Bitamin 6주차 세션 part.2

10기 4조 노지예 부도현 임청수 한세림

로지스틱 회귀분석

다 중 분 류

이진 분류와 다중 분류

이진 분류

- 클래스가 2개인 분류 문제
- 주로 Sigmoid 함수를 이용하여 z값을 확률로 변환.
- ex. 도미/빙어 중 하나로 분류 (class 2개: 도미-1, 빙어-0)
- ex. 유방암 환자 여부 진단 (class 2개: 암 환자-1, 암 환자 X-0)

다중 분류

- 클래스가 2개 이상인 분류 문제
- 주로 Softmax 함수를 이용하여 z값을 확률 로 변환.
- ex. 도미, 빙어, 청돔, 농어, 송어 중 하나로 분류 (class 5개)
- ex. 붓꽃의 종류 분류 (class 3개: Setosa-0, Versicolor-1, Virginica-2)

softmax(
$$z_j$$
)= $\frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}}$ for j = 1,...,K

Softmax Function

: 여러 개의 선형 방정식의 출력값(z)을 0과 1 사이로 압축하고, 전체 합이 1이되게 만드는 함수이다.

 Z_j : softmax 함수의 입력 요소. 로지스틱 회귀분석의 경우, 선형 방정식의 출력값으로 $\mathbf{z} \in (-\infty,\infty)$.

K: 클래스 수

 e^z : 표준 지수 함수에 z값을 입력하여 $(-\infty,\infty)$ 를 $[0,\infty)$ 범위의 값으로 바꿔준다.

 $\sum_{k=1}^{K} e^{z^k}$: 정규화 항으로, 함수의 모든 출력값의 합 1로 만들어주고, 각 출력값을 [0, 1] 범위의 값으로 변환한다.

softmax(
$$z_j$$
)= $\frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}}$ for j = 1,...,K

- 다중 분류에서 주로 사용한다.
- '정규화된 지수함수'라고도 한다.

$$softmax(z^1) = \frac{e^{z^1}}{e^{z^1} + e^{z^2} + e^{z^3}}$$

(ex) k=3일때,
$$softmax(z^2) = \frac{e^{z^2}}{e^{z^1} + e^{z^2} + e^{z^3}}$$

$$softmax(z^3) = \frac{e^{z^3}}{e^{z^1} + e^{z^2} + e^{z^3}}$$

이진 분류 (클래스 2종) - 시그모이드

$$sigmoid(z_j) = \frac{1}{1 + \exp(-z_j)}$$

- 하나의 선형 방정식의 출력값(z)을 0~1 사이로 압축한다.
- 주로 두 개의 클래스 중 **타깃값 하나**에 시 그모이드 함수를 사용한다.

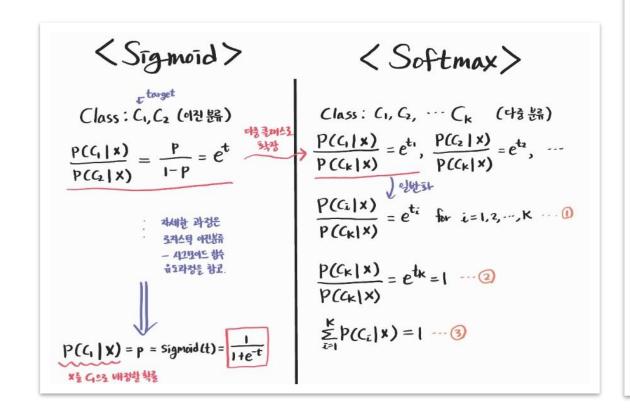
다중 분류 (클래스 2종 이상) - 소프트맥스

softmax
$$(z_j) = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}}$$
 for $j = 1,...,K$

- 여러 개의 선형 방정식의 출력값 (z_j) 을 0~1 사이로 압축하고, 전체 합이 1이 되도록 만든다.
- 클래스 개수 만큼 소프트맥스 함수를 사용한다.

