Universidad Nacional Autónoma de México

Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas

Especialización en Estadística Aplicada

Modelos de Ecuaciones Estructurales

Adicción juvenil y padres alcohólicos

Jesus Alberto Urrutia Camacho (urcajeal@gmail.com)

Ciudad de México

11 de junio de 2021

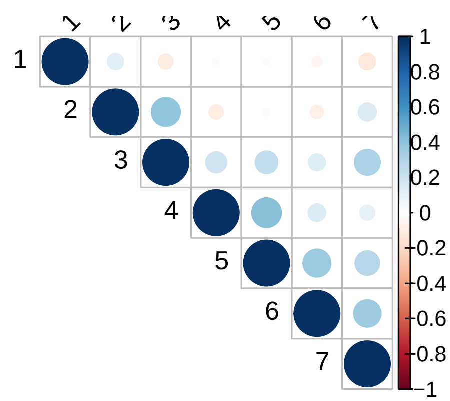
El Proyecto para el Desarrollo de la familia y el adolescente (*The Adolescente and FAmily Development Project*, en los Estados Unidos) diseñó una investigación que tiene por objetivo "evaluar la asociación entre el alcoholismo de los padres y el uso de sustancias en adolescentes y psicopatologías" (Zamora, 2021). Para tal propósito, se levantó una muestra aleatoria integrada por 316 adolescentes. Adempás, la muestra es compuesta íntegramente por variables medidas, por lo que se realiza un Análisis de Trayectoria (o *Path Analysis*), lo cuál requiere que haya teorías y conceptos de área que respalden la investigación.

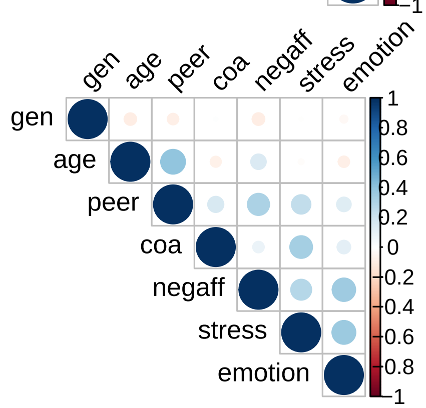
Específicamente, se parte de la siguiente teorización. Los padres alcohólicos (*coa*) inciden en vidas con efectos estresantes (*stress*) para las y los hijos, lo que aumenta la percepción de depresión y ansiedad en los adolescentes (*negaff*). Además, se considera que las familias alcoholicas provoca en los jóvenes falta de control emocional (*emotion*), lo que incrementa depresión y ansiedad (*negaff*)en estos últimos. Entonces, se podría argüir que eventos estresantes (*stress*) tiene una relación no direccional con falta de control emocional (*emotion*). En complemento a lo anterior, los resutlados negativos, como ansiedad y depresión, generan tasas altas de convivencia con compañeros que consumen drogas (*peer*), lo que podría generar adicciones. Finalmente, se considera que el estres (*stres*) y la dificultad emocional (*emotion*) son predichas por la edad (*age*) y el sexo (*gen*).

A continuación se muestra una tabla con el *nombre de variables*, sus *siglas*, a manera de codificación, y las variables que representan.

Dado que se cuenta con la base de datos se procede a hacer estadística descriptiva. Todas las variables son numéricas, pero *coa* y *gen* son variables dicotómias, donde $P(X|x_{coa} = 0 : Padresnoalcoholicos)$, y $P(X|x_{gen} = 0 : Mujer)$, respectivamente. Además, las variables, *Stress* , *emotion* , *negaff* y *peer* son variables continuas, que parecen ser tasas o índices, ya que tienen valores positivos y menores de 6. Cabe destacar que no se cuenta con un diccionario de datos.

A continuación se muestran dos correlogramas. Cabe señalar que no hay ninguna correlación significativa. El primer correlograma integra a las correlaciones biserial, tetracórica y de pearson. Mientras que el segundo sólamente usa la última correlación. Se evidencia, que las correlaciones para variables dicotómicas aumentaron (es decir, se intensificó su color).





