

Algorithmen und Lernverfahren

Vorlesung von Prof. Dr. Boris Hollas

Kay Förster

14. Januar 2016

Inhaltsverzeichnis

1	O-Notation, Laufzeitanalyse	4
1.1	O-Notation	4
1.2	Omega-Notation	7
1.3	Theta-Notation	7
2	Suchen und Sortieren	8
2.1	Lineare Suche	8
2.2	Binäre Suche	8
2.3	Binäre Suchbäume	10
2.4	Hashing	11
2.5	Sortieren	13
2.5.1	Mergesort	14
2.5.2	Heap Sort	15
3	Dynamisches Programmieren	20
3.1	Editierdistanz	21
3.2	Längste gemeinsame Teilfolge	23
3.3	Komplexitätsklassen	24
3.4	Travelling Salesmann Problem	25
3.5	Rucksackproblem	27
4	Graphalgorithmen	29
4.1	Verallgemeinerung der A*-Suche	30
4.2	Topologisches Sortieren	31
5	Datenkompression	33
5.1	Huffman Codierung	33
5.1.1	Implementierung	33
5.1.2	Optimalität des Huffman-Codes	34
5.1.3	Beispiel	34
6	Lernverfahren	36
6.1	Entscheidungsbäume	36
7	Markov-Ketten, Hidden Markov Modelle	42
7.1	Hidden Markov Model (HMM)	42
7.1.1	Mathematische Behandlung	43
7.2	Viterbi-Algorithmus	44

7.3	Parameterschätzung	47
7.3.1	Überwachtes Lernen	47
7.3.2	Unüberwachtes Lernen	47
7.4	Forward-Algorithmus	48
7.5	Backward-Algorithmus	50
7.6	Posterior Decoding	52
7.7	Baum-Welch-Algorithmus	53

1 O-Notation, Laufzeitanalyse

Man kann den Zeitaufwand von Algorithmen nicht eindeutig bestimmen. Viel zu viele Faktoren (Hardware, parallel laufende Programme, Eingabereihenfolge, ...) spielen eine Rolle, so dass man mit normalen Mitteln niemals eine genaue und allgemeine Aussage über die benötigte Zeit machen kann. Es werden nun nicht mehr die benötigten Zeiten, sondern die benötigten "greifbaren" Schritte bei einer bestimmten Eingabelänge n beschrieben. Somit können Programme in Klassen (konstant, logarithmisch, linear, polynomial, exponentiell, u.a.) eingeteilt werden.

1.1 O-Notation

Wir verwenden die \mathcal{O} -Notation um die Laufzeit und den Platzbedarf von Algorithmen anzugeben. Dazu betrachten wir die maximale Anzahl Schritte, die ein Algorithmus ausführt.

Beispiel

Es soll die Laufzeit der lineare Suche berechnet werden.

```
1 for (k := 1 to n) {  
2     if (a[k] == gesuchter Wert)  
3         return true;  
4 }  
5 return false;
```

Listing 1.1: Pseudocode zur Berechnung der Laufzeit

Lösung:

$$\begin{aligned} LZ &\leq n \cdot c_1 + c_2 \\ &\leq n \cdot c + c \text{ wobei } c = \max\{c_1, c_2\} \\ &\leq n \cdot c + n \cdot c \\ &= 2c \cdot n \in \mathcal{O}(n) \end{aligned}$$

Die Laufzeit der linearen Suche ist $\leq c \cdot n$, wobei c eine Konstante ist, die von der Implementierung und dem Computer abhängt.

Def.: Für eine Funktion $f \geq 0$ ist $\mathcal{O}(f)$ die Menge aller Funktionen g mit

$$0 \leq g(n) \leq c \cdot f(n)$$

für eine Konstante $c > 0$ für alle hinreichend großen n .

$$\mathcal{O}(f) = \{g \mid 0 \leq g(n) \leq c \cdot f(n) \text{ für ein } c > 0 \text{ und allen großen } n \in \mathcal{N}\}$$

Die \mathcal{O} -Notation stellt somit die maximale Laufzeit (Worst Case Laufzeit) eines Algorithmuses dar. Die Funktion $g(n)$ ist die konkrete Laufzeit einer gegebenen Implementierung.

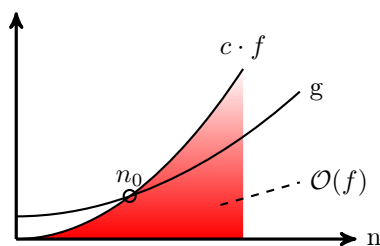


Abbildung 1.1: Grafische Darstellung der \mathcal{O} -Funktion

Es gelten folgende Rechenregeln:

- $\mathcal{O}(f) + \mathcal{O}(g) = \mathcal{O}(\max\{f, g\})$
- $\mathcal{O}(f) + \mathcal{O}(g) = \mathcal{O}(f + g)$
- $\mathcal{O}(f) \cdot \mathcal{O}(g) = \mathcal{O}(f \cdot g)$
- $\mathcal{O}(c \cdot f) = \mathcal{O}(f)$ (für alle $c \geq 0$)
- $f \leq g \Rightarrow \mathcal{O}(f) \subseteq \mathcal{O}(g)$
- $\mathcal{O}(c) = \mathcal{O}(1)$
- $c = \mathcal{O}(1)$

Übung

$$\begin{aligned} 0 &\leq 17n^3 + 5n^2 + 2n + 8 \\ &\leq 17n^3 + 5n^3 + 2n^3 + 8n^3 \\ &\leq 32n^3 \in \mathcal{O}(n^3) \end{aligned}$$

Übung

Berechnen Sie die Laufzeit des folgenden Codes:

```
1   for (k := 1 to n-1)
2       for (l := k+1 to n)
3           if (a[k] == a[l])
4               return Duplikat vorhanden;
5   return Kein Duplikat vorhanden;
```

Listing 1.2: Pseudocode zur Berechnung der Laufzeit

1. Möglichkeit zur Abschätzung der Laufzeit

$$\begin{aligned} LZ &\leq n \cdot n \cdot c + c' \\ &\leq n^2 \cdot c + n^2 \cdot c' \\ &\leq (c + c')n^2 \\ &\leq \mathcal{O}(n^2) \end{aligned}$$

2. Möglichkeit zur genaueren Abschätzung der Laufzeit

$$\begin{aligned} LZ &\leq \binom{n}{2} \cdot c + c' \\ &\leq \binom{n}{2} \cdot c + \binom{n}{2} \\ &= \binom{n}{2}(c + 1) \\ &= \frac{n(n-1)}{2}(c + 1) \\ \curvearrowright LZ &\leq n^2 \cdot \frac{c+1}{2} \in \mathcal{O}(n^2) \end{aligned}$$

1.2 Omega-Notation

Die Omega-Notation beschreibt die untere Schranke, d.h. wie lange ein Algorithmus bzw. ein Programm mindestens läuft (Best Case Laufzeit).

Def.: $\Omega(f) = \{g \mid \text{Es gibt ein } c > 0, \text{ sodass } 0 \leq c \cdot f(n) \leq g(n) \text{ für alle großen } n \text{ gilt.}\}$

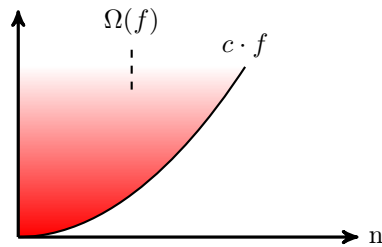


Abbildung 1.2: Grafische Darstellung der Omega-Funktion

1.3 Theta-Notation

Die Theta-Notation dient dazu, gleichzeitig eine obere und eine untere Schranke zu definieren.

Def.: $\Theta(f) = \mathcal{O} \cap \Omega(f)$

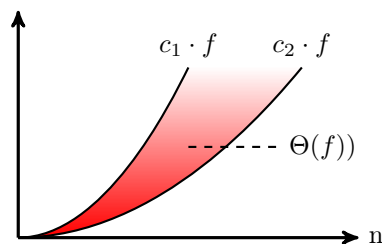


Abbildung 1.3: Grafische Darstellung der Theta-Funktion

2 Suchen und Sortieren

2.1 Lineare Suche

Die Lineare Suche ist der einfachste Suchalgorithmus überhaupt. Bei ihr wird solange ein Element nach dem anderen durchlaufen, bis ein Element mit dem gesuchten Schlüssel angetroffen wird. Die lineare Suche hat eine Laufzeit von $\mathcal{O}(n)$ (n ist die Anzahl der Elemente der Liste) und kann sowohl auf sortierte als auch unsortierte Listen angewendet werden.

```
1 public static int lineareSuche(int gesucht, int[] daten) {  
2     for (int i = 0; i < daten.length; i++)  
3         if (daten[i] == gesucht)  
4             return i;  
5     return -1;  
6 }
```

Listing 2.1: Beispielimplementierung in Java

2.2 Binäre Suche

Die binäre Suche ist ein Algorithmus, der in einem Array sehr effizient ein gesuchtes Element findet bzw. eine zuverlässige Aussage über das Fehlen dieses Elementes liefert. Voraussetzung ist, dass die Elemente in dem Array entsprechend sortiert sind.

Dazu wird immer das mittlere Element eines Felds überprüft. Ist das Element gleich dem gesuchten Element ist die Suche beendet. Ansonsten wird geprüft ob das Element kleiner als das gesuchte Element ist, dann muss sich das Element in der vorderen Hälfte befinden, ansonsten in der hinteren. Dadurch wird der Suchbereich Schritt für Schritt halbiert bis das gesuchte Element gefunden ist oder nur noch ein Element vorhanden ist.

Für $n = 2^k$ lässt sich das Verhalten bei erfolgloser Suche als vollständiger Binärbaum darstellen. Jeder Knoten entspricht ein Vergleich mit einem mittleren Feldelement. Jedes Blatt entspricht einem Vergleich in einem Array der Länge 1, daher besitzt der Baum n Blätter. In einem vollständigen Binärbaum mit genau $n = 2^k$ Blättern besitzt jeder Pfad von der Wurzel zu einem Blatt die Länge $k = \log_2 n$. Falls die Suche

Alternative Herleitung

Eine weitere Alternative Herleitung geht über die Herleitung einer Schleife:

Anzahl Schleifendurchläufe · Aufwand pro Schleife

$$\mathcal{O}(k) \cdot \mathcal{O}(1) = \mathcal{O}(k) = \mathcal{O}(\log n)$$

2.3 Binäre Suchbäume

Um auch in dynamischen Datenstrukturen zu suchen, lassen sich Suchbäume verwenden. Ein Suchbaum ist ein Binärbaum in dem gilt: Jeder in einem Knoten gespeicherte Wert ist größer als alle Knoten im linken Teilbaum und kleiner als alle Knoten im rechten Teilbaum. Folgende Funktionen sind nötig:

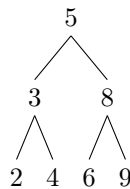


Abbildung 2.2: Beispiel für einen Suchbaum

Suchen nach einem Wert Das wird der Suchbaum, beginnend an der Wurzel, rekursiv durchgesucht. Die Laufzeit liegt bei $\mathcal{O}(n)$ für einen linear entarteten Baum und $\mathcal{O}(\log n)$ für einen vollständigen Baum.

