Алгоритм поиска диссонансов временного ряда

Оглавление

- Определения
- Входные данные и результат работы
- Алгоритм
 - Подбор эвристики
 - <u>z-нормализация подпоследовательностей С</u> временного ряда
 - Аппроксимация с помощью кусочной агрегации (РАА)
 - <u>Кодирование с помощью lookup table (аппроксимация с помощью символьной агрегации)</u>
 - Подсчет частот, нахождение мин. значения
 - <u>Построение цепочек с индексами начала подпоследовательностей, имеющих</u> одинаковое SAX представление
 - Поиск диссонансов: на основе эвристики с ранним выходом из итерации цикла
- Модульная структура
- Файловая структура

Определения

Временной ряд (time series) T представляет собой хронологически упорядоченную последовательность вещественных значений $t_1, t_2, ..., t_N$, ассоциированных с отметками времени, где N – длина последовательности.

 $Paccmosnue\ (distance)\$ между подпоследовательностями C и M представляет собой функцию, которая в качестве аргументов принимает C и M, и возвращает неотрицательное число R. Для подпоследовательностей функция расстояния является симметричной, т.е. Dist(C,M)=Dist(M,C).

Пусть имеется временной ряд T, подпоследовательность C длины n, начинающаяся с позиции p, и подпоследовательность M длины n, начинающаяся с позиции q. Подпоследовательности C и M называются несамопересекающимися (non-self match), если $|p-q| \ge n$.

Определения

Подпоследовательность D длины n, начинающаяся с позиции l называется $\partial uc-$ сонансом временного ряда T, если D находится на наибольшем расстоянии от ближайшей несамопересекающейся с D подпоследовательности, чем любые другие подпоследовательсти временного ряда, т.е. $\forall C \in T$, несамопересекающихся с D M_D и с C $M_C: min(Dist(D, M_D)) > min(Dist(C, M_C))$.

Подпоследовательность D длины n, начинающаяся с позиции p называется K-M ducconancom временного <math>pяda, если D имеет K-е по размеру расстояние от ближайшей несамопересекающейся подпоследовательности, при этом не имея пересекающихся частей с i-ми диссонансами, начинающимися на позициях p_i , для всех $1 \le i \le K$, т.е. $|p-p_i| \ge n$.

Подходы к нахождению диссонансов:

- составить матрицу расстояний для всех подпоследовательностей (для self-match будут фиктивные расстояния). Затем найти максимум из минимумов расстояний.
- на основе последовательного алгоритма HOTSAX Кеога. На основе полученной эвристики выбирается оптимальный порядок перебора подпоследовательностей при поиске расстояния до ближайшего соседа. При этом находить расстояние до ближайшего соседа придется только для нескольких первых подпоследовательностей. Для оставшихся будет срабатывать условие «раннего выхода» из цикла.

Входные данные

- T временной ряд $(t_i, 1 \le i \le m)$
- *m* длина ряда
- n длина подпоследовательности
- С множество подпоследовательностей
- w длина слова (в SAX аппроксимации подпоследовательностей), $1 \le w \le n, n \ mod \ w = 0$
- Lookup table (LT) для точек разделения в SAX
- A мощность алфавита для SAX представления подпоследовательностей

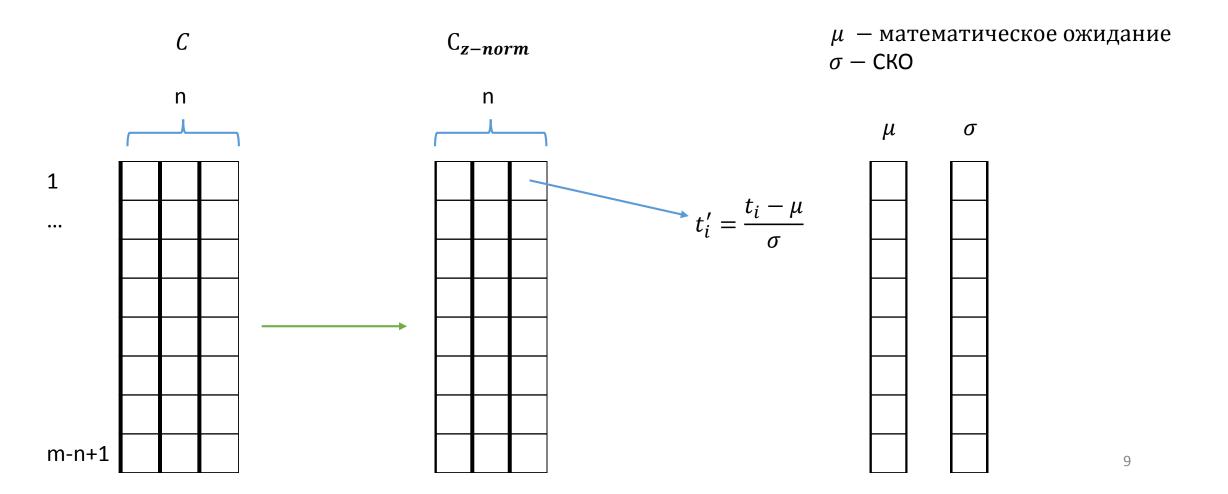
Подбор эвристики для цикла с ранним выходом из итераций. Алгоритм:

