



Title	時間を含むデータをどう分析するか : 人の変化・発達をとらえる統計
Author(s)	高橋, 雄介
Citation	子ども発達臨床研究, 7, 63-92
Issue Date	2015-03-25
DOI	https://doi.org/10.14943/rcccd.7.63
Doc URL	https://hdl.handle.net/2115/58521
Type	departmental bulletin paper
File Information	AA12203623_7_63-92.pdf



【セミナー報告】

時間を含むデータをどう分析するか？*

— 人の変化・発達をとらえる統計 —

高橋 雄介**

How do we analyze the longitudinal data?

Statistics for capturing human development and change

Yusuke TAKAHASHI

Good News & Bad News

- Bad News:
 - 私は統計学の専門家ではありません
 - 自信をもって「分からない」と言うことができます
- Good News:
 - 数式は出てきません
 - 不明な点は是非一緒に考えましょう(そのために参りました)
 - 皆さんはそれを許して下さる広いお心をお持ちなのは

2

残念ながら、私は統計の専門家ではありません。今回の報告に数式は出てきません。配布資料を見ていただければ分かる通り、おそらく数式は出てこないと思います。分からないことがあれば私は自信を持って「分かりません」と申し上げます。何故かというと、知ったかぶりをする必要はないからです。専門家ではないので、自信を持って「それは分かりません」と言いますので、「何だ、こいつ使えないな」とどうか思わないで頂きたい。不明な点は是非一緒に考えて行きたいというふうに考えていますし、今日はそのために参りました。「何だ、あいつ質問に全然答えてくれないじゃない

か」「本当にあいつ分かっているのか」という疑念を抱かれるかもしれませんが、それを寛大な心で許して下さる方々がここにはいらっしゃると思っています。

本報告の目的

- 縦断的に得られたデータを用いて、その特徴を十分に活かすことのできる分析を行い、横断データからは言えないことを言う
- 縦断研究によって得られたデータから有用な情報を最大限引き出すためには、それらに適した統計手法を適用することが必要不可欠
- そのための統計手法（潜在変化モデル・潜在成長曲線モデル・混合軌跡モデリング）を紹介する

3

最近ビッグ・データの時代だと言われるようになりましたが、私は違うと感じています。われわれ心理学やその近接領域にいらっしゃる方々からしたら、ビッグ・データというのはその辺に転がっているわけではありません。われわれ心理学者もしくはその近接領域にいる人たちにとっては、最近縦断データの時代だで行ったほうが「う

*本稿は、2014年10月11日(土)13:30~17:00に開催された、子ども発達臨床研究センター主催の実践統計法セミナー「時間を含んだデータをどう分析するか? : 3時点以上の縦断データをどう分析するか」の逐語記録を加筆修正し、再構成したものである。

**京都大学大学院教育学研究科 特定助教

ん、そうだ」と納得いただける割合が多いのではないかと考えています。縦断的に得られたデータを用いて、縦断データならではの特徴を十分に生かすことの出来る分析を行って、一回しかとていない横断データからは言えないことを是非言いたいと考える方は多いのではないのでしょうか。縦断データによって得られたデータから、データが持っている有用な情報を最大限引き出す為には、それらに適した統計手法を上手く適用することが必要不可欠になってきます。そのための統計手法を今回は三つ用意してきました。潜在変化モデル、潜在成長曲線モデル、混合軌跡モデリングの3つです。その3つのモデルに関して追って順にお話をしていけたらと考えています。

縦断研究の挑戦

- 縦断研究・縦断調査・縦断データで見たことは何か？
- 発達や変化



縦断研究とか縦断調査とか縦断データとか、そういった単語が最近とみに出てくるなという気がするうすうすはされているのではないかと思います。縦断研究で見たいものは何かと言ったら、発達の動態であったり、ダイナミクスです。その個体もしくはグループが、どういうふうに変化をしているのか。もちろん変化というのは、いい方向に伸びていく場合もありますし、加齢に伴う老化現象、何かが減少していくということも含みます。そういった個人や集団の変化の様子や軌跡のパターンといったものをなんとか上手に描き出したというのが、縦断研究で我々がやりたいことのもっとも大きなテーマです。三宅先生と高橋先生の編著で『縦断研究の挑戦』という本が2009年金子書房から出ました。手前味噌で申し訳ないの

すけれども、私はこの本の中で、双生児研究の縦断データについて少しだけ、あまり具体例は豊富には載せていないのですが、こういうことをやっています、やろうとしていますということを書かせていただきました。

縦断データを分析する

- 現在最も流行っていると思われる分析は？
- マルチレベルモデリング



縦断データを分析するという本題のほうに徐々に入って行きたいと思うのですが、縦断データを分析する際に、現在最も流行っているだろうと思われる分析は何かというと、いわゆるマルチレベル分析と言われるものです。マルチレベル分析に関しては、原著で読んで頂くには、この本をおすすめしています。ハーバードの統計学教室にSingerとWillett、上が女性、下が男性ですが、二人の研究者の方が「Applied Longitudinal Data Analysis」という本を結構分厚い本を書かれていまして、第一部と第二部に分かれています。少し副題が小さくて見にくくて申し訳ありませんが、「Modeling Change and Event Occurrence」と書いてあって、変化とイベント生起に関することをモデル化してあげようというのがこのテーマで、Changeに関することが第一部、Event生起に関することが第二部です。われわれのほうでこれを翻訳して、第一部が変化についてのマルチレベル、要は階層線形モデル、第二部のイベント生起は生存分析・サバイバル分析で2冊に分けて刊行いたしました。もしご興味がありましたらお手にとっていただければと思います。

マルチレベルモデリング

- データの構造に階層性がある場合には(e.g., 学校→クラス→生徒個人)、それをまとめて分析するよりかは、この情報を分析に活かすべき、という発想
- 縦断データに対してこのモデルを適用する場合は、「クラスの中に生徒が複数いる」という階層性ではなく、個人が複数回繰り返し測定される「個人間差－個人内差」という階層性を仮定する

マルチレベルという名前が出ました。レベルがマルチになっている、つまり階層構造がある。データの構造に階層構造がある場合、たとえば、学校がある、その中にはクラスがあって、その中に生徒個人というのがいる。それぞれのレベルで取ることのできる変数というのが違って来るだろう。生徒個人に関して言えば、生徒個人の内発的な動機付けは今どの程度かと言ったら、生徒個人のレベルの変数になりますし、クラスでとったかどうかと言ったら、その担任の先生が作っている学級風土・雰囲気、先生が授業に望む際の態度（ものすごく権威主義的な態度でクラスを統制しようとしているとか、児童や生徒の皆さんと友達感覚で接しようとしているクラスなのかとか）、学校といたら地域の状況などになります。隣に高速道路が走っていて騒音があるとか、そういったような地域の状況とかは、一番上のレベルに入ります。それらをまとめて一緒にたに分析をしてしまうというよりかは、この情報を分析の中で活かしてあげた方がよいのではないのかというのがマルチレベルモデリングの基本的な考え方です。

【質問者K】「生徒個人－クラス－学校」といったとき、クラスの場合で言えば、教師がどういう人であるかという変数を取ることがあると思います。その場合のデータは教師から取るのか、それとも教師－生徒関係を評価している場合は生徒から取るのか。どういうデータになるのでしょうか？

両方ありうると思います。担任の先生にあなたは教室ではどういった雰囲気で作っているかと尋ねたら、それは一つに定まります。全ての生徒に同じ値を入れるということも考えられると思いますし、あとは質問者の方がおっしゃったように、生徒個人ごとにとって、たとえばその平均を入れるということも僕は可能だと思います。クラスごとの変数ということです。平均していいかどうかという点についてはおそらく賛否あるかと思うので、その担任の先生からデータを取って、クラス全員に同じ値をいれてあげるという方が素直なのかなという気がします。

【質問者K】学校の場合も同じになる？

地域の物理的な環境に関しては、例えば周辺に図書館の数が多いとか少ないとか、児童館があるとかないとか、そういうのは、客観的な事実ですので、敢えて調査しなくてもいい類の変数かと思っています。公園の数とか、図書館の数とかそういったものです。

マルチレベル分析というと、先ほど挙げたような例が非常にたくさん出てきます。しかしながら、今私たちがやろうとしていることは縦断データの分析です。先ほど申し上げた階層構造からは、縦断の匂いはあまりしません。今私たちがやろうとしているこの縦断データに対してマルチレベルモデリングを適用する際には、「クラスの中に生徒が複数人いる」とか「学校の中にクラスが何クラスかある」といったような階層性ではなくて、「個人が複数回繰り返し測定される」という階層性を考えることになります。言い直すと、上のレベルが個人間差です。レベルIIに相当するものです。これはレベルI、II、III。レベルIが生徒個人、レベルIIがクラス、レベルIIIが学校といったような具合になります。縦断データに関することに焼き直して考えると、レベルIIが個人間差、レベルIが個人内差になります。inter-individual difference 個人の間における差と、個人内ですから

intra-individual difference 個人内のばらつきと
いうのを、ここで階層性を仮定して分析を行うと
いうのが基本的な考え方になります。マルチレベ
ル分析に関してはまた後で戻ってきます。

しかし…

- 3時点以上のデータがないと、モデルの制
約上、方程式が解けない
- 縦断データを得るには、それなりに時間
がかかる
- 2時点の縦断データならいま手元にあるの
に!
- 潜在変化モデル (潜在差得点モデル;
Latent change (score) model; McArdle &
Nesselroade, 1994) があります

7

まず最初に、潜在変化モデルのお話をしたいと
思います。マルチレベルをやるためには、3時点
以上のデータがないと、識別性の問題で、方程式
を解くことができません。つまり解不定というこ
とになってしまいます。おそらくですが、3時点
以上のデータを取るには結構な時間がかかると思
います。たとえば、1年に一回データをとること
にしたら、少なくとも、最低でも2年はかかります。
半年に一回としたら1年。まず修論を書くとい
うことを考えると2年後には卒業しなければい
けませんから、3時点のデータを取るというのは
かなりタイトなスケジュールになります。大学院
に進学したらすぐさまデータを取り始めるという
タイムスケジュールで行かないとデータにならない
ということになります。縦断データというのは
集めるのにそれなりの時間がかかるということです。
ただ3時点ではなく、2時点の縦断データだとグ
ッとデータの取得にかかる時間が短くなります。
半分になりますよね。実際に2時点の縦断デー
タなら手元にたくさんあるという方は結構いらっ
しゃると思います。例えば、大学の授業内で、2
回質問紙を配れば、2時点の縦断データになりま
すよね。4月と7月にデータを取ればそれで2時
点の縦断データになります。ですが、先ほど言っ
たようにマルチレベル分析の適用は出来ません。

そこで、潜在変化モデルというものを紹介したい
と思います。

潜在変化モデル

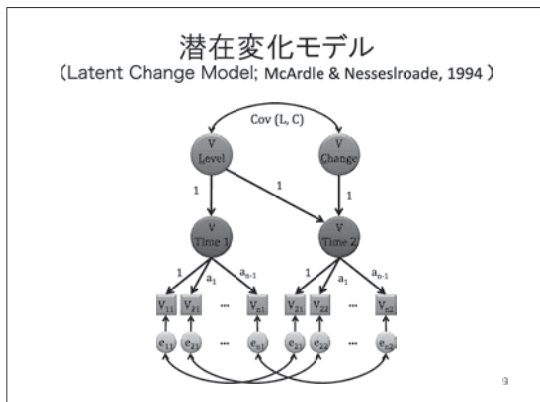
(Latent Change Model; McArdle & Nesselroade, 1994)

- 2時点の縦断データから、興味のある変数
のレベル (Level) と変化 (Change) を
切り分ける
- 2時点の縦断データから、潜在変数を用い
て、差得点を示す
- 縦断的因子分析モデル (のようなもの)

8

潜在変化モデル (Latent Change Model) もし
くは潜在差得点モデル (Latent Difference Score
Model) というふうに言われたりします。これは
1994年に提案されています。統計の方々は何年も
前に考えているんですよね。これが表に出てくる
のにずいぶん時間がかかるものです。2時点の
データしかないのだけれども、今私たちは、興味
のある変数を、レベルと変化、つまり潜在成長曲
線の枠組みに当てはめて言い直すと、レベルは切
片、変化は傾きということになります。2時点
でも出来るんです。ただ、いろいろな制約をかけて
いかなければいけません。モデルに何の制約もか
けないと、先ほど申し上げた通り解不定になりま
す。こういうモデル上の制約であればリーズナ
ブルであろうという制約を実際のところかなりタイ
トにかけます。そうすることによって、2時点の
縦断データから、潜在変数を用いて差得点を表現
します。ですから、潜在変化モデルは潜在差得点
モデルと呼ばれることもあるわけです。2時点の
データしかありませんから、「増えた、減った、変
わらない」という3パターンしか表現できません。
非常に貧弱です。3時点以上あれば、もう少し柔
軟に考えることが出来ますが、その点はものす
ごく弱いんです。例えば先ほど申し上げたように4
月と7月、3ヶ月しか間が空いていない2時点の
縦断データであれば直線的な関係を想定するのでも
まあいいかというような気がします。一方で、今

