

Taller 2 Regresión lineal Multiple

Andrés Felipe Palomino - David Stiven Rojas

2023-04-21

1 Introducción

La base de datos "yarn" obtenida de la librería (PLS) contiene información sobre espectros NIR y mediciones de densidad de hilos de PET, consta de 28 individuos (hilos de PET), 268 variables predictoras (NIRS) y una variable de respuesta (densidad). Se ajustará un modelo lineal múltiple para estimar la densidad del hilo PET, mediante mediciones NIR

```
#Importación de librerías necesarias
library(car)
library(glmnet)
library(MASS)
library(xtable)
library(lmtest)
library(readxl)
library(lmridge)
library(pls)
library(olsrr)
```

1.1 Base de datos

En la siguiente tabla se encuentra un encabezado de la base de datos que se trabajara, esta consta de 30 covariables predictoras, las cuales estarán desde NIR1 hasta NIR30. De primera mano se observa que los valores de los NIR disminuyen a medida que la covariable aumenta

```
X <- data.frame(matrix(c(yarn$NIR[,1:30],yarn$density),nrow =28, ncol= 31))
colnames(X) <- c(paste("NIR",1:30,sep=""),"density")
```

1.2 Funciones creadas

Antes de empezar con el proceso de seleccionar las variables para ajustar el modelo se crean funciones para optimizar el proceso de validación de supuestos, debido a que constantemente se deben realizar, estas funciones estan diseñadas para objetos lm.

```
##Validacion grafica para homocedasticidad y normalidad y pruebas formales
validaciongrafica<- function(model,cor=F){
```

```
  par(mfrow=c(1,2))
  plot(fitted.values(model),studres(model),panel.first=grid(),
```

```

    pch=19,ylab='Residuos Estudentizados',xlab='Valores ajustados',main='A',col='aquamarine4')
abline(h=c(-2,0,2),lty=2)
qqPlot(model,pch=19,ylab='Residuos Estudentizados',
        xlab='Cuantiles Teóricos',col=carPalette()[1],
        col.lines=carPalette()[3],main='B')
print('Shapiro Test; H0: Normalidad vs H1: No Normalidad')
print(shapiro.test(studres(model)))
print('Breusch Pagan Test;H0: Homocedasticidad vs H1: No Homocedasticidad')
print(bptest(model))
if(cor==T){
  par(mfrow=c(1,2))
  plot(studres(model),type="b",xlab="Tiempo",ylab="Residuos Estudentizados",main="A",
        pch=19,panel.first=grid())
  plot(studres(model)[-length(fitted.values(model))],
        studres(model)[-1],pch=19,panel.first = grid(),col="turquoise3",
        xlab=TeX("$Residuos_{t-1}$"),ylab=TeX("$Residuos_{t}$"),main="B")
  abline(lm(studres(model)[-1]~studres(model)[-length(fitted.values(model))]))
  print('Durbin Watson Test')
  print(durbinWatsonTest(model,
                          method='resample',reps=10000))
}
par(mfrow=c(1,1))
}

## Calculo de lambda optimo para boxcox
lambda<- function(model,a,b){
  par(mfrow=c(1,1))
  box.cox<-boxcox(model,lambda=seq(a,b,length.out = 1000),
                  ylab='log-verosimilitud')
  bc<-round(box.cox$x[box.cox$y ==max(box.cox$y)],2)
  print(bc)
}

```

2 Selección de variables

En el proceso de selección de variables se procede a realizar la Regresion de LASSO para identificar las posibles variables que tengan un aporte poco relevante, Por ultimo se ajustara el modelo cuyas variables tengan buenos indicadores y se pueda realizar corrección de supuestos

2.1 Regresión de LASSO

Este es un método de regularización que se implementa cuando se tiene muchas covariables disponibles y se cree que pocas tienen un aporte relevante.

Se asume el modelo de regresión usual, donde :

$$E(y|x)=X^T\beta, \text{ y } V(y|x)=\sigma^2$$

Donde se asume que algunos β son cero. El objetivo del estimador es seleccionar los coeficientes que tienen valores diferentes de cero. El cual se obtiene minimizando la siguiente expresión:

$$S_{lasso}(\beta) = \sum_{i=1}^n (y_i - x^T \beta)^2 + \lambda \sum_{j=1}^{p-1} |\beta_j|$$

Esta es la suma de cuadrados del estimador por MCO más una penalización (λ), a la suma del valor absoluto de los coeficientes. A medida que λ aumenta la penalización tendrá mas peso sobre la estimación de los coeficientes, es decir que si la penalización es muy grande, todas las estimaciones serán cero. No hay solución analítica para $\hat{\beta}_{lasso}$ por lo que se usan algoritmos para la estimación, como lo es la función de `glmnet` de la librería `glmnet`.

2.1.1 Modelo a realizar regresión LASSO

Como se estableció anteriormente, se asume un modelo de regresión usual, el cual debe cumplir los siguientes supuestos: $E(y|x) = x^T \beta$, y $V(y|x) = \sigma^2$, es decir, varianza constante y $E(\varepsilon) = 0$. Por ende es necesario proponer un modelo con $p < n$, en el cual se eliminarán las variables con menor correlación con la variable `density`. Dicho modelo se expresa a continuación y se evalúan los supuestos:

```
model <- lm(density ~ .-NIR1-NIR8-NIR9-NIR10-NIR11-NIR7, data=X)
car::vif(model)[1:5]
```

```
##      NIR2      NIR3      NIR4      NIR5      NIR6
## 1664.742 39841.316 361180.516 623252.841 254014.085
```

```
car::vif(model)[6:10]
```

```
##      NIR12      NIR13      NIR14      NIR15      NIR16
## 8859706 76280654 79779619 53664079 80678703
```