1. Diagramar modelo

```
CorMid <- '
1.0
-0.09456621 1.0
0.01400000  0.12159467   1.0
0.41430068 -0.01973430  -0.01121133 1.0
0.14398422 -0.08074436  -0.04854675   0.3664796 1.0
0.10279496  0.15121667  -0.12520711  0.2807905  0.35387788 1.0
0.20542024  0.39572236 -0.10289694  0.2402493  0.13368237  0.3145978  1.0
'
# corCuad <- matrix(data = c(c(1, -0.09456621, 0.014, 0.41430068, 0.14398422, 0.10279496, 0.20542024),
#                  c(-0.09456621, 1, 0.12159467, -0.01973430, -0.08074436, 0.15121667, 0.39572236 ),
#                  c(0.014, 0.12159467, 1, -0.01121133, -0.04854675, -0.12520711, -0.10289694),
#                  c(0.41430068, -0.01973430 , -0.01121133, 1, 0.3664796, 0.2807905, 0.2402493),
#                  c(0.14398422, -0.08074436, -0.04854675, 0.3664796, 1, 0.35387788, 0.13368237 ),
#                  c(0.10279496, 0.15121667, -0.12520711, 0.2807905, 0.35387788, 1, 0.3145978),
#                  c(0.20542024, 0.39572236, -0.10289694,0.2402493 , 0.13368237, 0.3145978, 1)
#                  ),7,7)

comp.cor1 <- getCov(CorMid, sds = NULL, names = c("coa", "age", "gen", "stress", "emotion", "negaff", "

#Modelo teórico

mod1 <- '
stress ~ a*coa + b*gen + c*age
emotion ~ e*coa + f*gen + g*age
negaff ~ x*stress + y*emotion
peer ~ z*negaff

emotion ~~ stress
coa ~~ gen
gen ~~ age
coa ~~ age

#Efectos indirectos

NegStresCoa := x*a
NegStresGen := x*b
NegStresAge := x*c
NegEmoCoa := y*e
NegEmoGen := y*f
NegEmoAge := y*g
PeNegStresCoa := z*x*a
PeNegEmoCoa := z*y*e

#Efetos Totales
T1 := a + x*a + z*x*a
T2 := a + y*e + z*y*e
'

n <- length(bd$coa)
sem1 <- sem(mod1, data = bd, sample.cov = comp.cor1, sample.nobs = n, se="bootstrap")
sem2 <- sem(mod1, data = bd, sample.cov = personc, sample.nobs = n, se="bootstrap")
```

