



Машинное обучение в науках о Земле

Михаил Криницкий

к.т.н., с.н.с. Институт океанологии РАН им. П.П. Ширшова

Лаборатория взаимодействия океана и атмосферы и мониторинга климатических изменений (ЛВОАМКИ)





Задачи классификации Оценка качества моделей классификации

Михаил Криницкий

к.т.н., с.н.с. Институт океанологии РАН им. П.П. Ширшова

Лаборатория взаимодействия океана и атмосферы и мониторинга климатических изменений (ЛВОАМКИ)

Самая простая и (чаще всего) неверная мера качества в задачах классификации – доля верных ответов (accuracy)

$$Accuracy(y_{pred}, y_{true}) = \frac{\sum[y_{pred} == y_{true}]}{N}$$

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных \mathcal{T} 95% объектов — класса A, остальные объекты — классов B,C,D Мы создали и обучили модель, которая для любого нового объекта выдает результат «это объект класса A»

Самая простая и (чаще всего) неверная мера качества в задачах классификации – доля верных ответов (accuracy)

$$Accuracy(y_{pred}, y_{true}) = \frac{\sum[y_{pred} == y_{true}]}{N}$$

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных \mathcal{T} 95% объектов — класса A, остальные объекты — классов B,C,D Мы создали и обучили модель, которая для любого нового объекта выдает результат «это объект класса A»

Каково значение меры качества *Accuracy* для такой модели?

Ответ: для такой (простой и интуитивно глупой) модели доля верных ответов:

$$Acc = 0.95 = 95\%$$

Хорошая ли это мера качества для такой (несбалансированной) выборки?

Самая простая и (чаще всего) неверная мера качества в задачах классификации – доля верных ответов (accuracy)

$$Accuracy(y_{pred}, y_{true}) = \frac{\sum[y_{pred} == y_{true}]}{N}$$

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных по диагностике онкологических заболеваний \mathcal{T} 99.5% объектов — класса «здоров», остальные объекты — классов B,C,D (различные виды злокачественных новообразований)

Мы создали и обучили модель, которая обладает очень высокой чувствительностью: не пропускает ни одного случая злокачественного новообразования. Но при этом доля ложноположительных диагнозов довольно высока: 2% диагностируемых пациентов.

Меры качества в задаче бинарной классификации

Ответ нашей модели

HET ДА

HET ДА

ДА

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных по диагностике онкологических заболеваний \mathcal{T} 99.5% объектов — класса «здоров», остальные объекты — классов В,С,D (различные виды злокачественных новообразований)

Мы создали и обучили модель, которая обладает очень высокой чувствительностью: не пропускает ни одного случая злокачественного новообразования. Но при этом доля ложноположительных диагнозов довольно высока: 2% диагностируемых пациентов.

Меры качества в задаче бинарной классификации

Ответ нашей модели HET ДА 1000 HET 975 20 995

0

5

5

ground

ДА

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных по диагностике онкологических заболеваний \mathcal{T} 99.5% объектов — класса «здоров», остальные объекты — классов В,С,D (различные виды злокачественных новообразований)

Мы создали и обучили модель, которая обладает очень высокой чувствительностью: не пропускает ни одного случая злокачественного новообразования. Но при этом доля ложноположительных диагнозов довольно высока: 2% диагностируемых пациентов.

Меры качества в задаче бинарной классификации

Ответ нашей модели

HET ДА 1000

HET 975 20 995

ДА 0 5 5

Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных по диагностике онкологических заболеваний \mathcal{T} 99.5% объектов — класса «здоров», остальные объекты — классов В,С,D (различные виды злокачественных новообразований)

Мы создали и обучили модель, которая обладает очень высокой чувствительностью: не пропускает ни одного случая злокачественного новообразования. Но при этом доля ложноположительных диагнозов довольно высока: 2% диагностируемых пациентов.

$$Acc = \frac{975 + 5}{1000} = 0.98 = 98\%$$

Меры качества в задаче бинарной классификации



Представим следующую задачу (и решение):

В наборе данных по диагностике онкологических заболеваний \mathcal{T} 99.5% объектов — класса «здоров», остальные объекты — классов В,С,D (различные виды злокачественных новообразований)

Мы создали и обучили модель, которая обладает очень высокой чувствительностью: не пропускает ни одного случая злокачественного новообразования. Но при этом доля ложноположительных диагнозов довольно высока: 2% диагностируемых пациентов.

Каково значение меры качества Accuracy для такой модели?