- 1. Подготовка (выбор эвристики) подбор порядка подачи подпоследовательностей, при котором возможно быстро отбрасывать неподходящие подпоследовательности.
- 2. Поиск диссонансов перебор упорядоченных подпоследовательностей временного ряда с поиском наибольшего расстояния до ближайшего соседа

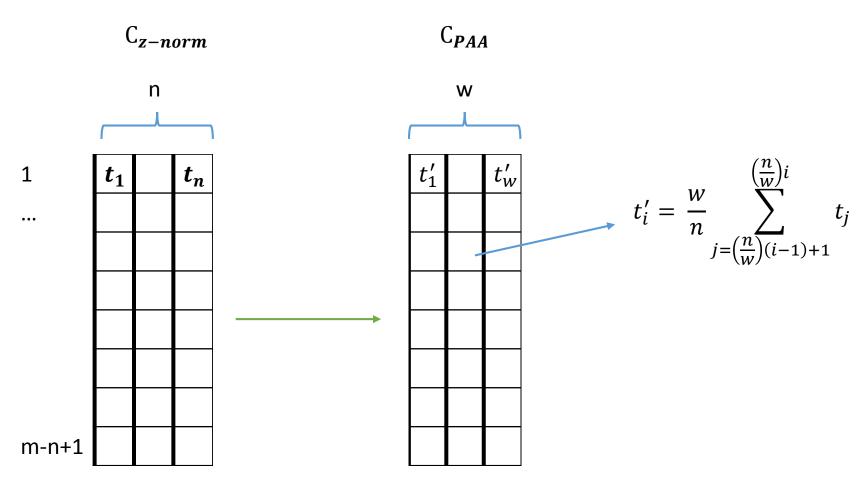
Алгоритм:

- 1. Подготовка (выбор эвристики) подбор порядка подачи подпоследовательностей, при котором возможно быстро отбрасывать неподходящие подпоследовательности.
 - 1. Z-нормализация подпоследовательностей C_i временного ряда
 - 2. Кусочная аппроксимация (РАА-представление)
 - 3. Кодирование с помощью lookup table
 - 4. Подсчет частот, нахождение мин. значения
- 2. Поиск диссонансов перебор упорядоченных подпоследовательностей временного ряда с поиском наибольшего расстояния до ближайшего соседа, с постепенным обновлением best_so_far_dist и «быстрым» выходом из итераций цикла.

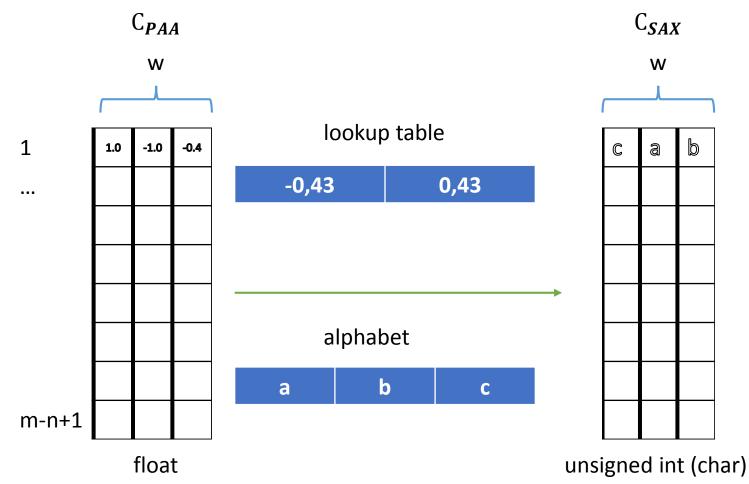
1.1 z-нормализация подпоследовательностей C_i временного ряда



