

## **Linear Algebra Practice Day 2**

2025.07.01



# 0. 환경설정

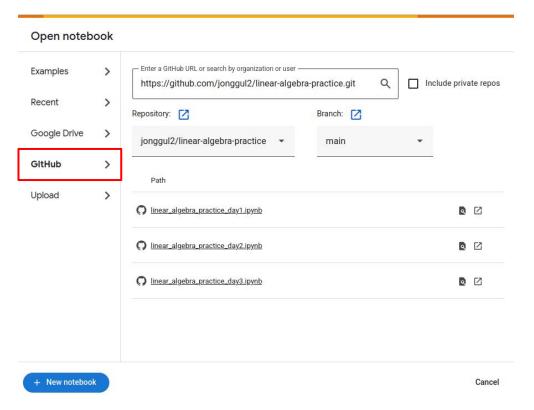
#### Colab이란?

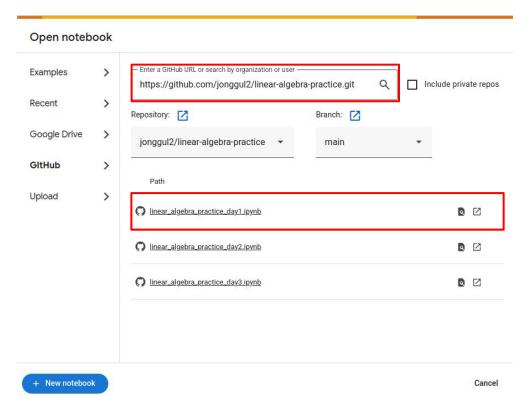
Colaboratory(줄여서 'Colab'이라고 함)을 통해 브라우저 내에서 Python 스크립트를 작성하고 실행할 수 있습니다.

- 구성이 필요하지 않음
- 무료로 GPU 사용
- 간편한 공유

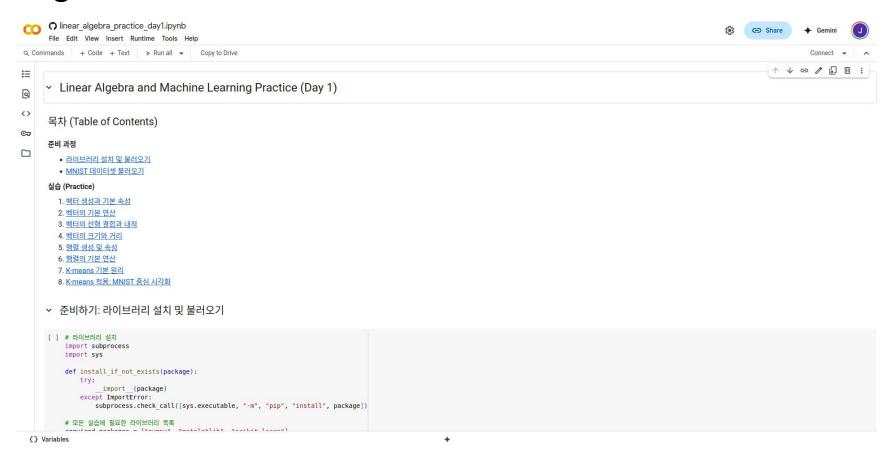
학생이든, 데이터 과학자든, AI 연구원이든 Colab으로 업무를 더욱 간편하게 처리할 수 있습니다. <u>Colab 소개 영상</u> 또는 <u>Colab에서 놓치기 쉬운 기능</u>을 시 청하여 자세한 내용을 확인하거나 아래에서 바로 시작해 보세요.

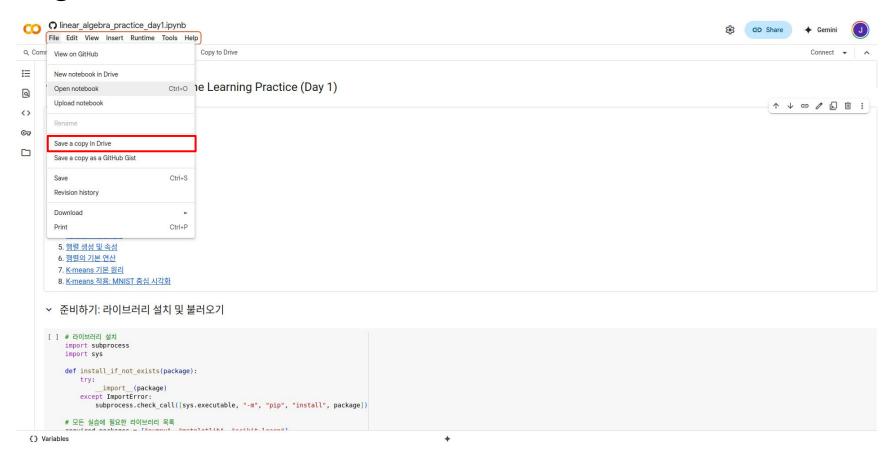
Link: <a href="https://colab.research.google.com/">https://colab.research.google.com/</a>