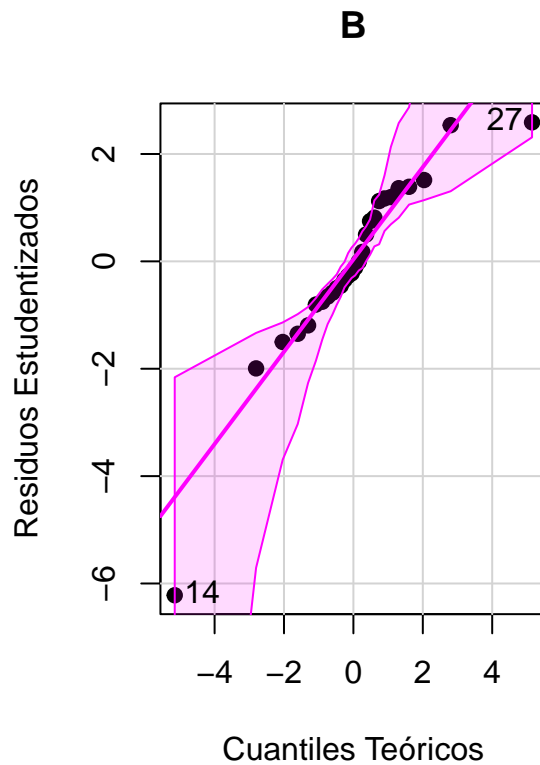
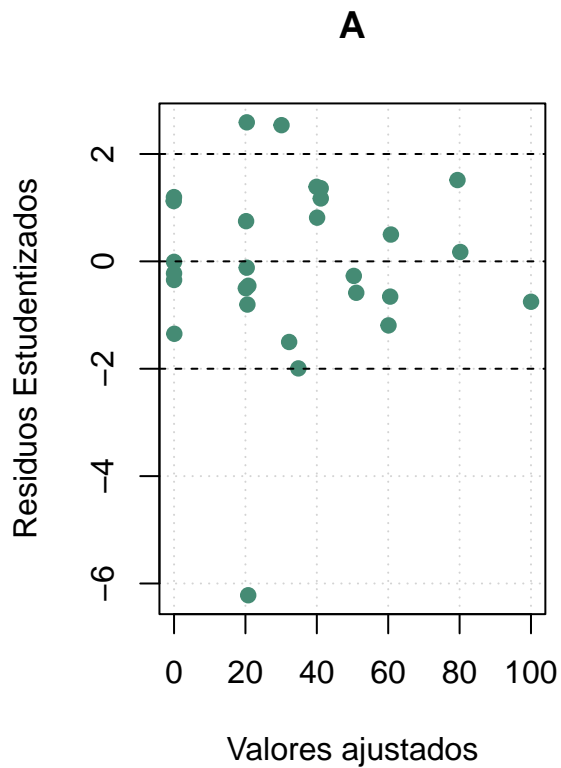
```
car::vif(model)[11:16]
```

```
##      NIR17      NIR18      NIR19      NIR20      NIR21      NIR22
## 99398953 163539741 308758563 360036341 277176909 369337378
```

```
car::vif(model)[17:24]
```

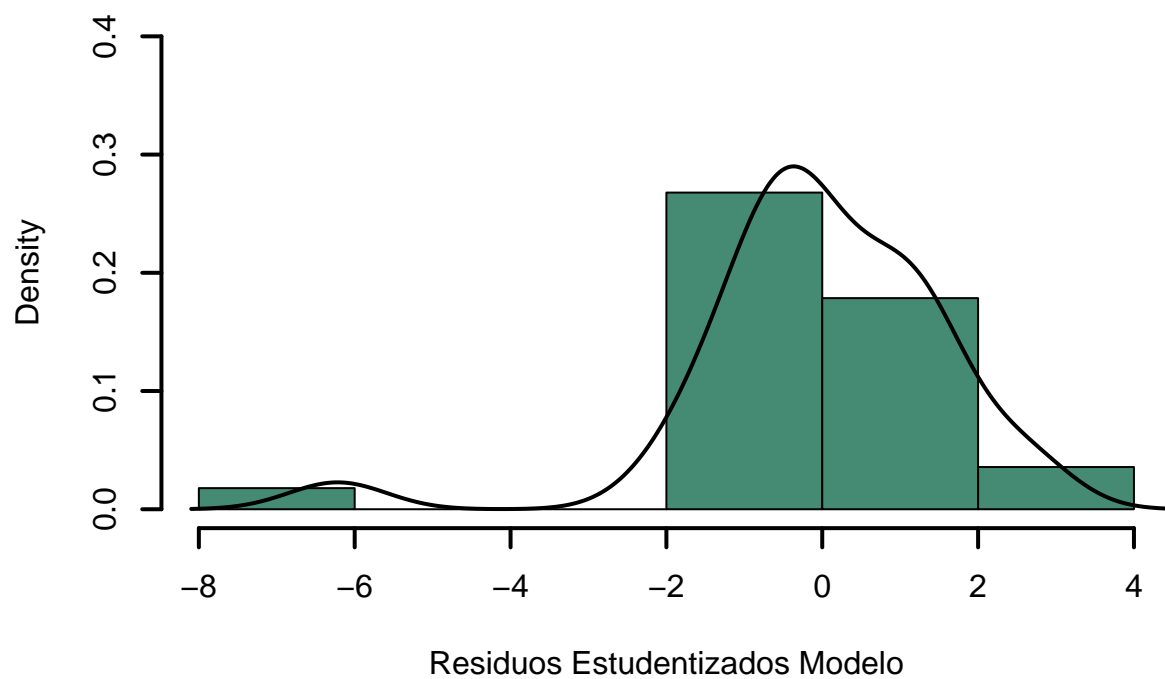
```
##      NIR23      NIR24      NIR25      NIR26      NIR27      NIR28      NIR29      NIR30
## 475476287 461114938 385039631 205007476 70428412 37122355 20001842 1522304
```

```
validaciongrafica(model)
```



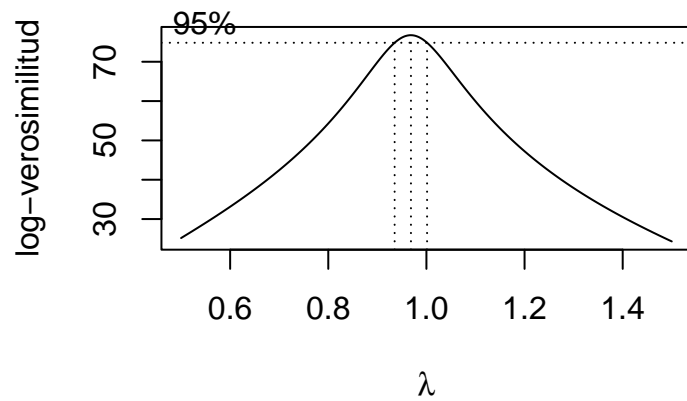
```
## [1] "Shapiro Test; H0: Normalidad vs H1: No Normalidad"
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  studres(model)
## W = 0.86458, p-value = 0.001868
##
## [1] "Breusch Pagan Test;H0: Homocedasticidad vs H1: No Homocedasticidad"
##
##  studentized Breusch-Pagan test
##
## data:  model
## BP = 27.288, df = 24, p-value = 0.2912
```

```
hist(studres(model),lwd=2,col='aquamarine4',freq=F,ylim=c(0,0.4),
     xlab='Residuos Estudentizados Modelo',main='')
lines(density(studres(model)),lwd=2,col='black')
```