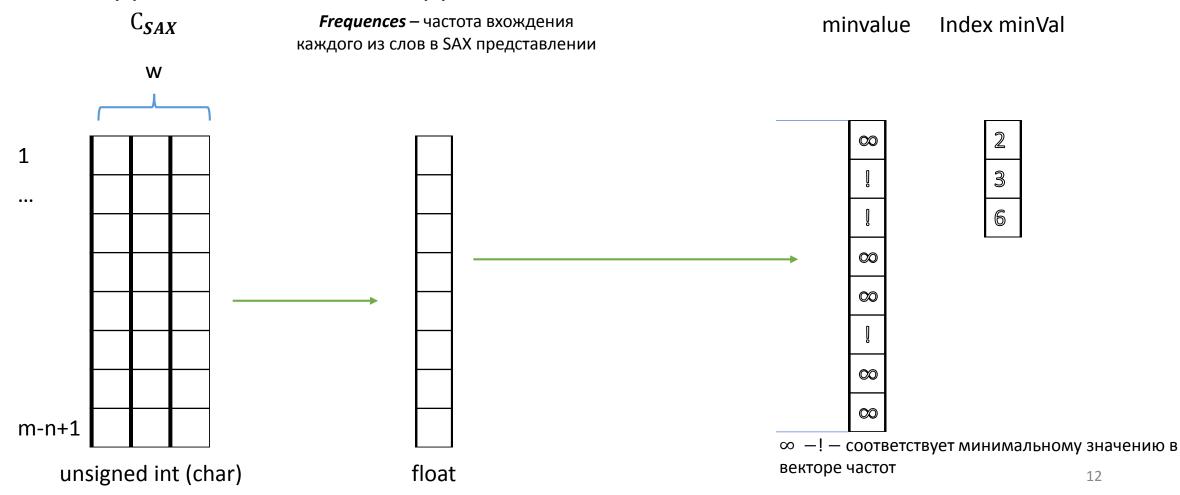
1.2 Аппроксимация с помощью кусочной агрегации (РАА)



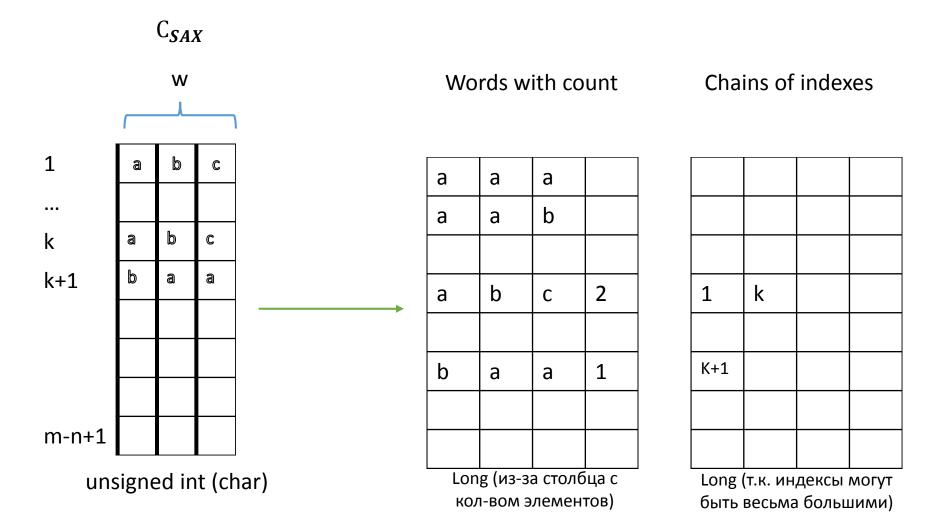
1.3 Кодирование с помощью lookup table (аппроксимация с помощью символьной агрегации)