Github Link: <a href="https://github.com/jonggul2/linear-algebra-practice.git">https://github.com/jonggul2/linear-algebra-practice.git</a>





#### 목차

Linear Algebra and Machine Learning Practice (Day 2)

목차 (Table of Contents)

#### 준비 과정

• 라이브러리 설치 및 불러오기

#### 실습 (Practice)

- 1. 행렬 곱셈과 활용
- 2. 역행렬과 희소 행렬
- 3. K-means의 한계와 Feature Transformation
- 4. <u>최소제곱 데이터 피팅 (Least Squares Data Fitting)</u>

#### 준비하기

준비하기: 라이브러리 설치 및 불러오기

```
[1] # 라이브러리 설치
    import subprocess
    import sys
    def install if not exists(package):
        try:
              import (package)
        except ImportError:
            subprocess.check call([sys.executable, "-m", "pip", "install", package])
    # 모든 실습에 필요한 라이브러리 목록
    required packages = ["numpy", "matplotlib", "scikit-learn", "scipy"]
    for package in required packages:
        install if not exists(package)
    # 라이브러리 불러오기
    import numpy as np
    import matplotlib.pyplot as plt
    from sklearn.cluster import KMeans
    import scipy.sparse
    import time
    # 전체 실습의 재현성을 위해 랜덤 시드를 고정합니다.
    np.random.seed(0)
```



#### 1.1. 행렬 곱셈 (Matrix-Matrix Multiplication)

두 행렬의 곱셈 C=AB는 첫 번째 행렬 A의 열 개수와 두 번째 행렬 B의 행 개수가 같아야 가능합니다. (m, p) 크기 행렬과 (p, n) 크기 행렬을 곱하면 결과는 (m, n) 크기의 행렬이 됩니다. 행렬 곱은 선형 변환의 연속(합성)을 의미하며, 교환 법칙(AB 
eq BA)이 성립하지 않는다는 특징이 있습니다.

```
# (m, p) x (p, n) 크기의 행렬 곱셈

A_mul = np.array([
        [1, 2, 3],
        [4, 5, 6]
])

B_mul = np.array([
        [10, 11],
        [20, 21],
        [30, 31]
])

# 행렬 곱셈. A_mul의 열 수(3)와 B_mul의 행 수(3)가 같아야 합니다.
C_mul = A_mul @ B_mul # 결과는 (2, 2) 행렬
```

```
군 행렬 A (2x3):
  [[1 2 3]
  [4 5 6]]
  행렬 B (3x2):
  [[10 11]
  [20 21]
  [30 31]]
------
행렬 곱 AB:
  [[140 146]
  [320 335]]
AB의 크기: (2, 2)
```

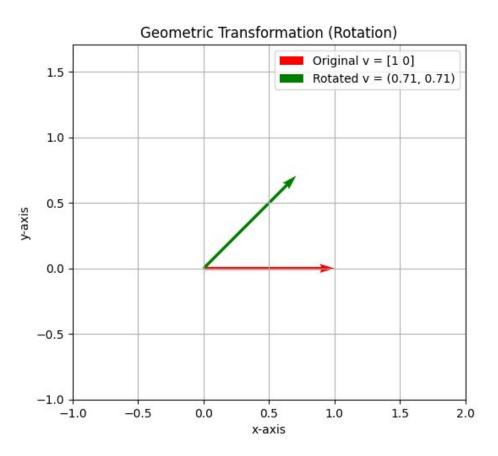
▼ 1.2. 기하 변환 (Geometric Transformations)

행렬 곱셈은 벡터를 특정 방식으로 변환하는 강력한 도구입니다. 예를 들어, 2D 벡터를 heta만큼 회전시키는 변환은 아래와 같은 회전 행렬 R을 곱하여 수행할 수 있습니다.

$$R = egin{bmatrix} \cos( heta) & -\sin( heta) \ \sin( heta) & \cos( heta) \end{bmatrix}$$

변환된 벡터 = R @ 원본 벡터

```
    원본 벡터 v: [1 0]
    45도 회전 행렬 R:
    [[ 0.71 -0.71]
    [ 0.71 0.71]]
    회전된 벡터 v rotated: [0.71 0.71]
```



