Алгоритм поиска диссонансов временного ряда

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 ∂uc -conancom 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 диссонансом временного pядa, 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. $|p-p_i| > n$.

Eвклидово расстояние между двумя временными рядами Q и C длины n вычисляется по формуле $\boxed{1}$

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

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

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

Хранение подпоследовательностей временного ряда

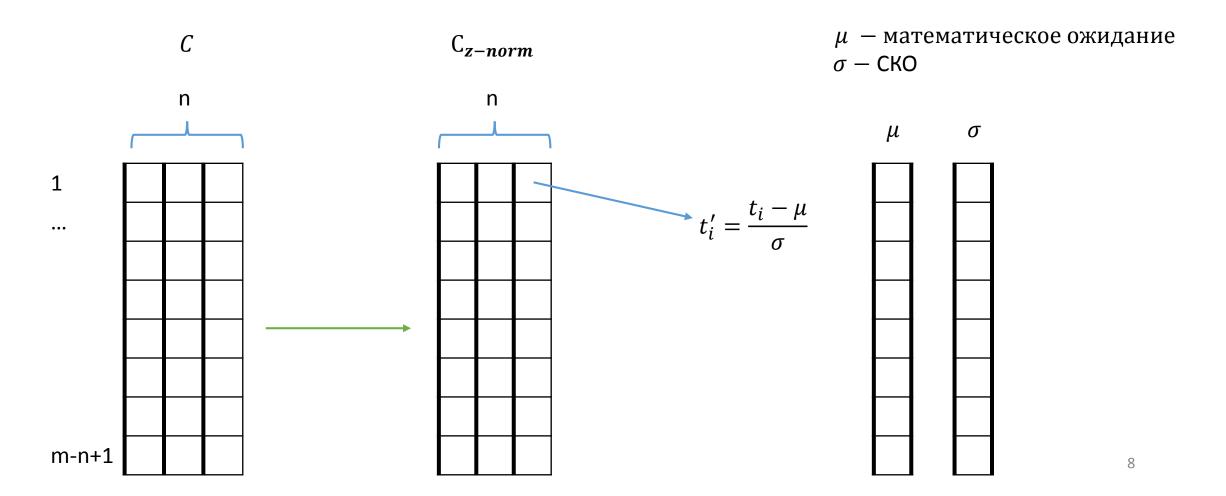
Временной ряд Т:



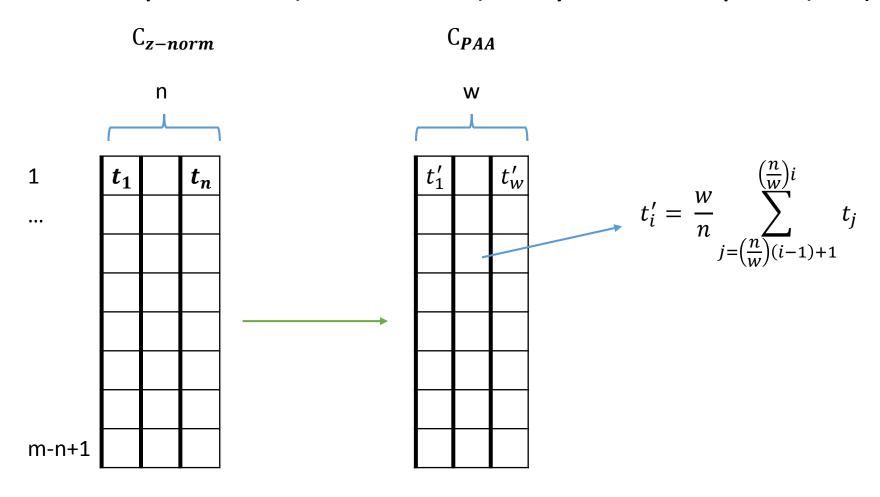
Алгоритм:

- 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

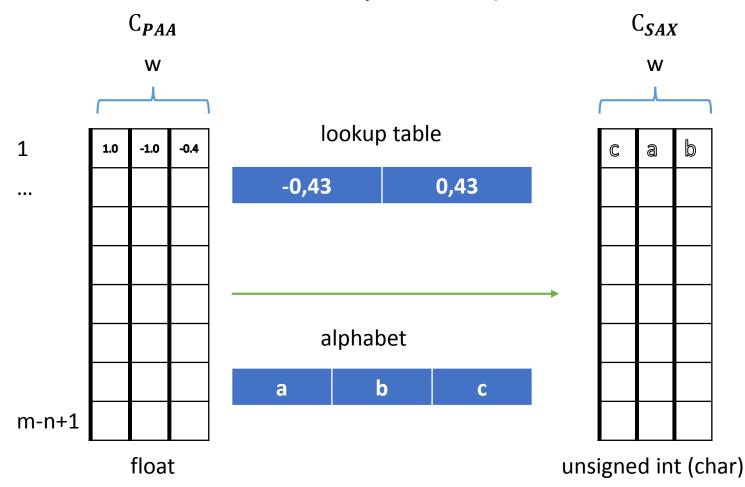
1.1 z-нормализация подпоследовательностей C_i временного ряда



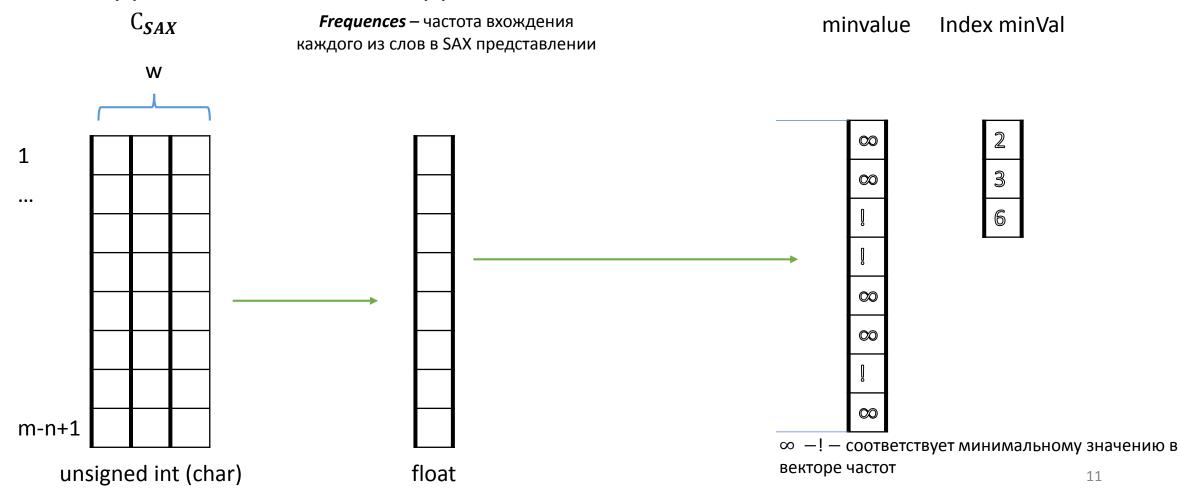
1.2 Аппроксимация с помощью кусочной агрегации (РАА)



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



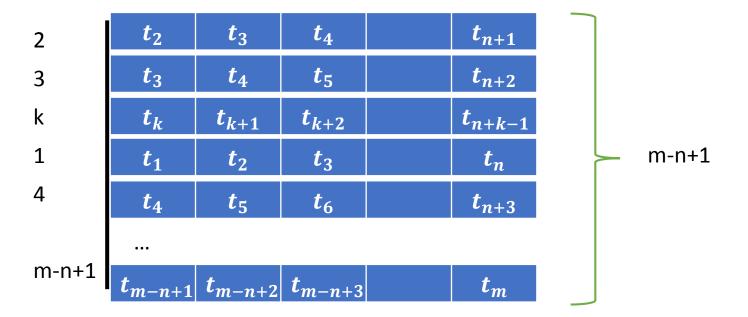
1.4 Подсчет частот, нахождение мин. значения



