

Onderzoek naar erfelijkheid van conservatisme op basis van item response theorie

Wilfried Jonker (s1023705)

Universiteit Twente

Bachelorthese Onderzoeksmethodologie Meetmethoden en Data-Analyse

1e begeleider: Dr. Stéphanie van den Berg

2e begeleider: Msc. Inga Schwabe

3 juni 2013

Summary

In order to determine the inheritance of a psychological trait psychologist often use questionnaire to measure the trait. Based on the responses on the questionnaire a sum score is calculated per individual. Heredity of the trait can be estimated by comparing in which extent monozygotic twin pairs and dizygotic twin pairs score on the questionnaire. A problem with this method is that a portion of the sum score for the trait is random error. Because of this error the comparison between the twin pairs is no longer pure. This impurity in measurement causes in most cases an underestimation of the actual heritability.

In this bachelor thesis a method is used that can correct for the measurement error and is based on item response theory. This method will be used to estimate the heritability of the conservative personality trait. The conservative personality trait can be described as a general preference for traditional and conventional forms of behaviour.

The analysis in this bachelor thesis shows that estimating the heritability of the conservative personality based on item response theory method is 22% higher than the heritability estimated based on sum scores. This result is consistent with the expectation that the estimation of heritability based on sum scores is in most cases an underestimation of the actual heredity.

Samenvatting

Voor het bepalen van de erfelijkheid van een psychologische eigenschap wordt vaak een vragenlijst gebruikt om de eigenschap te meten. Op basis van deze vragenlijst kan per individu een som score worden berekend. Door te onderzoeken in welke mate de monozygote tweelingparen en dizygote tweelingparen gelijk scoren op de vragenlijst kan erfelijkheid vastgesteld worden. Een probleem met deze methode is dat een gedeelte van de score uit meetfout bestaat. Door de meetfout is de vergelijking tussen de tweelingparen niet meer zuiver. Het gevolg van de onzuiverheid is dat erfelijkheid van de eigenschap wordt onderschat.

In deze bachelorthese wordt een methode toegepast op basis van item respons theorie waarmee voor de meetfout gecorrigeerd kan worden. Door correctie voor de meetfout kan er een betere schatting worden gemaakt van de erfelijkheid van de eigenschap. De eigenschap waarop de item respons theorie methode voor het schatten van erfelijkheid in deze bachelorthese wordt toegepast is de conservatieve persoonlijkheidseigenschap. De conservatieve persoonlijkheidseigenschap kan beschreven worden als een algemene voorkeur voor traditionele en conventionele vormen van gedrag.

Uit analyse in deze bachelorthese blijkt dat het schatten van de erfelijkheid van de conservatieve persoonlijkheid op basis van de item response theorie methode 22% hoger is dan de erfelijkheid geschat op basis van som scoren. Dit resultaat komt overeen met de verwachting dat het schatten van erfelijkheid op basis van som scoren in de meeste gevallen een onderschatting is van de daadwerkelijk erfelijkheid.

Inhoud

Summary	1
Samenvatting	2
Inleiding	6
Het meten van psychologisch eigenschappen.....	6
Variantie in psychologische eigenschappen	6
Het schatten erfelijkheid	8
De invloed van meetfout op schatten van erfelijkheid.....	8
Item Response Theorie	9
De conservatieve persoonlijkheid.....	10
De Wilson-Paterson conservatisme schaal	12
Verkorte conservatisme schaal	13
Doel bachelorthese.....	13
Methode	15
Dataset	15
Confirmatieve analyse verkorte conservatisme schaal	15
Data preparatie	15
Toetsing verkorte conservatisme schaal	16
Fit indexen voor het toetsen van de modellen	16
Erfelijkheid conservatieve persoonlijkheidseigenschap	17
Data preparatie	17

Erfelijkheid conservatieve persoonlijkheid op basis van item response theorie	4
Constructie nieuwe verkorte conservatisme schaal	17
Dichotomiseren nieuwe verkorte conservatisme schaal	18
De highest posterior density region interval	18
Gebruikte hard en software	19
Resultaten.....	20
Confirmatieve analyses	20
Betrouwbaarheidsanalyse verkorte conservatisme schaal	20
Constructie nieuwe verkorte conservatisme schaal	21
Item selectie	21
Betrouwbaarheidsanalyse nieuwe verkorte conservatisme schaal.....	21
Dichotomiseren schaal	21
Erfelijkheid van conservatieve persoonlijkheid.....	22
Discussie	23
Aanbeveling toekomstig onderzoek.....	25
Referenties	27
Bijlagen.....	29
Bijlage 1 - Vragenlijst zygositeit	30
Bijlage 2 - Items verkorte conservatisme schaal.....	31
Bijlage 3 - Item karakteristieke curven verkorte conservatisme schaal (GPCM).....	32
Bijlage 4 - Parameters verkorte conservatisme schaal (GPCM).....	35
Bijlage 5 - R script confirmatieve factoranalyse	36

Bijlage 6 - R script confirmatieve MIRT analyse.....	37
Bijlage 7 - SPSS script voor datapreparatie en betrouwbaarheidsanalyses	39
Bijlage 8 - Factor ladingen 5 subschalen model verkorte conservatisme schaal.....	41
Bijlage 9 - Betrouwbaarheidsanalyse verkorte conservatisme schaal	42
Bijlage 10 - Betrouwbaarheidsanalyse nieuwe verkorte conservatisme schaal.....	43
Bijlage 11 - Test dichotomiseren nieuwe verkorte conservatimse-schaal	44
Bijlage 12 - Variantie decompositie som scores methode	46
R Script	46
Jags script.....	48
Bijlage 13 - Variantie decompositie IRT methode	49
R Script	49
Jags script.....	51

Inleiding

Het meten van psychologisch eigenschappen

Psychologen willen vaak psychologische eigenschappen meten om kennis over bepaald gedrag te krijgen en op die manier het gedrag te kunnen verklaren, voorspellen of te beïnvloeden. Het meten van een fysieke eigenschap zoals lengte is relatief simpel. Het meten van een psychologische eigenschap zoals een conservatieve of een extraverte persoonlijkheid is lastiger omdat de eigenschap alleen op een indirect manier gemeten kan worden.

Om een psychologische eigenschap als extraversie te meten kunnen een tiental vragen bedacht worden waarop een extravert persoon bevestigend zal antwoorden en een introvert persoon ontkennend. Door het optellen van het aantal keer dat bevestigend is gereageerd op de vragen kan er een extraversie score worden berekend die van 0 tot 10 loopt. Iemand die 0 scoort is extreem introvert en iemand die een 10 scoort is extreem extravert.

Binnen de klassieke testtheorie (KTT) wordt verondersteld dat de geobserveerde som score is opgebouwd uit twee componenten, de ware score en meetfout. De ware score wordt veroorzaakt door de eigenschap die wordt onderzocht, het fenotype. Meetfout wordt veroorzaakt door toevallige invloeden anders dan de onderzochte eigenschap. Bij de eerder genoemde extraversie vragenlijst kan een gedeelte van de som score worden veroorzaakt door zaken als de stemming van het individu of intelligentie als de vragen op een ingewikkelde manier zijn geformuleerd. De opbouw van de geobserveerde score die bestaat uit de ware score en meetfout wordt vaak op de volgende manier worden weergegeven (Pedhazur & Schmelkin, 1991):

$$\text{Geobserveerde score} = \text{ware score} + \text{meetfout}$$

Variantie in psychologische eigenschappen

Als bij een grote groep mensen de extraversie vragenlijst wordt afgenomen zal blijken dat de geobserveerde som score niet voor iedereen gelijk is. Bepaalde individuen zijn meer introvert en andere individuen zijn meer extravert. Personen variëren in de mate waarin ze de extravert persoonlijkheidseigenschap bezitten. Erfelijkheidsonderzoek houdt zich bezig met de vraag wat de oorzaak is van deze geobserveerde variantie (Eaves, Heath, Martin, Maes, & Neale, 1999).

Globaal gezien kan de geobserveerde variantie in het fenotype verklaard door het genotype en omgeving en is daarmee een beschrijving van het bekende omgeving-aanleg debat. De invloed van het genotype en omgeving op de geobserveerde variantie in het fenotype kan op de volgende manier beschreven worden (Visscher, Hill, & Wray, 2008):

$$\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_E$$

Erfelijkheid kan worden beschreven als de fractie van de variantie in het fenotype dat kan worden verklaard door het genotype. Dit wordt erfelijkheid in de brede zin genoemd en kan op de volgende manier worden beschreven:

$$H^2 = \sigma^2_G / \sigma^2_F$$

De geobserveerde variantie die het genotype kan verklaren kan verder worden onderverdeeld in additieve (σ^2_A), dominante (σ^2_D) en epi statische (σ^2_I) genetische effecten (Visscher et al., 2008). De drie invloeden op de variantie in het genotype kan als volgt worden beschreven:

$$\sigma^2_G = \sigma^2_A + \sigma^2_D + \sigma^2_I$$

Naast erfelijkheid in de brede zin kan er over erfelijkheid in de nauwe zin worden gesproken. Erfelijkheid in de nauwe zin gaat over fractie in de geobserveerde variantie die verklaart kan worden door het additief genetische component op het fenotype. Dit kan als volgt worden beschreven:

$$h^2 = \sigma^2_A / \sigma^2_F$$

Erfelijkheid in de nauwe wordt in het algemeen als de belangrijkste vorm gezien omdat natuurlijke selectie afhankelijk is van additief genetische variantie (Wray & Visscher, 2008). Bovendien worden gelijkenissen tussen familieleden voornamelijk veroorzaakt door additieve genetische variantie (Hill, Goddard, & Visscher, 2008). In deze bachelorthese wordt met erfelijkheid ook erfelijkheid in de nauwe zin bedoeld. Erfelijkheid kan formeel worden beschreven als de proportie variantie in een eigenschap die verklaard kan worden door additief genetische verschillen tussen individuen in de onderzochte populatie (van den Berg, Glas, & Boomsma, 2007; Visscher et al., 2008).

Naast de invloed van additieve genetische verschillen op de geobserveerde variantie wordt in de deze bachelorthese ook de invloed van de unieke omgeving op de geobserveerde

variantie geschat. Met unieke omgeving worden de factoren bedoeld die leden binnen een familie verschillend maken zoals vrienden, docent en prenatale invloeden (Derlega, Winstead, & Jones, 1999, pp. 66-100). Het schatten van de invloed additief genetisch effecten en unieke omgeving op de geobserveerde variantie wordt het EA-model genoemd. De E staat voor unieke omgeving en de A staat voor het additief genetisch component. Het additief genetische component wordt weergegeven met h^2 en unieke omgeving wordt weergegeven met e^2 .

Het schatten erfelijkheid

Het schatten van erfelijkheid kan door te onderzoeken in welke mate monozygote (MZ) en dizygote (DZ) tweelingen gelijk aan elkaar zijn. Dit kan bijvoorbeeld gedaan worden door te kijken in welke mate de som scoren van MZ tweelingparen correleren in vergelijking tot DZ tweelingparen. Het vergelijken van MZ en DZ tweelingen is op twee principes gebaseerd. De eerste is de observatie dat het genotype van MZ tweelingparen een correlatie van 1.0 heeft. Het genotype van DZ tweelingparen heeft een correlatie van .5 (Visscher et al., 2008). Daarnaast wordt er van uitgegaan dat omgeving de zelfde invloed heeft op MZ en DZ tweelingen. Wanneer wordt geobserveerd dat MZ tweelingen meer gelijk zijn dan DZ tweelingen kan worden veronderstelt dat de oorzaak hiervan in het genotype ligt. Er zijn verschillende modellen om op basis van deze gegevens erfelijkheid te schatten. In dit onderzoek wordt het model gebruikt dat wordt beschreven door van den Berg et al. (2007, p. 609).

De invloed van meetfout op schatten van erfelijkheid

Tot nu toe is de invloed van meetfout op de geobserveerde score behandeld en dat erfelijkheid de fractie van de totale geobserveerde variantie is die kan worden verklaard door het additief genetische component. Wanneer een instrument meetfout bevat betekent dit dat een gedeelte van de geobserveerde variantie niet wordt veroorzaakt door de eigenschap die wordt onderzocht maar door andere toevallig invloeden. Het gevolg is dat naast omgeving en genotype er een derde invloed is op de geobserveerde variantie, namelijk meetfout. Wanneer een groot gedeelte van de geobserveerde variantie wordt veroorzaakt door meetfout heeft dit tot gevolg dat de invloed van het additief genetische component op de geobserveerde variantie wordt onderschat. Van den berg et al.(2007) beschrijft een methode op basis van Item Response Theorie (IRT) en Bayesiaanse statistiek waarmee voor de invloed van meetfout kan

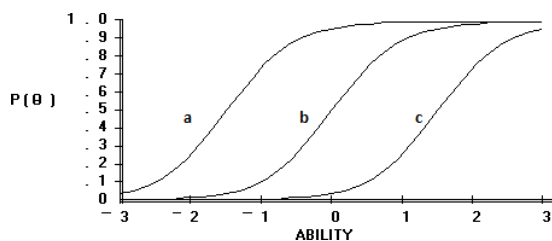
worden gecorrigeerd. Door het toepassen van de IRT methode kan er een betere schatting worden gemaakt van de daadwerkelijke erfelijkheid van de onderzochte eigenschap.

