

**การวิเคราะห์องค์ประกอบเชิงยืนยัน
ตอนที่ 2 (Confirmatory Factor
Analysis: Part 2)**

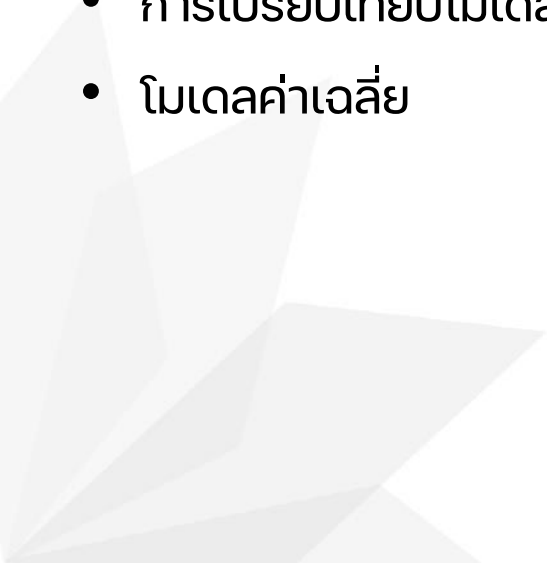


สันทัด พรประเสริฐมานิต



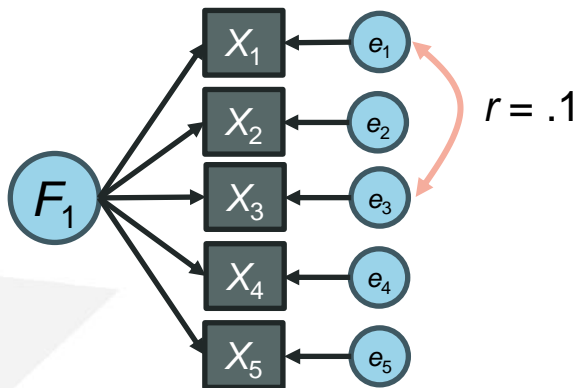
โครงร่างการนำเสนอ

- ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม
- ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย
- การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน
- การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน
- โมเดลค่าเฉลี่ย



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- จากที่ผ่านมา ค่าไคสแควร์เป็นการทดสอบทางสถิติที่บอกว่าโมเดลน่าจะเป็นโมเดลที่อธิบายข้อมูลในประชากรหรือไม่
- ค่าไคสแควร์นี้ มักจะเรียกว่าเป็นการทดสอบโมเดลแบบสัมบูรณ์ (Absolute Fit) เพราะแม้ความแตกต่างจากโมเดลเพียงแค่นิดเดียว พอมองข้ามได้ ก็ยังคงทำให้ค่า p ถึงระดับนัยสำคัญ



- นึกภาพว่าค่าสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือเท่ากับ $.1$ จริงในประชากร ตามหลักของการทดสอบโมเดลแบบสัมบูรณ์จะบอกว่า โมเดลในประชากรไม่สอดคล้องกับโมเดลที่ตั้งไว้
- อย่างไรก็ตาม $.1$ เป็นขนาดที่มองข้ามได้ในเชิงทฤษฎี ทำให้นักวิเคราะห์ไม่ยากปฏิเสธโมเดลที่ตั้งไว้ ยากจะบอกว่าโมเดลที่ตั้งไว้ประมาณการค่าในประชากรได้ดี

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- ดังนั้น นักวิเคราะห์ต้องการทดสอบความเหมาะสมโดยประมาณ (Approximate Fit) ไม่ใช่การทดสอบความเหมาะสมแบบสัมบูรณ์ (Absolute Fit)
- กล่าวคือ จะยอมรับโมเดลหากโมเดลประมาณการข้อมูลได้ดี แต่จะปฏิเสธโมเดลหากโมเดลไม่สามารถประมาณการข้อมูลได้ ซึ่งการทดสอบไคสแควร์ไม่ตอบโจทย์นี้
- นักสถิติจึงนำเสนอดัชนีความเหมาะสมของโมเดล (Model Fit Indices) ซึ่งมีจำนวนเยอะมาก ๆ ผมขอแนะนำเฉพาะตัวที่ถูกค้นคว้ามาแล้ว ว่า
 - ไม่แปรผันตามจำนวนกลุ่มตัวอย่าง
 - ไม่แปรผันตามขนาดโมเดล รูปแบบของโมเดล
 - สามารถจับความผิดพลาดของโมเดลในรูปแบบต่างๆ (เช่น ไม่ได้ใส่น้ำหนักองค์ประกอบข้าม ไม่ได้ใส่ความสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ ไม่ได้ใส่องค์ประกอบที่สำคัญในโมเดล) ได้จริง

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

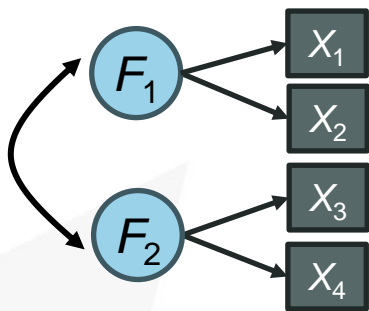


- ในปัจจุบัน ดัชนีความเหมาะสมของโมเดลที่ได้รับความนิยมมี 4 ตัวดังนี้ : SRMR, RMSEA, CFI, TLI
 - SRMR, RMSEA ยิ่งใกล้ 0 ยิ่งแสดงว่าโมเดลเหมาะสม
 - CFI, TLI ยิ่งใกล้ 1 ยิ่งแสดงว่าโมเดลเหมาะสม



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Standardized Root Mean Residual (SRMR) เป็นความแตกต่างระหว่างค่าสหสัมพันธ์
 - ให้ $\Sigma(\theta)$ เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนที่ได้จากโมเดล เช่น



$$\Sigma(\theta) = \Lambda\Phi\Lambda^T + \Theta = \begin{bmatrix} \lambda_{11}^2 + \theta_{11} & & & \\ \lambda_{21}\lambda_{11} & \lambda_{22}^2 + \theta_{22} & & \\ \lambda_{32}\phi_{21}\lambda_{11} & \lambda_{32}\phi_{21}\lambda_{21} & \lambda_{22}^2 + \theta_{33} & \\ \lambda_{42}\phi_{21}\lambda_{11} & \lambda_{32}\phi_{21}\lambda_{21} & \lambda_{42}\lambda_{32} & \lambda_{44}^2 + \theta_{44} \end{bmatrix}$$

- และให้ S เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนที่ได้จากข้อมูล เช่น

$$S = \begin{bmatrix} s_1^2 & & & \\ s_{21} & s_2^2 & & \\ s_{31} & s_{32} & s_3^2 & \\ s_{41} & s_{42} & s_{43} & s_4^2 \end{bmatrix}$$

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Standardized Root Mean Residual (SRMR) เป็นความแตกต่างระหว่างค่าสหสัมพันธ์
 - แปลง $\Sigma(\theta)$ และ \mathbf{S} ให้อยู่ในรูปแบบสหสัมพันธ์ โดยเอาความแปรปรวนร่วมมาหารด้วยส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของตัวแปรแต่ละตัว

$$\mathbf{P}(\theta) = \mathbf{D}_\Sigma^{-\frac{1}{2}} \Sigma(\theta) \mathbf{D}_\Sigma^{-\frac{1}{2}}$$

$$\mathbf{R} = \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} \mathbf{S} \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}}$$

$$\mathbf{D}_S = \begin{bmatrix} s_1^2 & & & \\ 0 & s_2^2 & & \\ 0 & 0 & s_3^2 & \\ 0 & 0 & 0 & s_4^2 \end{bmatrix}$$

- ดังนั้น \mathbf{R} จึงเป็นเมทริกซ์สหสัมพันธ์ของข้อมูล และ $\mathbf{P}(\theta)$ เป็นเมทริกซ์สหสัมพันธ์ที่ได้จากเมทริกซ์ความแปรปรวนจากโมเดล

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Standardized Root Mean Residual (SRMR) เป็นความแตกต่างระหว่างค่าสหสัมพันธ์
 - เมทริกซ์ค่าคงเหลือของค่าสหสัมพันธ์ (Residual Correlation Matrix) คือ

$$\mathbf{P}(\boldsymbol{\theta}) - \mathbf{R} = \begin{bmatrix} 0 & & & & \\ \rho_{21} - r_{21} & 0 & & & \\ \rho_{31} - r_{31} & \rho_{32} - r_{32} & 0 & & \\ \rho_{41} - r_{41} & \rho_{42} - r_{42} & \rho_{43} - r_{43} & 0 & \\ & & & & 0 \end{bmatrix}$$

- ค่าเฉลี่ยของส่วนต่างของสหสัมพันธ์ของข้อมูลและโมเดล คือ SRMR

$$\text{SRMR} = \sqrt{\frac{\sum_{i=2}^p \sum_{j=1}^{i-1} (\rho_{ij} - r_{ij})^2}{p(p-1)/2}}$$

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- อย่างไรก็ตาม SRMR ไม่ได้สนใจความแตกต่างของค่าสหสัมพันธ์เท่านั้น แต่โดยปกติจะโมเดลความแปรปรวนของตัวบ่งชี้แต่ละตัว จึงหาค่าเฉลี่ยของความเบี่ยงเบนของทั้งสหสัมพันธ์และความแปรปรวนด้วย ดังนี้

$$SRMR = \sqrt{\frac{\sum_{i=2}^p \sum_{j=1}^{i-1} (\rho_{ij} - r_{ij})^2 + \sum_{j=1}^p \left(\frac{s_j - \sigma_j}{s_j} \right)^2}{\frac{p(p-1)}{2} + p}}$$

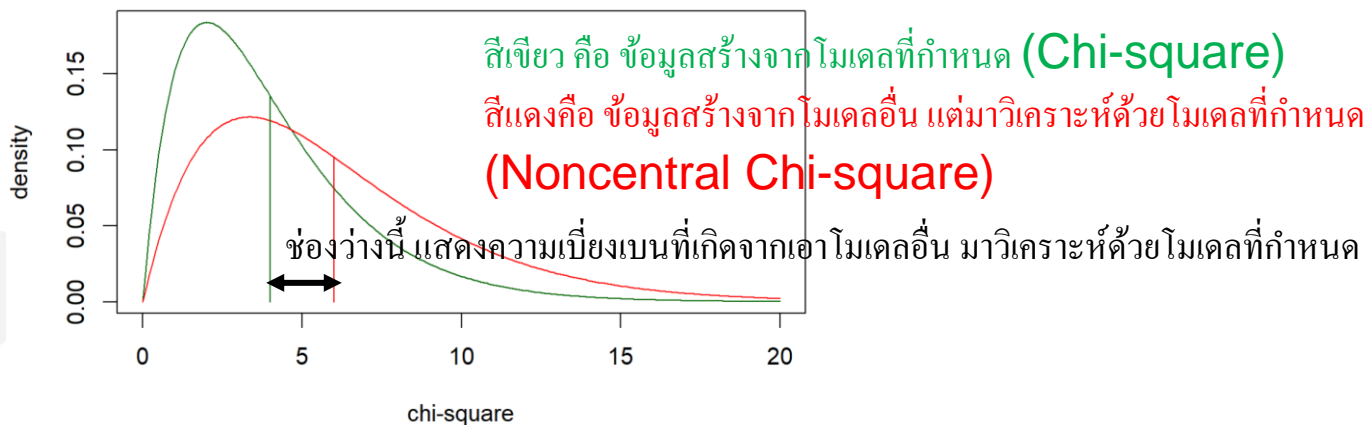
- ค่า SRMR ยิ่งน้อยยิ่งดี โดยจะกล่าวถึงจุดตัดที่นักสถิติแนะนำในภายหลัง

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) เป็นการตรวจสอบค่าความเบี่ยงเบนของโมเดลต่อองศาอิสระ
 - หากสร้างข้อมูลจากโมเดลที่กำหนด ค่า χ^2 ของข้อมูลชุดต่างๆ จะมีการกระจายเป็นไคสแควร์ตาม df ของโมเดล
 - หากสร้างข้อมูลจากโมเดลอื่น (ไม่ใช่โมเดลที่กำหนด) การกระจายของค่า χ^2 ของข้อมูลชุดต่างๆ จะมีค่าสูงขึ้น
 - ค่าเฉลี่ยของ χ^2 ที่ได้จากโมเดลอื่นในประชากร สามารถนำไปใช้วัด “ขนาด” ความเบี่ยงเบนของโมเดลเมื่อเทียบกับโมเดลที่กำหนดได้ เรียกค่านี้ว่าค่าพารามิเตอร์เบี่ยงเบนจากศูนย์กลาง (Noncentrality Parameter)

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) เป็นการตรวจสอบค่าความเบี่ยงเบนของโมเดลต่อองศาอิสระ
 - หากสร้างข้อมูลจากโมเดลที่กำหนด ค่า χ^2 ของข้อมูลชุดต่างๆ จะมีการกระจายเป็นไคสแควร์ตาม df ของโมเดล
 - หากสร้างข้อมูลจากโมเดลอื่น (ไม่ใช่โมเดลที่กำหนด) การกระจายของค่า χ^2 ของข้อมูลชุดต่างๆ จะมีค่าสูงขึ้น



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) เป็นการตรวจสอบค่าความเบี่ยงเบนของโมเดลต่อองศาอิสระ
 - ขนาดของช่องว่าง จะเรียกว่า ค่าพารามิเตอร์เบี่ยงเบนจากจุดกลาง (Noncentrality Parameter, δ)

$$\text{Noncentrality Parameter } (\hat{\delta}) = \max(\chi^2 - df, 0)$$

- ค่า Noncentrality Parameter จะได้รับอิทธิพลจากกลุ่มตัวอย่างด้วย ยิ่งกลุ่มตัวอย่างเยอะ ค่าจะยิ่งสูง (ปฏิเสธโมเดลที่กำหนดได้ง่าย แม้ต่างเพียงเล็กน้อย) จึงตัดอิทธิพลกลุ่มตัวอย่าง ให้เหลือเพียงว่า ข้อมูลเบี่ยงเบนจากโมเดลเท่าไร

$$\text{Normalized Noncentrality Parameter } (\hat{\delta}_{nor}) = \max(\chi^2 - df, 0) / (N - 1)$$

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) เป็นการตรวจสอบค่าความเบี่ยงเบนของโมเดลต่อองศาอิสระ
 - Normalized Noncentrality Parameter แท้จริงแล้วเป็นตัวประมาณค่า F_{ML} ที่มาจากสูตรใน Maximum Likelihood

$$F_{ML} = tr(\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}) + \ln|\boldsymbol{\Sigma}| - \ln|\mathbf{S}| - p$$

$$\chi^2 = (N - 1)F_{ML}$$

- สาเหตุที่ต้องใช้ $\chi^2 - df$ ในการประมาณค่า เพราะหาก $F_{ML} = 0$ ในประชากร ค่าเฉลี่ยของค่าไคสแควร์ที่ได้เท่ากับ df จึงหัก df ออกเพื่อลดการเพ้อของ F_{ML} ก่อน แล้วค่อยไปหารด้วย $N - 1$ เพื่อประมาณค่า F_{ML}