データを取って20年後にもう一度データを取ってこの2時点の縦断データの場合ですと、これを直線で表そうというのは少し無理があるような気がします。ですので、潜在変化モデルは、どちらかというと、短期で2時点しかない縦断データで、何らかの結果を出したいという際に使うと、いい結果が出るというか、3時点以上のデータが集まるまでの場繋ぎには充分なります。



具体的にどういことをやるのかということなのですが、先ほどのスライドで、縦断的な因子分析のようなものと書きました。まずは因子分析を行います。少し潰れていて見にくくて申し訳ないのですが、これが時点1における因子分析です。今、われわれが興味のある変数のデータを取ったと考えてください。何でも構いません。子どもの社会性でもいいですし、非行でも構いません。自尊心でもいいです。成績でも、パーソナリティ特性でも何でもいいです。確認的因子分析をします。時点1の因子というのをまず仮定します。それと同じように、今2時点のデータがありますので、全く同じ興味ある変数を取ってあるはずで、全く同じ確認的因子分析を行います。今これは、普通に二つの確認的因子分析を並べただけです。次にここで、LevelとChangeといった具合に、一つ高次に切片と傾きの変数を設定してあげます。切片Levelというのは初期値ですから両者に対して1という固定母数を入れてあげればOKです。変化はこれには関係がない、もちろんパスを引いても構わないのですが、敢えて引くとしたら、

ChangeからTime1の因子には0という固定母数を入れることになります。0が入るということは書かなくていいということと同義ですから、Changeに関してはこちらのTime2だけということになります。ですから、こちらのLevelに関してはTime1とTime2に、ふたつの2時点で共通している部分のばらつきを説明している潜在変数です。それでは説明できないTime2独自の部分というのを変化と考えます。ここが正に潜在的な変化量、潜在変数を用いて差得点を示してあげているということになります。ただ、ここまでやってもモデル解けません。先ほど申し上げた通り、これはパツと見、潜在成長曲線と一緒に。これだけだと解けなくて、これから少しモデルに制約を入れていかないとはいけません。この固定母数で既にややこしいことをしたかもしれないのですが、何処から行きましょうか。ここですね、下に返っていただいて、確認的因子分析の部分に等値制約をおきました。これが縦断的因子分析といった意味です。これで、推定すべきパラメタを約半分に減らしています。本来ならばここは自由に推定してもらって構わないのですが、ある時点において、同じ変数を取得していますので、同じ項目ごとに、因子負荷量是一緒というかなり強い仮定を置きます。1というのは、モデル識別のために置いておくだけですけれども、ここに a_1 というふうに書きました。ここも同じく a_1 というふうに書いていただきたい。 a_{n-1} とそれぞれのパスが第1時点目と第2時点目で同じようになるように、制約を入れてあげます。ただこれだけでも解けません。がんじがらめのモデルなのですけれども、因子負荷量も一緒であるうえに誤差間にも相関があるだろうと。第1時点目の1番目の項目と第2時点目の一番目の項目の誤差にこれは関連性があってしかるべきだろう、2番目と2番目もそう、最後と最後もそうといった感じで、これだけやって、このモデルはようやく解けるようになります。

続きは近刊にて...

- ・『計量パーソナリティ心理学』（荘島宏二郎・編、ナカニシヤ出版、近刊）
- ・第13章 パーソナリティの変化と健康の変化の関係性の検討を行う一潜在変化モデルを用いた2時点の縦断データの分析
- ・拙章では、潜在変化モデルと測定不変性 (measurement invariance) について書きました

10

ナカニシヤ出版から、後半年以内に、大学入試センターの荘島さんが編著の「計量パーソナリティ心理学」という名前の本が出ます。そこにこの潜在変化モデルで一章書かせていただきました。変化と変化の関係を見てみようという内容のもので。先ほどは、ある一つの変数、一つの構成概念についてのみ検討した分析でした。例えば自尊心だったら、自尊心に関する潜在変化モデルです。それとは別の変数に関する潜在変化モデルを同時に立てるということは可能です。それらの間の Level と Change の間でどういう関連性があるのかという検討も当然可能です。それについて、この章で僕の場合はパーソナリティ特性と身体的な健康に関する変数を用いた分析だったのですが、パーソナリティ特性の変化、それから健康の変化、このふたつの変化の間には関連性があるんだろうか、ないんだろうかということを検討しました。この際に潜在変化モデルを用いました。ですので、この章では、潜在変化モデル、それから測定不変性 (measurement invariance) の説明を行いました。なぜ measurement invariance についてご説明をしなければいけなかったかという、ここで等値制約を置いています。これがある種の測定不変性になります。全くまっさらな状態であれば、全く測定不変の状態ではないということになりますが、どんどん厳しい等値制約をかけていくことが出来ます。こことここは一緒、ここも一緒、例えばですけれども、ここの誤差分散も全部一緒という等値制約もやろうと思えば出来ます。ただし、そういったモデルの適合度が果たしてよ

いものになるかどうかはまた別問題です。どういうレベルで測定不変を満たすための等値制約を置いていく手順があるのかという点について、その章の中で説明をさせていただきました。

【質問者】 このモデルは Amos で描いて実行することは可能ですか。

可能です。

【質問者】 一番上の Level と Change のところに相互に共分散を仮定しているところに、潜在曲線モデルだったら、その上に独立変数を入れて、そこからの影響を見るということをやると思いますが、そういうことも可能ですか。

可能です。

【質問者】 つまり2時点で潜在曲線モデルというのでできるということですか。

その通りです。ただし、先ほどご説明申し上げた通り、がんじがらめの等値制約がかかっているのもその点にご注意いただきたいと思います。つまりここに等値制約がかからないということになると、モデルの適合度が悪くなってしまいます。論文の出版に耐えうるモデル・フィットになるかどうかは、この等値制約が上手くかかるかどうかにも関わる問題ということになります。

【質問者】 等値制約というのは、現実的に言うと、それはあまりにも強すぎると、データを歪めてしまっているのではないかというイメージ持ってしまうのですが、そういったことはありませんか。

データを歪めているということはおそらくないと思います。等値制約をおいて、それがデータを上手く記述できていないということであれば、モデルフィットは格段に悪くなります。つまり、こ

れには等値制約を置いてはいけなかったのだということが分かります。もちろん若干の差は当然あります。全く同じ値を取るということはないはずですので、第1時点目と第2時点目で、全く同じ値を取る、全く同じ負荷量を取るということはないと思います。ですが、先ほど申し上げたように推定すべきパラメタの数が極端に減ります。今回の場合、たとえば、10項目であれば、それが約半分くらいに減ります。推定すべきものが減るということは、推定が安定するということにもつながります。儉約的なモデルの方が推定は安定する傾向にありますので、もし儉約的モデルの方がモデル・フィットが高いということであれば、そのほうを採用したほうが良いということになると思います。逆に、あまり等値制約をかけすぎると、現実の状況を歪めてしまわないか、現実在即したモデリングになってないのではないかというご懸念に関しては、おそらく正直にモデル・フィットに出てくると思います。

あまり潜在変化モデルにばかり時間を取られてしまうとあれですので、今回のメインのほうに移っていきたいと思います。意地でも数式を出さないでいこうと思っております。僕がそれを果たしてきちんと説明できるかどうか自信がないので数式は出しません。数式の方が本当は理解しやすいのだけど…という方には申し訳ないのですが、これは僕のほうの理由です。

潜在成長曲線モデル

- 言葉の確認から
- マルチレベルモデリング、マルチレベル分析、階層線形モデル(HLM)、混合効果モデル、潜在曲線モデル、潜在成長モデル、潜在成長曲線モデル、成長曲線モデル
- すべて同じです

11

そして件の潜在成長曲線モデルなのですが、まずは言葉の確認からしたいと思います。さっきか

らいろんな言葉が出てきて混乱を招いたかもしれません。一回ここでまとめたいと思います。マルチレベルモデリング、マルチレベル分析、階層線形モデル(HLM, Hierarchical Linear model)、混合効果モデル(Mixed Effect Model)、潜在成長曲線モデル、潜在曲線モデル、潜在成長モデル、成長曲線モデル。いろいろな分析があって、これら一つ一つを押さえていかなければならないのは大変だなあと。違います。全部一緒です。何でもこんなにたくさん呼ばれ方があるのか。結構重要なことだと思うのですが意外と誰も言ってくれません。全部一緒です。マルチレベル分析と潜在成長曲線モデルが別物だと思っている人にたくさんお会いしてきました。違います。全く同じです。

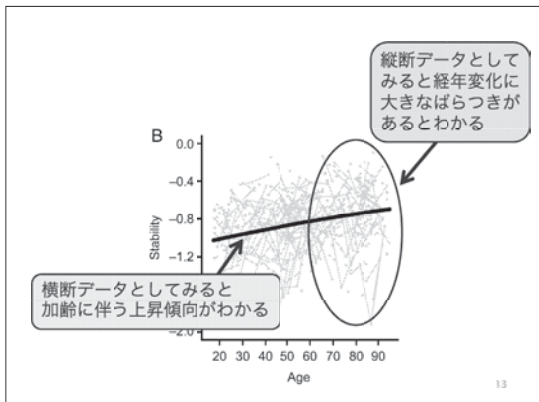
潜在成長曲線モデル

- 手元に3時点以上の縦断データ・時系列データがある場合、変化の軌跡を検討することが可能
- やろうと思えば、人数分だけ、すべての変化のパターンを記述することも可能

12

皆さんのお手元に3時点以上の縦断データもしくは時系列のデータがあるという場合には変化の軌跡検討していくことが可能です。ただやろうと思えば、全員分のデータを、例えば100人分の3時点のデータをプロットしてみるとどうでしょうか。やってみるとかなり悲惨なことになります。

ここから何かを読み取るのは無理です。頑張っで読み取ろうとすれば、横断データだとしてみると、加齢に伴って何かしらの得点が上昇していくということは分かります。それから加齢に伴って、ばらつきが増えるということも分かります。ただこれはあくまで、目視で、目分量で言っているだけなので、どの程度統計的に正しいことをお伝えできているのか分かりません。



13

潜在成長曲線モデル

- 変化のパターンの違いが統計的に意味のあるものなのかどうか不明
- サンプルサイズが大きくなると、もはや変化のパターンを目視で整理するのは不可能
- 縦断データを取り扱うためには、時系列的な変化に個人差があるかどうか、それ専用の分析が求められる

14

変化のパターンの違いが統計的に意味のあるものなのかどうか、しっかりと量的に検証したい。例えば、行動生態学などの分野で何かの動物の10個体の行動パターンの軌跡を全部示す。それは先ほどのようなデータの示し方は非常に有効だと思います。しかし、人間で200–300人のデータを取ったとなってくると、もはや変化のパターンというのを目視で確認して整理するというのは不可能です。縦断データを上手いこと取り扱うためには、時系列的な変化に個人差があるのかという、専用の分析が求められることになります。名前が長いので、成長モデルというふうに書くだけになりたいと思います。潜在成長曲線モデルと全く同じ意味です。論文を読まれていて、growth modelと書いてあったら、これのことです。

この潜在成長曲線モデルの長所は、時系列に伴う変化のパターンの個人差を推定できることです。後でこの部分についてはご説明したいと思い

成長モデルの長所

- 時系列に伴う変化のパターンの個人差を推定できる
- 構造方程式モデリング(SEM)としての長所ももちろん併せ持つ
- 柔軟なモデリングが可能

徳岡 (2014)

15

ます。潜在成長曲線モデルはSEMですので、SEMとしての長所ももちろん併せ持っています。そして、柔軟なモデリングが可能。この三点について順にもう少し詳しくご説明して行きたいと思います。

成長モデルの長所

- 時系列に伴う変化のパターンの個人差を推定できる
- 各時点のデータを観測変数として、切片と傾きを潜在変数として推定する
- 切片と傾きを(それぞれ正規分布に従う)確率変数として扱うことによって、切片と傾きの平均と分散を推定することが可能

16

まず一点目、時系列に伴う変化のパターンの個人差を推定できるという長所です。各時点のデータを観測変数として、切片と傾きを潜在変数として推定します。先ほどの潜在変化モデルのところに書いたようなものを思い描いていただければOKです。切片と傾き、レベルと変化、初期値と変化、これを潜在変数として推定しようというのが基本的な考え方なのですが、そこで、切片と傾きをそれぞれ正規分布に従う確率変数だというふうに扱うことによって、切片と傾きの平均と分散を推定することが可能になります。分散も一緒に推定することが出来るというのが非常に大きなポイントで、何かこのことについて触れられていないものが結構多いような気がしています。「成長曲線

モデルは個人差を捉えることができる」ということは至るところに書いてあるのですが、何故そういうふうに使われているのかというのが書かれていないことが多いような気がしています。

成長モデルの長所

- 切片とは、各測定時点に及ぼすパラメータの初期値の影響
- 切片の平均値は、全サンプルの平均値
- 傾きの平均値は、測定時点間の全サンプルの平均的な変化量
- もしこれだけの情報量であれば、回帰分析や分散分析(=一般線形モデル)で十分対応可能ではないか!