Item Response Theorie

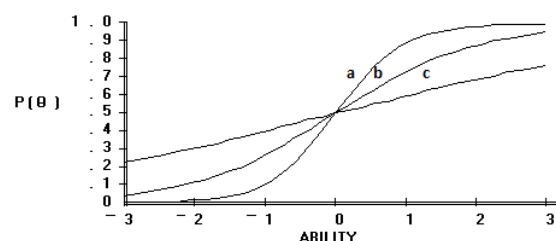
IRT onderscheidt zich van KTT door zowel de items als het fenotype, binnen het IRT model latente trek genoemd, van de individuen te modelleren. De mate waarin een individu een latente trek bezit, zoals extraversie of een conservatieve persoonlijkheid, is weergegeven met de latente variabele Θ_j . Naast een parameter voor elk individu heeft ook elk item zijn eigen parameters. Het 2PL model is een bekend IRT model en bevat twee parameters om een item te modelleren. De parameter β_i beschrijft de kans waarop het aannemelijker wordt dat een individuen bevestigend dan wel ontkennend op een item reageert. Daarnaast is er een discriminatie parameter α_i die aangeeft in welke mate β_i goed onderscheid kan maken tussen de twee antwoord categorieën. Het model met deze twee parameters kan als volgt worden beschreven (Birnbaum, 1968):

$$P_{ij}(\Theta_j) = \frac{e^{\alpha_i(\Theta_j - \beta_i)}}{1 + e^{\alpha_i(\Theta_j - \beta_i)}}$$

$P_{ij}(\Theta_j)$ geeft de kans weer dat individu j bevestigend dan wel ontkennend reageert op item i gegeven de waarde van zijn latente trek Θ_j . De functie van $P_{ij}(\Theta_j)$ kan worden weergegeven in de item karakteristieke curve (IKC) afgebeeld in figuur 1 (Henard, 2000). Figuur 1A geeft de invloed van de parameter β_i op de IKC en figuur 1B geeft de invloed van



A. De invloed van parameter β_i op de IKC. Items die onderscheid kunnen maken tussen individuen die laag (a) midden (b) en hoog (c) scores op een latente trek.



B. De invloed van parameter α_i op de IKC. Items met hoog (a) midden (b) en laag (c) discriminerend vermogen.

Figuur 1. De item karakteristieke curve

de discriminatie parameter α_i op de IKC. Er zijn verschillende variaties mogelijk op het hierboven beschreven IRT model.

Een eerste variatie is het aantal parameters dat wordt gebruikt voor het modelleren van een item. Naast het 2PL model is er het 1PL model waarbij de discriminatie parameter α_i voor elk item gelijk is. Daarnaast wordt er vaak een model beschreven waarbij een a priori kans is gemodelleerd om in één van de twee antwoord categorieën te vallen. Dit wordt het 3PL model genoemd.

Een tweede type variatie is de schaal waarvoor het IRT model geschikt is. De beschreven 1, 2 en 3PL modellen zijn geschikt voor dichotome schalen. Er zijn ook IRT modellen die geschikt zijn voor schalen met polytome data. Tot slot kan het IRT model worden uitgebreid zodat meer dan één dimensie kan worden gemodelleerd. Dit wordt Multidimensionale Item Response Theorie (MIRT) genoemd.

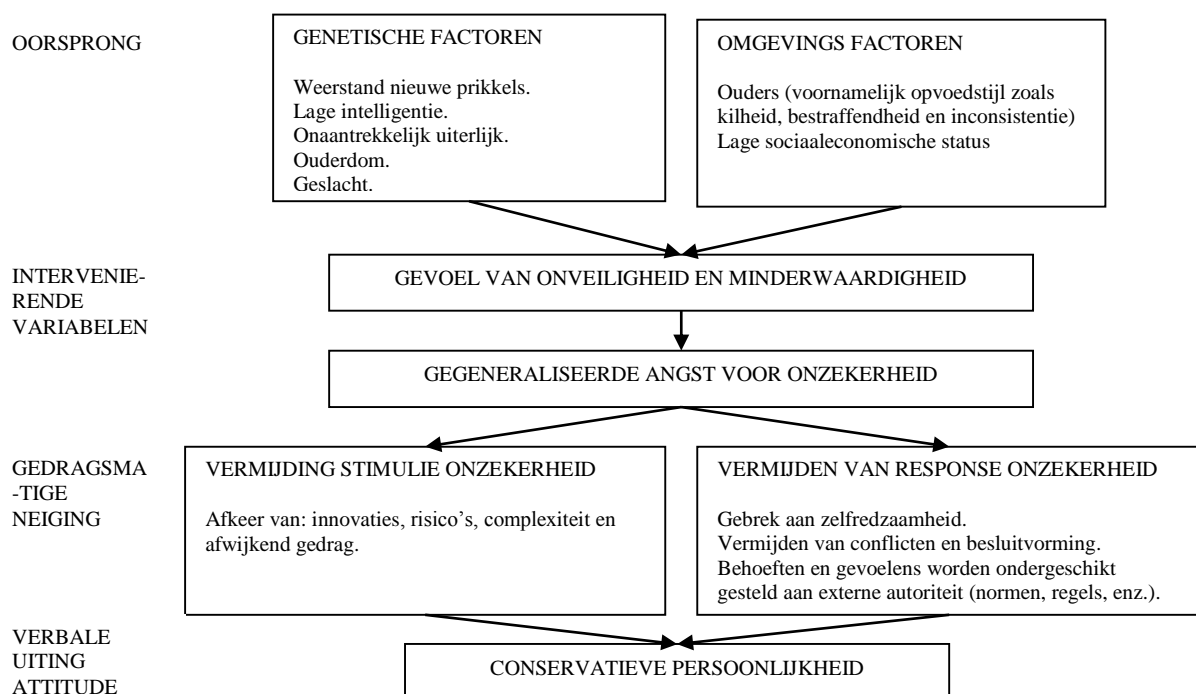
Erfelijkheid op basis van IRT kan geschat worden door te schatten wel gedeelte van de variantie in de Θ_j 's verklaard kan worden door additief genetisch effecten en welk gedeelte door unieke omgeving. De waarden van Θ_j 's kunnen worden vastgesteld nadat de parameters van het IRT model zijn vastgesteld. Een probleem is dat bij deze methode de Θ_j 's net als som scoren onderhevig zijn aan de invloed van meetfout (van den Berg et al., 2007, p. 607). Om de invloed van meetfout te minimaliseren moeten zowel de parameters van het model als de Θ_j 's tegelijk geschat worden. Dit is reken technisch complex. Van den Berg et al. (2007) beschrijft een methode waarbij de IRT model parameters en de Θ_j 's waarden tegelijk geschat worden door het toepassen van een Bayesiaanse kansmodel. De IRT methode met behulp van Bayesiaanse statistiek wordt in deze bachelorthese gebruikt om te schatten in welke maten de conservatieve persoonlijkheidseigenschap erfelijk is.

De conservatieve persoonlijkheid

Conservatisme heeft in het dagelijkse taalgebruik verschillende betekenissen maar meestal wordt er iemand zijn politieke voorkeur mee beschreven. Pedhazur en Schmelkin (1991, p. 80) beschrijven daarnaast nog conservatisme als temperament, situationeel conservatisme en conservatisme als filosofie. Deze bachelorthese wordt conservatisme als persoonlijkheidseigenschap onderzocht. De concrete operationalisatie van conservatisme in dit onderzoek is gebaseerd op onderzoek dat eind jaren 60 tot begin jaren 80 is uitgevoerd door Wilson en Paterson (Glenn Wilson, 1973; Glenn Wilson & Paterson, 1984; Glenn Wilson & Patterson, 1968). Wilson en Paterson beschrijven de conservatieve persoonlijkheid

als een individu met een algemene weerstand tegen verandering en een voorkeur voor conventionele en ‘veilige’ vormen van gedrag en machtsverdeling (Glenn Wilson, 1973, p. 259). Met machtsverdeling bedoelen Wilson en Paterson de manier waarop staatsinrichting en religieuze autoriteit is georganiseerd.

Glenn Wilson (1973) veronderstelt verschillende oorzaken die ten grondslag liggen aan de conservatieve persoonlijkheid. De verschillende invloeden worden weergegeven in figuur 2. Het model van Wilson veronderstelt dat de oorsprong van de conservatieve persoonlijkheid kan worden gevonden in genetische en omgevingsinvloeden. Onder genetische invloeden verstaat Wilson onder andere een gevoelig zenuwstelsel, ouderdom en geslacht. Onder omgevingsinvloeden verstaat Wilson zaken als opvoeding en sociale klasse. Wanneer genetische oorzaken zoals hoge gevoeligheid wordt gecombineerd met omgevingsinvloeden zoals een strenge opvoedingsstijl kan volgens het model van Wilson een algemeen gevoel van onveiligheid en minderwaardigheid ontstaan. Dit algemene gevoel van onveiligheid en minderwaardigheid uit zich volgens Wilson vervolgens in een algemene angst voor onzekerheid. Angst voor onzekerheid ligt in het model van Wilson ten grondslag aan de conservatieve persoonlijkheidseigenschap.



Figuur 2 Psychologische antecedenten conservatieve persoonlijkheid (Glenn Wilson, 1973, p. 261)

De Wilson-Paterson conservatisme schaal

Om te meten in welke mate een individu de conservatieve persoonlijkheidseigenschap bezit ontwikkelen Wilson en Paterson in 1968 de conservatisme schaal (c-schaal). Wilson en Paterson ontwikkelen de c-schaal uit onvrede over de psychometrische eigenschappen van de f-schaal. De f-schaal is een schaal die op dat moment veel gebruikt wordt voor het meten van de conservatieve persoonlijkheid (Adorno, Frenkel-Brunswik, Levinson, & Sanford, 1950). Wilson en Paterson vinden dat de vragen van de f-schaal ambigu en moeilijk zijn geformuleerd¹. Het gevolg is volgens Wilson en Paterson dat de reacties op items sterk afhangt van de cognitieve verwerkingsprocessen van de respondenten. Hierdoor heeft volgens Wilson en Paterson de f-schaal een laag voorspellend vermogen. Dit probleem willen Wilson en Paterson oplossen in de c-schaal door het gebruik catch-phrases². Het idee van Wilson en Paterson is dat gedrag voornamelijk wordt veroorzaakt door een affectief component. Met behulp van de catch-phrases willen Wilson en Paterson de reacties van dit affectieve component meten. De mogelijke reacties op de catch-phrases is “Yes” indien het item van toepassing is op het individu, “No” wanneer het item niet van toepassing is op het individu en “?” wanneer de respondent onzeker is welke reactie hij wil geven op het item.

Voor het maken van de items van de c-schaal stellen Wilson en Paterson zeven domeinen vast die zij typerend achtten voor individuen met een conservatieve persoonlijkheid. De domeinen zijn 1) religieus fundamentalisme, 2) rechtse politieke oriëntatie, 3) voorkeur voor strikte regels en straf, 4) intolerantie van minderheidsgroepen, 5) voorkeur voor conventionele kunst, kleding en instituten, 6) antihedonisme, 7) achterdocht en weerstand tegen moderne wetenschap (Glenn Wilson & Patterson, 1968). Op basis van deze zeven domeinen bedenken Wilson en Paterson 150 items. Van de 150 items worden uiteindelijk 50 items geselecteerd op basis van drie opvolgende item analyses.

Het doel van de schaal is het meten van een unidimensionaal liberalisme-conservatisme construct. In later onderzoek vindt Wilson vier subschalen in de 50 items van de c-schaal (Glenn Wilson, 1973, p. 91):

¹ Vraag 28 van de F-Schaal is: “Nowadays when so many different kinds of people move around and mix together so much, a person has to protect himself especially carefully against catching an infection or disease from them” en wordt beantwoord op een 6 punt likert schaal lopend van “Sterk mee oneens” tot “Sterk mee eens”.