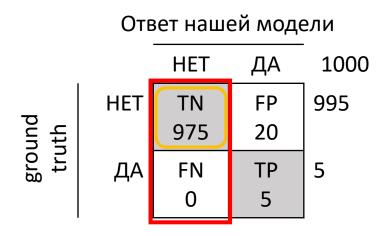
$$Acc = 0.98$$

TP – True Positive, доля верно определенных ответов класса «1» («Истина»)

TN – True Negative, доля верно определенных ответов класса «О» («Ложь»)

FP – False Positive (False alarms), доля ответов класса 0, ошибочно классифицированных как положительные

FN – False Negative (Misses), доля ответов класса 1, ошибочно классифицированных как отрицательные



Negative Predictive Value

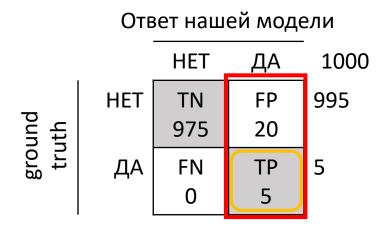
$$NPV = \frac{TN}{TN + FN}$$

$$NPV = \frac{975}{975 + 0} = 1.0$$

Какая доля объектов, идентифицированных (тестом/алгоритмом/моделью) как объекты класса «0», действительно имеют класс «0».

С какой вероятностью пациент действительно здоров, если тест выдал отрицательный результат.

Когда **NPV близок к нулю** (если **доля FN велика**), наша модель на предоставленных данных «предпочитает» выдавать ложноотрицательный ответ вместо положительного – то есть, «**по умолчанию пациент скорее здоров**». Относительно положительного результата теста это консервативная оценка.



Positive Predictive Value, PPV, Precision, Точность

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

$$P = \frac{5}{5 + 20} = 0.2$$

Какая доля объектов, идентифицированных как класс «1», действительно имеют класс «1»

С какой вероятностью пациент действительно болен, если тест выдал положительный результат.

Когда **точность близка к нулю (доля FP велика**), наша модель на предоставленных данных «предпочитает» выдавать ложноположительный ответ вместо отрицательного – то есть, «по умолчанию **пациент скорее болен**».



Чувствительность, полнота, Sensitivity, **Recall**, True Positive Rate, TPR

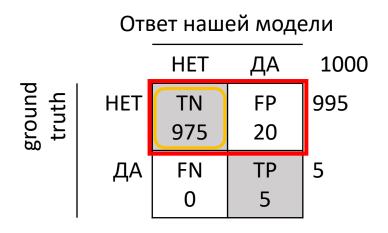
$$R = \frac{TP}{TP + FN}$$

$$R = \frac{5}{0+5} = 1.0$$

Какая доля объектов класса «1» определяются (тестом/алгоритмом/моделью) как имеющие класс «1»?

С какой вероятностью тест даст положительный результат, если пациент болен?

Когда чувствительность (теста, модели, алгоритма) близка к нулю (доля FN велика), наша модель на предоставленных данных пропускает слишком много «положительных» объектов – тест/модель/алгоритм не слишком чувствителен



Специфичность, Specificity, True Negative Rate, TNR

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

Specificity =
$$\frac{975}{975 + 20} = 0.98$$

Какая доля объектов класса «0» определяются (тестом/алгоритмом/моделью) как имеющие класс «0»?

С какой вероятностью тест даст отрицательный результат, если пациент здоров?

Когда специфичность теста/модели/алгоритма близка к нулю (доля FP велика), наша модель на предоставленных данных слишком часто выдает положительный ответ(диагноз) в тех случаях, когда объект на самом деле класса «0». Такой тест (такая модель, такой алгоритм) не слишком специфичен для решаемой залачи

Ответ нашей модели

НЕТ ДА 1000 НЕТ ТN FP 995 975 20 5

F_{eta} -мера

$$F_{\beta} = (1 + \beta^2) \frac{P * R}{(\beta^2 * P) + R}$$

$$F_1 = 2\frac{P*R}{P+R}$$

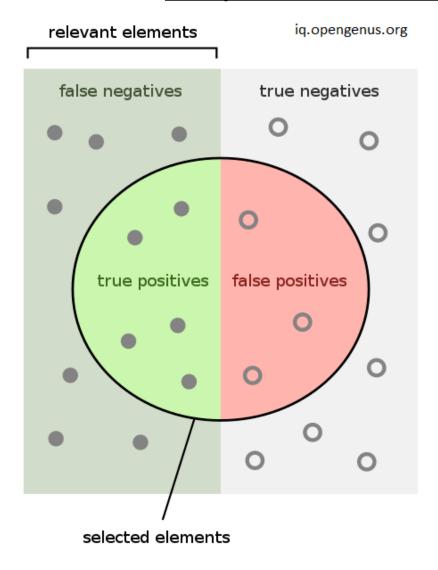
$$F_1 = 2 * \frac{0.2 * 1}{0.2 + 1} = 0.333$$