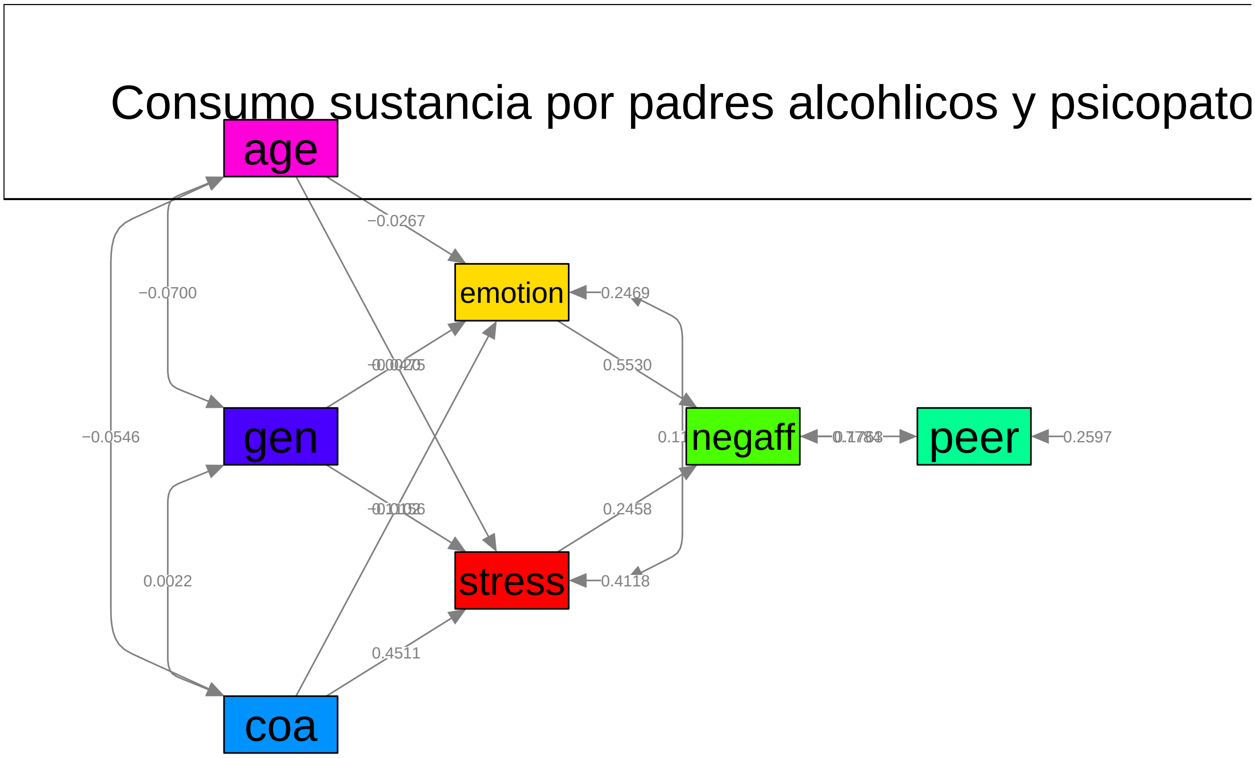
```r
summary(sem1, fit.measures = TRUE,standardized=T)
```

```
## lavaan 0.6-8 ended normally after 31 iterations
##
##   Estimator                                         ML
##   Optimization method                           NLMINB
##   Number of model parameters                        20
##
##   Number of observations                           316
##
## Model Test User Model:
##
##   Test statistic                                81.173
##   Degrees of freedom                                 8
##   P-value (Chi-square)                           0.000
##
## Model Test Baseline Model:
##
##   Test statistic                               255.823
##   Degrees of freedom                                21
##   P-value                                        0.000
##
## User Model versus Baseline Model:
##
##   Comparative Fit Index (CFI)                    0.688
##   Tucker-Lewis Index (TLI)                       0.182
##
## Loglikelihood and Information Criteria:
##
##   Loglikelihood user model (H0)              -2179.133
##   Loglikelihood unrestricted model (H1)      -2138.547
##
##   Akaike (AIC)                                4398.267
##   Bayesian (BIC)                              4473.382
##   Sample-size adjusted Bayesian (BIC)         4409.947
##
## Root Mean Square Error of Approximation:
##
##   RMSEA                                          0.170
##   90 Percent confidence interval - lower         0.138
##   90 Percent confidence interval - upper         0.205
##   P-value RMSEA <= 0.05                          0.000
##
## Standardized Root Mean Square Residual:
##
##   SRMR                                           0.095
##
## Parameter Estimates:
##
##   Standard errors                            Bootstrap
##   Number of requested bootstrap draws             1000
##   Number of successful bootstrap draws            1000
##
```

```
## Regressions:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##   stress ~
##     coa        (a)    0.451    0.075    5.999    0.000    0.451    0.331
##     gen        (b)   -0.016    0.073   -0.214    0.831   -0.016   -0.011
##     age        (c)    0.002    0.026    0.077    0.939    0.002    0.004
##   emotion ~
##     coa        (e)    0.110    0.057    1.946    0.052    0.110    0.110
##     gen        (f)   -0.048    0.057   -0.833    0.405   -0.048   -0.047
##     age        (g)   -0.027    0.022   -1.209    0.227   -0.027   -0.077
##   negaff ~