² Vraag 28 van de F-Schaal kan in de c-schaal terug gevonden worden als “Striptease shows” of “Birth control” en moet beantwoord worden met “Yes”, “No” of “?” wanneer de respondent onzeker is

1. Militarisme en bestraffendheid (12 items).
2. Antihedonisme (12 items).
3. Etnocentrisme en intolerantie (12 items).
4. Religie en puritanisme (12 items).

Verkorte conservatisme schaal

In de deze bachelorthese wordt de verkorte conservatisme schaal (vc-schaal) van Lindon Eaves et al. (1999) gebruikt (bijlage 2). De vc-schaal is gebaseerd op de c-schaal van Wilson en Paterson maar bevat slechts 28 items. De meeste items op de vc-schaal zijn afkomstig van de c-schaal. Daarnaast hebben Lindon Eaves et al. (1999) enkele items toegevoegd.

Analyse van de vc-schaal door Lindon Eaves et al. (1999, p. 65) toont een hoge item-totaal correlaties tussen de 28 items. De hoge item-totaal correlaties suggereren volgens Lindon Eaves et al. (1999) dat de vc-schaal een algemeen unidimensionaal liberalisme-conservatisme construct meet. Met behulp van factoranalyse op basis van oblique rotatie zijn de volgende vijf subschalen in 24 van de in totaal 28 items gevonden:

1. Seksualiteit (8 items).
2. Economisch liberalisme (5 items).
3. Militarisme (5 items).
4. Politieke voorkeur (2 items).
5. Religieus fundamentalisme (3 items).

Doel bachelorthese

Het doel van dit onderzoek is het schatten van erfelijkheid van conservatisme met behulp van de op IRT gebaseerde methode beschreven door van den Berg et al. (2007). Daarnaast wordt getoetst of het vijf subschalen model van de vc-schaal gevonden door Lindon Eaves et al. (1999) van toepassing is op de data die gebruikt wordt in dit onderzoek.

Het toetsen van het vijf subschalen model wordt gedaan behulp van confirmatieve factor analyse (CFA) en confirmatieve multidimensionale item response theorie (CMIRT). Het model wordt met CFA getoetst omdat het originele vijf subschalen is gevonden met behulp van KTT factoranalyse. CMIRT is een methode waarmee multidimensionale modellen, zoals de vijf subschalen, getoetst kan worden op basis van IRT. Naast het vijf

subschalen model wordt een unidimensionaal model getoetst. Het unidimensionale model bestaat uit de 24 items die toebehoren aan één van de originele vijf subschalen van de vc-schaal. De reden om naast het vijf subschalen model ook een alternatief model te toetsen waarbij alle items één schaal vormen is dat Glenn Wilson (1973) veronderstelt dat de reactie op de items veroorzaakt wordt door één onderliggend conservatisme construct. Het is daarom interessant om te onderzoeken of de geobserveerde data beter past bij het vijf subschalen model of bij een unidimensionaal model.

Het schatten van erfelijkheid wordt gedaan op basis van het 1PL IRT model in combinatie met Bayesiaanse statistiek. Door het toepassen van de Bayesiaanse statistiek kunnen de model parameters en de score van de individuen op de latente conservatisme trek tegelijk geschat worden. Voor het schatten van de conservatieve persoonlijkheid wordt een nieuwe verkorte conservatisme schaal (nc-schaal) geconstrueerd door items te selecteren van de vc-schaal. Item selectie is nodig omdat het belangrijk is dat de schaal die gebruikt wordt in combinatie met de IRT methode voor het schatten van erfelijkheid unidimensionaal is en de items goed functioneren in het IRT model. Omdat het 1PL model enkel geschikt is voor dichotome data moet de schaal gedichotomiseerd worden. Erfelijkheid wordt ook op basis van som scores geschat. Zowel op basis van de nc-schaal als de vc-schaal. Op deze manier kan de worden getoetst in hoeverre de vc-schaal en nc-schaal afwijkende schatting geven voor erfelijkheid. Daarnaast kan erfelijkheidsschatting van de nc-schaal op basis van som scores worden vergeleken met de erfelijkheidsschatting van de nc-schaal op basis van de IRT methode.

Methodie

Dataset

De dataset die gebruikt wordt in deze bachelorthese is afkomstig van de Virginia 30K sample waarbij de “health and life-style survey for twins” enquête is afgenomen (L. Eaves et al., 1999; Hatemi et al., 2009). Onderdeel van de “health and life-style survey for twins” enquête is de vc-schaal. De dataset die wordt gebruikt bestaat uit monozygote (MZ) en dizygote (DZ) tweelingenparen en in sommige gevallen de vader en/of moeder van de tweelingenparen.

Zygositeit van de tweelingen is vastgesteld op basis van twee vragen die gepercipieerde gelijkheid meet (Bijlage 1). Met de vragenlijst is het in 95% van gevallen mogelijk om zygositeit correct vast te stellen (Lindon Eaves et al., 1999).

Confirmatieve analyse verkorte conservatisme schaal

Data preparatie

Voor de CFA en CMIRT analyses worden alleen volledige cases gebruikt. Cellen met geen waarde krijgen in SPSS een 9. In R worden de cellen met 9 gehercodeerd naar “missende waarde” en vervolgens listwise verwijderd. Na het listwise verwijderen van rijen met missende waarden blijven 12315 van 14390 originele cases over. Positief geformuleerde items van de vc-schaal (items 1, 9, 10, 16, 17, 18, 20, 21, 23, 25 en 28) worden omgeschaald in SPSS. Zowel de data van de ouders als de tweelingen wordt gebruikt. Bijlage 7 bevat het SPSS script voor data preparatie.

Tabel 1
Respondenten Health and Life-Style Survey for Twins

	Man	Vrouw	Totaal	Leeftijd
Dizygote tweelingen	n = 2611	n = 3885	n = 6496	$\bar{x} = 50, s^2 = 18$
Monozygote tweelingen	n = 1624	n = 3908	n = 5532	$\bar{x} = 51, s^2 = 18$
Ouders	n = 914	n = 1448	n = 2362	$\bar{x} = 60, s^2 = 11$
Totaal	n = 5149	n = 9241	n = 14390	$\bar{x} = 52, s^2 = 18$

Toetsing verkorte conservatisme schaal

Het toetsen van de modellen wordt gedaan met behulp van CFA en CMIRT. Er worden twee modellen getoetst. Het originele vijf subschalen model (Lindon Eaves et al., 1999) en een model waarbij de 24 items die toebehoren aan één van de originele vijf subschalen van het vc-schaal één dimensie vormen. De modellen worden met CFA en CMIRT getoetst op basis van oblique rotatie. Wanneer oblique rotatie niet werkt wordt geprobeerd of er op basis van orthogonale rotatie een oplossing kan worden gevonden.

De CFA analyse wordt uitgevoerd met de cfa library in R (Funke, Mair, von Eye, & Harloff, 2013). Bijlage 5 bevat het script dat bij de cfa analyse hoort. De CMIRT analyse wordt uitgevoerd met de mirt library in R (Chalmers, 2013). De CMIRT analyse is uitgevoerd op basis van het generalized partial credit model (GPCM) IRT model (Muraki, 1992). Het GPCM model is een IRT model dat geschikt is voor de polytome data van de vc-schaal. Het GPCM model bevat parameters waarmee zowel de moeilijkheidsparameter β_i als ook de discriminatieparameter α_i van een item kan worden gemodelleerd. Bijlage 6 bevat het script voor het uitvoeren van de CMIRT analyse.

Fit indexen voor het toetsen van de modellen

Voor het toetsen van de modellen met behulp van CFA en CMIRT worden de Root Mean Square Error of Approximation (RMSEA) en Tucker-Lewis Index (TLI) fit index gebruikt. De RMSEA index is gebaseerd op de X^2 index. De X^2 index wordt veel gebruikt voor het toetsen van modellen maar heeft als nadeel dat het wordt beïnvloed door de grootte van de gebruikte steekproef. Bij een grootte steekproef is de X^2 waarde snel significant. Hierdoor bestaat de kans dat de nul hypothese, dat het model niet goed passend is bij de gegeven data, onterecht wordt verworpen. De zogenaamde fout van de eerste soort. De RMSEA index voorkomt dit door informatie over het aantal parameters en steekproefgrootte te gebruiken. De kans op een fout van de eerste soort is daardoor kleiner (Newsom, 2005). De waarde van de RMSEA index ligt tussen de 0 en 1. Een waarde kleiner dan .07 geeft aan dat het getoetste model redelijk past bij de data en een waarde kleiner dan .03 geeft aan dat het getoetste model zeer goed past bij de gegeven data (Hooper, Coughlan, & Mullen, 2008).

De TLI index vergelijkt de X^2 waarde van het model dat wordt getoetst met de X^2 waarde van een zogenaamd nul model. Het nul model van de TLI index veronderstelt dat de gemeten variabelen op geen enkele manier met elkaar samenhangen. Op basis van de TLI

index kan worden onderzocht in welke mate het model dat wordt getoetst beter past bij de gegeven data dan het nul model. De waarde van TLI index ligt tussen de 0 en 1. Een waarde groter dan .95 geeft aan dat het getoetste model duidelijk beter past dan het nul model. Meer achtergrond informatie over de gekozen indexen en bijpassende drempelwaarden kan gevonden worden in Hooper et al. (2008), Newsom (2005) en Kenny (2011)

Erfelijkheid conservatieve persoonlijkheidseigenschap

Data preparatie

Voor het schatten van erfelijkheid wordt dezelfde data preparatie in SPSS gedaan als voor de confirmatieve analyses. Positief geformuleerde items van de vc-schaal (items 1, 9, 10, 16, 17, 18, 20, 21, 23, 25 en 28) worden omgeschaald in SPSS en de cellen met geen waarde krijgen in SPSS een 9. Op basis van deze data preparatie worden twee nieuwe datafiles gemaakt. Een datafile waarin elke rij een DZ tweelingpaar representeert en een datafile waarin elke rij een MZ tweelingpaar representeert.

Bij het vaststellen van erfelijkheid op basis van som scoren worden rijen met missen waarden listwise verwijderd. Na listwise verwijderen blijven van 3248 DZ tweelingparen 2171 tweelingparen over. Bij de MZ tweelingparen blijven na het listwise verwijderen 1843 van de 2766 tweelingparen over.

Bij erfelijkheid op basis van IRT worden rijen met missende waarden niet listwise verwijderd. Dit komt omdat het IRT model ook in staat is de Θ_j van een individu te schatten wanneer niet alle items zijn beantwoord. Voor het schatten van erfelijkheid wordt het 1PL model gebruikt. Om deze reden wordt voor de IRT analyse de nc-schaal gedichotomiseerd.

Constructie nieuwe verkorte conservatisme schaal

Om erfelijkheid van conservatisme vast te stellen op basis van het IRT model dat wordt gebruikt moet de schaal unidimensionaal zijn. Daarnaast zijn de items voor de c-schaal en vc-schaal gevalideerd en gekozen op basis van methoden uit de KTT. Om deze reden kan er verwacht worden dat niet alle 28 items goed functioneren binnen het IRT model. Om deze redenen wordt er een nieuwe verkorte conservatisme schaal (nc-schaal) geconstrueerd.

Om vast te stellen in welke mate verschillende items samenhangen, en daarmee unidimensionaliteit impliceren, wordt gekeken naar de item-totaal correlaties van de 28 items. Items met een item-totaal correlatie lager dan .20 worden niet gebruikt voor de nc-schaal.

Deze drempel waarde is gekozen omdat Nunnally (2010, p. 306) aangeeft dat waarden lager dan .20 betekent dat het item zeer zwak samenhangt met de rest van de schaal.

Om items te selecteren die goed binnen het IRT model functioneren wordt er gekeken naar de discriminatie parameter α_i . Als drempel waarde voor α_i wordt $> .65$ gekozen. In de literatuur worden items met een discriminatie parameter $\alpha_i > .65$ beschreven als items met een redelijk tot goed discriminerend vermogen (Baker, 2001; Thorpe & Favia, 2012, p. 6). Items die niet aan één van de twee bovenstaande criteria voldoen worden niet meegenomen in de nc-schaal.

Dichotomiseren nieuwe verkorte conservatisme schaal

Voor variantie decompositie wordt in dit onderzoek gebruik gemaakt van het 1PL model. Eerder is beschreven dat het 1PL model alleen geschikt is voor dichotome data. De nc-schaal en vc-schaal bevat echter polytome data met de drie antwoord categorieën “Yes”, “No” en “?”. Om deze reden wordt voor variantie decompositie op basis van IRT de nc-schaal gedichotomiseerd.