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) เป็นการตรวจสอบค่าความเบี่ยงเบนของโมเดลต่อองศาอิสระ
 - ยิ่ง df เยอะ โอกาสที่โมเดลที่กำหนดแตกต่างจากข้อมูลยิ่งสูง (เพราะมีข้อจำกัดมาก) ดังนั้น RMSEA จึงเป็นดัชนีที่คำนึงถึง df ที่แตกต่างกันระหว่างโมเดลด้วย จึงมีนิยามดังนี้

$$\text{RMSEA}(\varepsilon) = \sqrt{F_{ML}/df} \quad \widehat{\text{RMSEA}}(\hat{\varepsilon}) = \sqrt{\hat{\delta}_{nor}/df} = \sqrt{\frac{\hat{\delta}}{df(N-1)}} = \sqrt{\frac{\max(\chi^2 - df, 0)}{df(N-1)}}$$

- ทั้ง SRMR และ RMSEA จะเรียกว่าดัชนีความเหมาะสมแบบสัมบูรณ์ (Absolute Fit Indices) โดยดูจากโมเดลที่ทดสอบว่าแตกต่างจากข้อมูลที่ได้มาเท่าไรโดยตรง

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- ดัชนีความเหมาะสมแบบสัมพัทธ์ (Relative Fit Indices) คือ การเปรียบเทียบความเหมาะสมว่าโมเดลที่ตนมีเหมาะสมกับข้อมูลเทียบกับโมเดลที่แย่ที่สุดหรือที่เรียกว่าโมเดลฐาน (Baseline Model) ว่าเป็นอย่างไรบ้าง
- โมเดลฐานที่มักนำมาเป็นจุดอ้างอิง คือ โมเดลที่ตัวแปรทุกตัวไม่มีความสัมพันธ์กันเลย บางครั้งจะเรียกว่าโมเดลตัวแปรอิสระ (Independence Null Model)

$$\begin{matrix} X_1 \\ X_2 \\ X_3 \\ X_4 \end{matrix}$$

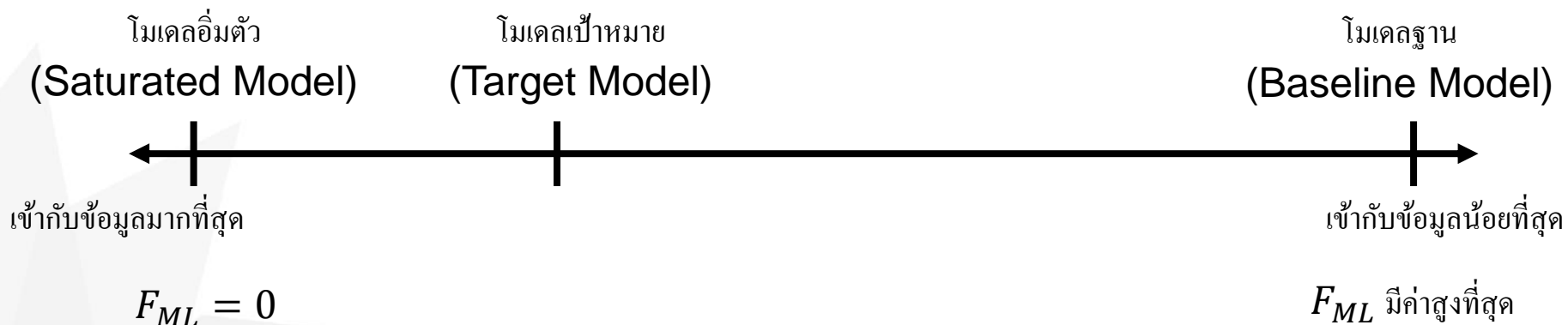
$$\Theta = \begin{bmatrix} \theta_{11} & & & \\ 0 & \theta_{22} & & \\ 0 & 0 & \theta_{33} & \\ 0 & 0 & 0 & \theta_{44} \end{bmatrix}$$

โมเดลฐานประมาณค่าเฉพาะความแปรปรวนของตัวแปรแต่ละตัว

$$df_B = \frac{p(p+1)}{2} - p = \frac{p(p-1)}{2}$$

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- เมื่อเทียบ F_{ML} ระหว่างโมเดลอิ่มตัว โมเดลเป้าหมาย และโมเดลฐาน จะมีลักษณะดังต่อไปนี้



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Comparative Fit Index (CFI) คือโมเดลที่เปรียบเทียบระหว่าง Noncentrality Parameter ของโมเดลที่สนใจและโมเดลฐาน
 - กล่าวคือ โมเดลที่สนใจทำให้ค่า Noncentrality Parameter น้อยกว่าโมเดลฐานเป็นสัดส่วนเท่าไร

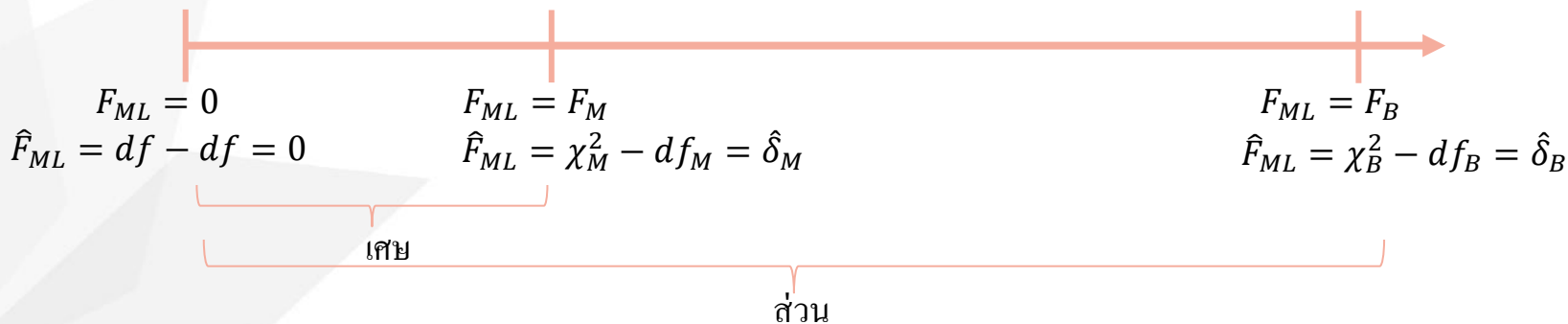
$$CFI = 1 - \frac{F_M}{F_B}$$

$$\widehat{CFI} = \frac{\hat{\delta}_B - \hat{\delta}_M}{\hat{\delta}_B - 0} = 1 - \frac{\hat{\delta}_M}{\hat{\delta}_B}$$

Saturated Model

Hypothesized Model

Independent Null Model



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Comparative Fit Index (CFI) คือโมเดลที่เปรียบเทียบระหว่าง Noncentrality Parameter ของโมเดลที่สนใจและโมเดลฐาน

– กล่าวคือ โมเดลที่สนใจทำให้ค่า Noncentrality Parameter น้อยกว่าโมเดลฐานเป็นสัดส่วนเท่าไร

$$CFI = 1 - \frac{F_M}{F_B} \qquad \widehat{CFI} = \frac{\hat{\delta}_B - \hat{\delta}_M}{\hat{\delta}_B} = 1 - \frac{\hat{\delta}_M}{\hat{\delta}_B}$$

- ถ้าค่ายิ่งสูงใกล้ 1 ยิ่งแสดงว่าโมเดลที่สนใจห่างออกจากโมเดลฐานมาก ยิ่งแสดงถึงว่าโมเดลที่สนใจนั้นเหมาะสมกับข้อมูล

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Tucker Lewis Index (TLI) หรือ Non-Normed Fit Index (NNFI) คือโมเดลที่เปรียบเทียบระหว่าง Noncentrality Parameter ต่อ df ของโมเดลที่สนใจและโมเดลฐาน

– กล่าวคือ โมเดลที่สนใจทำให้ค่า Noncentrality Parameter ต่อ df น้อยกว่าโมเดลฐานเป็นสัดส่วนเท่าไร

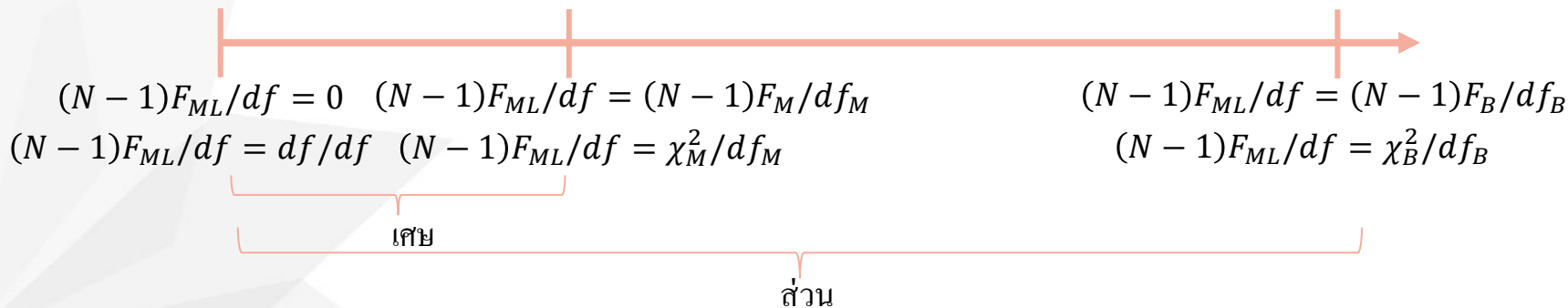
$$TLI = \frac{\frac{(N-1)F_B}{df_B} - \frac{(N-1)F_M}{df_M}}{\frac{(N-1)F_B}{df_B} - 0}$$

$$\widehat{TLI} = \frac{\frac{\chi_B^2}{df_B} - \frac{\chi_M^2}{df_M}}{\frac{\chi_B^2}{df_B} - 1}$$

Perfect Model

Hypothesized Model

Independent Null Model



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Tucker Lewis Index (TLI) หรือ Non-Normed Fit Index (NNFI) คือโมเดลที่เปรียบเทียบระหว่าง Noncentrality Parameter ต่อ df ของโมเดลที่สนใจและโมเดลฐาน
 - กล่าวคือ โมเดลที่สนใจทำให้ค่า Noncentrality Parameter ต่อ df น้อยกว่าโมเดลฐานเป็นสัดส่วนเท่าไร

$$TLI = \frac{\frac{F_B}{df_B} - \frac{F_M}{df_M}}{\frac{F_B}{df_B} - 0}$$

$$\widehat{TLI} = \frac{\frac{\chi_B^2}{df_B} - \frac{\chi_M^2}{df_M}}{\frac{\chi_B^2}{df_B} - 1}$$

- ถ้าค่ายิ่งสูงใกล้ 1 ยิ่งแสดงว่าโมเดลที่สนใจห่างออกจากโมเดลฐานมาก ยิ่งแสดงถึงว่าโมเดลที่สนใจนั้นเหมาะสมกับข้อมูล

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- จุดตัดที่เหมาะสมมักจะเปลี่ยนไปตามแนวคิดของนักวิเคราะห์คนต่างๆ ไม่มีข้อยุติ
- Hu & Bentler (1998) เสนอว่าควรใช้ดัชนีความเหมาะสมของโมเดลสองด้าน
 - ด้านหนึ่งคือดัชนีที่ดูจากค่าคงเหลือ คือ SRMR ควรมีค่าต่ำกว่า .08
 - อีกด้านหนึ่ง ควรมีค่าดัชนีที่เกี่ยวข้องกับค่าความเป็นไปได้อันใดอันหนึ่งที่ดี คือ RMSEA, CFI, หรือ TLI
- Hu & Bentler (1999) ได้ตีพิมพ์งานที่อาจเป็นงานที่ได้รับการอ้างอิงสูงที่สุดในวงการจิตวิทยา ได้ทำการศึกษาสถานการณ์จำลอง (Simulation Study) และแนะนำว่าค่าจุดตัดควรเป็นดังนี้
 - $SRMR < .08$, $RMSEA < .06$, $CFI > .95$, $TLI > .90$

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

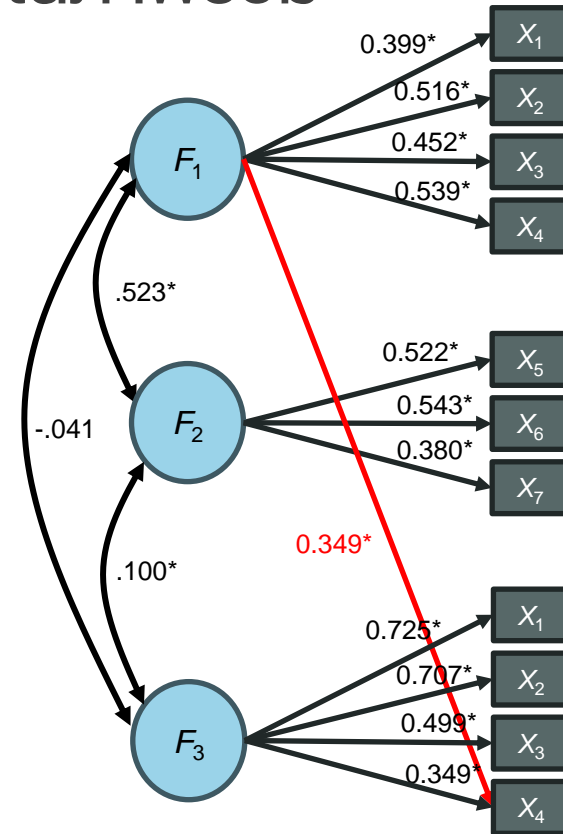
- อย่างไรก็ตาม บางงานก็แนะนำการใช้ค่าจุดตัดที่ไม่เคร่งขรณานี้ เช่น Little (2013) แนะนำจุดตัด SRMR < .08, RMSEA .08, CFI > .90, TLI > .90
- บางงานก็ให้จุดตัดที่เคร่งกว่านี้ เช่น SRMR < .05, RMSEA < .05

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Millsap (2007) เสนอว่า ทำไมนักวิจัยไม่ทำการศึกษาโมเดลจำลองสำหรับโมเดลตนเอง แล้วใช้ผลโมเดลจำลองมาสร้างจุดตัด
- McNeish & Wolf (2023) ได้นำแนวคิดของ Millsap มาต่อยอด ทำกระบวนการหาจุดตัดที่เหมาะสมต่อโมเดลอย่างชัดเจน แล้วทำให้การศึกษาจำลองทำได้ง่าย วิธีการที่เขานำเสนอจะเรียกสั้นๆ ว่าดัชนีความเหมาะสมแบบเปลี่ยนแปลง (Dynamic Fit Index: DFI)
- เครื่องมือที่ McNeish & Wolf นำเสนอมี 2 เครื่องมือ คือ
 - www.dynamicfit.app ซึ่งเป็นเว็บสร้างจาก R แต่ช้ามาก แลคบ่อย ไม่ควรใช้
 - dynamic package ใน R ซึ่งเป็น script เดียวกันกับเว็บไซต์ ใช้ตัวนี้ดีกว่า เนื่องจากทำการศึกษาจำลองในเครื่องของเราเอง ไม่ได้ใช้เซิร์ฟเวอร์ซึ่งต้องแย่งประมวลผลกับคนอื่น

