

Алгоритм поиска диссонансов временного ряда

Определения

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

Подпоследовательность (subsequence) T_{im} временного ряда T представляет собой непрерывное подмножество T из m элементов, начиная с позиции i , т.е. $T_{im} = t_i, t_{i+1}, \dots, t_{i+m-1}$, где $1 \leq i \leq N$ и $i + m \leq N$.

Расстояние (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 $|p - q| \geq n$.

Определения

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

Подпоследовательность D длины n , начинающаяся с позиции p называется K -м *диссонансом временного ряда*, 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 $1 \leq i \leq K$, т.е. $|p - p_i| > n$.

Евклидово расстояние между двумя временными рядами Q и C длины n вычисляется по формуле 1

$$\text{Dist}(Q, C) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (q_i - c_i)^2} \quad (1)$$

Подходы к нахождению диссонансов:

- 2а – составить матрицу расстояний для всех подпоследовательностей (для self-match будут фиктивные расстояния). Затем найти максимум из минимумов расстояний.
- 2б – 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.

Основной алгоритм

Входные данные

- T – временной ряд ($t_i, 1 \leq i \leq m$)
- m – длина ряда
- n – длина подпоследовательности
- C – множество подпоследовательностей

Алгоритм

1. Подготовка: составить вектор C из всех подпоследовательностей временного ряда .
2. Вычислить матрицу расстояний D каждой подпоследовательности временного ряда с каждой. Расстояния между подпоследовательностями C_i и C_j вычисляются по формуле:

$$D_{i,j} = \sqrt{\sum_{k=1}^n (C_i^k - C_j^k)^2}$$

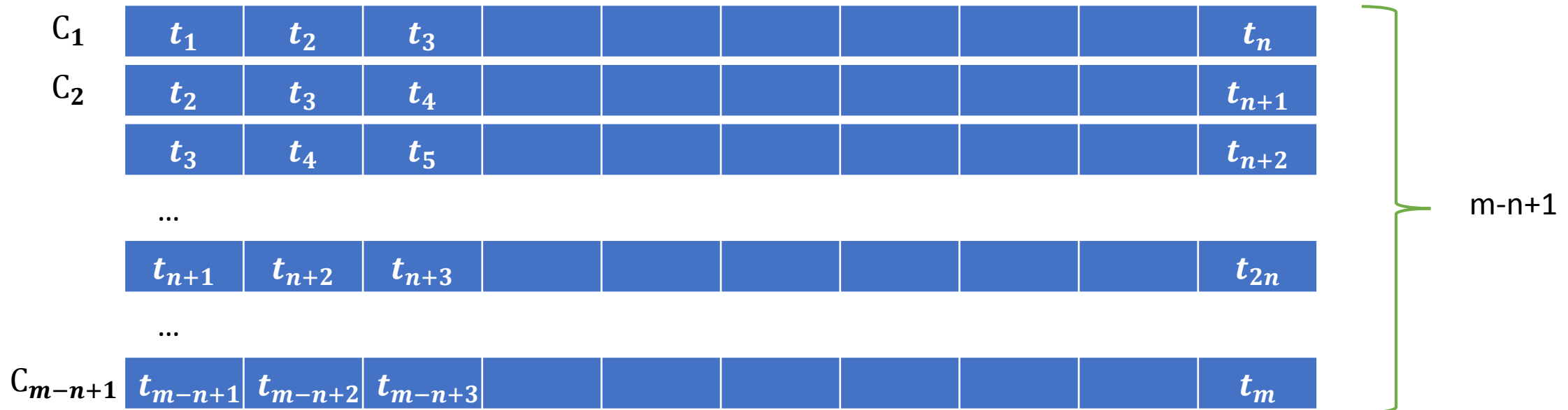
3. В каждой i -й строке матрицы D ($1 \leq i \leq m - n + 1$), соответствующей подпоследовательности C_i заменить расстояния до пересекающихся с C_i подпоследовательностей (self-match) на ∞
4. В каждой i -й строке матрицы D находим минимальный элемент $D_{i,j \min}$, формируем вектор V_{\min} из элементов $D_{i,j \min}$.
5. Находим максимальный элемент в векторе V_{\min} (позиция этого элемента будет соответствовать `bsf_pos`, а значение – `bsf_dist`).

Хранение подпоследовательностей временного ряда

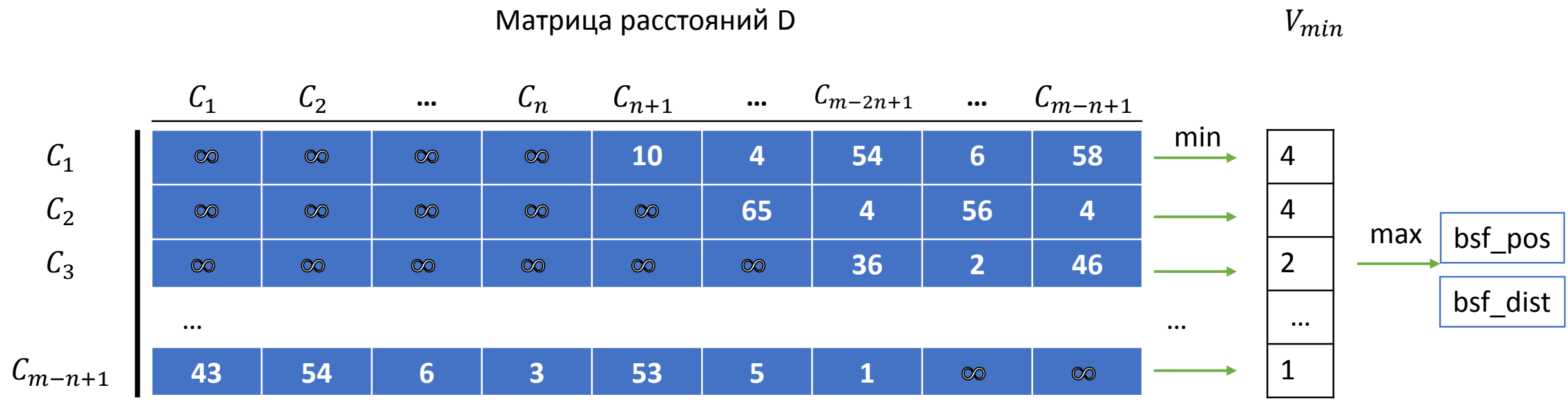
Временной ряд T:



Подпоследовательности C:



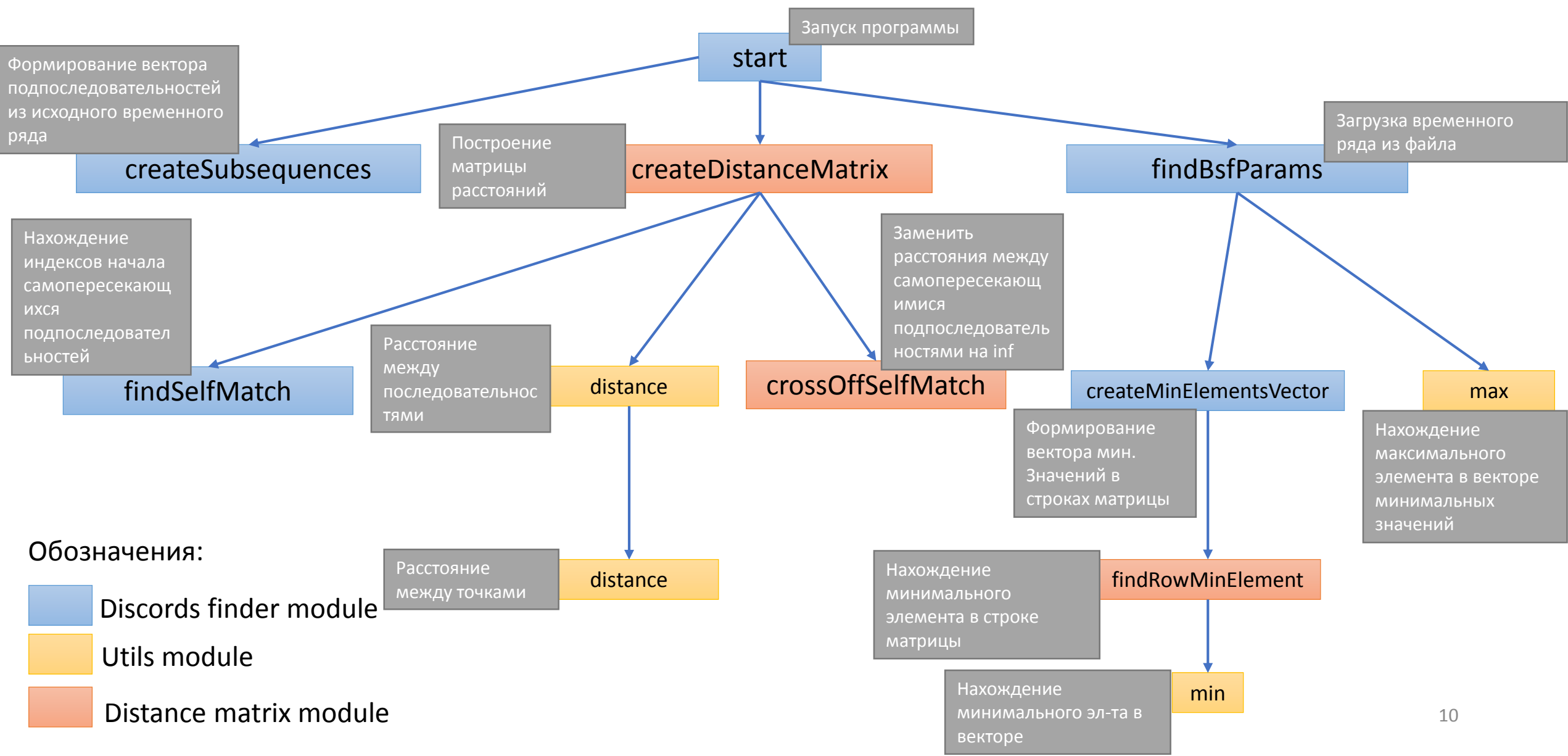
Поиск диссонансов: построение матрицы расстояний и нахождение самого далекого из ближайших соседей для каждой из подпоследовательностей



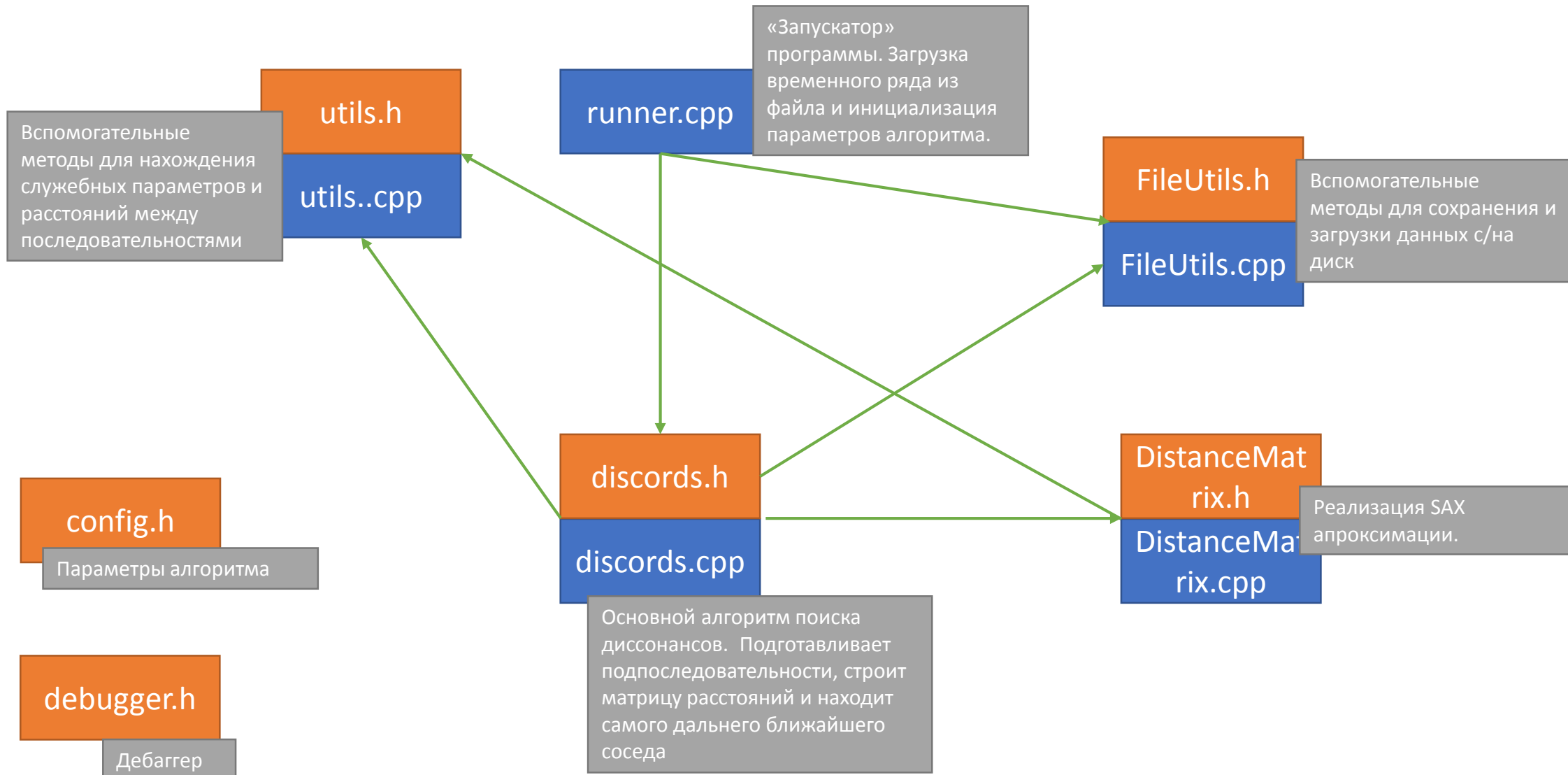
$$D_{C_i, C_j} = \text{Euclid_dist}(C_i, C_j) = \sqrt{\sum_{k=1}^n (C_i^k - C_j^k)^2}, 1 \leq j \leq m - n + 1$$