##     stress     (x)    0.246    0.094    2.628    0.009    0.246    0.175
##     emotion    (y)    0.553    0.115    4.819    0.000    0.553    0.290
##   peer ~
##     negaff     (z)    0.176    0.032    5.550    0.000    0.176    0.315
##
## Covariances:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##  .stress ~~
##    .emotion           0.112    0.018    6.187    0.000    0.112    0.352
##   coa ~~
##     gen               0.002    0.014    0.157    0.875    0.002    0.009
##   gen ~~
##     age              -0.070    0.040   -1.763    0.078   -0.070   -0.097
##   coa ~~
##     age              -0.055    0.041   -1.347    0.178   -0.055   -0.076
##
## Variances:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##    .stress            0.412    0.040   10.369    0.000    0.412    0.890
##    .emotion           0.247    0.017   14.537    0.000    0.247    0.979
##    .negaff            0.778    0.071   11.002    0.000    0.778    0.848
##    .peer              0.260    0.032    8.001    0.000    0.260    0.901
##     coa               0.249    0.002  141.501    0.000    0.249    1.000
##     gen               0.249    0.002  106.199    0.000    0.249    1.000
##     age               2.095    0.124   16.922    0.000    2.095    1.000
##
## Defined Parameters:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##     NegStresCoa       0.111    0.046    2.430    0.015    0.111    0.058
##     NegStresGen      -0.004    0.019   -0.201    0.841   -0.004   -0.002
##     NegStresAge       0.000    0.007    0.071    0.943    0.000    0.001
##     NegEmoCoa         0.061    0.034    1.785    0.074    0.061    0.032
##     NegEmoGen        -0.026    0.033   -0.801    0.423   -0.026   -0.014
##     NegEmoAge        -0.015    0.012   -1.255    0.210   -0.015   -0.022
##     PeNegStresCoa     0.020    0.009    2.078    0.038    0.020    0.018
##     PeNegEmoCoa       0.011    0.007    1.633    0.103    0.011    0.010
##     T1                0.582    0.106    5.463    0.000    0.582    0.407
##     T2                0.523    0.094    5.543    0.000    0.523    0.373
```

```r
#
# summary(modelo, fit.measures = TRUE,standardized=T)
# #resumen <- summary(modelo, fit.measures = TRUE,standardized=T)
# fitmeasures(modelo)
```

```r
semPaths(sem1, "mod","par", col=rainbow(7), style="lisrel", layout = "tree2",curve=1.5,curvePivot = TRU
legend("topleft", legend=c("Consumo sustancia por padres alcohlicos y psicopatologías"),col="blue",cex=
```