De instructies bij de c-schaal is om “?” enkel te gebruiken wanneer de respondent onzeker is (Pedhazur & Schmelkin, 1991). Wilson en Paterson stellen dat ze de “?” categorie hebben toegevoegd om te voorkomen dat de respondenten gefrustreerd raken omdat ze een stelling verplicht met “Yes” of “No” moeten beantwoorden (Glenn Wilson & Patterson, 1968). Om deze reden lijkt het logisch om de “?” om te schalen naar missend. Twee andere opties zijn om de “?” om te schalen naar een “yes” of een “no”. Voordat een keuze wordt gemaakt voor de methode van omschalen wordt onderzocht welke vorm van omschalen som scores produceert die het sterkst samenhangen met de som scores van de nc-schaal gebaseerd op de polytome data. Bijlage 11 bevat het script dat is gebruikt voor deze analyse.

De highest posterior density region interval

Naast de geschatte fractie van erfelijkheid en de geschatte fractie van unieke omgeving wordt ook de zogenaamde “highest posterior density region” (HPD) 95% interval voor erfelijkheid en unieke omgeving weergegeven in de resultaten tabel. De HPD is de Bayesiaanse vorm van de in de KTT bekende betrouwbaarheidsinterval. Een 95% HPD interval van .63 - .67 voor erfelijkheid mag worden geïnterpreteerd als dat er met 95%

zekerheid geconcludeerd kan worden dat de daadwerkelijke erfelijkheidscoëfficiënt tussen de .63 - .67 ligt (Hyndman, 1996) .

Gebruikte hard en software

De meeste analyses worden uitgevoerd in R. R is een opensource implementatie van de S programmeertaal voor statistische analyses. De analyses die gebruikt worden zijn gescript. De scripts zijn opgenomen in de bijlagen.

Het scripts voor de CMIRT analyse kan alleen worden uitgevoerd in de 64 bits versie van R. De reden hiervoor is dat er een substantiële hoeveelheid (virtueel) geheugen nodig is om de analyse uit te voeren. De 32 bits versie van R kan een theoretisch maximum van 4 gigabyte lokaliseren³. Dit is te weinig voor de CMIRT analyse. Vanwege de benodigde rekenkracht voor de IRT analyses wordt er een RStudio Server⁴ op basis van Debian Linux geconfigureerd.

³ Meer informatie over het geheugen gebruik van R onder verschillende besturingssystemen kan gevonden worden op: http://cran.r-project.org/bin/windows/base/rw-FAQ.html#There-seems-to-be-a-limit-on-the-memory-it-uses_0021

⁴ Informatie over RStudio server: http://www.rstudio.com/ide/docs/server/getting_started

Resultaten

Confirmatieve analyses

Het toetsen van het vijf subschalen model van Lindon Eaves et al. (1999) gaf in cfa problemen. Daarom is er voor gekozen om het vijf subschalen model in cfa op basis van orthogonale rotatie uit te voeren. Het één dimensionele model is in cfa uitgevoerd op basis van oblique rotatie. De TLI index voor het vijf subschalen model is .58, de RMSEA index is .08. De TLI index voor het unidimensionele model is .58, de RMSEA is .08.

Bij de CMIRT analyse is de TLI waarde voor het vijf subschalen model .07, de RMSEA waarde is .05. Voor het unidimensionele model is de TLI waarde .06 en de RMSEA waarde .05. Tabel 2 geeft een overzicht. Bijlage 8 geeft een overzicht van de factor ladingen op de 5 dimensies op basis van CMIRT analyse.

Betrouwbaarheidsanalyse verkorte conservatisme schaal

De cronbachs α voor de 28 items van de vc-schaal is .71. De item-totaal correlaties liggen tussen de -.27 en .58 met een gemiddelde van .24. De cronbachs α als item verwijderd is liggen tussen de .68 en .74 met een gemiddelde van .70. Bijlage 7 bevat het SPSS script dat is gebruikt voor deze analyse. Bijlage 9 bevat de resultaten van de betrouwbaarheidsanalyse.

Tabel 2

Index waarden van model toetsen

Model	Dimensies	TLI	RMSEA
CFA-1	Unidimensionaal	.42	.10
CFA-5	Subschalen:	.58	.08
	1. Seksualiteit (2, 3, 4, 5, 11, 13, 14, 22)		
	2. Economische liberalisme (6, 7, 12, 15, 16)		
	3. Militarisme (1, 9, 10, 19, 21)		
	4. Religieus fundamentalisme (17, 18, 20, 25)		
	5. Politieke voorkeur (8, 23)		
MIRT-1	Unidimensionaal	.05	.05
MIRT-5	Subschalen:	.07	.05
	1. Seksualiteit (2, 3, 4, 5, 11, 13, 14, 22)		
	2. Economische liberalisme (6, 7, 12, 15, 16)		
	3. Militarisme (1, 9, 10, 19, 21)		
	4. Religieus fundamentalisme (17, 18, 20, 25)		
	5. Politieke voorkeur (8, 23)		

Constructie nieuwe verkorte conservatisme schaal

Item selectie

In de methoden is besproken dat items met een item-totaal correlatie lager dan .20 niet gebruikt worden voor de nc-schaal. Items met een item-totaal correlatie lager dan .20 zijn: 2, 6, 9, 12, 16, 17, 20, 21, 23 en 28 (Bijlage 9).

Naast de item-totaal correlaties is er ook gekeken naar de discriminatie parameters α_i . De drempelwaarde is $> .65$. Items met een α_i waarde lager dan .65 zijn 1, 2, 3, 6, 7, 9, 10, 12, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 23, 26 en 28. Bijlage 4 bevat de GPCM parameters voor de 28 items van de vc-schaal.

Wanneer items met een item-totaal correlatie lager dan .20 en een discriminatie parameter α_i lager dan .65 worden verwijderd blijven de volgende 10 items over die de nc-schaal vormen: 4, 5, 8, 11, 13, 14, 22, 24, 25, 27.

Betrouwbaarheidsanalyse nieuwe verkorte conservatisme schaal

De correlatie tussen de som scoren van de vc-schaal en nc-schaal is $r(12315)=.87$, $p < .01$. De cronbachs α voor de 10 items van de nc-schaal is .77. De item-totaal correlaties liggen tussen de .28 en .60 met een gemiddelde van .44. De cronbachs α als item verwijderd is liggen tussen de .73 en .77 met een gemiddelde van .75. Bijlage 10 bevat de resultaten van de betrouwbaarheidsanalyse voor de nc-schaal.

Dichotomiseren schaal

Antwoord categorie “?” als missend heeft een correlatie van $r(14443)=.96$, $p < .01$. met de originele som scoren. Antwoord categorie “?” als “Yes” correleert $r(14443)=.91$, $p < .01$. met de originele som scoren en “?” als “No” correleert $r(14443)=.84$, $p < .01$ met de originele som scoren. Voor het schatten van erfelijkheid op basis van IRT wordt er gekozen om de “?” om te schalen naar missend omdat deze methode som scoren produceert die het sterkst samenhangt met de originele som scoren van de nc-schaal. Het script waarmee de analyse is uitgevoerd is opgenomen in bijlage 11.

Erfelijkheid van conservatieve persoonlijkheid

Van de geobserveerde variantie op de vc-schaal op basis van som scores kan 65% verklaard worden door additief genetische verschillen tussen individuen. 35% van de geobserveerde variantie kan verklaard worden door verschillen in unieke omgeving. Van de geobserveerde variantie op de nc-schaal op basis van som scores kan 61% verklaard worden door additief genetische verschillen tussen individuen. 39% van de geobserveerde variantie kan verklaard worden door verschillen in unieke omgeving. De geobserveerde variantie binnen het IRT model kan voor 86% verklaard worden door additief genetisch verschillen tussen individuen. 14% van de geobserveerde variantie in het IRT model kan verklaard worden door unieke omgeving. De resultaten staan in tabel 3. Het script voor de analyse op basis van som scores is opgenomen in bijlage 12. Het script voor de analyse op basis van IRT is opgenomen in bijlage 13.

Tabel 3 Erfelijkheid Conservatieve Persoonlijkheid

Schaal	ρ_{mz}	ρ_{dz}	h^2	h^2 HPD (95%)	e^2	e^2 HPD (95%)
vc-schaal – som scores	.64	.40	.65	.63 - .67	.35	.33 - .37
nc-schaal – som scores	.63	.41	.64	.62 - .66	.36	.34 - .38
nc-schaal – IRT	-	-	.86	.84 - .88	.14	.12 - .16

Discussie

In de inleiding is besproken dat als gevolg van meetfout erfelijkheid vaak wordt onderschat. Om de invloed van meetfout op het schatten van erfelijkheid te minimaliseren is er in deze bachelorthese gekozen om erfelijkheid te schatten op basis van een IRT model beschreven door van den Berg et al. (2007). De resultaten van het erfelijkheidsonderzoek zijn opgenomen in tabel 3 en komen overeen met de verwachting dat erfelijkheid op basis van het IRT model hoger uitvalt dan op basis van som scores.

Voor het schatten van erfelijkheid op basis van IRT is de nc-schaal ontwikkeld. De betrouwbaarheidsanalyse voor de nc-schaal geeft een hoge cronbachs α en de 10 items hebben goede item-totaal correlaties. Ook correleren de som scores van de vc-schaal en nc-schaal sterk. Daarnaast is in tabel 3 te zien dat, op basis van som scores, de 95% HPD van de nc-schaal en vc-schaal elkaar overlappen. Deze gegevens lijken erop te duiden dat de nc-schaal het zelfde unidimensionele construct meet als de vc-schaal. Dit betekent niet dat er zonder meer geconcludeerd kan worden dat de nc-schaal een valide instrument is voor het meten van conservatisme. De belangrijkste reden hiervoor is dat de 10 items zijn geselecteerd op basis van de psychometrisch eigenschappen van de items, zo als de discriminatie parameters α_i en item-totaal correlaties. Er is niet onderzocht in welke mate de 10 geselecteerde items representatief zijn voor de 28 items van de vc-schaal. Er is dan ook onvoldoende bewijs voor inhoudsvaliditeit van de nc-schaal.

Een andere beperking van het erfelijkheidsonderzoek is dat het gebruikte 1PL model alleen geschikt is voor dichotome data. Dit heeft tot gevolg gehad dat de polytome data van de nc-schaal gedichotomiseerd moest worden. Hierdoor is bij het schatten van erfelijkheid op basis van de IRT methode niet alle informatie gebruikt die de originele dataset bezat. Het is aannemelijk dat dit invloed heeft gehad op de geobserveerde variantie, en daarmee op het schatten van de fracties voor erfelijkheid en unieke omgeving. Daarnaast vormt het een bias bij het vergelijken van erfelijkheid op basis van som scores en het IRT model. Bij het schatten van erfelijkheid op basis van som scores is wel de polytome data van de dataset gebruikt.

Naast het schatten van erfelijkheid zijn er twee modellen getoetst. Het originele vijf subschalen model van Lindon Eaves et al. (1999) en een model waarbij de 24 items toebehorend aan één van de 5 vijf subschalen van de vc-schaal één schaal vormen. De resultaten van deze analyse zijn opgenomen in tabel 2. Wat opvalt in tabel 2 zijn de extreem

lage waarde voor de TLI index bij de CMIRT analyses. De reden hiervoor kan zijn dat de gebruikte TLI index niet geschikt is voor het toetsen van IRT modellen. Lee en Cai (2012) beschrijven dat binnen het IRT model het X^2 nul model vaak geen goede vergelijking is tegenover de X^2 waarde van het getoetste model. Zij stellen een alternatieve TLI index voor, de Tucker Lewis Item Response Theorie (TLIRT) index. De TLIRT index is gebaseerd op de zelfde aannames als het de TLI index maar vervangt de X^2 voor de M_2 statistiek. De reden hiervoor is dat volgens Lee en Cai (2012) de M_2 statistiek beter functioneert binnen het IRT model. Daarnaast is er geen verschil in de RMSEA waarde op basis van de CMIRT analyse tussen het vijf subschalen model en het unidimensionele model. De reden hiervoor is waarschijnlijk dat als er echt vijf subschalen zijn te identificeren in de vc-schaal, deze subschalen sterk samenhangen.

Een ander opvallend fenomeen dat naar voren kwam bij de betrouwbaarheidsanalyse van de vc-schaal is dat de items 16 en 19 negatieve item-totaal correlaties hebben. De meest voor de hand liggende oorzaak hiervan is dat het omschalen van de items niet goed is gebeurd. Zoals in bijlage 7 is te zien is dit wel gebeurd. De positief geformuleerde items zijn omgeschaald. De reden waarom item 16 en 19 een negatieve item-totaal correlatie hebben is onbekend.