Wert hinzufügen Dazu wird der Baum wie oben durchsucht und ein Blatt mit dem neuen Wert hinzugefügt falls der Wert noch nicht vorhanden ist. Die Laufzeit ist gleich der des durchsuchens eines Baumes.

Suchbaum aufbauen Dazu kann mehrfach die obige Funktion aufgerufen werden. Jedoch kann dabei ein unbalancierter Baum entstehen. Es gibt einen Algorithmus der einen optimalen Suchbaum aufbaut.

Wert entfernen Es werden im allgemeinen zwei Fälle unterschieden:

einfacher Fall Der zu entfernende Knoten hat keine oder genau einen Nachfolger

schwieriger Fall Knoten besitzt zwei Nachfolger. Eine einfache Lösung ist es, den zu entfernenden Knoten mit dem kleinsten Knoten im rechten Unterbaum zu ersetzen. Dazu wird der Knoten mit minimalen Wert im rechten Unterbaum gesucht und durch einen rekursiven Aufruf entfernt und als eine Wurzel angehängt.

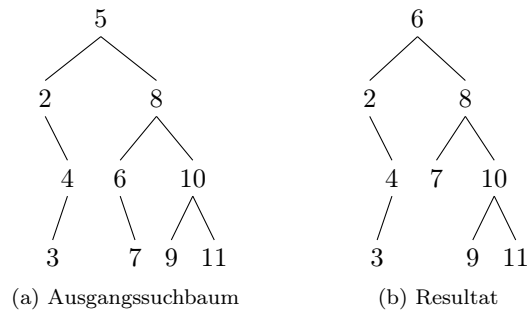
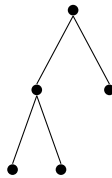


Abbildung 2.3: Beispiel für das entfernen eines Wertes aus einem Suchbaum

Mit einer Grammatik lässt sich ein Binärbaum darstellen:

$$\text{BTree} \rightarrow \text{empty} \mid \text{node Btree Btree}$$

Zum Beispiel entspricht die Grammatik “node(node empty empty) empty” dem Baum



2.4 Hashing

Gegeben sei eine Menge U von potentiellen Schlüsseln und eine Menge $S \subseteq U$ von zu verwaltenden Schlüsseln. Hashing ist geeignet, wenn $|S|$ deutlich kleiner $|U|$ ist und sich $|S|$ nicht stark ändert. Beispiel:

- U ... alle möglichen ISBN-Nummern
- S ... tatsächlich in einer Buchhandlung vorkommenden ISBN-Nummern

Wir verwenden eine Hashfunktion $h : U \rightarrow T$, die eine Hashtabelle T abbildet. Ein Beispiel für eine Hashfunktion könnte $h(s) = s \bmod m$ sein, wenn $m \leq |T|$ ist. m sollte dabei eine Primzahl sein.

Dabei können allerdings Kollisionen (mehrere Schlüssel besitzen den gleichen Hashwert) auftreten. Dies soll durch das folgende Beispiel verdeutlicht werden: In einer Hashtabelle mit $m = 100$ Einträgen werden k zufällige Schlüssel eingetragen. Wir nehmen an,

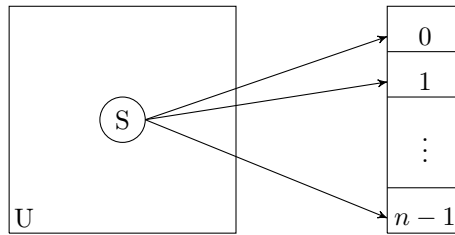


Abbildung 2.4: Hashfunktion die auf ein Array abbildet

dass die Hashfunktion gut streut und die Werte der Hashfunktion gleichmäßig verteilt sind. Ab wann ist die Wahrscheinlichkeit für eine Kollision $\geq 0,5$?

$$\begin{aligned}
 P(\text{Kollision}) &= 1 - (\text{keine Kollision}) \\
 &= 1 - 1 \cdot \frac{99}{100} \cdot \frac{98}{100} \cdot \dots \cdot \frac{100 - k + 1}{100} > \frac{1}{2} \\
 \Leftrightarrow k &\geq 13
 \end{aligned}$$

Allgemein ist bei etwa $\sqrt{2m}$ vielen Einträgen mit einer Kollision zu rechnen.

Die einfachste Art der Kollisionsbehandlung ist das Hashing mit Verkettung. Dabei ist jedes Element der Hashtabelle eine Liste.

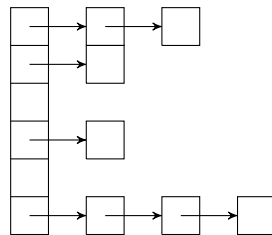


Abbildung 2.5: Hashing mit Verkettung; alle Daten, deren Schlüssel auf denselben Hashwert führen, werden in die entsprechende Liste eingetragen

Der Belegungsfaktor einer Hashtabelle mit n Elementen ist $\beta = \frac{n}{m}$. Man kann zeigen, dass die mittlere Länge der Überlaufkette β ist. Daraus ergibt sich die mittlere Anzahl Suchschritte $1 + \beta$.

Dynamische Größenänderung

Um die Suchzeit und den Platzbedarf gering zu halten, muss der Belegungsquotient begrenzt sein. Eine einfache Möglichkeit ist es das beim Überschreiten eines Schwell-

wertes für β (typisch $\beta = \frac{3}{4}$) alle Einträge in eine größere Hashtabelle kopiert werden. Entsprechend beim Unterschreiten eines Schwellwertes in eine kleinere Hashtabelle. Mit einer amortisierten Analyse lässt sich zeigen, dass sich der amortisierte Aufwand (d.h. wir verteilen den Aufwand zum Kopieren auf alle vorherigen Hashoperationen) für die Hashtabelle dann in $\mathcal{O}(1)$ liegt.

2.5 Sortieren

Satz.: In einem Binärbaum mit mind. 2^k Blättern gibt es einen Pfad der Länge k .

Der Satz lässt sich mit Hilfe des Beweises im Kapitel 2.2 indirekt beweisen.

$$a \rightarrow b \equiv \neg b \rightarrow \neg a$$

Dies würde bedeuten, wenn alle Pfade kürzer als k sind, besitzt der Baum $< 2^k$ Blätter, was zu einem Widerspruch führt.

Ein Sortierverfahren, das ausschließlich paarweise Vergleiche verwendet, lässt sich als Binärbaum darstellen. In jedem Knoten wird ein Vergleich $a \leq b$ ausgeführt. Jedes Blatt entspricht einer sortierten Folge. Jede sortierte Folge entspricht einer Permutation der Ausgangsfolge. Der Binärbaum besitzt daher $n!$ Blätter und deshalb einen Pfad der Länge $\log_2 n!$. Ein Sortierverfahren, das paarweise Vergleiche ausführt, besitzt daher eine Worst-Case Laufzeit in $\Omega(\log_2 n!) = \Omega(n \log_2 n) - \mathcal{O}(n)$.

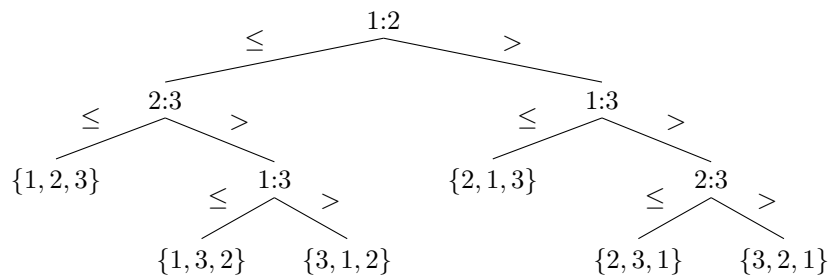


Abbildung 2.6: Entscheidungsbaum für 3 Elemente ($\{1, 2, 3\}$)

Naive Verfahren wie Bubblesort haben eine Laufzeit von $\mathcal{O}(n^2)$. Ein besseres Verfahren ist Quicksort. Die Laufzeit ist schwierig zu berechnen, da die Teillisten unterschiedliche Längen besitzen. Ein ähnliches Verfahren ist Mergesort, welches nachfolgend behandelt wird.

2.5.1 Mergesort

Mergesort betrachtet die zu sortierenden Daten als Liste und zerlegt sie in kleinere Listen, die jede für sich sortiert werden. Die sortierten kleinen Listen werden dann zu größeren Listen zusammengefügt, bis wieder eine sortierte Gesamtliste erreicht ist. Das Verfahren arbeitet bei Arrays in der Regel nicht in-place.

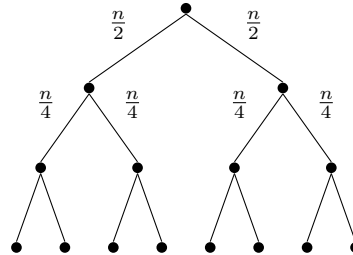


Abbildung 2.7: Darstellung als Binärbaum

Das Verhalten lässt sich wie in Abbildung 2.7 als Baum darstellen. Vereinfacht nehmen wir $n = 2^k$ an.

Beim Zusammenfügen fällt der Aufwand $\mathcal{O}((\text{linke Liste}) + (\text{rechte Liste}))$ an. Auf jeder Ebene ist das $\mathcal{O}(n)$. Zum halbieren der Liste fällt jeweils der Aufwand $\mathcal{O}(n)$ an. Pro Ebene insgesamt also $\mathcal{O}(n)$. Der Baum besitzt n Blätter, die Liste der der Länge 1 entsprechen (Mehr als n Listen der Länge 1 können nicht erzeugt werden $\hookrightarrow n$ Blätter). Der Baum hat daher die Tiefe $\log_2 n$ (d.h. k). Die Laufzeit liegt daher in $\mathcal{O}(n \cdot \log n)$. Auch die mittlere Laufzeit von Quicksort liegt in $\mathcal{O}(n \log n)$.

Übung

Bestimmen Sie die Laufzeit durch eine Rekursionsgleichung. $V(n)$ ist dabei die Anzahl der Vergleiche.

$$\begin{aligned}
 V(1) &= 0 \\
 V(n) &= \underbrace{n}_{\text{Zusammenfügen}} + \underbrace{V\left(\frac{n}{2}\right) + V\left(\frac{n}{2}\right)}_{\text{Sortieren}} = n + 2V\left(\frac{n}{2}\right) \\
 V(n+1) &= 2n + 4V\left(\frac{n}{4}\right) \\
 &\vdots \\
 &= k \cdot n + 2^k \cdot V\left(\frac{n}{2^k}\right) \\
 &= n \cdot \log n
 \end{aligned}$$

Worst Case Laufzeit von Quicksort

Im Worst Case wird das Pivotelement stets so gewählt, dass es das größte oder das kleinste Element der Liste ist. Dies ist etwa der Fall, wenn als Pivotelement stets das Element am Ende der Liste gewählt wird und die zu sortierende Liste bereits sortiert vorliegt.

$$\begin{aligned} V(n) &= n - 1 + V(n - 1) \\ &= n - 1 + n - 2 + V(n - 2) \\ &= \sum_{k=1}^{n-1} k + V(0) = \frac{n(n-1)}{2} \in \mathcal{O}(n^2) \end{aligned}$$

2.5.2 Heap Sort

Ein Heap ist ein Binärbaum, in dem jeder Knoten einen kleineren (Min-Heap) bzw. einen größeren (Max-Heap) Wert besitzt als seine Nachfolger (Abbildung 2.8). Ein Linksbaum ist ein Heap, der effiziente Heapoperationen ermöglicht.