17

切片のほうから順に見て行きたいと思います。切片というのは、各測定時点に及ぼすパラメータの初期値の影響のことです。切片の平均値というのは、全てのサンプルの平均値のことです。傾きの平均値というのは、測定時点の間の全てのサンプルの平均的な変化量。全部のサンプルで、どれだけ平均して動いていったかというのが傾きの平均です。ただし、傾きの平均や切片の平均の情報は成長モデルを用いなくても分かる情報です。もしこれだけの情報だけを私たちがふだん行う統計分析の中で取り出したいということであれば回帰分析や分散分析をすれば充分対応可能なはずで

分散を推定するということが可能で、ゆえに個人差を考慮した分析だというふうに使われています。切片の分散とは何かというと、観測開始時点でそれぞれの被験者・被調査者が平均からどれくらいばらついているのかということを表しているものですし、ばらつきをあらわしているということです。傾きの分散というのは、平均的な変化量に対して、各被験者がどれくらいばらついているのかということを表すものだと考えることが出来ます。ですので、時系列データにおいて、切片と傾きのパターンに個人差があるのかどうかを評価したいのであれば分散が有意かどうかというのを確認しなければいけません。もしこの分散が有意ではない、もしくは0という固定母数を入れたということであれば、それは実は成長モデルとしての長所がないということになります。分析してみたけれども分散が有意ではなかったということであれば、それはすなわちそこには個人差がなかったということですので、成長モデルを描く意味はあまりないということになります。

成長モデルの長所

- 切片と傾きの共分散(相関)を仮定することによって、初期値と変化量の相関関係を確認することも可能
- 共分散が正であれば、初期値が大きいほど変化量が大きい傾向にあり、
- 共分散が負であれば、初期値が小さいほど変化量が大きい傾向にある
- 成長モデルでは、切片と傾きを確率変数として扱うことによって個人差に関する情報を得ることができるようになった!

18

成長モデルの長所

- 成長モデルでは、切片と傾きの分散を推定することが可能
- 切片の分散は、観測開始時点で各被験者が平均からどれくらいばらついているのかを意味する
- 傾きの分散は、平均的な変化量に対して各被験者がどれくらいばらついているのかを意味する
- 時系列において、切片と変化のパターンに個人差があるかどうかを評価することが可能(分散が有意かどうか確認しなければならない)

19

成長モデルでは、これにプラスアルファして、

さらに先ほどのご質問にもありましたが、切片と傾きの間に共分散を仮定することが出来ます。それによって、初期値と変化量の相関関係を確認することが出来ます。つまり、共分散が正の値をとれば、初期値が大きければ大きいほど、変化量が大きいという傾向にあります。共分散が負であれば(僕が何度かやってきた経験上ですけれども、これが正になることはほとんどなくて、負になることが圧倒的に多いです)、初期値が多ければその

後変化しにくいことになります。マタイ効果というのをご存知でしょうか。何か偶然でもいいので初期値が大きかった場合は、その後上手くいってしまう効果のことです。1960—70 年くらいに、アメリカの教育社会学の方が最初に名前を出しました。「富めるものはより富み、貧しいもより貧しくなる」といったようなことが、新約聖書のマタイの福音書に書かれていて、そこからマタイ効果というふうに名前がついているようです。この効果は直感的にあんまりうれしいものとは言えそうにありません。人間は初期値で決まっています、あとは差が開く一方だと言われたらがっかりします。あまり出てきて欲しい効果ではないと思います。論文等を見ていると、初期値は小さくてもその後十分にキャッチアップするという結果のほうを数多く見かけるとな気がします。成長モデルにおいては、切片と傾きを正規分布に従う確率変数として扱うことによって個人差に関する情報を引き出していきます。つまり、切片と傾きの平均値だけを見てはだめだということです。必ず分散についての情報を確認をしないと、せっかくこのモデルを立てた意味がないということになります。

成長モデルの長所

- 構造方程式モデリング(SEM)としての長所ももちろん併せ持つ
- 適合度指標を出すことが可能
- 複数の成長モデルを同時に立てることが可能
- 切片と傾きを説明する独立変数を組み込むことが可能
- 切片と傾きを独立変数として、別の従属変数をどのように説明するのか検討することも可能

20

二番目の長所に関する話に移りたいと思います。成長モデルはいわゆる SEM です。ですので、SEM としての長所もちろん当然ですが併せ持っています。まず、適合度指標を出すことが可能です。そのモデリングが本当に心理学的な事象や現象を記述するに耐える適合度を持っているのかどうかという適合度を出すことが出来ます。

潜在変化モデルのところでご質問いただいたことへの回答にもなるかと思いますが、複数の成長モデルを同時に立てるということは可能です。潜在変化モデルと一緒にです。切片と傾きを従属変数として、これらを何かで説明しようという独立変数をモデルの中に組み込んであげるということも可能ということです。逆に、切片と傾きを独立変数として、別の従属変数をどういうふうに予測できるのかという点について検討することももちろん可能です。ですから切片と傾きは従属変数にもなりえるし独立変数にもなりえるということです。もちろん、切片と傾きどうしの相関関係について、複数の成長モデルを同時に立てて、その間で相関関係を見るということももちろん出来ますし、何か明確な関係性が見込めるのであれば、単方向のパスをひいて因果関係を見て取ろうということももちろん出来ます。しかし、あまりお勧めできない場合もあります。ある変数の切片から別の変数の傾きに対して単方向のパスを引くというのは考えられそうな気がしますが、傾きから切片にパスを引くというのは違和感があります。その後の変化量が初期値を実は規定していたというのは何かおかしい感じがします。おそらくですが、今言ったようなことをやる際にはまずは相関関係の確認から行うのがいいのかなという気がしています。

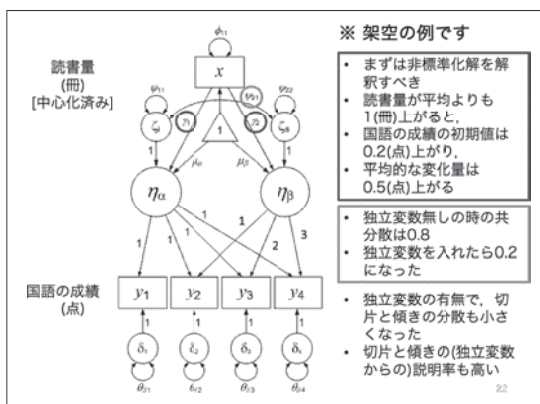
成長モデルの長所

- 柔軟なモデリングが可能
- 成長モデルでは測定時点は等間隔である必然性はなく、パス係数を推定することも可能(測定時期の違いを考慮した分析が可能)
- 変化のパターンは直線的(一次的)であることは限らないので、曲線的(二次的)な変化のパターンを考慮に入れることも可能

21

三つ目の特徴は柔軟なモデリングが可能という特徴です。成長モデルでは、測定時点は等間隔である必要はありません。等間隔でデータをとっていったほうが非常にきれいだということは認めま

す。しかし、いろいろな事情があって、そうはいかないということは多々あると思います。等間隔でなくても出来ます。あえて自由母数にしておいて、パス係数を推定するということも出来ます。つまり測定時期を考慮した分析ができると、1時点目と2時点目は1年空いていたけれども、2時点目と3時点目は実は2年間空いているとか、1年3ヶ月空いているというようなことにも対応可能です。そして一番下を書いてある点が、本セミナーの主催者側からこういうことも入れてくれということで、今回の報告の中で、こういったことも取り上げてくれということで書かせていただいている点です。変化のパターンというのは常に直線的・線形的で一次関数のような状態であるとは限りません。曲線的・二次関数、三次関数のような非線形のような変化のパターンを見せるということも十分にありえるはずです。そういった非線形の発達パターンを考慮に入れた分析を行うことも可能です。これまた後程一緒に事例を見ながら紹介をしたいと思います。



ひとつ、皆さんの中で、モデルのイメージを共有できているといいなと思ひまして、こういった図を描いてみました。これは完全に架空のものです。データは取っていませんし、数字は適当に書いていますので、ご留意ください。1時点目、2時点目、3時点目、4時点目と各学級での国語の成績を入れて見ました。国語の成績の切片と傾きに対して、月並みな例で申し訳ないのですが、普段の読書量が効いているのではないかという分析

を行ったとします。成長モデルにおいては、まずは非標準化解を解釈していただきたいと思ひます。Amos をまわした経験がある方はたくさんいらっしゃると思うんですが、標準化解のところにチェックを入れて、すぐ標準化解をチェックしたくなるのは分かります。しかしそこは少し待っていて、マルチレベルや成長モデルの場合は、非標準化解の方をまず真っ先に確認していただくべきだと私は考えています。この読書量には中心化済みと書かれています。これは、それぞれ、各児童・生徒が1か月の間にもしくは1週間に何冊本を読んだというデータがあって、さらに全体の平均値というのが出せるはずで、その平均値を既に引いているということです。ですから、上側の囲いの部分は γ_1 と γ_2 に対応していて、下側の囲いの部分は ψ_{21} の共分散のところに解釈が対応しています。読書量が今回のデータの平均値よりも1上がると1冊分です。非標準化解の良いところは、こうやって単位を付けて考えられるということです。これ以降の数字は全部適当です。1冊分だけ平均よりも上がると、国語の成績の初期値が0.2点上がって、平均的な変化量も0.5点上がるといった具合です。つまりこの部分が0.2で、この部分が0.5だというふうには今回は結果が出たということです。それぞれの数字が有意だとすれば、読書量は国語の成績の切片にも変化にも効いていたと言えます。ただ先ほども申し上げた通り、切片と傾きにはそれぞれ個人差があったのかどうか、分散が有意であったかどうかというのは、事前に確認しておく必要があります。今回は分散が有意ではなかったということにするとお話が進みませんので、あったという前提でお話を進めています。この切片と傾きの間の共分散に関して、まずこの独立変数Xつまり読書量という変数を入れる前、独立変数無し、Xは無しの時の共分散は仮に0.8だったとしましょう。たとえばです。このXを入れた後、この共分散を再度調べたら0.2になったとします。だから、これは0.6分だけXという独立変数を入れた効果があったことを意味します。この部分が全然減っていないということ

でありましたら、独立変数を投入した意味はあまりないということになります。

【質問者】 その減った、減らないというのは、どのように判断すればよいのでしょうか？

それはこのXから切片と傾きへのパスが有意であったかどうかというところで判断可能かなと思います。また切片には有意な分散があったけれども、傾きには有意な分散がなかったということでしたら、そもそも傾きのパスは引く意味がないことになるということにご留意いただきたいと思います。これは図には出てこないところなので、書くかどうか迷ったところなのですが、独立変数があるかないかで、切片と傾きの分散が仮に小さくなったとします。独立変数Xを入れる前よりもこの切片と傾きがそもそも持っていた分散が独立変数Xを入れたことによって小さくなったということであればそれぞれの分散は、独立変数Xを入れたことによってうまく説明されたということになります。

【質問者】 架空のモデル図の中の△は何を意味していますか？

これは気にしないで頂いて大丈夫です。共変量を意味しているのですが、これはあくまでモデルを絵で描いたうえのお話なので気にしないでください。Amos上でもこれは描きません。

【質問者】 パスは図には載らない？

載りません。大丈夫です。

おそらくですが、Amosではマクロが組まれていまして、少なくともこの独立変数がない状態というのはおそらく1分とかからずに描けるですが、われわれユーザー側がひっかかるのは、分析は出来た、アウトプットも出た、しかし果たして解釈は正しいのかどうか自信がないというところ

なのではないかと思います。しかしそれぞれのアウトプットを慎重に一つ一つ見ていけばさほど大きな問題はないかなと考えています。

成長モデルは複雑です

- 複雑なモデルで分析を行おうとすると、自由度不足で識別の問題が生じる
- たとえば、3時点のデータで2次の項を入れたモデルは解けるか？
- 潜在変数の数+1の測定時点数が必要
- (潜在変化モデルの時のように、制約をかけまくるという逃げ道はあります)

