:(i*ncol(data)+3),]
    # Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
    matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
    # Standardabweichungen einlesen
    SD <- as.matrix(data[(i-1)*ncol(data)+3,])
    # Kovarianzmatrix berechnen
    matr <- SD%*%t(SD)*matr
    rownames(matr) <- colnames(data)
    Matrix[[i]] <- matr
  }
  data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
  Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}
```

70

```

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")

```

Der Fit dieses Modells ist ungenügend ($\chi^2(96) = 124.78$, $p = .026$). Zusätzlich erscheint die Warnung, dass die Kovarianzmatrix der latenten Variablen der vierten Gruppe nicht positiv definit ist, d.h. nicht alle Eigenwerte dieser Matrix sind grösser als null, was aber bei einer Kovarianzmatrix der Fall sein sollte.

Vergleiche:

```

inspect(fit1,"cov.lv")
COV <- matrix(c(0.429, 0.310, 0.396, 0.310, 0.610, 0.161, 0.396, 0.161, 0.397), nrow=3, byrow=TRUE)
eigen(COV)

```

Interessanterweise tritt das Problem nicht mehr auf, wenn man die einander entsprechenden Ladungen gleichsetzt (schwache Invarianz). Darüber hinaus ist jetzt der Fit knapp genügend ($\chi^2(114) = 134.82$, $p = .089$).

```

# Modell rechnen
fit2 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings"))
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit2) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

```

71

Für den Vergleich der Mittelwerte der latenten Variablen sollte man auch die einander entsprechenden Intercepts gleichsetzen können (starke Invarianz). Dies führt aber zu einer signifikanten Verschlechterung des Fits ($\Delta\chi^2(18) = 60.51$, $p < .001$).

```

# Modell rechnen
fit3 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"))
# Modellvergleich
anova(fit2, fit3)

```

Wenn wir die Intercepts von "fig.rec", "sen.comp" und "obj.num" wieder frei schätzen lassen, verbessert sich der Fit signifikant ($\Delta\chi^2(9) = 51.78$, $p < .001$) und der Fit des Modells bleibt genügend ($\chi^2(123) = 143.55$, $p = .099$).

```

# Modell rechnen
fit4 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("fig.rec~1", "sen.comp~1",
"object.num~1"))
summary(fit4, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

# Modellvergleich
anova(fit3, fit4)

```

72

Schätzwerte für die Parameter

Untenstehende Tabelle enthält in den Spalten "Space", "Verbal" und "Memory" die über alle Gruppen gleichgesetzten Faktorladungen. Die Fehlervarianzen der Indikatorvariablen wurden frei geschätzt und sind in der Reihenfolge Pasteur Low, Pasteur High, Grant Low, Grant High angegeben. Dasselbe gilt für die drei frei geschätzten Intercepts.

Test	Space	Verbal	Memory	Error Variance	Intercept
Visual Perception	1.00	0	0	0.24, 0.53, 0.33, 0.58	4.20
Cubes	0.52	0	0	1.21, 0.67, 0.87, 0.61	5.19
Paper Form Board	0.64	0	0	0.73, 0.82, 0.61, 0.82	4.99
General Information	0	1.00	0	0.31, 0.33, 0.38, 0.43	2.99
Sentence Completion	0	1.09	0	0.29, 0.31, 0.23, 0.25	3.20, 2.96, 2.96, 2.59
Word Classification	0	0.95	0	0.43, 0.43, 0.39, 0.52	4.44
Figure Recognition	0	0	1.00	0.98, 0.83, 0.41, 0.54	13.42, 13.57, 13.91, 13.41
Object-Number	0	0	0.88	0.72, 0.98, 0.49, 0.81	1.74, 2.09, 1.49, 2.10
Number-Figure	0	0	1.09	0.74, 0.74, 0.45, 0.40	2.10

73

Varianzen und Kovarianzen der latenten Variablen

Schule		Low			High		
		Space	Verbal	Memory	Space	Verbal	Memory
Pasteur	Space	0.85			0.37		
	Verbal	0.28	0.70		0.30	0.64	
	Memory	0.26	0.10	0.32	0.03	0.09	0.22
Grant-White	Space	0.57			0.51		
	Verbal	0.36	0.57		0.29	0.53	
	Memory	0.24	0.21	0.25	0.42	0.15	0.40

Mittelwerte der latenten Variablen

Gruppe	Space	Verbal	Memory
Pasteur Low	0.00	0.00	0.00
Pasteur High	0.04	0.39*	0.06
Grant_White Low	0.10	0.75**	-0.21
Grant-White High	0.08	1.18**	0.31

Vergleiche mit der Gruppe "Pasteur Low": * p < .05, ** p < .001

74

Um wie bei einer einfaktoriellen Varianzanalyse zu überprüfen, ob sich die Gruppenmittelwerte eines Faktors unterscheiden, setzt man alle Mittelwerte dieses Faktors auf Null und prüft den Unterschied im Fit über die Differenz zum χ^2 -Wert des Modells mit freien Mittelwerten.

```
# Modell mit Null gesetzten Mittelwerten von Space
model <- 'Space=~vis.perc+cubes+paper
         Verbal=~gen.info+sen.comp+word.cla
         Memory=~fig.rec+object.num+numb.fig
         Space ~ 0 # Alle Gruppenmittelwerte von Space Null setzen'

# Modell rechnen
fit5 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group
= Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("fig.rec~1", "sen.comp~1",
"object.num~1"))
# Modellvergleich
anova(fit4, fit5)
```

	χ^2	df	$\Delta\chi^2$	Δdf	p
Vergleichsmodell mit freien Mittelwerten	143.55	123			
Alle Mittelwerte von "Space" = 0	143.98	126	0.43	3	.934
Alle Mittelwerte von "Verbal" = 0	202.24	126	58.68	3	< .001
Alle Mittelwerte von "Memory" = 0	155.97	126	12.42	3	.006

Die vier Gruppen unterscheiden sich sowohl in den verbalen Fähigkeiten als auch in den Gedächtnisleistungen. Die Unterschiede im räumlichen Denken sind jedoch nicht signifikant. 75

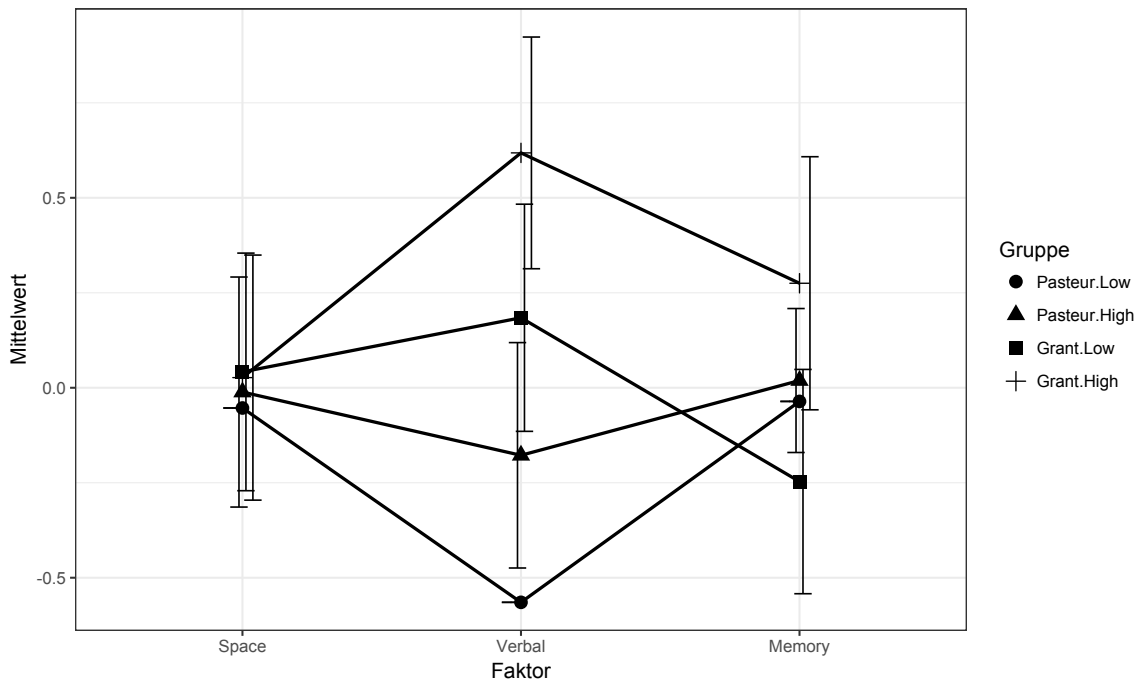
Um die Mittelwerte vergleichbar zu machen, werden die Mittelwerte pro Faktor so skaliert, dass der gewichtete Mittelwert über alle Gruppen für jeden Faktor Null wird. Dies führt zu folgender Gleichung:

$$\sum_{j=1}^J n_j \cdot (\bar{x}_j + \alpha) = 0$$

Durch α wird die Skala so verschoben, dass die Summe der gewichteten Mittelwerte Null wird. Löst man die Gleichung nach α auf, erhält man:

$$\alpha = - \frac{\sum_{j=1}^J n_j \cdot \bar{x}_j}{\sum_{j=1}^J n_j}$$

Profile der Faktormittelwerte mit 95%-Konfidenzintervallen



Für die Referenzgruppe "Pasteur Low" werden keine Standardfehler geschätzt. Bei den verbalen Fähigkeiten sind die Unterschiede am grössten (vgl. auch Tabelle der Mittelwerte incl. Signifikanzen). Die Schüler von Pasteur haben niedrigere Verbalwerte als diejenigen von Grand-White. Bei beiden Schulen haben die Kinder mit niedrigeren Werten im Additionstest auch niedrigere Verbalwerte.

77

Testen speziell definierter Parameter

Haupteffekt "Schule" für "Verbal"