1.4 Подсчет частот, нахождение мин. значения



1.5 Построение цепочек с индексами начала подпоследовательностей, имеющих одинаковое SAX представление



```
For(int p = 0; p < m-n+1; p++) {
            min = ∞;
            For(int j = 0; j < m-n+1; j++) {
                        if(is_self_match(C_p, C_i) {
                                    continue;
                        dist_i = \text{Euclid\_dist}(C_p, C_i)
                        if (dist_i < best_so_far_dist) {
                                    -> C_p не подходит
                                    break;
                        if (dist_i < min) {
                                    min = dist_i;
            If(min > best_so_far_dist) {
                        best_so_far_dist = min;
                        best so far pos = p;
```

Последовательная версия алгоритма Output: диссонансом является подпоследовательность начинающаяся с best_so_far_pos позиции в исходном временном ряде.

```
For(int p in IndexMinVal) {
                                         Не распараллеливаем, т.к.
  min = \infty;
                                        предположительно мало
  For(int j in ChainsOfIndexes[sax(C_n)]){
                                        итераций
    if(is self match(C_n, C_i) {
      continue;
    dist_i = Euclid\_dist(C_p, C_i)
    if (dist_i < best\_so\_far\_dist) \{ -> C_p  не подходит Ранний выход
      break:
    if (dist_i < min) {
      min = dist_i;
  #pragma omp parallel for scheduled(guided)
 For(int j int j = 0; j < m-n+1 && not in ChainsOfIndexes[sax(C_n)]; j++){
    if(is_self_match(C_n, C_i) {
      continue;
    dist_i = Euclid dist(C_n, C_i)
    if (dist_i < best\_so\_far\_dist) { -> C_p не подходит Ранний выход
      break:
    if (dist_i < min) {
      min = dist_i;
 If(min > best so far dist) {
    best_so_far_dist = min;
    best so far pos = p;
```

Для получения наилучшего (наиболее близкого к диссонансу) значения best_so_far_dist выполняется внешний цикл по всем подпоследовательностям с наиболее редко встречающимися SAX представлениями И два внутренних цикла: по предположительным ближайшим соседям подпоследовательностей из внешнего цикла и второй по всем оставшимся подпоследовательностям.

Output: диссонансом является подпоследовательность начинающаяся с best_so_far_pos позиции в исходном временном ряде.

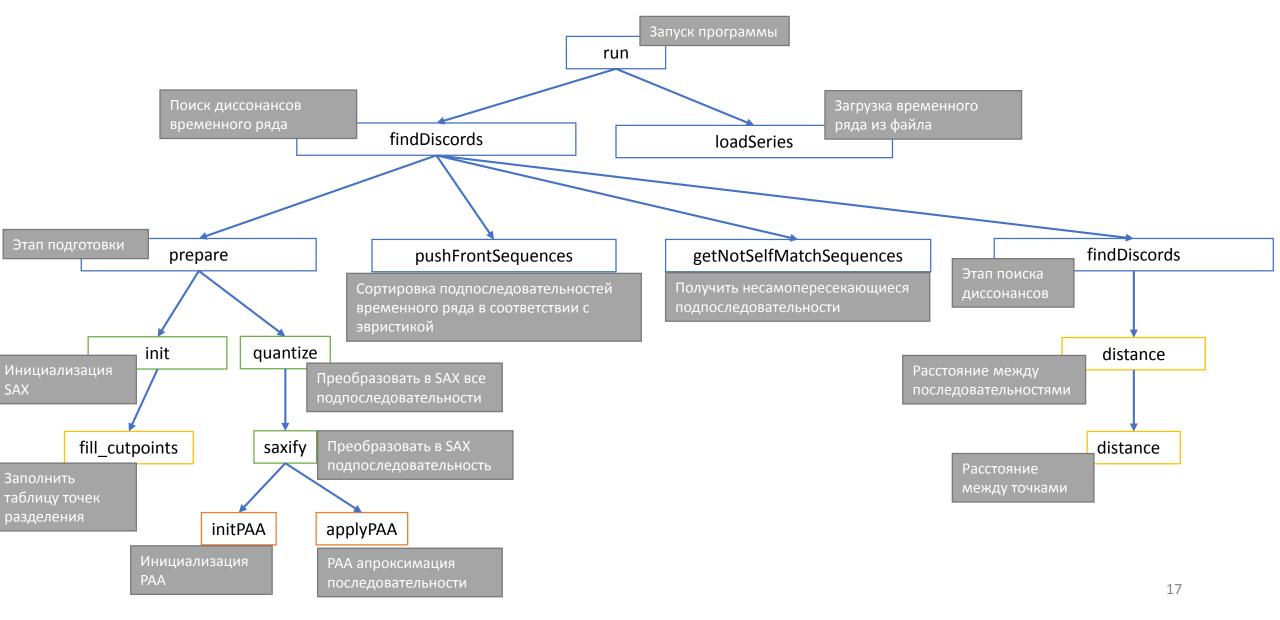
IJ

```
#pragma omp parallel for scheduled(guided)
For(int p = 1; p not in IndexMinVal && p < m - n + 1; p++) {
  min = ∞;
  For(int j in ChainsOfIndexes[sax(C_n)]){
    if(is_self_match(C_p, C_i) {
      continue;
    dist_i = Euclid\_dist(C_n, C_i)
    if (dist_j < 	ext{best\_so\_far\_dist}) { -> C_p не подходит
                                                      Ранний выход
      break;
    if (dist_i < min) {
      min = dist_i;
 For(int j int j = 0; j < m-n+1 && not in ChainsOfIndexes[sax(C_n)]; j++){
    if(is_self_match(C_n, C_i) {
      continue:
    dist_i = Euclid dist(C_n, C_i)
    if (dist_i < best\_so\_far\_dist) { -> C_p не подходит Ранний выход
      break:
    if (dist_i < min) {
      min = dist_i;
 If(min > best so far dist) {
    best_so_far_dist = min;
    best so far pos = p;
```