∞ – фиктивное расстояние (между подпоследовательностью и самой собой и между подпоследовательностью и *self – match* подпоследовательностями)

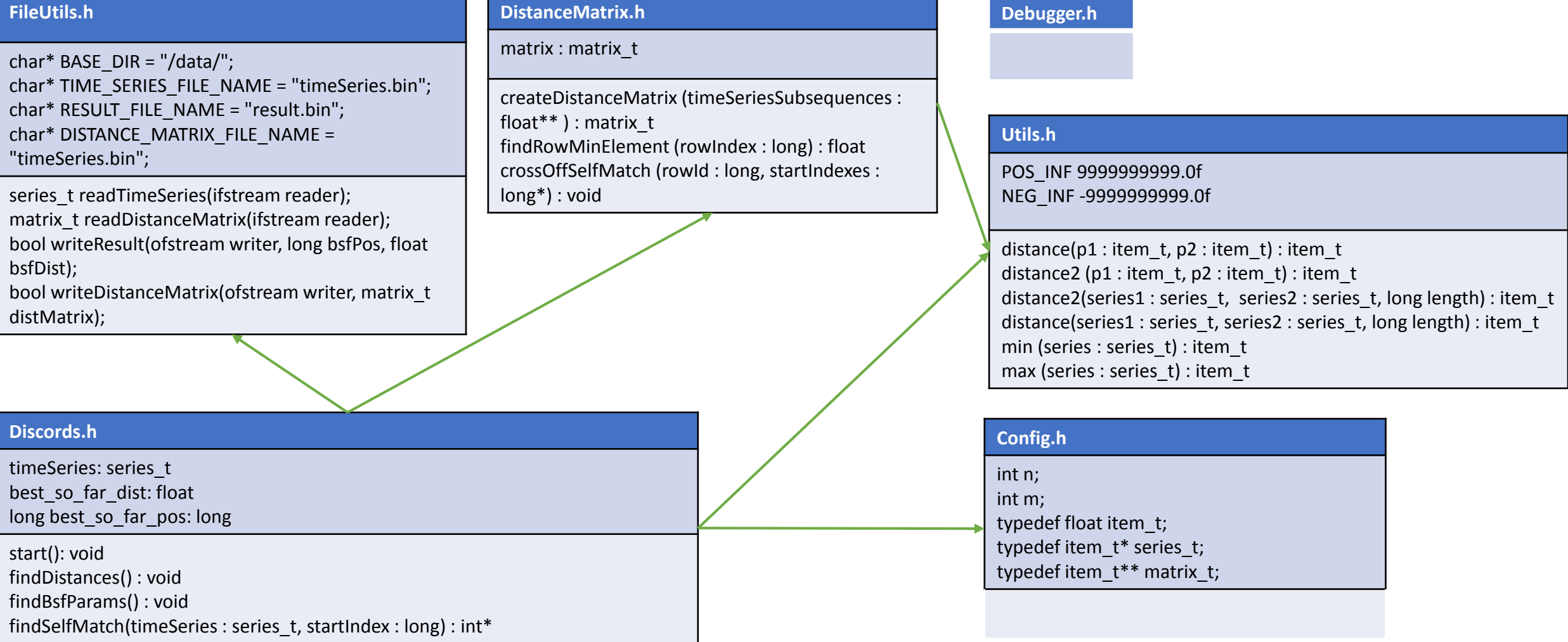
Модульная структура



Файловая структура



Файловая структура



Расчеты памяти

Длина ряда	Длина подпоследовательности					
1000000,00	10	100	1000	10000	100000	1000000
Размер 1 элемента (байт)	Подпоследовательностей					
4	999991,00	999901	999001	990001	900001	1
	Памяти занято матрицей (Тб): кол-во посл. * размер / 1024 / 1024 / 1024 / 1024					
	3,637913324	3,637258523	3,630713756	3,565590232	2,946769382	3,64E-12

Old: последовательный алгоритм на основании алгоритма HOTSAX Кеога (Keogh)