```
model <- 'Space=~vis.perc+cubes+paper
Verbal=~gen.info+sen.comp+word.cla
Memory=~fig.rec+object.num+numb.fig
Verbal ~ c(a, b, c, d)*1
HE.Schule := (a+b)-(c+d)'
```

```
fit6 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("fig.rec~1", "sen.comp~1",
"object.num~1"))
```

```
summary(fit6, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

Haupteffekt "arithmetische Fähigkeiten niedrig vs. hoch" für "Verbal"

```
model <- 'Space=~vis.perc+cubes+paper
Verbal=~gen.info+sen.comp+word.cla
Memory=~fig.rec+object.num+numb.fig
Verbal ~ c(a, b, c, d)*1
HE.aF := (a+c)-(b+d)'
```

```
fit7 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("fig.rec~1", "sen.comp~1",
"object.num~1"))
```

```
summary(fit7, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

Interaktionseffekt "Schule x arithmetische Fähigkeiten" für "Verbal"

```
model <- 'Space=~vis.perc+cubes+paper
Verbal=~gen.info+sen.comp+word.cla
Memory=~fig.rec+object.num+numb.fig
Verbal ~ c(a, b, c, d)*1 # Alle Gruppenmittelwerte von Space Null setzen
Interaktion.Schle.aF := (a-b)-(c-d)'
```

```
fit8 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"), group.partial=c("fig.rec~1", "sen.comp~1",
"object.num~1"))
```

```
summary(fit8, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

78

5 Hybride Modelle

5.1 Einleitung

Im Unterschied zu den Pfadmodellen enthalten hybride Modelle auch gerichtete Beziehungen zwischen latenten Variablen.

Man kann sich hybride Modelle als Kombination von Messmodellen und einem Strukturmodell vorstellen.

Jede latente Variable wird in Form eines **Messmodells** definiert, d.h. es wird spezifiziert, welche Variablen Indikatoren für welches Konstrukt sind.

Wenn der Fit des Messmodells gut ist, führt man zwischen den latenten Variablen die vorgesehenen Kausalbeziehungen ein und überprüft das **Strukturmodell**.

79

Identifikation

Notwendige Bedingungen

- Auch hybride Modelle dürfen nicht mehr Parameter enthalten als die Anzahl Varianzen und Kovarianzen der Kovarianzmatrix.
- Jeder Faktor muss mindestens 2 Indikatoren haben.
- Jeder Faktor muss skaliert sein, d.h. eine Faktorladung auf 1 setzen.

Die Anzahl zu schätzender Parameter ergibt sich aus (1) der Anzahl Varianzen und Kovarianzen der exogenen latenten Variablen, (2) Faktorladungen (die auf 1 gesetzten nicht mitzählen) und Fehlervarianzen der Indikatoren, (3) direkte Effekte zwischen latenten Variablen, (4) Fehlervarianzen der endogenen latenten Variablen, (5) Kovarianzen zwischen Messfehlern.

Hinreichende Bedingung

Wenn das Messmodell identifiziert ist, kann man den strukturellen Teil des Modells überprüfen, indem man die Beziehungen zwischen den latenten Variablen nach den gleichen Kriterien wie bei Pfadmodellen analysiert.

80

5.2 Beispiele

5.2.1 Beispiel 1 ohne Gruppenvergleich

Weiterführung des auf Folie 51 beschriebenen Beispiels. Nachdem ein Messmodell mit befriedigendem Fit entwickelt wurde, soll überprüft werden, ob "Cognitive Achievement" eine Mediatorvariable für die Wirkung von "Risk" auf "Classroom Adjustment" ist.

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM4.txt", header=TRUE)
```

```
# Variablen spezifizieren
```

```
Variablen <- 1:12
```

```
Daten <- "Matrix"
```

```
n.gruppen <- 1
```

```
Gruppe <- NULL
```

```
model <- '# Messmodelle
          RISK =~ par+ses
          CA =~ rea+ari+spe+ver+vis+mem
          ADJ =~ mot+har+emo
          # Pfade
          CA ~ RISK
          ADJ ~ CA
          # korrelierte Residuen
          rea ~~ spe
          spe ~~ ver
          ver ~~ mem
          ver ~~ vis
          ari ~~ mot
          par ~~ ari'
```

81

```
# Datensatz data2 für die Analyse
```

```
if (Daten=="Rohdaten") {
```

```
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
```

```
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL
```

```
} else {
```

```
data <- as.matrix(data)
```

```
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
```

```
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
```

```
N <- vector(length=n.gruppen)
```

```
for (i in 1:n.gruppen) {
```

```
# Stichprobengroesse einlesen
```

```
N[i] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+1, 1]
```

```
# Mittelwerte einlesen
```

```
Means[[i]] <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+2,]
```

```
# Dreiecksmatrix einlesen
```

```
matr <- data[((i-1)*ncol(data)+3)+4):(i*ncol(data)+3),]
```

```
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
```

```
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
```

```
# Standardabweichungen einlesen
```

```
SD <- as.matrix(data[(i-1)*ncol(data)+3,])
```

```
# Kovarianzmatrix berechnen
```

```
matr <- SD%*%t(SD)*matr
```

```
rownames(matr) <- colnames(data)
```

```
Matrix[[i]] <- matr}
```

```
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
```

```
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}
```

```
# Modell rechnen
```

```
library(lavaan)
```

```
fit1 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
```

```
Gruppe)
```

```
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
modindices(fit1) # Modifikationsindizes
```

```
# Standardisierte Residuen
```

```
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
```

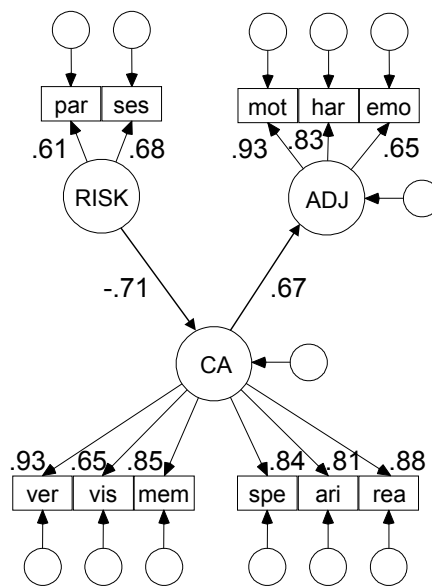
```
resid(fit1, "standardized")
```

82

Standardisierte Lösung, korrelierte Residuen nicht eingezeichnet

Variablenbezeichnungen

Risk:	Familial Risk
par:	Parental Psychopathology
ses:	Low Family SES
ADJ:	Classroom Adjustment
mot:	Scholastic Motivation
har:	Harmony
emo:	Emotional Stability
CA:	Cognitive Achievement
ver:	Verbal
vis:	Visual-Spatial
mem:	Memory
spe:	Spelling
ari:	Arithmetic
rea:	Reading



$$\chi^2(36) = 46.13, p = .120, \chi^2/df = 1.281, CFI = .991, RMSEA = .042, PCLOSE = .617$$

83

Da die Modifikationsindizes von RISK \sim ADJ, ADJ \sim RISK und RISK \sim ADJ niedrig sind, können wir die Beziehung zwischen RISK und ADJ weglassen, ohne dass der Fit deutlich schlechter wird.

Überprüfen, des indirekten Effektes "ind" von RISK auf ADJ

Zu diesem Zweck müssen wir testen, ob sich das Produkt der beiden Pfadkoeffizienten signifikant von null unterscheidet.

