

牛乳の買ったさの構造を探る 3

～ グラフィカルモデリングを利用した因子間構造の探索～

廣野元久* 真柳 麻誉美**

*(株)リコー・CSM 本部計画室信頼性 R&D **女子栄養大学 食品学第一研究室

1. はじめに

研究の初期段階において、十分な先行研究や一般的知見が集積されていない場合は多い。その場合、研究者の主観による研究仮説の立脚と調査実施では、データ自身の偏向が疑われ、主要な要因を測定しそこなう場合も考えられる。一方、これを恐れ、網羅的に調査を行うのも非効率的である。また、データから評価構造を探索する場合にも、先行研究や一般的知見が不十分であれば、モデリングに困難を極め、統計的なサポートすら満足いくものとならない。

昨年度の報告では、これらを回避する調査仮説探索の方法として、レポートリーグリット法に基づくラダリングによる聞き取り調査を位置付けし、個体の多様な評価構造を求め、より客観的に仮説を導出した¹⁾。仮説は、定性調査の知見から効率よく調査設計を行い、定量調査に持ち込むことが出来た。その上で、前述の定性調査での個体結果に基づき、データを探索的因子分析とグラフィカルモデリング(以降 GM)を用いて潜在変数(因子)による評価構造を探索し、構造方程式モデリング(以降 SEM)による検証的因果分析に持ち込めば、半探索的に評価構造の骨格を明らかにできることを示した²⁾。

しかし、評価構造(因子)の骨格を明らかにするまでは比較的スムーズに行えるものの、因子間構造、さらにその因果を同定するには、かなりの試行錯誤が必要で、この段階で頭を悩ませる事は多い。

本研究では、昨年度行った検証的因子分析から因子の因果分析に進む際に、探索的因果分析のツールである GM の併用を提案するものである。ここでは具体的に事例への適用を通して、GM 利用の有用性を検討する。

2. 方法

2.1 データとモデルの概要

官能評価は表 1 に示した代表的な市販乳 12 商品(以下サンプルと記)を対象に、表 2 の要領で実施した。前提とする乳の魅力評価構造は、観測変数 21 変数 8 因子モデルである(図 1)。なお、モデルの適合度は $GFI = 0.934$ 、 $AGFI = 0.905$ 、 $CFI = 0.956$ 、 $RMSEA = 0.062$ であった。

表 1 サンプル

番号	商品名 / 販売者
05	雪印牛乳(牛乳) / 雪印乳業
15	農場牛乳(牛乳) / 小岩井乳業
19	Hello Kitty 牛乳(牛乳) / 農協
21	タカナシ低温殺菌牛乳(牛乳) / 高梨乳業
37	北海道低脂肪乳(部分脱脂乳) / 高梨乳業
39	LOVE(ラブ)(乳飲料) / 明治乳業
44	毎朝おいしいカルシウム(乳飲料) / 森永乳業
54	雪印毎日骨太(乳飲料) / 雪印乳業
62	明治特濃 4.3 牛乳(加工乳) / 明治乳業
76	特別濃厚牛乳 4.5(加工乳) / トモエ乳業
81	雪印無脂肪乳生乳仕立て(加工乳) / 雪印乳業
95	無脂肪乳(乳飲料) / トモエ乳業

表 2 市販乳の官能評価の実施概要

測定方法	絶対評価による 7 段階評点尺度法
実施日	1999.7.30
実施時間	午前と午後 1 回ずつ各パネル 1 日 2 回実施 (1 回 30 分ただし初日のみ 40 分とした。)
実施場所	女子栄養大学 2422 番教室 (10×13M) 十分な間隔を取り設置した個人用机 42 席
回収率	100%



図1 乳の魅力(買ったさ)モデル1

表3 . 推定値 1

数	推定値	数	推定値
V1	<---- F1 0.836	V11	<---- F4 0.673
V2	<---- F1 0.957	V12	<---- F4 0.889
V3	<---- F1 0.910	V13	<---- F5 0.822
V4	<---- F2 0.861	V14	<---- F5 -0.776
V5	<---- F2 0.857	V15	<---- F6 0.813
V6	<---- F2 0.930	V16	<---- F6 0.890
V7	<---- F3 0.875	V17	<---- F6 0.691
V8	<---- F3 0.801	V18	<---- F7 0.884
V9	<---- F3 0.784	V19	<---- F7 0.900
V10	<---- F3 -0.798	V20	<---- F8 0.912
		V21	<---- F8 0.867