Входные данные

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

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

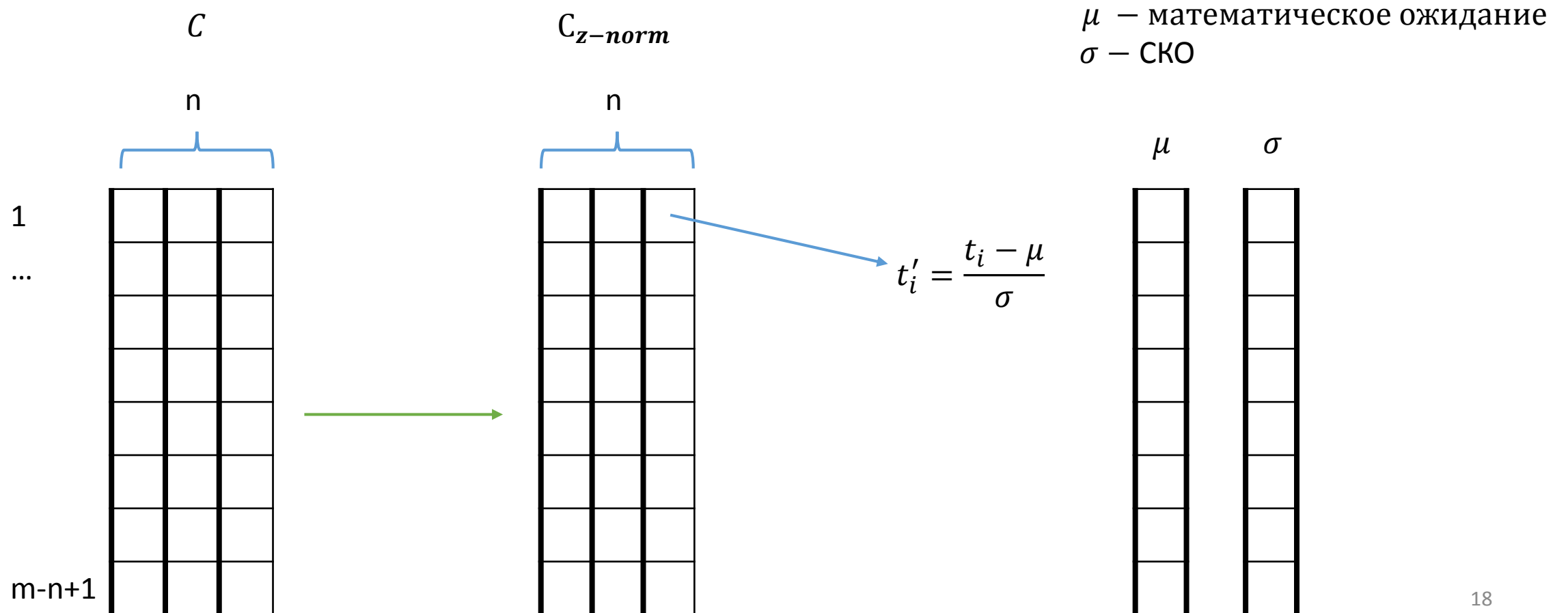
1. Подготовка (выбор эвристики) – подбор порядка подачи подпоследовательностей, при котором возможно быстро отбрасывать неподходящие подпоследовательности.
2. Поиск диссонансов – перебор упорядоченных подпоследовательностей временного ряда с поиском наибольшего расстояния до ближайшего соседа

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.