Упорядочивание множества подпоследовательностей

Index minVal





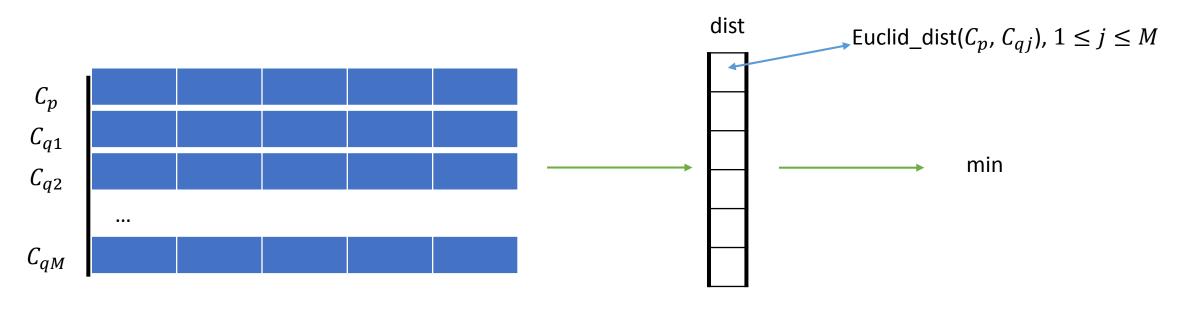
Алгоритм:

- 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
 - 1. Нахождение оптимальной best_so_far_dist (для подпоследовательностей предположительных диссонансов)
 - 2. Нахождение расстояния до ближайшего соседа для оставшихся подпоследовательностей

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

2. Поиск диссонансов

2.1 Нахождение расстояния до ближайшего соседа для всех подпоследовательностей с обновлением best so far dist

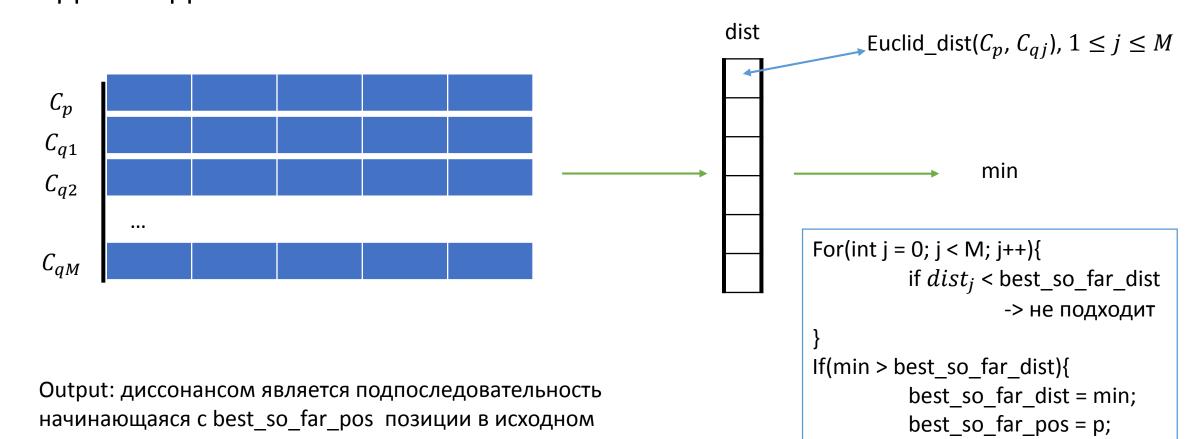


 C_p — подпоследовательность, для которой нужно найти расстояние до ближайшего соседа $\{C_{qi}\}$ — множество not-selfmatch с C_p подпоследовательностей

2. Поиск диссонансов

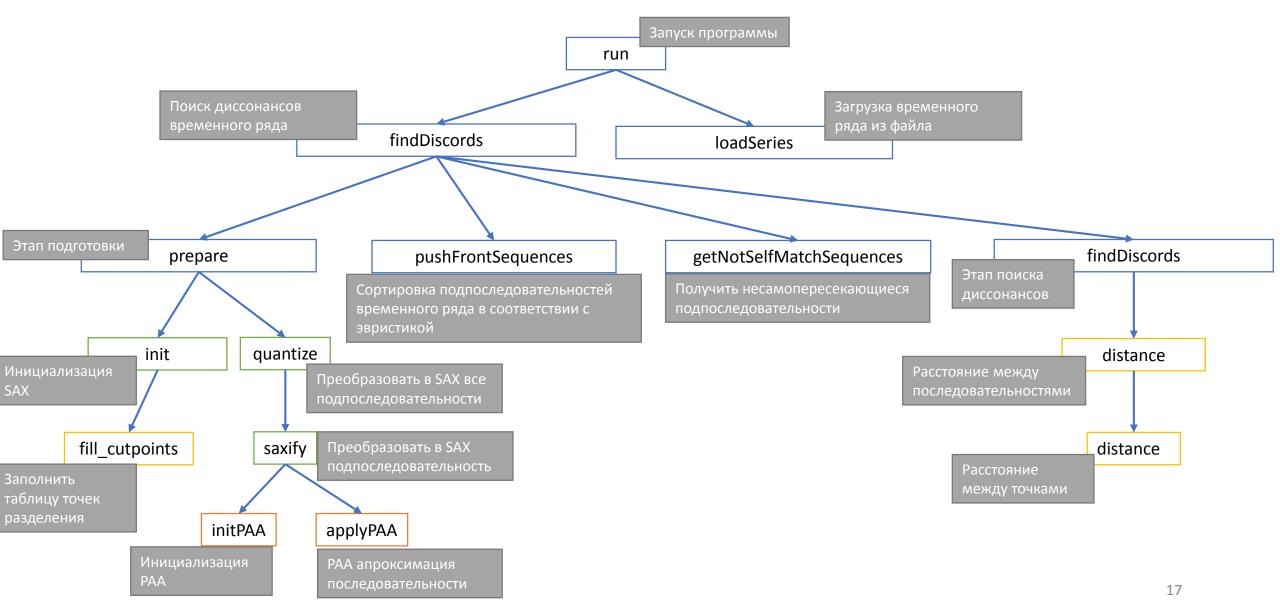
временном ряде.