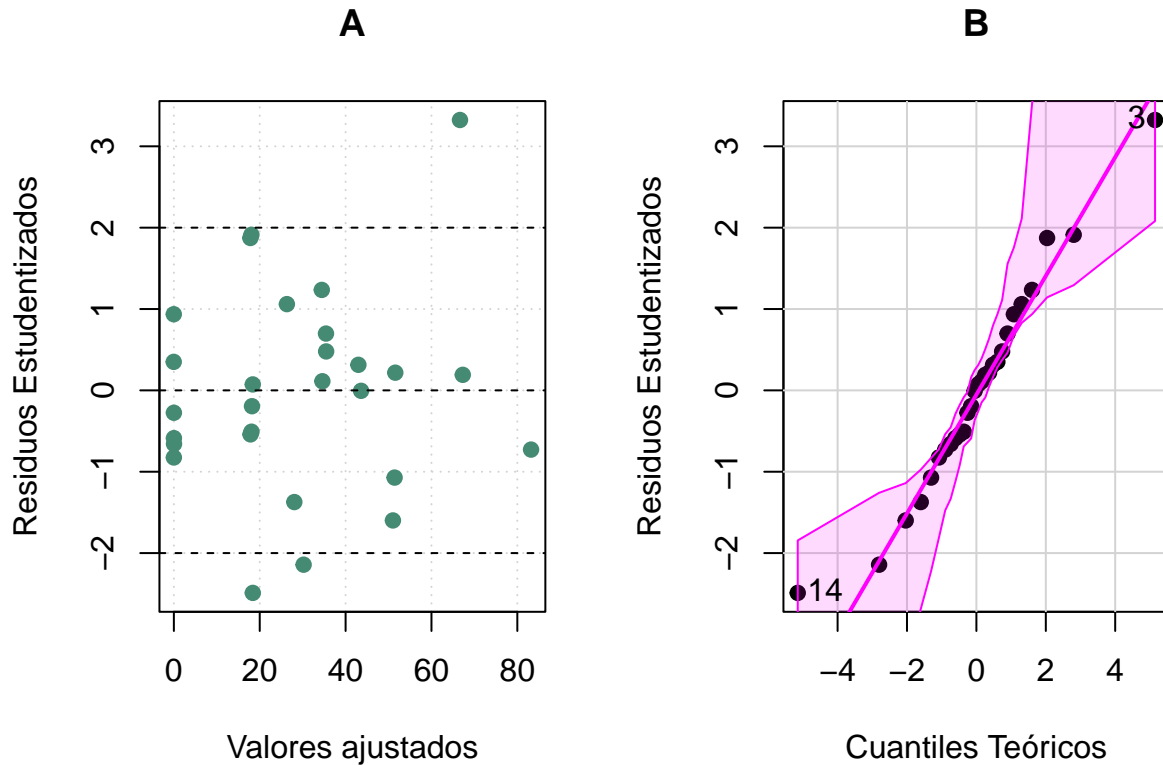
Como no se cumple el supuesto de normalidad se procede a corregir mediante el metodo de BoxCox y se verifica el cumplimiento de los mismos.

```
model <- lm(density+0.01 ~ .-NIR1-NIR8-NIR9-NIR10-NIR11-NIR7, data=X)
lambda(model,0.5,1.5)
```



```
## [1] 0.97
```

```
model.box <- lm(I(density^0.96) ~.-NIR1-NIR8-NIR9-NIR10-NIR11-NIR7,data=X)
validaciongrafica(model.box)
```



[1] “Shapiro Test; H0: Normalidad vs H1: No Normalidad”

Shapiro-Wilk normality test

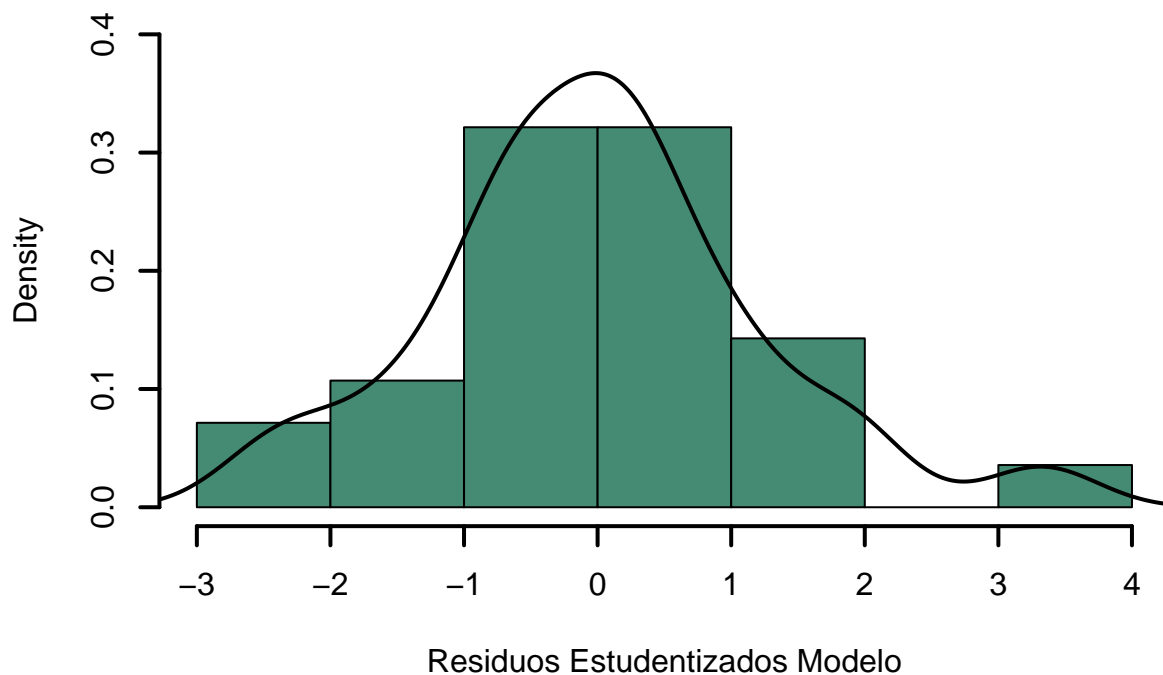
data: studres(model) W = 0.97774, p-value = 0.7934

[1] “Breusch Pagan Test;H0: Homocedasticidad vs H1: No Homocedasticidad”

studentized Breusch-Pagan test

data: model BP = 23.94, df = 24, p-value = 0.4651

```
hist(studres(model.box),lwd=2,col='aquamarine4',
freq=F,ylim=c(0,0.4),xlab='Residuos Estudentizados Modelo',main='')
lines(density(studres(model.box)),lwd=2,col='black')
```