表4 . 推定値 2 (因子間相関)

	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8
F1	1.000							
F2	0.766	1.000						
F3	0.086	-0.023	1.000					
F4	0.727	0.562	-0.084	1.000				
F5	0.559	0.452	0.058	0.640	1.000			
F6	-0.071	-0.037	0.063	-0.133	-0.368	1.000		
F7	0.270	0.047	0.311	0.226	0.507	-0.090	1.000	
F8	0.150	0.273	-0.476	0.418	0.119	-0.026	-0.379	1.000

3 . 結果

3.1 SEMの枠組みでの因子間構造の探索

ここでは、ワルド検定を5%水準で用いた。推測統計的にそのパスの母数が0であるか否かを $H_0: \beta_i = 0$ として検定を行い、帰無仮説が採択されれば、パスを消去する。さらに、p値の他、統計検定量、信頼区間等を参考に、実質

科学的に因子間相関を0とみなせるか判断してパスの有無を1本ずつ検討した。

ワルド検定で消去した相関は順に f_{23} , f_{68} , f_{26} , f_{27} , f_{36} , の5つであった。減少法でさらに1本ずつ消去していった各モデルの適合度および、その経過を表5に示す。

表5 因子間相関構造の探索結果

モデル(制約数)	適合度							次モデルでの制約(パス消去)候補				
	χ^2	DF	GFI	AGFI	RMSEA	AIC	BIC	ラベル	推定値	標準誤差	検定統計量	確率
モデル1(0)	967.30	161	0.934	0.905	0.062	1107.30	1682.11	σf_{23}	-0.023	0.0306	-0.766	0.443
モデル2(1)	967.88	162	0.934	0.906	0.062	1105.88	1672.48	σf_{68}	-0.026	0.0316	-0.820	0.412
モデル3(2)	968.55	163	0.934	0.906	0.062	1104.55	1662.94	σf_{26}	-0.030	0.0301	-0.990	0.322
モデル4(3)	969.52	164	0.934	0.907	0.062	1103.52	1653.69	σf_{27}	0.050	0.0293	1.716	0.086
モデル5(4)	972.35	165	0.933	0.907	0.061	1104.35	1646.31	σf_{36}	0.055	0.0284	1.950	0.051
モデル6(5)	976.12	166	0.933	0.907	0.061	1106.12	1639.87	σf_{34}	-0.067	0.0282	-2.357	0.018
モデル7(6)	981.48	167	0.933	0.907	0.061	1109.48	1635.02	σf_{16}	-0.072	0.0289	-2.479	0.013
モデル8(7)	987.51	168	0.933	0.907	0.061	1113.51	1630.83	σf_{67}	-0.084	0.0276	-3.047	0.002
モデル9(8)	996.60	169	0.932	0.907	0.061	1120.60	1629.72	σf_{46}	-0.068	0.0233	-2.932	0.003
モデル10(9)	1005.01	170	0.931	0.907	0.062	1127.01	1627.92	σf_{58}	0.102	0.0318	3.219	0.001
モデル11(10)	1015.30	171	0.931	0.906	0.062	1135.30	1627.99	σf_{18}	0.138	0.0346	3.996	0.000
モデル12(11)	1031.43	172	0.928	0.904	0.062	1149.43	1633.91	σf_{35}	0.139	0.0249	5.565	0.000
モデル13(12)	1059.98	173	0.926	0.901	0.063	1175.98	1652.25	σf_{13}	0.187	0.0239	7.840	0.000
モデル14(13)	1116.36	174	0.923	0.897	0.065	1230.36	1698.42	σf_{28}	0.161	0.0195	8.255	0.000
モデル15(14)	1173.99	175	0.919	0.893	0.066	1285.99	1745.84	σf_{47}	0.244	0.0281	8.657	0.000
モデル16(15)	1236.24	176	0.914	0.887	0.068	1346.24	1797.88	σf_{37}	0.239	0.0265	9.013	0.000
モデル17(16)	1306.03	177	0.91	0.883	0.07	1414.03	1857.45	σf_{17}	0.244	0.0238	10.256	0.000