#### 1.3. 선형 변환의 합성 (Composition)

두 가지 선형 변환을 연속으로 적용하는 것은, 각 변환에 해당하는 두 행렬을 먼저 곱하여 얻은 합성 행렬을 한 번 적용하는 것과 같습니다. 예를 들어, 30도 회전 후 60도 회전을 적용하는 것은, 90도 회전 행렬을 한 번 적용하는 것과 동일합니다.

```
(R_{60}@R_{30})@v = R_{60}@(R_{30}@v)
```

```
[5] # 실습: 벡터 v comp의 값이나, 두 회전 각도를 바꿔보며 결과를 확인해보세요.
   # 원본 벡터를 정의합니다.
   v comp = np.array([2, 1])
   # 30도 회전 변환
   theta 30 = np.radians(30)
   R 30 = np.array([np.cos(theta 30), -np.sin(theta 30)],
                    [np.sin(theta 30), np.cos(theta 30)]])
   # 60도 회전 변환
   theta 60 = np.radians(60)
   R 60 = np.array([[np.cos(theta 60), -np.sin(theta 60)],
                   [np.sin(theta 60), np.cos(theta 60)]])
   # 방법 1: 변환을 순차적으로 적용합니다 (30도 -> 60도).
   v rotated seq = R 60 @ (R 30 @ v comp)
   # 방법 2: 변환 행렬을 먼저 곱하여 합성한 후, 한 번에 적용합니다.
   R 90 = R 60 @ R 30
   v rotated combined = R 90 @ v comp
```

▼ 1.4. 벡터의 외적 (Outer Product)

두 벡터  $\mathbf{a}$  (크기 m)와  $\mathbf{b}$  (크기 n)의 외적(Outer Product)은  $\mathbf{a}\otimes\mathbf{b}$  또는  $\mathbf{a}\mathbf{b}^T$  로 표기하며, 그 결과는  $m\times n$  크기의 행렬이 됩니다.

벡터의 외적은 행렬 곱셈 연산으로 이해할 수 있습니다. 외적을 계산할 때, m차원 열벡터  $\mathbf{a}$ 는 m imes 1 행렬로, n차원 열벡터  $\mathbf{b}$ 는 전치(transpose)를 통해 1 imes n 행렬인  $\mathbf{b}^T$ 로 변환하여 사용합니다.

행렬 곱셈의 기본 규칙에 따라, (m imes 1) 행렬과 (1 imes n) 행렬의 곱셈은 안쪽 차원(1)이 맞아 떨어지므로 계산이 가능하며, 결과적으로 바깥쪽 차원인 m imes n 크기의 행렬이 생성됩니다.

$$\mathbf{a}\otimes\mathbf{b}=\mathbf{a}\mathbf{b}^T= egin{bmatrix} a_1 \ a_2 \ \vdots \ a_m \end{bmatrix} egin{bmatrix} b_1 & b_2 & \cdots & b_n \end{bmatrix} = egin{bmatrix} a_1b_1 & a_1b_2 & \cdots & a_1b_n \ a_2b_1 & a_2b_2 & \cdots & a_2b_n \ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \ a_mb_1 & a_mb_2 & \cdots & a_mb_n \end{bmatrix}$$

```
[6] # 실습: a_vec, b_vec의 값이나 크기를 바꿔보며 외적의 결과가 어떻게 변하는지 확인해보세요.
a_vec = np.array([1, 2, 3])
b_vec = np.array([10, 20])

# np.outer() 함수를 사용하여 두 벡터의 외적을 계산합니다.
outer_product = np.outer(a_vec, b_vec)
```



#### 2.1. 역행렬 (Matrix Inverse)

어떤 정방 행렬(square matrix) A에 대해, 곱했을 때 단위 행렬(I)이 되는 행렬 B가 존재한다면, B를 A의 역행렬(inverse matrix)이라 부르고  $A^{-1}$ 로 표기합니다.

```
A@A^{-1} = A^{-1}@A = I
```

역행렬은 어떤 변환을 되돌리는 변환에 해당하며, 연립 방정식을 푸는 데 핵심적인 역할을 합니다. 모든 정방 행렬이 역행렬을 갖는 것은 아닙니다.

• np.linalg.inv() 함수로 역행렬을 계산할 수 있습니다.

```
[7] # 실습: 아래 행렬 A inv source의 값을 바꿔보며 역행렬을 계산해보세요.
   # 역행렬을 계산할 2x2 정방 행렬 정의
   A inv source = np.array([
       [1, 1],
       [1, 2]
   # 역행렬 계산
       A inverse = np.linalg.inv(A inv source)
       print("원본 행렬 A:\n", A inv source)
       print("-" * 20)
       print("A의 역행렬 A^{-1}:\n", A inverse)
       print("-" * 20)
       # A @ A^{-1}가 단위 행렬인지 확인 (부동소수점 오차를 고려)
       identity check = A inv source @ A inverse
       print("A @ A^{-1} 결과:\n", identity check)
       # np.allclose()를 이용한 단위 행렬 검증
       is identity = np.allclose(identity check, np.identity(2))
       print(f"\n결과가 단위 행렬과 일치합니까? -> {is identity}")
```

```
전보 행렬 A:
[[1 1]
[1 2]]

A의 역행렬 A^{-1}:
[[ 2. -1.]
[-1. 1.]]

A @ A^{-1} 결과:
[[1. 0.]
[0. 1.]]

결과가 단위 행렬과 일치합니까? -> True
```

```
    2.2. 역행렬 계산 시도와 특이 행렬

역행렬이 존재하지 않는 특이 행렬(Singular Matrix)에 np.linalg.inv()를 사용하면 LinAlgError가 발생합니다.
    # 실습: 특이 행렬에 역행렬 계산을 시도하면 LinAlgError가 발생하는 것을 확인합니다.
    singular matrix = np.array([
        [1, 2],

→ 특이 행렬 B:
        [2, 4]
                                                                       [[1 2]
    1)
                                                                       [2 4]]
    print("특이 행렬 B:\n", singular matrix)
                                                                      np.linalg.inv(B) 실행 시 오류 발생:
    print("-" * 20)
                                                                      -> Singular matrix
    # 역행렬 계산 시도
    try:
        B inverse = np.linalg.inv(singular matrix)
        print("B의 역행렬:\n", B inverse)
    except np.linalg.LinAlgError as e:
        print("np.linalg.inv(B) 실행 시 오류 발생:")
        print(f"-> {e}")
```