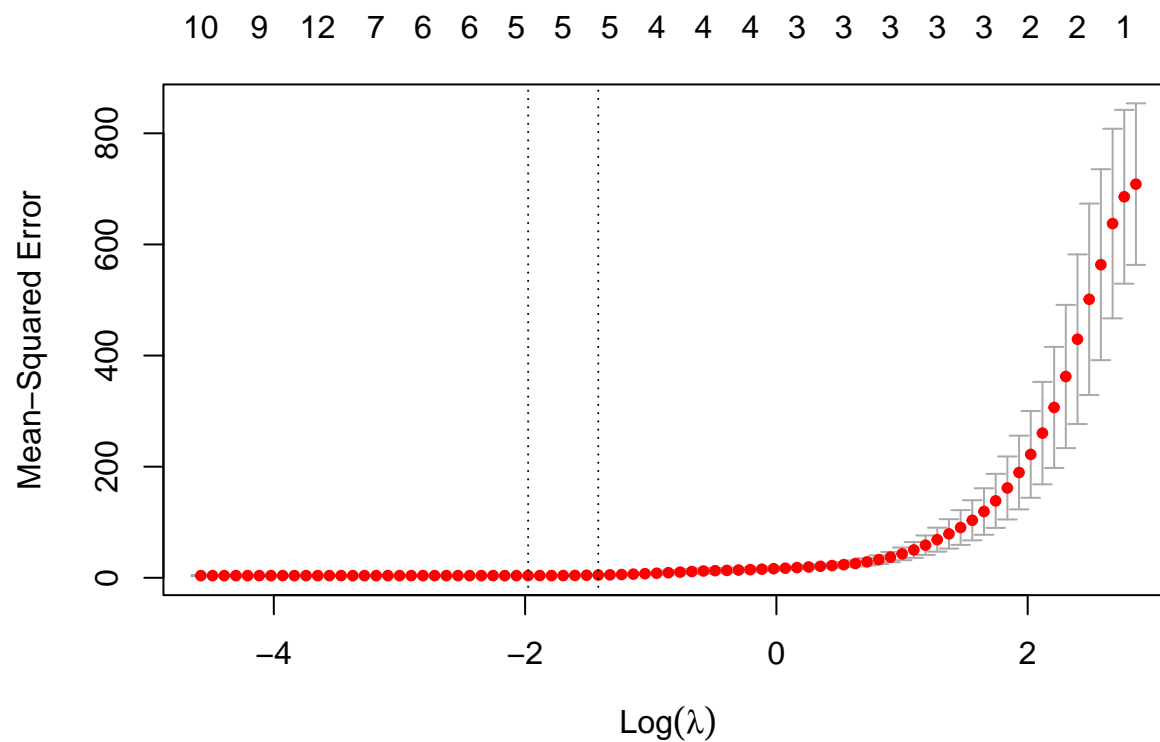
Ya con los requerimientos necesarios para realizar regresión de LASSO se procede a calcular el valor de λ óptimo mediante la validación cruzada

2.1.2 Validación cruzada

Es un método para evaluar que tan bueno es un modelo para predecir observaciones futuras de la población objeto de estudio. La muestra se divide en dos grupos:

- Entrenamiento: Se usa para ajustar el modelo.
- Validación: Se utiliza para validar el modelo ajustado.

```
X.<-model.matrix(model.box)[-1]
lasso.cv <-cv.glmnet(X., X$density, nfolds = 4, alpha = 1,
                    nlambda = 100)
plot(lasso.cv)
```



```
est = glmnet(X., X$density, alpha = 1, lambda = lasso.cv$lambda.1se)
est$beta
```

```
## 24 x 1 sparse Matrix of class "dgCMatrix"
##           s0
## NIR2    -8.445740
## NIR3      .
## NIR4      .
## NIR5      .
## NIR6    87.063016
## NIR12     .
## NIR13     .
## NIR14     .
## NIR15     .
## NIR16     .
## NIR17     .
## NIR18  -4.940952
## NIR19     .
## NIR20     .
## NIR21     .
## NIR22     .
## NIR23     .
## NIR24     .
## NIR25     .
## NIR26     .
## NIR27     .
```



```
## NIR28 -90.162020
## NIR29 -46.020358
## NIR30 .
```

La selección de variables por medio del estimador LASSO son: NIR2, NIR6, NIR18, NIR28, NIR29. Con-
siguiente a eso se procede a realizar una prueba sobre subconjuntos para evaluar si podemos eliminar NIR29
para disminuir problemas de multicolinealidad.

2.2 Suma extra de cuadrados

Sirve para probar la significancia de un subconjunto de coeficientes.

Se tiene el siguiente modelo:

$$y = X\beta + \varepsilon$$

donde $\beta = \begin{bmatrix} \beta_1 \\ \beta_2 \end{bmatrix}$

donde β_1 es un vector (p-r)x1 y β_2 es un vector rx1 , se quiere evaluar la siguiente hipotesis:

$$H_0 : \beta_2 = 0 \text{ vs } H_1 : \beta_2 \neq 0$$

Se tienen los siguientes modelos: Modelo completo : $y = X_1\beta_1 + X_2\beta_2 + \varepsilon$

$$SCR(B) = y^T (H - \frac{1}{n} 11^T) y$$

Modelo reducido : $y = X_1\beta_1 + \varepsilon$

$$SCR(B_1) = y^T (H_1 - \frac{1}{n} 11^T) y$$

La suma de cuadrados de la regresión debida a β_2 dado que β_1 ya esta en el modelo es:

$$SSR(\beta_2|\beta_1) = SSR(\beta) - SSR(\beta_1)$$

Conocida como suma extra de cuadrados debido a β_2 , y dado que queremos probar $H_0 : \beta_2 = 0$ se construye
el siguiente estadístico.

$$F_0 = \frac{\frac{SSR(\beta_2|\beta_1)}{r}}{\frac{SE}{n-p}}$$

Si H_0 es cierta entonces $F_0 \sim F_{r,n-p}$

Se realiza la respectiva prueba con la funcion anova, asumiendo que el modelo reducido es el β_5 asociado al
NIR29

```
model.lasso1 <- lm(density~NIR2+NIR6+NIR18+NIR28+NIR29,data=X)
model.lasso2 <- lm(density~NIR2+NIR6+NIR18+NIR28,data=X)
anova(model.lasso2,model.lasso1)
```

```
## Analysis of Variance Table
##
## Model 1: density ~ NIR2 + NIR6 + NIR18 + NIR28
## Model 2: density ~ NIR2 + NIR6 + NIR18 + NIR28 + NIR29
##   Res.Df    RSS Df Sum of Sq    F Pr(>F)
## 1      23 31.435
## 2      22 30.610   1   0.82493 0.5929 0.4495
```

```
car::vif(model.lasso1)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28      NIR29
##  3.766765  5.643206 36.089199 269.277707 304.968458
```

```
car::vif(model.lasso2)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28
##  2.967327  4.203285 31.085734 26.983026
```

3 Modelo de regresión multiple

Con base en el proceso de selección de variables se ajusta el siguiente modelo y se realiza la respectiva validación de supuestos:

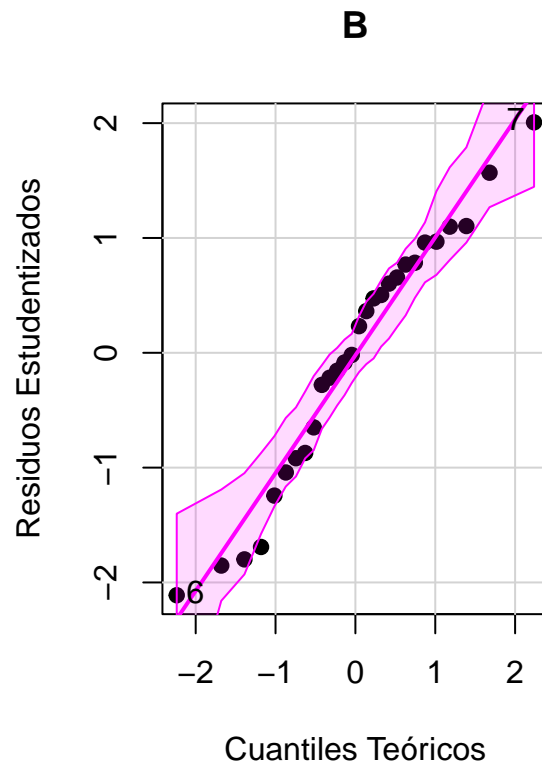
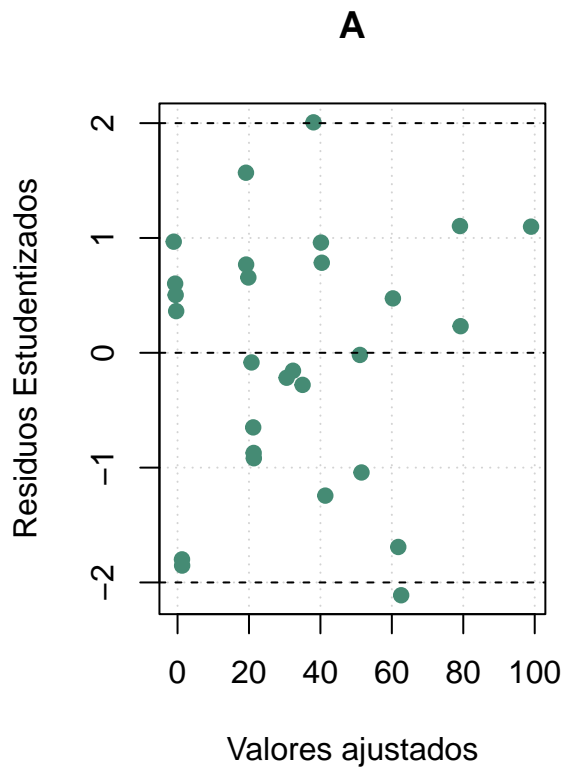
```
model.lasso1<- lm(density~NIR2+NIR6+NIR18+NIR28,data=X)
summary(model.lasso1)
```

```
##
## Call:
## lm(formula = density ~ NIR2 + NIR6 + NIR18 + NIR28, data = X)
##
## Residuals:
##      Min       1Q   Median       3Q      Max
## -2.1312 -0.9776  0.1102  0.8381  2.0416
##
## Coefficients:
##              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
## (Intercept)   29.389     10.712   2.744  0.0116 *
## NIR2          -26.257     3.892  -6.747 6.99e-07 ***
## NIR6           96.140     1.741  55.211 < 2e-16 ***
## NIR18          -9.055     1.905  -4.753 8.62e-05 ***
## NIR28         -109.939     5.818 -18.896 1.66e-15 ***
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Residual standard error: 1.169 on 23 degrees of freedom
## Multiple R-squared:  0.9984, Adjusted R-squared:  0.9981
## F-statistic: 3584 on 4 and 23 DF,  p-value: < 2.2e-16
```

```
car::vif(model.lasso1)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28
##  2.967327  4.203285 31.085734 26.983026
```

```
validaciongrafica(model.lasso1)
```

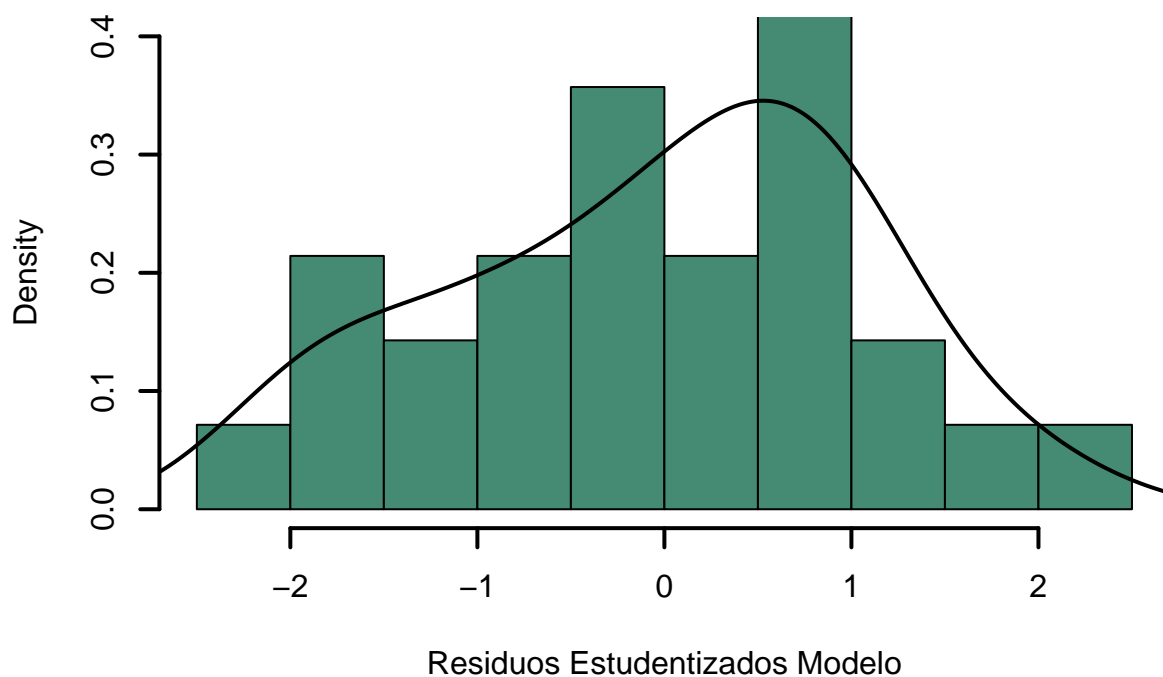


```
## [1] "Shapiro Test; H0: Normalidad vs H1: No Normalidad"
##
##  Shapiro-Wilk normality test
##
## data:  studres(model)
## W = 0.96468, p-value = 0.4471
##
## [1] "Breusch Pagan Test;H0: Homocedasticidad vs H1: No Homocedasticidad"
##
##  studentized Breusch-Pagan test
##
## data:  model
## BP = 1.6317, df = 4, p-value = 0.8031
```

```
car::vif(model.lasso1)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18     NIR28
## 2.967327 4.203285 31.085734 26.983026
```

```
hist(studres(model.lasso1),lwd=2,col='aquamarine4',
freq=F,ylim=c(0,0.4),xlab='Residuos Estudentizados Modelo',main='')
lines(density(studres(model.lasso1)),lwd=2,col='black')
```