```

model <- '# Messmodelle
RISK =~ par+ses
CA =~ rea+ari+spe+ver+vis+mem
ADJ =~ mot+har+emo
# Pfade
CA ~ a*RISK
ADJ ~ b*CA
# korrelierte Residuen
rea ~~ spe
spe ~~ ver
ver ~~ mem
ver ~~ vis
ari ~~ mot
par ~~ ari
# Test für den indirekten Effekt
ind := a*b'

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit2 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group
= Gruppe)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

```

Der indirekte Effekt "ind" ist signifikant ($z=4.559, p < .001$), d.h. der ungünstige Einfluss von RISK auf ADJ erfolgt fast ausschliesslich über die Mediatorvariable CA.

84

5.2.2 Beispiel 2 ohne Gruppenvergleich

Soziologen haben oft untersucht, wie Peers (gute Freunde) Entscheidungen von Jugendlichen beeinflussen und festgestellt, dass die Beziehung reziprok sein muss, d.h. wenn mein bester Freund meine Entscheidung beeinflusst, dann beeinflusse ich die seine. Duncan et al. (1968) präsentierten deshalb ein nichtrekursives Modell mit latenten Variablen für die Peer-Einflüsse auf die Berufswahl. Die Stichprobe bestand aus 329 High-School-Students aus Michigan, welche mit ihren besten Freunden parallelisiert wurden (vgl. Jöreskog & Sörbom, 1993, S. 37).

Die Autoren interpretierten Ausbildungsziele und Berufswahl als Indikatoren der latenten Variablen "Ambition".

Ausser der Nichtrekursivität ist bei diesem Modell als Besonderheit hervorzuheben, dass Pfade von direkt beobachteten Variablen auf die latenten Variablen gehen (formative Indikatoren).

Im folgenden wird eine Sequenz von vier hierarchischen Modellen miteinander verglichen, wobei bei jedem Schritt zusätzliche Restriktionen eingeführt werden.

85

Modellspezifikation mit eingeführten Variablen für Pfade und Fehlervarianzen

Variablenbezeichnungen

Latente Variablen

RE: Respondent

BF: Best Friend

Formative Indikatoren

PARASP: Parental Aspiration

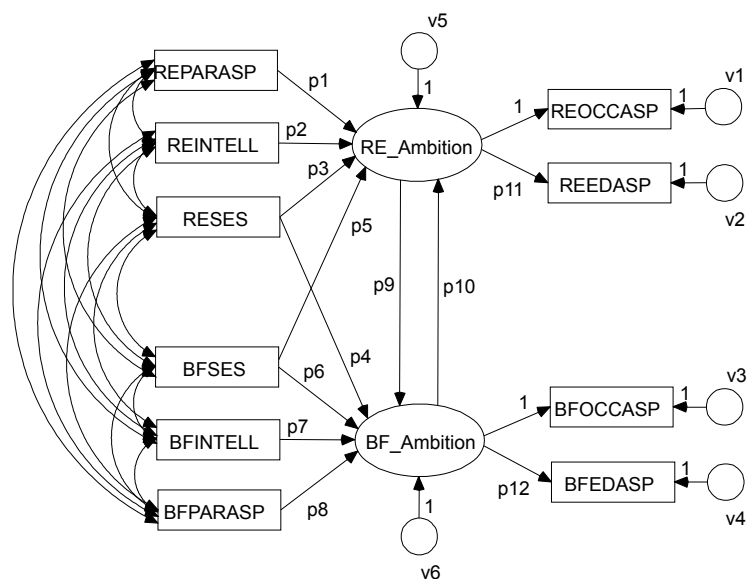
INTELL: Intelligence

SES: Socioeconomic Status

Reflektive Indikatoren

OCCASP: Occupational Aspiration

EDASP: Educational Aspiration



86

Modell mit freien Parametern

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM7.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:10
Daten <- "Matrix"      # Für Korrelationsmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 1        # Falls Korrelationsmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL        # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

model <- '# Latente Variablen
RE.Ambition =~ reoccasp+label("p11")*reedasp
BF.Ambition =~ bfoccasp+label("p12")*bfedasp
# Pfade
RE.Ambition ~ label("p1")*reparasp+label("p2")*reintell+label("p3")*reses
+label("p5")*bfses+label("p10")*BF.Ambition
BF.Ambition ~ label("p8")*bfparasp+label("p7")*bfintell+label("p6")*bfses
+label("p4")*reses+label("p9")*RE.Ambition
# Varianzen
reoccasp ~~ label("v1")*reoccasp
reedasp ~~ label("v2")*reedasp
bfoccasp ~~ label("v3")*bfoccasp
bfedasp ~~ label("v4")*bfedasp
RE.Ambition ~~ label("v5")*RE.Ambition
BF.Ambition ~~ label("v6")*BF.Ambition
# Kovarianz
reoccasp ~~ bfoccasp'
```

Die Parameter werden mit Labels versehen, über die dann in den folgenden Modellen gezielt Parameter einander gleichgesetzt werden können.

87

```
# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL
} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)) ,]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, fixed.x=FALSE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Normalisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "normalized") # Es werden normalisierte Residuen berechnet, da die standardisierten nicht berechnet werden können.
```

88

Unstandardisierte Lösung

Variablenbezeichnungen

Latente Variablen

RE: Respondent

BF: Best Friend

Formative Indikatoren

PARASP: Parental Aspiration

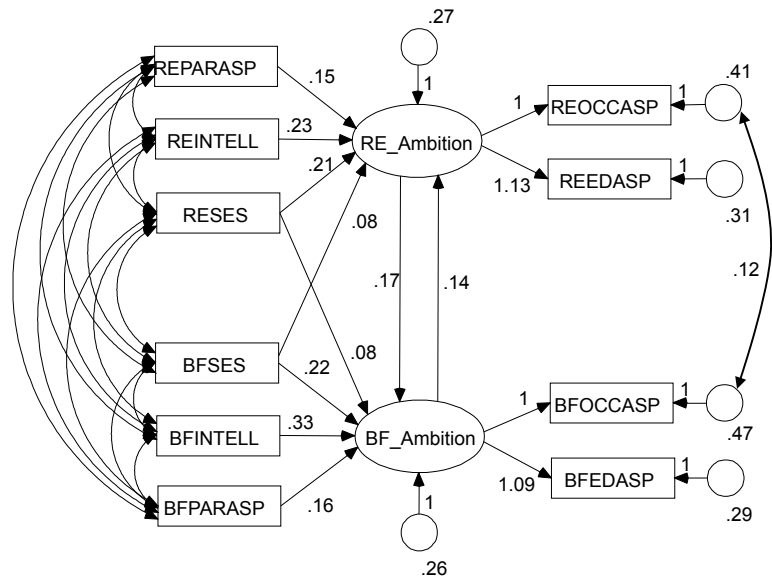
INTELL: Intelligence

SES: Socioeconomic Status

Reflektive Indikatoren

OCCASP: Occupational Aspiration

EDASP: Educational Aspiration



$\chi^2(15) = 13.515, p = .563, \chi^2/df = 0.901,$
 $CFI = 1.000, RMSEA < .001, PCLOSE = .963$

89

Pfade p9 und p10 gleichsetzen

```
fit2 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe, fixed.x=FALSE, constraints='p9==p10')
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
anova(fit1, fit2) # Modellvergleich
```

Die beiden Pfade unterscheiden sich nicht signifikant ($\Delta\chi^2(1) = 0.038, p = .846$).