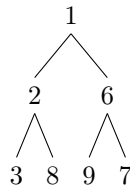


Abbildung 2.8: Beispiel für einen Min-Heap

Wir stellen Binärbäume als erweiterte Binärbäume dar, so dass jeder innere Knoten genau 2 Nachfolger hat (Abbildung 2.9). Für einen Knoten x ist $s(x)$ die Länge des kürzesten Pfades von x zu einem Blatt. Ein Binärbaum ist ein Linksbaum wenn für jeden inneren Knoten x gilt:

$$s(\text{linker Nachfolger}(x)) \geq s(\text{rechter Nachfolger}(x))$$

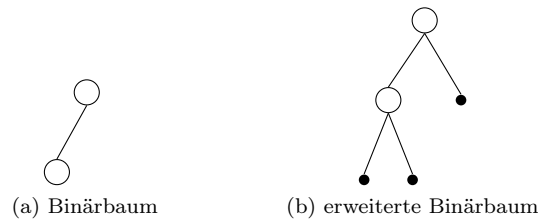


Abbildung 2.9: Erweiterung eines Binärbäumes

Eigenschaften

1. $s(\text{root})$ ist die Länge des Pfades ganz rechts.
2. Für die Anzahl n der inneren Knoten gilt:

$$n \geq \sum_{k=0}^{s(\text{root})-1} 2^k = 2^{s(\text{root})} - 1$$

3. Aus 1, 2 folgt: Die Länge des Pfades ganz rechts liegt in $\mathcal{O}(\log n)$.

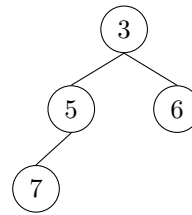
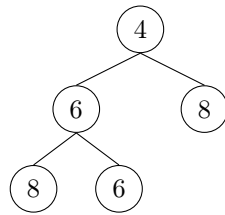
Operationen

- put
- removeMin
- init
- merge

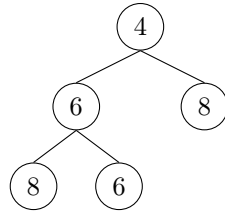
Merge-Operation für einen Linksbaum

Wir suchen den Baum mit dem kleineren Wurzelwert und betrachten dessen rechten Teilbaum. Merge wird rekursiv aufgerufen für diesen rechten Teilbaum und den anderen Baum.

Gegebene Bäume:



Begin der Rekursion:

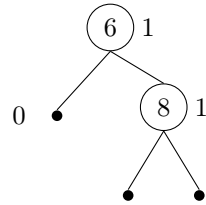


Nächster Schritt:

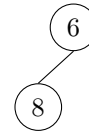


Hier endet die Rekursion, da der rechte Teilbaum des Baumes mit der kleineren Wurzel leer ist. Unter dem Baum mit der kleinen Wurzel wird rechts der andere Baum gehängt. Wenn dabei die Linksbaumeigenschaft verletzt wird, werden die Teilbäume vertauscht.

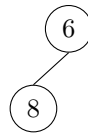
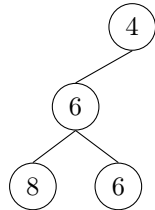
Da dies kein Linksbaum ist,



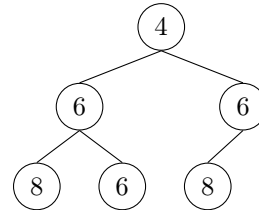
ergibt sich



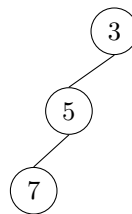
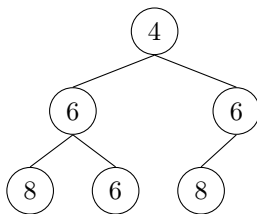
Nächster Schritt: Merge von



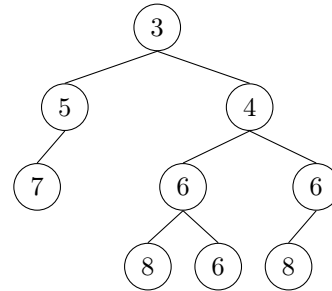
ergibt



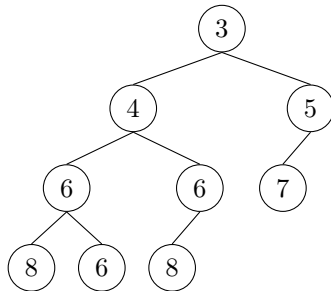
Nächster Schritt: Merge von



ergibt



Da dieser Baum die Linksbaumeigenschaft verletzt muss er umgeformt werden



Laufzeitanalyse der Operation Merge

Für die Laufzeitanalyse sind bei der Implementierung folgende Schritte notwendig:

- Erzeugen der Teilbäume vor jeden Rekursionsschritt: $\mathcal{O}(1)$
- Zusammenbau der Teilbäume nach der Rekursion (nur wenn die s-Werte zwischengespeichert werden): $\mathcal{O}(1)$
- Anzahl der rekursiven Aufrufe: Die Rekursion endet, wenn der rechte Teilbaum nur aus einem Knoten besteht. Bei jedem rekursiven Aufruf verkleinert sich einer der rechten Teilbäume. Die Laufzeit beträgt daher $\mathcal{O}(\log n)$

Mit Hilfe der Merge Operation können alle anderen Heap-Operationen realisiert werden:

put merge(heap, <neuer Knoten>)

removeMin Wurzel entfernen und die zwei neuen Teilbäume mergen

init Mit Hilfe von put in der Zeit $\mathcal{O}(n \log n)$. Es gibt einen besseren Algorithmus für init welcher eine Laufzeit von $\mathcal{O}(n)$ besitzt.

Mergesort kann man durch folgenden Algorithmus darstellen:

- Max-Heap aufbauen: $\mathcal{O}(n)$
- n-mal die Funktion removeMax aufrufen und Elemente am Kopf einer Liste anfügen: $\mathcal{O}(n \log n)$

Damit ist die Laufzeit $\mathcal{O}(n \log n)$, welche gleich der Average Laufzeit von Quicksort ist. Es gibt ebenfalls eine In-Place-Implementierung die dem Heap als Array darstellt. Damit hat HeapSort alle Vorteile von Quicksort und Mergesort ohne deren Nachteile zu besitzen.

3 Dynamisches Programmieren

Dynamische Programmierung ist eine Methode zum algorithmischen Lösen von Optimierungsproblemen. Es kann dann erfolgreich eingesetzt werden, wenn das Optimierungsproblem aus vielen gleichartigen Teilproblemen besteht, und eine optimale Lösung des Problems sich aus optimalen Lösungen der Teilprobleme zusammensetzt. In der dynamischen Programmierung werden zuerst die optimalen Lösungen der kleinsten Teilprobleme direkt berechnet und dann geeignet zu einer Lösung eines nächstgrößeren Teilproblems zusammengesetzt. Dieses Verfahren setzt man fort, bis das ursprüngliche Problem gelöst wurde. Einmal berechnete Teilergebnisse werden in einer Tabelle gespeichert. Bei nachfolgenden Berechnungen gleichartiger Teilprobleme wird auf diese Zwischenlösungen zurückgegriffen, anstatt sie jedes Mal neu zu berechnen. Wird die dynamische Programmierung konsequent eingesetzt, vermeidet sie kostspielige Rekursionen, weil bekannte Teilergebnisse wiederverwendet werden. Die Laufzeit eines dynamischen Programmialgorithmuses ist $\text{Tabellengröße} \cdot \text{Aufwand pro Eintrag}$.

Beispiel

Ein Läufer nimmt in jeden Schritt 1 oder 2 Stufen auf einmal. Wieviele Möglichkeiten gibt es, n Stufen herauf zu steigen?

$$\begin{aligned}t_1 &= 1 \\t_2 &= 2 \\t_n &= t_{n-1} + t_{n-2}\end{aligned}$$

Man kann zeigen das $t_n \in \mathcal{O}(1,618^n)$ liegt. Wenn t_n rekursiv berechnet wird, werden die meisten t_n mehrfach berechnet, siehe Abbildung 3.1. Um t_n durch dynamische Programmierung zu berechnen, speichert man die Werte von t_n in einem Feld. Die Laufzeit beträgt somit: $\mathcal{O}(n) \cdot \mathcal{O}(1) = \mathcal{O}(n)$.

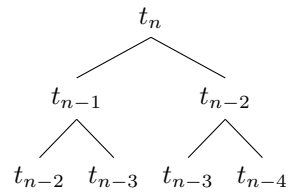


Abbildung 3.1: Verdeutlichung der mehrfachen Berechnung von Werten

```

1  for (i=1; i<=n; i++) {
2      if (n==1)
3          t[n] = 1;
4      else if (n==2)
5          t[n] = 2;
6      else
7          t[n] = t[n-1] + t[n-2];
8  }

```

Listing 3.1: Beispielimplementierung in Java

3.1 Editierdistanz

Die Editierdistanz zwischen zwei Zeichenketten ist die minimale Anzahl von Einfüge-, Lösch- und Ersetz-Operationen, um die erste Zeichenkette in die zweite umzuwandeln. In der Praxis wird die Editierdistanz zur Bestimmung der Ähnlichkeit von Zeichenketten beispielsweise zur Rechtschreibprüfung, DNA-Sequenzvergleich oder bei der Duplikaterkennung angewandt.

Gegeben seien zwei Strings a, b, wieviele Editieroperationen sind nötig, um a in b zu überführen? Lösung: Die Editierdistanz beträgt 3.

				R		
X	P	F	E	K	D	
	P	F	E	R	D	

Sei $d(i, j)$ die Editierdistanz zwischen den Teilwörtern $a_1 \dots a_i, b_1 \dots b_j$. So gibt es folgende Möglichkeiten:

- Ein Matching kann verlängert werden (MATCH)

	a_i
--	-------

	b_j
--	-------

$a_i = b_j \rightarrow$ Bewertung $d(i-1, j-1)$

- Mismatch

	a_i
--	-------

	b_j
--	-------

$a_i \neq b_j \rightarrow$ Bewertung $d(i-1, j-1) + 1$

- Löschen / Hinzufügen

	a_i
--	-------

	b_j
--	-------

Bewertung $d(i-1, j) + 1$

	a_i
--	-------

	b_j
--	-------

Bewertung $d(i, j-1) + 1$

Man wählt in jeden Schritt die Möglichkeit mit der besten Bewertung

$$d(i, j) = \begin{cases} j & \text{für } i = 0 \\ i & \text{für } j = 0 \\ \min \{ \begin{array}{l} d(i-1, j-1) + 1_{a_i \neq b_j}, \\ d(i-1, j) + 1, \\ d(i, j-1) + 1 \end{array} & \text{für } i, j > 0 \end{cases}$$

wobei gilt:

$$1_{a_i \neq b_j} = \begin{cases} 0 & \text{für } x = y \\ 1 & \text{für } x \neq y \end{cases}$$

Der Aufwand für die Berechnung in einem 2-dimensionalen Feld beträgt:

$$\underbrace{\mathcal{O}(n \cdot m)}_{\text{Größe der Tabelle}} \cdot \underbrace{\mathcal{O}(1)}_{\text{Vergleichsoperation}}$$

mit $n = |a|, m = |b|$

Beispiel¹

Berechnen Sie die Edierdistanz der Wörter: APFEL, PFERD.