유도 과정

 오즈비로부터 시그모이드 함수를 유도한 방법과 동일하게, Class를 K개로 확장하여 소프트맥스 함수를 유도할 수 있음.



이의 양병을 1부터 K-1까지 더라면
$$\frac{K^{-1}}{\sum_{i=1}^{n}} \frac{P(C_{i}|x)}{P(C_{K}|x)} = \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}$$

$$\frac{by(3)}{P(C_{K}|x)} \frac{1 - P(C_{K}|x)}{P(C_{K}|x)} = \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}$$

$$P(C_{K}|x) = \frac{1}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$P(C_{K}|x) = \frac{1}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$P(C_{i}|x) \stackrel{by(0)}{=} e^{t_{i}} \cdot P(C_{K}|x)$$

$$\frac{by(3)}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$\frac{by(3)}{1 + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$\frac{by(3)}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$\frac{by(3)}{e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$\frac{by(3)}{e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{k}} + \sum_{i=1}^{k-1} e^{t_{i}}}$$

$$\frac{by(3)}{e^{t_{i}}} \frac{e^{t_{i}}}{e^{t_{i}}}$$

Sigmoid
$$S(x) = S(3) = \frac{1}{1 + e^{-3}} = \frac{1}{1 + e^{-3}} = 0.953$$

Softmax
$$\sigma(\vec{z})_1 = \sigma(3) = \frac{e^3}{e^3 + e^0} = 0.953$$

$$\sigma(\vec{z})_2 = \sigma(0) = \frac{e^0}{e^3 + e^0} = 0.0474$$

• z값을 하나만 알아도 되는 시그모이드 함수와 달리 소프트맥스 함수를 사용하기 위해서는 z값을 모두 알아야 하기 때문에, 이진 분류에서는 시그모이드를 더 자주 사용한다.

이진 분류 (ex. 생선 2종류)

z값: -6.03

Sigmoid: 0.002

생선을 Bream, Smelt 중 하나로 분류하는 경우 (sigmoid 함수 1개 필요)

타깃 Smelt에 대한 z값: -6.03

Sigmoid 함수값: 0.002

따라서 Smelt일 확률 0.002, Bream일 확률 0.998

→ Bream으로 분류

다중 분류 (ex. 생선 7종류)

Bream Parkki Perch Pike Roach Smelt Whitefish

z값: [-6.5, 1.03, 5.16, -2.73, 3.34, 0.33, -0.63]

Sigmoid: [0.002, 0.737, 0.994, 0.061, 0.966, 0.582, 0.348]

Softmax: [0.000, 0.014, 0.841, 0.000, 0.136, 0.007, 0.003]

생선을 7개의 클래스 중 하나로 분류하는 경우 (softmax 함수 7개 필요)

각 타깃에 대한 Sigmoid 함수값은 전체 합이 1이 되지 않음. 전체 합이 1이 되도록 정규화하는 Softmax 함수를 이용한다. Perch일 확률 0.841 → Perch로 분류

규제

L2 규제

- 로지스틱 회귀분석은 기본적으로 **L2 규제**(ex. Ridge)를 사용한다.
- Ridge 회귀 매개변수 α (α 가 커질수록 규제가 커짐)
- 로지스틱 회귀 **매개변수 C** (C가 커질수록 규제가 작아짐)

로지스틱 회귀분석

규제

```
lr = LogisticRegression(C=20, max_iter=1000)
lr.fit(train_scaled, train_target)
print(lr.score(train_scaled, train_target))
print(lr.score(test_scaled, test_target))
```

0.9327731092436975 0.925

C: L2 규제에서의 매개변수

- C의 기본값은 1이다.
- 코드에서는 C를 20으로 늘려 규제를 완화했다.

max_iter: 모델 훈련의 반복 횟수

- max_iter의 기본값은 100이다.
- 반복 횟수가 부족하면 경고가 뜰 수 있다. 코드에서는 max_iter를 1000으로 늘렸다.