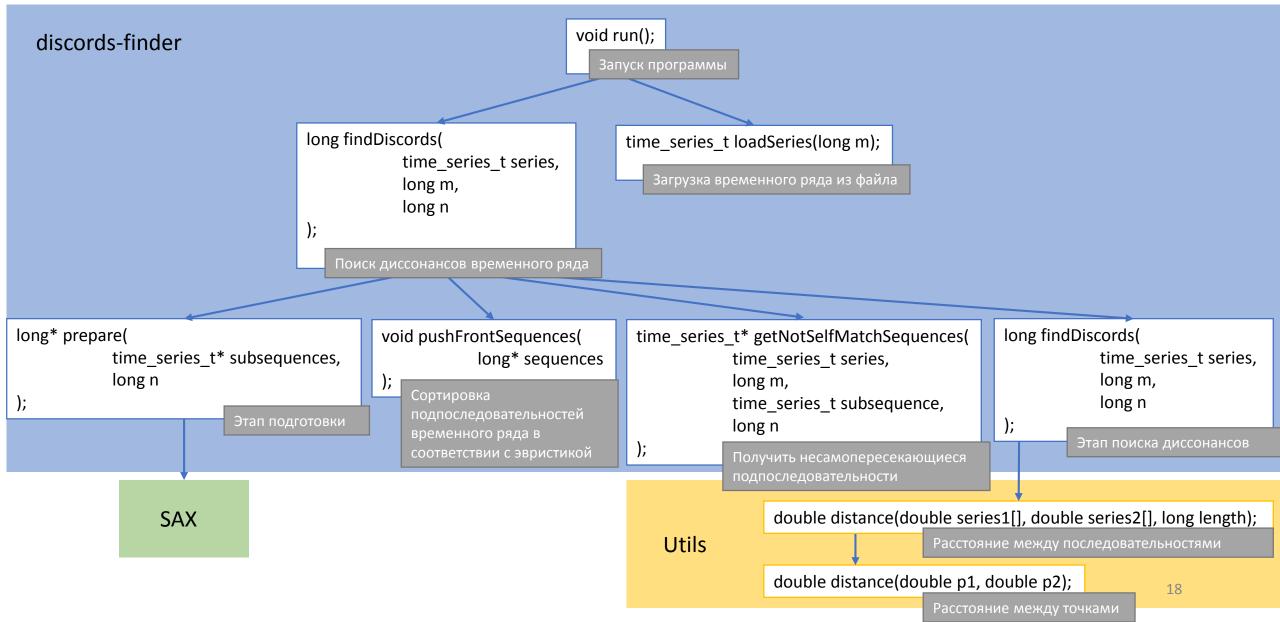
Далее внешний цикл по всем подпоследовательностям, которые не имеют наиболее редко встречающееся SAX представление. И два внутренних цикла: по предположительным ближайшим соседям подпоследовательностей из внешнего цикла и второй по всем оставшимся подпоследовательностям.