3.2 GMによる探索的因果分析のアプローチ

本節では、表4 因子間相関行列を元に解析を行う方法と探索経過について述べる。

まず、この表4の因子間相関行列から出発するGMを併用した探索的因果分析のアプローチは以下の手順で行なった³⁾。

共分散選択において変数減少法を使い、偏相関係数の絶対値が0.3よりも小さい偏相関係数を強制的に0とおき、逐次的に双方向の線を切断した。推定された相関係数と標本相関係数の各残差を確認し、絶対値最大の残差の線を接続し直した。直前に接続された線を除き、他の線が切断できるか検討した。変数増減法的な操作を対話的に行い、絶対値最大の残差が適当な大きさになるまで～を繰り返し、最終的な無向独立グラフと偏相関・相関の推定値を求めた(図2&表6)。GMにより推定された相関行列のうち、無相関に近いものを0にし、これをR'とした。R'を使い、強制的に図2と同じ線を持つ無向独立グラフを作成した。残差の変化を調べて、強制的に0とおいた相関が不適切であれば～を繰り返した。以上により、表4の右上三角に表示されている相関係数の推定値の下線部分を強制的に0とおいたR"に基づくSEMを行った。

これにより、表の相関構造と裏の相関構造(偏相関構造)を同時に理解でき、解釈上非常に有益である。そのうえ、一般的知見が乏しくても、非常に短時間で因子間構造を推定することが可能であり、本例では、合計10本の線を切断しても、図1の出発モデルからの乖離はわずかであった。すなわち、モデルの適合度はGFI=0.980, AGFI=0.928, CFI=0.979, RMSEA=0.088であった。なお、本アプローチでは、廣野が開発した対話型量的データのGMソフトG-GMを使用した。

表6 偏相関係数の推定(n=1296)

逸脱度=242.972(df=17) p=0.0000
GFI=0.958 AGFI=0.910 NFI=0.950
SRMR=0.047

	F1	F2	F3	F4	F5	F6	F7	F8
F1	***	0.766	<u>0.086</u>	0.727	0.512	<u>-0.187</u>	0.270	0.212
F2	0.657	***	<u>0.027</u>	0.555	0.329	<u>-0.120</u>	<u>0.047</u>	0.238
F3	0.112	<u>0.000</u>	***	-0.071	<u>0.056</u>	<u>-0.021</u>	0.246	-0.467
F4	0.439	<u>0.001</u>	<u>0.001</u>	***	0.640	-0.234	0.209	0.418
F5	<u>0.001</u>	<u>0.000</u>	<u>0.000</u>	0.441	***	-0.368	0.507	<u>0.086</u>
F6	<u>0.001</u>	<u>0.000</u>	<u>0.000</u>	<u>0.001</u>	-0.256	***	<u>-0.188</u>	<u>-0.030</u>
F7	0.209	-0.202	<u>0.001</u>	<u>-0.001</u>	0.413	<u>-0.001</u>	***	-0.379
F8	<u>0.001</u>	<u>0.001</u>	<u>-0.413</u>	0.368	<u>0.001</u>	<u>0.000</u>	-0.411	***

左下三角:偏相関係数の右上三角は相関係数の推定

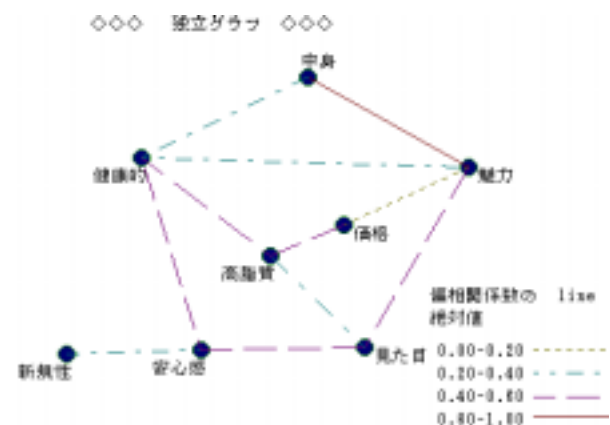


図2 得られた無向独立グラフ(因子名で記述)