3.1 Identificación de puntosa atípicos e influyentes

Para esto utilizaremos la función `influence.measures()`

```
influence.measures(model.lasso1)$infmat[, -1]
```

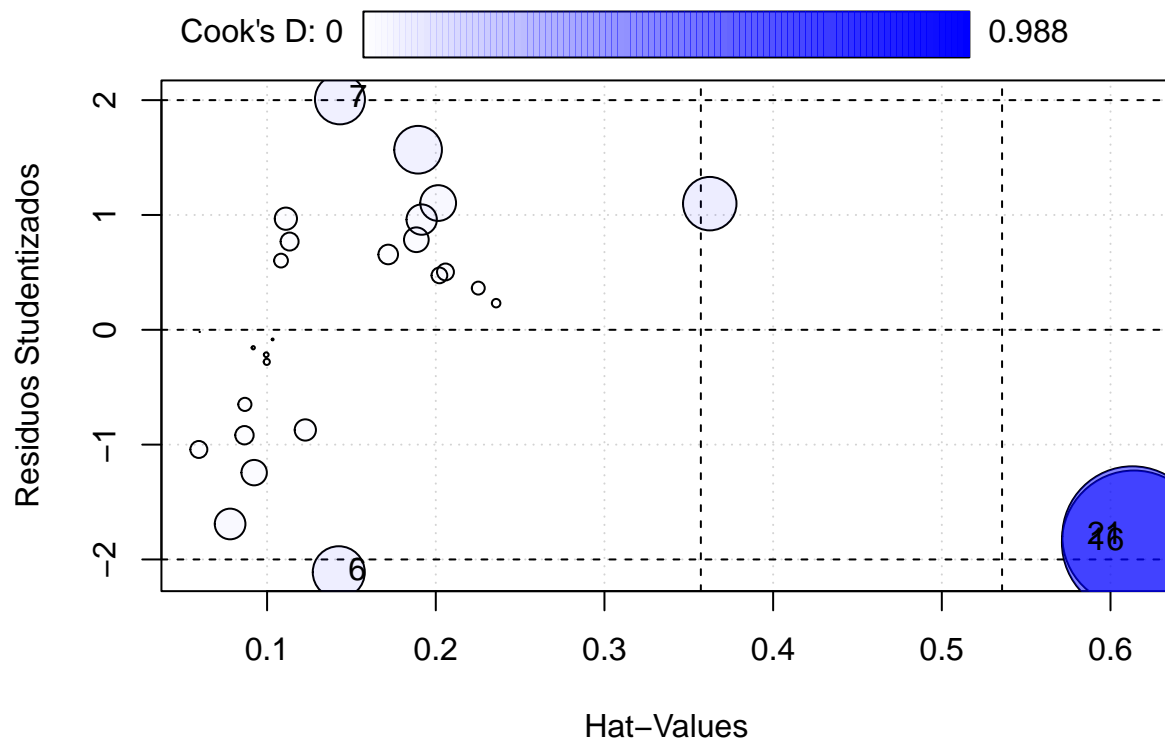
##	dfb.NIR2	dfb.NIR6	dfb.NIR1	dfb.NIR28	dffit	cov.r
## 1	-0.373394566	0.6496848240	-0.331772536	0.184113316	0.828264429	1.4997618
## 2	-0.305492910	0.3720578646	0.073404994	-0.157310694	0.554365040	1.1944235
## 3	-0.019231535	0.0750594731	-0.081707189	0.061293691	0.128782237	1.6143881
## 4	-0.106547754	0.0838881352	0.142356089	-0.158122212	0.238509612	1.4878645
## 5	0.074553155	-0.1793449266	-0.047690711	0.118053390	-0.492162405	0.7352324
## 6	-0.191413380	-0.0858801572	0.403910765	-0.282271360	-0.860714944	0.5788966
## 7	-0.167776877	0.1601914874	0.433679945	-0.401078719	0.820454554	0.6288836
## 8	-0.069030633	0.0884179635	-0.268936383	0.265910872	-0.396733876	0.9794717
## 9	0.306437652	-0.1573248360	-0.132526148	0.132848593	0.377972302	1.3407617
## 10	0.271697306	-0.1981032511	-0.170864580	0.147302866	0.467326908	1.2584910
## 11	-0.157527270	0.1499879881	0.006592832	0.017816423	0.298765048	1.3687873
## 12	0.038781596	0.0435008484	-0.218669684	0.188489125	-0.326187278	1.2009151
## 13	-0.131949786	0.1833351054	-0.155967107	0.129606661	-0.282701090	1.1329332
## 14	-0.016192687	0.0213626824	-0.003712707	0.002586270	-0.028522311	1.3905338
## 15	0.157449597	-0.3162571007	-0.207031055	0.193692160	0.758360671	0.9070889
## 16	0.170444545	-0.9628595573	1.795953591	-1.991921206	-2.336700639	1.5662380
## 17	-0.012587784	0.0453219738	-0.099683412	0.126128085	0.195758464	1.5644498

```
## 18 -0.003506908 -0.0381099029 0.003559217 0.032787471 0.209923969 1.2904872
## 19 -0.061830397 -0.1112793632 0.061394764 -0.019920811 0.342151199 1.1407321
## 20 -0.100782895 -0.0516699098 0.034376668 -0.024073454 0.256303217 1.4848636
## 21 1.547939289 -0.3340483842 -0.015071485 0.067136669 -2.264225545 1.6244314
## 22 -0.000733778 -0.0003063477 -0.001200355 0.001528885 -0.004712816 1.3286357
## 23 -0.062384588 0.0207989090 -0.041460498 0.068343148 -0.262229787 1.0436235
## 24 -0.019265307 0.0171498437 -0.026120275 0.022702022 -0.049700844 1.3675029
## 25 -0.065310959 0.0562803062 -0.034684395 0.031194744 -0.092996640 1.3630398
## 26 -0.046421805 0.0530560130 -0.020592018 0.019655727 -0.072195305 1.3720953
## 27 0.009424286 0.0351500667 -0.115781227 0.095327904 -0.200308770 1.2437138
## 28 0.213025445 -0.2025624490 0.018407942 0.004972384 0.274777337 1.2338010
##      cook.d      hat
## 1 1.359813e-01 0.36242057
## 2 6.088590e-02 0.20142292
## 3 3.459292e-03 0.23577992
## 4 1.177436e-02 0.20216121
## 5 4.481989e-02 0.07807664
## 6 1.288001e-01 0.14249406
## 7 1.189678e-01 0.14319400
## 8 3.074773e-02 0.09232509
## 9 2.905892e-02 0.18848578
## 10 4.382906e-02 0.19164343
## 11 1.830555e-02 0.17180913
## 12 2.150305e-02 0.12266013
## 13 1.609381e-02 0.08659086
## 14 1.700455e-04 0.10329971
## 15 1.081585e-01 0.18951329
## 16 9.875246e-01 0.61389878
## 17 7.964918e-03 0.22520021
## 18 9.064674e-03 0.10826245
## 19 2.347849e-02 0.11113378
## 20 1.357895e-02 0.20575666
## 21 9.344561e-01 0.61296861
## 22 4.643968e-06 0.06009151
## 23 1.370158e-02 0.05954171
## 24 5.159177e-04 0.09178965
## 25 1.801908e-03 0.09981384
## 26 1.087484e-03 0.09948725
## 27 8.231598e-03 0.08683178
## 28 1.537417e-02 0.11334702
```

```
#Puntos de Balanceo, Influyentes y Atípicos
```

```
par(mfrow=c(1,1))
```

```
influencePlot(model.lasso1,panel.first=grid(),ylab='Residuos Studentizados')
```



```
##      StudRes      Hat      CookD
## 6  -2.111444 0.1424941 0.1288001
## 7   2.006935 0.1431940 0.1189678
## 16 -1.853127 0.6138988 0.9875246
## 21 -1.799176 0.6129686 0.9344561
```