 F_1 -мера — среднее гармоническое точности и полноты

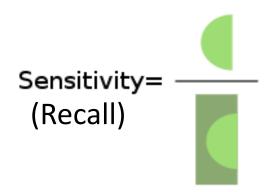
Точность: $P = \frac{TP}{TP + FP}$

Полнота: $R = \frac{TP}{TP + FN}$

Меры качества в задаче бинарной классификации



How many relevant items are selected? e.g. How many sick people are correctly identified as having the condition.



How many negative selected elements are truly negative? e.g. How many healthy people are identified as not having the condition.



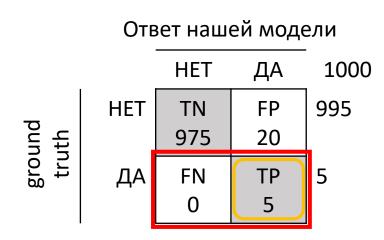
AUC ROC

FPR

Ответ нашей модели HET ДА 1000 ground truth **HET** FP 995 TN 975 20 ДА FN TP 5

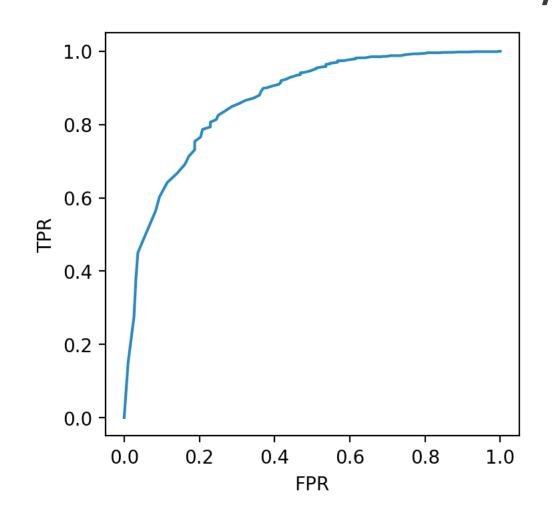
 $FPR = \frac{FP}{FP + TN}$

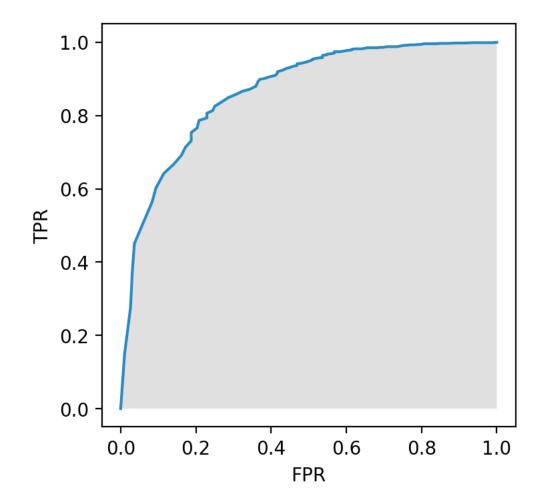
TPR (Recall)



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

AUC ROC





AUC ROC

- AUC ROC характеризует метод/алгоритм/тест в целом, а не конкретную реализацию с заданным пороговым значением вероятности;
- AUC ROC инвариантен к пороговому значению вероятности;
- AUC ROC инвариантен к масштабу оценки вероятности (зависит от ранжирования объектов, но не абсолютных значений вероятностей);

Мindray IgG-антитела к антигенам вируса SARS-CoV-2 выявлены в 165 образцах (99,4%), на «Вектор-Бест» – в 164 сыворотках (98,8%), на «Диагностических системах» – в 151 (90,96%), на Хема – в 154 (92,8%), а на Abbott – в 155 образцах (93,4%). При этом 135 (81,33%) образцов были положительными во всех тест-системах, тогда как 30 образцов имели дискордантные результаты (18,07%), а в 9 сыворотках специфических IgG не обнаруживалось в 2 и более тест-системах. ROC-анализ выявил высокую диагностическую ценность всех исследованных тест-систем (AUC от 0,908 до 0,998), что свидетельствует о высоком качестве разделительной модели положительных и отрицательных образцов (р < 0,001). При заданных производителями тест-систем cut-off чувствительность и специфичность находилась в диапазоне от 82,8% и 93,3% для набора