2.3. 희소 행렬(Sparse Matrix) 연산과 성능 비교

Day 1에서 희소 벡터(Sparse Vector)의 개념과 장점을 확인했습니다. 이러한 개념은 2차원 행렬(Sparse Matrix)로 확장될 때, 특히 데이터의 차원이 매우 커질 때 그 진가를 발휘합니다. 희소 행렬은 0이 아닌 값들만 저장하여 메모리를 절약하고, 0을 제외한 요소들만 계산에 포함시켜 연산 속도를 비약적으로 향상시킵니다.

여기서는 세 가지 주요 연산에 대해 일반 행렬과 희소 행렬의 성능을 비교해봅니다.

```
[9] # 희소 행렬 연산 성능 비교를 위한 대규모 행렬 생성
    # 실습: 행렬의 크기(n dim)나 밀도(density)를 바꿔보며 속도 차이를 확인해보세요.
   n \dim = 1000
   density = 0.001 # 0.1%
    # Scipy의 random 함수를 사용해 직접 희소 행렬을 생성합니다.
    # CSR(Compressed Sparse Row) 포맷은 행(row) 기반 연산에 유리하여 범용적으로 사용됩니다.
    sparse ml = scipy.sparse.random(n dim, n dim, density=density, format='csr')
    sparse m2 = scipy.sparse.random(n dim, n dim, density=density, format='csr')
    v = np.random.rand(n dim) # 선형 시스템 풀이에 사용할 벡터
   # 래덤 생성 시 발생할 수 있는 전부 0인 행/열을 없애 특이 행렬이 되는 것을 방지합니다.
    identity = scipy.sparse.identity(n dim, format='csr')
    sparse m1 += identity
   sparse m2 += identity
    # 비교를 위해 일반 행렬(dense matrix)로도 변환합니다.
   dense m1 = sparse m1.toarray()
   dense m2 = sparse m2.toarray()
```

```
행렬-행렬 덧셈 (Matrix-Matrix Addition)
희소 행렬 간의 덧셈은 0이 아닌 요소들의 위치를 정렬하고 값을 더하는 방식으로 이루어집니다.
[10] # 일반 행렬 덧셈
    start time = time.time()
      = dense m1 + dense m2
    dense time = time.time() - start time
    print(f"일반 행렬 소요 시간: {dense time:.6f} 초")
    # 희소 행렬 덧셈
    start time = time.time()
      = sparse m1 + sparse m2
    sparse time = time.time() - start time
    print(f"희소 행렬 소요 시간: {sparse time:.6f} 초")
    if sparse time > 0 and dense time > sparse time:
        print(f"-> 희소 행렬이 약 {dense time / sparse time:.2f}배 더 빠릅니다.\n")
    else:
        print("-> 속도 차이가 미미합니다.\n")
→ 일반 행렬 소요 시간: 0.004607 초
    희소 행렬 소요 시간: 0.000782 초
    -> 희소 행렬이 약 5.89배 더 빠릅니다.
```

행렬-행렬 곱셈 (Matrix-Matrix Multiplication)

```
‰ [11] # 일반 행렬 곱셈
      start time = time.time()
        = dense m1 @ dense m2
      dense time = time.time() - start time
      print(f"일반 행렬 소요 시간: {dense time:.6f} 초")
      # 희소 행렬 곱셈
      start time = time.time()
        = sparse m1 @ sparse m2
      sparse time = time.time() - start time
      print(f"희소 행렬 소요 시간: {sparse time:.6f} 초")
      if sparse time > 0 and dense time > sparse time:
          print(f"-> 희소 행렬이 약 {dense time / sparse time:.2f}배 더 빠릅니다.\n")
      else:
          print("-> 속도 차이가 미미합니다.\n")
      일반 행렬 소요 시간: 0.060477 초
      희소 행렬 소요 시간: 0.000509 초
      -> 희소 행렬이 약 118.75배 더 빠릅니다.
```