로지스틱 회귀분석 실습

- Scikit-learn의 iris dataset을 이용한다.
- 붓꽃의 꽃받침과 꽃잎 각각의 길이와 폭을 이용하여 붓꽃을 세 종류로 분류한다.

```
#Iris 데이터셋 불러오기
from sklearn.datasets import load_iris
iris = load_iris()
X = pd.DataFrame(iris.data, columns=iris.feature_names)
y = pd.DataFrame(iris.target, columns=['class'])
```

(
	sepal length (cm)	sepal width (cm)	petal length (cm)	petal width (cm)
0	5.1	3.5	1.4	0.2
1	4.9	3.0	1.4	0.2
2	4.7	3.2	1.3	0.2
3	4.6	3.1	1.5	0.2
4	5.0	3.6	1.4	0.2
145	6.7	3.0	5.2	2.3
146	6.3	2.5	5.0	1.9
147	6.5	3.0	5.2	2.0
148	6.2	3.4	5.4	2.3
149	5.9	3.0	5.1	1.8
F0	nus v 4 solumns			

150 rows × 4 columns

у		
	class	
0	0	
1	0	
2	0	
3	0	
4	0	
145	2	
146	2	
147	2	
148	2	
149	2	
150 rc	ws x 1 a	columns

4개의 변수 (X)

- Sepal Length(cm) 꽃받침 길이
- Sepal Width(cm) 꽃받침 폭
- Petal Length(cm) 꽃잎 길이
- Petal Width(cm) 꽃잎 폭

클래스 (y)

• 붓꽃의 종류

(setosa=0, versicolor=1, virginica=2)

```
#훈련 셋과 테스트 셋으로 나누기
X train, X test, y train, y test = train test split(X, y, random state=16)
#로지스틱 회귀분석 수행 (이진 분류, 다중 분류 상관 없이 모두 LogisticRegression으로 계산)
from sklearn.linear model import LogisticRegressionCV
LR=make pipeline(StandardScaler(), LogisticRegressionCV(max iter=1000))
LR.fit(X train, y train)
#훈련 셋의 스코어와 테스트 셋의 스코어 출력
train score = LR.score(X train, y train)
test score = LR.score(X test, y test)
print(train score)
                                                  0.9821428571428571
print(test score)
                                                  0.8947368421052632
```

```
#X_train의 맨 위 5개 데이터의 클래스 예측 결과
LR.predict(X_train[:5]) array([2, 0, 2, 2, 0])
```

#실제 클래스 y_train[:5]

Class			
107	2		
35	0		
112	2		
131	2		
49	0		

#맨 위 5개 데이터가 각 클래스에 해당할 확률
LR.predict_proba(X_train[:5])

```
array([[9.16846742e-07, 3.46108844e-02, 9.65388199e-01], [9.85107156e-01, 1.48928404e-02, 3.85594858e-09], [4.71265346e-06, 2.22460404e-02, 9.77749247e-01], [2.08794387e-06, 1.26070342e-02, 9.87390878e-01], [9.87024708e-01, 1.29752876e-02, 4.24029563e-09]])
```

```
#회귀 모델이 학습한 방정식 출력하기
coef = LR.named steps['logisticregressioncv'].coef
interc = LR.named steps['logisticregressioncv'].intercept
for i in range(len(coef)):
 print(f'z\{i\} = \{interc[i]:.3\} + \{coef[i][0]:.3\}*(sepal length) + \{coef[i][1]:.3\}*(
sepal width) + {coef[i][2]:.3}*(petal length) + {coef[i][3]:.3}*(petal width)')
z0 = -0.394 + -1.29*(sepal length) + 1.23*(sepal width) + -2.38*(petal length) +
-2.27*(petal width)
z1 = 2.48 + 0.502*(sepal length) + -0.478*(sepal width) + -0.13*(petal length) +
-1.24*(petal width)
z2 = -2.09 + 0.783*(sepal length) + -0.753*(sepal width) + 2.51*(petal length) +
3.51*(petal width)
```