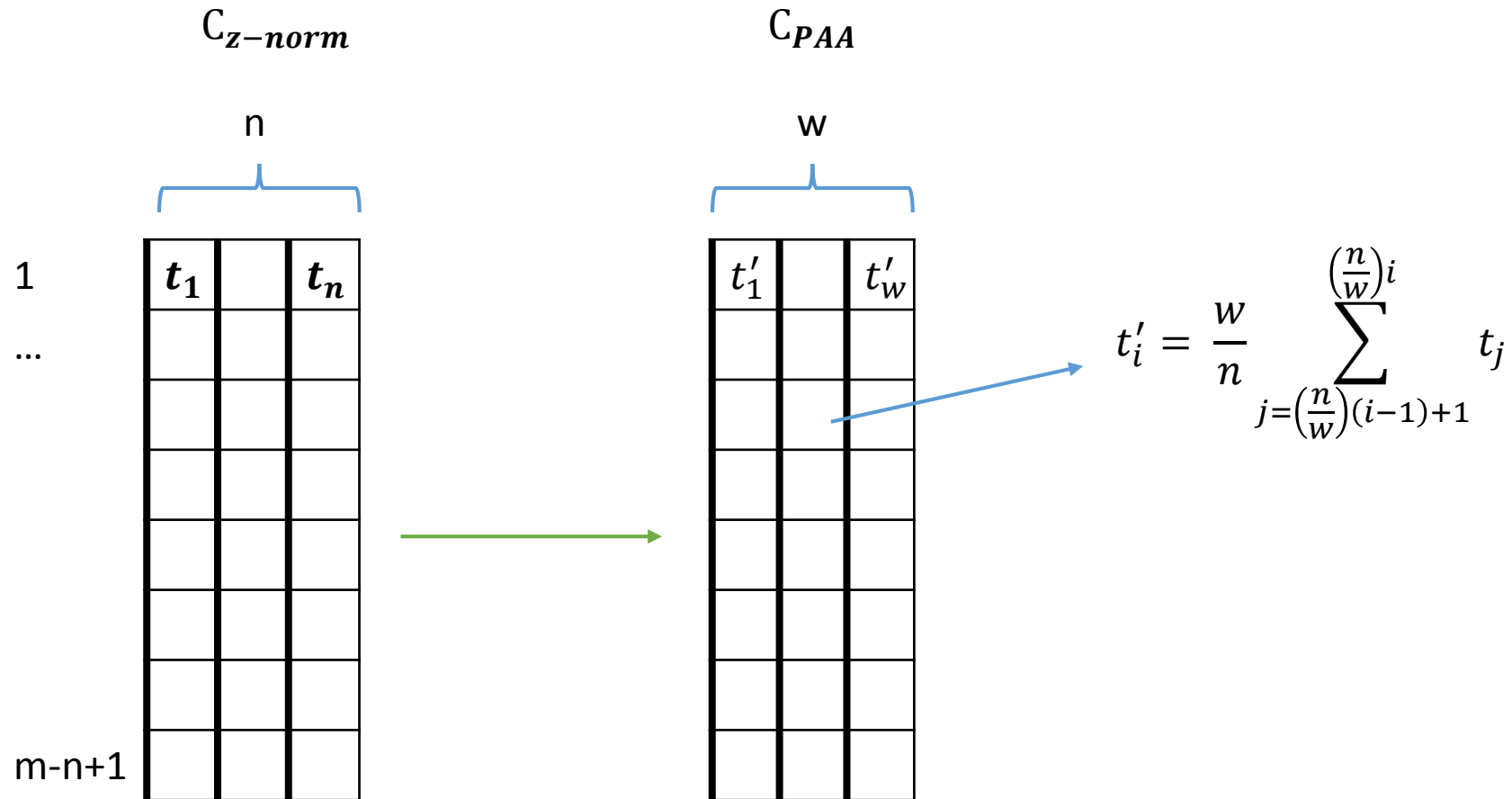
1. Подбор эвристики

1.1 z-нормализация подпоследовательностей C_i временного ряда



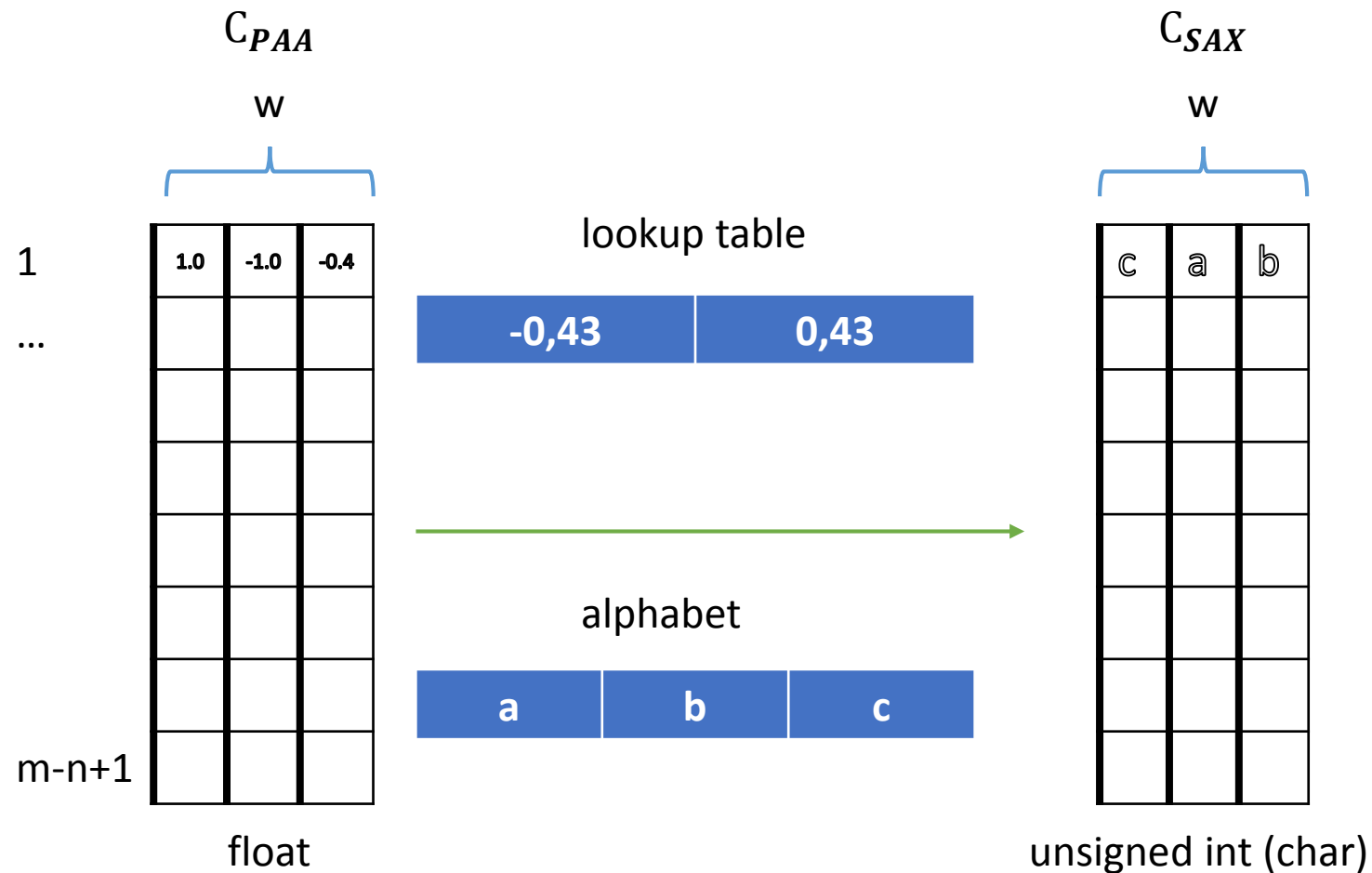
1. Подбор эвристики

1.2 Аппроксимация с помощью кусочной агрегации (РАА)