∨ 선형 시스템 풀이 (Solving Linear Systems)

수치 연산에서 Ax=b 형태의 선형 시스템을 푸는 것은 매우 기본적인 연산입니다. 희소 행렬에서는 scipy.sparse.linalg.spsolve 함수를 사용하여 이 문 제를 매우 효율적으로 해결할 수 있습니다. 일반 행렬의 np.linalg.solve와 희소 행렬의 spsolve 성능을 비교해 봅니다.

```
▶ # 일반 행렬: np.linalg.solve 사용
       print("일반 행렬: np.linalg.solve(A, b) 사용")
       start time = time.time()
       = np.linalq.solve(dense m1, v)
       dense time = time.time() - start time
       print(f"일반 행렬 소요 시간: {dense time:.6f} 초")
   except np.linalg.LinAlgError:
       dense time = float('inf') # 계산 실패 시 무한대로 설정
       print("일반 행렬은 특이 행렬이거나 계산에 실패했습니다.")
   # 희소 행렬: spsolve를 이용해 선형 시스템 풀이
   print("\n희소 행렬: spsolve(A, b) 사용")
   start time = time.time()
   # spsolve는 내부적으로 CSC 포맷을 선호하지만, CSR 입력도 효율적으로 처리합니다.
    = scipy.sparse.linalg.spsolve(sparse m1, v)
   sparse time = time.time() - start time
   print(f"희소 행렬 소요 시간: {sparse time:.6f} 초")
   if dense time != float('inf') and sparse time > 0 and dense time > sparse time:
       print(f"\n-> spsolve를 사용한 희소 행렬 연산이 약 {dense time / sparse time:.2f}배 더 빠릅니다.")
       print("\n-> spsolve를 사용한 희소 행렬 연산이 압도적으로 빠릅니다.")
골 일반 행렬: np.linalg.solve(A, b) 사용
   일반 행렬 소요 시간: 0.067193 초
   희소 행렬: spsolve(A, b) 사용
   희소 행렬 소요 시간: 0.002009 초
   -> spsolve를 사용한 희소 행렬 연산이 약 33.45배 더 빠릅니다.
```



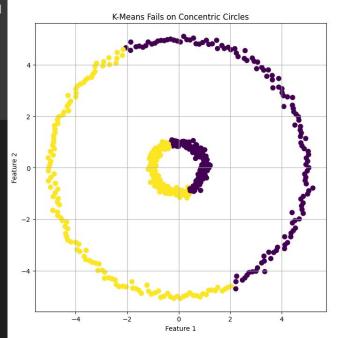
#### ∨ 3. K-means의 한계와 Feature Transformation

K-means는 군집이 구형(spherical)이며, 중심점으로부터의 거리로 잘 구분될 것을 가정합니다. 이 가정이 깨지는 데이터에서는 잘 동작하지 않습니다. 이 한계를 확인하고, Feature Transformation을 통해 해결해봅니다.

∨ 3.1. 실패 사례: 동심원 데이터에 K-means 적용

먼저, K-means가 잘 처리하지 못하는 동심원 데이터를 인위적으로 생성합니다. 두 원의 반지름 차이가 크더라도, 직교 좌표계에서는 거리 기반의 K-means가 두 원을 제대로 분리하지 못합니다.

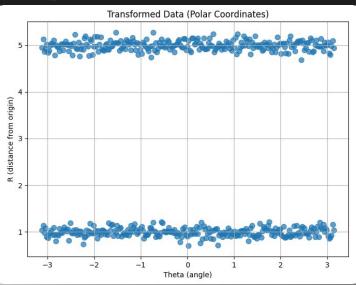
```
[13] # 실습: 두 워의 반지름(radius1, radius2)이나 클러스터 개수(n clusters)를 바꿔보며 결과가 어떻게 달라지는지 관찰해보세요.
    n points per circle = 250
    radius1 = 1.0
    radius2 = 5.0
    # 원 1 (반지름=radius1)
    thetal = np.linspace(0, 2 * np.pi, n points per circle, endpoint=False)
    r1 = radius1 + np.random.randn(n points per circle) * 0.1
    x1 = r1 * np.cos(theta1)
    v1 = r1 * np.sin(theta1)
    # 원 2 (반지름=radius2)
    theta2 = np.linspace(0, 2 * np.pi, n points per circle, endpoint=False)
    r2 = radius2 + np.random.randn(n points per circle) * 0.1
    x2 = r2 * np.cos(theta2)
    y2 = r2 * np.sin(theta2)
    # 데이터를 합칩니다.
    X circles = np.vstack((np.hstack((x1, x2)), np.hstack((y1, y2)))).T
    # 워본 데이터에 K-means 적용
    kmeans fail = KMeans(n clusters=2, init='k-means++', n init=1, random state=0)
    v kmeans fail = kmeans fail.fit predict(X circles)
```



#### 3.2. Feature Transformation

데이터의 표현 방식을 바꾸어 K-means가 인식할 수 있는 형태로 만들어줍니다. 기존의 (x, y) 직교 좌표계를 거리(r)와 각도 $(\theta)$ 를 나타내는 극 좌표계로 변환합니다.