분류 모델의 평가 지표

오 차 행 렬 을 중 심 으 로

오차 행렬 (Confusion Matrix)

예측 클래스 (Predicted Class)

	Negative(0)	Positive(1)
Negative(0) 실제 클래스	TN (True Negative)	FP (False Positive)
(Actual Class) Positive(1)	FN (False Negative)	TP (True Positive)

오차행렬

- 클래스가 1(positive, 양성)과 0(negative, 음성)뿐 인 이진 분류의 결과표.
- 예측 클래스 = 실제 클래스이면 True, 다르면 False.

True Positive = 진양성

: 양성(1)으로 맞게 예측했고, 실제로도 양성(1).

True Negative = 진음성

: 음성(0)으로 맞게 예측했고, 실제로도 음성(0).

False Positive = 위양성

: 양성(1)으로 잘못 예측했고, 실제로는 음성(0).

False Negative = 위음성

: 음성(0)으로 잘못 예측했고, 실제로는 양성(1).

오차 행렬 (Confusion Matrix)

	예측 클래스 0	예측 클래스 1	예측 클래스 2
정답 클래스 0	TP	FP/FN	FP/FN
정답 클래스 1	FP/FN	TP	FP/FN
정답 클래스 2	FP/FN	FP/FN	TP

(참고) 클래스가 3개일 때 오차행렬

어떤 클래스를 target으로 설정하는지에 따라 Positive와 Negative가 달라질 수 있다.

실제 클래스 (Actual Class)

정확도 (Accuracy)

예측 클래스 (Predicted Class)

Negative(0)

TN
(True Negative)

FP
(False Positive)

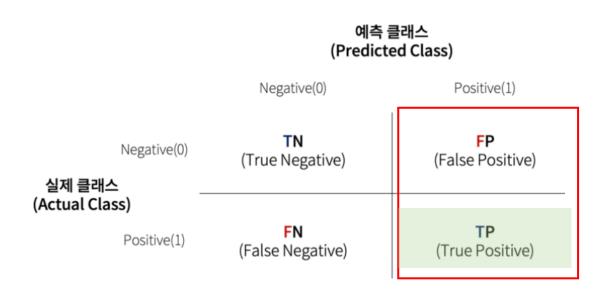
FN
(False Negative)

TP
(True Positive)

$$accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

- 전체 샘플 중 맞게 예측한 샘플의 비율.
- 높을수록 좋은 모형이다.
- 클래스 간의 샘플 수가 균일하지 못할 경우, 정확도(accuracy)로 모델의 성능을 판단하기 어렵다.

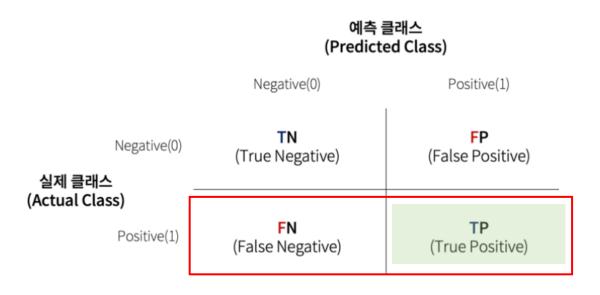
정밀도 (Precision)



$$precision = \frac{TP}{TP+FP}$$

- 양성 클래스로 판단한 샘플 중 실제로 양성 클래스인 샘플의 비율.
- 높을수록 좋은 모형이다.
- ex. 암 환자로 판단한 사람 중 실제로 암 환자 인 사람의 비율.

