

DIAGNÓSTICO DE RESÍDUOS

Teste de LM ou Breusch-Godfrey

Considere:

$$\hat{\varepsilon}_t = \beta_1 \hat{\varepsilon}_{t-1} + \beta_2 \hat{\varepsilon}_{t-2} + \dots + \beta_h \hat{\varepsilon}_{t-h} + \mu_t$$

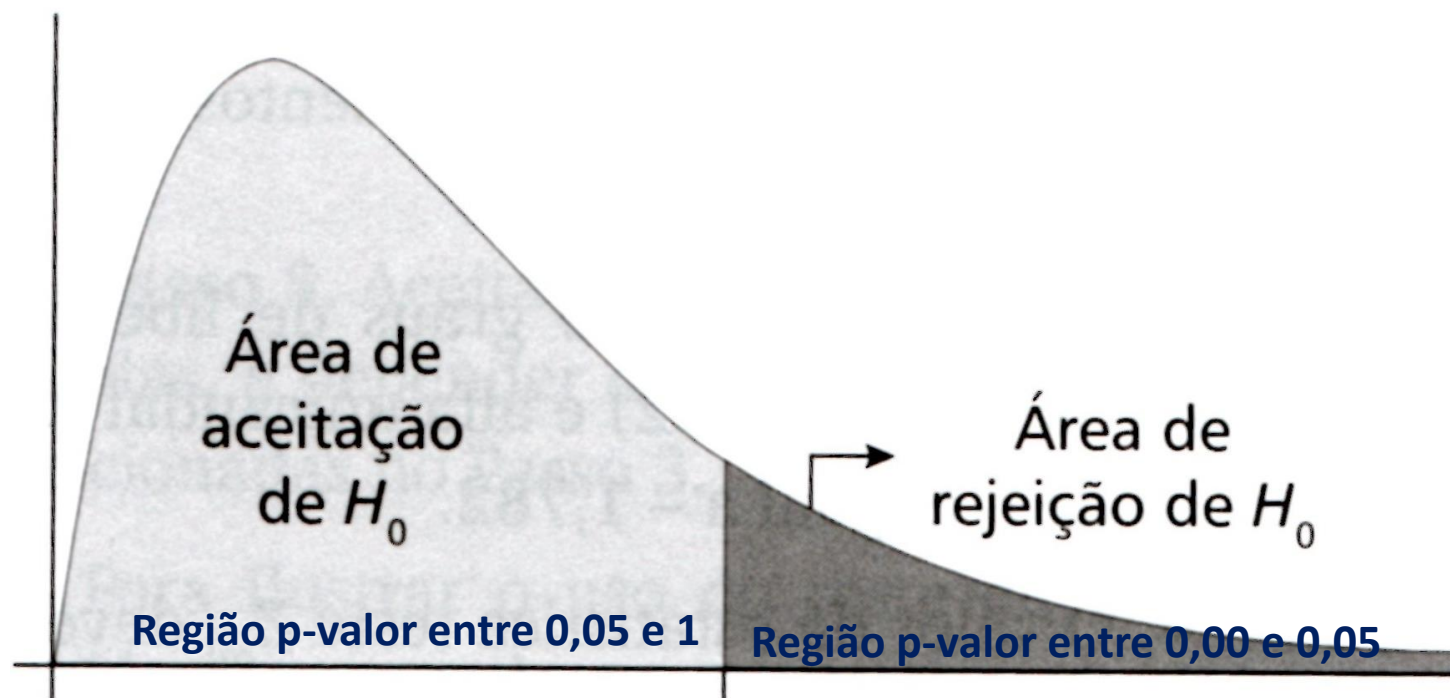
Teste:

$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_h = 0$$
$$H_1: \beta_1 \neq 0 \text{ ou } \beta_2 \neq 0 \dots \beta_h \neq 0$$

$$LM_h = R^2 \xrightarrow{d} \chi^2_h$$

H_0 : não há autocorrelação entre os resíduos

H_1 : há autocorrelação entre os resíduos



Se o valor-p > 0,05 não rejeitaremos a hipótese nula de que não há autocorrelação.

Se o valor-p < 0,05 rejeitaremos a hipótese nula de que não há autocorrelação

O teste ARCH-LM serve para testar presença de heterocedasticidade no modelo.