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

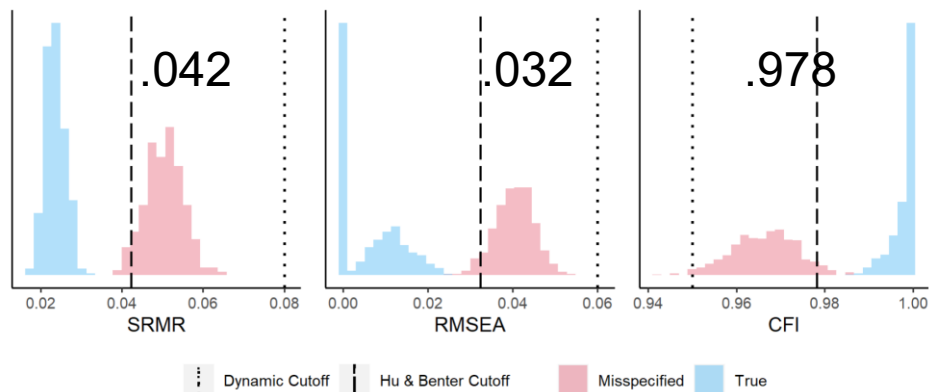
- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มีมากกว่า 2 องค์ประกอบ มีกระบวนการดังนี้
 1. วิเคราะห์ข้อมูลด้วยโมเดลเป้าหมาย แล้วนำค่าพารามิเตอร์ที่ทำให้เป็นมาตรฐานแล้ว (Standardized Estimates) ออกมา
 2. นำค่าพารามิเตอร์ที่ทำให้เป็นมาตรฐานแล้ว มาเพิ่มความไม่เหมาะสมของโมเดล (Misspecification) ด้วยน้ำหนักองค์ประกอบข้าม (Cross loadings) โดยเลือกตัวบ่งชี้ที่มีค่าน้ำหนักองค์ประกอบมาตรฐาน (Standardized Loadings) ต่ำที่สุด แล้วไปสร้างน้ำหนักองค์ประกอบข้าม



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มีมากกว่า 2 องค์ประกอบ มีกระบวนการดังนี้
 3. สร้างข้อมูล 500 ชุด จากโมเดลที่เพิ่มน้ำหนักองค์ประกอบข้าม
 4. นำข้อมูลที่สร้างขึ้นมา ไปวิเคราะห์ด้วยโมเดลเป้าหมาย (ที่ไม่มีน้ำหนักองค์ประกอบข้าม)
 5. นำค่าดัชนีความเหมาะสม มาสร้างฮิสโทแกรม ระดับเปอร์เซ็นต์ไทล์ที่ 5 จะแนะนำให้ เป็นจุดตัด ว่าสามารถแบ่งแยกโมเดลที่เพิ่มความไม่เหมาะสมได้

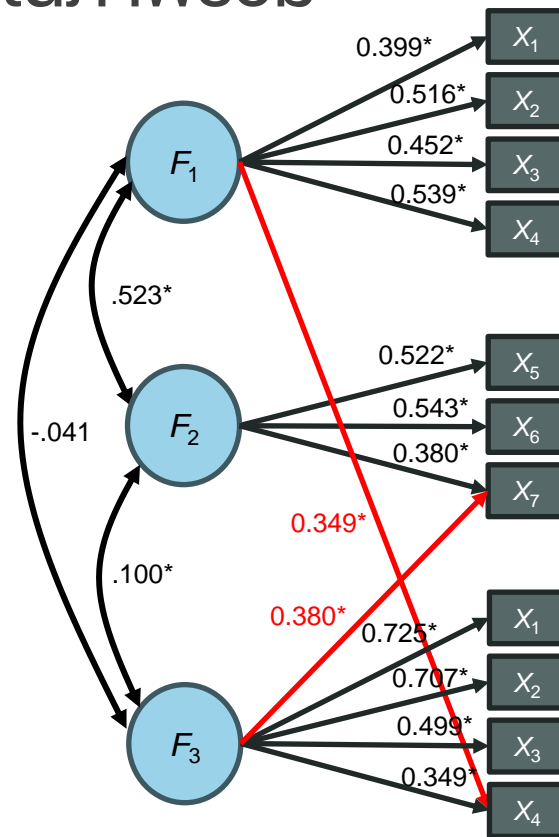
Level 1



สีฟ้า คือ วิเคราะห์จากข้อมูลที่ไม่มีความไม่เหมาะสม
สีแดง คือ วิเคราะห์จากข้อมูลที่มีความไม่เหมาะสม

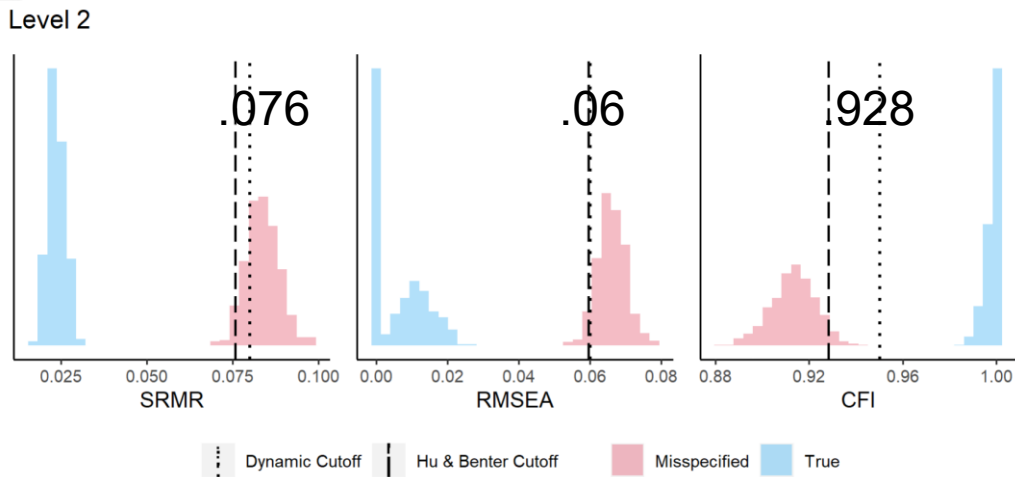
ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มีมากกว่า 2 องค์ประกอบ มีกระบวนการดังนี้
 6. เพิ่มน้ำหนักองค์ประกอบข้ามเป็น 2 เส้น โดยหาตัวบ่งชี้ที่มีน้ำหนักองค์ประกอบต่ำสุด รองลงมา และอยู่คนละองค์ประกอบกับตัวแรก เพิ่มน้ำหนักองค์ประกอบข้ามขนาดเท่ากับน้ำหนักองค์ประกอบเดิม
 7. สร้างข้อมูลจากโมเดลนี้ แล้ววิเคราะห์ด้วยโมเดลเป้าหมาย เก็บค่าดัชนีความเหมาะสม



ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มีมากกว่า 2 องค์ประกอบ มีกระบวนการดังนี้
 8. เพิ่มจำนวนน้ำหนักองค์ประกอบเข้าไปเรื่อยๆ จนสูงสุดจะเท่ากับจำนวนองค์ประกอบ - 1 ซึ่งในโมเดลนี้มี 3 องค์ประกอบ ดังนั้น 2 ระดับถือว่าสูงที่สุดแล้ว



สีฟ้า คือ วิเคราะห์จากข้อมูลที่ไม่มีความไม่เหมาะสม
สีแดง คือ วิเคราะห์จากข้อมูลที่มีความไม่เหมาะสม

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มีมากกว่า 2 องค์ประกอบ มีกระบวนการดังนี้

9. การแปลความหมายจะนำค่าดัชนีความเหมาะสมที่ได้จากการวิเคราะห์ ไปเปรียบเทียบกับจุดตัดต่างๆ แล้วบอกว่าโมเดลนี้เหมาะสมกับข้อมูลระดับใด

	SRMR	RMSEA	CFI
ที่ได้	.021	.029	.985
ระดับที่ 1	.042	.032	.978
ระดับที่ 2	.076	.060	.928

ระดับความเหมาะสมดี น้อยกว่าโมเดลที่มี
น้ำหนักองค์ประกอบข้าม 1 เส้น

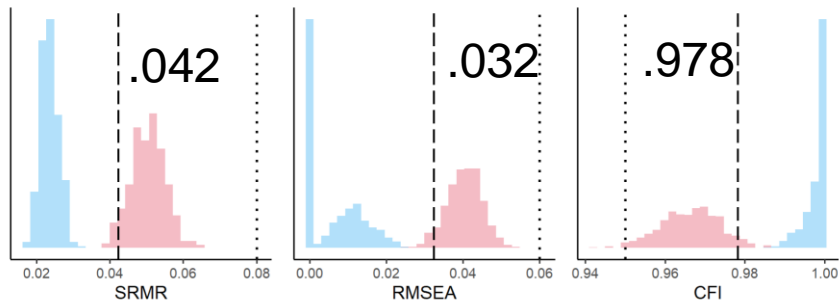
	SRMR	RMSEA	CFI
ที่ได้	.052	.055	.952
ระดับที่ 1	.042	.032	.978
ระดับที่ 2	.076	.060	.928

ระดับความเหมาะสมพอใช้ น้อยกว่าโมเดลที่มี
น้ำหนักองค์ประกอบข้าม 2 เส้น แต่มากกว่า
โมเดลที่มีน้ำหนักองค์ประกอบข้าม 1 เส้น

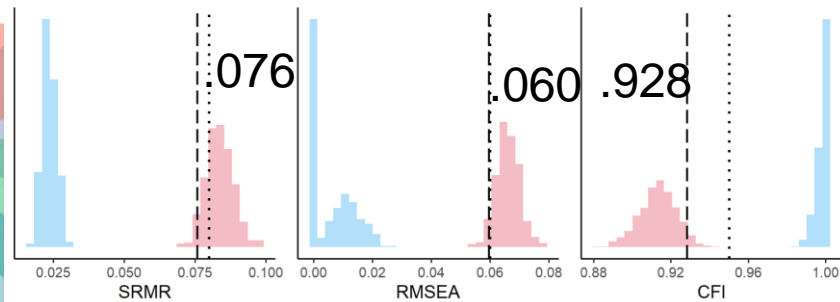
	SRMR	RMSEA	CFI
ที่ได้	.098	.088	.912
ระดับที่ 1	.042	.032	.978
ระดับที่ 2	.076	.060	.928

ระดับความเหมาะสมไม่ค่อยดี มากกว่า
โมเดลที่มีน้ำหนักองค์ประกอบข้าม 2 เส้น

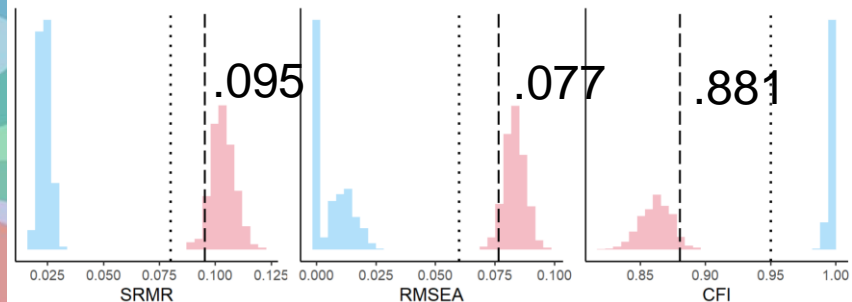
Level 1



Level 2



Level 3



```
> dynamicneed <- dynamic::cfaHB(outneed, plot = TRUE)
```

```
> dynamicneed
```

Your DFI cutoffs:

	SRMR	RMSEA	CFI	Magnitude
Level 1: 95/5	.042	.032	.978	.381
Level 1: 90/10	--	--	--	
Level 2: 95/5	.076	.06	.928	.489
Level 2: 90/10	--	--	--	
Level 3: 95/5	.095	.077	.881	.556
Level 3: 90/10	--	--	--	

Empirical fit indices:

Chi-Square	df	p-value	SRMR	RMSEA	CFI
369.88	84	0	0.06	0.065	0.915

	SRMR	RMSEA	CFI
ที่ได้	.060	.065	.915
ระดับที่ 1	.042	.032	.978
ระดับที่ 2	.076	.060	.928
ระดับที่ 3	.095	.077	.881

โดยรวม ระดับความเหมาะสมของโมเดลเทียบกับมีน้ำหนักร่องค์ประกอบข้าม 2 เส้น

นักวิจัยอาจมองว่าโอเคอยู่ระดับที่รับได้หรือไม่ก็ได้

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- DFI สำหรับโมเดล CFA ที่มี 1 องค์ประกอบ มีดังนี้
 1. วิเคราะห์ข้อมูลด้วยโมเดลเป้าหมาย แล้วนำค่าพารามิเตอร์ที่ทำให้เป็นมาตรฐานแล้ว (Standardized Estimates) ออกมา
 2. นำค่าพารามิเตอร์ที่ทำให้เป็นมาตรฐานแล้ว มาเพิ่มความไม่เหมาะสมของโมเดล (Misspecification) ด้วยสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ (Residual Correlations) ระดับ .3 โดยให้มีระดับความไม่เหมาะสม 3 ระดับ ต่างกันที่จำนวนสหสัมพันธ์ที่เพิ่มในโมเดล
 - ระดับที่ 1: ข้อคำถามจำนวน 1 ใน 3 มีสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ
 - ระดับที่ 2: ข้อคำถามจำนวน 2 ใน 3 มีสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ
 - ระดับที่ 3: ข้อคำถามทุกข้อมีสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ
 3. สร้างข้อมูลจากโมเดลที่เพิ่มความไม่เหมาะสมแต่ละระดับ แล้วไปวิเคราะห์ด้วยโมเดลเป้าหมาย สร้างฮิสโทแกรมและจุดตัดของดัชนีความเหมาะสม

```
> dynamicout <- dynamic::cfaOne(out, plot = TRUE)
```

```
> dynamicout
```

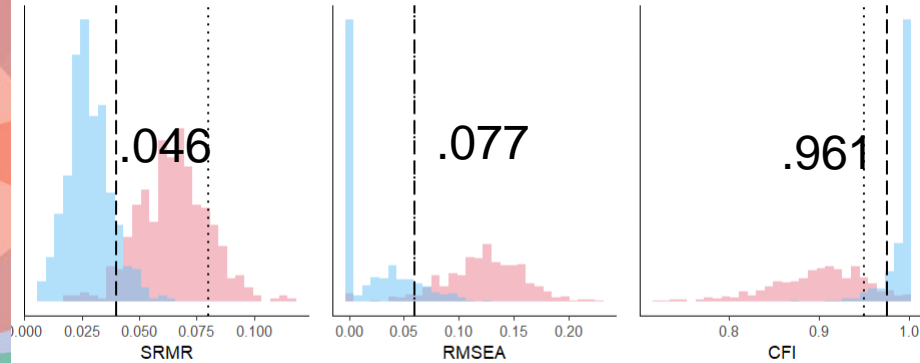
Your DFI cutoffs:

	SRMR	RMSEA	CFI
Level 1: 95/5	NONE	NONE	NONE
Level 1: 90/10	.046	.077	.961
Level 2: 95/5	.05	.085	NONE
Level 2: 90/10	--	--	.951