Zusätzlich die einander entsprechenden Pfade gleichsetzen

```
constraints <- 'p1==p8; p2==p7; p3==p6; p4==p5; p9==p10; p11==p12'
fit3 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe, fixed.x=FALSE, constraints=constraints)
summary(fit3, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
anova(fit2, fit3) # Modellvergleich
```

Die zusätzlich gleichgesetzten Pfade verschlechtern den Fit nicht signifikant ($\Delta\chi^2(5) = 4.726, p = .450$).

Zusätzlich die einander entsprechenden Fehlervarianzen gleichsetzen

```
constraints <- 'p1==p8; p2==p7; p3==p6; p4==p5; p9==p10; p11==p12; v1==v3; v2==v4; v5==v6'
fit4 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean,
sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe, fixed.x=FALSE, constraints=constraints)
summary(fit4, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
```

```
anova(fit3, fit4) # Modellvergleich
```

Die zusätzlich gleichgesetzten Fehlervarianzen verschlechtern den Fit nicht signifikant ($\Delta\chi^2(3) = 1.623, p = .648$).

90

Unstandardisierte Lösung des letzten Modells

Variablenbezeichnungen

Latente Variablen

RE: Respondent

BF: Best Friend

Formative Indikatoren

PARASP: Parental Aspiration

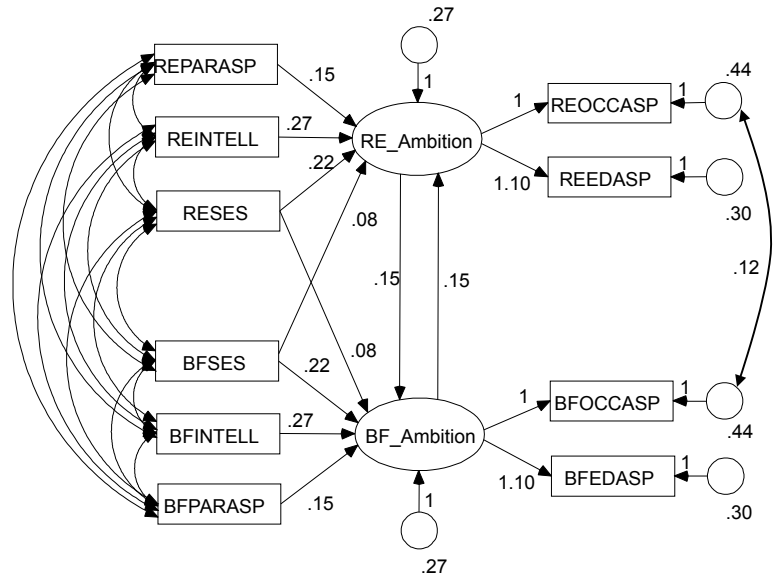
INTELL: Intelligence

SES: Socioeconomic Status

Reflektive Indikatoren

OCCASP: Occupational Aspiration

EDASP: Educational Aspiration



$$\chi^2(24) = 19.931, p = .701, \chi^2/df = 0.830$$

$$CFI = 1.000, RMSEA < .001, PCLOSE = .995$$

5.2.3 Beispiel 3 ohne Gruppenvergleich

In einer breit angelegten amerikanischen Studie wurden von 383 Mädchen in der 7. und in der 9. Klasse je drei Variablen zu den Faktoren "quantitative Fähigkeiten" und "verbale Fähigkeiten" erhoben. Im Rahmen dieser Auswertung soll die Auswirkung der Fähigkeiten im 7. Schuljahr auf diejenigen im 9. Schuljahr untersucht werden (vgl. Jöreskog & Sörbom, 1996, S. 223)

Die Auswertung erfolgt in folgenden Schritten:

- 1) Überprüfen der Messmodelle für die 7. und 9. Klasse
- 2) Überprüfen des hybriden Modells
- 3) Verbesserung des Fits (korrelierte Messfehler der Indikatoren)
- 4) Modellvereinfachung aufgrund hochkorrelierter Faktoren

93

Messmodell für das 7. Schuljahr

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM8.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:12
Daten <- "Matrix"
n.gruppen <- 1
Gruppe <- NULL

model <- 'Q7 =~ math7+scatq7+sci7+ss7
          V7 =~ read7+scatv7+sci7+ss7
          sci7 =~ ss7'

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL; else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)),]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}
```

94

```

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")

```

Messmodell für das 9. Schuljahr

```

model <- 'Q9 =~ math9+scatq9+sci9+ss9
V9 =~ read9+scatv9+sci9+ss9
sci9 ~~ ss9'

# Modell rechnen
fit2 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit2) # Modifikationsindizes

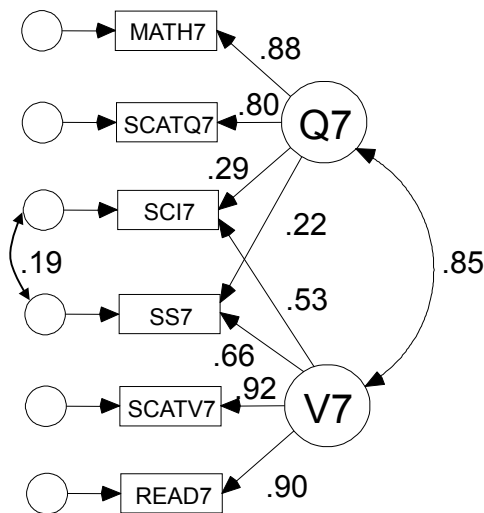
# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

```

Modelle für die 7. und 9. Klasse (standardisierte Lösung)

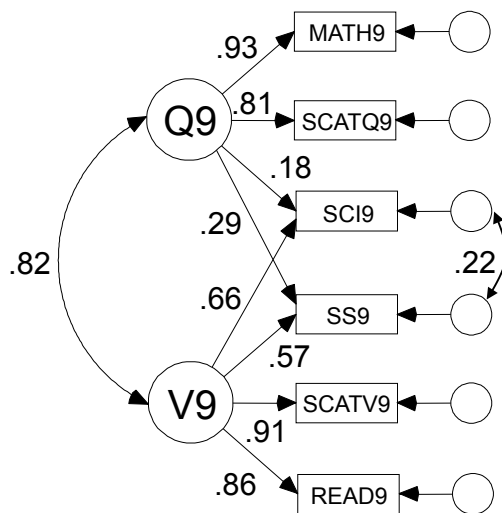
Variablenbezeichnungen
MATH: Achievement Test in Mathematics
SCATQ: Quantitative Part of Scholastic Aptitude Test
SCI: Achievement Test in Science
SS: Achievement Test in Social Studies
READ: Achievement Test in Reading
SCATV: Verbal Part of Scholastic Aptitude Test

Messmodell für die 7. Klasse



$\chi^2(5) = 5.859, p = .320, \chi^2/df = 1.172,$
CFI = 1.000, RMSEA = .021, PCLOSE = .745

Messmodell für die 9. Klasse



$\chi^2(5) = 1.993, p = .850, \chi^2/df = 0.399,$
CFI = 1.000, RMSEA < .001, PCLOSE = .975

Hybrides Modell

```
model <- '# Messmodelle
Q7 =~ math7+scatq7+sci7+ss7
V7 =~ read7+scatv7+sci7+ss7
Q9 =~ math9+scatq9+sci9+ss9
V9 =~ read9+scatv9+sci9+ss9
# Pfade
Q9 ~ Q7
V9 ~ V7
# Kovarianzen
sci7 ~~ ss7
sci9 ~~ ss9'