In dit onderzoek zijn genotype en (unieke) omgeving behandeld als twee gescheiden invloeden op het tot uiting komen van het fenotype. Ook het model van Wilson en Paterson (figuur 1) maakt een duidelijk onderscheid tussen invloeden van omgeving en genotype. In de praktijk is dit onderscheid onnatuurlijk en doet het tekort aan de complexe interactie waarop omgeving en genotype elkaar beïnvloeden. Neale en Maes (2004) beschrijven verschillende manieren waarop omgeving en genotype elkaar beïnvloeden.

Als eerst correleren genotype en omgeving vaak met elkaar. Jencks (1972) beschrijft een voorbeeld dat hij correlatie tussen potentie en educatie noemt. Individuen met genen welke hun meer potentie geven tot een "succesvol leven" dan gemiddeld groeien vaak ook op in een stimulerende omgeving. Dit komt omdat de ouders zowel verantwoordelijk zijn voor het genotype van een kind alsook de omgeving waar het kind in opgroeit. Een andere vorm waarin omgeving en genotype correleren is dat een individu vaak een omgeving creëert, en reacties oproept, welke gedeeltelijk veroorzaakt worden door zijn genotype.

Daarnaast kunnen genotype en omgeving ook interacteren. Genotype-omgeving interactie beschrijft het effect dat een gelijke omgeving voor individuen met verschillende genotype niet tot de zelfde fenotype hoeft te leiden. Een voorbeeld hiervan is de ziekte van

Crohn. Bepaalde mutaties maken een individuen meer gevoelig voor deze ziekte, maar de kans dat de ziekte tot uiting komt wordt beïnvloed door omgevingsfactoren zoals overmatige hygiëne, stres en roken (Baumgart & Carding, 2007; Mawdsley & Rampton, 2005).

Een andere beperking is dat het EA-model een belangrijk invloed op de geobserveerde variantie mist. Dit is de invloed van gedeelde omgeving. Gedeelde omgeving zijn de invloeden die er voorzorgen dat leden binnen een familie op elkaar lijken. In het EA-model gaat de variantie die verklaart kan worden gedeelde omgeving voornamelijk in de variantie zitten die verklaart kan worden door additief genetische invloeden (McAdams, 2009).

Aanbeveling toekomstig onderzoek

Voor toekomstig onderzoek naar erfelijkheid van conservatisme kunnen concreet drie aanbevelingen worden gedaan. De eerste gaat over het gebruikt IRT model, de tweede over de gebruikte nc-schaal en tot slot een opmerking over het gebruikte EA-model.

Zoals eerder is aangegeven is erfelijkheid geschat op basis van het 1PL model. Het gevolg is dat de nc-schaal gedichotomiseerd is voor de het schatten van erfelijkheid op basis van IRT. Bij het dichotomiseren is een gedeelte van de data niet gebruikt. In deze bachelorthese is niet onderzocht wat het gevolg is van het dichotomiseren van de nc-schaal. Wel is het aannemelijk dat het invloed heeft op het schatten van erfelijkheid van de conservatieve persoonlijkheid. Het is daarom belangrijk dat in toekomstig onderzoek naar erfelijkheid op basis van IRT een model wordt gebruikt dat geschikt is voor de polytome “Yes”, “No” en “?” data van de c-schaal. Het schatten van erfelijkheid op basis van som scoren is dan ook beter te vergelijken met het schatten van erfelijkheid op basis van de IRT methode.

Daarnaast is er in dit onderzoek weinig aandacht geweest voor validatie van de nc-schaal. Het construeren van de nc-schaal is gebeurd op basis van minimale voorwaarden, namelijk door selectie op basis van de item totaal correlaties van de items en de α_i van de items. Er is niet onderzocht in welke mate de 10 items van de nc-schaal representatief zijn voor de originele 28 items van de vc-schaal. Hierdoor is niet met zekerheid te zeggen of de nc-schaal wel hetzelfde construct als de vc-schaal meet. Ook is het gebruik van de discriminatie parameter α_i niet voldoende om te concluderen of een item goed functioneert binnen het IRT model. Er zijn geschikt item fit statistieken waarmee dit getoetst kan worden.

Een andere beperking van het huidige onderzoek is het EA-model. De geobserveerde variantie wordt met het EA-model verklaart door twee invloeden. Additief genetisch effecten

en unieke omgeving. In toekomstig onderzoek is het nuttig om naast de twee eerder genoemde invloeden te onderzoeken in welke mate gedeelde omgeving de geobserveerde variantie kan verklaren.

Referenties

- Adorno, Theodor, Frenkel-Brunswik, Else, Levinson, Daniel, & Sanford, Nevitt. (1950). *The authoritarian personality*: New York: Harper and Row.
- Baker, Frank. (2001). *The basics of item response theory*: ERIC.
- Baumgart, Daniel, & Carding, Simon. (2007). Inflammatory bowel disease: cause and immunobiology. *The Lancet*, 369(9573), 1627-1640.
- Birnbaum, Allan. (1968). Some latent trait models and their use in inferring an examinee's ability. *Statistical theories of mental test scores*.
- Chalmers, Phil. (2013). Multidimensional Item Response Theory. <http://cran.r-project.org/web/packages/mirt/mirt.pdf>
- Derlega, Valerian, Winstead, Barbara, & Jones, Warren. (1999). *Personality: Contemporary theory and research* (2 ed.): Nelson-Hall, Inc.
- Eaves, Lindon, Heath, Andrew, Martin, Nicholas, Maes, Hermine, & Neale, Michael. (1999). Comparing the biological and cultural inheritance of personality and social attitudes in the Virginia 30 000 study of twins and their relatives. *Twin Research*, 2(2), 62-80.
- Funke, Stefan, Mair, Patrick, von Eye, Alexander, & Harloff, Joachim (2013). Analysis of configuration frequencies (CFA). <http://cran.r-project.org/web/packages/cfa/cfa.pdf>
- Hatemi, Peter, Funk, Carolyn, Medland, Sarah, Maes, Hermine, Silberg, Judy, Martin, Nicholas, & Eaves, Lindon. (2009). Genetic and environmental transmission of political attitudes over a life time. *Journal of Politics*, 71(3), 1141-1156.
- Henard, David. (2000). Item response theory. *Reading and understanding more multivariate statistics*, 2, 67-97.
- Hill, William, Goddard, Michael, & Visscher, Peter. (2008). Data and theory point to mainly additive genetic variance for complex traits. *PLoS Genetics*, 4(2), e1000008.
- Hooper, Daire, Coughlan, Jospeh, & Mullen, Michael. (2008). Structural Equation Modelling: Guidelines for Determining Model Fit. *The Electronic Journal of Business Research Methods*, 6(1), 53-60.
- Hyndman, Rob. (1996). Computing and graphing highest density regions. *The American Statistician*, 50(2), 120-126.
- Jencks, Christopher. (1972). *Inequality: A reassessment of the effect of family and schooling in America*: Basic Books.
- Kenny, David. (2011). Measuring model fit. *Unpublished manuscript*.
- Lee, Taehun, & Cai, Li. (2012). A Note on a Tucker-Lewis-Index for Item Response Theory Models. Los Angeles: University of California.
- Mawdsley, JE, & Rampton, DS. (2005). Psychological stress in IBD: new insights into pathogenic and therapeutic implications. *Gut*, 54(10), 1481-1491.
- McAdams, Dan. (2009). *The person: An introduction to the science of personality psychology*: Wiley Hoboken, NJ.
- Muraki, Eiji. (1992). A generalized partial credit model: Application of an EM algorithm. *Applied psychological measurement*, 16(2), 159-176.
- Neale, Michael, & Maes, Hermine (2004). *Methodology for Genetic Studies of Twins and Families*. Dordrecht: Kluwer Academic Publishers B.V.
- Newsom, Jason. (2005). Some clarifications and recommendations on fit indices. Retrieved December, 15, 2008.
- Nunnally, Jum C. (2010). *Psychometric Theory 3E*: Tata McGraw-Hill Education.

- Pedhazur, Elazar, & Schmelkin, Liora Pedhazur. (1991). *Measurement, design, and analysis: An integrated approach*: Psychology Press.
- Thorpe, Geoffrey, & Favia, Andrej. (2012). *Data Analysis Using Item Response Theory Methodology: An Introduction to Selected Programs and Applications*.
- van den Berg, Stéphanie, Glas, Cees, & Boomsma, Dorret. (2007). Variance decomposition using an IRT measurement model. *Behavior Genetics*, 37(4), 604-616.
- Visscher, Peter, Hill, William, & Wray, Naomi. (2008). Heritability in the genomics era - concepts and misconceptions. *Nature Reviews Genetics*, 9(4), 255-266.
- Wilson, Glenn. (1973). *The Psychology of Conservatism*. London: Academic Press London and New York.
- Wilson, Glenn , & Paterson, John. (1984). This week's citation Clasic: A new measure of conservatism. *Current Contents*, 29.
- Wilson, Glenn, & Patterson, John. (1968). A new measure of conservatism. *British Journal of Social & Clinical Psychology*.
- Wray, Naomi, & Visscher, Peter. (2008). Estimating trait heritability. *Nature Education*, 1(1), 1-16.

Bijlagen

Bijlage 1 - Vragenlijst zygositeit

Gebruikte Items Voor Vaststellen Zygositeit Tweelingen

1. As children, were you and your twin mistaken by people who knew you?

- (1)___ Frequently
- (2)___ Sometimes
- (3)___ Rarely

2. Non-identical twins are no more alike than ordinary brothers and sisters. Identical twins, on the other hand, have such a strong resemblance to each other in stature, coloring, facial features, etc., that people often mistake one for the other, or say they are 'as alike as two peas in a pod'.

Having read the above statement, do you think you are:

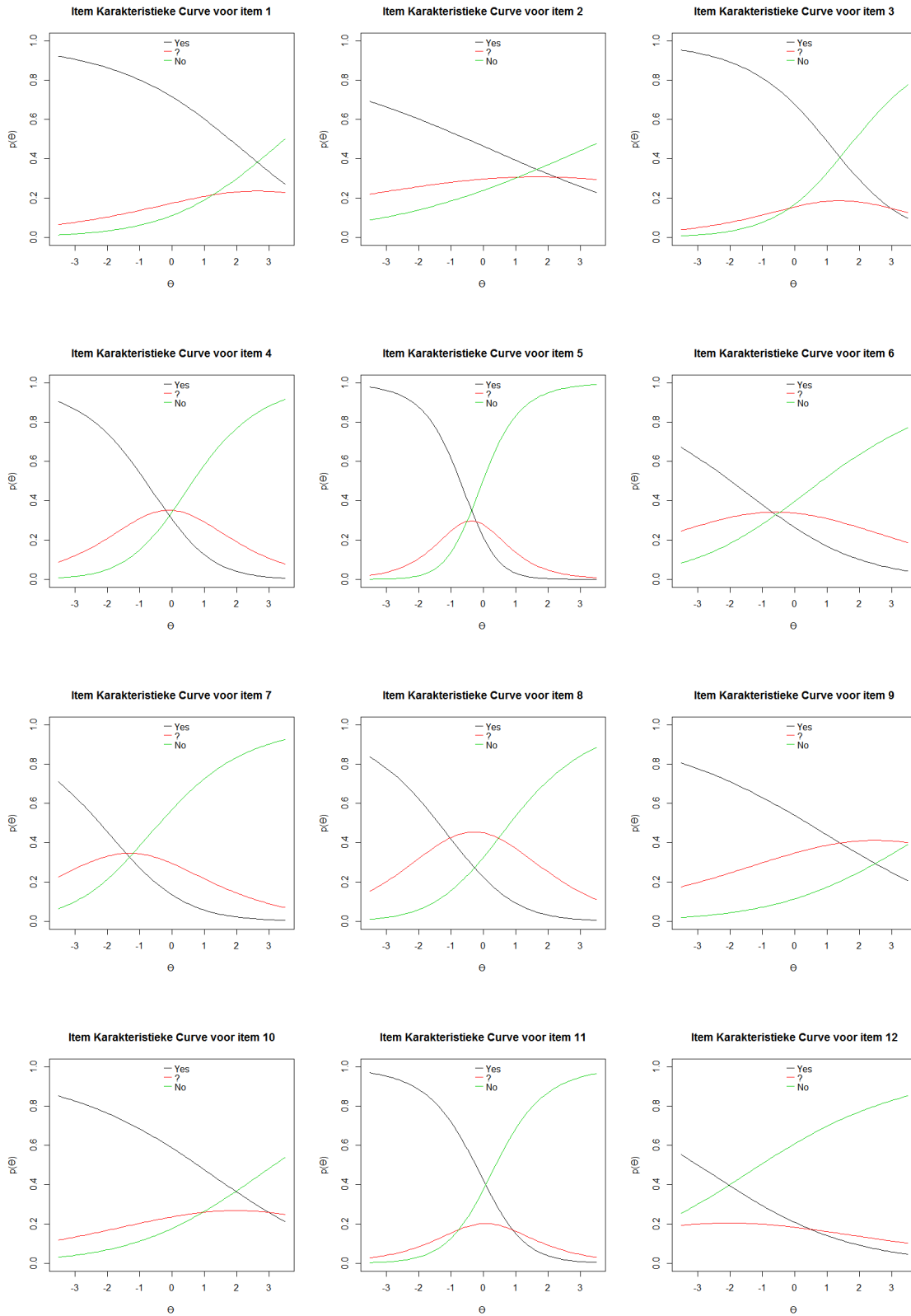
- (1)___ An identical twin
 - (2)___ A non-identical twin
-