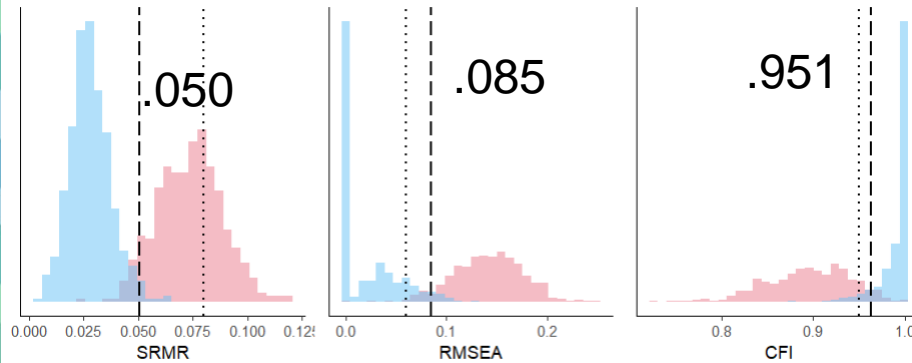
Empirical fit indices:

Chi-Square	df	p-value	SRMR	RMSEA	CFI
21.923	5	0.001	0.061	0.13	0.892

Level 1



Level 2



	SRMR	RMSEA	CFI
ที่ได้	.061	.130	.892
ระดับที่ 1	.046	.077	.961
ระดับที่ 2	.050	.085	.951

โดยรวม ระดับความเหมาะสมของโมเดลสูงกว่าการเพิ่มจำนวน
สหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือเกินระดับที่ 2

อาจมองได้ว่า โมเดลองค์ประกอบเดียวไม่เหมาะสมกับข้อมูล

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- แนวทางของ McNeish & Wolf พยายามให้สอดคล้องกับการศึกษาโมเดลจำลองของ Hu & Bentler (1999) แต่ไม่ได้แบ่งแยกอย่างชัดเจนว่าอะไรคือ
 - ความไม่เหมาะสมที่รับได้ (Trivial [or Minor] Misspecification)
 - ความไม่เหมาะสมที่รุนแรง (Severe Misspecification)
- นอกจากนี้ การเพิ่มน้ำหนักองค์ประกอบข้ามกับตัวบ่งชี้ที่มีขนาดน้ำหนักองค์ประกอบน้อยที่สุด เป็นแนวคิดที่ย้อนแย้ง
 - หากน้ำหนักองค์ประกอบของตัวบ่งชี้เดิมน้อยอยู่แล้ว (เช่น ระดับ .29) น้ำหนักองค์ประกอบข้ามก็จะเป็นความไม่เหมาะสมที่รับได้
 - หากน้ำหนักองค์ประกอบของตัวบ่งชี้เดิมสูง (เช่น .6) น้ำหนักองค์ประกอบข้ามก็จะเป็นความไม่เหมาะสมที่รุนแรง

ความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม

- Pornprasertmanit (2014) ได้แสดงถึงนิยามของความไม่เหมาะสมที่รับได้ (Trivial Misspecification) และความไม่เหมาะสมที่รุนแรง (Severe Misspecification) แล้วนำมาสร้างจุดตัดใหม่ เป็น 2 จุดตัด คือ
 - โมเดลที่มี trivial misspecification : ช่วงดัชนีความเหมาะสมที่เกิดจากโมเดลนี้ ควรจะถูกตัดสินว่าโมเดลเป้าหมายโอเค ประมาณการข้อมูลที่เก็บมาได้
 - โมเดลที่มี severe misspecification : ช่วงดัชนีความเหมาะสมที่เกิดจากโมเดลนี้ ควรจะถูกตัดสินว่าโมเดลเป้าหมายไม่โอเค
- Pornprasertmanit (2014) พบว่า Sampling Distribution ของทั้งสองโมเดลซ้อนกันมากในข้อมูลส่วนใหญ่ จึงตั้งคำถามถึงการใช้ดัชนีความเหมาะสมในภาพรวม และแนะนำวิธีการดูความเหมาะสมแยกย่อยในการตัดสินใจ

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- ความเหมาะสมของโมเดลที่ผ่านมา คือ ความเหมาะสมในภาพรวม (Overall Fit) ว่าทั้งโมเดลมีระดับความไม่เหมาะสม (หรือความเหมาะสมเท่าไร)
- ความเหมาะสมของโมเดล อาจดูรายละเอียดแยกย่อยได้เพิ่มเติม ว่าส่วนใดของโมเดลที่อาจมีความผิดพลาด (Misspecification)
- วิธีการดูความเหมาะสมแยกย่อย (Local Fit) แบ่งเป็นสองวิธีอย่างง่าย คือ
 - การตรวจสอบค่าคงเหลือ (Residuals)
 - การตรวจสอบดัชนีการปรับโมเดล (Modification Indices)

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- การตรวจสอบค่าคงเหลือ (Residuals)

- ให้ $\Sigma(\theta)$ เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนจากโมเดล และ S เป็นเมทริกซ์ความแปรปรวนจากข้อมูล

```
> inspect(outsingle1a, "fitted")
```

```
$cov
```

```
      x1      x5      x2      x3      x4
x1 0.474
x5 0.095 0.428
x2 0.106 0.107 0.469
x3 0.116 0.117 0.281 0.608
x4 0.098 0.099 0.185 0.202 0.454
```

```
> inspect(outsingle1a, "sampstat")
```

```
$cov
```

```
      x1      x5      x2      x3      x4
x1 0.474
x5 0.095 0.428
x2 0.099 0.078 0.469
x3 0.189 0.100 0.281 0.608
x4 0.049 0.140 0.199 0.184 0.454
```

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- การตรวจสอบค่าคงเหลือ (Residuals)

- ค่าความแปรปรวนร่วมคงเหลือ (Residual Covariance) คือ $S - \Sigma(\theta)$ ซึ่งปกติจะไม่ค่อยได้ใช้ค่านี้ เพราะเป็นค่าที่แต่ละตัวแปรมีความแปรปรวนไม่เท่ากัน ค่าสูงหรือต่ำอาจเกิดจากขนาดของตัวแปร

```
> residuals(outsingle1a)
```

```
$type
```

```
[1] "raw"
```

```
$cov
```

	x1	x5	x2	x3	x4
x1	0.000				
x5	0.000	0.000			
x2	-0.007	-0.029	0.000		
x3	0.073	-0.018	0.000	0.000	
x4	-0.048	0.042	0.014	-0.018	0.000

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- การตรวจสอบค่าคงเหลือ (Residuals)

- เพื่อแก้ไขปัญหาค่าความแปรปรวนร่วมไม่เท่ากันระหว่างตัวแปร ค่าของ $\mathbf{S}, \mathbf{\Sigma}(\boldsymbol{\theta})$ จะต้องทำให้เป็นคะแนนมาตรฐาน (Standardized Score) ก่อน

- วิธีการหาค่าคงเหลือที่ทำให้เป็นมาตรฐาน จะมี 2 วิธี คือ วิธีของ Bollen และของ Bentler

- วิธีของ Bollen คือ ทำให้ $\mathbf{S}, \mathbf{\Sigma}(\boldsymbol{\theta})$ เป็นเมทริกซ์สหสัมพันธ์ผ่านส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของแต่ละตัว เป็นวิธีที่ใช้ในการหา SRMR

$$\mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} \mathbf{S} \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} - \mathbf{D}_\Sigma^{-\frac{1}{2}} \mathbf{\Sigma}(\boldsymbol{\theta}) \mathbf{D}_\Sigma^{-\frac{1}{2}}$$

- วิธีของ Bentler ซึ่งเป็นค่าปกติใน lavaan จะแปลงเป็นเมทริกซ์สหสัมพันธ์ด้วยส่วนเบี่ยงเบนมาตรฐานของตัวแปรสังเกตได้ทั้งคู่ (เป็นค่าปกติใน lavaan)

$$\mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} \mathbf{S} \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} - \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}} \mathbf{\Sigma}(\boldsymbol{\theta}) \mathbf{D}_S^{-\frac{1}{2}}$$

```
> lavResiduals(outsingle1a, type = "cor.bollen")
```

```
$type  
[1] "cor.bollen"
```

```
$cov
```

	x1	x5	x2	x3	x4
x1	0.000				
x5	0.000	0.000			
x2	-0.015	-0.065	0.000		
x3	0.136	-0.035	0.000	0.000	
x4	-0.104	0.094	0.031	-0.035	0.000

```
$cov.z
```

	x1	x5	x2	x3	x4
x1	0.000				
x5	0.000	0.000			
x2	-0.447	-2.197	0.000		
x3	3.492	-1.048	0.000	0.000	
x4	-3.372	3.372	2.170	-2.169	0.000

```
> lavResiduals(outsingle1a)
```

```
$type  
[1] "cor.bentler"
```

```
$cov
```

	x1	x5	x2		
x1	0.000				
x5	0.000	0.000			
x2	-0.015	-0.065	0.000		
x3	0.136	-0.035	0.000	0.000	
x4	-0.104	0.094	0.031	-0.035	0.000

```
$cov.z
```

	x1	x5	x2		
x1	0.000				
x5	0.000	0.000			
x2	-0.447	-2.197	0.000		
x3	3.492	-1.048	0.000	0.000	
x4	-3.372	3.372	2.170	-2.169	0.000

ค่าความแตกต่างระหว่างสหสัมพันธ์
ควรดูค่าที่มีขนาดสูงกว่า .1

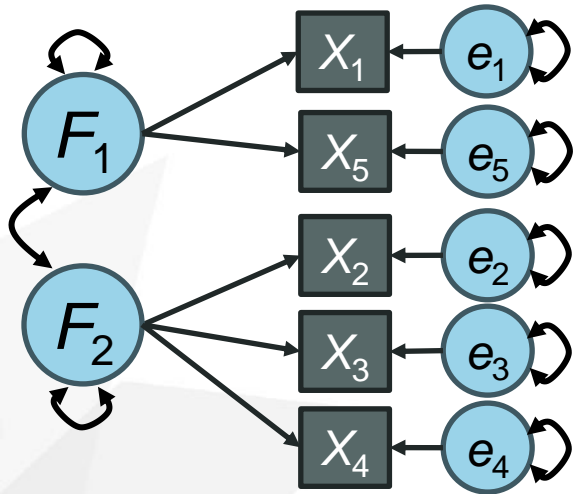
ค่า Z ดูค่าที่มีขนาดสูงๆ ขนาดสูงกว่า
1.96 คือ $p < .05$ แต่ค่านี้
จะอ่อนไหวกับจำนวนกลุ่มตัวอย่าง

ค่าทั้งสองแบบมีค่าเท่ากัน เนื่องจากความแปรปรวนของตัวแปรทุกตัวถูกประมาณค่าจากโมเดลได้ถูกต้อง
จะมีปัญหาเมื่อใช้โมเดลที่ซับซ้อนกว่านี้

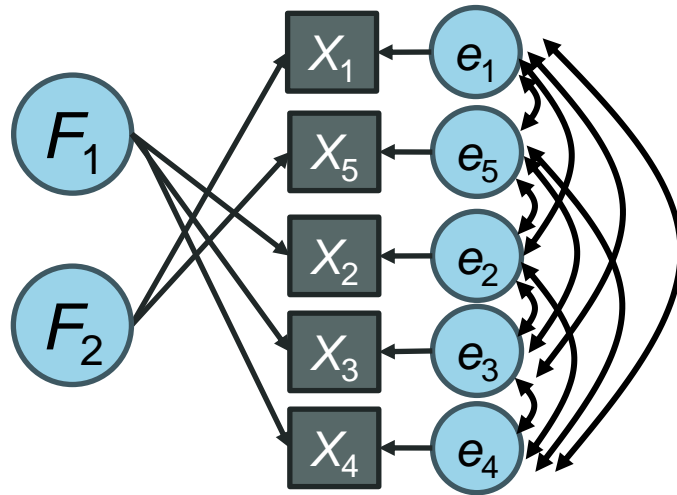
จากค่านี้ สหสัมพันธ์ระหว่าง X_1 และ X_3 และระหว่าง X_1 และ X_4 ควรได้รับการพิจารณา
ซึ่งการปรับโมเดล อาจเกิดจากสร้างน้ำหนักองค์ประกอบข้าม หรือสหสัมพันธ์ระหว่างค่าคงเหลือ

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- การตรวจสอบดัชนีการปรับโมเดล (Modification Indices) เป็นการตรวจสอบว่า “หาก” ปรับค่าพารามิเตอร์ใดที่ถูกจำกัดให้คงที่ ให้เป็นค่าที่ประมาณค่า (เป็นอิสระ) แล้ว Chi-square จะเปลี่ยนแปลงไปเท่าไร



โมเดล



ค่าที่สามารถปรับให้เป็นอิสระได้จากโมเดล

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- ค่า Chi-square ที่เปลี่ยนแปลงไปเมื่อแปลงให้แต่ละค่าเป็นอิสระ จะเรียกว่า ดัชนีการปรับโมเดล (Modification Indices; MI) ค่าพารามิเตอร์ที่คาดว่าถ้าปล่อยให้ค่าอิสระแล้วจะเจอ (Expected parameter change)

```
> modindices(out2)
```

	lhs	op	rhs	mi	epc	sepc.lv	sepc.all	sepc.nox
14	f1	=~	x2	<u>5.195</u>	-0.383	-0.383	<u>-0.560</u>	-0.560
15	f1	=~	x3	<u>3.470</u>	0.354	0.354	<u>0.454</u>	0.454
16	f1	=~	x4	0.250	0.074	0.074	0.110	0.110
20	x1	~~	x2	1.880	-0.042	-0.042	-0.150	-0.150
21	x1	~~	x3	<u>9.531</u>	0.108	0.108	<u>0.332</u>	0.332
22	x1	~~	x4	4.660	-0.062	-0.062	-0.185	-0.185
23	x5	~~	x2	1.807	-0.039	-0.039	-0.140	-0.140
24	x5	~~	x3	1.277	-0.037	-0.037	-0.115	-0.115
25	x5	~~	x4	<u>10.209</u>	0.088	0.088	<u>0.264</u>	0.264
26	x2	~~	x3	0.250	0.037	0.037	<u>0.147</u>	0.147
27	x2	~~	x4	3.470	0.077	0.077	<u>0.291</u>	0.291
28	x3	~~	x4	<u>5.195</u>	-0.106	-0.106	<u>-0.348</u>	-0.348

ค่า EPC ในรูปแบบสัมประสิทธิ์มาตรฐาน

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

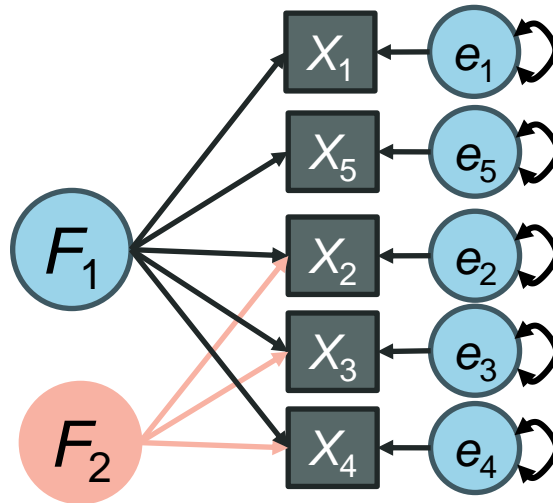
- MI จะไม่ได้วิเคราะห์โดยตรง ว่าถ้า Free ค่าใดค่าหนึ่ง แล้วค่า Chi-square จะมีค่าเท่าไร แต่ MI จะประมาณการว่า ถ้าหาก Free แล้ว ค่า Chi-square จะเป็นอย่างไร (ผ่านหลัก Lagrange Multipliers)
- ดังนั้นถ้าไป Free ค่าใดค่าหนึ่งจริงๆ โมเดลอาจไม่สามารถประมาณการได้ เพราะว่าจะระบุค่าไม่ได้ (Model is not identified) เช่น

```
> m2a <- '  
+ f1 =~ x1 + x5 + x2  
+ f2 =~ x2 + x3 + x4  
+ '  
> out2a <- cfa(m2a, data=dat, std.lv=TRUE)  
Warning message:  
In lav_object_post_check(object) :  
lavaan WARNING: some estimated ov variances are negative
```