# Modell rechnen
fit3 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)
summary(fit3, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit3) # Modifikationsindizes
```

Bei diesem Modell erscheint die Meldung, dass die Kovarianzmatrix der latenten Variablen nicht positiv definit ist. Wenn man die einander entsprechenden Messfehler über die Messzeitpunkte hinweg korreliert, verbessert sich der Fit erheblich und das Problem mit der indefiniten Kovarianzmatrix ist behoben.

97

Hybrides Modell mit korrelierten Messfehlern

```
model <- '# Messmodelle
Q7 =~ math7+scatq7+sci7+ss7
V7 =~ read7+scatv7+sci7+ss7
Q9 =~ math9+scatq9+sci9+ss9
V9 =~ read9+scatv9+sci9+ss9
# Pfade
Q9 ~ Q7
V9 ~ V7
# Kovarianzen
sci7 ~~ ss7
sci9 ~~ ss9
math7 ~~ math9
scatq7 ~~ scatq9
sci7 ~~ sci9
ss7 ~~ ss9
read7 ~~ read9
scatv7 ~~ scatv9'

# Modell rechnen
fit4 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)
summary(fit4, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit4) # Modifikationsindizes
```

Wenn man zusätzlich die Residuen von "ss7" und "sci9" sowie "sci7" und "ss9" korrelieren lässt, verbessert sich der Fit ignfikant.

98

Zusätzlich "ss7~~sci9" und "sci7~~ss9" einführen

```

model <- '# Messmodelle
Q7 =~ math7+scatq7+sci7+ss7
V7 =~ read7+scatv7+sci7+ss7
Q9 =~ math9+scatq9+sci9+ss9
V9 =~ read9+scatv9+sci9+ss9
# Pfade
Q9 ~ Q7
V9 ~ V7
# Kovarianzen
sci7 ~~ ss7
sci9 ~~ ss9
math7 ~~ math9
scatq7 ~~ scatq9
sci7 ~~ sci9
ss7 ~~ ss9
read7 ~~ read9
scatv7 ~~ scatv9
ss7 ~~ sci9
sci7 ~~ ss9'

# Modell rechnen
fit5 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)
summary(fit5, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit5) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit5@Data)$block.label <- fit5@Data@group.label
resid(fit5, "standardized")

# Modellvergleich
anova(fit4, fit5)

```

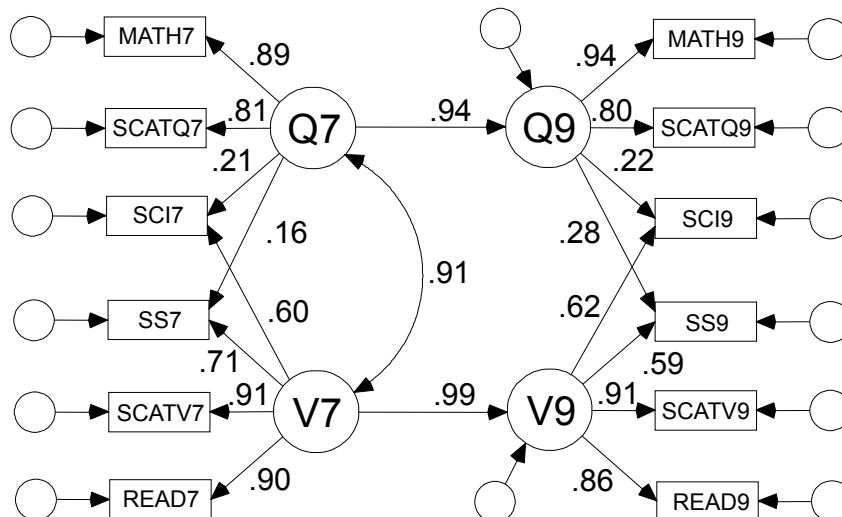
Das Modell mit den zusätzlichen Pfaden "Q9 ~ V7" und "V9 ~ Q7" kann nicht geschätzt werden. Den Modifikationsindizes des obigen Modells ist jedoch zu entnehmen, dass diese Beziehungen statistisch unbedeutend sind.

99

Hybrides Modell (standardisierte Lösung, korrelierte Residuen nicht eingezeichnet)

Variablenbezeichnungen

MATH: Achievement Test in Mathematics
 SCATQ: Quantitative Part of Scholastic Aptitude Test
 SCI: Achievement Test in Science
 SS: Achievement Test in Social Studies
 READ: Achievement Test in Reading
 SCATV: Verbal Part of Scholastic Aptitude Test



$\chi^2(36) = 32.715, p = .626, \chi^2/df = 0.909,$
 $CFI = 1.000, RMSEA = .000, PCLOSE = .999$

100

Da die Korrelation zwischen Q7 und V7 sehr hoch ist, überprüfen wir noch das einfaktorielle Modell, indem wir Q und V zu A=Ability zusammenfassen.

```

model <- '# Messmodelle
A7 =~ math7+scatq7+sci7+ss7+read7+scatv7+sci7+ss7
A9 =~ math9+scatq9+sci9+ss9+read9+scatv9+sci9+ss9
# Pfad
A9 ~ A7
# Kovarianzen
math7 ~~ scatq7
read7 ~~ scatv7
scatq7 ~~ scatv7
math9 ~~ scatq9
read9 ~~ scatv9
scatq9 ~~ scatv9
math7 ~~ math9
scatq7 ~~ scatq9
sci7 ~~ sci9
ss7 ~~ ss9
read7 ~~ read9
scatv7 ~~ scatv9
math7 ~~ scatq9
scatq7 ~~ math9
read7 ~~ scatv9
scatv7 ~~ read9'

# Modell rechnen
fit6 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group = Gruppe)
summary(fit6, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

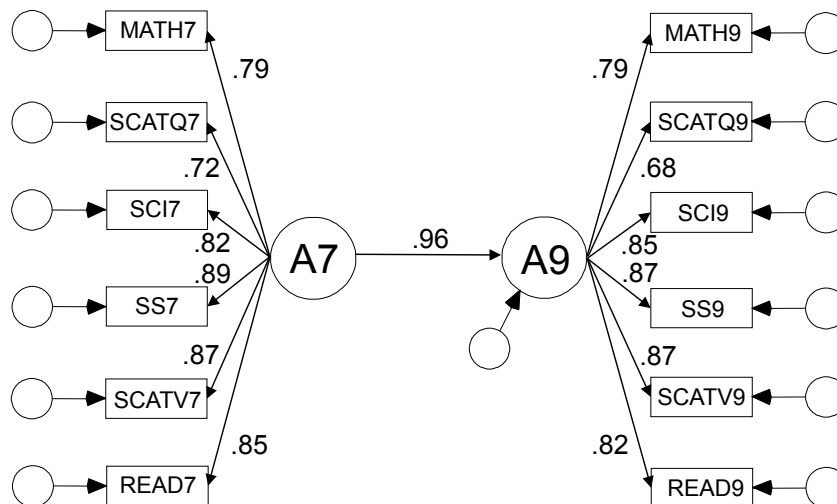
modindices(fit6) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit6@Data)$block.label <- fit6@Data@group.label
resid(fit6, "standardized")

```

Hybrides Modell (standardisierte Lösung, korrelierte Residuen nicht eingezeichnet)

- Variablenbezeichnungen
MATH: Achievement Test in Mathematics
SCATQ: Quantitive Part of Scholastic Aptitude Test
SCI: Achievement Test in Science
SS: Achievement Test in Social Studies
READ: Achievement Test in Reading
SCATV: Verbal Part of Scholastic Aptitude Test



$$\chi^2(37) = 41.234, p = .291, \chi^2/df = 1.114, \\ CFI = .999, RMSEA = .017, PCLOSE = .992$$

5.2.4 Beispiel mit Gruppenvergleich

Sörbom (1981) reanalytierte Daten vom Head Start Sommerprogramm (Magidson, 1977). Er verwendete Daten von 148 weissen Kindern des Head Start Programms und 155 Kindern einer parallelisierten Kontrollgruppe. Die Kinder wurden einander aufgrund des Geschlechts und der Kindergartenteilnahme zugeordnet. Magidson (1977) berücksichtigte den SES nicht für das Parallelisieren. Sörbom verwendete in seiner Nachanalyse vier Indikatorvariablen für den SES. Es soll überprüft werden, ob sich ein Gruppenunterschied in der über die Indikatoren "psycholinguistic abilities" und "Readiness" definierten Fähigkeitsvariablen "ABILITY" ergibt, wobei die latente Variable "SES" als Kovariable dient (vgl. Jöreskog & Sörbom, 1993, S. 79).

Die erste Matrix enthält die Daten der Kontrollgruppe, die zweite die Daten der Head-Start-Gruppe.

Zuerst wird das Messmodell überprüft und gegebenenfalls durch Berücksichtigung zusätzlicher Parameter verbessert. Anschliessend wird schrittweise die Messinvarianz getestet, um im letzten Modell Mittelwerte und Intercepts vergleichen zu können. Der Vergleich der Intercepts von "ABILITY" entspricht einer Kovarianzanalyse.

103

Überprüfung des Messmodells