	ε	A	P	F	E	L
ε	0	1	2	3	4	5
P	1	1	1	2	3	4
F	2	2	2	1	2	3
E	3	3	3	2	1	2
R	4	4	4	3	2	2
D	5	5	5	4	3	3

3.2 Längste gemeinsame Teilffolge

Eine längste gemeinsame Teilffolge kann durch Streichen von Zeichen erzeugt werden.
Beispiel: Die längste gemeinsame Teilffolge ist in diesem Beispiel 4.

A N A N ~~A~~ ~~S~~
~~B~~ A N A N ~~E~~

Sei $d(i, j)$ die Länge der längsten gemeinsamen Teilffolge von $a_1 \dots a_i, b_1 \dots b_j$. So gibt es folgende Möglichkeiten:

- Teilffolge verlängern (sodass die letzten beiden Zeichen übereinstimmen)

a_i

b_j

$a_i = b_j \rightarrow$ Bewertung: $d(i-1, j-1) + 1$

- Zeichen streichen

a_i

b_j

$a_i \neq b_j \rightarrow$ Bewertung: $d(i-1, j-1)$

¹<https://youtu.be/qp8YwtvS3Uo>

- Eines der letzten beiden Zeichen streichen

	a
--	--------------

	b_j
--	-------

Bewertung: $d(i-1, j)$,
entsprechend andere Fall: $d(i, j-1)$

Damit gilt:

$$d(i, j) = \begin{cases} 0 & \text{für } i = 0 \text{ oder } j = 0 \\ \max\{ d(i-1, j-1) + 1_{a_i=b_j}, & \text{für } i, j > 0 \\ d(i-1, j), \\ d(i, j-1) \} \end{cases}$$

Für die Laufzeit beträgt wie bei der Editierdistanz: $\mathcal{O}(n \cdot m) \cdot \mathcal{O}(1) = \mathcal{O}(mn)$

Beispiel

Berechnen Sie die längste gemeinsame Teilfolge der Wörter: BANANE, ANANAS.

		B	A	N	A	N	E
	0	0	0	0	0	0	0
A	0	0	1	1	1	1	1
N	0	0	1	2	2	2	2
A	0	0	1	2	3	3	3
N	0	0	1	2	3	4	4
A	0	0	1	2	3	4	4
S	0	0	1	2	3	4	4

3.3 Komplexitätsklassen

Eine Komplexitätsklasse bezeichnet eine Menge von Problemen, welche sich in einem ressourcenbeschränkten Berechnungsmodell berechnen lassen. Definiert wird eine Komplexitätsklasse durch eine obere Schranke für den Bedarf einer bestimmten Ressource unter Voraussetzung eines Berechnungsmodells. Die am häufigsten betrachteten Ressourcen sind die Anzahl der notwendigen Berechnungsschritte zur Lösung eines Problems oder der Bedarf an Speicherplatz.

Folgende Beispiele sollen die Einteilung verdeutlichen:

- Rasenmähen hat mindestens lineare Komplexität (in der Fläche), denn man muss die gesamte Fläche mindestens einmal überfahren.

- Suchen im Telefonbuch hat hingegen nur logarithmische Komplexität, denn bei einem doppelt so dickem Telefonbuch schlägt man dieses nur einmal öfter auf (siehe Kapitel 2.2)

Nachfolgend betrachten wir die die beiden Komplexitätsklassen P und NP genauer.

P enthält alle Probleme, die sich in der Zeit $\mathcal{O}(n^k)$ für ein $k > 0$ entscheiden lassen (polynomialer Zeit). Diese sind meist effizient lösbar. Beispiele:

- Sortieren ($\mathcal{O}(n \log n)$)
- Editierdistanz ($\mathcal{O}(m \cdot n) \subseteq \mathcal{O}((m+n)^2)$)

NP enthält alle Probleme, die sich in der Zeit $\mathcal{O}(n^k)$ verifizieren (Prüfen einer gültigen Belegung) lassen. Diese sind nur exponentieller Zeit lösbar. Eine Unterklasse davon sind die NP-vollständigen Probleme. Diese sind mindestens so schwer wie alle Probleme in NP. Wichtige NP-vollständige Probleme:

- Erfüllbarkeitsproblem der Aussagenlogik (Gegeben sei eine Formel der Aussagenlogik. Ist diese erfüllbar?)
- Hamilton-Kreis (besitzt ein Graph einen Kreis, der jeden Knoten genau einmal besucht?)
- Travelling Salesmann Problem
- Rucksack-Problem

Es gilt: Wenn ein NP-vollständiges Problem in P liegt, dann liegen alle NP-vollständigen Probleme in P. Da bisher kein derartiges Problem gefunden wurde folgt daraus: Für kein NP-vollständiges Problem ist ein polynomialer Algorithmus bekannt.

3.4 Travelling Salesmann Problem

Gesucht ist die kürzeste Rundreise durch n Städte, wobei jede Stadt genau einmal besucht wird. Das TSP ist NP-vollständig.

Sei $(d_{ij})_{1 \leq i, j \leq n}$ die entsprechende Entfernungsmatrix. Wir betrachten den allgemeinen Fall in dem $d_{ij} \neq d_{ji}$ sowie $d_{ij} = \infty$ gelten kann. Der naive Algorithmus prüft alle $n!$ Kombinationen und hat eine Laufzeit in $\Omega(n!) \cdot \mathcal{O}(n) = \Omega(n!)$.

Optimalitätsprinzip: Wenn eine optimale Rundreise bei Stadt 1 beginnt und dann durch k führt, dann muss der Weg von k durch die Städte in $\{2, \dots, n\} - \{k\}$ ebenfalls optimal sein. Sei $l(i, S)$ die Länge des kürzesten Pfades, der bei i beginnt, dann durch jedes $j \in S$ genau einmal führt und bei n endet. Die Länge des kürzesten Rundweges ist dann $l(n, \{1, \dots, n-1\})$. Es gilt:

$$l(i, S) = \begin{cases} d_{in} & \text{für } S = \emptyset \text{ (keine Zwischenstädte)} \\ \min_{j \in S} \{d_{ij} + l(S - \{j\}, j)\} & \text{für alle } S \neq \emptyset \end{cases}$$

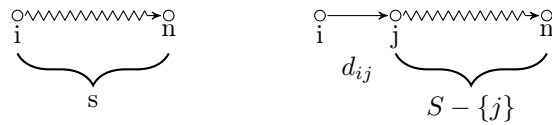
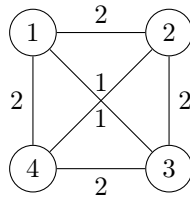


Abbildung 3.2: Veranschaulichung Optimalitätsprinzip

Mit Hilfe dieses Algorithmuses kann eine Matix erstellt werden, in welcher die Länge der Rundwege gespeichert werden. In der x-Achse werden die Knoten von 1 bis $n - 1$ eingetragen und in der y-Achse die Teilmengen in aufsteigender Mächtigkeit. Dieser besitzt eine Laufzeit von $\mathcal{O}(2^{n-1} \cdot (n-1)) \cdot \mathcal{O}(n) = \mathcal{O}(n^2 \cdot 2^n)$. Diese wächst langsamer als $\mathcal{O}(n!)$.

Gegeben sei der nachfolgende Graph mit 4 Städten. Gesucht ist der kürzeste Weg zur Stadt 4.



$\{1,2,3\}$	X	X	X	Lösung: $2 + 4 = 6$ $1 + 5 = 6$ $2 + 4 = 6$
$\{2,3\}$	$1 + 3 = 4$ $2 + 4 = 6$	X	X	
$\{1,3\}$	X	$2 + 3 = 5$ $2 + 3 = 5$	X	
$\{1,2\}$	X	X	$2 + 4 = 6$ $1 + 3 = 4$	
$\{3\}$	$2 + 2 = 3$	$2 + 2 = 4$	X	
$\{2\}$	$2 + 1 = 3$	X	$2 + 1 = 3$	
$\{1\}$	X	$2 + 2 = 4$	$1 + 2 = 3$	
$\{\emptyset\}$	2	1	2	
	1	2	3	4

Def.: Sei $\varepsilon > 1$. Ein Minimierungsproblem heißt ε -approximierbar, wenn es einen Algorithmus mit polynomieller Laufzeit gibt, der eine Lösung liefert, die höchstens um ε größer ist als das Optimum.

Für $P \neq NP$ ist das TSP für kein $\varepsilon > 1$ approximierbar. Falls die Entfernungsmatrix jedoch die Dreiecksungleichung

$$d_{uv} \leq d_{uw} + d_{wv}$$

gilt (Δ -TSP), dann ist das Problem $\frac{3}{2}$ -approximierbar. Die Gültigkeit der Dreiecksungleichung lässt sich immer erreichen indem ggf. Kanten durch kürzere Wege ersetzt werden.

Ein Spezialfall des Δ -TSP ist das Euklidische TSP, bei dem die Abstände gleich dem geometrischen Abstand sind. Für jedes $\delta > 1$ ist das Euklidische TSP in der Ebene $1 + \frac{1}{\delta}$ -approximierbar. Der zugehörige Approximationsalgorithmus besitzt eine Laufzeit in $\mathcal{O}(n \log(n))^{\mathcal{O}(\delta)}$.

Anwendungen des TSP:

- Roboter soll Löcher in eine Platine bohren
- Auf einer Fertigungsstraße sollen Produkte P_1, \dots, P_n hergestellt werden. Dabei muss die Fertigungsstraße jeweils umgerüstet werden. Wenn d_{uv} die Zeit ist, die für das umrüsten von P_U nach P_V benötigt wird, muss ein TSP für (d_{uv}) gelöst werden.. Für kleine n kann das exakte TSP und sonst das Δ -TSP (Bedingung: Dreiecksungleichung) zur Approximation des Optimums verwendet werden.
- DNA-Sequenzierung (Erzeugung von DNA-Bruchstücken, Suche nach Überlappungen, kürzester Pfad durch diese Knoten (Besser wäre allerdings der Aufbau einen Graphen und Suche eines euklidischen Kreises))

3.5 Rucksackproblem

Das Rucksackproblem ist ein Optimierungsproblem der Kombinatorik. Aus einer Menge von Objekten, die jeweils ein Gewicht und einen Nutzwert haben, soll eine Teilmenge ausgewählt werden, deren Gesamtgewicht eine vorgegebene Gewichtsschranke nicht überschreitet. Unter dieser Bedingung soll der Nutzwert der ausgewählten Objekte maximiert werden. Anwendungen:

- öffentliche Haushaltsführung
- Reduzierung des Verschnitts (Bsp. Fliesen, Folien)
- Logistik (Bsp. Transport mittels Frachtschiff)

Gegebenen seien n Gegenstände mit den Werten x_1, \dots, x_n . Gesucht ist eine Auswahl, die den Wert der Gegenstände maximiert und einen Schwellwert y nicht überschreitet.