เพิ่มให้ F_1 มี X_2 ด้วย แล้วพบว่าความแปรปรวนของค่าคงเหลือของ X_2 มีค่าติดลบ ซึ่งน่าจะเกิดจากโมเดลไม่สามารถระบุค่าได้ (Unidentified)

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- วิธี MI จะสามารถตรวจสอบแหล่งของความไม่เหมาะสมจากค่าพารามิเตอร์ที่ถูกทำให้คงที่ในโมเดลเท่านั้น รูปแบบความไม่เหมาะสมอื่น จะไม่สามารถตรวจสอบได้ เช่น ไม่ได้ใส่องค์ประกอบที่สำคัญลงในโมเดล



ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- Satorra, Saris, van der Weld (2009) เสนอการใช้ Modification Indices และ Expected Parameter Changes มาดูควบคู่กัน เพื่อทดสอบความเหมาะสมของโมเดลในภาพรวม
- Pornprasertmanit (2014) เสนอว่า ให้ใช้ช่วงเชื่อมั่นของ EPC มาเป็นตัวทดสอบความเหมาะสมของโมเดล โดย
 - ถ้าช่วงเชื่อมั่นของ EPC อยู่ในช่วง trivial misspecification ให้ถือว่าการกำหนดค่าพารามิเตอร์นี้โอเค
 - ถ้าช่วงเชื่อมั่นของ EPC อยู่นอกช่วง trivial misspecification ให้ถือว่าโมเดลไม่เหมาะสม
 - ถ้าช่วงเชื่อมั่นของ EPC อยู่คาบเกี่ยวช่วง trivial misspecification แสดงว่าจำนวนกลุ่มตัวอย่างไม่เพียงพอ
 - เป้าหมาย คือ ต้องให้ช่วงเชื่อมั่นของ EPC ทุกตัว อยู่ในช่วง trivial misspecification
- ผลการทำสถานการณ์จำลองออกมาดีมาก สามารถคัดแยกโมเดลที่เหมาะสมดี เหมาะสมโดยประมาณ และไม่เหมาะสม ออกได้ดี เสียที่ใช้จำนวนกลุ่มตัวอย่างเยอะมาก

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- เมื่อโมเดลในภาพรวมไม่เหมาะสม นักวิเคราะห์มักจะมองค่าคงเหลือหรือดัชนีการปรับโมเดล แล้วเริ่มจะต้องการปรับโมเดลไปเรื่อยๆ ไปจนกว่าโมเดลเหมาะสม
- MacCallum et al (1992) บอกว่าการค้นหาการปรับโมเดล (Specification Search) ไปเรื่อยๆ ตามคำแนะนำของการเปลี่ยนแปลงโมเดล โดยไม่ได้อิงหลักทฤษฎีอย่างหนักแน่น ทำให้โมเดลนั้นแม้ว่าจะเข้ากับข้อมูลปัจจุบันดี แต่จะไม่สามารถเจอโมเดลเดิมในข้อมูลใหม่ได้
- การเกิด significant MI นั้น อาจเกิดจากโมเดลผิดพลาดจริงๆ หรือ Type I error หรือการผิดพลาดจริงในรูปแบบอื่นในโมเดล แต่มาโผล่ในการปรับพารามิเตอร์นั้น
- ปรับโมเดลได้ แต่ต้องอิงทฤษฎีอย่างหนักแน่น

ความเหมาะสมของโมเดลแยกย่อย

- นอกจากตรวจสอบความเหมาะสมของโมเดลแล้ว ควรตรวจสอบจากค่าพารามิเตอร์ในโมเดลด้วย
- ดัชนีความเหมาะสมของโมเดลอาจดูดี แต่ค่าพารามิเตอร์มีค่าน้อยมาก หรือกลับทิศทาง
 - เช่น องค์ประกอบควรสัมพันธ์กันทางบวก ดันไปสัมพันธ์กันทางลบ
 - น้ำหนักองค์ประกอบควรมีทิศทางบวกสอดคล้องกับตัวแปรอื่น แต่ตัวแปรหนึ่งมีค่าน้ำหนักองค์ประกอบใกล้ 0 หรือกลับไปอีกทิศทางหนึ่ง
- ถ้าเจอเหตุการณ์นี้ ก่อนที่จะตัดสินว่าโมเดลไม่เหมาะสม ให้ไปดูก่อน ว่าเตรียมข้อมูลมาถูกต้องหรือไม่ สัมราคาสูญหาย หรือสลับกลับคะแนนตามที่ตั้งใจไว้หรือไม่ (การวิเคราะห์องค์ประกอบไม่จำเป็นต้องกลับคะแนน)

ความเหมาะสมของโมเดลโดยสรุป

- สรุป ความเหมาะสมของโมเดลต้องดู 4 ด้านประกอบกันเสมอ

Global Exact Fit
Global
Approximate Fit

เช็ค **Exact Fit** หรือ
Approximate Fit
ต้องให้ผ่านเกณฑ์

Local Fit

ไม่มีความผิดพลาดใดที่
เห็นได้ชัด ว่าอาจบ่งชี้ว่า
โมเดลนี้ผิดพลาด

Parameter
Estimates in
The Current
Model

ค่าพารามิเตอร์ที่ประมาณค่า
ได้ มีค่าสอดคล้องตามทฤษฎี
ค่าสูงและถึงระดับนัยสำคัญ

Comparing
Alternative
Models

โมเดลที่เหมาะสม เป็นเพียง
บอกว่า คำอธิบายนี้เป็นไปได้
ถ้ามีโมเดลอื่นมาเปรียบเทียบกับ
จะทำให้ความถูกต้องของ
โมเดลปัจจุบันสูงขึ้น
(ดูหัวข้อถัดไป)

ถ้าแก้โมเดล ต้องบอกเหตุผล และบอกว่าอะไรที่ทำให้คิดแบบนั้น ว่าตัวเลข **SEPC**,
Standardized Residuals เป็นเท่าไร และทฤษฎีว่าอย่างไร แล้วไปแก้โมเดลอย่างไร

ความเหมาะสมของโมเดลโดยสรุป

- โมเดลที่ดี คือ โมเดลที่ทดสอบซ้ำแล้วซ้ำอีก จากกลุ่มตัวอย่างหลายๆ กลุ่ม แล้วโมเดลนี้ยังคงถูกต้อง อธิบายปรากฏการณ์ต่างๆ ได้ โมเดลลักษณะนี้จะมาจาก
 - โมเดลที่ไม่ได้ประมาณค่าพารามิเตอร์เยอะ (Parsimonious) ซึ่งดูได้จาก df ที่ควรจะมีค่าสูงๆ
 - โมเดลที่ค่าความเหมาะสมดี แต่ประมาณค่าพารามิเตอร์เยอะๆ บางตัวก็อธิบายในเชิงทฤษฎีไม่ได้ โมเดลนี้ดีสู้โมเดลที่ Parsimonious ไม่ได้
- ถ้าไม่มีโมเดลอะไรเหมาะสมเลย ต้องพยายามอธิบายว่ามันเกิดอะไรขึ้น มีปัญหาเรื่องข้อมูลหรือทฤษฎีที่ทบทวนวรรณกรรมหรือไม่ หรือทฤษฎีที่นำมาใช้ไม่เหมาะสมกับสถานการณ์นี้
- อย่าลืมว่า โมเดลที่มีความผิดพลาดที่ร้ายแรง (Severe Misspecification) แม้ว่าจะไม่ใช่พารามิเตอร์ที่สำคัญในการอธิบายเชิงทฤษฎี แต่อาจทำให้การประมาณค่าพารามิเตอร์อื่นมีค่าที่ผิด ไม่ใกล้เคียงกับค่าในประชากร

ความเหมาะสมของโมเดลโดยสรุป

- บางครั้ง นักวิจัยสร้างโมเดลที่มี $df = 0$ ขึ้น เช่น โมเดลมีองค์ประกอบเดียว 3 ตัวบ่งชี้
- ดัชนีไม่สามารถทดสอบความเหมาะสมของโมเดลได้ ทั้งแบบ Global Fit และ Local Fit เพราะ Model-implied covariance เท่ากับ Sample Covariance เสมอ
- โมเดลนี้อาจเป็นโมเดลที่เหมาะสมกับข้อมูลได้ แต่ก็อาจเป็นโมเดลที่ไม่เหมาะสมกับข้อมูลเลยก็ได้ และไม่มีดัชนีความเหมาะสมทั้งแบบ Global Fit และ Local Fit มาบอกได้เลย
- วิธีเดียวที่อาจจะพอช่วยได้ คือ ตรวจสอบจากค่าพารามิเตอร์ในโมเดล ซึ่งนักวิเคราะห์ส่วนใหญ่มองว่าไม่เพียงพอในการตัดสินโมเดลว่าเหมาะสมหรือไม่


```

> mtry <- '
+ f1 =~ x1 + x2 + x6 + x10
+ f2 =~ x1 + x5 + x9 + x10
+ x2 ~~ x5 + x9 + x10
+ x6 ~~ x5 + x9
+ x1 ~~ x5
+ '
> outtry <- cfa(mtry, data=datneed, std.lv=TRUE)
> outtry
lavaan 0.6-12 ended normally after 37 iterations

```

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	21
Number of observations	799

Model Test User Model:

Test statistic	0.000
Degrees of freedom	0

```
> modificationindices(outtry)
```

```

[1] lhs      op      rhs      mi      epc      sepc.lv  sepc.all
[8] sepc.nox
<0 rows> (or 0-length row.names)

```

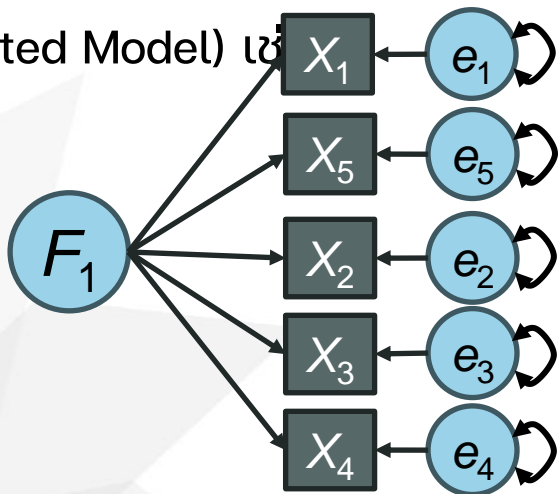
โมเดลนี้ $df = 0$ จะเห็นว่าค่าไคสแควร์จะเท่ากับ 0 ด้วย
เมื่อไคสแควร์ทดสอบความเหมาะสมของโมเดลไม่ได้ ก็ไม่ควร
เหมาไปว่าโมเดลเหมาะสมกับข้อมูล

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน

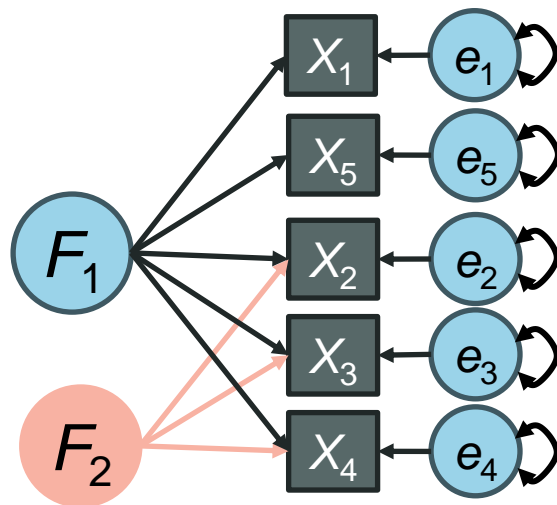
- นักวิจัยอาจมีโมเดลอธิบายความสัมพันธ์ระหว่างตัวแปรมากกว่าหนึ่งรูปแบบ และต้องการเลือกว่าโมเดลใดที่เหมาะสมกับข้อมูลมากกว่า
- โดยทั่วไป หากเพิ่มการประมาณค่าพารามิเตอร์ การอธิบายข้อมูลย่อมดีขึ้นอยู่แล้ว
- การเปรียบเทียบในบริบทนี้ จึงเป็นการเปรียบเทียบว่า พารามิเตอร์ที่มากกว่า คุ่มค่าต่อการอธิบายข้อมูลที่มากขึ้นหรือไม่
- การเปรียบเทียบโมเดลมีสองรูปแบบ คือ โมเดลที่ซ้อนกัน (Nested Model Comparison) และโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน (Nonnested Model Comparison)

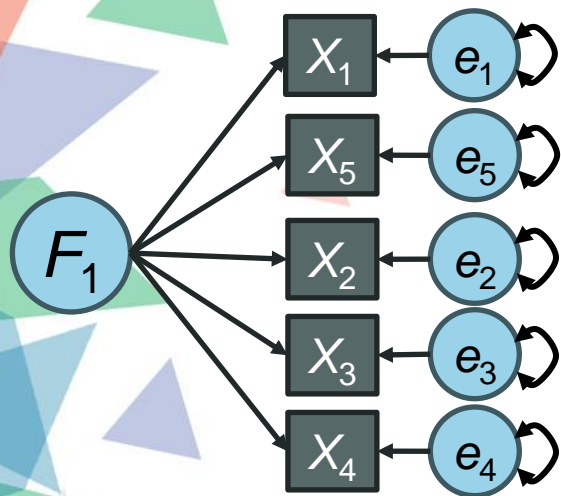
การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน

- โมเดลที่ซ้อนกัน คือ มีโมเดลหนึ่งที่ประมาณค่าพารามิเตอร์จำนวนหนึ่ง แล้วอีกโมเดลหนึ่งทำให้พารามิเตอร์ที่ประมาณค่าในโมเดลเดิมไม่ประมาณค่า (เช่น ทำให้คงที่ หรือกำหนดให้เท่ากัน)
- โมเดลแรกเรียกว่า โมเดลตั้งต้น (Parent Model) และโมเดลหลังเรียกว่า โมเดลซ้อน (Nested Model) เช่น