2. Escribirlo matricialmente

$$
\begin{aligned}
Y_{stres} &= 0Y_{stres} + 0Y_{emo} + 0Y_{neg} + 0Y_{peer} + \gamma_{1,1}X_{coa} + \gamma_{1,2}X_{gen} + \gamma_{1,3}X_{age} + \varsigma_1 \\
Y_{emo} &= 0Y_{stres} + 0Y_{emo} + 0Y_{neg} + 0Y_{peer} + \gamma_{2,1}X_{coa} + \gamma_{2,2}X_{gen} + \gamma_{2,3}X_{age} + \varsigma_2 \\
Y_{neg} &= \beta_{1,1}Y_{stres} + \beta_{1,2}Y_{emo} + 0Y_{neg} + 0Y_{peer} + 0X_{coa} + 0X_{gen} + 0X_{age} + \varsigma_3 \\
Y_{emo} &= 0Y_{stres} + 0Y_{emo} + \beta_{2,1}Y_{neg} + +0Y_{peer} + 0X_{coa} + 0X_{gen} + 0X_{age} + \varsigma_4
\end{aligned}
$$

$$
\begin{bmatrix} Y_{stre} \\ Y_{emo} \\ Y_{neg} \\ Y_{peer} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ \beta_{1,1} & \beta_{1,2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \beta_{2,1} & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} Y_{stre} \\ Y_{emo} \\ Y_{neg} \\ Y_{peer} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \gamma_{1,1} & \gamma_{1,2} & \gamma_{1,3} \\ \gamma_{2,1} & \gamma_{2,2} & \gamma_{2,3} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} X_{coa} \\ X_{gen} \\ X_{age} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \varsigma_1 \\ \varsigma_2 \\ \varsigma_3 \\ \varsigma_4 \end{bmatrix}
$$