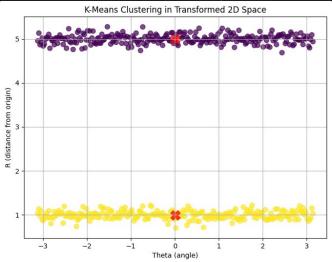
```
[14] # 피처 변환: 직교 좌표계 -> 극 좌표계
r_polar = np.sqrt(X_circles[:, 0] ** 2 + X_circles[:, 1] ** 2)
theta_polar = np.arctan2(X_circles[:, 1], X_circles[:, 0])
```



▼ 3.3. 변환된 2D 공간에서 K-means 적용 및 시각화

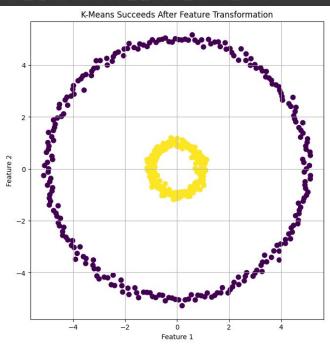
극 좌표계로 변환된 데이터는 (theta, r)로 이루어진 2D 공간에서 두 군집이 선형적으로 잘 분리되는 모습을 보입니다. 이제 이 변환된 (theta, r) 2D 공간에 K-means를 적용하여 두 군집을 찾아냅니다.

```
》 (15] # 변환된 2D 데이터(theta, r)에 K-means 적용
# np.c_는 theta와 r 배열을 열 기준으로 합쳐 (500, 2) 크기의 배열을 만듭니다.
X_polar = np.c_[theta_polar, r_polar]
kmeans_success = KMeans(n_clusters=2, init='k-means++', n_init=1, random_state=0)
y_kmeans_success = kmeans_success.fit_predict(X_polar)
```



∨ 3.4. 원본 좌표계에 결과 시각화

마지막으로, 변환된 2D 공간에서 성공적으로 찾아낸 군집 레이블을 원본 (x, y) 좌표계의 데이터에 적용하여 시각화합니다. Feature Transformation을 통해 K-means가 복잡한 데이터 구조를 성공적으로 학습할 수 있게 되었음을 확인할 수 있습니다.





#### 4. 최소제곱 데이터 피팅 (Least Squares Data Fitting)

최소제곱법은 모델의 예측값과 실제 데이터 값 사이의 오차(잔차)의 제곱합을 최소화하는 모델 파라미터를 찾는 방법입니다. 데이터에 가장 잘 맞는 모델을 찾기 위해 사용되며, 특히 선형 회귀 분석 (Linear Regression)의 핵심 원리입니다.

#### 4.1. 정규방정식을 이용한 직선 피팅

최소제곱법의 해  $\hat{m{ heta}}$ 는 이론적으로 정규방정식(Normal Equation)을 통해 구할 수 있습니다.

$$(A^TA)\hat{m{ heta}} = A^T{f y}$$

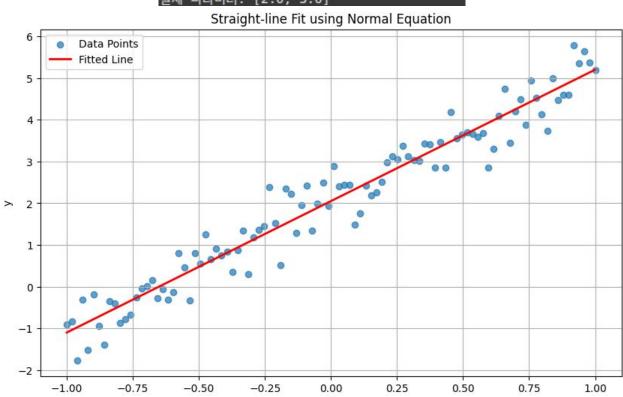
이 방정식은 설계 행렬 A의 열들이 서로 선형 독립(linearly independent)일 때, 역행렬을 이용하여 아래와 같이 풀 수 있습니다.