Dónde observamos que las observaciones 16,21 son influyentes a nuestro modelo y las 6,7 atípicas. Los puntos dentro de la base de datos lucen así y procedemos a ilustrarlos para que cuando un experto en el tema pueda considerarlos y evaluar si fueron errores de mediciones o que ocurre realmente con ellos.

```
X[c(6,7,16,21),c(2,6,18,28,31)]
```

```
##      NIR2  NIR6  NIR18  NIR28  density
## 6  3.0849 2.5089 1.1999 1.0562   60.48
## 7  3.1372 2.9268 2.8934 1.4930   40.10
## 16 3.1229 2.9345 3.3254 1.8021    0.00
## 21 2.6803 1.8602 1.3031 1.1352    0.00
```

A pesar de que evidenciamos claras mejoras en los problemas de multicolinealidad dada la selección de variables, procederemos a realizar la regresión de ridge que propone la siguiente estimación:

```
# Regresión ridge
K = seq(from=0,to=2,length.out = 1000)
ridgedensity = lmridge(density~NIR2+NIR6+NIR18+NIR28,
```

```

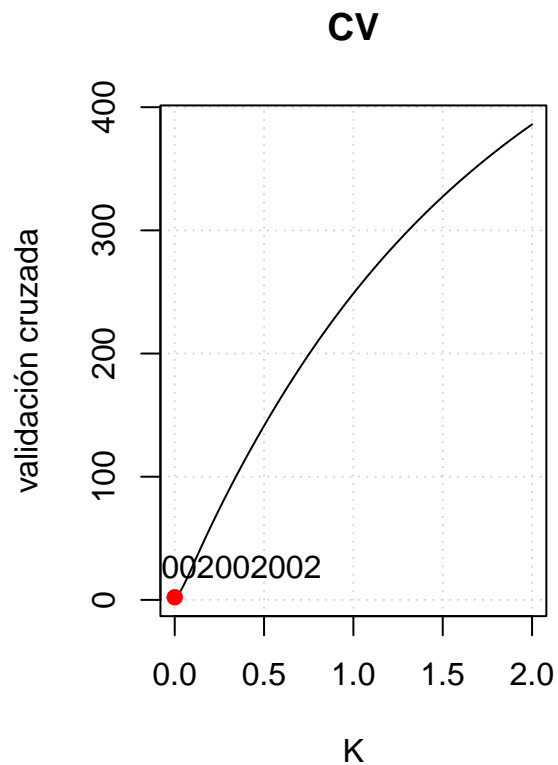
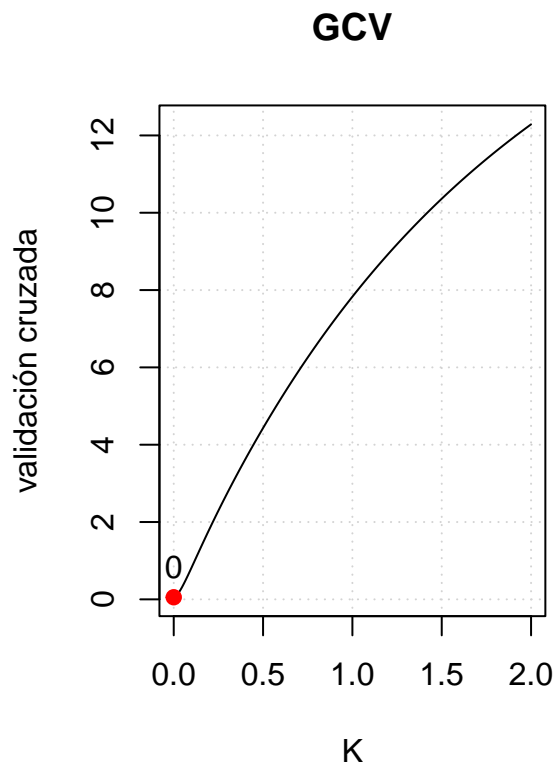
data=X,K=K,scaling='sc')

#####
criterios<- kest(ridgedensity)
criterios

## Ridge k from different Authors
##
##
## k values
## Minimum CV at K          0.00000
## Minimum GCV at K         0.00000
## Thisted (1976):          0.00008
## LW (lm.ridge)             0.00374
## LW (1976)                 0.00027
## HKB (1975)                0.00016
## Dwividi & Srivastava (1978): 0.00004
## Kibria (2003) (AM)        0.00216
## Kibria 2003 (GM):         0.00046
## Kibria 2003 (MED):        0.00044
## Muniz et al. 2009 (KM2):  110.61039
## Muniz et al. 2009 (KM3):  0.08692
## Muniz et al. 2009 (KM4):  46.46118
## Muniz et al. 2009 (KM5):  0.02152
## Muniz et al. 2009 (KM6):  69.37817
## Mansson et al. 2012 (KMN8): 110.65147
## Mansson et al. 2012 (KMN9): 0.08408
## Mansson et al. 2012 (KMN10): 46.90013
## Mansson et al. 2012 (KMN11): 0.02132
## Mansson et al. 2012 (KMN12): 69.46417
## Dorugade et al. 2010:      0.00000
## Dorugade et al. 2014:      0.02584

par(mfrow=c(1,2))
plot(K,criterios$GCV,panel.first=grid(),type='l',xlab='K',ylab='validación cruzada',main='GCV')
points(K[criterios$GCV==min(criterios$GCV)],
       criterios$GCV[criterios$GCV==min(criterios$GCV)],
       pch=19,col='red1')
text(K[criterios$GCV==min(criterios$GCV)],
     criterios$GCV[criterios$GCV==min(criterios$GCV)],
     labels=paste(K[1]),pos=3)
#####
plot(K,criterios$CV,panel.first=grid(),type='l',xlab='K',ylab='validación cruzada',main='CV')
points(K[criterios$CV==min(criterios$CV)],
       criterios$CV[criterios$CV==min(criterios$CV)],
       pch=19,col='red1')
text(K[criterios$CV==min(criterios$CV)],
     criterios$CV[criterios$CV==min(criterios$CV)],
     labels=paste(K[2]),pos=3)