23

これまで説明してきました成長モデルですが、かなり複雑なことをやっていまして、識別の問題が生じることもあります。どういうことかと言いますと、3時点のデータで2次の項まで入れたモデルというのは解けるかと言われたら、解けません。何も制約をかけない状態であれば、解けません。先ほどの、y4（4時点目）がなくて1、2、3時点のデータで切片と傾きがあるというモデルは解けます。y4がない状態で、切片と傾きとさらに非線形の変化を入れたらとたんに解けなくなってしまいます。潜在変数の数+1個分だけ測定時点の数が必要です。そうすればもう一つ非線形の変化を潜在変数として入れても普通にやってモデルは解けます。最初に潜在変化モデルをご説明しましたがけれども、それは2時点で切片と傾きを無理矢理解きました。かなり強引に制約をかけました。それと同じように、3時点で2次の項を入れてモデルを解きたいということであれば、潜在変化モデルのときと同じように何かしらの制約をかけていく必要があるということになります。ふつうにやったら解けませんが、何かしらの制約をかけたら解ける場合があります。

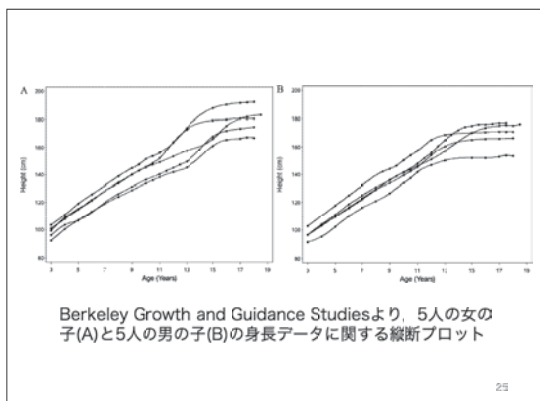
2次の項というお話をしました。成長モデルというのは、今では様々な分野で応用されています。最初は理系で始まったと言われています。心理学

実は...

- 成長モデルは現在はさまざまな分野で応用されていますが、始発は理学・生物学・農学分野でした
- 作物の成長、人口増加のプロセス、バクテリアの成長
- これらは明らかに線形な成長・発達を示すのみに留まらず、そもそもは非線形な成長の様子を捉えることが目的でした
- 人間の身長発育データに適用した例が心理学に比較的近接した事例 (Rao, 1958)

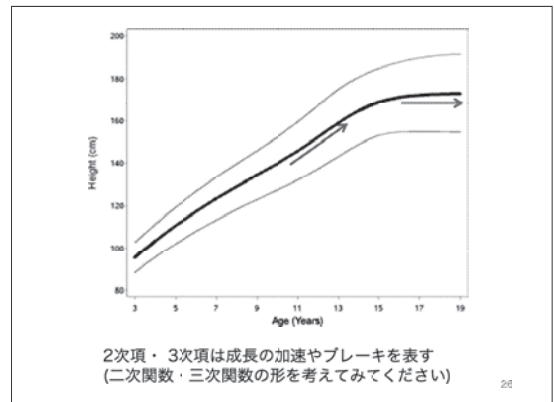
24

のデータ分析の方法ではありませんでした。作物・穀物の成長であったり、人口増加のプロセスであったり、バクテリアの成長・発達の過程や動態を解き明かすためにこういった成長モデルという統計解析手法が発達してきたと言われています。そもそもこういったものを想定していた分析ですので、線形な成長や発達のパターンを示すわけがありません。植物は雨が降ったらものすごく成長するでしょうし、人口爆発というのがありますから線形に人口が増えいくとは誰も思いません。バクテリアの成長に関してもそうだと思います。何かしらの栄養分をたまたま摂取できたものすごく繁殖するということはあると思います。そもそも非線形の成長の様子を何とか捉えたいというのが目的だったはずで、インド系の統計学の人 Rao が 1958 年に身長発育に適用した例があります。この事例が心理学に比較的近接した事例かもしれないと考えられます。



25

これは Rao のデータではないのですが、カリ



26

フォルニア大学バークレイ校がやっている身体発育に関するデータで、今回たまたま 5 人分ずつのデータを引っ張り出してきました。いわゆる二次性徴と言われるあたりで、急に身長が伸びたりする人がいます。ですから、線形の項だけで、人間の発育・発達・成長のパターンを読み解こうというのは無理があるかもしれません。2 次の項とか 3 次の項というのはいったい何を表すのか。先ほどの 5 人分のデータで、これは女の子のデータで、こちらが男の子のデータです。5 人分のデータをプロットしてただけで、全部を合わせて平均するとこういう感じになります。中学・高校でやった二次関数とか三次関数の形を思い描いていただくと少し分かりやすくなるかなと思います。2 次の項を入れて考えてみます。2 次の項の符号が正になるということは発達が加速することを意味するのは直感的にご理解いただけるでしょうか。今回、身長の場合は、線形に伸びていきました。さらに 2 次の項の係数も正だったという場合には、その指数分だけ成長に加速度があることを意味します。さらに 3 次の項を入れて考えてみましょう。3 次の項も有意だった場合には、さらに厄介なことになってきます。三次関数は波打った形をとります。この場合ですと、ここでいったん加速をして、行き止るブレーキを示します。このように伸びていって、このまま行ってしまうと二次関数です。三次関数はここで止まって下がります。しかしそこまでのデータはさすがにないと思うので、ここでプラトーの状態になってくると、3 次の項が有意になってくるはずで、ただ、こ

ういった2次の項や3次の項が有意に出てくる例というのはレアケースだと思います。

2次項を十分に検出できるだけの 標本サイズ

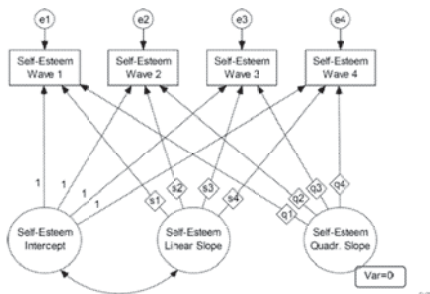
- 4時点のデータの場合は、少なくとも250、理想的には400
- 6時点のデータの場合は、少なくとも100、理想的には150
- 10時点のデータの場合は、少なくとも50、理想的には100

Diallo et al. (2014)

27

というのは、少なくとも二次の項を充分に検出できるだけの標本サイズはどれくらいかというシミュレーション研究を見てもみると、4時点のデータの場合は少なくとも完全データで250人は必要です、理想としては400人必要だそうです。もし6時点のデータがあるのであれば、少なくとも100人、理想的には150人。10時点のデータを分析するには少なくとも50人で、理想的には100人。これだけあれば何とか分析できるというふうに書かれているのですが、われわれがこの数字を達成するのは難しいという場合も多くあると思います。

事例1: Orth et al. (2010, JPSP)

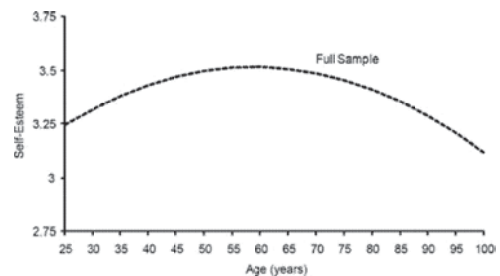


28

これから先はいくつか事例を見て行きたいと思います。これは自尊心に関する4時点のデータです。ここが切片、線形の傾き、ここが2次の傾きです。4時点あるので、この3つの潜在変数を解

くことができます。このモデルでは何をやっているのかを順に見て行きます。切片は全て1で等しく、切片ですから等しく効果を持っているというのはここで示されている通りです。線形の傾きと2次の項に関してはそれぞれ自由母数になっています。線形の傾きを0、1、2、3と書いたら、ここは0、1、4、9と二乗した数値が入ってくることが多いかなという気はしますが、今回の場合はこの部分は全て推定を行っています。こういうことをしていますので、とたんにまたこのモデルは解けなくなります。先ほど言った通り、この潜在変数の数+1個分だけ、観測データはあるんですが、ここを推定しようとしているので、解けません。その代わりこのモデルでは、何をやっているのかというと、2次の項の分散を0に固定しています。これは全く意味を成さないことです。この論文はJPSPに掲載されているものです。ひどいことをやっているというのは先ほど来お話をしてきたところでご理解いただけたのではないかと思います。分散を0に固定するというのはこの分析の趣旨を丸潰しにしていることに等しいです。論文を読むと、モデルの識別ができなかったなので、この分散を0に固定しましたと書いてあります。これはひどい話です。

事例1: Orth et al. (2010, JPSP)



29

少しずつ結果をお見せしたいと思います。自尊心の得点を縦軸にとって、25歳から100歳までデータがあります。一応2次の項があるので、線形ではなくてだいたい60歳ぐらいでピークを迎えて、その後下がるらしいというのが全体の傾向

のようです。

Estimates	Basic model	Conditional models			
		1	2	3	4
Means and variances of growth curve factors ^a					
Means					
Intercept	2.70*	2.81*	2.67*	2.55*	2.59*
Linear slope	2.79*	2.70*	2.86*	2.91*	2.96*
Quadratic slope	-2.36*	-2.38*	-2.36*	-2.37*	-2.39*
Variances ^b					
Intercept	0.43*	0.42*	0.42*	0.42*	0.40*
Linear slope	0.89*	0.86*	0.82*	0.93*	0.85*
Regression coefficients of covariates of growth curve factors					
Predicting intercept					
Gender ^c		-0.21*			-0.16*
Ethnicity ^d			0.12		0.17*
Education ^e				0.24*	0.25*
Predicting linear slope					
Gender ^c		0.20*			0.15
Ethnicity ^d			-0.31*		-0.33*
Education ^e				-0.05	-0.08

392

さらに、Basic model というところをご覧くださいいただきたいのですが、何も独立変数が入っていない状態です。それぞれ平均と分散、切片と線形の傾きと2次の項に関する平均値です。平均値はそれぞれ全て有意でした。今回この論文ではきちんと分散に関して数値を示しています。切片と傾きと、本当はここに2次の傾きがあったのですが、先ほど言ったように2次の傾きの分散を0に潰してきているのでここはありません。切片には個人差があり、線形の傾きにも個人差はあるということが分かった。これは非常にいいですね。ここは有意であるということを確認してくれているので、問題なくその後解釈していってもよいということになります。ここに個人差があることを確認した上で、その個人差を以下に書いてあるような変数、性別・民族・教育歴で説明しようと考えています。この3つが独立変数です。この独立変数からそれぞれ切片に対しても、線形の傾きに対してもパスを引いています。これをやっていいのはなぜかという、両方とも分散があるからです。切片と傾きのばらつきをこの3つの変数で説明しようとしています。ただ、せっかくここまでやったのですから、2次の項の分散を潰してしまうというのはいただけないことでした。本来であればここはあくまで固定母数にしておいて、2次の項の分散はきちんと推定するというのが正しいやり方だったのではないかと思います。

【質問者】具体的に、固定母数というと、一般的に考えれば、1次の傾きの係数は0、1、2、3にして、2次の傾きの係数は2乗したものになると思います。そのときには分散は0と入れないで、それで解けなかったからこのようにしたのかなと思うのですがいかがでしょうか。

係数を推定しようとしたので、モデルは解けなくなっていました。今回の場合は、係数を推定せずに分散を推定するか、分散を0に固定して係数を推定するかという選択肢がありました。僕であれば係数は固定して、一番見たい分散をきちんと推定してあげるかなと思うのですが、著者らはそうではなかったようです。

【質問者】一次の傾きの項で、0、1、2、3を入れるということは線形を仮定しているということになると思います。例えばそこを0と1だけ指定しておいて、残りの係数を入れないという場合もあると思うのですが、曲線を想定するということはあるのでしょうか。

この場合は、曲線は想定しておらず、例えばここは0と1でOK、この間が1ということを基準に、このS2とS3の間、S3とS4の間というのでも考慮して推定してくださいということで、あくまで線形を仮定したままです。曲線関係を仮定したいのであれば、2次の傾きの潜在変数をもうひとつ入れないといけないということになります。

【質問者】先ほど、2次の傾きの項を入れたい場合は、基本的には4時点までデータがないといけなくて、3時点のデータでも制約のかけ方次第で結果は出るというお話でしたけれども、ちなみにそういう場合にはどういう制約をかければクリアできるのですか？