```
# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM9.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:6
Daten <- "Matrix"      # Für Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Daten <- "Matrix". Sonst Daten <- "Rohdaten"
n.gruppen <- 2        # Falls Korrelations- oder Kovarianzmatrix: Anzahl Gruppen eingeben
Gruppe <- NULL        # Für Rohdaten: Name der Gruppenvariable. Für Matrix: NULL

# Modell spezifizieren
model <- 'SES =~ moth_edu+fath_edu+fath_occ+fam_inc
         ABILITY =~ readines+ling_abi'

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengrösse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)),]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}
```

104

```

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")

```

Der Fit dieses Modells ist ungenügend ($\chi^2(16) = 39.555, p = .001$). Aufgrund der Modifikationsindizes sollte man die Residuen von "fath_occ" und "fam_inc" korrelieren lassen.

Modell mit korrelierten Residuen von "fath_occ" und "fam_inc"

```

model <- '# Messmodelle
SES =~ moth_edu+fath_edu+fath_occ+fam_inc
ABILITY =~ readines+ling_abi
# korrelierte Residuen
fath_occ ~~ fam_inc'

# Modell rechnen
fit2 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

modindices(fit2) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

anova(fit1, fit2) # Modellvergleich

```

Der Fit dieses Modells genügend ($\chi^2(14) = 18.632, p = .180$).

105

Modell mit gleichgesetzten Ladungen (schwache Invarianz)

```

fit3 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings"))
anova(fit2, fit3) # Modellvergleich

```

Der Fit verschlechtert sich nicht signifikant ($\Delta\chi^2(4) = 2.722, p = .605$).

Modell mit zusätzlich gleichgesetzten Intercepts (starke Invarianz)

```

fit4 <- cfa(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"))
anova(fit3, fit4) # Modellvergleich

```

Der Fit verschlechtert sich nicht signifikant ($\Delta\chi^2(4) = 8.969, p = .062$).

Gerichtete Beziehung zwischen "SES" und "ABILITY", Pfad "ABILITY ~ SES" gleichgesetzt

```

model <- '# Messmodelle
SES =~ moth_edu+fath_edu+fath_occ+fam_inc
ABILITY =~ readines+ling_abi
# Pfad
ABILITY ~ a*SES # Pfade gleichsetzen
# korrelierte Residuen
fath_occ ~~ fam_inc'

fit5 <- sem(model, data = Data, sample.cov=sample.cov, sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs, group =
Gruppe, meanstructure=TRUE, group.equal=c("loadings", "intercepts"))
summary(fit5, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

anova(fit4, fit5) # Modellvergleich

```

Der Fit verschlechtert sich nicht signifikant ($\Delta\chi^2(1) = 0.028, p = .867$). Die Intercepts von "ABILITY" unterscheiden sich nicht signifikant ($z = -0.115, p = .909$)

106

Unstandardisierte Lösung des letzten Modells

Variablenbezeichnungen

SES: Social Economic Status

MOTH_EDU: Mother 's Education

FATH_EDU: Father 's Education

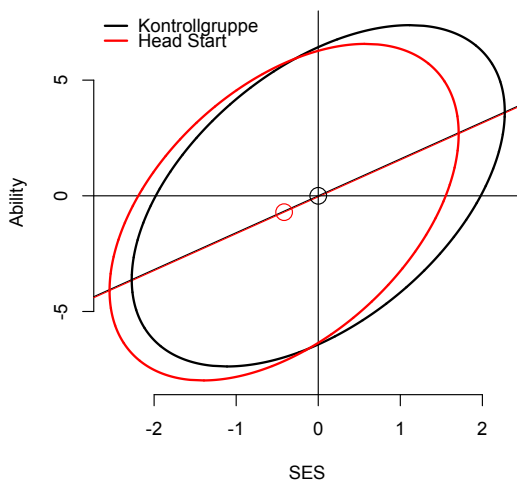
FATH_OCC: Father 's Occupation

FAM_INC: Family Income

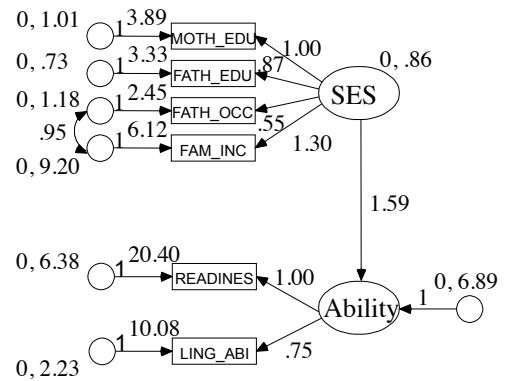
Ability

READINESS: Punktzahl im Metropolitan Readiness Test

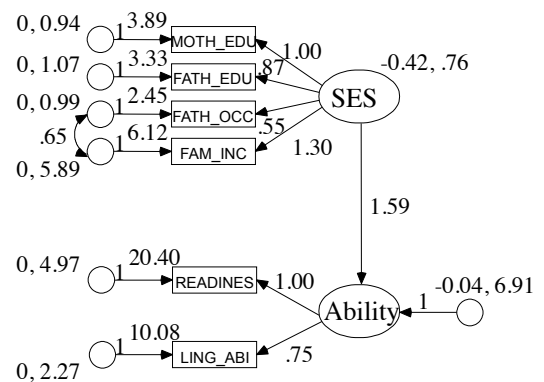
LING_ABI: Punktzahl im Illinois Test of Psycholinguistic Abilities



Kontrollgruppe



Head Start



$\chi^2(23) = 30.350, p = .140, \chi^2/df = 1.320,$
 RMSEA = .046, PCLOSE = .525

6 Latent Growth Model

Willett & Sayer (1994) überprüften in einer Sequenz von Modellen die Entwicklung der Toleranz gegenüber deviantem Verhalten. In einer Längsschnittstudie wurden 168 Jugendliche im 11., 12., 13., 14. und 15. Lebensjahr nach ihrer Beurteilung von neun devianten Verhaltensweisen befragt (vgl. Kline, 1998, S. 303). Da diese Variable linkssteil verteilt war, wurde sie logarithmiert (natürlicher Logarithmus). Wir verwenden trotzdem einfachheitshalber weiterhin die Bezeichnung "Toleranz gegenüber deviantem Verhalten" (T).

Die Autoren überprüften zuerst, ob die Toleranz gegenüber deviantem Verhalten linear zunimmt.

Anschliessend analysierten sie den Einfluss des Geschlechts und der Häufigkeit, mit der die Probanden im 11. Lebensjahr mit deviantem Verhalten in Kontakt gekommen sind, auf die Zunahme der Toleranz gegenüber deviantem Verhalten.

109

Lineare Zunahme der Toleranz gegenüber deviantem Verhalten

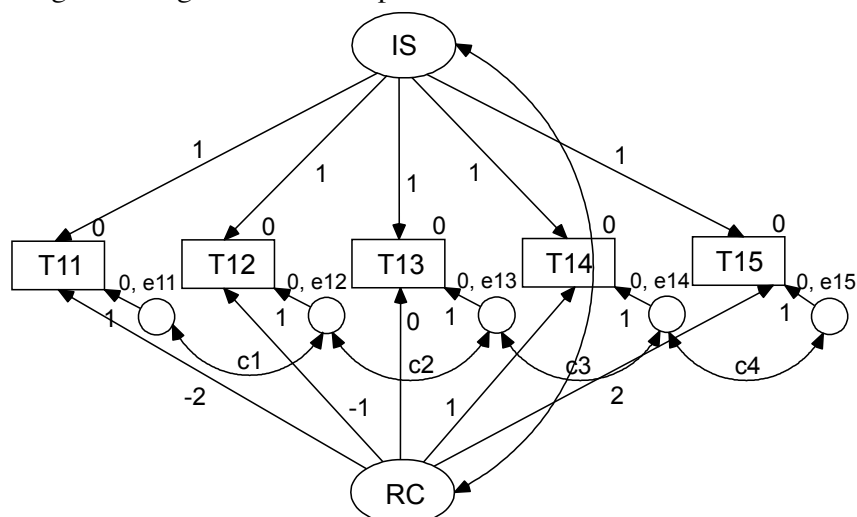
Modellspezifikation

Für jedes Alter wird die Toleranz gegenüber deviantem Verhalten (T) nach folgender Regressionsgleichung geschätzt:

$T = IS + \text{Pfad} \cdot RC$ Bezeichnungen: IS = Initial Status, RC = Rate of Change

Beispiel für die 12-jährigen: $T = 1 \cdot IS + (-1) \cdot RC$

Die von RC ausgehenden, von links nach rechts um 1 zunehmenden Pfadkoeffizienten bewirken, dass auch die geschätzten Werte für T in gleichen Schritten zunehmen. Die Toleranz der 13-jährigen dient als Referenzwert (Pfad=0). Für IS und RC werden der Mittelwert und die Varianz geschätzt. Die Intercepts von T11 bis T15 werden auf Null gesetzt. Wir gehen davon aus, dass die Fehlervarianzen verschieden sind und die Residuen aufeinanderfolgender folgender Messzeitpunkte korrelieren.



110