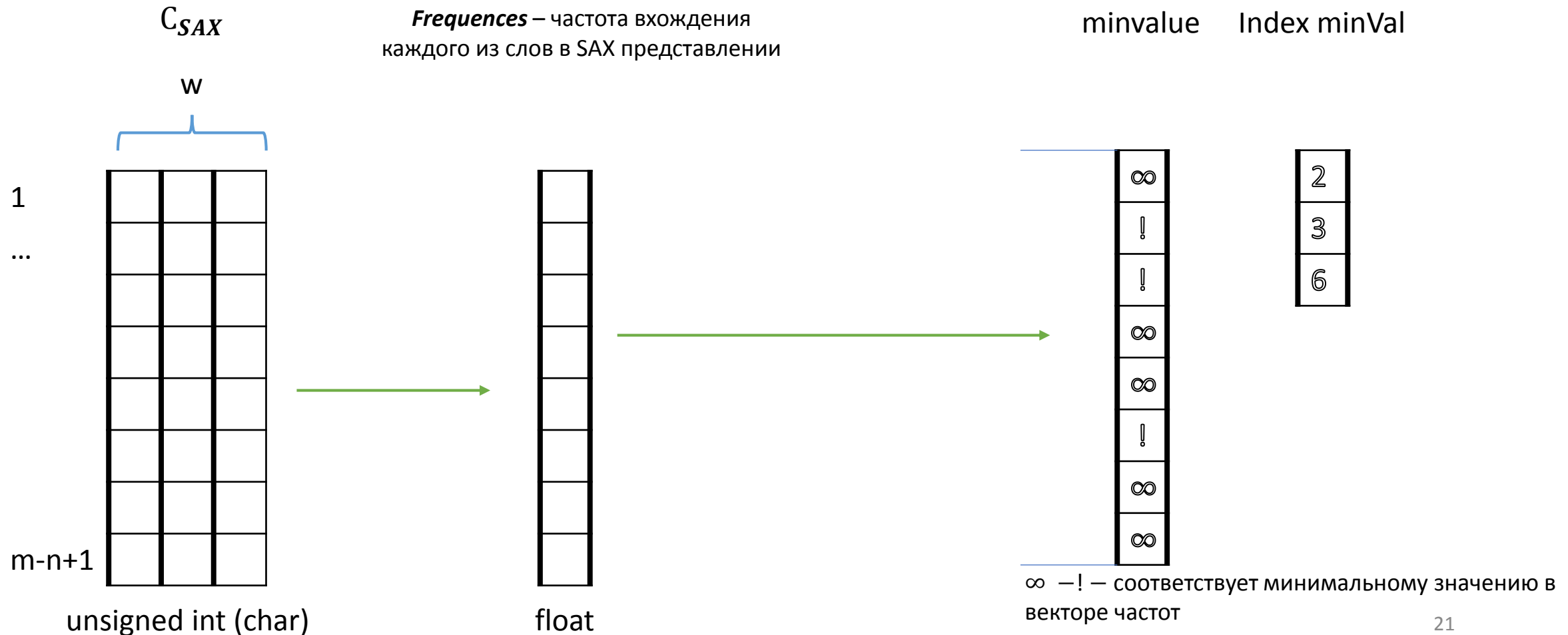
1. Подбор эвристики

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



1. Подбор эвристики

1.4 Подсчет частот, нахождение мин. значения



Упорядочивание множества подпоследовательностей

Index minVal

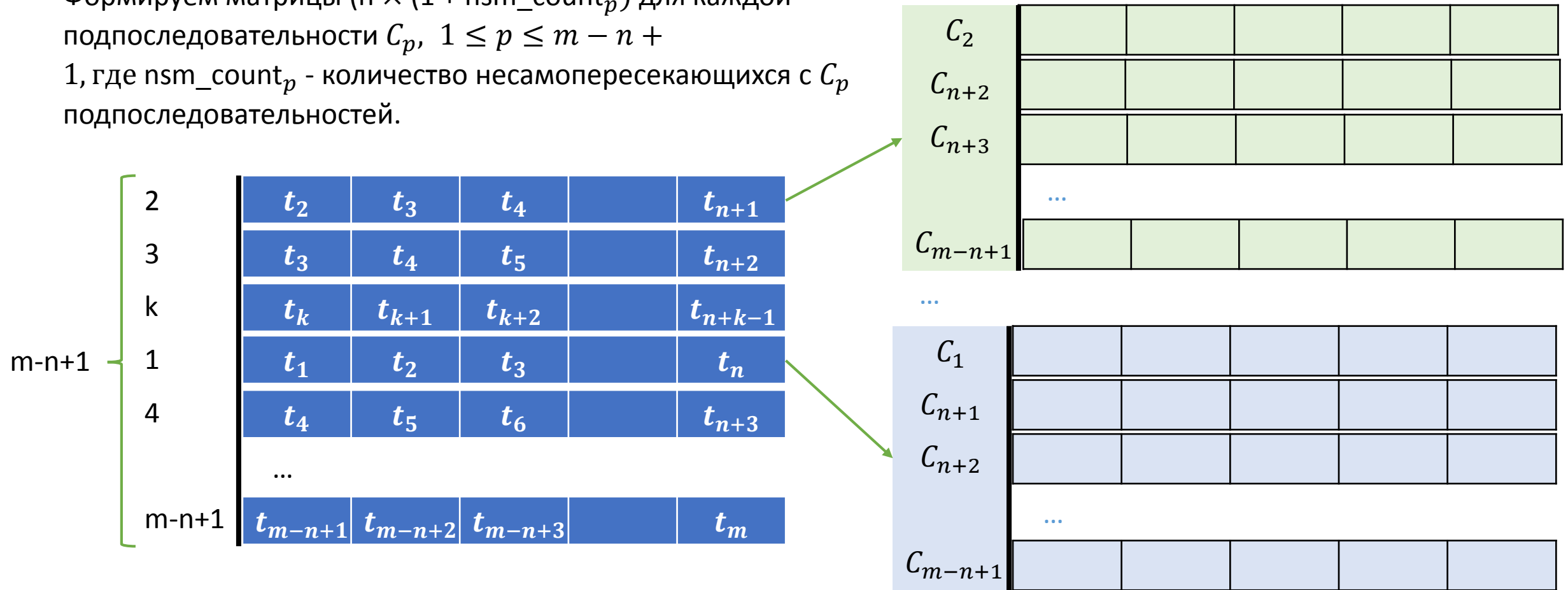
2
3
k

2	t_2	t_3	t_4		t_{n+1}
3	t_3	t_4	t_5		t_{n+2}
k	t_k	t_{k+1}	t_{k+2}		t_{n+k-1}
1	t_1	t_2	t_3		t_n
4	t_4	t_5	t_6		t_{n+3}
	...				
m-n+1	t_{m-n+1}	t_{m-n+2}	t_{m-n+3}		t_m

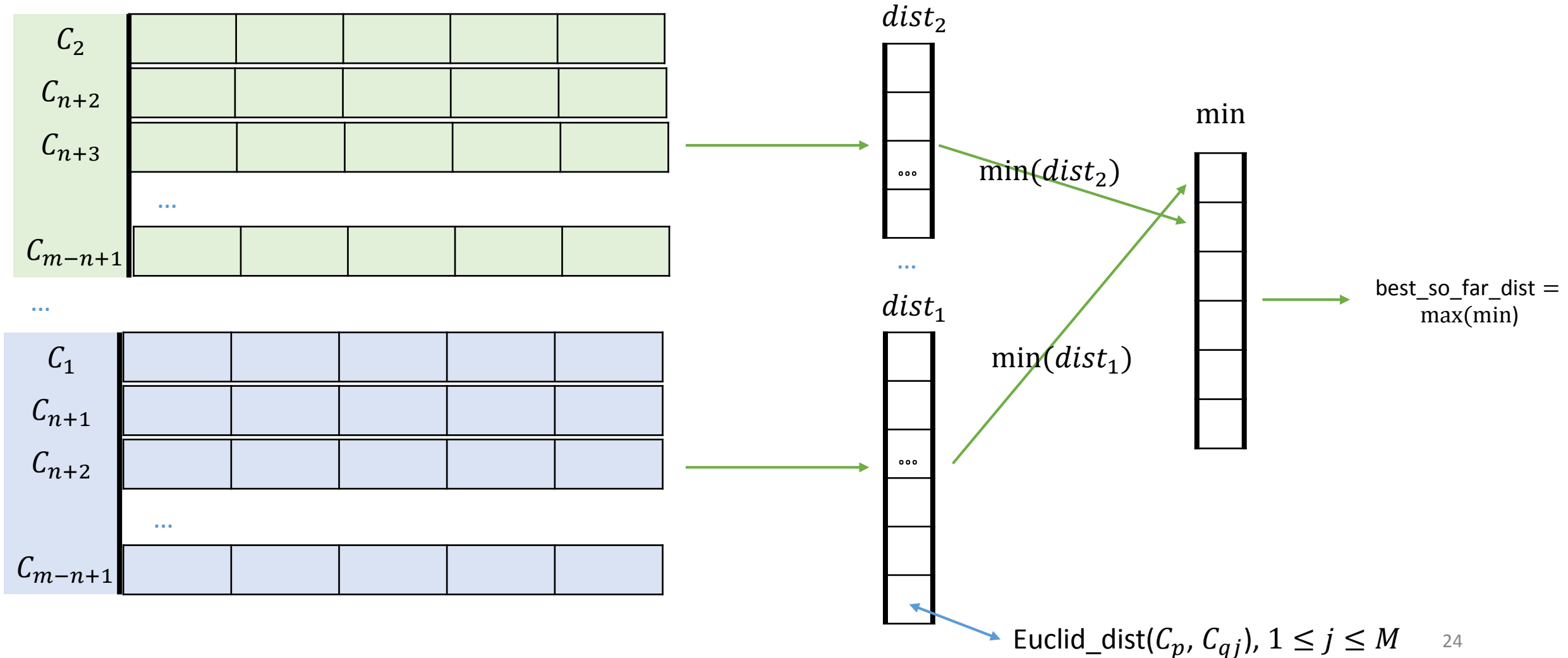
m-n+1

2. Поиск диссонансов: на основе эвристики с ранним выходом из итерации цикла

Формируем матрицы $(n \times (1 + \text{nsm_count}_p))$ для каждой подпоследовательности C_p , $1 \leq p \leq m - n + 1$, где nsm_count_p - количество несамопересекающихся с C_p подпоследовательностей.