具体的には等値制約だと思います。今回のように何かを0にしてしまうというのは、僕は避けるべきことかなと思います。例えば誤差分散を0に

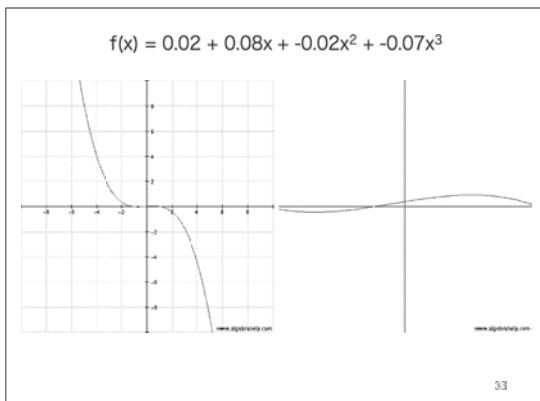
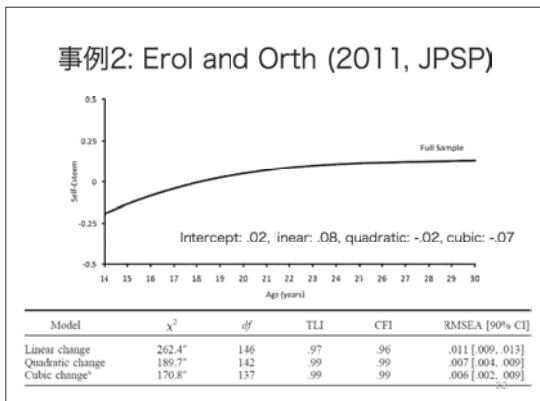
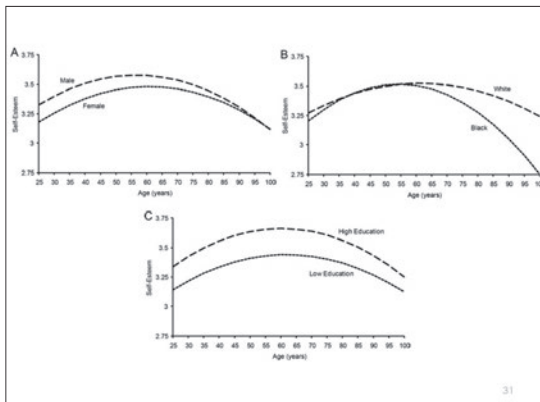
するとかはやってはいけないと思います。見るべきところを0にしてしまうというような制約のかけ方はやらないほうが良く、縦断データですから、どこかとどこかが一緒というのはありえることだと思います。おっしゃっていただいたように、ケースバイケースだと思いますが、もし等値制約を入れられるところがあるのであれば、そこで考慮すべきかなと思います。とにかく非常に複雑なモデルで、薄氷の上に結果が乗っかっているのが結構あるので、危ういところが多々あるのですが、それをクリアして、より柔軟なモデリングを達成するためには、時点数を増やしていくしか解決方法はないのかもしれませんが、3時点や4時点でも個人的にはデータとして充分だとは思いますが、論文を読んでいると、5時点、10時点、20時点というのがたくさん出てきますので、それらに太刀打ちするためには、そこで結果を出すには等値制約を置いてモデルを識別させるのがよいかなと思います。

【質問者】事例1のところにカーブがあります。こうやって見ていくと、発達段階によっては直線的な傾向が優勢な時期と、2次の項をどうしても入れないといけない時期とがあるような気がします。僕が専門にやっている思春期は時期によってかなり変わってくるところがあります。

おっしゃる通りです。こういったものすごく長い時期を追いかけている研究と、ある一時期だけを切り取った研究では、後で事例2でお出ししようと思っていたんですけども、全く様相が変わってくるということは、多々あると思います。本当に今おっしゃっていただいた通りだと思います。どの時期を対象にどの発達状態を切り出して来ようとするのかだけで、ベストフィットのモデルが変わってくるというのは当然だと思います。

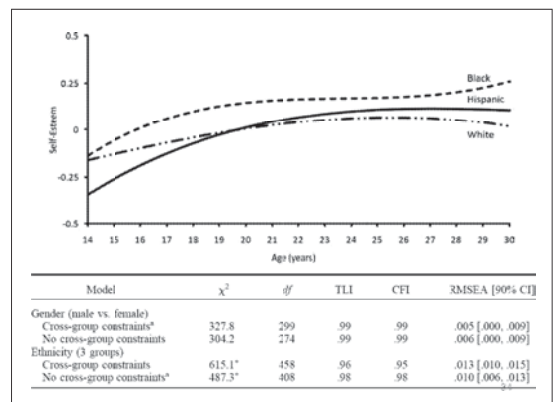
先ほどのところに戻って、解釈を進めてみたいと思います。せっかく独立変数が入っていますが、ここに2次の項の分散は0と固定してしまっている、ここもないです。Predicting Quadratic

slope、ここもありません。個人的にはとても残念な感じに見えます。4番目のConditional model、条件付きでどんどんモデルを増やしていきました。Conditional modelの1では性別だけ入れました。Conditional model2では民族だけ入れました。3では教育歴だけ入れました。4では全部入れましたということです。この最後の4のところだけ全部横に見ていけばよろしいかと思います。まずは性別で予測をしたら、切片でマイナスの値が出て、傾きには関係がありません。男性が1で女性が0です。だからマイナスの値が出たということは、初期値で女性の方が下です。自尊心は女性の方が低い傾向にあって、その後の傾きに関してはほとんど一緒という結果がこのパターンから見取れます。戻りまして、真ん中の民族のところを考えてみたいと思います。これは両方とも有意です。切片が正、傾きで負になっています。コーカシアンが1でアフリカンが0です。初期値でアフリカン・アメリカンの方が下で、かつ傾きも有意でしたので、アフリカン・アメリカンの方々の方がより下に下がってしまうというのが、先ほどの数値から見取れることです。そして、教育歴です。教育歴は切片のみ統計的に有意でした。傾きはほとんど一緒で、被教育年数が多い人と少ない人とは変動はしないようです。High education群は1、Lowは0で、先ほどプラスの値が出ていたと思うので、High educationの方が自尊心が初期値の段階において高く、その後変わらないのでキャッチアップしないんだという結果になっています。



次の事例です。先ほど出てきた自尊心の研究をやっていた人たちと同じ研究グループです。今度は青年期の自尊心に限って研究を行っています。先ほどは25歳から100歳まででありましたが、今回は14歳から30歳までのデータで分析をされています。非常に見にくいとは思いますが、これは何次関数に見えますか。これは目視では判断の難しいところだなと思いますので、論文の表を持ってきました。これは線形の項だけを入れた場合のモデルフィット、2次の項を追加したときのモデル

フィット、3次の項を入れたときのモデルフィットです。いかがでしょうか。TLI、CFI、RMSEAは、これらは全部モデル適合度の指標です。ほとんど変わらないですけれども、この一番下、3次の項を入れたときが、一番フィットが良くなっています。多分同意いただけないと思うんですけれども。つまり3次関数ということは、実際に今この論文で書かれていた数値をもとに3次関数書いてみました。これが、われわれが一般的に中学・高校の数学で目にする3次関数の形です。でもこんな形になっていません。非常に分かりにくいですし、パッとイメージしにくいですが、ここの部分を拡大するとそうなるのだと思います。これで3次の項も入ったモデルがベストフィットだといわれても、しっくりこないかもしれないという気はするのですが、数字は確かにそう出ています。



この論文ではもう少し面白いことをやっていて、今回の場合も、コーカシアン、スペイン系の方々、アフリカンの方方で3つのグループに分けて類型化したうえで、それぞれの発達のパターンを調べています。これらのパターンが重なればこんなことやる必要はなかったのかもしれませんが、下の Ethnicityの方を見ていただいて、3グループを設定して、Cross-group constraintsというふうに書いてあります。グループ間で等値制約を入れた場合です。constraints というのは制約という意味です。この3つのグループの間は等しい、発達動態は同じであるという制約を入れた場合と制約を入れなかった場合です。制約を入れなかつ

た場合の方がフィットがいいようです。したがって今回はそれぞれのグループがどういう動態を描くのか3つのグループに分けて分析を行っています。次に Gender です。男性と女性で分けて、発達動態を描いてみたところ、微妙なところではありますが、A というふうに書いてある方がフィットがよかったようです。男性と女性で等値制約のモデルを入れた方がモデルフィットが良かった。つまり、男性と女性で発達動態はさほど統計的に有意な違いはあるとは言えないということでしたので、今回は性別では分けては考えていません。もし仮に No cross-group constraints のフィットの方がよかった場合には、この線は6本描かれていたはずです。さらに、もちろん独立変数を入れることも出来ます。自尊心のデータで、切片、傾き、2次の項、3次の項と、線形の傾き、2次の傾き、3次の傾きというふうな、それぞれの潜在変数に対して、パーソナリティのビッグ5を独立変数にして、それぞれがどうやって説明するのか検証しています。結果は実は全然面白くなくて、見ていただければ分かる通り、初期値のところになんとか効いています。つまり、外向性が高く、勤勉で精神的に安定していて、好奇心の強いという人が、初期値の状態において自尊心が高い傾向にあります。それ以降も様々な形の変化、線形、2次、3次の変化全部で15個ありますけれども、そのうちの1個の例外を除いて、全く変化には効いていませんでした。これだけ結果が出ていなくても、きちんと論文になるということには勇気付けられますが、分析をした側からすると、がっかりしたのではないかという気がします。ただ、こういった結果はこういう理由でこうなのだという考察がきちんと与えられれば十分に論文として耐えるのだとポジティブに解釈しておきたいと思っています。

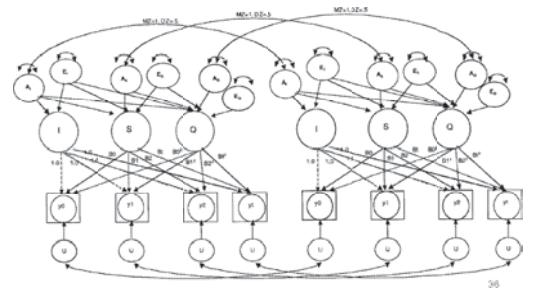
Variable	Growth factors			
	Intercept	Linear slope	Quadratic slope	Cubic slope
Extraversion	.21*	.04	-.04	-.02
Agreeableness	-.02	.03	-.04	-.10*
Conscientiousness	.16*	.03	-.09	-.01
Emotional stability	.24*	.06	.05	.03
Openness to experience	.08*	.06	.09	-.01

35

これは若干複雑なのですが、双子研究の結果です。今回従属変数になっているのはこの部分で、Cognitive abilities 知的能力、IQ のようなものです。切片、傾き、2次の項が設定されています。そして、左半分は双子ちゃんの片割れ、こちらがもう片割れのデータというふうに見てください。同じように4時点分のデータが入っていて、切片、傾き、2次傾きです。さらに、切片、傾き、2次の項を遺伝と環境の影響に分割しています。先ほどの分析からもう一段階ややこしいことをしています。初期値の状態に、遺伝の影響がどれくらい関わっているだろうか、環境の影響がどれくらい関わっているだろうかということを検討しています。AとEと書いてあります。複雑になるので、AとEしか書いていないのですが、Aは Additive genetic effect、遺伝の影響です。Eは Environmental のEです。あとは測定誤差もここに含まれるので、measurement Error のEでもあります。10年ぐらい前の *Development Psychology* に載っている論文なのですが、結構面白い結果が出ていたと思いましたので、事例の一つとして持ってきました。まず、もちろん潜在成長曲線モデルを既に10年前にきちんとやられているということは非常に高く評価されるべきことだと思います。そしてさらにそれを行動遺伝解析しています。被験者に対して実施した認知課題がたくさんあります。アナログ課題とか Digit Span とか、Symbol Digit とか課題がたくさんあります。I、S、Q というのは、切片、傾き、2次の項と順番に見てください。h² と書いてあるのでは、Heritability 遺伝

率です。その課題の個人差がどれくらい遺伝によって説明されるかを表したものです。個人の課題の成績の何%が遺伝の影響で説明されると言っているわけではありません。例えば、ある課題の遺伝率が80%だったとします。ある人が、その課題で80点を取ったらその8割の64点分が遺伝だという解釈は完全に誤りです。これをしっかりと伝えしなければなりません。あくまでその集団のばらつきのうち、何%くらいが遺伝の影響を受けているかもしくは環境の影響を受けているのかということを考えています。縦方向にこの h^2 というのを見ていくと切片の個人差、初期値の個人差はおおよそ50%から90%ぐらいの遺伝の影響があります。それに対して、傾き slope の個人差にはあんまり遺伝の影響がなく、さらにここは一番面白いと思っているのですが、傾き・変化の部分です。変化は、遺伝の影響ではなくて、環境の影響だろうと言われるようになるほどだと思います。初期値は何となく決まっているけれども、その後の成長というのは、環境によって規定されるようです。さらに面白いのが2次の項です。成長の加速度の個人差には、45%、35%、75%といった具合に先ほどの傾きの個人差よりかは明らかに高い遺伝的影響があります。つまりまとめると、初期値の状態には遺伝的影響が入りやすい。納得です。変化というのは環境の影響を受ける。これも納得です。しかし、変化を加速させたり減速させたりするのは、これまた遺伝の影響を多分に受けているということがこの研究からは分かります。ここまで、2次の項も検討の対象に入れたいくつかの先行研究を一緒に見て参りました。ここで、いったん成長モデルの話は区切りにしようかと思いますが、何かご質問等ありますでしょうか。ここから先は、お時間の許す限り、混合軌跡モデリングという3つ目の分析についてのお話をしたいと思います。