$$\hat{oldsymbol{ heta}} = (A^T A)^{-1} A^T \mathbf{y}$$

먼저, 이 정규방정식이 잘 동작하는 간단한 직선 피팅 문제에 적용해 보겠습니다.

```
🜠 [17] # 직선 피팅에 사용할 데이터 생성 및 설계 행렬 구성
      # 실습: 아래 true theta 0, true theta 1 값을 바꾸어가며 직선의 형태와 피팅 결과가 어떻게 변하는지 확인해보세요.
      true theta 0 = 2.0 \# 4 4 = 2.0 \# 4 4 = 2.0 \# 4 theta 4 = 2.0 \# 4 4 = 2.0 \# 4
       true theta 1 = 3.0 # 실제 기울기
      num data points = 100
      x data = np.linspace(-1, 1, num data points)
      # 정의된 변수를 사용하여 y 데이터 생성
       y data = true theta 0 + true theta 1 * x data + np.random.normal(0, 0.5, size=x data.shape)
      A line = np.c [np.ones(num data points), x data]
      # 정규방정식을 이용해 파라미터 계산
      # A line의 두 열(상수항, x항)은 선형 독립이므로 이 방법이 잘 동작합니다.
      A T A = A line.T @ A line
      A T y = A line.T @ y data
      theta hat = np.linalg.inv(A T A) @ A T y
```

정규방정식으로 찾은 파라미터: [2.0503 3.1492] 실제 파라미터: [2.0, 3.0]



X

4.2. 정규방정식의 한계: 고차 다항식 피팅

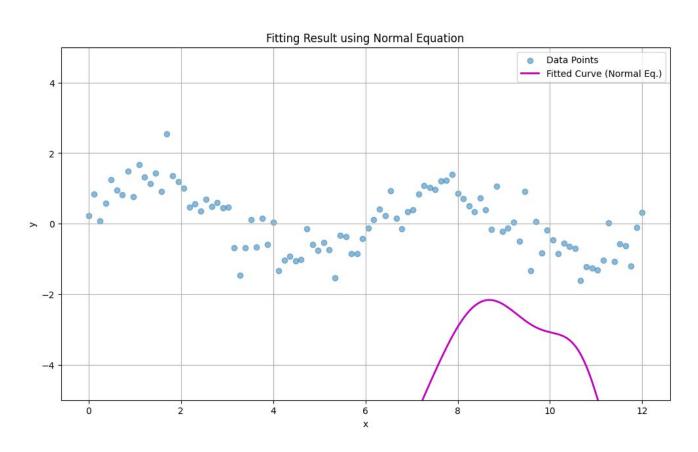
정규방정식은 직선과 같이 단순한 모델에서는 잘 동작했습니다. 이번에는 더 복잡한 데이터 패턴을 학습하기 위해, 같은 방법(정규방정식)을 고차 다항식 모델에 적용해 보겠습니다.

과연 어떤 결과가 나올까요?

```
[18] # 고차 다항식 피팅을 위한 데이터 생성 및 설계 행렬 구성
num_points = 100
x_poly = np.linspace(0, 12, num_points)
y_poly = np.sin(x_poly) + np.random.normal(0, 0.5, num_points)

# 실습: degree 값을 5, 10, 20 등으로 바꿔보며 피팅 결과가 어떻게 달라지는지 확인해보세요.
degree = 15
# np.vander는 [x^n, x^(n-1), ..., 1] 순서의 행렬을 생성합니다.
# np.fliplr를 사용해 열의 순서를 뒤집어 [1, x, x^2, ..., x^n] 형태로 만들어 모델의 계수(theta)와 순서를 일치시킵니다.
A_poly_high_degree = np.fliplr(np.vander(x_poly, degree + 1))

# 정규방정식을 이용해 파라미터 계산 시도
A_T_A_poly = A_poly_high_degree.T @ A_poly_high_degree
theta_hat_poly_normal = np.linalg.inv(A_T_A_poly) @ (A_poly_high_degree.T @ y_poly)
```



원인 진단: 왜 그래프가 비정상적으로 그려졌을까?

앞선 그래프는 데이터의 패턴을 전혀 따르지 못하고 극단적으로 발산하는 모습을 보입니다. 계산 자체는 오류 없이 완료되었지만, 결과는 완전히 틀렸습니 다.

그 원인은 정규방정식의 핵심인  $(A^TA)$  행렬의 역행렬을 구하는 과정의 불안정성에 있습니다. 고차 다항식 모델에서는 설계 행렬 A의 열들이 서로 너무비슷해져서, 열들이 선형 독립 조건을 거의 만족하지 못하게 됩니다. 이런 행렬을 ill-conditioned matrix(조건이 나쁜 행렬)라고 부릅니다.

이런 행렬의 역행렬을 계산하면 작은 오차도 매우 크게 증폭되어, 결국 신뢰할 수 없는 엉뚱한 파라미터 값을 얻게 됩니다.