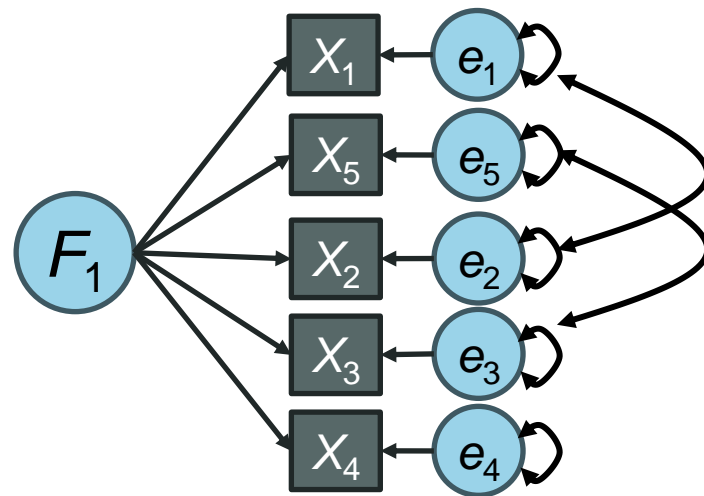
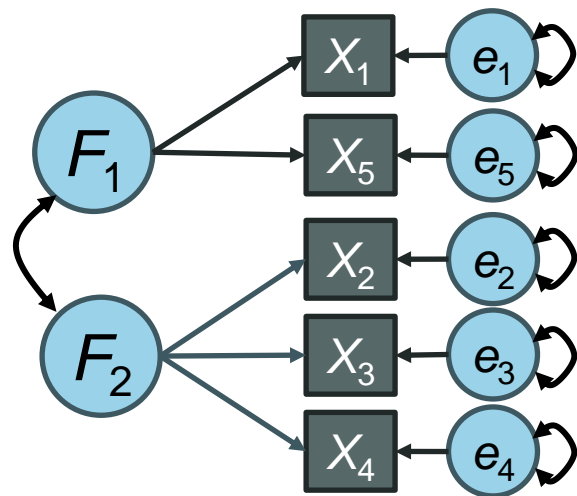


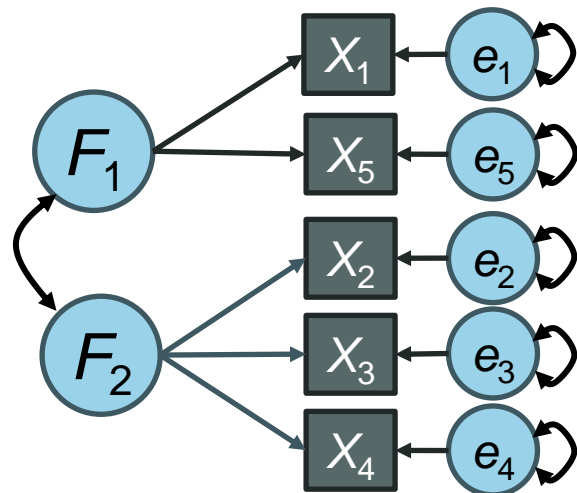
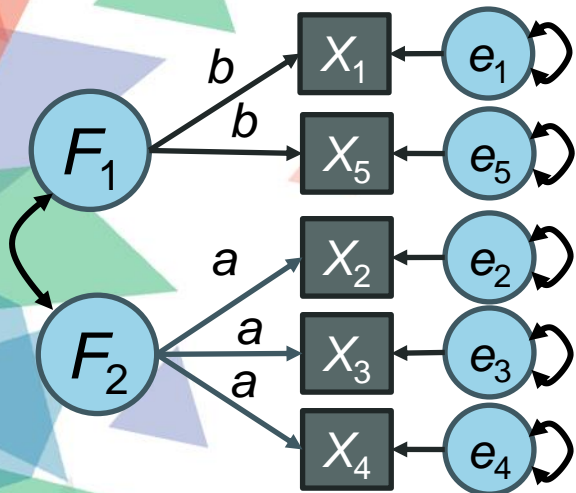
ซ้อนอยู่ใน



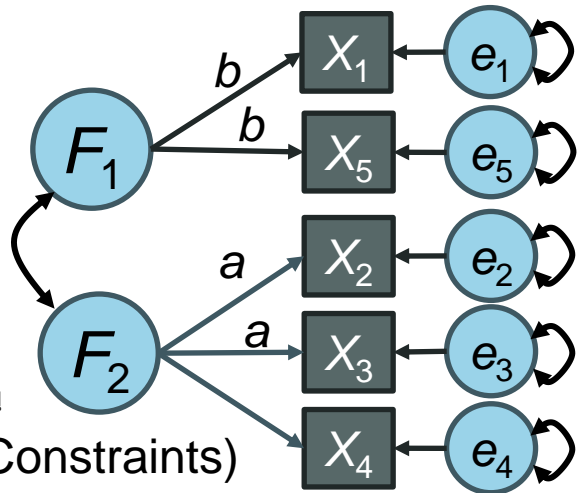


ซ่อนอยู่ใน





ซ่อนอยู่ใน



จำกัดให้ค่าเท่ากัน
(Equality Constraints)

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน

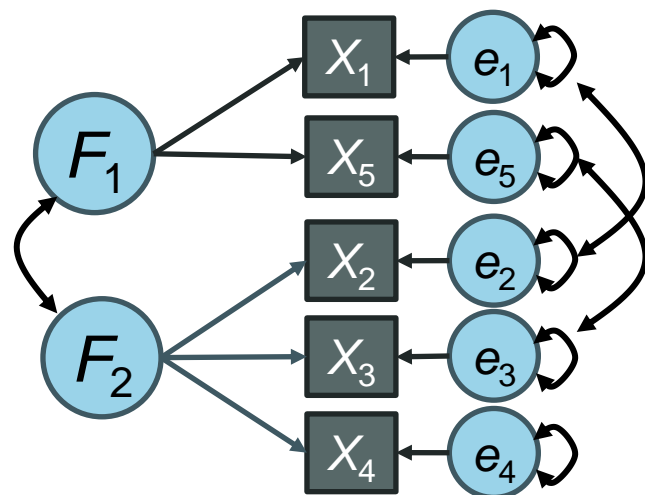
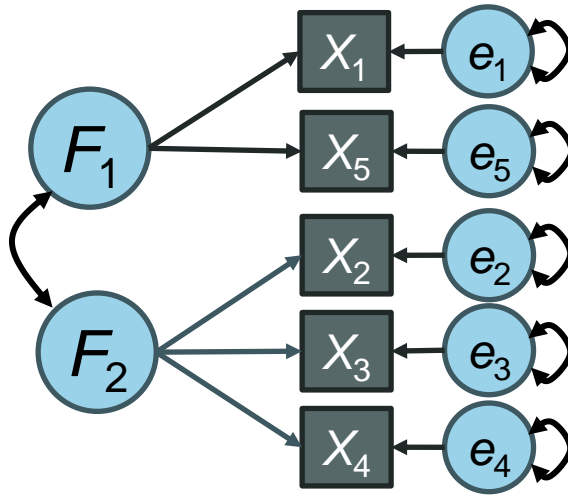
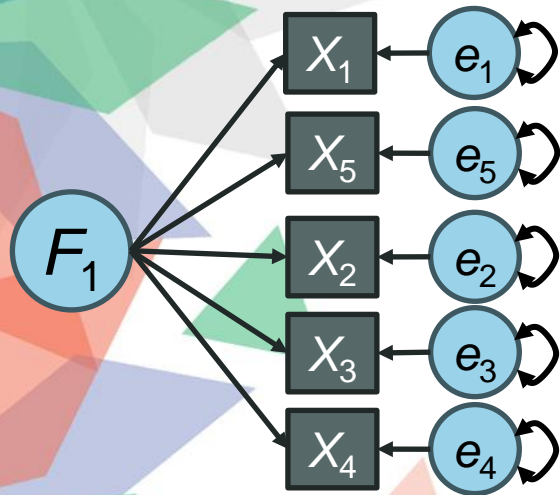
- ตามปกติ โมเดลตั้งต้น ย่อมสามารถอธิบายโมเดลได้ดีกว่า โมเดลซ้อน เพราะมีจำนวนพารามิเตอร์ที่มากกว่า หรือ df น้อยกว่า
- การทดสอบไคสแควร์จะตรวจสอบว่า โมเดลตั้งต้นอธิบายข้อมูลได้ดีกว่าโมเดลซ้อนได้อย่างมีนัยสำคัญหรือไม่
- กล่าวคือ ถ้าโมเดลซ้อนเป็นโมเดลในประชากร การทดสอบไคสแควร์จะไม่ถึงระดับนัยสำคัญ แต่หากโมเดลตั้งต้นเป็นโมเดลในประชากร (การไปทำให้ค่าพารามิเตอร์คงที่หรือเท่ากัน ไม่ถูกต้องตามประชากรภายใต้ข้อมูล) การทดสอบไคสแควร์จะถึงระดับนัยสำคัญ

H0: โมเดลซ้อน (Nested Model) ถูกต้อง

H1: โมเดลตั้งต้น (Parent Model) ถูกต้อง

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน

- ให้ χ_N^2, df_N เป็นค่าไคสแควร์ของโมเดลซ้อน และ χ_P^2, df_P เป็นค่าไคสแควร์ของโมเดลตั้งต้น
- ค่าไคสแควร์ที่ใช้ทดสอบโมเดลซ้อนกันคือ $\Delta\chi^2 = \chi_N^2 - \chi_P^2$
- หากโมเดลซ้อนเป็นโมเดลที่ถูกต้อง การกระจายของ $\Delta\chi^2$ จะอยู่ในรูป Chi-square distribution ที่ $\Delta df = df_N - df_P$
- ดังนั้นหาก $p < .05$ จะปฏิเสธโมเดลซ้อน และเลือกโมเดลตั้งต้น เพราะพารามิเตอร์ที่ประมาณการมากขึ้นสามารถอธิบายโมเดลได้เพิ่มขึ้นจริง
- แต่หาก $p > .05$ จะบอกว่าค่าพารามิเตอร์ที่ประมาณการมากขึ้นไม่สามารถอธิบายได้มากกว่าการสุ่ม (Sampling Error) จึงเลือกโมเดลซ้อน



```
> mnested <- '
+ f1 =~ x1 + x2 + x3 + x4 + x5
+ '
> outnested <- cfa(mnested, data=dat, std.lv=TRUE)
> outnested
lavaan 0.6-12 ended normally after 18 iterations
```

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	10
Number of observed variables	200
Model Test User Model:	
Test statistic	21.923
Degrees of freedom	5
P-value (Chi-square)	0.001

$$\chi^2(5) = 21.923$$

```
> mparent <- '
+ f1 =~ x1 + x5
+ f2 =~ x2 + x3 + x4
+ '
> outparent <- cfa(mparent, data=dat, std.lv=TRUE)
> outparent
lavaan 0.6-12 ended normally after 22 iterations
```

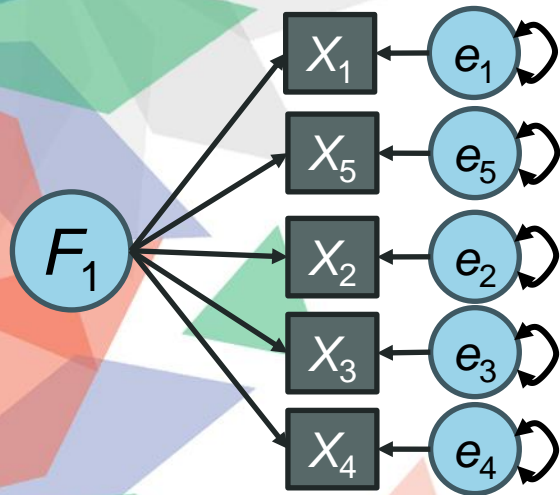
Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	11
Number of observed variables	200
Model Test User Model:	
Test statistic	19.550
Degrees of freedom	4
P-value (Chi-square)	0.001

$$\chi^2(4) = 19.550$$

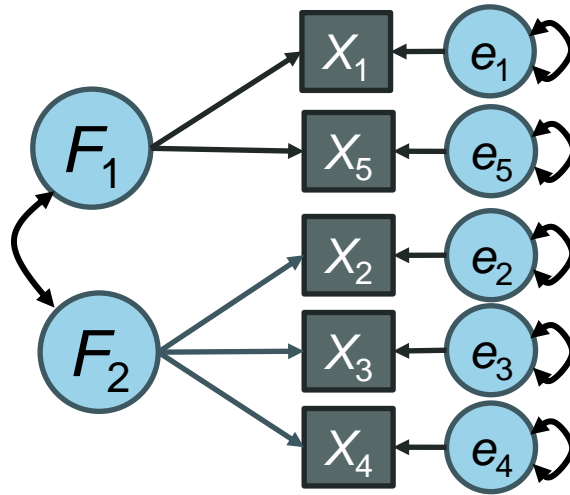
```
> mgrandparent <- '
+ f1 =~ x1 + x5
+ f2 =~ x2 + x3 + x4
+ x1 =~ x2
+ x5 =~ x3
+ '
> outgrandparent <- cfa(mgrandparent, data=dat, std.lv=TRUE)
> outgrandparent
lavaan 0.6-12 ended normally after 27 iterations
```

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	13
Number of observed variables	200
Model Test User Model:	
Test statistic	16.864
Degrees of freedom	2
P-value (Chi-square)	0.000

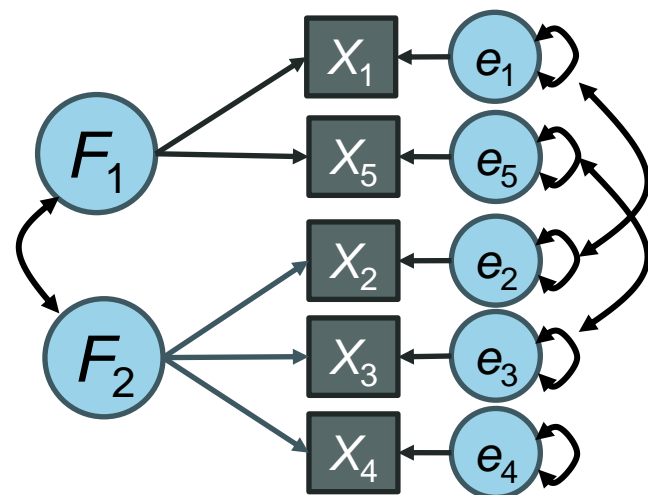
$$\chi^2(2) = 16.864$$



$$\chi^2(5) = 21.923$$



$$\chi^2(4) = 19.550$$



$$\chi^2(2) = 16.864$$

```
> anova(outnested, outparent)
Chi-Squared Difference Test
```

	Df	AIC	BIC	Chisq	Chisq diff	Df diff	Pr(>Chisq)
outparent	4	1984.6	2020.9	19.550			
outnested	5	1985.0	2017.9	21.923	2.3726	1	0.1235

```
> anova(outnested, outgrandparent)
Chi-Squared Difference Test
```

	Df	AIC	BIC	Chisq	Chisq diff	Df diff	Pr(>Chisq)
outgrandparent	2	1985.9	2028.8	16.864			
outnested	5	1985.0	2017.9	21.923	5.0592	3	0.1675

```
> anova(outparent, outgrandparent)
Chi-Squared Difference Test
```

	Df	AIC	BIC	Chisq	Chisq diff	Df diff	Pr(>Chisq)
outgrandparent	2	1985.9	2028.8	16.864			
outparent	4	1984.6	2020.9	19.550	2.6865	2	0.261

จากการทดสอบ เลือกโมเดลองค์ประกอบเดียว

การเปรียบเทียบระหว่างโมเดลที่ซ้อนกัน

- อย่างไรก็ตาม การเปรียบเทียบโมเดลซ้อนกันด้วยการทดสอบไคสแควร์ จะได้รับอิทธิพลจากกลุ่มตัวอย่าง หากกลุ่มตัวอย่างสูง ความแตกต่างเล็กน้อยก็ทำให้เกิดความแตกต่างอย่างมีนัยสำคัญ
- บางครั้ง อาจใช้การเปลี่ยนแปลงของดัชนีความเหมาะสม เช่น การเปลี่ยนแปลงของ CFI ในบางบริบท เช่น Group Measurement Invariance
- Pornprasertmanit, Wu, & Little (2013) เสนอวิธีการคล้ายกับ Dynamic Cutoff เพื่อหาว่าค่าเปลี่ยนแปลงของดัชนีความเหมาะสมระดับใด ถือเป็นความผิดพลาดเล็กน้อย และระดับใดที่อาจบ่งชี้ถึงความผิดพลาดระดับสูง แล้วหาจุดตัดการเปลี่ยนแปลงของดัชนีความเหมาะสม ที่แบ่งระหว่างสองโมเดล

การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน

- ในการเปรียบเทียบความเหมาะสมของโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน (Nonnested Model Comparison) มักจะใช้ค่าเกณฑ์ข้อมูล (Information Criterion) ที่จะเป็นค่าที่ให้ความสมดุลระหว่างความเหมาะสมของโมเดล (Model Fit) และความซับซ้อนของโมเดล (Model Complexity)
- กล่าวคือ ค่าเกณฑ์ข้อมูลจะชอบโมเดลที่เหมาะสมกับข้อมูลและไม่ซับซ้อนพร้อมกัน
- ค่าแรกที่ได้รับค่านิยม คือ Akaike Information Criterion (AIC) ซึ่งใน lavaan ใช้สูตรดังนี้

$$\text{AIC} = -2 \log L_0 + 2q$$

- โดย q = จำนวนพารามิเตอร์ และ

$$\log L = -\frac{Np}{2} \log(2\pi) - \frac{N}{2} \log|\mathbf{\Sigma}| - \frac{N}{2} \text{tr}(\mathbf{S}\mathbf{\Sigma}^{-1}) - \frac{N}{2} [\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]' \mathbf{\Sigma}^{-1} [\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]$$

การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน



- ในระหว่างโมเดลที่เปรียบเทียบกัน โมเดลใดที่ค่า AIC น้อยที่สุด จะเป็นโมเดลที่ดีที่สุด
- AIC จะมีสูตรอื่นด้วย แต่ไม่ว่าจะใช้สูตรไหน ผลของการตัดสินใจออกมาเหมือนกัน (Kline, 2023 pp. 190-192)



การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน

- Bayes Information Criterion (BIC) เป็นค่าเกณฑ์ข้อมูลที่ใช้จำนวนกลุ่มตัวอย่างมาคิดด้วย โดยถ้ากลุ่มตัวอย่างสูง จะยอมรับโมเดลที่ซับซ้อนได้มากกว่า

$$\text{BIC} = -2 \log L_0 + q \log N$$

- Sample-size Adjusted BIC จะเป็นอีกรูปแบบของ BIC ใน lavaan จะเรียกว่า BIC2 จะปรับปรุงจากสูตรของ BIC เป็นดังนี้

$$\text{BIC2} = -2 \log L_0 + q \log \left(\frac{N + 2}{24} \right)$$

การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน

- Preacher & Merkle (2012) แนะนำการใช้ AIC มากกว่า BIC หรือ BIC2 เพราะผลการตัดสินใจเสถียรมากกว่า
- AIC, BIC, หรือ BIC2 ไม่ได้คำนึงถึงความผิดพลาดจากการสุ่ม กล่าวคือ บางครั้งการตัดสินใจเลือกโมเดลหนึ่ง อาจเป็นเพียงเพราะบังเอิญสุ่มเจอกลุ่มตัวอย่างที่ค่าสถิติไปทางโมเดล A มากกว่าโมเดล B พอดี ควรมีการทดสอบทางสถิติที่ตัดความเป็นไปได้เรื่องความผิดพลาดจากการสุ่มออกไป

การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน

- Pornprasertmanit, Wu, & Little (2014) ได้เสนอวิธีการ Parametric Bootstrap ในการสร้างข้อมูลจากโมเดลทั้งสองโมเดล ใน trivial misspecification แล้วสร้างข้อมูล แล้วนำข้อมูลที่สร้างมาจากแต่ละโมเดล ไปทดสอบด้วยโมเดลทั้งสองโมเดล ดูว่าความแตกต่างระหว่าง ค่า AIC (หรือ BIC) เป็นอย่างไร
- Merkle, Yoo, & Preacher (2016) ได้เสนอวิธีการที่ง่ายกว่าในการทดสอบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน โดยประยุกต์การทดสอบของ Vuong (1989) ผ่าน nonnest2 package
- อย่างไรก็ตาม วิธีของ Merkle et al. (2016) ไม่ได้จัดการเรื่อง Trivial Misspecification

```

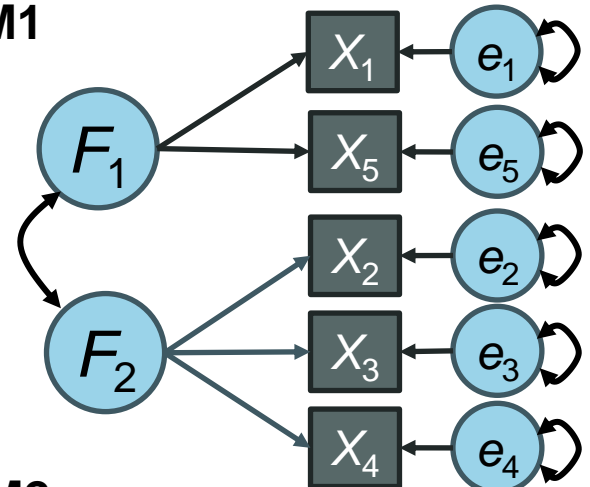
> library(nonnest2)
> mnonnested1 <- '
+ f1 =~ x1 + x5
+ f2 =~ x2 + x3 + x4
+ '
> outnonnested1 <- cfa(mnonnested1, data=dat, std.lv=TRUE)
>
> mnonnested2 <- '
+ f1 =~ x1 + x4 + x5
+ f2 =~ x2 + x3
+ '
> outnonnested2 <- cfa(mnonnested2, data=dat, std.lv=TRUE)

```

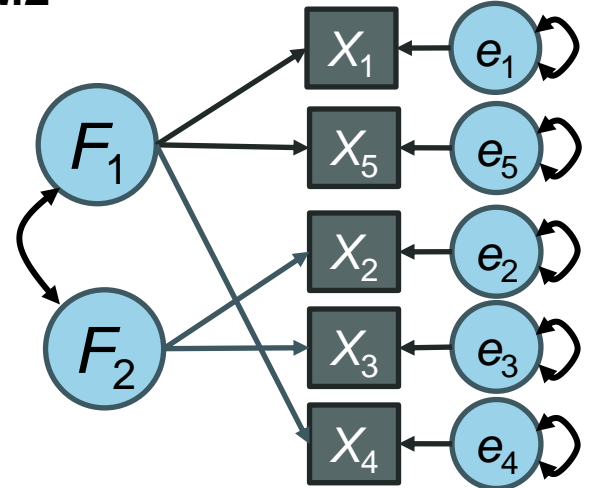
```
> fitmeasures(outnonnested1)
```

npar	fmin	chisq	df
11.000	0.049	19.550	4.000
pvalue	baseline.chisq	baseline.df	baseline.pvalue
0.001	167.092	10.000	0.000
cfi	tli	nnfi	rfi
0.901	0.753	0.753	0.707
nfi	pnfi	ifi	rni
0.883	0.353	0.905	0.901
logl	unrestricted.logl	aic	bic
-981.288	-971.513	<u>1984.576</u>	<u>2020.858</u>
ntotal	bic2	rmsea	rmsea.ci.lower
200.000	<u>1986.009</u>	0.139	0.082
rmsea.ci.upper	rmsea.ci.level	rmsea.pvalue	rmsea.close.h0
0.204	0.900	0.008	0.050
rmsea.notclose.pvalue	rmsea.notclose.h0	rnr	rnr_nomean
0.954	0.080	0.027	0.027
srmr	srmr_bentler	srmr_bentler_nomean	crmr
0.056	0.056	0.056	0.069
crmr_nomean	srmr_mplus	srmr_mplus_nomean	cn_05
0.069	0.056	0.056	98.060
cn_01	gfi	agfi	pgfi
136.821	0.962	0.859	0.257
mfi	ecvi		
0.962	0.208		

M1



M2

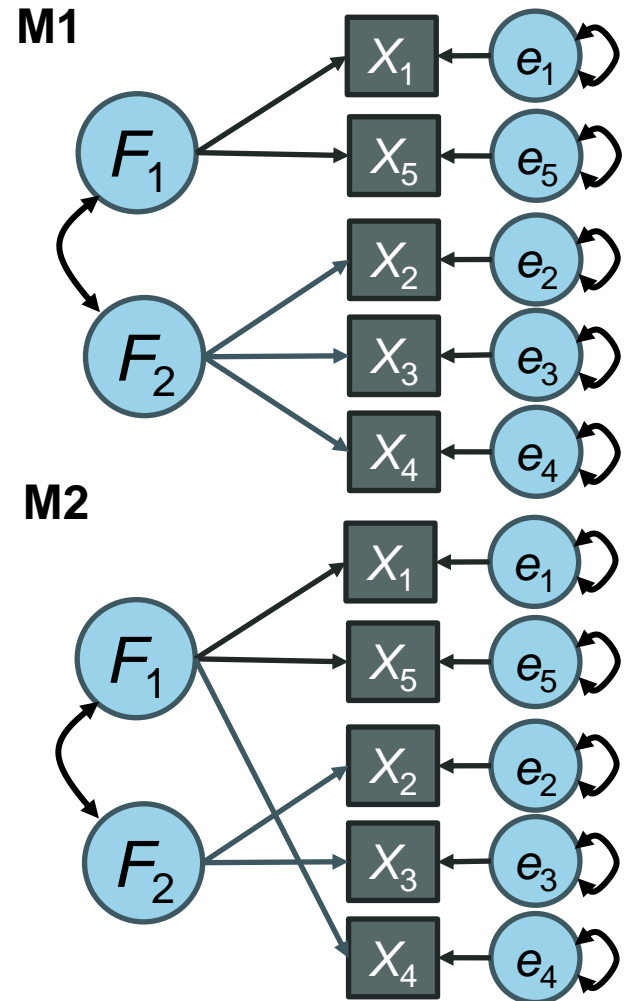



```

> fitmeasures(outnonnested1)[c("aic", "bic", "bic2")]
  aic    bic   bic2
1984.576 2020.858 1986.009
> fitmeasures(outnonnested2)[c("aic", "bic", "bic2")]
  aic    bic   bic2
1985.673 2021.955 1987.106

```

ค่าดัชนีการเปรียบเทียบความเหมาะสมของโมเดลที่ไม่ซ้อนกันทุกค่า
เลือกโมเดลที่ 1 มากกว่าโมเดลที่ 2



```
> vuongtest(outnonnested1, outnonnested2)
```

```
Model 1  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mnonnested1, data = dat, std.lv = TRUE, ...)
```

```
Model 2  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mnonnested2, data = dat, std.lv = TRUE, ...)
```

```
Variance test  
H0: Model 1 and Model 2 are indistinguishable  
H1: Model 1 and Model 2 are distinguishable  
w2 = 0.019, p = 0.147
```

พบว่าข้อมูลอาจมาจากโมเดลใดก็ได้

```
Non-nested likelihood ratio test  
H0: Model fits are equal for the focal population  
H1A: Model 1 fits better than Model 2  
z = 0.282, p = 0.389  
H1B: Model 2 fits better than Model 1  
z = 0.282, p = 0.6109
```

```
> icci(outnonnested1, outnonnested2)
```

```
Model 1  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mnonnested1, data = dat, std.lv = TRUE, ...  
AIC: 1984.576  
BIC: 2020.858
```

```
Model 2  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mnonnested2, data = dat, std.lv = TRUE, ...  
AIC: 1985.673  
BIC: 2021.955
```

```
95% Confidence Interval of AIC difference (AICdiff = AIC1 - AIC2)  
-8.729 < AICdiff < 6.535
```

```
95% Confidence Interval of BIC difference (BICdiff = BIC1 - BIC2)  
-8.729 < BICdiff < 6.535
```

Vuong's Test แบ่งการทดสอบเป็น 2 ขั้นตอน

1. ทดสอบว่าโมเดลทั้งสองแยกจากกันได้หรือไม่ จากหลักฐานที่มี ผ่าน **Variance Test** ถ้าไม่ถึงระดับนัยสำคัญ แสดงว่าข้อมูลอาจมาจากโมเดลใดก็ได้ แต่ถ้าถึงระดับนัยสำคัญ แสดงว่าอาจแตกต่างกัน ต้องทดสอบขั้นที่สอง
2. ทดสอบว่าค่าความเหมาะสมของโมเดลหนึ่งดีกว่าอีกโมเดลหนึ่งหรือไม่ ถ้าไม่ถึงระดับนัยสำคัญ แสดงว่าไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ แต่ถ้าถึงระดับนัยสำคัญ แสดงว่าพบความแตกต่างกันจริง สรุปได้ว่าเลือกโมเดลหนึ่งมากกว่าอีกโมเดลหนึ่ง

ช่วงเชื่อมั่น (Confidence Interval) ตรวจสอบว่า ส่วนต่าง AIC และ BIC ของทั้ง 2 โมเดลในประชากร เป็นอย่างไร พบว่าคลุม 0 แสดงว่าไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ

การเปรียบเทียบโมเดลที่ไม่ซ้อนกัน

- Vuong test สามารถใช้ได้กับการเปรียบเทียบโมเดลซ้อนกันด้วย โดยการทดสอบนี้จะไม่เหมาะว่าโมเดลซ้อน (Nested Model) เป็นโมเดลที่ถูกต้อง
 - ข้อตกลงนี้ไม่ค่อยเป็นจริง เพราะโมเดลจะมีความผิดพลาดเล็กน้อยอยู่แล้ว ในการวิเคราะห์ข้อมูลจริง

```
> vuongtest(outnested, outparent, nested=TRUE)
```

```
Model 1  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mparent, data = dat, std.lv = TRUE, model.type = "cfa", ...)
```

```
Model 2  
Class: lavaan  
Call: lavaan::lavaan(model = mnested, data = dat, std.lv = TRUE, model.type = "cfa", ...)
```

```
Variance test  
H0: Model 1 and Model 2 are indistinguishable  
H1: Model 1 and Model 2 are distinguishable  
w2 = 0.011, p = 0.103
```

```
Robust likelihood ratio test of distinguishable models  
H0: Model 2 fits as well as Model 1  
H1: Model 1 fits better than Model 2  
LR = 2.373, p = 0.11
```

โมเดลตั้งต้นและโมเดลซ้อนไม่แตกต่างกันอย่างมีนัยสำคัญ
เลือกโมเดลซ้อน

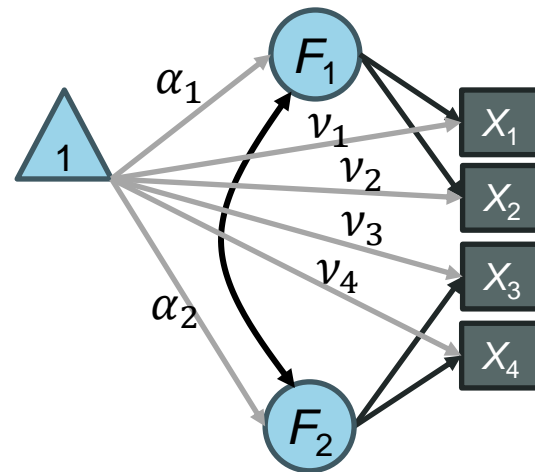
โมเดลค่าเฉลี่ย

- ในโมเดลที่ผ่านมาจะไม่ได้สร้างโมเดลเพื่อจำกัดค่าเฉลี่ยของตัวแปร แต่ใน SEM สามารถสร้างโมเดลเพื่อจำกัดค่าเฉลี่ยได้
- ให้ α เป็นค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบ และ ν เป็นจุดตัดของตัวบ่งชี้

$$\alpha = \begin{bmatrix} \alpha_1 \\ \alpha_2 \end{bmatrix} \quad \nu = \begin{bmatrix} \nu_1 \\ \nu_2 \\ \nu_3 \\ \nu_4 \end{bmatrix}$$