3. Escribir matrices involucradas en modelo

Además, respéctivamente, cada matriz presentada con anterioridad puede se expresada como: $Y = BY + \Gamma x + \zeta\backslash$

$$\boldsymbol{\Psi} = \begin{bmatrix} \psi_{1,1} & 0 & 0 & 0 \\ \psi_{2,1} & \psi_{2,2} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \psi_{3,1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \psi_{4,1} \end{bmatrix} \boldsymbol{\Phi} = \begin{bmatrix} \phi_{1,1} & 0 & 0 \\ \phi_{2,1} & \phi_{2,2} & 0 \\ \phi_{3,1} & \phi_{3,2} & \phi_{3,3} \end{bmatrix}$$

Cabe destacar que Ψ representa la matriz de correlación entre variables endógenas (Y_i). Mientras que la matriz de Φ presenta a la correlación entre variables exógenas (X_i).

4. Ajuste del modelo

La estimación del modelo emplea el método bootstrap, como alternativa a las restricciones del supuesto de normalidad por el método delta. Lo anterior requiere que la muestra esté disponible para realizar el remuestreo (Hallquist, 2019).

Además, se emplean la paquetería *lavaan* como principal instrumento de ajuste computaciones, y se usa la información de la matriz de correlación de Pearson, biserial y tetracórica, según corresponda el tipo de variable. Se tienen 20 grados de libertad, lo que corresponde a las parte de información. A continuación se muestra el código empleado.

```
# CorMid
# comp.cor1 <- getCov(CorMid, sds = NULL, names = c("coa", "age", "gen", "stress", "emotion", "negaff",
# mod1
# sem1 <- sem(mod1, data = bd, sample.cov = comp.cor1, sample.nobs = n, se="bootstrap")


summary(sem1, fit.measures = TRUE,standardized=T)
```

```
## lavaan 0.6-8 ended normally after 31 iterations
##
##   Estimator                                         ML
##   Optimization method                           NLMINB
##   Number of model parameters                        20
##
##   Number of observations                           316
##
## Model Test User Model:
##
##   Test statistic                                81.173
##   Degrees of freedom                                 8
##   P-value (Chi-square)                           0.000
##
## Model Test Baseline Model:
##
##   Test statistic                               255.823
##   Degrees of freedom                                21
##   P-value                                        0.000
##
## User Model versus Baseline Model:
##
##   Comparative Fit Index (CFI)                    0.688
##   Tucker-Lewis Index (TLI)                       0.182
##
```

```
## Loglikelihood and Information Criteria:
##
##   Loglikelihood user model (H0)             -2179.133
##   Loglikelihood unrestricted model (H1)     -2138.547
##
##   Akaike (AIC)                               4398.267
##   Bayesian (BIC)                             4473.382
##   Sample-size adjusted Bayesian (BIC)        4409.947
##
## Root Mean Square Error of Approximation:
##
##   RMSEA                                         0.170
##   90 Percent confidence interval - lower        0.138
##   90 Percent confidence interval - upper        0.205
##   P-value RMSEA <= 0.05                         0.000
##
## Standardized Root Mean Square Residual:
##
##   SRMR                                          0.095
##
## Parameter Estimates:
##
##   Standard errors                           Bootstrap
##   Number of requested bootstrap draws            1000
##   Number of successful bootstrap draws           1000
##
## Regressions:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##   stress ~
##     coa        (a)    0.451    0.075    5.999    0.000    0.451    0.331
##     gen        (b)   -0.016    0.073   -0.214    0.831   -0.016   -0.011
##     age        (c)    0.002    0.026    0.077    0.939    0.002    0.004
##   emotion ~
##     coa        (e)    0.110    0.057    1.946    0.052    0.110    0.110
##     gen        (f)   -0.048    0.057   -0.833    0.405   -0.048   -0.047
##     age        (g)   -0.027    0.022   -1.209    0.227   -0.027   -0.077
##   negaff ~
##     stress     (x)    0.246    0.094    2.628    0.009    0.246    0.175
##     emotion    (y)    0.553    0.115    4.819    0.000    0.553    0.290
##   peer ~
##     negaff     (z)    0.176    0.032    5.550    0.000    0.176    0.315
##
## Covariances:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##  .stress ~~
##    .emotion           0.112    0.018    6.187    0.000    0.112    0.352
##   coa ~~
##     gen              0.002    0.014    0.157    0.875    0.002    0.009
##   gen ~~
##     age             -0.070    0.040   -1.763    0.078   -0.070   -0.097
##   coa ~~
##     age             -0.055    0.041   -1.347    0.178   -0.055   -0.076
##
## Variances:
```

```
##                   Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##    .stress           0.412    0.040   10.369    0.000    0.412    0.890
##    .emotion          0.247    0.017   14.537    0.000    0.247    0.979
##    .negaff           0.778    0.071   11.002    0.000    0.778    0.848
##    .peer             0.260    0.032    8.001    0.000    0.260    0.901
##     coa              0.249    0.002  141.501    0.000    0.249    1.000
##     gen              0.249    0.002  106.199    0.000    0.249    1.000
##     age              2.095    0.124   16.922    0.000    2.095    1.000
##
## Defined Parameters:
##                   Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##     NegStresCoa      0.111    0.046    2.430    0.015    0.111    0.058
##     NegStresGen     -0.004    0.019   -0.201    0.841   -0.004   -0.002
##     NegStresAge      0.000    0.007    0.071    0.943    0.000    0.001
##     NegEmoCoa        0.061    0.034    1.785    0.074    0.061    0.032
##     NegEmoGen       -0.026    0.033   -0.801    0.423   -0.026   -0.014
##     NegEmoAge       -0.015    0.012   -1.255    0.210   -0.015   -0.022
##     PeNegStresCoa    0.020    0.009    2.078    0.038    0.020    0.018
##     PeNegEmoCoa      0.011    0.007    1.633    0.103    0.011    0.010
##     T1               0.582    0.106    5.463    0.000    0.582    0.407
##     T2               0.523    0.094    5.543    0.000    0.523    0.373
```

```
#resumen <- summary(modelo, fit.measures = TRUE,standardized=T)
fitmeasures(sem1)
```

```
##                npar                fmin               chisq                  df
##              20.000               0.128              81.173               8.000
##              pvalue      baseline.chisq         baseline.df     baseline.pvalue
##               0.000             255.823              21.000               0.000
##                 cfi                 tli                nnfi                 rfi
##               0.688               0.182               0.182               0.167
##                 nfi                pnfi                 ifi                 rni
##               0.683               0.260               0.705               0.688
##                logl   unrestricted.logl                 aic                 bic
##           -2179.133           -2138.547            4398.267            4473.382
##              ntotal                bic2               rmsea      rmsea.ci.lower
##             316.000            4409.947               0.170               0.138
##      rmsea.ci.upper        rmsea.pvalue                 rmr          rmr_nomean
##               0.205               0.000               0.077               0.077
##                srmr        srmr_bentler srmr_bentler_nomean                crmr
##               0.095               0.095               0.095               0.109
##         crmr_nomean          srmr_mplus   srmr_mplus_nomean               cn_05
##               0.109               0.095               0.095              61.369
##               cn_01                 gfi                agfi                pgfi
##              79.210               0.940               0.790               0.269
##                 mfi                ecvi
##               0.891               0.383
```

La estimación se los parámetros se muestra a continuación:

5. Verifique lo adecuado del ajuste

A fin de verificar el ajuste del modelo, se deben considerar los índices de bondad de ajuste (GoF, por sus siglas en Inglés).

La prueba de la χ^2 rechaza la hipótesis nula, donde $H_o : ModeloSíAjusta$, es decir que el modelo no ajusta a los datos. Debido a que el Pvalor es mucho menor que la significancia. Sin embargo, el modelo basal es mucho peor que el propuesto.