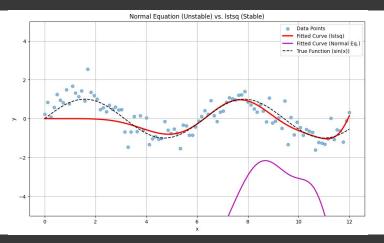
```
[19] # 'A.T @ A' 행렬의 상태를 직접 확인해 봅시다.
# 행렬의 안정성을 나타내는 조건수(condition number)를 계산합니다.
cond_num = np.linalg.cond(A_T_A_poly)
print(f"A.T @ A 행렬의 조건수(condition number): {cond_num:.2e}")
```

→ A.T @ A 행렬의 조건수(condition number): 3.88e+32

조건수가 매우 큰 값이라면, 해당 행렬은 수치적으로 매우 불안정하여 역행렬 계산 결과를 신뢰할 수 없음을 의미합니다.

▼ 4.3. Istsq를 이용한 해결과 과적합 문제

이러한 불안정성 문제를 해결하기 위해, np.linalg.lstsq는 역행렬을 직접 계산하지 않고 수치적으로 안정된 방법을 사용하여 파라미터를 찾습니다. lstsq를 사용하면 고차 다항식 모델도 안정적으로 피팅할 수 있습니다. 하지만, 이는 또 다른 문제인 과적합(Overfitting)으로 이어집니다.



#### 그래프 분석

- Istsq (빨간색 실선): 정규방정식과 달리, 수치적으로 안정적인 해를 찾아내어 데이터 포인트를 잘 따라가는 곡선을 그립니다.
- 정규방정식 (자주색 점선): 수치적 불안정성으로 인해 완전히 잘못된 결과를 보여줍니다.
- 문제점: 비록 Istsq가 안정적인 해를 찾았지만, 이 15차 다항식 곡선은 실제 함수(검은색 점선)보다 훨씬 복잡하고 구불구불합니다. 이것이 바로 과적 합(Overfitting)입니다. 모델이 데이터의 근본적인 추세뿐만 아니라, 불필요한 노이즈까지 학습했기 때문입니다.

∨ 4.4. 모델 복잡도 선택을 위한 검증

과적합 문제를 해결하고 최적의 모델 복잡도(차수)를 찾기 위해, 데이터를 훈련(training) 세트와 테스트(test) 세트로 나누어 모델을 검증합니다.

- 훈련 오차: 모델이 학습 데이터를 얼마나 잘 설명하는지 나타냅니다.
- 테스트 오차: 모델이 보지 못한 새로운 데이터를 얼마나 잘 예측하는지 나타내는 일반화 성능의 척도입니다.

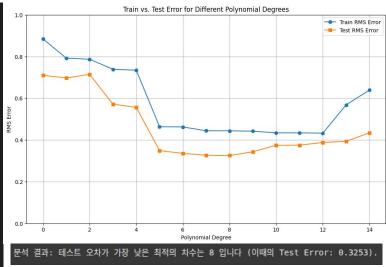
우리의 목표는 테스트 오차를 가장 낮게 만드는 모델을 찾는 것입니다.

```
[21] # 데이터를 훈련(train) 세트와 테스트(test) 세트로 분할
# 실습: train_ratio 값을 0.5, 0.8 등으로 바꾸어 보며 훈련 데이터의 양이 오차 그래프에 미치는 영향을 확인해보세요.
train_ratio = 0.9
split_index = int(num_points * train_ratio)

shuffled_indices = np.random.permutation(num_points)
train_indices = shuffled_indices[:split_index]
test_indices = shuffled_indices[split_index:]

x_train, y_train = x_poly[train_indices], y_poly[train_indices]
x_test, y_test = x_poly[test_indices], y_poly[test_indices]
```

```
# 다양한 차수에 대해 모델 훈련 및 오차 계산
degrees = range(0, 15)
train errors = []
test errors = []
def rms error(y true, y pred):
    return np.sqrt(np.mean((y true - y pred)**2))
for d in degrees:
   A train = np.fliplr(np.vander(x train, d + 1))
    theta hat, , , = np.linalg.lstsq(A train, y train, rcond=None)
    y train pred = A train @ theta hat
    A test = np.fliplr(np.vander(x test, d + 1))
    y test pred = A test @ theta hat
    train errors.append(rms error(y train, y train pred))
    test errors.append(rms error(y test, y test pred))
```



∨ 4.5. 최적 모델을 이용한 최종 피팅 결과

앞선 오차 그래프를 통해, 테스트 오차(Test Error)가 가장 낮아지는 지점이 우리 모델의 최적의 복잡도(차수)임을 확인했습니다. 이제 이 최적의 차수를 사용하여 죄종 모델을 학습시키고, 그 결과가 실제 함수를 얼마나 잘 근사하는지 시각적으로 확인해 보겠습니다.

os C

```
# 최적의 차수를 사용하여 전체 데이터로 최종 모델 재학습
A_final = np.fliplr(np.vander(x_poly, best_degree + 1))
theta_final, _, _, _ = np.linalg.lstsq(A_final, y_poly, rcond=None)
```