Output: диссонансом является подпоследовательность начинающаяся с best_so_far_pos позиции в исходном временном ряде.

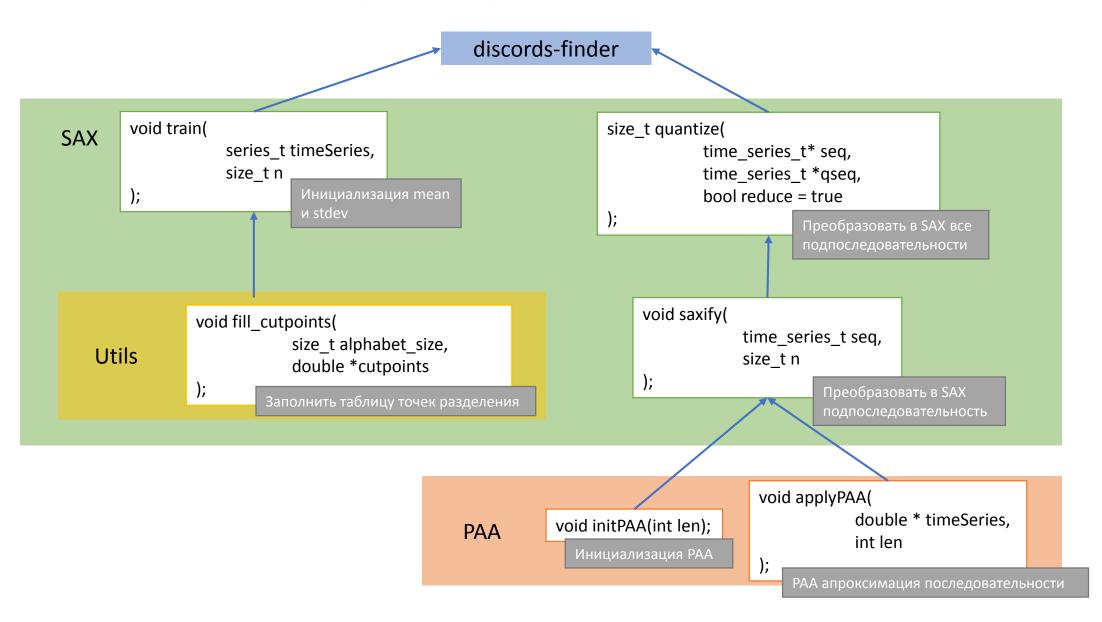
Модульная структура



Модульная структура



Модульная структура

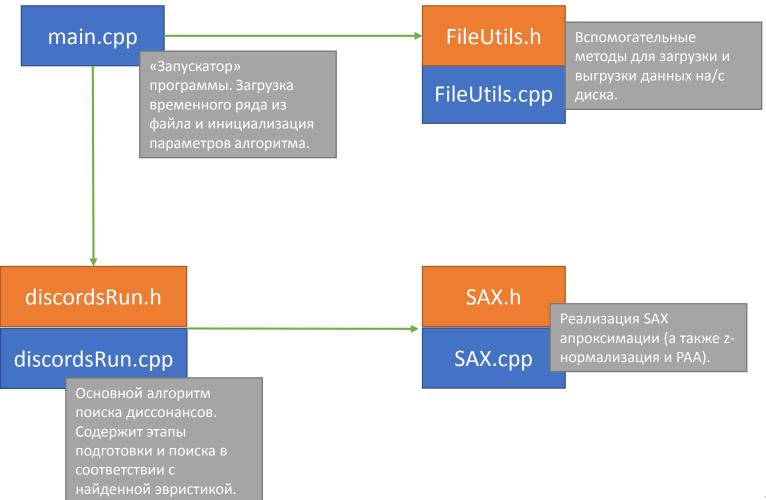


Файловая структура

config.h
Параметры алгоритма

debugger.h

Дебаггер



Файловая структура

double * paaRepresentation; int length; int* counts; void initPAA(int len); void applyPAA(double * timeSeries, int len);

size_t m_window_size; size_t m_string_size; size_t m_alphabet_size; timeseries_properties_t timeseriesWithProperties;

```
void init(const vector<double> *timeSeries,
size_t window_size, size_t string_size, size_t
alphabet_size);
void saxify(vector<double> * seq,
vector<char> *syms);
size_t quantize(const vector<double> * seq,
vector<int> *qseq, bool reduce = true);
```