2. Поиск диссонансов: на основе эвристики с ранним выходом из итерации цикла

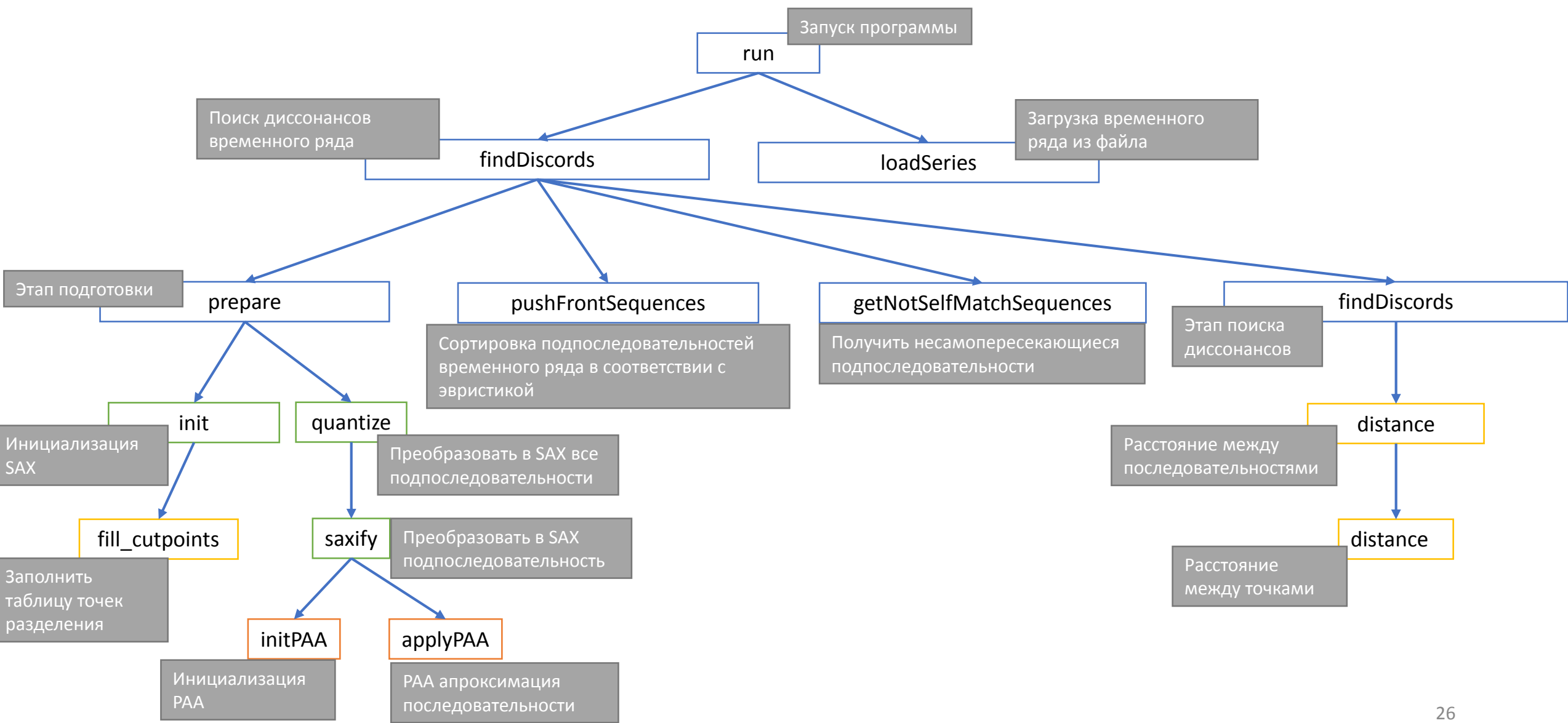


2. Поиск диссонансов: на основе эвристики с ранним выходом из итерации цикла

```
For(int p = 1; p < m-n+1; p++) {  
    min =  $\infty$ ;  
    For(int j = 0; j < M; j++) {  
        if(is_self_match( $C_p$ ,  $C_j$ )) {  
            continue;  
        }  
         $dist_j$  = Euclid_dist( $C_p$ ,  $C_j$ )  
        if ( $dist_j$  < best_so_far_dist) {  
            ->  $C_p$  не подходит  
        }  
        if ( $dist_j$  < min) {  
            min =  $dist_j$ ;  
        }  
    }  
    If(min > best_so_far_dist) {  
        best_so_far_dist = min;  
        best_so_far_pos = p;  
    }  
}
```

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

Модульная структура



Модульная структура

discords-finder

```
void run();
```

Запуск программы

```
long findDiscords(  
    time_series_t series,  
    long m,  
    long n  
);
```

Поиск диссонансов временного ряда

```
time_series_t loadSeries(long m);
```

Загрузка временного ряда из файла

```
long* prepare(  
    time_series_t* subsequences,  
    long n  
);
```

Этап подготовки

SAX

```
void pushFrontSequences(  
    long* sequences  
);
```

Сортировка подпоследовательностей временного ряда в соответствии с эвристикой

```
time_series_t* getNotSelfMatchSequences(  
    time_series_t series,  
    long m,  
    time_series_t subsequence,  
    long n  
);
```

Получить несамопересекающиеся подпоследовательности

```
long findDiscords(  
    time_series_t series,  
    long m,  
    long n  
);
```