Considere:

$$\hat{\varepsilon}_t = \beta_1 \hat{\varepsilon}_t^2 + \beta_2 \hat{\varepsilon}_{t-1}^2 + \dots + \beta_h \hat{\varepsilon}_{t-h}^2 + \mu_t$$

Teste:

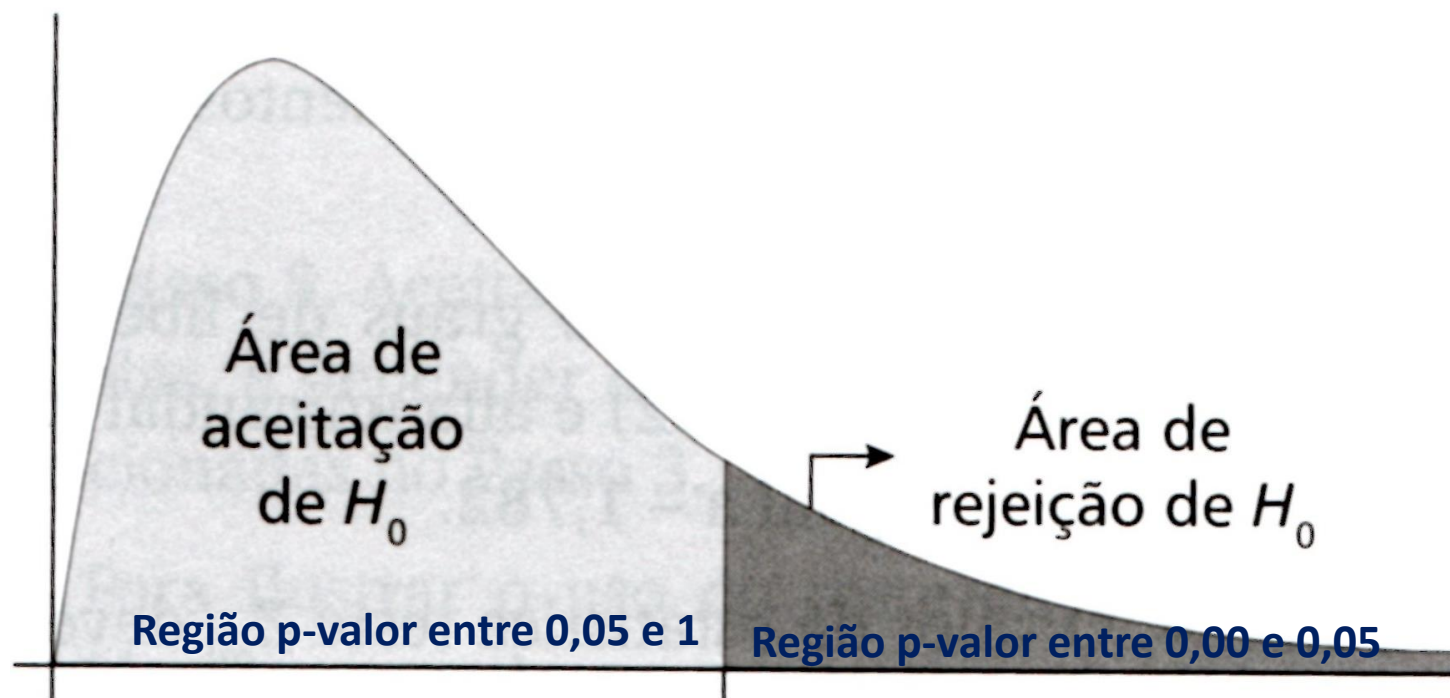
$$H_0: \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_h = 0$$

$$H_1: \beta_1 \neq 0 \text{ ou } \beta_2 \neq 0 \dots \beta_h \neq 0$$

$$ARCH - LM_h = R^2 \xrightarrow{d} \chi^2_h$$

H_0 : não há heterocedasticidade

H_1 : há heterocedasticidade



Se o valor-p > 0,05 não rejeitaremos a hipótese nula de que não há heterocedasticidade.

Se o valor-p < 0,05 rejeitaremos a hipótese nula de que não há heterocedasticidade

O teste de erro de especificação ,RESET, testa a presença de não linearidades na série.