Discords.h

```
typedef double * time_series_t;
#define POSITIVE_INF
double best_so_far_dist;
long best_so_far_pos;

time_series_t* getNotSelfMatchSequences(time_series_t series, long m, time_series_t subsequence, long n);
void pushFrontSequences(long* sequences);
long* prepare(time_series_t* subsequences, long n);
long findDiscords(time_series_t series, long m, long n);
void run();
```

Utils.h

```
typedef struct timeseries_properties_t {
  vector<double> *timeSeries;// time series
  double m_baseline_mean; // mean of series
  double m_baseline_stdev; // stdev of series
  bool m_trained; // mean and stdev was found
};

void fill_cutpoints(size_t_alphabet_size_vectors double> *cutpoints);
```

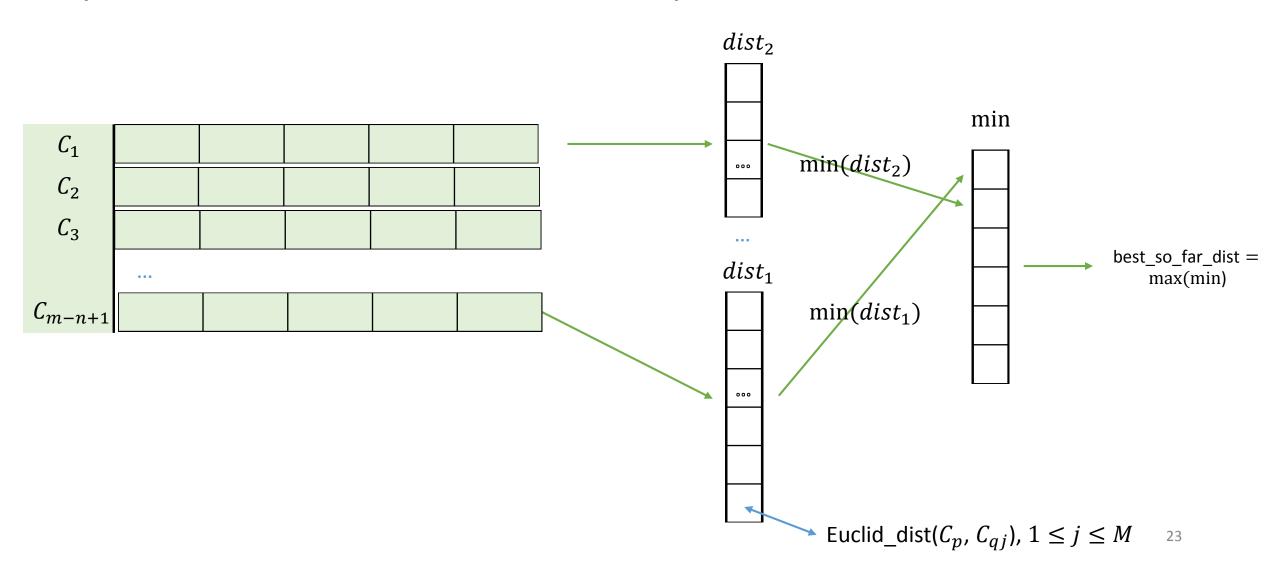
```
void fill_cutpoints(size_t alphabet_size, vector<double> *cutpoints);
double distance(double p1, double p2);
double distance2(double p1, double p2);
double distance2(double series1[], double series2[], long length);
double distance(double series1[], double series2[], long length);
timeseries_properties_t findTimeSeriesProperties(vector<double> *timeSeries);
double * zNormalization(const double *seq, double baseline_mean, double baseline_stdev);
```

Params.h

```
time_series_t originalSeries;
int n;
int m;
int w;
int A;
```

Debugger.h

Доп. Слайды (архив)



Упорядочивание множества подпоследовательностей

Index minVal

2 3 k