Этап поиска диссонансов

Utils

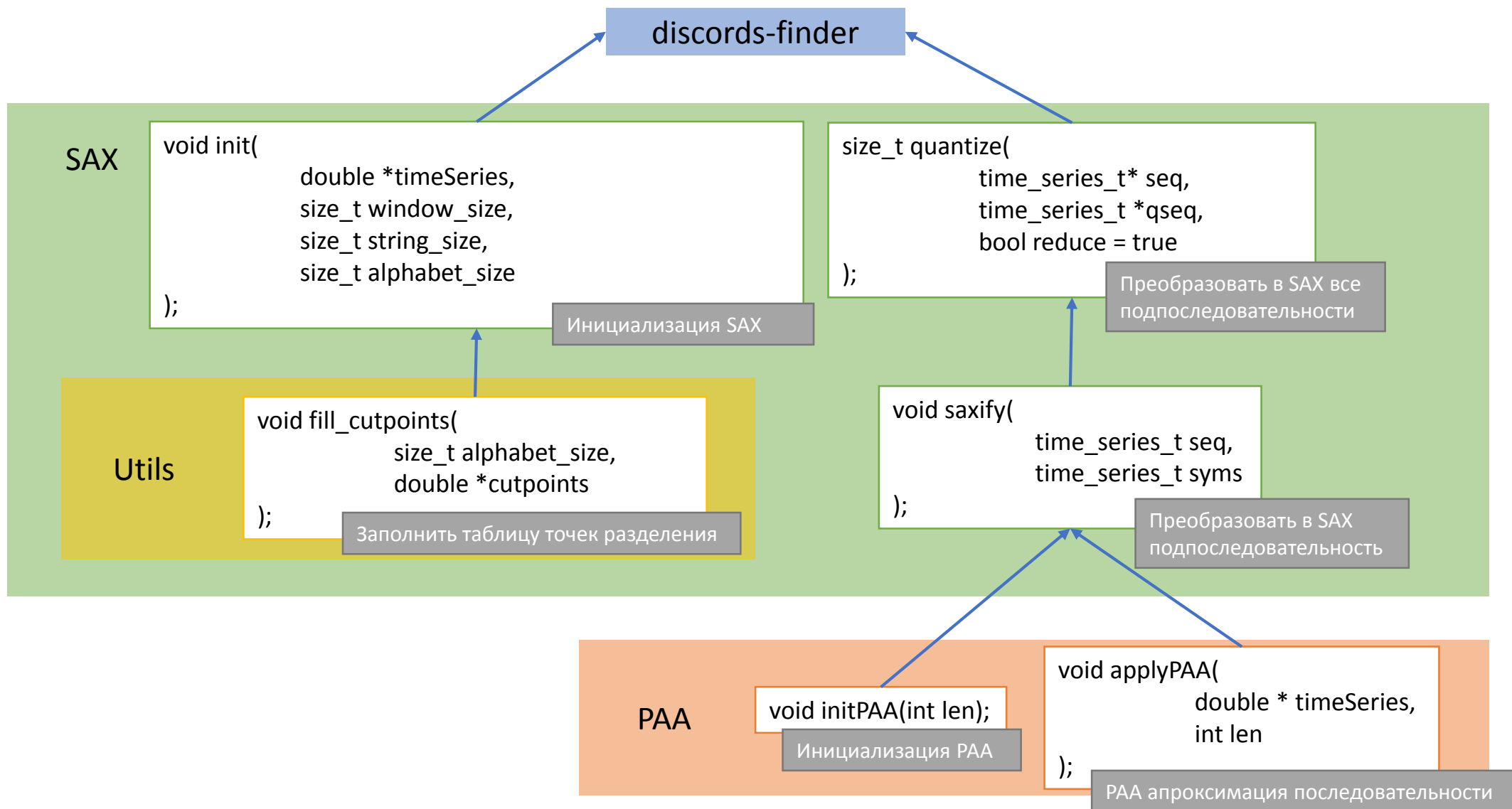
```
double distance(double series1[], double series2[], long length);
```

Расстояние между последовательностями

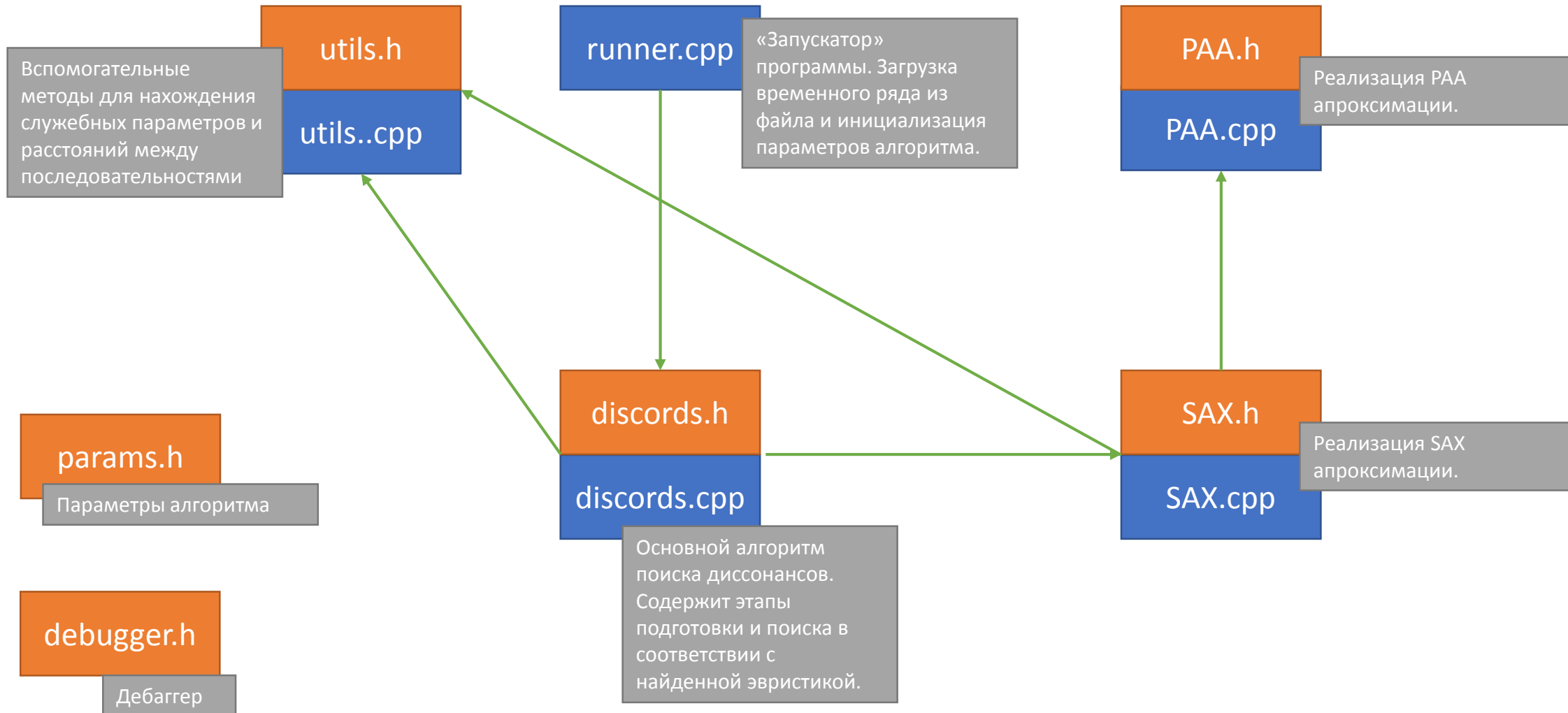
```
double distance(double p1, double p2);
```

Расстояние между точками

Модульная структура



Файловая структура



Файловая структура