事例3: Reynolds et al. (2005, DP)



Task	Domain	Parameter	h^2	e^2	σ^2
Information	Verbal	I	0.70	0.00	0.00
		S	0.00	0.00	0.00
		Q	0.42	0.00	0.38
Analogies	Verbal	I	0.78	0.00	0.00
		S	0.19	0.00	0.00
		Q	0.00	0.00	0.00
Synonyms	Verbal	I	0.75	0.00	0.00
		S	0.17	0.00	0.00
		Q	0.13	0.00	0.00
Block Design	Fluid/spatial	I	0.80	0.00	0.00
		S	0.35	0.00	0.00
		Q	0.56	0.00	0.00
Figure Logic	Fluid/spatial	I	0.67	0.00	0.00
		S	0.14	0.00	0.00
		Q	0.33	0.00	0.00
Card Rotations	Fluid/spatial	I	0.74	0.00	0.00
		S	0.35	0.00	0.00
		Q	0.38	0.00	0.00
Thurstone Picture	Memory	I	0.84	0.00	0.00
		S	0.06	0.00	0.00
		Q	0.70	0.00	0.00
Digit Span	Memory	I	0.82	0.00	0.00
		S	0.35	0.00	0.00
		Q	0.35	0.00	0.00
Symbol Digit	Speed	I	0.85	0.00	0.00
		S	0.03	0.00	0.00
		Q	0.75	0.00	0.00
Figure Identification	Speed	I	0.78	0.00	0.00
		S	0.15	0.00	0.00
		Q	0.39	0.00	0.00
First principal component	α	I	0.91	0.00	0.00
		S	0.01	0.00	0.00
		Q	0.43	0.00	0.00

- 切片の個人差には50-90%の遺伝の影響があるのに対して、
- 傾きの個人差には5-35%の遺伝の影響しかない
- さらに、2次の項(成長の加速度)の個人差には10-70%の遺伝的影響がある
- 安定的な特性には遺伝の影響が入りやすいが、
- 変化は環境の影響による
- しかし、変化を加速させたり減速させたりするのはまた遺伝の影響

【質問者】最初の事例で、2次の項の分散を0に仮定するという事は、個人間でバラつきがほぼないということを前提にしていることになりませんか？

ほぼないのではなく、ばらつきはまったくないことを仮定しています。

【質問者】ないということは、次の2次関数のグラフで言うと

ここに、ばらつきがないということになります。

【質問者】しかし、性別や Ethnicity でばらつきが出るというのはどうということですか。

その点がこの論文が非常に ambivalent なところで、やろうとしていることや見ようとしていることと、今回この論文で実際にやってしまったこ

とがすごくマッチしていません。

【質問者】 1 次関数的なものが有意だといっているだけですね。しかしなぜ曲線で有意差が出たと言っているのが分からない。

おっしゃる通りです。もしこういうことを本当に言いたいのであれば、二次曲線の形をしていますのでここを 0 にしてはいけなかったのです。

【質問者】 結果から見るとどうでしょうか。

おそらく結果はきちんと出るだろうと思います。

【質問者】 分散も 0 ではなかったということですか。

はい、0 ではなかったはずです。

【質問者】 個別に値を入れていっても多分有意になっていただろうということですか。

おそらくなかったはずです。

【質問者】 切片と傾きというのは、重回帰分析とかでよく見る切片とか傾きというそのままの意味ですか。

そのままの意味です。そのままの意味なのですが、回帰分析や分散分析では潜在変数としては扱っていません。あくまでここは平均値のお話しかしていません。このモデルでは、新たに何をやろうとしているのかというと、平均値と、切片の平均値、切片の分散、傾きの平均値と傾きの分散、2 次の項の平均値と 2 次の項の分散をそれぞれ推定しようとしています。分散の部分がやはり一番大事です。

【質問者】 回帰分析をしていると切片はあまり見

ません。どちらかというと係数が有意かどうかに着目しがちです。切片もやはり同じく大事だったのでしょか。

回帰分析においては、おそらく僕も皆さんもそうだと思うのですが、すぐさま標準化解を見て、「0.3 で有意だった。良かった。」となってしまうがちです。相関でも出ていたし、まあそれはそうかなという感じになってしまうことが多いと思います。しかし、やはり本来的には、まずは非標準化解をきちんと見てあげるべきです。ただ、重回帰になるとたくさんの変数が入ってきます。そうすると意味を取りにくくなる場合もあります。それであれば、係数の大きさを単純に比較できる標準化解のほうが便利でいいじゃないかということにもなりますが、もし出来るのであれば非標準化解もきちんと吟味すべきことかなと思います。

最後に三つ目の分析に入って行きたいと思います。三つ目の分析は本邦においてはまだほとんど、残念ながらといったほうがいいと思うんですが、やられていません。僕このお話をさせていただくのは中身はいろいろ変えていますが、三回目なんですけれども、一件も出てこないで、僕のセンスがちょっとよろしくなかったのかもしれないので、皆さんちょっといったん聞いていただいて、「これは使えないよ」ということであれば、それでいいんですけれども、「こんな分析もあるんじゃない」ということであれば是非お使いいただきたいなと思います。



HLMで十分なのか？

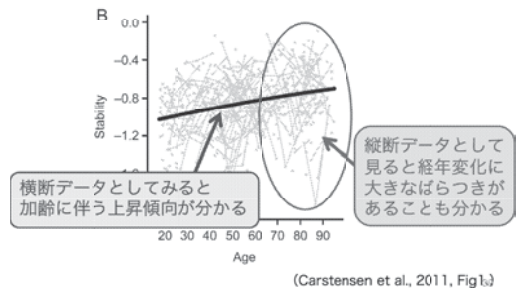
- HLMにも、少なからず欠点はある
- たしかに個人差は考慮するが、背後にいくつかのグループは仮定しない
- 標本内のすべての個人が平均的な発達動態を示すとは限らない

38

HLM、階層線形モデル、マルチレベル、潜在成長曲線、呼び方は何でもよいのですが、成長モデルにも少なからず欠点があります。先ほど来、繰り返し申し上げている通り、確かに、平均に加えて分散の推定もきちんと行っている。つまり、切片とか傾きを潜在変数として考えます。それらを正規分布に従う確率変数だと考えて、平均と分散を出しています。分散を出しているということは、個人差を考慮した分析を行っていると言えるのですが、若干物足りなさを感じます。なぜかというグループを背後に仮定していないからです。男女とか、年齢層とか、民族とか、そういったあらかじめ決まった分かりきったグループが設定できるのであれば、多母集団にしてあげればよいのですが、何が不満かというと、標本内の全ての個人が平均的な発達動態を示すとは限らないということです。



HLMで十分なのか？



HLMで十分なのか？

- 標本内にいくつかの群が存在する？
- それぞれの群が特徴をもった発達軌跡を描いている？
- 「平均グループ」は本当に存在するのか？
- ひとつの解決方法は、多母集団にすること
- 多母集団の潜在成長曲線モデル = 潜在混合モデリング (いわゆるgrowth mixture)

42

この平均的な個人というのは本当にいるんですかというお話です。例えば、この図で、真ん中に黒いラインを引いていますけれども、これが平均です。こういう人は本当にいるのでしょうか。もしもないのだとしたら意味がありません。ですので、もしかしたらこの標本内にはいくつかのグループが存在するのではないだろうか。それぞれのグループが特徴を持った発達軌跡を描いている。繰り返しになりますが、平均グループというのは本当に存在するのか、というのが問いの出発点です。一つの解決方法は、これも繰り返しになりますが、男女とか、年齢層とか、民族とか、教育層とかの多少などによって、あらかじめグループを分けてしまうというやり方、すなわち多母集団にすることです。多母集団の成長モデル、これを Growth mixtureと言います。この Growth mixture が HLM を一歩先に進めた優れた分析なのであればよいのですが、HLM でも複雑だったモデルをより一層複雑にしているのでかなり複雑なものになっています。



Growth mixtureは複雑すぎる

- 群レベルと個人レベルの両方のパラメータ推定が必要となるため、モデルが複雑になる
- モデルの仮定(前提条件)が満たされない場合には、結果が頑健ではなくなる (e.g., 初期値を変えると解も変わる)
- 混合軌跡モデリング (Group-based trajectory analysis; Nagin, 2005)の紹介

41

群のレベルと個人のレベルの両方のパラメータ推定が必要になってしまうため、モデルが格段に複雑になっています。モデルが複雑になるということは、モデルの前提条件が満たされない場合には、結果が頑健ではなくなります。つまり、ちょっと初期値（ここで言うところの初期値というのは切片の初期値という意味ではありません。推定のアルゴリズムに使う際の、計算を回し始める一番最初の値という意味です）を変えただけでも解が変わってしまいます。これはまずいことです。分析するごとに解が変わるといえるのは最悪です。ですので、ここで Growth mixture をできるなら、これで安定的な解が得られるのであれば、Growth mixture をやるべきです。その可能性がちょっと低いというのであれば、こちらの混合軌跡モデリング Group-based trajectory analysis がかなり有力な代替案として考えられると思うのでご紹介したいと思います。この分析については Nagin という人が 2005 年に本を書いています。



混合軌跡モデリング

- Nagin (1999, *Psych Methods*)で整備された方法が、SASパッケージ (proc traj) として実用化されたため、ここ数年で、使用頻度が急増



42

1999 年に *Psychological Methods* に論文が出ています。もう 15 年も前のことになります。これも繰り返しになりますが、数理統計の方々はもう何十年も前に考えてくれているのですが、われわれのところには全然届いてきません。ここ数年で、SAS のパッケージ proc traj (proc というのは procedure、traj は trajectory のことです) として実装されたため、ここ数年で使用頻度が急増しました。



混合軌跡モデリング



43

これが 2005 年の本です。Group-Based Modeling of Development という本です。Nagin がこのモデルについて考えて、SAS のパッケージ実装したのが、Carnegie Mellon の Jones という人です。Jones と Nagin 二人で、proc traj というのを開発しました。Jones のページから SAS のパッケージをダウンロードすることが出来るんですが、近年、SAS ユーザーが劇的に減っているだろうと思われます。おそらく SAS を使っている方はいないですよ。そして、最近 SAS で University Edition という無償で使える SAS のライト版みたいなのが出ました。しかし、proc traj のような追加のパッケージは使えません。有償版でないと使えないようです。Jump でもダメでして、今使える可能性があるのは、SAS、それから Stata です。Stata は経済学とか社会学の方々が主に使われている統計のソフトウェアです。二つがホームページ上で、パッケージを提供してくれているところです。それ以外には、Muthén という方が提供してくれている Mplus があります。あとは、この後紹

介しようと思ったんですけれども、Rでも一部やることが出来ます。その一部というのが厄介なところではあるのですが、例えば、非行のデータ分析には使えます。しかし、正規分布しそうな変数、自尊心、パーソナリティ特性、社会性などに対しては使えません。

【質問者】 確認なのですが、前のスライドで、標準グループという言葉がありました。これはどういう意味ですか？

グループというふうに言ってしまったので誤解を招いたかもしれないのですが、私の言いたかったことはこのスライドに書いてあることです。いろいろな発達動態を示していますが、いったん回帰分析をしたらこういった回帰直線が引けます。回帰分析というのは平均を引いています。なので、このデータを最小二乗法なり何なりの推定方法で一番縮約的に示すとしたらこの直線だというのが回帰線の意味です。しかし、本当にこの発達動態を示す個人というのがいるのかどうか。いるのだとしたらそれで構わないのですが、いないのだとしたら、例えばこの例で当てはまるかどうか分かりませんが、下のほうで伸びている群と、上の方で伸びている群と、2つのグループが半々いて、平均してみたら真ん中を取ってしまったというのが実情だとしたらこの線に意味は薄いということになります。

【質問者】 平均値ということでしょうか。

平均値というわけではありません。

【質問者】 先ほどの Gender や Ethnicity など何かそういった意味でのグループということなのかなと思ったのですが、そういうものでもないのでしょうか？