Das Rucksackproblem ist NP-vollständig, es lässt sich mit einem dynamischen Programmier-Algorithmus wie folgt lösen: Sei $r(n, y)$ der Wert einer Lösung des Ruck-

sackproblems für die Werte x_1, \dots, x_n und der Rucksackgröße y dann gilt:

$$r(n, y) = \begin{cases} 0 & \text{für } n = 0 \\ r(n-1, y) & \text{für } n > 0 \wedge x_n > y \\ \max\{r(n-1, y), \\ r(n-1, y-x_n) + x_n\} & \text{sonst} \end{cases}$$

Die Laufzeit des Rucksack-Algorithmuses beträgt: $\mathcal{O}(ny)$. Es stellt sich daher die Frage ob dies ein polynomieller Algorithmus für das Rucksackproblem ist (woraus $P=NP$ folgen würde)?

Probleme werden in der Komplexitätstheorie als Mengen dargestellt und die Laufzeit als Funktion in der Länge einer Instanz. Die Länge einer Instanz ist (x_1, \dots, x_n, y) . Um y über dem Alphabet $0, 1$ (binär) darzustellen werden $\log_2 y + \mathcal{O}(1)$ Zeichen benötigt. Als Funktion der Länge der Eingabe ergibt sich für die Laufzeit $ny = n2^{\log_2 y}$. Die Laufzeit ist damit exponentiell in der Länge der Eingabe.

Def.: Ein Algorithmus heißt pseudopolynomiell, wenn seine Laufzeit durch ein Polynom in der Eingabelänge und der größten, in der Eingabe vorkommenden Zahl beschränkt ist.

Das Rucksackproblem ist pseudopolynomiell: Seien $|w|$ die Eingabelänge und $m = \max(x_1, \dots, x_n, y)$ (Das Längste Wort der Kodierung). Dann gilt: $n \leq |w|$, woraus $\mathcal{O}(ny) \subseteq \mathcal{O}(|w|m)$ folgt.

4 Graphalgorithmen

Aus der Vorlesung Künstliche Intelligenz sind bereits die Algorithmen Breiten- und Tiefensuche bekannt.

```
1 boolean bfs(start , goal) {
2
3     // Anfangs sind keine Knoten besucht
4     for(v in V)
5         discovered[v] = false;
6
7     // Mit Start-Knoten beginnen
8     queue.enqueue(start)
9     discovered[start] = true;
10
11    while(!queue.isEmpty()){
12        // Erstes Element von der queue nehmen
13        u = queue.dequeue;
14
15        // Testen ob Zielknoten gefunden
16        if(u == goal)
17            return true;
18
19        // alle Nachfolge-Knoten, ...
20        for(v in adj[u])
21            // ... die noch nicht besucht wurden ...
22            if(!discovered[v]){
23                // ... zur queue hinzufuegen ...
24                queue.enqueue(v);
25                // ... und als bereits gesehen markieren
26                discovered[v] = true;
27            }
28    }
29    return false;
30 }
```

Listing 4.1: Beispiel Algorithmus für die Breitensuche

Für dieses Beispiel fallen folgende Laufzeiten an:

- Zeile 4-5: $\mathcal{O}(|V|)$
- Zeile 8-9: $\mathcal{O}(1)$
- Zeile 13-17: $\mathcal{O}(1)$
- Zeile 20-27: $\mathcal{O}(\deg(u))$
- Zeile 29: $\mathcal{O}(1)$

$\deg(u)$ steht dabei für den Grad des Knotens (=Anzahl der Nachbarn). Ein Knoten v hat den Grad k wenn v mit genau k anderen Knoten verbunden ist. Wir schreiben dafür $\deg(u) = k$.

Satz: Die Laufzeit der Breitensuche liegt in $\mathcal{O}(|V| + |E|)$.

Beweis:

Das initialisieren des Feldes `discovered` benötigt die Zeit $\mathcal{O}(|V|)$. Um die unbesuchten Nachbarn des Knotens u zu bestimmen fällt der Aufwand $\mathcal{O}(\deg(u))$ an. Da jeder Knoten höchstens einmal aus der Warteschlange entnommen wird, wird auch die `while` Schleife für jeden Knoten höchstens einmal durchlaufen. Der gesamte Aufwand ist damit

$$\mathcal{O}(|V|) + \sum_{u \in V} \mathcal{O}(\deg(u)) = \mathcal{O}(|V|) + \mathcal{O}(|E|) = \mathcal{O}(|V| + |E|)$$

Die Tiefensuche lässt sich implementieren wie die Breitensuche, wenn anstelle der Warteschlange ein Stack verwendet wird. Die Laufzeit ist gleich der Breitensuche: $\mathcal{O}(|V| + |E|)$.

4.1 Verallgemeinerung der A*-Suche

Hierbei wird eine heuristische Bewertungsfunktion f verwendet um Knoten einzusortieren. Die heuristische Bewertungsfunktion hat die Gestalt

$$f(v) = g(v) + h(v)$$

wobei

- $g(v)$ die Kosten bis zum Knoten v
- $h(v)$ eine zulässige Kostenschätzfunktion

sind. Eine Kostenschätzfunktion h ist zulässig, wenn sie die Kosten zum Ziel nicht überschätzt.

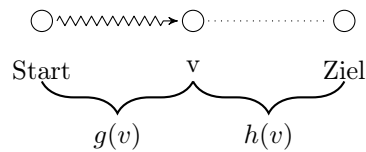


Abbildung 4.1: Veranschaulichung der heuristische Bewertungsfunktion

Bei einer Navigation könnten die Funktionen wie folgt definiert sein:

- $g(v)$: Strecke von Start bis v
- $h(v)$: Luftlinienentfernung von v zum Ziel

Übung

Für ein Streckennetz sind Entfernungen und durchschnittliche Geschwindigkeiten bekannt. Wie kann die schnellste Route von A nach B gefunden werden?

- $g(v)$: Zeit für Strecke von Start bis v ($t = \frac{s}{v}$)
- $h(v)$: $t = \frac{\text{Luftlinie bis zum Ziel}}{\text{maximale Geschwindigkeit der verbleibenden Kanten}}$

4.2 Topologisches Sortieren

Def.: Ein DAG (Directed acyclic graph) ist ein gerichteter Graph, der keine gerichteten Kreise enthält. Eine topologische Sortierung eines DAG $G = (V, E)$ ist eine Abbildung

$$f : V \rightarrow \mathbb{N} \text{ mit } f(u) < f(v) \text{ für } (u, v) \in E$$

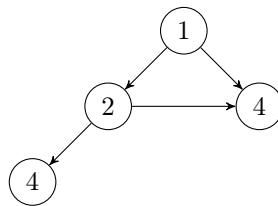


Abbildung 4.2: Beispiel für ein Directed acyclic graph (DAG)

Jeder vollständige Graph oder Kreis lässt sich nicht topologisch sortieren. Eine topologische Sortierung kann durch eine Tiefensuche bestimmt werden.

```

1 topsort:
2     for (v in V)
3         markiere v mit weiss
4     for (v in V)
5         tiefensuche(v)
6
7 tiefensuche(v):
8     v grau:
9         Fehler("Kreis vorhanden")
10    v weiss:
11        markiere v mit grau
12        for (u in adj[v])
13            tiefensuche(u)
14        markiere v mit schwarz
15        fuege v an den Kopf einer Liste

```

Satz: Für jeden DAG $G = (V, E)$ erzeugt Topsort eine topologische Sortierung von G .

Beweis

Sei $(u, v) \in E$. In u und in v werden je eine Tiefensuche gestartet. Die in v gestartete Tiefensuche endet früher als die in u gestartete Tiefensuche. Daher wird u links von v in die Liste eingefügt und erhält daher eine kleinere Nummer als v .

5 Datenkompression

5.1 Huffman Codierung

Idee:

Häufige Zeichen erhalten kurze Codewörter, seltene Zeichen längere Codewörter. Gesucht ist ein Code, so dass die mittlere Codewortlänge minimal ist.

Problem:

Die Codierung muss eindeutig decodierbar sein.

Def.: Ein Präfixcode ist ein Code, bei dem kein Codewort Präfix eines anderen Codewortes ist.

Beispiel

Zeichen	a	b	c	d	e	f
Wahrscheinlichkeit	0,45	0,13	0,12	0,16	0,09	0,05
Code	0	101	100	111	1101	1100

Dieser Code ist optimal. In Abbildung 5.1 ist der Code als Codewortbaum dargestellt. Der Huffman-Algorithmus ist ein Greedy-Algorithmus (wählt den nächsten Schritt nach der besten Wahrscheinlichkeit) der einen optimalen Präfix-Code konstruiert.

5.1.1 Implementierung

```
1 Initialisierung: Jedes Zeichen ist ein Baum mit einem Knoten.
2
3 while (mehr als ein Baum vorhanden)
4     Verbinde zwei Bäume mit den beiden niedrigsten
5     Wahrscheinlichkeiten zu einem neuen Baum,
6     die Wahrscheinlichkeiten addieren sich.
```

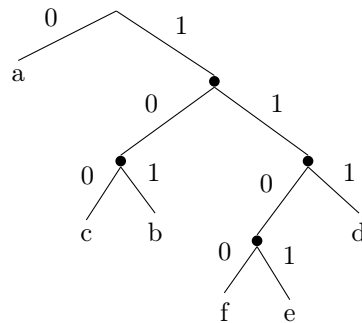


Abbildung 5.1: Die Folge 1001010 lässt sich eindeutig decodieren zu cba

Ein effiziente Implementierung verwendet einen Min-Heap. Die Laufzeit beträgt daher:

- Heap initialisieren: $\mathcal{O}(n)$
- In jedem Schritt: Zwei Bäume entfernen und neuen Baum hinzufügen: $\mathcal{O}(\log n)$
- Nach $\mathcal{O}(n) + 1$ Schritten ist der Codebaum konstruiert

Die Laufzeit liegt daher in $\mathcal{O}(n \log n)$

5.1.2 Optimalität des Huffman-Codes

Def.: Für eine Wahrscheinlichkeitsverteilung mit den Massen p_1, \dots, p_n ist die Entropie wie folgt definiert:

$$H(p_1, \dots, p_n) = - \sum_{k=1}^n p_k \log_2 p_k$$

Sie gibt an wieviele Bits man benötigt um die Wörter zu codieren.

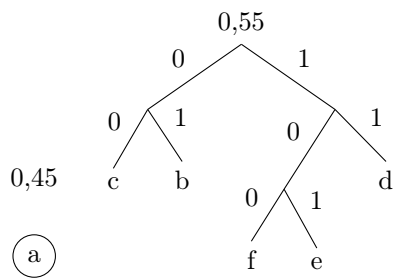
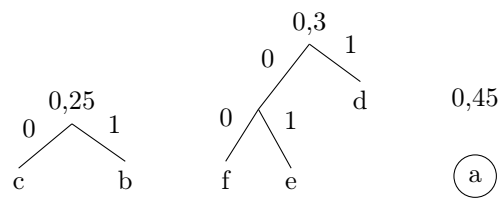
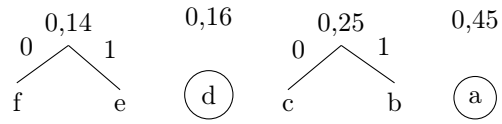
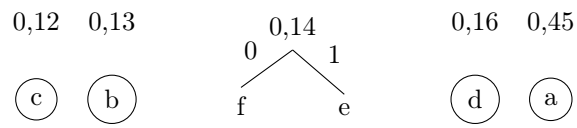
Für den Huffman-Code gilt:

$$H(p_1, \dots, p_n) \leq \text{mittlere Codewortlänge} \leq H(p_1, \dots, p_n) + 1$$

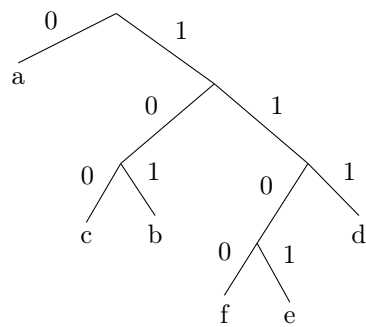
5.1.3 Beispiel

0,05 0,09 0,12 0,13 0,16 0,45

(f) (e) (c) (b) (d) (a)



Das Ergebnis ist:



6 Lernverfahren

6.1 Entscheidungsbäume

Entscheidungsbäume dienen der Klassifizierung von Daten. Die Inneren Knoten sind dabei die Attribute und die Blätter stellen die Zielvariablen da.