2.2 Нахождение расстояния до ближайшего соседа для оставшихся подпоследовательностей

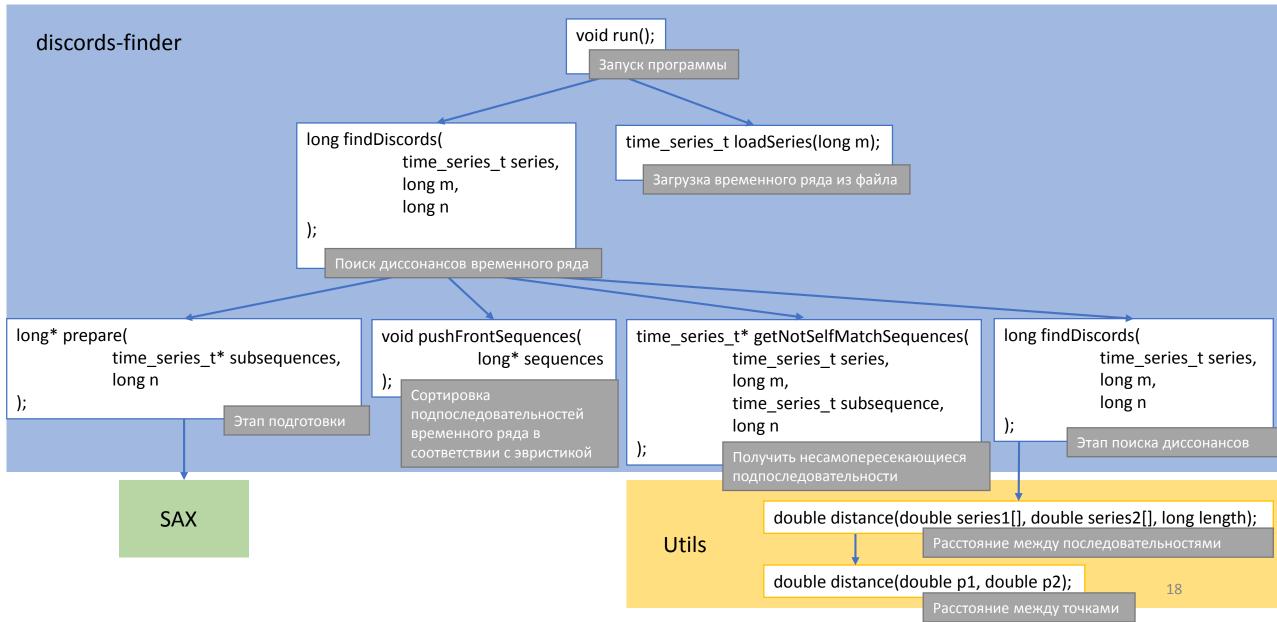


16

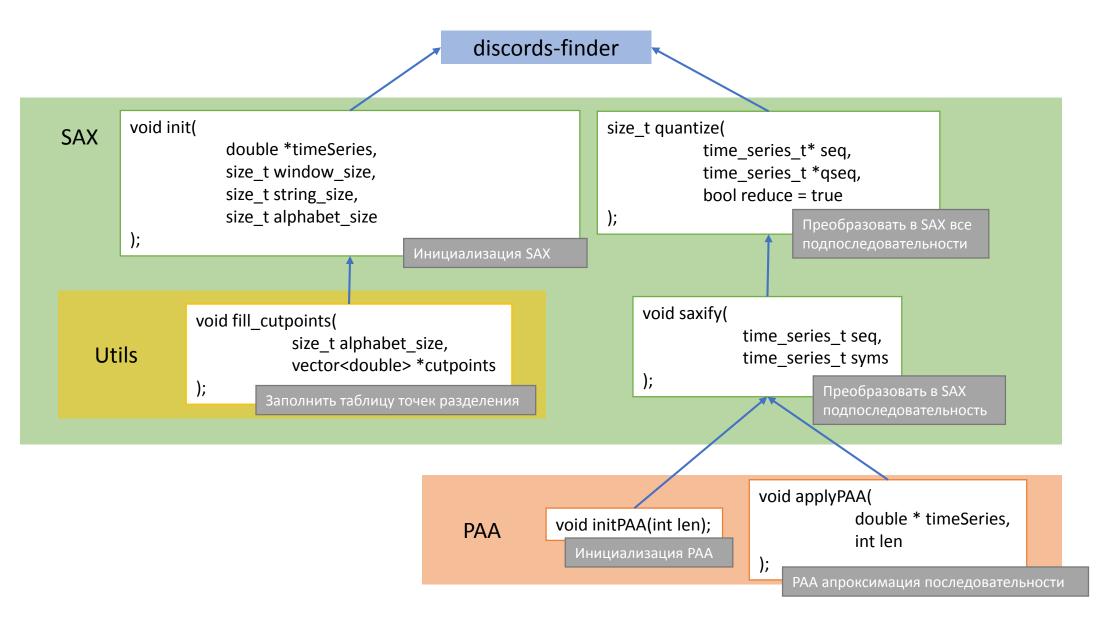
Модульная структура



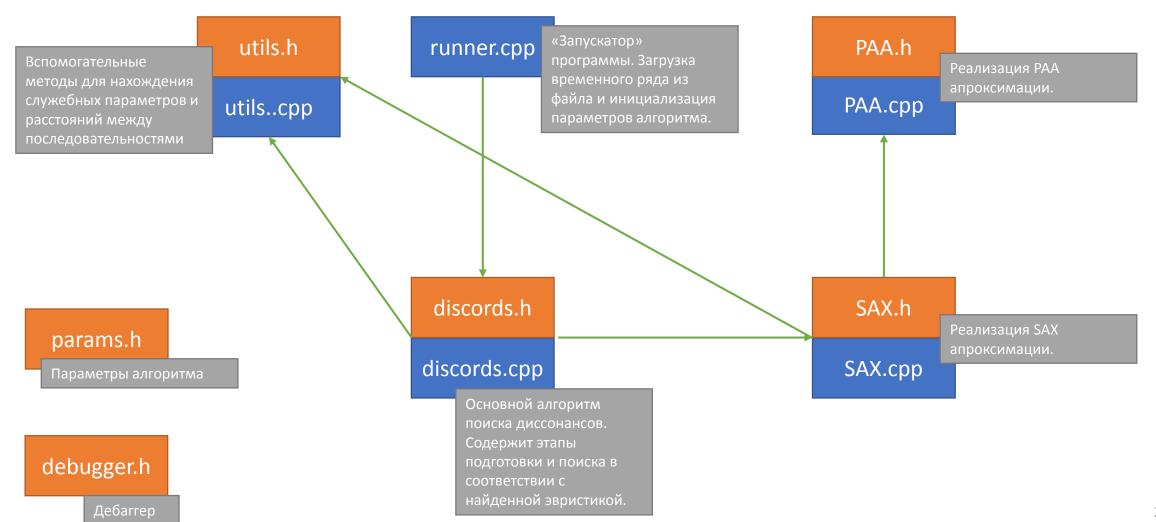
Модульная структура



Модульная структура



Файловая структура



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

```
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, 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);
```

vector<double> * zNormalization(const vector<double> *seq, double baseline mean,

Params.h

double baseline stdev);

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

typedef struct timeseries properties t {

vector<double> *timeSeries;// time series

Debugger.h