そういったご理解で大丈夫です。例えば男性が全然発達しないという特徴があったとして、女性

がものすごく初期値で急激に発達するという特徴があったとします。男女というグループを潰してみたらちょうどこのラインを通ったとしたら、この場合もこのラインには全く意味がありません。男女分けて考えるべきだったにもかかわらずその情報が欠落しているの、本当は誰もいるはずもないところに線が引けてしまったということになります。

【質問者】 分かりました。



混合軌跡モデリング

- 発達軌跡にはいくつかのパターンがあるはず
- しかし、通常は、どのようなパターン（グループ）があるのかは観察できない
- クラスを仮定して、適合度比較を行うことによって、その軌跡パターンを考える
- ある時点の説明変数によって、軌跡への所属確率が説明される、独立変数付きのモデルも想定可能
- 3時点以上の縦断データを用いて、問題行動・認知能力などの発達や老化の様子を、グループごとに描き出し、それらの規定要因についても検討可能

やはり発達軌跡にはいくつかのパターンというのがあるはずだと考えてみたくなります。別に構いません。分析してみても構いません。グループの数を確認してみる価値はあるのではないかと思います。通常、どういったパターンやグループがあるのかというのは観測できません。例外として、男女で分けるとか、明らかなグループ分けができる場合があります。潜在クラスを仮定して、適合度比較を行うことによって、軌跡パターンを考えるのが一般的です。潜在クラスの数考えるのに加えて、ある時点の説明変数によって、軌跡への所属確率、どういう説明変数を持つグループがどういう群への所属確率が高いのかもしれないかということも考えることも出来ます。独立変数付きのモデルです。先ほどご説明した、成長モデルで独立変数を入れるモデルと全く同じようなことが出来ます。このモデルも3時点以上の縦断データあれば検討することが可能で

す。



混合成長曲線モデルと混合軌跡モデル

- 混合成長曲線モデル (growth mixture) は、潜在クラス分析と潜在成長曲線モデルを組み合わせた（ような）もの
- 潜在軌跡モデリング (proc traj) も、イメージ的には、それに類するものの、異なる分析手法
- 混合成長曲線モデルは、個人レベルの式で誤差項を仮定しているのに対して、潜在軌跡モデリングは誤差項を仮定していない (i.e., 個人のランダム効果を考えず、誤差分布を仮定しない)

45

growth mixture が複雑すぎるので、解が収束するかどうか分かりませんし、初期値によって解が不安定になるというのも困るので、もう少し緩い Group-based trajectory analysis を proc traj を使ってやってみようことをわれわれは考えています。イメージ的には growth mixture とやろうとしていることは似ていますが異なる分析です。growth mixture に関しては、個人のレベルの式においても誤差項を仮定しています。つまり、個人のレベルとグループのレベルがあると言いましたけれども、個人のレベルでもきちんと誤差項を仮定し、グループのレベルでも誤差項を仮定しています。個人のレベルでもグループのレベルでも両方でパラメトリックな分析をやろうとしています。パラメトリックな分析は回帰分析にしても分散分析にしても、分析する前に前提条件がたくさんあります。それに対して、proc traj のほうは個人のレベルには誤差項を仮定しません。



混合成長曲線モデルと混合軌跡モデル

- 潜在軌跡モデリング (proc traj) は、群間レベルの式はパラメトリックだが、群内（個人）レベルの式はノンパラメトリック
- よって、Naginはこのモデルをセミパラメトリックと呼ぶこともある
- 潜在軌跡モデリング (proc traj) は、時系列情報を有効に取り込んだmodel-basedなクラスタ分析と呼べるかもしれない
- (←通常のクラスタ分析は探索的な分析であるに対して)

46

つまり、個人のランダム効果を考えないということになります。これはどういうことかということ、確かにグループのレベルにおいては、誤差項を仮定して、パラメトリックな分析を行うのですが、個人のレベルのお話においてはノンパラメトリックでやってしまおうということです。ノンパラメトリックは検定力は若干弱いですが、分布を仮定しないので汎用性が高いという特徴を持っています。その両者をミックスするということです。最近、あまり Nagin はこう呼ばなくなったのですが、グループのレベルはパラメトリックけれども、群内・個人のレベルはノンパラメトリックということで、セミパラメトリックというふうに呼んでいたことがありました。最近 Group-based trajectory analysis としか呼ばなくなりました。



結果の解釈: 5つのポイント

1. 選択された群の数はいくつか?
2. 各群の軌跡の形状は?
3. 各群に属する標本のサイズや割合は?
4. 各個体の各群への所属確率は?
5. 説明変数がある場合には、それらが群分けに対してどのように寄与しているか?

47

Group-based trajectory analysis を行うとどういう結果が出てきて、どういうところに注意をしながら結果を解釈すべきなのかということに関してお話を参ります。そもそも選択された群の

数はいくつあったのか。やはり複数のグループに分かれることはない、1つのグループにまとまるということであればそれはそれでよいですし、2グループ、3グループといくつかのグループに分かれたとしたら、それは果たしていくつなのだろうか。そして、各群の軌跡の形状はどうなっているんだろうか確認する必要があります。各群に属する標本サイズやもしくはその割合から、全体のサンプルのうち8割がこのグループに所属していて、このグループには1%しかいないとか、そういうことが分かりますので、そういうことも確認していきます。各個体の各群への所属確率はどの程度なのか。もし説明変数を入れた場合には、それらの変数は群分けに対してどういう寄与しているのか、という5つについてとりわけ考えていく必要があります。



標本サイズについて

- ・混合軌跡モデリングにおいて、頑健な推定を保証するためには、 $N = 300 \sim 500$ 以上の標本サイズが推奨される (Nagin, 2005)
- ・ただし、 $N = 100$ 程度の標本サイズがあれば、分析そのものは可能
- ・標本サイズが小さい場合には、検出力が小さくなり、群の数を少なく推定するおそれがある (e.g., Andruff et al., 2009)

サンプルサイズについては、おおよそ300から500以上の標本サイズが推奨されるとNaginの本には書いてはありますが、僕自身が100程度の標本サイズで分析をやってみたところ、分析そのものは可能でした。ただ、標本サイズが小さい場合には、検定力が小さくなって群の数を少なく推定してしまう恐れがあるというシミュレーション結果を示した論文もあります。



混合軌跡モデリング (特徴的な発達軌跡とは何か?)

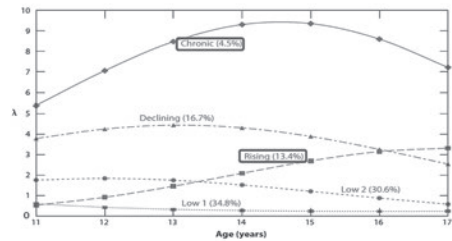


Figure 6. Trajectories of violent delinquency in the Montreal-based longitudinal study. (Data from Nagin & Tremblay 1999.)

1つ結果をお見せしたいと思うのですが、例えばこういったような結果が出てきます。これは何の軌跡を示したもののなのかというと、Nagin たちが自分で分析をしたもので、モントリオールのデータです。暴力的な非行行為が11歳から17歳までの思春期においてどういうふうに出てくるのかを示したものです。従属変数が violent delinquency で5グループに分かれています。一番下の Low というのは、今回データを7時点で取っていますが、11歳から17歳までの間において、1/3ぐらゐのグループの人たちは、非行行動にはほぼ無縁の人たちだったというグループです。Low2 というのは、1回ぐらゐやってしまうというグループで、これが3割程度います。Low1 と Low2 で全体の2/3ぐらゐを占めています。非行を対象に研究していますので、残りの1/3のグループが重要そうです。残りの1/3は3つに分かれています。raising というグループがありますが、小学校の頃には悪い非行には手を染めていなかったのに、中学・高校になるにつれて次第に非行に手を染める頻度が高くなってしまったというグループです。もしこれに独立変数を入れて考えるのであれば、いったい何が原因でこういった raising というグループに所属することになってしまったのかということを検討するということができるということです。実際にはこの論文では検討はされていませんでしたが、例えば、学業成績が悪くなってしまったとか、親から塾に通うことを強要されたとか、受験で失敗したとか、ご家庭の事情があったとか、何かそういうことが

寄与しているのかもしれませんが。そのさらにその上に、decline というグループがあります。名前のわりにそんなに減ってはいないようにも見えます。中1・中2ぐらいで非行行為のピークを迎えています。中1・中2の頃の非行というのでしょうか。友達を蹴るとか、殴るとか、万引きしてしまうとかそういうことでしょうか。その後若干落ち着いてきて少し減るという decline グループが全体の1/5から1/6ぐらいいます。そして、最後にこれは一番まずいグループですが、慢性的に非行行為に手を染めてしまうグループがだいたい5%ぐらいいます。慢性的に非行に手を染めてしまうグループは、少ないですけども、今回相手にしている従属変数は非行ですから、少ないグループが出来て当然です。ここが8割だったらびっくりします。最初は非行行為に及ぶ回数は少なかったのに、何故だか理由があって（あって欲しいのですが）、非行に手を染める回数が増えてしまったグループとこの2つの群に僕は注目したいと思います。これは成長モデルでやったら絶対に分からないことです。男女で分けるのは簡単です。多母集団で潜在成長曲線やればいいわけです。しかし、これはまさに非行行為の発達軌跡で分類をしているわけです。これが統計的に見ていい分類だろうという潜在クラスを仮定しています。4クラスがよい、5クラスがよい、といのは適当にやっているわけではありません。もっともモデル・フィットがよいような分け方をして、その結果、こういった特徴的な発達軌跡を示すパターンがでてきました。論文になっているぐらいですからこれはかなりきれいに結果が出ているほうです。僕の方でも、何度も何度も、いろいろなデータで分析してみましたけれども、こんなにも面白い、これは何か注目し値するというような発達軌跡のパターンが出てくるのはほとんどありません。ということかということ、全部のクラスが平行という結果が多いのです。複数のグループには分かれるけれども、それぞれのグループに際立った特徴がない。線形に上がっていきます、線形に下がっていきますとか、そういった分かれ方をします。

3グループに分かれるとしたら、3グループとも慢性的に低い、慢性的に中程度、慢性的に高いといったようなグループ分けになることが多く、かなり頑張らないとこういった興味深い発達軌跡を示す結果は出てこないかなという気はしていますがこの分析を試してみる価値はあるだろうと思います。しかも、Low1はおそらくですが1次関数が当てはまりそうです。chronicやdeclineには2次関数や3次関数が当てはまりそうです。それぞれのグループに何次関数を当てはめるかということも、こちら側で設定することが出来て、モデル・フィットもそれぞれ出すことが出来ます。もちろん、そういうのはすべて面倒だということで、例えば全て3次関数を当てはめておこうという考え方もあるかと思っています。



実際の分析プロトコル SAS proc trajの場合

- SAS proc trajパッケージのインストールが必要
- データは、通常のDATAステップを使って読み込む
- 分析も、ほぼ通常のPROCステップに同じ

```
PROC TRAJ DATA=dataset1 OUTPLOT=OP
OUTSTAT=OS OUT=OF OUTEST=OE ITDETAIL;
ID ID; VAR V1-V20; INDEP T1-T5;
MODEL LOGIT; NGROUPS 2; ORDER 3 3;
RISK X Y Z;
RUN;
%TRAJPLOT(OP,OS,'グラフのタイトル','グラフの
サブタイトル','縦軸の名前','横軸の名前')
```

50



実際の分析プロトコル SAS proc trajの場合

- PROC TRAJの後には各種出力データセット名を記述
- IDは、参加者IDを表す変数を指定
- VARは、従属変数を指定
- INDEPは、測定時点の変数を指定
- MODELは、従属変数の確率モデルを指定 (CNORM / ZIP / LOGITの3種類から)
- NGROUPSは、群の数を指定
- ORDERは、各群の軌跡の次数を指定
- RISKは、独立変数(群分けを説明する変数)を指定

51

SASをお使いになっている方はほとんどいらっしゃるということだったので、ここは飛ばしたいと思うのですが、この proc traj というパッケージを SAS が入っているパソコンに入れ

ていただく必要があって、たった数行スクリプトを書くだけで、先ほどの分析が出来ます。

実際の分析プロトコル

R CrimCVパッケージの場合

- Rパッケージ(CrimCV)も登場
- <http://cran.r-project.org/web/packages/crimCV/>
- <http://www.probability.ca/jeff/ftpdir/cross.pdf>
- 犯罪学分野の先生が提供しているものなので、ZIPモデルしか扱えない
- もうひとつの特徴は、クラス数決定のための適合度指標として、AICやBICだけではなく、Cross Validation Error (CVE)を計算してくれる点
- ただし、総当たりに行うので、N数に応じて少しだけ時間を要する
- 独立変数込みのモデルは推定不可能なので、段階推定するしかない(クラス数のみ先に推定して、多項ロジットはSPSSで分析する)