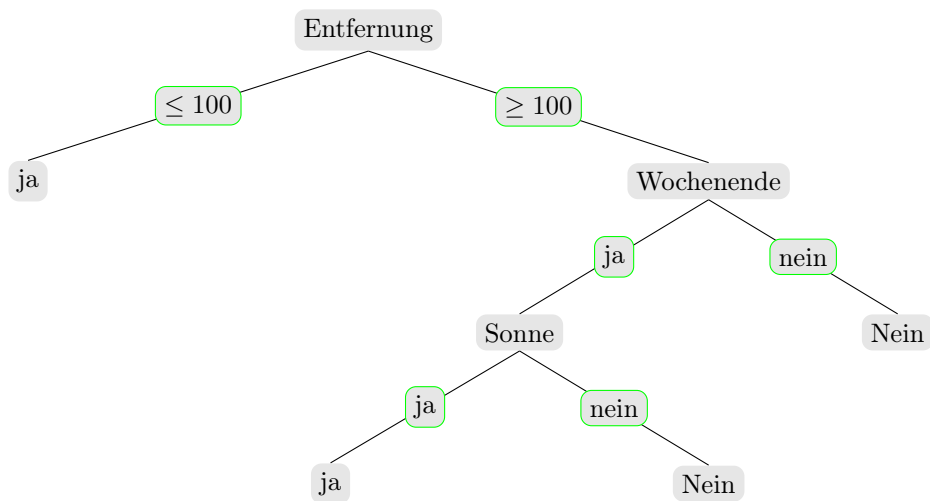


Abbildung 6.1: Entscheidungsbaum für die Klassifizierung “Fahren wir Ski?”

Da sich die Daten in Nr. 6, 7 widersprechen, können nicht alle Daten richtig klassifiziert werden.

Um den Entscheidungsbaum aus den Trainingsdaten aufzubauen, wird der Informationsgewinn (Informationstheoretischer Wert) der Attribute berechnet. Der Wurzelknoten unterscheidet nach dem Attribut mit dem höchsten Informationsgewinn. Auf die dadurch entstandenen Daten wird das Verfahren rekursiv angewendet, d.h. die anhand des ersten Knotens unterteilten Daten werden durch das Attribut mit dem höchsten Informationsgewinn weiter unterteilt. Das Verfahren endet, wenn es keine Attribute mehr gibt oder der verbleibende Informationsgewinn 0 ist.

Wir betrachten die Trainingsdaten als Realisierung von unabhängigen Zufallsvariablen A_1, \dots, A_k (Attribute) und einer davon abhängigen Zufallsvariable y (Zielgröße).

Nr.	Entfernung	Wochenende	Sonne	Ski
1	≤ 100	j	j	j
2	≤ 100	j	j	j
3	≤ 100	j	n	j
4	≤ 100	n	j	j
5	> 100	j	j	j
6	> 100	j	j	j
7	> 100	j	j	n
8	> 100	j	n	n
9	> 100	n	j	n
10	> 100	n	j	n
11	> 100	n	n	n

Tabelle 6.1: Trainingsdaten für Entscheidungsbaum in Abbildung 6.1

Eigenschaften der Entropie:

- Entropie ist maximal bei Gleichverteilung ($\log_2 n$)
- Entropie ist 0, wenn die Verteilung nur einen Wert annimmt.

Beispiel

Sei y gleichverteilt auf $\{1, \dots, 6\}$

- $H(Y) = \log_2 6$
- $H(Y|Y_{gerade}) = \log_2 3$
- $H(Y|Y = 6) = \log_2 1 = 0$

Der Informationsgewinn für y bei beobachteten A ist:

$$\begin{aligned}
 G(Y, A) &= H(Y) - EH(Y|A) \\
 &= H(Y) - \sum_{a \in A(\Omega)} P(A = a) \cdot H(Y|A = a)
 \end{aligned}$$

Wegen $0 \leq H(Y|A = a) \leq H(Y)$ ist $0 \leq G(Y|A) \leq H(Y)$

Übung

Berechnen Sie $Y = \text{Skifahren}$.

- $H(Y) = -(\frac{6}{11} \cdot \log_2 \frac{6}{11} + \frac{5}{11} \cdot \log_2 \frac{5}{11}) = 0,994$
- $G(Y|\text{Entfernung}) = H(Y) - EH(Y|E)$

$$\begin{aligned} H(Y|E \leq 100) &= 0 \\ H(Y|E > 100) &= -(\frac{2}{7} \cdot \log_2 \frac{2}{7} + \frac{5}{7} \cdot \log_2 \frac{5}{7}) = 0,863 \\ \curvearrowright G(Y|E) &= 0,994 - (\frac{4}{11} \cdot 0 + \frac{7}{11} \cdot 0,863) \\ &= 0,445 \end{aligned}$$

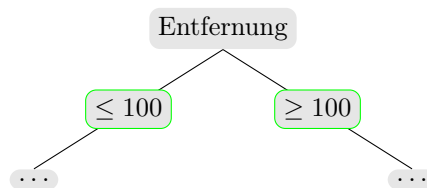
- $G(Y|\text{Wochenende}) = H(Y) - EH(Y|W)$

$$\begin{aligned} H(Y|W = \text{ja}) &= -(\frac{5}{7} \cdot \log_2 \frac{5}{7} + \frac{2}{7} \cdot \log_2 \frac{2}{7}) = 0,863 \\ H(Y|W = \text{nein}) &= -(\frac{1}{4} \cdot \log_2 \frac{1}{4} + \frac{3}{4} \cdot \log_2 \frac{3}{4}) = 0,811 \\ \curvearrowright G(Y|W) &= 0,994 - (\frac{7}{11} \cdot 0,863 + \frac{4}{11} \cdot 0,811) \\ &= 0,149 \approx 0,15 \end{aligned}$$

- $G(Y|\text{Sonne}) = H(Y) - EH(Y|S)$

$$\begin{aligned} H(Y|S = \text{ja}) &= -(\frac{5}{8} \cdot \log_2 \frac{5}{8} + \frac{3}{8} \cdot \log_2 \frac{3}{8}) = 0,954 \\ H(Y|S = \text{nein}) &= -(\frac{1}{3} \cdot \log_2 \frac{1}{3} + \frac{2}{3} \cdot \log_2 \frac{2}{3}) = 0,918 \\ \curvearrowright G(Y|S) &= 0,994 - (\frac{8}{11} \cdot 0,954 + \frac{3}{11} \cdot 0,918) \\ &= 0,049 \end{aligned}$$

Da das Attribut Entfernung den größten Informationsgewinn für die Zielgröße Y besitzt, wird die Entfernung zum Unterscheidungskriterium an der Wurzel des Entscheidungsbaums.



Da $H(Y|E \leq 100) = 0$, muss diese Datenmenge nicht weiter unterteilt werden. Jedoch ist $H(Y|E > 100) > 0$. Für die Daten, für die $E > 100$ gilt, wird das Verfahren rekursiv fortgeführt, bis alle Attribute verwendet sind oder der verbleibende Informationsgewinn 0 ist. Es ergibt sich der Entscheidungsbaum aus Abbildung 6.1.

Vorteile von Entscheidungsbäumen:

- Kriterien des Entscheidungsbaums sind nachvollziehbar, keine Blackbox (Im Gegensatz zu neuronalen Netzen).
- Wichtigkeit der Kriterien anhand der Position im Entscheidungsbaum erkennbar. Interessant für Marktforschung und verkleinern des Entscheidungsbaums, falls er schlecht generalisiert.

Nachteile von Entscheidungsbäumen:

- Der Algorithmus kann nicht erkennen, ob ein Attribut mit hoher Entropie sinnvoll ist, z.B. Kreditkartennummer.
- Stetige Attribute müssen diskretisiert werden.

Übung

Gegeben sei nachfolgenden Trainingsdaten von Pilzen. Erstellen Sie einen Entscheidungsbaum für das Attribut Essbar.

Farbe	Größe	Punkte	Essbar
rot	klein	ja	nein
braun	klein	nein	ja
braun	groß	ja	ja
grün	klein	nein	ja
rot	groß	nein	ja

$$\begin{aligned}
 H(Y) &= -\left(\frac{1}{5} \cdot \log_2\left(\frac{1}{5}\right) + \frac{4}{5} \cdot \log_2\left(\frac{4}{5}\right)\right) \\
 &= 0,722
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 G(Y, F) &= H(Y) - EH(Y|F) \\
 &= 0,722 - \left(\frac{2}{5} \cdot 1 + \frac{2}{5} \cdot 0 + \frac{1}{5} \cdot 0\right) \\
 &= 0,322
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 H(Y|F = \text{rot}) &= \log_2 2 = 1 \\
 H(Y|F = \text{braun}) &= \log_2 1 = 0 \\
 H(Y|F = \text{grün}) &= \log_2 1 = 0
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
G(Y, G) &= H(Y) - EH(Y|G) \\
&= 0,722 - \left(\frac{3}{5} \cdot 0,918 + \frac{2}{5} \cdot 0\right) \\
&= 0,171 \\
H(Y|G = \text{klein}) &= -\left(\frac{2}{3} \cdot \log_2\left(\frac{2}{3}\right) + \frac{1}{3} \cdot \log_2\left(\frac{1}{3}\right)\right) = 0,918 \\
H(Y|G = \text{groß}) &= \log_2 1 = 0
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
G(Y, P) &= H(Y) - EH(Y|P) \\
&= 0,722 - \left(\frac{2}{5} \cdot 1 + \frac{3}{5} \cdot 0\right) \\
&= 0,322 \\
H(Y|P = \text{ja}) &= \log_2 2 = 1 \\
H(Y|P = \text{nein}) &= \log_2 1 = 0
\end{aligned}$$

Das Attribut Punkte hat den größten Informationsgewinn und steht somit an oberster Stelle. Es wird jetzt rekursiv die nächsten Ebenen berechnet

$$\begin{aligned}
H(Y|P = \text{nein}) &= -\left(\frac{3}{3} \cdot \log_2 \frac{3}{3}\right) \\
&= 0
\end{aligned}$$

Da die Entropie für das Attribut keine Punkte gleich 0 ist, muss dieses nicht weiter unterteilt werden.