User Model:

Test statistic 81.173 Degrees of freedom 8 P-value (Chi-square) 0.000

Model Test Baseline Model:

Test statistic 255.823 Degrees of freedom 21 P-value 0.000

Cuadro 1: Índices de ajuste del modelo

CFI	TLI	RMSEA	Pvalue RMSEA	SRMR
0.688	0.182	0.17	0.0	0.095

- CFI: Es el ***Comparative Fit Index***, en que este modelo tiene un valor muy pequeño. Por lo que se puede sostener que el modelo es muy malo. Además, para valores "mayor 0.97 es indicativo de un buen ajuste en relación con el modelo de independencia"(Zamora, 2021).
- NNFI ,también conocido como TLI, es decir, "ındice de ajuste no normalizado (NNFI), también conocido como el índice de Tuker-Lewis (TLI)". Este modelo tiene un valor muy pequeño, lo que indica que el modelo es malo. Ya que "valores superiores a 0.95 pueden interpretarse como un ajuste aceptable"(Zamora, 2021).
- RMSEA, significa error cuadrático medio de aproximación de la raíz. Donde valores mayores a 0.1, implican valores de ajuste medriocres, por lo que este modelo no es bueno.
- Pvalur RMSEA, implica que el valor puntual de RMSAE sea contenido por un intervalor de confianza del 95
- SRMR, o ındice de la raís del cuadrado medio del residuo estandarizado, "valores de SRMR menores a 0.05 evidencian un buen ajuste y que menores a 0.10 pueden interpretarse como un ajuste aceptable"(Zamora, 2021). Por lo que se puede afirmar que este modelo tiene un ajuste aceptable.

Por lo anterior es posible afirmar que el modelo, en general, no ajusta. Es decir, los datos no respaldan la teoría propuesta. Entonces, se sugiere modificar las relaciones entre variables, siempre y cuando esté mediada por conocimiento de área experta.

Dado lo anterior se propone reestructurar el modelo en función de conocimiento experto. Donde las únicas variables que medien el modelo sean el hecho que los padres sean alcoholicos (*coa*), su efecto sobre eventos estresantes (*stres*) y sobre falta de control de emociones (*emotion*) ambas en los adolescentes. Y la incidencia de las anteriores sobre ansiedad y depresión (*negaff*), y su vez sobre el consumo de sustancia (*peer*).

Entonces, la graficación del modelo quedaría como sigue. Respecto a la forma de estimación del modelo sigue los mismo procesos que el anterior modelo. Y a continuación se muestran los índices de bondad de ajute.