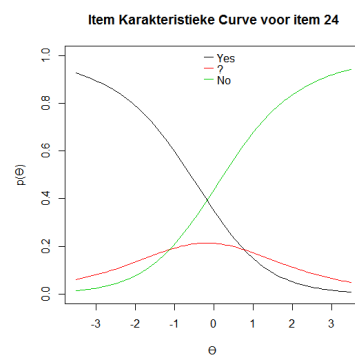
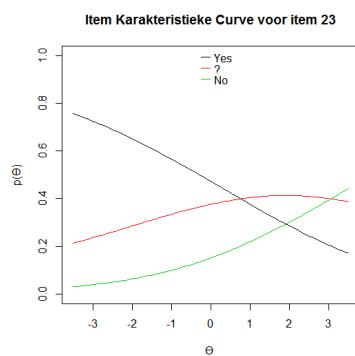
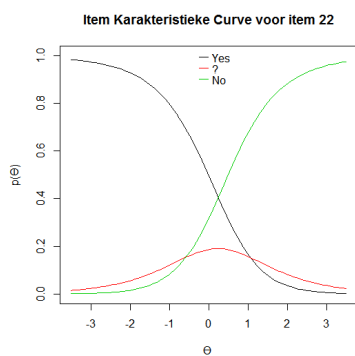
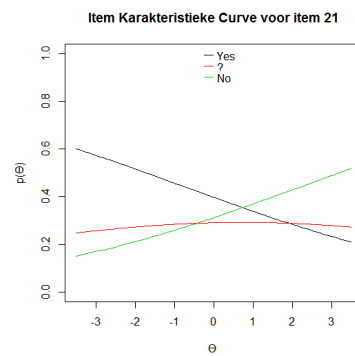
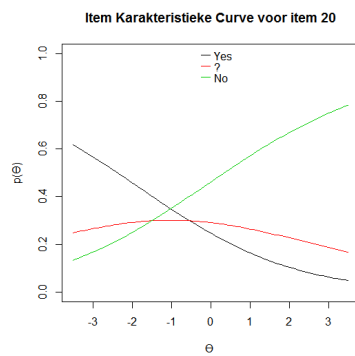
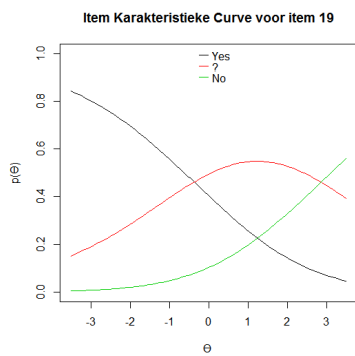
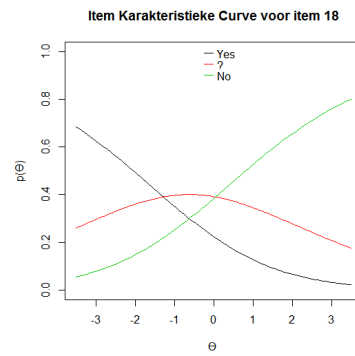
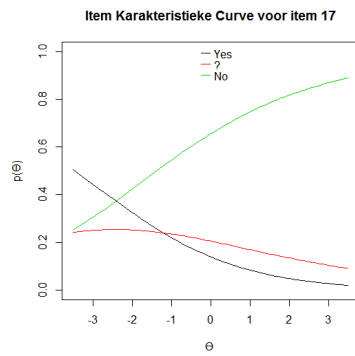
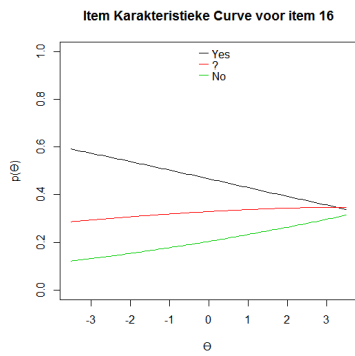
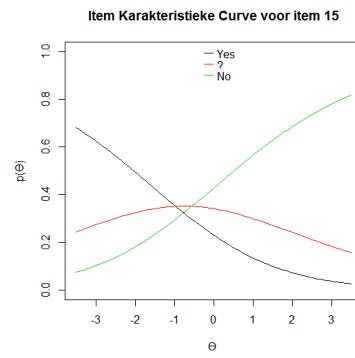
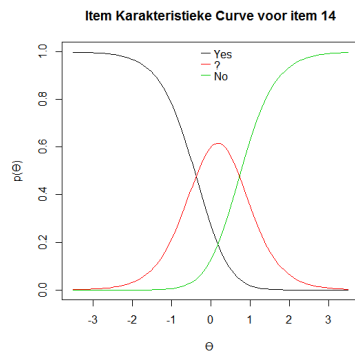
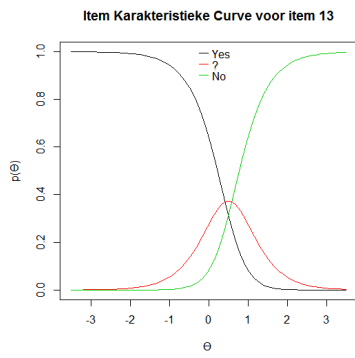
Bijlage 2 - Items verkorte conservatisme schaal

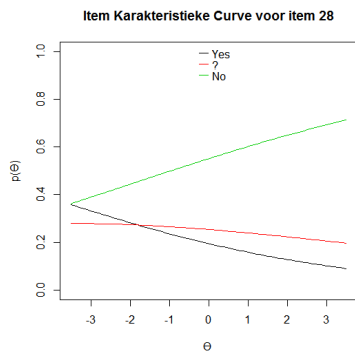
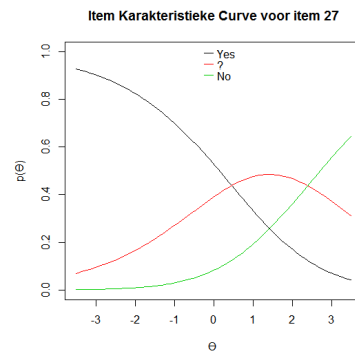
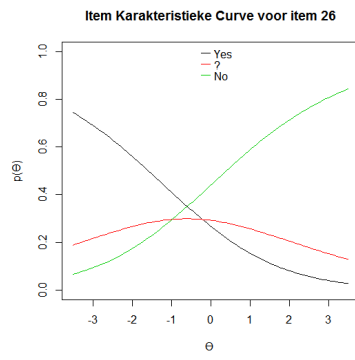
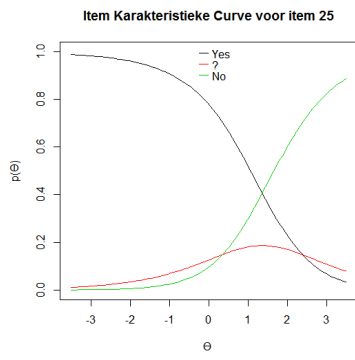
Item	Conservatism	Primary
1. Death penalty	+	Mil
2. Astrology	-	Sex
3. X-rated movies	-	Sex
4. Modern art	-	Sex
5. Women's liberation	-	Sex
6. Foreign aid	-	Tax
7. Federal housing	-	Tax
8. Democrats	-	Pol
9. Military drill	+	Mil
10. The draft	+	Mil
11. Abortion	-	Sex
12. Property tax	-	Tax
13. Gay rights	-	Sex
14. Liberals	-	Sex
15. Immigration	-	Tax
16. Capitalism	+	Tax
17. Segregation	+	Rel
18. Moral majority	+	Rel
19. Pacificism	-	Mil(-) Rel (-)
20. Censorship	+	Rel
21. Nuclear power	+	Mil
22. Living together	-	Sex
23. Republicans	+	Pol(-)
24. Divorce	-	
25. School prayer	+	Rel
26. Unions	-	
27. Socialism	-	
28. Busing	+	

Opmerking: Respondent wordt gevraagd om aan te geven of ze het eens dan wel oneens zijn door het omcirkelen van "Yes" of "No", of wanneer onzeker dit aan te geven met "?". De "+" geeft aan dat het item is geformuleerd in bevestigende vorm van de conservatieve persoonlijkheid.

Bijlage 3 - Item karakteristieke curven verkorte conservatisme schaal (GPCM)







Bijlage 4 - Parameters verkorte conservatisme schaal (GPCM)

	β_1	β_2	α
Item 1	4.01	1.27	.35
Item 2	2.25	1.09	.20
Item 3	2.98	-.17	.50
Item 4	-.20	.03	.70
Item 5	-.22	-.50	1.20
Item 6	-.68	-.46	.36
Item 7	-1.42	-1.20	.55
Item 8	-1.02	.47	.69
Item 9	1.42	3.58	.31
Item 10	3.00	.96	.30
Item 11	.91	-.76	.81
Item 12	.49	-4.54	.26
Item 13	.42	.59	2.03
Item 14	-.37	.73	2.11
Item 15	-.96	-.56	.41
Item 16	3.26	4.48	.11
Item 17	-1.20	-3.61	.32
Item 18	-1.28	.05	.44
Item 19	-.37	2.86	.55
Item 20	-.54	-1.49	.31
Item 21	1.92	-.43	.16
Item 22	1.07	-.58	.92
Item 23	.77	3.07	.30
Item 24	.78	-1.12	.64
Item 25	2.39	.35	.77
Item 26	-.22	-.98	.42
Item 27	.46	2.39	.65
Item 28	-1.80	-5.27	.15

Bijlage 5 - R script confirmatieve factoranalyse

```
##Conservatisme schaal - cfa
#Packages
library(foreign)
library(ggplot2)
library(psych)
library(lavaan)
library(qgraph)

setwd("/home/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/Misc/")

#Data halen uit spss file, columnen 2 t/m 29 selecteren
#De waarden 9 vervangen voor NA. En de NAs listwise verwijderen
cons.spss <- read.spss('conservatism-Omgeschaald.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
cons.sel <- cons.spss[,2:29]
cons.sel [cons.sel == "9"] <- NA
cons.sel <- na.omit(cons.sel)

#De drie modellen die we willen testen
cons.model.1 <- 'Uni =~ ATT1+ATT2+ATT3+ATT4+ATT5+ATT6+ATT7+ATT8+
ATT9+ATT10+ATT11+ATT12+ATT13+ATT14+ATT15+ATT16+ATT17+ATT18+
ATT19+ATT20+ATT21+ATT22+ATT23+ATT25'

cons.model.5 <- 'Sex =~ ATT2+ATT3+ATT4+ATT5+ATT11+ATT13+ATT14+ATT22
Tax =~ ATT6+ATT7+ATT12+ATT15+ATT16
Mil =~ ATT1+ATT9+ATT10+ATT21
Rel =~ ATT17+ATT18+ATT19+ATT20+ATT25
Pol =~ ATT8+ATT23'

#De modellen met cfa berekenen
cons.cfa.1 <- cfa(cons.model.1, data=cons.sel)
cons.cfa.5 <- cfa(cons.model.5, data=cons.sel, orthogonal=TRUE, se="boot")
```