$$\begin{aligned}
H(Y|P = \text{ja}) &= -\left(\frac{1}{2} \cdot \log_2 \frac{1}{2}\right) \\
&= 1 \\
G(Y|F, P = \text{ja}) &= H(Y) - EH(Y|F) \\
&= 1 - \left(\frac{1}{2} \cdot 0 + \frac{1}{2} \cdot 0\right) \\
&= 1 \\
H(Y|F = \text{rot}, P = \text{ja}) &= 1 \cdot \log_2 1 = 0 \\
H(Y|F = \text{braun}, P = \text{ja}) &= 1 \cdot \log_2 1 = 0 \\
G(Y|G, P = \text{ja}) &= H(Y) - EH(Y|F) \\
&= 1 - \left(\frac{1}{2} \cdot 0 + \frac{1}{2} \cdot 0\right) \\
&= 1 \\
H(Y|G = \text{groß}, P = \text{ja}) &= 1 \cdot \log_2 1 = 0 \\
H(Y|G = \text{klein}, P = \text{ja}) &= 1 \cdot \log_2 1 = 0
\end{aligned}$$

Da der Informationsgewinn für das Attribut Farbe und Größe gleich ist, ist die Auswahl egal. Wir wählen als nächstes Attribut Punkte.

$$\begin{aligned}
 H(Y|P = \text{ja}, G = \text{klein}) &= -\left(\frac{1}{1} \cdot \log_2 \frac{1}{1}\right) \\
 &= 0 \\
 H(Y|P = \text{ja}, G = \text{groß}) &= -\left(\frac{1}{1} \cdot \log_2 \frac{1}{1}\right) \\
 &= 0
 \end{aligned}$$

Da die Entropie für beide Ausprägungen 0 ist, endet hier die Rekursion. Eine weitere Einteilung würde keinen Informationsgewinn bringen

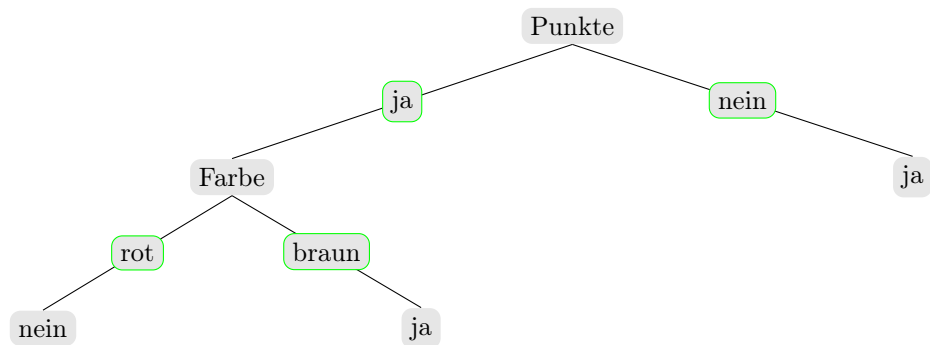
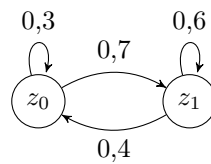


Abbildung 6.2: Entscheidungsbaum für die Klassifizierung “Pilze essbar?”

7 Markov-Ketten, Hidden Markov Modelle

Eine Markov-Kette ist ein stochastischer Prozess, der durch Zustände und Übergangswahrscheinlichkeiten beschrieben wird.

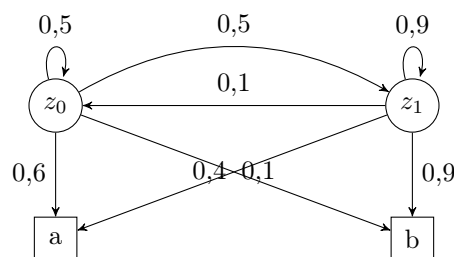


Damit lassen sich modellieren:

- Texte in natürlicher Sprache (Zustände: Buchstaben)
- DNA-Sequenzen (Zustände: A,C,G,T)
- Navigation im Internet (Zustände: Webseiten)

7.1 Hidden Markov Model (HMM)

Def.: Ein HMM ist eine Markov-Kette, die in jeden Zustand z ein Zeichen a ausgibt mit der Wahrscheinlichkeit $q_z(a)$.



Beobachtet werden nur die vom HMM ausgegebenen Zeichen. Unbekannt ist die Zustandsfolge. Mit HMM können modelliert werden z.B.:

- Codierende Regionen in DNA
Zustände: A,C,T,G in codierenden und nicht codierenden Regionen
Ausgegebene Zeichen: Jeweils A,C,T,G
- Nachrichtenübertragung
Markov-Kette, die Texte modelliert
In einem Zustand z wird das Zeichen z ausgegeben mit großer Wahrscheinlichkeit (z.B. 0,95), andere Zeichen mit geringer W'keit.
- Spracherkennung
Vorgehen: Audio-Signal \rightarrow FFT \rightarrow Phoneme \rightarrow Wort
Zustände: Phoneme, die der Sprecher gesprochen hat.
Ausgegebenen Zeichen: Phoneme, die das System erkannt hat oder das vom System erkannte Wort.

7.1.1 Mathematische Behandlung

Sei Z_k eine Zufallsvariable, die den Zustand des HMM im Schritt k angibt. Aus Z_1 ergibt sich die Startverteilung

$$\pi_k = P(Z_1 = k)$$

der Markov-Kette. Da Z_{k+1} nur von Z_k abhängt, folgt:

$$\begin{aligned} P(\underbrace{Z_{k+1}}_{\text{Zufallsvariable}} = \underbrace{z_{i_{k+1}}}_{\text{Zustand}} | Z_k = z_{i_k}, \dots, Z_1 = z_{i_1}) \\ = P(Z_{k+1} = z_{i_{k+1}} | Z_k = z_{i_k}) \\ =: p(Z_{i_k}, Z_{i_{k+1}}) \end{aligned}$$

Sei A_k die Zufallsvariable, die das in Schritt k ausgegebene Zeichen angibt. A_k hängt nur von Z_k ab:

$$P(A_k = a | Z_k = z_{i_k}, \dots, Z_1 = z_{i_1}) = P(A_k = a | Z_k = z_{i_k}) := q_{z_{i_k}}(a)$$

Die charakteristischen Größen eines HMM sind damit π_k , $p(z, z')$, $q_z(a)$.

Rekonstruktion der Zustandsfolge

Für eine Folge a_1, \dots, a_n von beobachteten Zeichen suchen wir eine Folge z_{i_1}, \dots, z_{i_n} von Zuständen, so dass

$$P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n} | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$$

maximal ist. Da in

$$\frac{P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n}, A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)}{P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)}$$

der Nenner unabhängig von der Lösung ist (da er der Beobachtung entspricht), maximieren wir den Zähler.

Sei

$$\begin{aligned}
t(z_{i_n}, n) &= P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n}, A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) \\
&= P(A_n = a_n | Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \cdot \\
&\quad P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \\
&= P(A_n = a_n | Z_n = z_{i_n}) \cdot \\
&\quad P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_n = z_{i_n}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \\
&= q_{z_{i_n}}(a_n) \cdot \\
&\quad P(Z_n = z_{i_n} | Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_{n-1} = z_{i_{n-1}}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \cdot \\
&\quad P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_{n-1} = z_{i_{n-1}}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \\
&= q_{z_{i_n}}(a_n) \cdot P(Z_n = z_{i_n} | Z_{n-1} = z_{i_{n-1}}) \cdot \\
&\quad P(Z_1 = z_{i_1}, \dots, Z_{n-1} = z_{i_{n-1}}, A_1 = a_1, \dots, A_{n-1} = a_{n-1}) \\
&= q_{z_{i_n}}(a_n) \cdot p(z_{i_{n-1}}, z_{i_n}) \cdot t(z_{i_{n-1}}, n-1)
\end{aligned}$$

7.2 Viterbi-Algorithmus

Der Viterbi-Algorithmus ist ein Algorithmus der dynamischen Programmierung zur Bestimmung der wahrscheinlichsten Sequenz von verborgenen Zuständen bei einem gegebenen Hidden Markov Model (HMM) und einer beobachteten Sequenz von Symbolen. Diese Zustandssequenz wird auch als Viterbi-Pfad bezeichnet.

$$t(Z, n) = \begin{cases} q_Z(a_1) \cdot \pi_Z & \text{für } n = 1 \\ q_Z(a_n) \cdot \max_{z'} (p(z', z) \cdot t(z', n-1)) & \text{für } n > 1 \end{cases}$$

Die Laufzeit beträgt $\underbrace{\mathcal{O}(|Z| \cdot n)}_{\text{Größe der Tabelle}} \cdot \underbrace{\mathcal{O}(|Z|)}_{\text{Aufwand pro Zelle}} = \mathcal{O}(|Z|^2 \cdot n)$

Um die numerische Stabilität des Verfahrens zu erhöhen, kann man mit Logarithmen der Werte rechnen.

Beispiel

Gegeben sei das HMM-Model in Abbildung 7.2 mit der Folge “k z z k k z k k k k k” (mit k=Kopf, z=Zahl). Berechnen Sie die wahrscheinlichste Zustandsfolge die diese Folge erzeugt hat

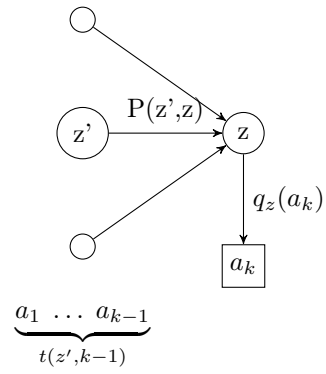


Abbildung 7.1: Verdeutlichung des Viterbi-Algorithmusses.

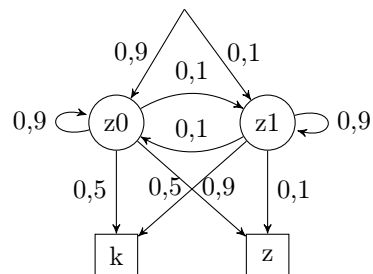


Abbildung 7.2: HMM für Beispiel X.

	z_0	z_1	
$t(z', 1) = k$	$0,5 \cdot 0,9 = 0,4500;$	$0,9 \cdot 0,1 = 0,0900$	z_0
$t(z', 2) = z$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,45;$ $0,1 \cdot 0,09\}$ $=0,2025$	$0,1 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,09;$ $0,1 \cdot 0,45\}$ $=0,0081$	z_0
$t(z', 3) = z$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,2;$ $0,1 \cdot 0,0081\}$ $=0,091125$	$0,1 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,008;$ $0,1 \cdot 0,2\}$ $=0,002025$	z_0
$t(z', 4) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,09;$ $0,1 \cdot 0,002\}$ $=0,04100625$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,002;$ $0,1 \cdot 0,09\}$ $=0,00820125$	z_0
$t(z', 5) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,041;$ $0,1 \cdot 0,0082\}$ $=0,0184528125$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0082;$ $0,1 \cdot 0,041\}$ $=0,0066430125$	z_0
$t(z', 6) = z$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,018;$ $0,1 \cdot 0,007\}$ $=0,0083037656$	$0,1 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,007;$ $0,1 \cdot 0,018\}$ $=0,00063$	z_0
$t(z', 7) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0081;$ $0,1 \cdot 0,00063\}$ $=0,0037366945$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,00063;$ $0,1 \cdot 0,0083\}$ $=0,0007473389$	z_1
$t(z', 8) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0037;$ $0,1 \cdot 0,00075\}$ $=0,0016815254$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,00075;$ $0,1 \cdot 0,0037\}$ $=0,0006053445$	z_1
$t(z', 9) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,00162;$ $0,1 \cdot 0,00059\}$ $=0,0007566806$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0006;$ $0,1 \cdot 0,00162\}$ $=0,0004903291$	z_1
$t(z', 10) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,000729;$ $0,1 \cdot 0,0004779\}$ $=0,000328$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0004779;$ $0,1 \cdot 0,000729\}$ $=0,0003971665$	z_1
$t(z', 11) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,000328;$ $0,1 \cdot 0,0006561\}$ $=0,0001476$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0006561;$ $0,1 \cdot 0,000328\}$ $=0,0005314$	z_1
$t(z', 12) = k$	$0,5 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0001476;$ $0,1 \cdot 0,0005314\}$ $=0,00006642$	$0,9 \cdot \max\{0,9 \cdot 0,0005314;$ $0,1 \cdot 0,001476\}$ $=0,0004304$	z_1

Damit ergibt sich die Zustandsfolge $z_0 \rightarrow z_0 \rightarrow z_0 \rightarrow z_0 \rightarrow z_1 \rightarrow z_1 \rightarrow z_1 \rightarrow z_1 \rightarrow z_1 \rightarrow z_1$

Ausgehend vom maximum des letzten Zustandes ist der Vorgänger der Zustand, aus dem das Maximum hervorging.