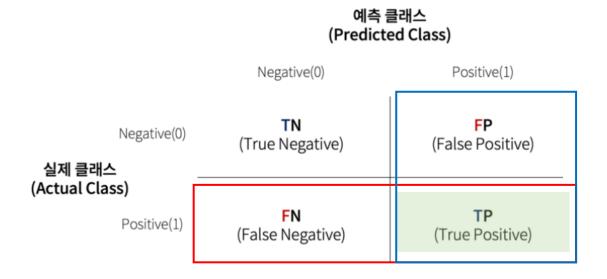
재현율 (Recall)



$$recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

- 실제 양성 클래스인 샘플 중 양성 클래스로 판단한 샘플의 비율.
- 높을수록 좋은 모형이다.
- TPR(True Positive Rate)라고도 한다.
- ex. 실제로 암 환자인 사람 중 암 환자로 맞게 판단한 사람의 비율.

정밀도 vs 재현율



$$precision = \frac{TP}{TP+FP}$$
 , $recall = \frac{TP}{TP+FN}$

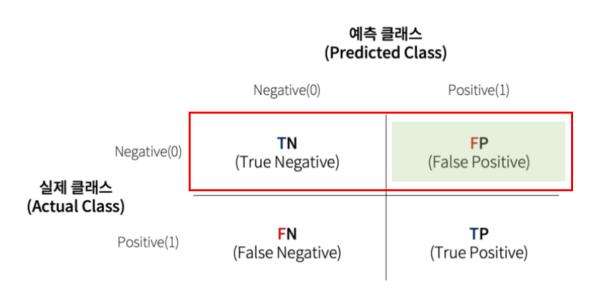
- 정밀도는 FP를 줄이는데 초점을 맞추고, 재현율 은 FN을 줄이는데 초점을 맞춘다.
- 스팸 메일 판별 시, 실제로 일반 메일(0)인데 스팸 메일(1)로 판단하면 치명적이다. 이럴 경우 FP에 초점을 맞추기 위해 precision을 평가지 표로 사용한다.
- 암 환자 판별 시, 실제로 암 환자(1)인데 암 환자가 아니라고(0) 판단하면 치명적이다. 이럴경우 FN에 초점을 맞추기 위해 recall을 평가 지표로 사용한다.

F1 score

$$F1\,Score = 2 \times \frac{precision \times recall}{precision + recall}$$

- 정밀도(precision)과 재현율(recall)의 조화 평균
- 높을수록 좋은 모델이다.

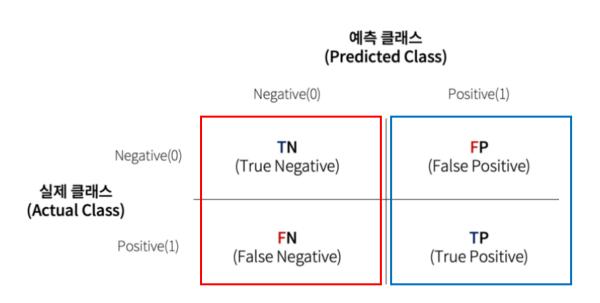
위양성률 (Fall-out)



$$fallout = \frac{FP}{FP + TN}$$

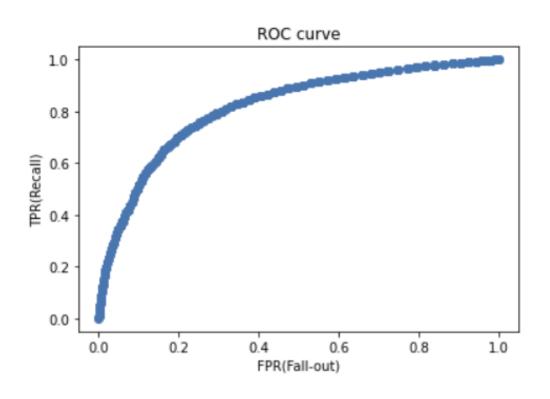
- 실제 양성 클래스에 속하지 않는 샘플 중 양성 클래스로 판단한 샘플의 비율.
- 낮을수록 좋은 모형이다.
- FPR(False Positive Rate)라고도 한다.
- ex. 실제로 암 환자가 아닌 사람 중 암 환자로 잘못 판단한 사람의 비율.

