

Second-Order Growth Curve Example Syntax

Mplus

```
title: Newsom Longitudinal SEM Chapter 7, Example 7.6,  
      Latent Growth Curve Models;  
  
data: file=health.dat; format=free;  
  
variable:  
  names=  
    age  
    srh1 srh2 srh3 srh4 srh5 srh6  
    bmi1 bmi2 bmi3 bmi4 bmi5 bmi6  
    cesdna1 cesdpa1 cesdso1  
    cesdna2 cesdpa2 cesdso2  
    cesdna3 cesdpa3 cesdso3  
    cesdna4 cesdpa4 cesdso4  
    cesdna5 cesdpa5 cesdso5  
    cesdna6 cesdpa6 cesdso6  
    diab1 diab2 diab3 diab4 diab5 diab6;  
  
  usevariables=  
    cesdna1 cesdpa1 cesdso1  
    cesdna2 cesdpa2 cesdso2  
    cesdna3 cesdpa3 cesdso3  
    cesdna4 cesdpa4 cesdso4  
    cesdna5 cesdpa5 cesdso5  
    cesdna6 cesdpa6 cesdso6;  
  
analysis: type=general;  
model:  
!first loading is referent by default;  
!equality constraints on loading and intercepts omit for this example;  
  eta1 by cesdna1* (lambda1)  
  cesdpa1 (lambda2)  
  cesdso1 (lambda3);  
  eta2 by cesdna2* (lambda1)  
  cesdpa2 (lambda2)  
  cesdso2 (lambda3);  
  eta3 by cesdna3* (lambda1)  
  cesdpa3 (lambda2)  
  cesdso3 (lambda3);  
  eta4 by cesdna4* (lambda1)  
  cesdpa4 (lambda2)  
  cesdso4 (lambda3);  
  eta5 by cesdna5* (lambda1)  
  cesdpa5 (lambda2)  
  cesdso5 (lambda3);  
  eta6 by cesdna6* (lambda1)  
  cesdpa6 (lambda2)  
  cesdso6 (lambda3);  
  
[cesdna1] (nu1);  
[cesdpa1] (nu2);  
[cesdso1] (nu3);  
[cesdna2] (nu1);  
[cesdpa2] (nu2);  
[cesdso2] (nu3);  
[cesdna3] (nu1);  
[cesdpa3] (nu2);  
[cesdso3] (nu3);  
[cesdna4] (nu1);  
[cesdpa4] (nu2);  
[cesdso4] (nu3);  
[cesdna5] (nu1);  
[cesdpa5] (nu2);  
[cesdso5] (nu3);  
[cesdna6] (nu1);  
[cesdpa6] (nu2);
```

```
[cesdso6] (nu3);

i by eta1@1 eta2@1 eta3@1 eta4@1 eta5@1 eta6@1;
s by eta1@0 eta2@1 eta3@2 eta4@3 eta5@4 eta6@5;
i s;
i with s;
[i s];
[eta1-eta6@0];

cesdna1 with cesdna2 cesdna3 cesdna4 cesdna5 cesdna6;
cesdna2 with cesdna3 cesdna4 cesdna5 cesdna6;
cesdna3 with cesdna4 cesdna5 cesdna6;
cesdna4 with cesdna5 cesdna6;
cesdna5 with cesdna6;
cesdpa1 with cesdpa2 cesdpa3 cesdpa4 cesdpa5 cesdpa6;
cesdpa2 with cesdpa3 cesdpa4 cesdpa5 cesdpa6;
cesdpa3 with cesdpa4 cesdpa5 cesdpa6;
cesdpa4 with cesdpa5 cesdpa6;
cesdpa5 with cesdpa6;
cesdso1 with cesdso2 cesdso3 cesdso4 cesdso5 cesdso6;
cesdso2 with cesdso3 cesdso4 cesdso5 cesdso6;
cesdso3 with cesdso4 cesdso5 cesdso6;
cesdso4 with cesdso5 cesdso6;
cesdso5 with cesdso6;

model constraint:
    lambda1 = 3 - lambda2 - lambda3;
    nu1 = 0 - nu2 - nu3;

output: sampstat stdyx;
```