Bijlage 6 - R script confirmatieve MIRT analyse

```
##Conservatisme schaal - mirt
#Packages
library(foreign)
library(mirt)
library(psych)
library(qgraph)
library(parallel)

setwd("/home/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/Misc/")

#Start tijd van script
cons.start <- Sys.time()

#Data halen uit spss file, columnen 2 t/m 29 selecteren
#De waarden 9 vervangen voor NA. En de NAs listwise verwijderen
#Van dataframe matrix maken omdat dit geheugen bespaart (en soms sneller
is)
cons.spss <- read.spss('conservatism-Omgeschaald.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
cons.sel <- cons.spss[,2:29]
cons.sel [cons.sel == "9"] <- NA
cons.sel <- na.omit(cons.sel)
cons.sel <- data.matrix(cons.sel)

#De drie modellen die we willen toetsen
cons.model.1m <- 'Uni =
1,2,3,4,5,6,7,8,9,10,11,12,13,14,15,16,17,18,19,20,21,22,23,25'

cons.model.5m <- 'Sex = 2,3,4,5,11,13,14,22
Tax = 6,7,12,15,16
Mil = 1,9,10,19,21
Rel = 17,18,20,25
Pol = 8,23'

#Modellen in format zetten die confmirt() kan uitlezen
cons.model.1m <- confmirt.model(cons.model.1m)
cons.model.5m <- confmirt.model(cons.model.5m)

#Gebruik maken van alle beschikbare cores, voor berekenen log-likelihood
#Bij teveel belasting kan ook handmatig het aantal te gebruiken cores
worden geconfigureerd, b.v. 2
#ipv detectCores(). detectCores()-1 is bijvoorbeeld ook mogelijk
cl <- makeCluster(detectCores())
cons.mirt.1 <- confmirt(cons.sel, cons.model.1m, itemtype = "gpcm", cl=cl)
cons.mirt.5 <- confmirt(cons.sel, cons.model.5m, itemtype = "gpcm", cl=cl)
stopCluster(cl)

#RMSEA en M2 waarde berekenen
M2.gpcm.f1 <- fitIndices(cons.gpcm.f1)
M2.gpcm.f5 <- fitIndices(cons.gpcm.f5)

#Eindtijd noteren van script
cons.end <- Sys.time()

#Totale runtime van het script
cons.runtime <- cons.end - cons.start
```

```
#Opruimen alle niet meer relevante variabelen  
rm(cl, cons.end, cons.start, cons.sel)
```

Bijlage 7 - SPSS script voor datapreparatie en betrouwbaarheidsanalyses

```

DATASET ACTIVATE DataSet1.
/* Structureren data */

RECODE
SEX ATT1 ATT2 ATT3 ATT4 ATT5 ATT6 ATT7 ATT8 ATT9 ATT10 ATT11 ATT12 ATT13
ATT14 ATT15 ATT16 ATT17 ATT18 ATT19 ATT20 ATT21 ATT22 ATT23 ATT24 ATT25
ATT26 ATT27 ATT28 FAM1 ZYG AGE id1
(MISSING=9) .

MISSING VALUES
SEX ATT1 ATT2 ATT3 ATT4 ATT5 ATT6 ATT7 ATT8 ATT9 ATT10 ATT11 ATT12 ATT13
ATT14 ATT15 ATT16 ATT17 ATT18 ATT19 ATT20 ATT21 ATT22 ATT23 ATT24 ATT25
ATT26 ATT27 ATT28 FAM1 ZYG AGE id1
(9) .

RECODE
ATT1 ATT9 ATT10 ATT16 ATT17 ATT18 ATT20 ATT21 ATT23 ATT25 ATT28
(0=2) (1=1) (2=0) .

VALUE LABELS
SEX 0 'Female' 1 'Male' .

VALUE LABELS
ZYG 1 'MZMale' 2 'MZFemale' 3 'DZMale' 4 'DZFemale' 5 'DZMaleFemale' .

VALUE LABELS
id1 1 'Twin_1' 2 'Twin_2' 3 'Father' 4 'Mother' .

/* en berekenen som scores vc-schaal en nc-schaal */
COMPUTE
sum_vc=ATT1+ATT2+ATT3+ATT4+ATT5+ATT6+ATT7+ATT8+ATT9+ATT10+ATT11+ATT12+ATT13
+ATT14+ATT15+
ATT16+ATT17+ATT18+ATT19+ATT20+ATT21+ATT22+ATT23+ATT24+ATT25+ATT26+ATT27+ATT
28 .

COMPUTE sum_nc=ATT4+ATT5+ATT8+ATT11+ATT13+ATT14+ATT22+ATT24+ATT25+ATT27 .

/* Betrouwbaarheidsanalyse vc-schaal en nc-schaal*/
RELIABILITY
/VARIABLES=ATT1 ATT2 ATT3 ATT4 ATT5 ATT6 ATT7 ATT8 ATT9 ATT10 ATT11 ATT12
ATT13 ATT14 ATT15 ATT16
ATT17 ATT18 ATT19 ATT20 ATT21 ATT22 ATT23 ATT24 ATT25 ATT26 ATT27 ATT28
/SCALE('ALL VARIABLES') ALL
/MODEL=ALPHA
/STATISTICS=DESCRIPTIVE SCALE CORR
/SUMMARY=TOTAL .

RELIABILITY
/VARIABLES=ATT4 ATT5 ATT8 ATT11 ATT13 ATT14 ATT22 ATT24 ATT25 ATT27
/SCALE('ALL VARIABLES') ALL
/MODEL=ALPHA
/STATISTICS=DESCRIPTIVE SCALE CORR
/SUMMARY=TOTAL .

/* Correlatie, tussen som scores vc-schaal en nc-schaal

```



```
CORRELATIONS  
  /VARIABLES=sum_vc sum_nc  
  /PRINT=TWOTAIL NOSIG  
  /MISSING=PAIRWISE.
```

Bijlage 8 - Factor ladingen 5 subschalen model verkorte conservatisme schaal

Item	Sex	Tax	Mil	Rel	Pol
ATT2	1.00	.00	.00	.00	.00
ATT3	2.24	.00	.00	.00	.00
ATT4	2.52	.00	.00	.00	.00
ATT5	3.40	.00	.00	.00	.00
ATT11	3.51	.00	.00	.00	.00
ATT13	3.89	.00	.00	.00	.00
ATT14	3.55	.00	.00	.00	.00
ATT22	3.84	.00	.00	.00	.00
ATT6	.00	1.00	.00	.00	.00
ATT7	.00	.69	.00	.00	.00
ATT12	.00	.60	.00	.00	.00
ATT15	.00	.97	.00	.00	.00
ATT16	.00	-.54	.00	.00	.00
ATT1	.00	.00	1.00	.00	.00
ATT9	.00	.00	2.12	.00	.00
ATT10	.00	.00	2.58	.00	.00
ATT21	.00	.00	1.40	.00	.00
ATT17	.00	.00	.00	1.00	.00
ATT18	.00	.00	.00	1.79	.00
ATT19	.00	.00	.00	-.21	.00
ATT20	.00	.00	.00	1.60	.00
ATT25	.00	.00	.00	1.28	.00
ATT8	.00	.00	.00	.00	1.00
ATT23	.00	.00	.00	.00	1.01

Sex = Seksualiteit
Tax = Economisch liberalisme
Mil = Militarisme
Rel = Religieus fundamentalisme
Pol = Politieke voorkeur

Bijlage 9 - Betrouwbaarheidsanalyse verkorte conservatisme schaal

Item	Schaal wanneer item verwijderd	Schaal variantie als item verwijderd	Gecorrigeerde item-totaal correlatie	Cronbach's Alpha als item verwijderd
Death penalty	25.76	53.08	.20	.70
Astrology	25.40	54.01	.08	.71
X-rated movies	25.64	52.20	.24	.70
Modern art	25.15	5.77	.36	.69
Womens lib.	24.97	49.37	.50	.69
Foreign aid	25.04	52.75	.19	.70
Federal housing	24.77	51.96	.29	.70
Democrats	25.08	51.10	.36	.69
Military drill	25.60	53.28	.19	.70
The draft	25.57	52.60	.21	.71
Abortion	25.21	5.10	.37	.69
Property tax	24.78	54.56	.03	.72
Gay rights	25.52	48.41	.58	.68
Liberals	25.29	48.88	.58	.68
Immigration	24.98	52.59	.20	.70
Capitalism	25.48	56.65	-.14	.73
Segregation	24.66	53.72	.13	.71
Moral majority	25.02	52.12	.26	.70
Pacifism	25.47	52.90	.25	.70
Censorship	24.96	52.79	.18	.71
Nuclear power	25.26	53.45	.12	.71
Living together	25.31	49.29	.43	.69
Republicans	25.50	53.22	.18	.70
Divorce	25.10	5.84	.31	.70
School prayer	25.76	51.12	.38	.69
Unions	25.02	52.06	.24	.70
Socialism	25.59	52.23	.30	.70
Busing	24.77	58.26	-.27	.74

Bijlage 10 - Betrouwbaarheidsanalyse nieuwe verkorte conservatisme schaal

Item	Schaal wanneer item verwijderd	Schaal variantie als item verwijderd	Gecorriceerde item-totaal correlatie	Cronbach's Alpha als item verwijderd
Modern art	7.66	18.53	.37	.76
Womens liberation	7.49	17.57	.50	.74
Democrats	7.59	19.41	.28	.77
Abortion	7.74	17.36	.49	.75
Gay rights	8.04	17.28	.58	.73
Liberals	7.80	17.50	.60	.73
Living together	7.83	17.25	.51	.74
Divorce	7.62	17.93	.41	.76
School prayer	8.28	19.21	.34	.76
Socialism	8.10	19.73	.29	.77

Bijlage 11 - Test dichotomiseren nieuwe verkorte conservatimse-schaal

```

#012 data omschalen naar 01 data
#Packages
library(foreign)
library(psych)
library(qgraph)

#Welke oplossing werkt het best voor omschalen 012 data naar 01 data
#Drie mogelijk methoden om 01 data te maken, namelijk van de 1 een NA maken
#Van de 1 een 2 maken, of van de 1 een 0 maken
#Een ander probleem is hoe met NA data om te gaan. Wanneer simpel weg NA
dat genegeerd zou worden
#bij maken van som scores, dan zou iemand die de hele vragenlijst heeft
beantwoord veel meer kans hebben
#om als conservatief te worden bestempelt dan iemand die slecht de helft
van de vragen heeft beantwoord
#Om deze reden wordt per individu het gemiddelde uitgerekend, en de NA
vervangen voor het gemiddelde
#Vervolgens wordt de som scores berekent.

#Configureren werk directory
setwd("/home/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/Misc/")
setwd("C:/Users/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/Misc/Data")

#Data uit SPSS file lezen
cons.spss <- read.spss('conservatism-Omgeschaald.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)

#De items van de nc-schaal selecteren, en van all 9's een NA maken.
items <- c(4,5,8,11,13,14,22,24,25,27)
cons.sel <- cons.spss[,items+1]
cons.sel [cons.sel == "9"] <- NA

#Variabele "Sum" maken. En van dataframe matrix maken, omdat in matrix
berekening sneller worden uitgevoerd
cons.sel["Sum"] <- 10
cons.sel <- data.matrix(cons.sel)

#Omschalen 1 -> NA
cons.sel.NA <- cons.sel
cons.sel.NA [cons.sel == "1"] <- NA

#Omschalen 1 -> 0
cons.sel.0 <- cons.sel
cons.sel.0 [cons.sel == "1"] <- 0

#Omschalen 1 -> 2
cons.sel.2 <- cons.sel
cons.sel.2 [cons.sel == "1"] <- 2

items.l <- length(items)

for (j in 1:nrow(cons.sel.NA)){
  na.l <- length(cons.sel.NA[j,][is.na(cons.sel.NA[j,])]) #Hoeveel NA's
heeft j
  s <- sum(cons.sel.NA[j,1:items.l], na.rm = TRUE) #Wat is de som
scoren van j
}

```

```

    m <- s / (items.l - na.l) #Gemiddelde
score van j
    cons.sel.NA[j,][is.na(cons.sel.NA[j,])] <- m #NA vervangen
voor gemiddelde van j
    cons.sel.NA[j,items.l+1] <- sum(cons.sel.NA[j,1:items.l]) #Som scoren van
j
}

for (j in 1:nrow(cons.sel.0)){
    na.l <- length(cons.sel.0[j,][is.na(cons.sel.0[j,])])
    s <- sum(cons.sel.0[j,1:items.l], na.rm = TRUE)
    m <- s / (items.l - na.l)
    cons.sel.0[j,][is.na(cons.sel.0[j,])] <- m
    cons.sel.0[j,items.l+1] <- sum(cons.sel.0[j,1:items.l])
}

for (j in 1:nrow(cons.sel.2)){
    na.l <- length(cons.sel.2[j,][is.na(cons.sel.2[j,])])
    s <- sum(cons.sel.NA[j,1:items.l], na.rm = TRUE)
    m <- s / (items.l - na.l)
    cons.sel.2[j,][is.na(cons.sel.2[j,])] <- m
    cons.sel.2[j,items.l+1] <- sum(cons.sel.2[j,1:items.l])
}

for (j in 1:nrow(cons.sel)){
    na.l <- length(cons.sel[j,][is.na(cons.sel[j,])])
    s <- sum(cons.sel[j,1:items.l], na.rm = TRUE)
    m <- s / (items.l - na.l)
    cons.sel[j,][is.na(cons.sel[j,])] <- m
    cons.sel[j,items.l+1] <- sum(cons.sel[j,1:items.l])
}

sumscores <- matrix(nrow=length(cons.sel), ncol=4)
sumscores[,4] <- cons.sel[,items.l+1]
sumscores[,3] <- cons.sel.0[,items.l+1]
sumscores[,2] <- cons.sel.2[,items.l+1]
sumscores[,1] <- cons.sel.NA[,items.l+1]
sumscores <- na.omit(sumscores)

cor.test(sumscores[,4],sumscores[,1]) #NA, r(14266)=.96, p <.01
cor.test(sumscores[,4],sumscores[,2]) #2, r(14266)=.84, p <.01
cor.test(sumscores[,4],sumscores[,3]) #0, r(14266)=.91, p <.01