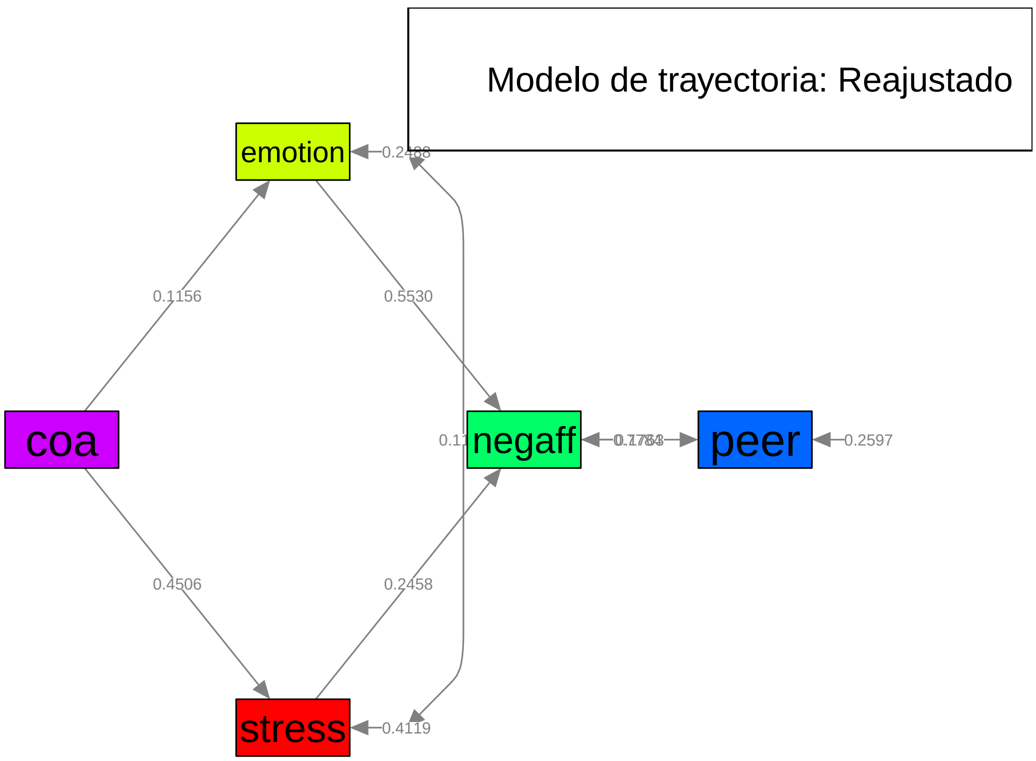
```
mod2v <- '
stress ~ a*coa
emotion ~ e*coa
negaff ~ x*stress + y*emotion
peer ~ z*negaff

emotion ~~ stress
'
```

```r
sem3v <- sem(mod2v, data = bd, sample.cov = comp.cor1, sample.nobs = n, se="bootstrap")
summary(sem3v, fit.measures = TRUE,standardized=T)
```

```
## lavaan 0.6-8 ended normally after 20 iterations
##
##   Estimator                                         ML
##   Optimization method                           NLMINB
##   Number of model parameters                        10
##
##   Number of observations                           316
##
## Model Test User Model:
##
##   Test statistic                                12.267
##   Degrees of freedom                                 4
##   P-value (Chi-square)                           0.015
##
## Model Test Baseline Model:
##
##   Test statistic                               179.377
##   Degrees of freedom                                10
##   P-value                                        0.000
##
## User Model versus Baseline Model:
##
##   Comparative Fit Index (CFI)                    0.951
##   Tucker-Lewis Index (TLI)                       0.878
##
## Loglikelihood and Information Criteria:
##
##   Loglikelihood user model (H0)              -1160.310
##   Loglikelihood unrestricted model (H1)      -1154.176
##
##   Akaike (AIC)                                2340.620
##   Bayesian (BIC)                              2378.177
##   Sample-size adjusted Bayesian (BIC)         2346.460
##
## Root Mean Square Error of Approximation:
##
##   RMSEA                                          0.081
##   90 Percent confidence interval - lower         0.032
##   90 Percent confidence interval - upper         0.134
##   P-value RMSEA <= 0.05                          0.131
##
## Standardized Root Mean Square Residual:
##
##   SRMR                                           0.053
##
## Parameter Estimates:
##
##   Standard errors                            Bootstrap
##   Number of requested bootstrap draws             1000
##   Number of successful bootstrap draws            1000
##
```

```
## Regressions:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##   stress ~
##     coa       (a)    0.451    0.070    6.432    0.000    0.451    0.331
##   emotion ~
##     coa       (e)    0.116    0.055    2.084    0.037    0.116    0.115
##   negaff ~
##     stress    (x)    0.246    0.093    2.644    0.008    0.246    0.175
##     emotion   (y)    0.553    0.116    4.747    0.000    0.553    0.290
##   peer ~
##     negaff    (z)    0.176    0.033    5.313    0.000    0.176    0.315
##
## Covariances:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##  .stress ~~
##    .emotion          0.112    0.018    6.158    0.000    0.112    0.350
##
## Variances:
##                    Estimate  Std.Err  z-value  P(>|z|)   Std.lv  Std.all
##    .stress           0.412    0.040   10.266    0.000    0.412    0.891
##    .emotion          0.249    0.017   14.348    0.000    0.249    0.987
##    .negaff           0.778    0.072   10.842    0.000    0.778    0.848
##    .peer             0.260    0.032    8.085    0.000    0.260    0.901
```

```r
semPaths(sem3v, "mod","par", col=rainbow(5), style="lisrel", layout = "tree2",curve=1.5,curvePivot = TRU
legend("topright", legend=c("Modelo de trayectoria: Reajustado"),col="blue",cex=1.1)
```



6. Interpretar efectos directos, indirectos, totales y concluir

Si se parte del segundo modelo teórico, es posible interpretar los efectos, como se menciona a continuación.