実際の分析プロトコル

R CrimCVパッケージの場合

```
library(crimCV)
load("ファイルの名前と形式")
out1 <- crimCV(ファイルの名前②, dpolyp=③,
rcv=TRUE)
plot(out1)
summary(out1)
```

[群の数を指定]

[各群の軌跡の次数を指定]

Rでも一部分分析可能と先ほど申し上げました。RのパッケージでCrim CV というのがあります。名前から見ても分かるように、犯罪学分野のグループが提供してくれているものです。ZIPモデルというふう書きましたが、これ何の略かというZero-Inflated Poisson分布というのがあります。ゼロ過剰ポワソン分布です。どういう分布かというと、0が多く含まれているすごく歪んだ分布です。先ほどの非行行動のようなものです。正規分布するようなものではなくて、犯罪学の分野ですから、犯罪に手を染めるのが正規分布したら困ります。人間はふつうは犯罪に手を染めると人生はほぼ終わりますので、0は過剰な状態、zero-inflated な状態にあるはずです。その歪んだ分布のことをポワソン分布と言うのですが、これを略してZIPモデルと呼んでいます。このZIPモデルが当てはまりがよいだろうと考えられるデー

タをお手持ちになっている場合には、このCrim CVが使えます。CV というのがなぜついているのかご説明します。潜在クラスの数の決定のために適合度指標としては、基本的にはAICやBICを使っているのですが、このパッケージではCVEも計算してくれます。このCV というのは何のことかと言いますと、Cross Validation のことです。そして、CVEはCross Validation Errorです。これがAICやBICよりも優れているかどうかはともかくとして、クラス数決定のための指標をもうひとつ提供してくれているわけです。この指標はSASでは出てきません。SASではAICとBICしか出てきません。AICでもBICでも、クラス数が増えていくと、クラスを細かくしていけばいくほど、モデル・フィットが上がっていくという場面に出くわすことがあります。20クラスや30クラスに分かれましたと言っても、それが本当に現象を縮約して記述できたのかどうか怪しいものです。30クラスに分かれたといったら、平均すると1つのグループに3%ぐらいずつしか入らないわけですから、100人データあったらそれぞれのグループに3人ということになります。これが本当に縮約的なのかどうか分かりません。そういう状態を回避するためにもう1つクラス決定のための指標があるというのはよいことです。非常にシンプルな計算をしています。もし100人分のデータがあった場合、まずは99人分のデータで分析を行って、その結果を残りの1人に対して外挿し、それを100回繰り返します。そして、どれだけズレがあったのかを計算します。総当たりにやりますので、サンプルサイズが100ぐらいだと一瞬で終わりますが、10,000あったら結構時間がかかるかもしれません。結構とは言っても少し待っていただくだけです。AIC、BICに加えて、もう一つ指標を出してくれるというのがこのCrim CVというRパッケージの特徴です。問題があるとしたら、先ほど紹介したSASのパッケージのproc trajに関しては、独立変数込みのモデルをすぐに書けるのですが、Crim CVでは独立変数込みのモデルを立てることができません。ですので、この

Crim CV においては段階推定するしかありません。段階推定するというのとはどういうことかという、まず、クラス数のみ Crim CV を用いて推定を行って、多項ロジット分析は SPSS など他のツールで分析を行います。その人はどのクラスに所属するのかという情報をあらかじめ Crim CV で分析をしておきます。さらに、Crim CV では現状においては ZIP モデルしか使えないので、0 過剰な臨床のデータや非行のデータなどに限られてくると思います。ただし、2 段階推定を行うということは、誤差の上に誤差を重ねることになってしまうので若干心配はあります。proc traj の際もそうなのですが、独立変数無しの時に、例えば 3 クラスが支持されたとします。しかし、独立変数込みの変数にしたら 4 クラスが支持されてしまったということも十分にありえることです。3 つの変数独立変数を入れた重回帰分析の結果とさらにもうひとつ変数を入れた重回帰分析の結果とではがらりと変わる可能性があります。それと同じことで、ただただクラス数を決定するためのモデルと独立変数と全く別の変数が入ったモデルで結果が変わると言われたら、それはそうだろうとご納得いただけると思います。全く異なるモデルを回すことになりますので。ですので、結果が果たして正しくなるかどうかは分からないという危惧もありますが、最も手軽にこの分析を行うには、こういう方法もありうるかなという気はしています。実際にこういうことをやっている論文を 1 つ見つけました。Crim CV に関しても非常にシンプルに分析を行うことが可能です。5 行書くだけで潜在クラスの数の推定を行ってくれます。もちろん、まずは Crim CV というパッケージをダウンロードしていただく必要があって library という関数を使って読み込みます。そしてファイルを読み込む。パッケージを読み込んで、データを読み込んだ。Crim CV の後にファイルの名前と群の数を指定して、各群の軌跡の関数の次数を指定します。今回の場合は 3 と書きました。RCV とありますが、これは先ほど少しご紹介した CVE、Cross Validation Error を計算しますかというオ

プションです。計算するということになっているので TRUE と書かれています。これだけです。これを out1 という空間に結果を吐き出してくださいというふうに書いて、out1 のプロットはどうですか、結果の要約はどのようなですか、と書いています。この 5 行だけで分析可能です。R を使っていない方々にとっては、ファイルを読み込むのが一番引っかけるところだと思います。ファイルさえ読み込めれば、そんなに指定すべきところも多くないと思いますので、分析できると思います。群の数を 1 の場合、2 の場合、3 の場合、4 の場合というふうにやっていって、モデル・フィットが一番いいところで止めてあげればいいわけです。これはかなり有効な分析ではないかと僕は勝手に思っているんですけども、皆さまはいかがでしょう。



混合軌跡モデリング

- ・発達や老化の「類型化」を行うことが growth mixture よりも統計的に頑健に可能（と言われている）
- ・通常の潜在成長曲線モデル（HLM）の、さらに一歩先を行く分析（と言って間違いないはず）
- ・特徴的な発達軌跡を描くグループが発見できると興味深さは増す
- ・発達軌跡への所属確率を従属変数にする独立変数付きのモデルを考えることが可能
- ・逆に、発達軌跡への所属確率を独立変数にする従属変数付きのモデルも構築可能
- ・大規模かつ長期にわたる縦断調査データである必要はないので、3 時点以上のデータには適用する価値あり

54

発達や老化の類型化を行うと、どういったグループがあるのかというのが、growth mixture を用いるよりも、この Group-based trajectory analysis 混合軌跡モデリングを用いた方が頑健に検証可能と言われています。グルーピングをしているという意味合いにおいては、少なくとも一般的に最も多く行われている潜在成長曲線モデルより一歩先に行っていることは間違いないはずです。もしこちらの分析できれいな結果が出るとしたら、潜在成長曲線モデルはもはややる必要はないということにもなります。そして、先ほどご説明申し上げましたが、何らかの特徴的な発達軌跡を描くグループを発見することが出来れば、その

知見の興味深さというのは格段に増しますし、今回はご紹介できていませんけれど、発達軌跡への所属確率を従属変数とする独立変数込みのモデルも考えることも可能です。慢性的に非行行動を取ってしまうグループは、なぜ彼らはこのグループに所属しているのかという独立変数を考えることができるということです。SASをお持ちの方はすぐにでも出来ます。もしお手元に3時点以上の、0をたくさん含むような、少なくとも正規分布はしないというデータをお持ちの方は、先ほど紹介したCrim CVを使えば、クラス数の決定も比較的シンプルにできます。潜在変化モデルそれから普通のHLMと混合軌跡モデリングという3つをご紹介して参りました。何か全体を通じてでも結構ですのでご質問やご意見がありましたらよろしくお願いします。

【質問者】Naginの軌跡のグラフに関して、非行のデータを取っていると思うのですが、これは0-1データですか？ 名義尺度を積み上げるデータでもいけますか？ 例えば、「タバコを吸ったことある」に対して「ある」「ない」。そういう項目が多く並んでいて、それを合計得点にして使うのですが、そういったデータでも適用可能ですか？

適用可能だと思います。

【質問者】そもそもそういうデータは、通常いわゆる間隔尺度以上のデータに対して用いる分析にかけてもだいじょうぶですか？

頻度のデータということですね。僕はこの場合適用可能だと思います。

【質問者】この場合は可能というのは？

例えば、普通の一般的な回帰分析をしていいかといわれると、ダメだというふうに言われるかもしれないなと思いましたので、この場合は大丈夫

というふうに言いました。

【質問者】それはモデルとして？

別の例えば普通のパラメトリックな分析ではない、ノンパラメトリックな分析をした方がよいのではないかという指摘を受けるかもしれないなと思いますが、これはおそらく使ってよいと思います。

【質問者】それはさっき伺いました、セミパラメトリックな部分があるということでしょうか。

はい、そういう部分がこのモデルにはあるので。

【質問者】結構そういうデータのほうが多いのですか？

【質問者】発達の行動データはほとんどそういうものが多いです。あるか、ないか。尺度にしてしまえばよいのかしれませんが、結構無理をして同じような類似の課題を6個ぐらいやって、それを得点化していることが多いです。私がずっとやってきた乳児の社会的認知の発達分野でも、例えば3項関係が出来るとか、アイコンタクトが取れるとか、そういうみんなそれぞれに通過する、通過する仕方も同じような形でと言いましょ。そういう研究のジャンルや領域では、発達段階について普遍的な理論を置くことが多いと思います。しかし、実際には子どもを見ていたら、相当ばらばらで、順序性とかも結構微妙なところもあって、だから乳児の研究って面白いと思います。より充実したRのパッケージを誰か他に作ってほしいと思います。ZIPモデルが一番適したデータをお持ちの先生方は数多くいらっしゃるのかなと思います。クラス分けだけに関しては、もうすぐでもRで出来ます。ただし、「こういうクラスが出てきました」という分析では、最近事は済まなくなってきました。これから先はおそらく、

こういうグループはこういう理由でこういう発達軌跡を描くという独立変数込みのモデルを適用する必要がありますし、先ほどは言いそびれましたけれども、こういう軌跡を描いたら、その後18歳のときに何か問題があるとか問題がないとか、発達軌跡が独立変数でその後の結果変数を予測するという分析を行っていく必要があります。また、本邦ではこの分析を用いた先行研究はほとんどないと申し上げたのですが1本だけありまして、科警研の方が犯罪のデータで分析された日本語論文があります。そういうゼロ過剰データの場合、かつ件数が仮に少なかったとしても1件でも起きてしまったら重篤な犯罪というのはあります。こういった大きいグループには出てこない、もっときめ細やかなグルーピング(例えば、年間に10件程度しか起きないような、ものすごく危険な、特殊な犯罪など)も出来るはずです。

【質問者】岡邊健さんという方だと思います。その方は今、山口大学に移られて、ご紹介いただいた研究を最近『現代日本の少年非行』(現代人文社)という本を一冊まとめたので、もし関心があればそれを見てください。分かりやすいです。

【質問者】そこではこの分析が使われているのですか？

【質問者】使われています。僕はこの分析をそれで最初に見かけました。SASで分析しています。

【質問者】先ほどのZero-Inflatedの目安というのはありますか。全体の何%とか。乳児の行動

データも0が多い。むしろ0が目立っていて、ものすごい頻繁に起こるような行動もあるけれども、時々しか起こらないのもかなり多いので、どのくらい0がInflatedだったらよいのでしょうか。

個人的な感覚では、半分が0だったら結構だなと思いますが、何か基準があるのかどうかと言われたら、分かりません。こういう大きなグループから、こういう小さなグループまで、同じ尺度の中でまとめることが出来ますので、例えば先生が先ほどおっしゃっていたような、子どもたちが何か特殊な発達動態を示しているというののももしかししたらここできちんと出てくるかもしれないと思います。

【質問者】発達の研究者としては面白いのは、少し変わった発達軌跡をしている子どもが発達的にリスクがあるというのは分かりやすいのだけれど、そうではなくて、健康的なパターンがいくつかあるというのという問題です。例えば、乳児・幼児の早い段階の発達パターンは、従来考えられていたよりもう少しバリエーションがあって、それがわりと整ってくると言いましょ。健康の範囲、通常誰もが見て健康の範囲に入ってくるようなところで整ってくるのは、結構あとのほう、小学生くらいになってから整うんだ、といったような話になると、実践的な意味合いにおいても、もう少し子どもたちの発達をゆっくり見られるということもあるのかなと思います。リスクのある子ども、そうではない子どもということよりもそういう観点の方が僕は面白いと感じます。