판별 기준 변화에 따른 평가지표의 변화



- 판별 기준을 1에 가깝게 할 경우, 양성으로 예측되는 샘플이 늘어난다. 파란색으로 표현된 TP와 FP는 증가하고, 빨간색으로 표현된 TN과 FN은 감소한다.
- 반대로 **판별 기준을 0에 가깝게 할 경우**, 음성으로 예측되는 샘플이 늘어난다. TP와 FP는 감소하고, TN과 FN이 증가한다.
- 판별 기준을 변화시킬 때, 정확도와 정밀도는 상황에 따라 높아질 수도 낮아질 수도 있다.
- 판별 기준을 1에 가까워지도록 변화시킬 때, 재현율과 위양성률이 모두 증가한다.

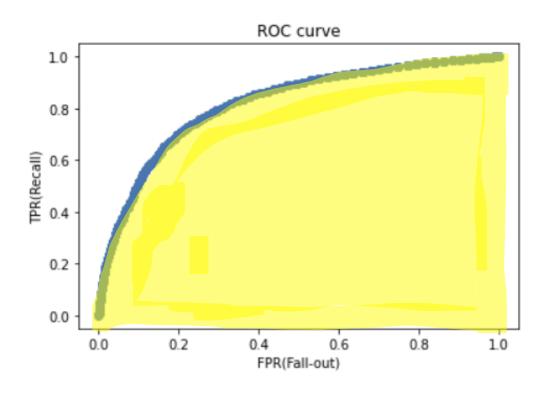
ROC curve와 AUC



ROC 곡선

- 판별 기준의 변화에 따른 **재현율(TPR)과 위양** 성률(FPR)의 변화를 나타내는 그래프이다.
- TPR과 FPR은 일반적으로 양의 상관관계이다. 재현율을 높이기 위해 양성 클래스 판단 기준 을 낮추면, FP가 늘어나 위양성률이 높아진다.
- **왼쪽 상단**에 가까운 점일수록 TPR이 커지고 FRP이 작아지므로 최적의 값이다.

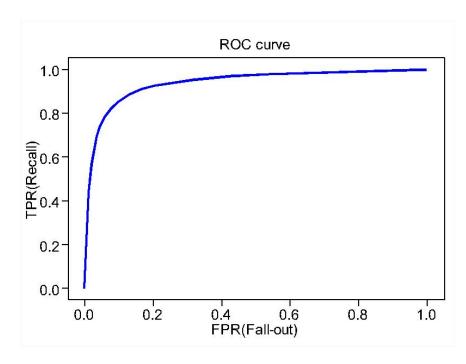
ROC curve와 AUC



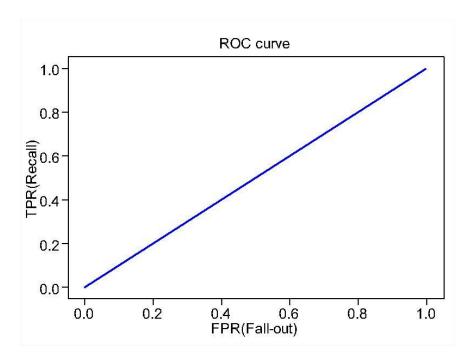
AUC (Area Under the Curve) 점수

- **ROC 곡선의 면적**이다.
- 0.5 ≤ AUC ≤ 1
- ROC curve가 좌상단에 가까우면 AUC가 1에 가까워지고, 좋은 모델이다.
- ROC curve가 y=x에 가까우면 AUC가 0.5에 가까워지고, 좋지 않은 모델이다.

ROC curve와 AUC



AUC가 높은 경우 (about 1)



AUC가 낮은 경우 (about 0.5)