Considere:

$$y = \phi_1 y_{t-1} + \dots + \phi_h y_{t-h} + \varphi_1 y_t^2 + \varphi_2 y_t^3 + \dots + \varphi_h y_t^j + v_t$$

Teste:

$$H_0: \varphi_1 = \varphi_2 = \dots = \varphi_h = 0$$
$$H_1: \varphi_1 \neq 0 \text{ ou } \varphi_2 \neq 0 \dots \varphi_h \neq 0$$

H_0 : modelo foi especificado corretamente H_1 : incorretamente

Sob H_0 , o teste RESET nada mais do que implementação de um teste de restrição nos coeficientes, que usa a estatística F para testar $H_0: \varphi_1 = \varphi_2 = \dots = \varphi_h = 0$ nesse modelo expandido.

Se o valor-p > 0,05 o modelo foi especificado incorretamente, existindo não li.

Se o valor-p < 0,05 rejeitaremos a hipótese nula de que não há heterocedasticidade

```
library(agricolae)  
library(normtest)  
library(readxl)  
library(lmtest)
```

```
data(jocci)  
view(jocci)
```

```
JOCCI <- as.data.frame(jocci)  
joccits <- ts(JOCCI$dy,start = 1959,frequency = 12)  
plot(joccits, main="Índice Jocci", xlab="Ano", ylab="Índice")
```

Teste Breuch-Godfrey

```
ar6model <- dy~dy1+dy2+dy3+dy4+dy5+dy6  
ar5model <- dy~dy1+dy2+dy3+dy4+dy5  
ar4model <- dy~dy1+dy2+dy3+dy4  
ar3model <- dy~dy1+dy2+dy3  
ar2model <- dy~dy1+dy2  
ar1model <- dy~dy1
```



```
TesteBGAR6 <- bgtest(ar6model,data=jocci)
TesteBGAR5 <- bgtest(ar5model,data=jocci)
TesteBGAR4 <- bgtest(ar4model,data=jocci)
TesteBGAR3 <- bgtest(ar3model,data=jocci)
TesteBGAR2 <- bgtest(ar2model,data=jocci)
TesteBGAR1 <- bgtest(ar1model,data=jocci)
```

```
P_Valores_BG <- c(TesteBGAR6$p.value,
                  TesteBGAR5$p.value,
                  TesteBGAR4$p.value,
                  TesteBGAR3$p.value,
                  TesteBGAR2$p.value,
                  TesteBGAR1$p.value)
```

```
Modelos <- c("ar6model","ar5model","ar4model","ar3model","ar2model","ar1model")
```

Teste RESET

```
TesteReset6 <- resettest(ar6model,data=jocci)
TesteReset5 <- resettest(ar5model,data=jocci)
TesteReset4 <- resettest(ar4model,data=jocci)
TesteReset3 <- resettest(ar3model,data=jocci)
TesteReset2 <- resettest(ar2model,data=jocci)
TesteReset1 <- resettest(ar1model,data=jocci)

P_Valores_RESET <- c(TesteReset6$p.value,
                     TesteReset5$p.value,
                     TesteReset4$p.value,
                     TesteReset3$p.value,
                     TesteReset2$p.value,
                     TesteReset1$p.value)

Resultados <- data.frame(Modelos,P_Valores_BG, P_Valores_RESET)
View(Resultados)
```

Teste RESET

	Modelos	P_Valores_BG	P_Valores_RESET
1	ar6model	0.65472997	0.5955141
2	ar5model	0.18085768	0.6488999
3	ar4model	0.71219768	0.6117178
4	ar3model	0.02602172	0.5406517
5	ar2model	0.18866706	0.6711352
6	ar1model	0.74774132	0.6803299

Teste ARCH-LM

```
AR1_VAR <- arima(variacao_PIB,c(1,0,0))  
AR2_VAR <- arima(variacao_PIB,c(2,0,0))  
arch.test(AR1_VAR)
```

ARCH heteroscedasticity test for residuals
alternative: heteroscedastic

Portmanteau-Q test:

	order	PQ	p.value
[1,]	4	3.05	0.550
[2,]	8	4.67	0.793
[3,]	12	13.82	0.312
[4,]	16	15.90	0.460
[5,]	20	19.80	0.470
[6,]	24	22.47	0.551

Lagrange-Multiplier test:

	order	LM	p.value
[1,]	4	21.400	8.69e-05
[2,]	8	8.049	3.28e-01
[3,]	12	2.768	9.93e-01
[4,]	16	1.430	1.00e+00
[5,]	20	0.325	1.00e+00
[6,]	24	0.137	1.00e+00