```

Bijlage 12 - Variantie decompositie som scores methode

R Script

```

#Erfelijkheid vaststellen nc-schaalen vc-schaal op basis van som scores
#Load packages
library(coda)
library(rjags)
library(ltm)
library(foreign)

#Set dir
setwd("C:/Users/schwabei/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/Users/stephanievandenberg/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/Users/inga/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/home/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("C:/Users/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese")

#Over welke items willen we erfelijkheid vaststellen, en hoeveel iteraties
in jags
n.iter <- 5000 #origineel 5000
#items <- c(1:28) #vc-schaal
items <- c(4,5,8,11,13,14,22,24,25,27) #nc-schaal
n.items <- length(items)

#Data inlezen
Ymz <- read.spss('Misc/Data/yMZ_FULLL.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
Ydz <- read.spss('Misc/Data/yDZ_FULLL.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
Ymz [Ymz == "9"] <- NA
Ydz [Ydz == "9"] <- NA

Ymz <- na.omit(Ymz)
Ydz <- na.omit(Ydz)

### STEPHANIE
Ymz <- cbind( apply(Ymz[,c(items+1)],1,sum),
apply(Ymz[,c(items+35)],1,sum))
Ydz <- cbind( apply(Ydz[,c(items+1)],1,sum),
apply(Ydz[,c(items+35)],1,sum))

NMZ <- nrow(Ymz)
NDZ <- nrow(Ydz)

#tip Stephanie: herschaal de data naar gemiddeld 0 en variantie 1
Ymz<- scale(Ymz)
Ydz<- scale(Ydz)

#Identify data for JAGS analysis
bugsdata <- list(Ymz, Ydz, NMZ, NDZ) #
names(bugsdata)<- c("Ymz", "Ydz", "NMZ", "NDZ") #

#JAGS analysis
inits <- list(tau.a = 1)
#Ik gebruik de verwachtingswaarde/1e moment van A als verwachtingswaarde,
dit is
#in dit geval a/b = 1
model.file <- "JAGS script/Final/som scores.bug"

```

```

jags <- jags.model(model.file, bugsdata, inits, n.chains = 1, quiet=FALSE)

#Number of iterations
update(jags, n.iter)

#Marianna: 5000 burn in, 10.000 iteraties
#Output jags samples
out <- jags.samples(jags, c('tau.a', 'tau.e'), n.iter) # alleen
variantiecomponenten nodig!!

var.a=1/out$'tau.a'[1,,1] # zo krijg je alle 5000 gesampelde waardes te
zien voor tau.a
var.e=1/out$'tau.e'[1,,1]
h2=var.a/(var.a+var.e) ### 5000 verschillende waardes voor h2
e2=var.e/(var.a+var.e)

round(mean(h2),2) ## neem de gemiddelde waarde van h2
round(mean(e2),2)

plot(density(h2),main='posterior density of heritability') ## geeft je een
beeld van de posterior verdeling van h2, dit is de informatie die je hebt
over h2 gegeven je data.

HPD <- function(sample1, rel.int) {
  rel.int <- (1 - rel.int)/2 #calculate range outside of credibility region
(both sides 2.5 in this case)
  lower <- round(length(sample1) * rel.int, 0)
  upper <- round(length(sample1) * (1 - rel.int), 0)
  diff.int <- upper - lower
  HPDo <- sample1[order(sample1)][1:lower]
  HPDb <- sample1[order(sample1)][(diff.int + 1):upper]
  HPDI <- round(c(HPDo[order(HPDb - HPDo)[1]], HPDb[order(HPDb - HPDo)[
1]]), 5)
  #CI <- round(c(sample1[order(sample1)][lower], sample1[order(sample1)][
# upper]), 3)
  return(HPDI)
}

round(HPD(h2,0.95),2) # 95% Highest posterior density region (=Bayesiaanse
versie van een betrouwbaarheidsinterval)
round(HPD(e2,0.95),2)

```


Jags script

```

#JAGS script for AE model for twin data - Som scores,
#Analyse Wilfried
#NMZ = Number of MZ twins,
#NDZ = Number of DZ twins
#NMZ = Number of MZ twins
#Ymz = data matrix MZ twins,
#Ydz = data matrix DZ twins
#Structure data matrix:
#Items twin1 [,1:n.items], Items twin 2 [,(n.items+1):(2*n.items))

model
{
#MZ twins
  for (i in 1:NMZ){
    A[i] ~ dnorm(mu, tau.a)

    for (twin in 1:2){
      Ymz[i,twin] ~ dnorm(A[i], tau.e)
    }
  }

#DZ twins
  for (i in 1:NDZ){
    Adz[i] ~ dnorm(mu, doubletau.a)

    for (j in 1:2){

      A2dz[i,j] ~ dnorm(Adz[i], doubletau.a)
      Ydz[i,j] ~ dnorm(A2dz[i,j], tau.e)
    }
  }

mu ~ dnorm(0, 0.001)

#Prior distribution for the variance of A and E, gamma distribution
#We choose to define tau.a & tau.e (precision paramters) (and not sd),
#as the estimation gets easier. The posterior distribution will be a gamma
distribution as well.
tau.a ~ dgamma(1,1)
tau.e ~ dgamma(1,1)
doubletau.a <- 2 *tau.a

#Variance -> 1/tau.a, 1/tau.e (JAGS works with precision parameters), dit
#achteraf in R berekenen (zorgt ervoor dat model sneller kan runnen)
}

```

Bijlage 13 - Variantie decompositie IRT methode

R Script

```

#Erfelijkheid vaststellen nc-schaal 01 data op basis van 1pl IRT
#Load packages
library(coda)
library(rjags)
library(ltm)
library(foreign)

#Set dir
setwd("C:/Users/schwabei/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/Users/stephanievandenberg/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/Users/inga/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("E:/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
setwd("/home/wilfried/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")

#Over welke items willen we erfelijkheid vaststellen, en hoeveel iteraties
in jags
n.iter <- 5000 #origineel 5000
items <- c(4,5,8,11,13,14,22,24,25,27)
n.items <- length(items)

#Data inlezen
setwd("E:/Dropbox/Wilfried - OMD Bachelorthese/")
Ymz <- read.spss('Misc/Data/yMZ_FULLL.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
Ydz <- read.spss('Misc/Data/yDZ_FULLL.sav',use.value.labels = F,
to.data.frame=T)
Ymz <- cbind(Ymz[,c(items+1,items+35)])
Ydz <- cbind(Ydz[,c(items+1,items+35)])

#Van 0 1 2 data, 01 data maken
#Alle 9's zijn NA evenals alle 1. Van 2 wordt een 1 gemaakt. 0 blijft 0
Ymz [Ymz == "9"] <- NA
Ydz [Ydz == "9"] <- NA
Ymz [Ymz == "1"] <- NA
Ydz [Ydz == "1"] <- NA
Ymz [Ymz == "2"] <- 1
Ydz [Ydz == "2"] <- 1
NMZ <- nrow(Ymz)
NDZ <- nrow(Ydz)

#Identify data for JAGS analysis
bugsdata <- list(Ymz, Ydz, NMZ, NDZ, n.items)
names(bugsdata)<- c("Ymz", "Ydz", "NMZ", "NDZ", "n.items")

#JAGS analysis
inits <- list(tau.a = 1)
#Ik gebruik de verwachtingswaarde/1e moment van A als verwachtingswaarde,
dit is
#in dit geval a/b = 1

model.file <- "JAGS script/Final/irt_1pl_rjags.bug"
jags <- jags.model(model.file, bugsdata, inits, n.chains = 1, quiet=FALSE)

#Number of iterations
update(jags, n.iter)

```

```

#Marianna: 5000 burn in, 10.000 iteraties
#Output jags samples
out <- jags.samples(jags, c('tau.a', 'tau.e'), n.iter)

var.a=1/out$'tau.a'[1,,1] # zo krijg je alle 5000 gesampelde waarden te
zien voor tau.a
var.e=1/out$'tau.e'[1,,1]
h2=var.a/(var.a+var.e) ### 5000 verschillende waarden voor h2
e2=var.e/(var.a+var.e)

round(mean(h2),2) ## neem de gemiddelde waarde van h2
round(mean(e2),2)

plot(density(h2),main='posterior density of heritability') ## geeft je een
beeld van de posterior verdeling van h2, dit is de informatie die je hebt
over h2 gegeven je data.

HPD <- function(sample1, rel.int) {
  rel.int <- (1 - rel.int)/2 #calculate range outside of credibility region
(both sides 2.5 in this case)
  lower <- round(length(sample1) * rel.int, 0)
  upper <- round(length(sample1) * (1 - rel.int), 0)
  diff.int <- upper - lower
  HPDo <- sample1[order(sample1)][1:lower]
  HPDb <- sample1[order(sample1)][(diff.int + 1):upper]
  HPDI <- round(c(HPDo[order(HPDb - HPDo)[1]], HPDb[order(HPDb - HPDo)[
1]]), 5)
  #CI <- round(c(sample1[order(sample1)][lower], sample1[order(sample1)][
# upper]), 3)
  return(HPDI)
}

round(HPD(h2,0.95),2) # 95% Highest posterior density region (=Bayesiaanse
versie van een betrouwbaarheidsinterval)
round(HPD(e2,0.95),2)

```

Jags script

```

#JAGS script for AE model for twin data,
#Analyse Wilfried

#NMZ = Number of MZ twins,
#NDZ = Number of DZ twins
#Ymz = data matrix MZ twins,
#Ydz = data matrix DZ twins
#n.items = Number of items
#Structure data matrix:
#Items twin1 [,1:n.items], Items twin 2 [,((n.items+1):(2*n.items))

model
{
#MZ twins
  for (i in 1:NMZ){
    A[i] ~ dnorm(mu, tau.a)

    for (twin in 1:2){
      mz[i,twin] ~ dnorm(A[i], tau.e)
    }

    for (k in 1:n.items){
      logit(p[i,k]) <- mz[i,1] - beta[k]
      Ymz[i,k] ~ dbern(p[i,k])
    }

    for (k in (n.items+1):(2*n.items)){
      logit(p[i,k]) <- mz[i,2] - beta[k-n.items]
      Ymz[i,k] ~ dbern(p[i,k])
    }
  }

#DZ twins
  for (i in 1:NDZ){
    Adz[i] ~ dnorm(mu, doubletau.a)

    for (j in 1:2){
      A2dz[i,j] ~ dnorm(Adz[i], doubletau.a)
      dz[i,j] ~ dnorm(A2dz[i,j], tau.e)
    }

    for (k in 1:n.items){
      logit(p2[i,k]) <- dz[i,1] - beta[k]
      Ydz[i,k] ~ dbern(p2[i,k])
    }

    for (k in (n.items+1):(2*n.items)){

```

```
        logit(p2[i,k]) <- dz[i,2] - beta[k-n.items]
        Ydz[i,k] ~ dbern(p2[i,k])
    }
}

#For location purposes mu = 0 (Andes kan IRT model niet geidentificeerd
worden!)
#Of mu of beta moet vast worden gelegd)

mu <- 0

#Prior for the distribution of beta values, (normal distribution)
for (i in 1:n.items){
    beta[i] ~ dnorm(0, 0.1)
}

#Prior distribution for the variance of A and E, gamma distribution
#We choose to define tau.a & tau.e (precision paramters) (and not sd),
#as the estimation gets easier. The posterior distribution will be a gamma
distribution as well.

tau.a ~ dgamma(1,1)
tau.e ~ dgamma(1,1)
doubletau.a <- 2 *tau.a

#Variance -> 1/tau.a, 1/tau.e (JAGS works with precision parameters), dit
#achteraf in R berekenen (zorgt ervoor dat model sneller kan runnen)
}
```