```

# Datensatz einlesen
data<-read.table(file="/Volumes/Ohne Titel 1/R-Toolbox/SEM/SEM10.txt", header=TRUE)

# Variablen spezifizieren
Variablen <- 1:7
Daten <- "Matrix"
n.gruppen <- 1
Gruppe <- NULL

model <- 'IS =~ 1*T11+1*T12+1*T13+1*T14+1*T15           # Messmodelle
RC =~ (-2)*T11+(-1)*T12+0*T13+1*T14+2*T15           # korrelierte Residuen
T11 =~ T12
T12 =~ T13
T13 =~ T14
T14 =~ T15'

# Datensatz data2 für die Analyse
if (Daten=="Rohdaten") {
data2 <- na.omit(data[, Variablen, drop=FALSE])
Data <- data2; sample.cov <- NULL; sample.mean <- NULL; sample.nobs <- NULL} else {
data <- as.matrix(data)
Matrix <- vector("list", length=n.gruppen)
Means <- vector("list", length=n.gruppen)
N <- vector(length=n.gruppen)
for (i in 1:n.gruppen) {
# Stichprobengroesse einlesen
N[i] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+1), 1]
# Mittelwerte einlesen
Means[[i]] <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+2),]
# Dreiecksmatrix einlesen
matr <- data[((i-1)*(ncol(data)+3)+4):(i*(ncol(data)+3)), ]
# Dreiecksmatrix in symmetrische Matrix verwandeln
matr[upper.tri(matr)] <- t(matr)[upper.tri(matr)]
# Standardabweichungen einlesen
SD <- as.matrix(data[(i-1)*(ncol(data)+3)+3,])
# Kovarianzmatrix berechnen
matr <- SD%*%t(SD)*matr
rownames(matr) <- colnames(data)
Matrix[[i]] <- matr}
data2 <- list(Matrix=Matrix, Means=Means, N=N)
Data <- NULL; sample.cov <- data2$Matrix; sample.mean <- data2$Means; sample.nobs <- data2$N}

```

```

# Modell rechnen
library(lavaan)
fit1 <- growth(model, data = Data, sample.cov=sample.cov,
sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs)
summary(fit1, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)

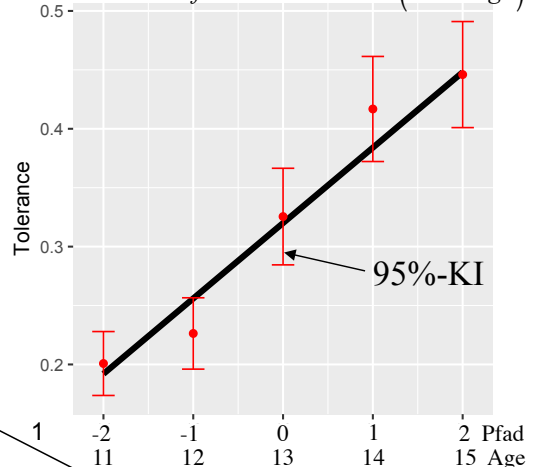
modindices(fit1) # Modifikationsindizes

# Standardisierte Residuen
attributes(fit1@Data)$block.label <- fit1@Data@group.label
resid(fit1, "standardized")

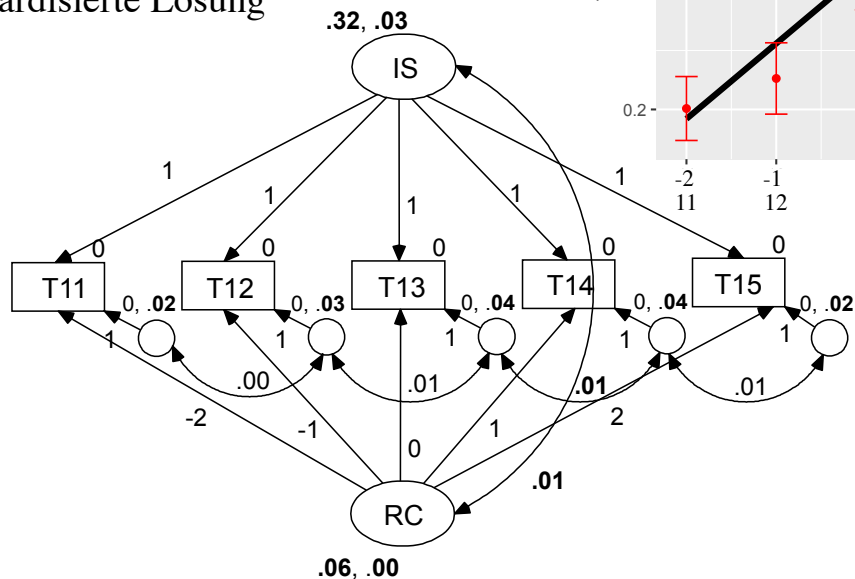
```

Initial Status Rate of Change

$$T = 0.32 + 0.064 \cdot Pfad = 0.32 + 0.064 \cdot (-13 + Age)$$



Unstandardisierte Lösung



$\chi^2(6) = 20.859, p = .002, \chi^2/df = 3.477,$
CFI = .957, RMSEA = .121, PCLOSE = .018

Interpretation

Der Fit des Modells ist ungenügend. Deshalb ist folgende Interpretation mit Vorsicht zu geniessen.

Pro Jahr nimmt die Toleranz gegenüber deviantem Verhalten um 0.064 zu. Diese Steigerungsrate ist signifikant von Null verschieden, $z = 12.13$, $p < .001$.

Es besteht ein signifikanter positiver Zusammenhang zwischen Anfangswert und Steigerungsrate, $z = 4.74$, $p < .001$, d.h. je höher die Toleranz gegenüber Delinquenz eines 13-jährigen ist, desto stärker nimmt die Toleranz gegenüber Delinquenz im Verlauf der Jahre zu.

Anhand der Modifikationsindizes und des Plots von Folie 112 ist zu erkennen, dass der erzwungene lineare Anstieg den Daten nicht gut entspricht. Daher kommt auch der ungenügende Fit. Die Abweichung von der Linearität wird auch deutlich, wenn man die Pfade von RC auf T12 und T14 frei schätzen lässt.

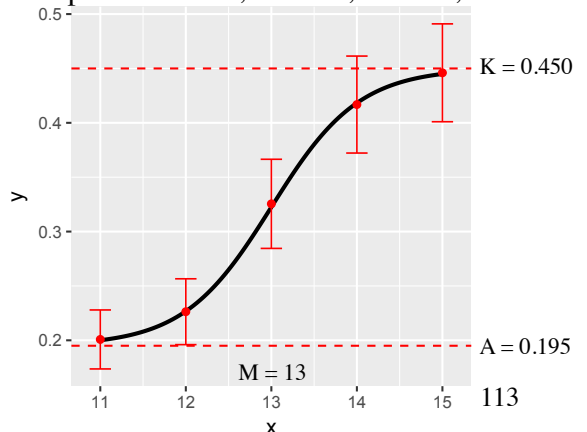
Der Mittelwertverlauf könnte durch eine allgemeine sigmoide Funktion besser angenähert werden:

$$y = A + \frac{K - A}{1 + e^{-B(x-M)}}$$

A: untere Asymptote
K: obere Asymptote
B: Wachstumsrate
M: Start (horizontale Verschiebung)

Die vier Parameter dieser Funktion können mit diesem Verfahren nicht geschätzt werden. Abgesehen davon stehen für die Schätzung zu wenig Datenpunkte zur Verfügung.

Beispiel: $A=0.195$, $K=0.45$, $B=1.95$, $M=13$



Die geschätzten Werte für den Mittelwert und die Varianz von IS sowie die Kovarianz von IS mit RC hängen vom gewählten Referenzwert für das Alter ab. Wir haben wie Willett & Sayer (1994) die 13-Jährigen gewählt und für IC ($M=0.320$, $SD=0.141$) und für die Kovarianz von IS mit RC 0.007 erhalten. Diese Parameter sind mit $\alpha = .05$ signifikant von null verschieden. Da die Varianzen von IS und RC signifikant grösser null sind, kann man der Frage nachgehen, ob diese beiden Variablen teilweise durch andere erklärt werden können. Willett & Sayer (1994) berücksichtigten das Geschlecht (sex) und die Häufigkeit, mit der die Probanden im 11. Lebensjahr mit deviantem Verhalten in Kontakt gekommen sind (exp) als Prädiktoren.

Wenn wir die 11-Jährigen als Referenzgruppe wählen, erhalten wir zwar denselben Fit und denselben Schätzwert für RC, aber für IS ($M=0.191$, $SD=0.105$) und für die Kovarianz von IS mit RC 0.002. Mit $\alpha = .05$ ist der Mittelwert von IS signifikant, aber die Varianz und die Kovarianz nicht. Bei dieser Variante würde man nur noch der Frage nachgehen, ob die Varianz von RC durch weitere Variablen erklärt werden kann.

Auf den folgenden Folien zeigen wir, wie man die Variablen "sex" und "exp" ins Modell integriert, um IS und RC vorherzusagen. Dazu verwenden wir die Variante mit den 13-Jährigen als Referenzgruppe.