Lavaan¹

```
# everything following "#" is a comment.

#Importing health.dat without column names and then telling R to do column names using "names()"
function
#R needs to know what the column names are so it can use in computation

#title: Newsom Longitudinal SEM Chapter 7, Example 7.6e;

#First read the health.dat data into R and then create column headings - required for R, else it
will create V1, V2, ...

health1 <- read.table ("health.dat", header=FALSE)

names(health1) = c("age", "srh1", "srh2", "srh3", "srh4", "srh5", "srh6", "bmi1",
    "bmi2", "bmi3", "bmi4", "bmi5", "bmi6", "cesdna1", "cesdpa1", "cesdso1",
    "cesdna2", "cesdpa2", "cesdso2", "cesdna3", "cesdpa3", "cesdso3",
    "cesdna4", "cesdpa4", "cesdso4", "cesdna5", "cesdpa5", "cesdso5",
    "cesdna6", "cesdpa6", "cesdso6", "diab1", "diab2", "diab3", "diab4", "diab5",
    "diab6")

#####
# Chapter 7, Example 7.6e
#####

#lavaan model syntax

model7.6e <- '
    eta1 =~ NA*cesdna1 + (lambda1)*cesdna1 + (lambda2)*cesdpa1 +
    (lambda3)*cesdso1
    eta2 =~ NA*cesdna2 + (lambda1)*cesdna2 + (lambda2)*cesdpa2 + (lambda3)*cesdso2
    eta3 =~ NA*cesdna3 + (lambda1)*cesdna3 + (lambda2)*cesdpa3 + (lambda3)*cesdso3
    eta4 =~ NA*cesdna4 + (lambda1)*cesdna4 + (lambda2)*cesdpa4 + (lambda3)*cesdso4
```

¹ Thanks to Amanuel Zimam for developing this R code

```

eta5 =~ NA*cesdna5 + (lambda1)*cesdna5 + (lambda2)*cesdpa5 + (lambda3)*cesdso5
eta6 =~ NA*cesdna6 + (lambda1)*cesdna6 + (lambda2)*cesdpa6 + (lambda3)*cesdso6

#intercepts
cesdna1 ~ (nu1)*1
cesdpa1 ~ (nu2)*1
cesdso1 ~ (nu3)*1
cesdna2 ~ (nu1)*1
cesdpa2 ~ (nu2)*1
cesdso2 ~ (nu3)*1
cesdna3 ~ (nu1)*1
cesdpa3 ~ (nu2)*1
cesdso3 ~ (nu3)*1
cesdna4 ~ (nu1)*1
cesdpa4 ~ (nu2)*1
cesdso4 ~ (nu3)*1
cesdna5 ~ (nu1)*1
cesdpa5 ~ (nu2)*1
cesdso5 ~ (nu3)*1
cesdna6 ~ (nu1)*1
cesdpa6 ~ (nu2)*1
cesdso6 ~ (nu3)*1

#variances/covariances
cesdna1 ~~ cesdna2 + cesdna3 + cesdna4 + cesdna5 + cesdna6
cesdna2 ~~ cesdna3 + cesdna4 + cesdna5 + cesdna6
cesdna3 ~~ cesdna4 + cesdna5 + cesdna6
cesdna4 ~~ cesdna5 + cesdna6
cesdna5 ~~ cesdna6
cesdpa1 ~~ cesdpa2 + cesdpa3 + cesdpa4 + cesdpa5 + cesdpa6
cesdpa2 ~~ cesdpa3 + cesdpa4 + cesdpa5 + cesdpa6
cesdpa3 ~~ cesdpa4 + cesdpa5 + cesdpa6
cesdpa4 ~~ cesdpa5 + cesdpa6
cesdpa5 ~~ cesdpa6
cesdso1 ~~ cesdso2 + cesdso3 + cesdso4 + cesdso5 + cesdso6
cesdso2 ~~ cesdso3 + cesdso4 + cesdso5 + cesdso6
cesdso3 ~~ cesdso4 + cesdso5 + cesdso6
cesdso4 ~~ cesdso5 + cesdso6
cesdso5 ~~ cesdso6

i =~ 1*eta1 + 1*eta2 + 1*eta3 + 1*eta4 + 1*eta5 + 1*eta6
s =~ 0*eta1 + 1*eta2 + 2*eta3 + 3*eta4 + 4*eta5 + 5*eta6

i ~~ i
s ~~ s
i ~~ s

i ~ 1
s ~ 1

eta1 ~ 0*1
eta2 ~ 0*1
eta3 ~ 0*1
eta4 ~ 0*1
eta5 ~ 0*1
eta6 ~ 0*1

#model constraints

lambda1 == 3 - lambda2 - lambda3
(nu1) == 0 - (nu2) - (nu3) '

fitmodel7.6e <- growth(model7.6e, data=health1)

summary(fitmodel7.6e, fit.measures=TRUE, standardized=TRUE, rsquare=TRUE)

```