次に、図2よりも切断基準を厳しくした(線の多い)無向独立グラフと一般的技術から因子間に以下に示す5つの階層があると想定して、連鎖独立グラフの手順に従い図3(結果をAMOSで描画)を得た。各階層は、b(1)={価格}, b(2)={高脂感}, b(3)={中身, 見た目}, b(4)={新規性, 安心感, 健康的}, b(5)={魅力}である。このモデルの適合度は14本の線・矢線を切断し、GFI=0.968, AGFI=0.919, CFI=0.967, RMSEA=0.094であった。図2のモデルよりは、適合度が落ちるものの比較的よい近似が得られたと思われる。

なお、今回は意図的にパスを多めに切断したが、GM のモデリングにおいて切断ルールを厳しく調節することは可能である。

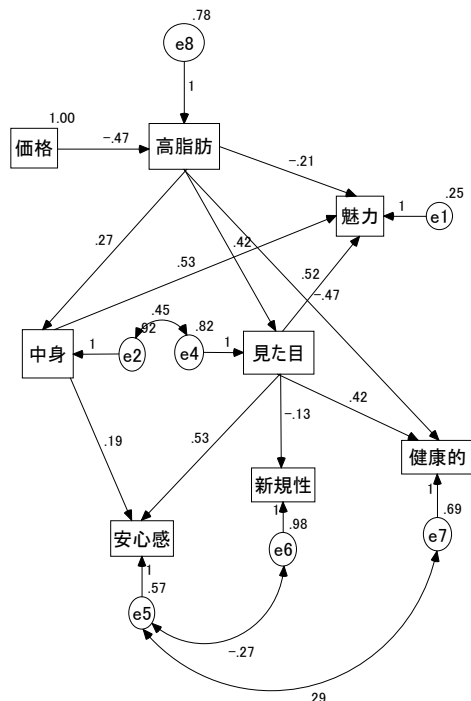


図3 連鎖独立グラフより作成

4. 考察

GM を併用した探索的なアプローチは、因子間の一般的な知見が乏しくても、無向独立グラフを統計的な基本ルールに従い探索することで、非常に短時間で有効な因果モデルの推論ができることが確認できた。その上で、知見をふまえた対話的モデリングも可能であり、今回は、連鎖独立グラフによる、柔軟な因子間構造の探索の可能性も示すことができた。

3.2 節で示したように、因子間相関を推測統計的手続きで変数減少法的にパスを切断するためには、逐次的に再計算を行う必要があり、たとえ多変量ワールド検定が装備されていても、手間が掛かり、柔軟なモデルの探索とはいかない。また、適合の比較的適合の良い GM による因果モデルに到達することはできなかった。

以上より、本事例においては、因子間構造の探索に GM を利用するメリットが認められたと言える。

5. 今後の検討

今回提案したアプローチは、GM を併用した探索的モデリングであるが、事前に主成分分析による対数固有値プロットによる診断を行えば、GM の併用が有効な事例かどうか事前に分かるであろう。さらに、数理的な検討を含め、多数の事例を通して、その有効性について検証してゆきたい。

参考文献

- 1) 真柳麻誉美：牛乳の買いたさの構造を探る1～定性調査による仮説モデルの探索と構築，日本行動計量学会第28回大会発表論文抄録集，119-120, 2000
- 2) 真柳麻誉美, 小島隆矢：牛乳の買いたさの構造を探る2～定量調査によるモデルの検討と解明，日本行動計量学会第28回大会発表論文抄録集，121-122, 2000
- 3) 廣野元久：G-GM & L-GMによるグラフィカルモデリングのすすめ，多変量グラフィカル法の研究報文，2000
- 4) 椿広計：新しい連関分析としてのグラフィカルモデリング，多変量解析研究会7月例会資料，2001
- 5) テクノメトリックス研究会：グラフィカルモデリングの実際，日科技連出版社，1999
- 6) 豊田秀樹：共分散構造分析-構造方程式モデリング-[入門編]，朝倉書店，1998
- 7) 日科技連官能検査委員会：新版官能検査ハンドブック，日科技連出版社，1973
- 8) 古我可一：牛乳のおいしさをめぐる研究，女子栄養大学紀要，pp13-23，1997