```

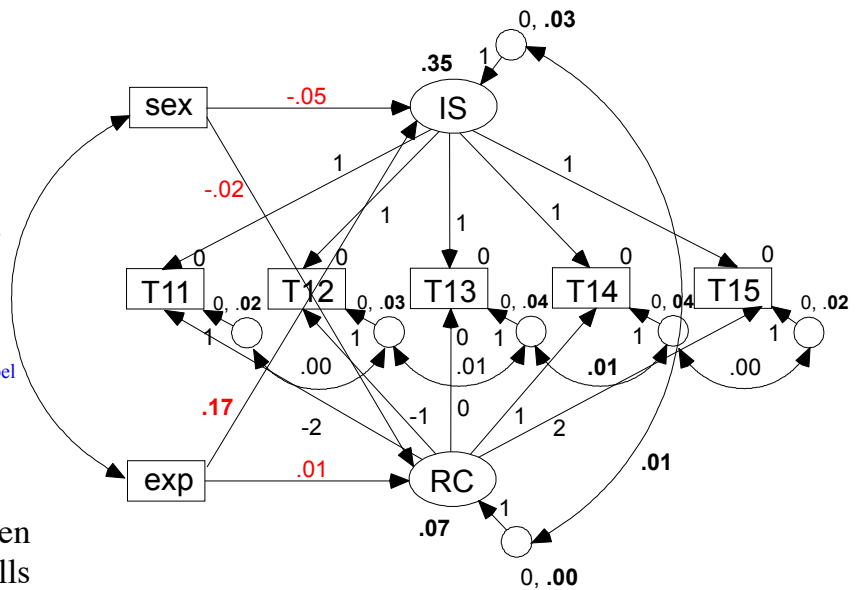
model <- '# Messmodelle
IS =~ 1*T11+1*T12+1*T13+1*T14+1*T15
RC =~ (-2)*T11+(-1)*T12+0*T13+1*T14+2*T15
# Pfade
IS ~ sex+exp
RC ~ sex+exp
# korrelierte Residuen
T11 =~ T12
T12 =~ T13
T13 =~ T14
T14 =~ T15'

```

```

# Modell rechnen
fit2 <- growth(model, data = Data, sample.cov=sample.cov,
sample.mean=sample.mean, sample.nobs=sample.nobs)
summary(fit2, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE)
modindices(fit2) # Modifikationsindizes
# Standardisierte Residuen
attributes(fit2@Data)$block.label <- fit2@Data@group.label
resid(fit2, "standardized")

```



Aus den bereits genannten Gründen ist auch der Fit dieses Modells ungenügend. Deshalb ist die Interpretation fragwürdig. Die Variable "exp" liefert den einzigen signifikanten Erklärungsbeitrag. Je stärker die Jugendlichen exponiert sind, desto höher ist der Anfangswert.

$$\chi^2(12) = 31.668, p = .002, \chi^2/df = 2.639, CFI .945, RMSEA = .099, PCLOSE = .028$$

7 Robuste Schätzmethoden

Wenn die Daten nicht multivariat normalverteilt oder ordinal (rating-Skalen) sind, sollte man robuste Schätzmethoden verwenden. Für diese Methoden muss der gesamte Datensatz zur Verfügung stehen.

Mit `estimator = "mlm"` erhalten Sie eine nach Satorra-Bentler korrigierte Chi-Quadrat-Statistik und eine Schätzung robuster Standardfehler.

Mit `estimator = "mlr"` erhalten Sie eine nach Yuan-Bentler korrigierte Chi-Quadrat-Statistik und nach Huber-White korrigierte Standardfehler.

Die Korrektur der Chi-Quadrat-Statistik und die robuste Schätzung der Standardfehler können getrennt voneinander spezifiziert werden:

```
test = "Satorra-Bentler", test = "Yuan-Bentler", se = "robust.mlm", se = "robust.mlr"
```

Die Chi-Quadrat-Statistik und die Standardfehler können auch mittels Bootstrapping berechnet werden: `test = "boot", se = "boot"`

117

Berechnung eines korrigierten Chi-Quadrat-Unterschiedes

Wenn zwei hierarchische Modelle mit `estimator = "mlm"` oder `"mlr"` geschätzt werden, sollte der Modellvergleich nicht mit `anova()` getestet werden sondern mit folgender Funktion (<https://www.statmodel.com/chidiff.shtml>).

```
CorrC2 <- function(fit.baseline, fit.restricted){
  L0 <- fitMeasures(fit.restricted)["log1"]
  c0 <- fitMeasures(fit.restricted)["scaling.factor.h0"]
  p0 <- fitMeasures(fit.restricted)["npar"]
  L1 <- fitMeasures(fit.baseline)["log1"]
  c1 <- fitMeasures(fit.baseline)["scaling.factor.h0"]
  p1 <- fitMeasures(fit.baseline)["npar"]
  cd <- (p0 * c0 - p1*c1)/(p0 - p1)
  TRd <- -2*(L0 - L1)/cd
  d0 <- fitMeasures(fit.restricted)["df"]
  d1 <- fitMeasures(fit.baseline)["df"]
  dfDiff <- d0-d1
  pDiff <- 1-pchisq(TRd, dfDiff)
  list("Korrigierter Chi-Quadrat-Unterschied"=TRd, "df-Unterschied"=dfDiff,
    "p-Wert des Unterschieds"=pDiff)}
```

118