- สมการในการสร้างคะแนนของตัวบ่งชี้ คือ

$$x_{i1} = \nu_1 + \lambda_{11}F_{i1} + \lambda_{12}F_{i2} + e_{i1}$$



$$x_{i1} = v_1 + \lambda_{11}F_{i1} + 0 \cdot F_{i2} + e_{i1}$$

$$x_{i2} = v_2 + \lambda_{21}F_{i1} + 0 \cdot F_{i2} + e_{i2}$$

$$x_{i3} = v_3 + 0 \cdot F_{i1} + \lambda_{32}F_{i2} + e_{i3}$$

$$x_{i4} = v_4 + 0 \cdot F_{i1} + \lambda_{42}F_{i2} + e_{i4}$$

$$\begin{bmatrix} x_{i1} \\ x_{i2} \\ x_{i3} \\ x_{i4} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} v_1 \\ v_2 \\ v_3 \\ v_4 \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \lambda_{11} & 0 \\ \lambda_{21} & 0 \\ 0 & \lambda_{32} \\ 0 & \lambda_{42} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} F_{i1} \\ F_{i2} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} e_{i1} \\ e_{i2} \\ e_{i3} \\ e_{i4} \end{bmatrix}$$

$$\mathbf{x} = \mathbf{v} + \Lambda \mathbf{f} + \mathbf{e}$$

$$E(\mathbf{x}) = E(\mathbf{v} + \Lambda \mathbf{f} + \mathbf{e})$$

$$\boldsymbol{\mu}_x = E(\mathbf{v}) + E(\Lambda \mathbf{f}) + E(\mathbf{e})$$

$$\boldsymbol{\mu}_x = \mathbf{v} + \Lambda E(\mathbf{f}) + \mathbf{0}$$

$$\boldsymbol{\mu}_x = \mathbf{v} + \Lambda \boldsymbol{\alpha}$$

โมเดลค่าเฉลี่ย

- จากสมการนี้หมายความว่า Model-implied means สามารถคำนวณได้จาก

$$\boldsymbol{\mu}_x = \mathbf{v} + \boldsymbol{\Lambda}\boldsymbol{\alpha}$$

- ค่า Model-implied means จะถูกไปคำนวณในสมการ log-likelihood โดยปรับค่าสมาชิกใน \mathbf{v} , $\boldsymbol{\Lambda}$, และ $\boldsymbol{\alpha}$ เพื่อให้ค่า log-likelihood มีค่าสูงที่สุด

$$\log L = -\frac{Np}{2}\log(2\pi) - \frac{N}{2}\log|\boldsymbol{\Sigma}| - \frac{N}{2}\text{tr}(\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}) - \frac{N}{2}[\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]'\boldsymbol{\Sigma}^{-1}[\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]$$

- หรือทำให้ค่า F_{ML} มีค่าต่ำที่สุด

$$F_{ML} = \frac{2}{N}(\log L_S - \log L_0) = [\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]'\boldsymbol{\Sigma}^{-1}[\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}] + \text{tr}(\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}) - \log|\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}| - p$$

โมเดลค่าเฉลี่ย

- ค่า Λ สามารถประมาณค่าได้จากการประมาณค่าความแปรปรวนร่วม ส่วนค่าของ \mathbf{V} และ α จะประมาณค่าได้จากค่าเฉลี่ยเท่านั้น
- จำนวนสมาชิกของ \mathbf{V} เท่ากับจำนวนตัวบ่งชี้ หรือ p และจำนวนสมาชิกของ α คือจำนวนองค์ประกอบหรือ k แต่จำนวนข้อมูลใน m_y (ค่าเฉลี่ยของตัวแปร) มีจำนวนแค่ p
- เพื่อให้โมเดลระบุได้ (Identified) ต้องจำกัดค่าของ \mathbf{V} หรือ α บางค่าเพื่อให้ค่าพารามิเตอร์ทุกตัวสามารถประมาณค่าได้

โมเดลค่าเฉลี่ย

- วิธีการทำให้โมเดลระบุได้มี 2 วิธี คือ
 - ให้ค่าของ α เป็นค่าคงที่ มักกำหนดให้มีค่าเท่ากับ 0 วิธีนี้จะทำให้ ν เท่ากับค่าเฉลี่ยของตัวแปร
 - ให้ค่าของ ν ตัวบ่งชี้หนึ่งในแต่ละองค์ประกอบมีค่าคงที่ มักให้ค่าเท่ากับ 0 ในตัวแปรที่เป็น Marker Variable ที่กำหนดให้น้ำหนักองค์ประกอบเป็น 1 อยู่แล้ว จะทำให้ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบหรือ α มีค่าเท่ากับค่าเฉลี่ยของตัวบ่งชี้ที่กำหนด และค่า ν ตัวที่เหลือ คือ ความแตกต่างระหว่างค่าเฉลี่ยตัวบ่งชี้แต่ละตัวกับตัวบ่งชี้หลักคุณด้วยน้ำหนักองค์ประกอบของตัวแปรนั้น
- ใน lavaan โดยปกติการคำนวณ cfa จะไม่คำนึงถึงค่าเฉลี่ย แต่สามารถให้ประมาณค่าด้วยได้โดยใส่ meanstructure=TRUE ในคำสั่ง cfa (ค่าปกติจะกำหนดให้ α ทุกตัวเป็น 0) หรือกำหนด α หรือ ν ใน script ซึ่งจะทำให้ lavaan ประมาณค่าเฉลี่ย
- สำหรับการทดสอบความเหมาะสมของโมเดล ดัชนีความเหมาะสมจะมีเพียง SRMR ที่จะมีการปรับสูตรเล็กน้อยดังนี้

โมเดลค่าเฉลี่ย

- สำหรับการทดสอบความเหมาะสมของโมเดล ดัชนีความเหมาะสมจะมีเพียง SRMR ที่จะมีการปรับสูตรเล็กน้อย เพื่อนำความเบี่ยงเบนของค่าเฉลี่ยมาคำนวณด้วยดังนี้

$$SRMR = \sqrt{\frac{\sum_{i=2}^p \sum_{j=1}^{i-1} (\rho_{ij} - r_{ij})^2 + \sum_{j=1}^p \left(\frac{\mu_i - m_i}{\sigma_i - s_i} \right)^2 + \sum_{j=1}^p \left(\frac{s_j - \sigma_j}{s_j} \right)^2}{\frac{p(p-1)}{2} + p + p}}$$

- ถ้าไม่ได้สนใจความเบี่ยงเบนของค่าเฉลี่ยในดัชนีความเหมาะสม อาจดูค่า SRMR จาก `srmr_mplus_nomean` ในผลลัพธ์จากคำสั่ง `fitMeasures`

```

> mm1 <- '
+ f1 =~ x1 + x5
+ f2 =~ x2 + x3 + x4
+ '
> outmm1 <- cfa(mm1, data=dat, meanstructure=TRUE)
> summary(outmm1)
lavaan 0.6-12 ended normally after 26 iterations

```

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	16
Number of observations	200

Model Test User Model:

Test statistic	19.550
Degrees of freedom	4
P-value (Chi-square)	0.001

Latent Variables:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
f1 =~				
x1	1.000			
x5	0.824	0.261	3.153	0.002
f2 =~				
x2	1.000			
x3	1.126	0.171	6.576	0.000
x4	0.740	0.124	5.969	0.000

Covariances:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
f1 ~~				
f2	0.122	0.031	3.899	0.000

Intercepts:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
.x1	2.225	0.049	45.686	0.000
.x5	2.110	0.046	45.617	0.000
.x2	2.470	0.048	51.001	0.000
.x3	2.050	0.055	37.196	0.000
.x4	2.225	0.048	46.681	0.000
f1	0.000			
f2	0.000			

จุดตัดตัวป่งชี้

ค่าเฉลี่ยของค่าประกอบที่กำหนดให้เป็น 0

Variances:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
.x1	0.359	0.055	6.496	0.000
.x5	0.349	0.045	7.749	0.000
.x2	0.221	0.040	5.546	0.000
.x3	0.293	0.051	5.706	0.000
.x4	0.319	0.038	8.430	0.000
f1	0.116	0.052	2.214	0.027
f2	0.248	0.053	4.677	0.000

แทนที่จะใส่คำสั่ง `meanstructure=TRUE` มาใส่พารามิเตอร์ในโมเดลแทน

```
> mm1a <- '  
+ f1 =~ x1 + x5  
+ f2 =~ x2 + x3 + x4  
+ x1 ~ NA*1  
+ x2 ~ NA*1  
+ x3 ~ NA*1  
+ x4 ~ NA*1  
+ x5 ~ NA*1  
+ f1 ~ 0*1  
+ f2 ~ 0*1  
+ '
```

ประมาณค่าจุดตัดของตัวบ่งชี้

กำหนดให้ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบเท่ากับ 0

```
> outmm1a <- cfa(mm1a, data=dat)  
> summary(outmm1a)
```

lavaan 0.6-12 ended normally after 26 iterations

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	16
Number of observations	200

Model Test User Model:

Test statistic	19.550
Degrees of freedom	4
P-value (Chi-square)	0.001

```

> mm2 <- '
+ f1 =~ x1 + x5
+ f2 =~ x2 + x3 + x4
+ x1 ~ 0*1
+ x2 ~ 0*1
+ x3 ~ NA*1
+ x4 ~ NA*1
+ x5 ~ NA*1
+ f1 ~ NA*1
+ f2 ~ NA*1
+ '
กำหนดจุดตัดของ Marker Variable = 0
ประมาณค่าจุดตัดของตัวบ่งชี้อื่น
ประมาณค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบ
> outmm2 <- cfa(mm2, data=dat)
> summary(outmm2)
lavaan 0.6-12 ended normally after 58 iterations

```

Estimator	ML
Optimization method	NLMINB
Number of model parameters	16
Number of observations	200
Model Test User Model:	
Test statistic	19.550
Degrees of freedom	4
P-value (Chi-square)	0.001

$$E(x_2) = E(v_2 + \lambda_{22}f_2) \quad E(x_3) = E(v_3 + \lambda_{32}f_2)$$

$$m_2 = v_2 + \lambda_{22}\alpha_2 \quad m_3 = v_3 + \lambda_{32}\alpha_2$$

$$m_2 = 0 + (1)\alpha_2 \quad v_3 = m_3 - \lambda_{32}\alpha_2$$

$$\alpha_2 = m_2 \quad v_3 = m_3 - \lambda_{32}m_2$$

Latent Variables:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
f1 =~				
x1	1.000			
x5	0.824	0.261	3.153	0.002
f2 =~				
x2	1.000			
x3	1.126	0.171	6.576	0.000
x4	0.740	0.124	5.969	0.000

Covariances:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
f1 ~~				
f2	0.122	0.031	3.899	0.000

Intercepts:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
.x1	0.000			
.x2	0.000			
.x3	-0.732	0.426	-1.716	0.086
.x4	0.398	0.310	1.287	0.198
.x5	0.277	0.584	0.474	0.635
f1	2.225	0.049	45.686	0.000
f2	2.470	0.048	51.001	0.000

variances:

	Estimate	Std.Err	z-value	P(> z)
.x1	0.359	0.055	6.496	0.000
.x5	0.349	0.045	7.749	0.000
.x2	0.221	0.040	5.546	0.000
.x3	0.293	0.051	5.706	0.000
.x4	0.319	0.038	8.430	0.000
f1	0.116	0.052	2.214	0.027
f2	0.248	0.053	4.677	0.000

ค่าเฉลี่ยขององค์ประกอบคือค่าเฉลี่ยของ Marker Variable

```
> fitmeasures(outmm2)
```

```
      npar      fmin      chisq
16.000    0.049    19.550
      df      pvalue  baseline.chisq
   4.000    0.001    167.092
baseline.df  baseline.pvalue      cfi
10.000      0.000    0.901
      tli      nnfi      rfi
   0.753    0.753    0.707
      nfi      pnfi      ifi
   0.883    0.353    0.905
      rni      logl  unrestricted.logl
   0.901   -981.288   -971.513
      aic      bic      ntotal
1994.576  2047.349    200.000
      bic2      rmsea  rmsea.ci.lower
1996.660    0.139    0.082
rmsea.ci.upper  rmsea.pvalue      rmr
   0.204    0.008    0.023
      rmr_nomean      srmr      srmr_bentler
   0.027    0.049    0.049
srmr_bentler_nomean  crmr      crmr_nomean
   0.056    0.056    0.069
      srmr_mplus  srmr_mplus_nomean  cn_05
   0.049    0.056    98.060
      cn_01      gfi      agfi
136.821    0.997    0.983
      pgfi      mfi      ecvi
   0.199    0.962    0.258
```

SRMR คือ ค่าดัชนีความเหมาะสมปกติ ที่นำค่าเบี่ยงเบนของค่าเฉลี่ยเข้าไปคิดแล้ว

ถ้ามีคำว่า **no_mean** คือจะคิดค่าเบี่ยงเบนเฉพาะความแปรปรวนร่วมและความแปรปรวน

SRMR ปกติ หรือ **mplus** คือใช้ความแปรปรวนจาก **Model-implied covariance** และ **Observed Covariance** ในการ **standardized**

ส่วนที่มีคำว่า **Bentler** คือใช้ **Observed Covariance** ในการ **standardized** เพียงอย่างเดียว

โมเดลค่าเฉลี่ย

- สรุปโมเดล CFA แบบสมบูรณ์ ประมาณค่าทั้งค่าเฉลี่ยและความแปรปรวนร่วม

$$\mathbf{x} = \mathbf{v} + \mathbf{\Lambda}\mathbf{f} + \mathbf{e} \quad \mathbf{f} \sim \text{MVN}(\boldsymbol{\alpha}, \boldsymbol{\Phi}) \quad i.i.d$$

$$\mathbf{e} \sim \text{MVN}(\mathbf{0}, \boldsymbol{\Theta}) \quad i.i.d$$

- หา Model-implied mean vector and covariance matrix

$$\boldsymbol{\mu} = \mathbf{v} + \mathbf{\Lambda}\boldsymbol{\alpha} \quad \boldsymbol{\Sigma} = \mathbf{\Lambda}\boldsymbol{\Phi}\mathbf{\Lambda}' + \boldsymbol{\Theta}$$

- Discrepancy Function ที่ใช้ในการทำ Maximum Likelihood เป็นดังนี้

$$F_{ML} = [\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}]' \boldsymbol{\Sigma}^{-1} [\mathbf{m}_y - \boldsymbol{\mu}] + tr(\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}) - \log|\mathbf{S}\boldsymbol{\Sigma}^{-1}| - p$$