```



```
#####
lambda<-c(K[criterios$GCV==min(criterios$GCV)],
          K[criterios$CV==min(criterios$CV)])
lambda
```

```
## [1] 0 0
```

```
#####
ridgedensity<-lmridge(density~NIR2+NIR6+NIR18+NIR28,
                      data=X,K=0.01,scaling='sc')
summary(ridgedensity)
```

```
##
## Call:
## lmridge.default(formula = density ~ NIR2 + NIR6 + NIR18 + NIR28,
## data = X, K = 0.01, scaling = "sc")
##
##
## Coefficients: for Ridge parameter K= 0.01
##      Estimate Estimate (Sc) StdErr (Sc) t-value (Sc) Pr(>|t|)
## Intercept    4.4054    -45.9862   16.1287    -2.8512   0.0089 **
## NIR2        -18.4144     -9.5288    2.2346    -4.2641   0.0003 ***
## NIR6         93.1911    128.2731    2.5280    50.7405   <2e-16 ***
## NIR18        -12.0153    -41.1087    4.8468    -8.4815   <2e-16 ***
## NIR28        -98.6616   -102.9801    4.5424   -22.6706   <2e-16 ***
```



```
## ---
## Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1
##
## Ridge Summary
##      R2      adj-R2    DF ridge      F      AIC      BIC
##    0.96830    0.96440    3.56407 2628.64660    20.40490   118.45470
## Ridge minimum MSE= 329.5864 at K= 0.01
## P-value for F-test ( 3.56407 , 24.13811 ) = 4.389333e-31
## -----
```

```
vif.lmridge(ridgedensity)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28
## k=0.01 2.67937 3.42909 12.60473 11.07122
```

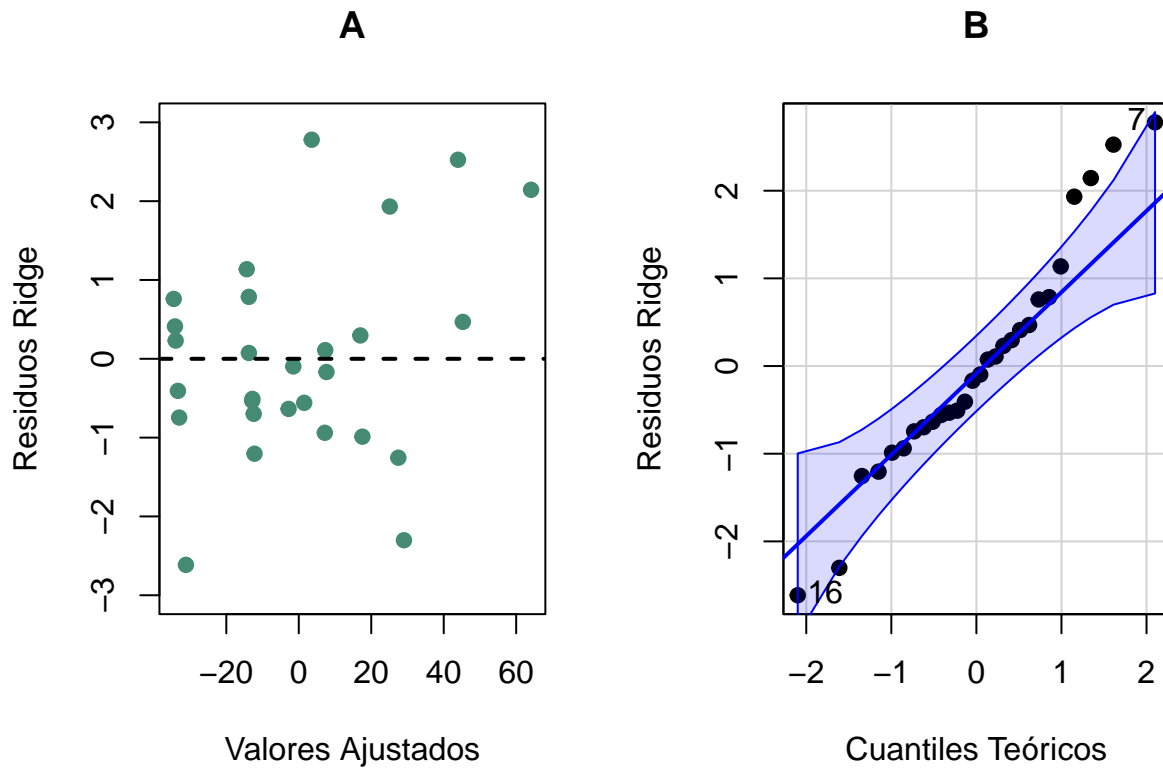
```
car::vif(model.lasso1)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28
## 2.967327 4.203285 31.085734 26.983026
```

```
lmridge::vif.lmridge(ridgedensity)
```

```
##      NIR2      NIR6      NIR18      NIR28
## k=0.01 2.67937 3.42909 12.60473 11.07122
```

```
par(mfrow=c(1,2))
plot(fitted.values(ridgedensity),residuals(ridgedensity),pch=19,
     ylab='Residuos Ridge',xlab='Valores Ajustados',main='A',col="aquamarine4",
     ylim=c(-3,3))
abline(h=0,lwd=2,lty=2)
car::qqPlot(residuals(ridgedensity),xlab="Cuantiles Teóricos",ylab="Residuos Ridge",main="B",pch=19)
```



```
## [1] 7 16
```

```
print('H0: Homocedasticidad vs H1: No hay homocedasticidad')
```

```
## [1] "H0: Homocedasticidad vs H1: No hay homocedasticidad"
```

```
bptest(ridgedensity)
```

```
##
## studentized Breusch-Pagan test
##
## data: ridgedensity
## BP = 1.6317, df = 4, p-value = 0.8031
```

```
print('H0: Normalidad vs H1: No Normalidad')
```

```
## [1] "H0: Normalidad vs H1: No Normalidad"
```

```
shapiro.test(residuals(ridgedensity))
```

```
##
## Shapiro-Wilk normality test
##
## data: residuals(ridgedensity)
## W = 0.96141, p-value = 0.3764
```

```

par(mfrow=c(1,1))
hist(residuals(ridgedensity),lwd=2,col='aquamarine4',
freq=F,ylim=c(0,0.4),xlab='Residuos Estudentizados Modelo',main='')
lines(density(residuals(ridgedensity)),lwd=2,col='black')
abline(h=0,lty=2,lwd=2)

```