7.3 Parameterschätzung

Die Parameter eines HMM sind Startverteilung, Übergangs- und Emissionswahrscheinlichkeiten. Gegeben sei eine Menge von Trainingssequenzen.

7.3.1 Überwachtes Lernen

Wenn für alle Trainingssequenzen die Zustandsfolge bekannt ist, lassen sich ML-Schätzer (Maximum-Likelihood) für alle Parameter angeben. Entsprechende Trainingssequenzen lassen sich häufig erzeugen, z.B.

- Nachrichtenübertragung: Nachricht mehrfach senden und empfangen.
- Sprachverarbeitung: Beispielsätze für die darin enthaltenen Phoneme bekannt sind, werden vorgelesen.

Seien z, z' Zustände des HMM und $h(z, z')$ die Häufigkeit des Übergangs von z nach z' in den Trainingssequenzen. Sei ferner $h_0(z)$ die Häufigkeit von z als Startzustand. Da der Übergang von z nach z' durch eine Bernoulli-Verteilung beschrieben werden kann, sind

$$\hat{p}(z, z') = \frac{h(z, z')}{\sum_{z''} h(z, z'')} \quad \hat{\pi}_z = \frac{h_0(z)}{\|Z\|}$$

ML-Schätzer für $p(z, z')$ bzw π_z . Entsprechend ist

$$\hat{q}_z(a) = \frac{h_z(a)}{\sum_{a'} h_z(a')}$$

ein ML-Schätzer für $q_z(a)$, wobei $h_z(a)$ die Häufigkeit der Emission des Zeichens a im Zustand z in den Trainingssequenzen ist. Wenn im HMM gilt: $\sum_a q_z(a) = 1$, ist $\sum_{a'} h_z(a')$ die Summe der Längen aller Trainingssequenzen.

7.3.2 Unüberwachtes Lernen

Wenn die Zustandsfolge für die Trainingssequenzen nicht bekannt ist, können die unbekannten Parameter durch ein iteratives Verfahren geschätzt werden. Idee dazu:

- Mit zufälligen Parametern beginnen oder alle Wahrscheinlichkeiten gleich setzen.
- Aus den Trainingssequenzen mit dem Viterbi-Algorithmus die Zustandsfolge rekonstruieren, damit die Schätzwerte für $h_0(z)$, $h(z, z')$, $h_z(a)$ berechnen.
- Mit den oben beschriebenen Verfahren Schätzer für die Parameter des HMM berechnen.

Die letzten beiden Schritte werden wiederholt, bis ein Terminierungskriterium erreicht wird.

Viterbi-Training

Algorithmus 1 Unüberwachtes Lernen für HMM.

- 1: Parameter $p(z, z')$, π_z , $q_z(a)$ zufällig oder durch überwachtes Lernen initialisieren.
 - 2: **repeat**
 - 3: Wende den Viterbi-Algorithmus auf die Trainingssequenzen an
 - 4: Berechne $\hat{p}(z, z')$, $\hat{\pi}_z$, $\hat{q}_z(a)$
 - 5: **until** keine Änderung an $\hat{p}(z, z')$, $\hat{\pi}_z$, $\hat{q}_z(a)$.
-

Der Algorithmus 1 terminiert, weil schließlich der Viterbi-Algorithmus stets die gleiche Folge liefert (ohne Beweis) und die geschätzten Parameter sich daher nicht mehr ändern. Das Viterbi-Training liefert jedoch keinen ML-Schätzer für die unbekannten Parameter. Ein besserer Algorithmus ist der Baum-Welch-Algorithmus (auch Expectation-Maximization-Algorithmus genannt). Dieser findet ein lokales Maximum der Likelihood-Funktion:

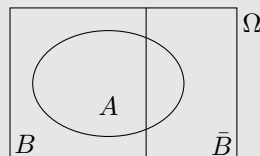
$$P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n | \Theta)$$

wobei a_1, \dots, a_n die beobachtete Ausgabe und Θ die Menge der zu schätzenden Parameter des HMM ist.

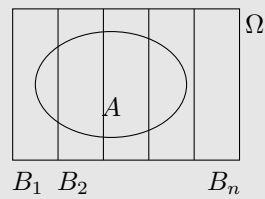
7.4 Forward-Algorithmus

Wdh. Disjunkte Zerlegung:

$$\begin{aligned} P(A) = P(A \cap \Omega) &= P(A \cap (B \cup \bar{B})) \\ &= P((A \cap B) \cup (A \cap \bar{B})) \\ &= P(A \cap B + A \cap \bar{B}) \\ &= P(A \cap B) + P(A \cap \bar{B}) \end{aligned}$$



$$\begin{aligned}
P(A) = P(A \cap \Omega) &= P\left(A \cap \sum_{k=1}^n B_k\right) \\
&= P\left(\sum_{k=1}^n (A \cap B_k)\right) \\
&= P((A \cap B) \cup (A \cap \bar{B})) \\
&= P(A \cap B + A \cap \bar{B}) \\
&= P(A \cap B) + P(A \cap \bar{B})
\end{aligned}$$



$P(A) = \sum_i P(A \cap B_i)$, wenn $B_i \Omega$ partitioniert.

Für eine Beobachtung a_1, \dots, a_n eines HMM suchen wir $P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$. Die Schwierigkeit dabei ist, dass die Zustandsfolge unbekannt ist. Der naiver Ansatz ist die disjunkte Zerlegung nach Zustandsfolge Z_1, \dots, Z_n :

$$P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) = \sum_{z_1, \dots, z_n} P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n, Z_1 = z_1, \dots, Z_n = z_n)$$

Da diese Summe aus $|Z|^n$ Summanden besteht, ist dies jedoch ineffizient. Die Laufzeit wäre: $O(|Z|^n \cdot n)$.

Mit dynamischer Programmierung erhalten wir ein effizientes Verfahren dazu sei:

$$\begin{aligned}
\alpha_t(j) &= P(A_1 = a_1, \dots, A_t = a_t, Z_t = j) \\
&= \sum_i P(A_1 = a_1, \dots, A_t = a_t, Z_{t-1} = i, Z_t = j) \\
&= \sum_i P(A_t = a_t | A_1 = a_1, \dots, A_{t-1} = a_{t-1}, Z_{t-1} = i, Z_t = j) \\
&\quad \cdot P(A_1 = a_1, \dots, A_{t-1} = a_{t-1}, Z_{t-1} = i, Z_t = j) \\
&= \sum_i P(A_t = a_t | Z_t = j) \cdot P(A_1 = a_1, \dots, A_{t-1} = a_{t-1}, Z_{t-1} = i, Z_t = j) \\
&= \sum_i q_j(a_t) \cdot P(Z_t = j | Z_{t-1} = i) \cdot P(A_1 = a_1, \dots, A_{t-1} = a_{t-1}, Z_{t-1} = i) \\
&= \sum_i q_j(a_t) \cdot p(i, j) \cdot \alpha_{t-1}(i)
\end{aligned} \tag{7.1}$$

Für $t=1$ gilt

$$\alpha_1(j) = P(A_1 = a_1, Z_1 = j) = q_j(a_1) \cdot \pi_j \tag{7.2}$$

Ferner gilt

$$\begin{aligned}
P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) &= \sum_j P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n, Z_n = j) \\
&= \sum_j \alpha_n(j)
\end{aligned} \tag{7.3}$$

Mit den Ergebnissen aus (7.1), (7.2) und (7.3) lässt sich die Wahrscheinlichkeit der Beobachtung a_1, \dots, a_n berechnen. Aufwand dazu

$$\underbrace{\mathcal{O}(n \cdot |Z|)}_{\text{Tabellengröße}} \cdot \underbrace{\mathcal{O}(|Z|)}_{\text{Aufwand pro Zelle}} + \underbrace{\mathcal{O}(|Z|)}_{\text{Aufsummierung}} = \mathcal{O}(n \cdot |Z|^2)$$

7.5 Backward-Algorithmus

Gegeben eine Beobachtung a_1, \dots, a_n , was ist der wahrscheinlichste Zustand in Schritt t ? Gesucht ist ein j mit

$$P(Z_t = j | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$$

maximal.

Ansatz:

$$\begin{aligned}
&P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n, Z_t = j) \\
&= P(A_{t+1} = a_{t+1}, \dots, A_n = a_n | A_1 = a_1, \dots, A_t = a_t, Z_t = j) \\
&\quad \cdot P(A_1 = a_1, \dots, A_t = a_t, Z_t = j) \\
&= P(A_{t+1} = a_{t+1}, \dots, A_n = a_n | Z_t = j) \cdot P(A_1 = a_1, \dots, A_t = a_t, Z_t = j) \\
&= \beta_t(j) \cdot \alpha_t(j)
\end{aligned}$$

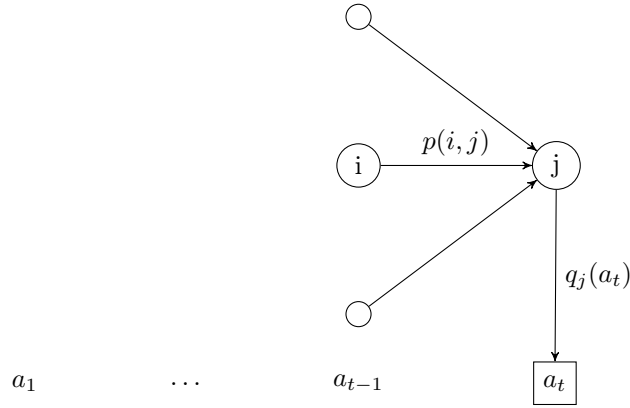


Abbildung 7.3: Skizze des Forward-Algorithmus

Ferner sei $\beta_n(j) = 1$ für alle j . Ähnlich wie in Forward-Algorithmus folgt:

$$\beta_t(j) = \sum_i p(j, i) \cdot q_i(a_{t+1}) \cdot \beta_{t+1}(i)$$

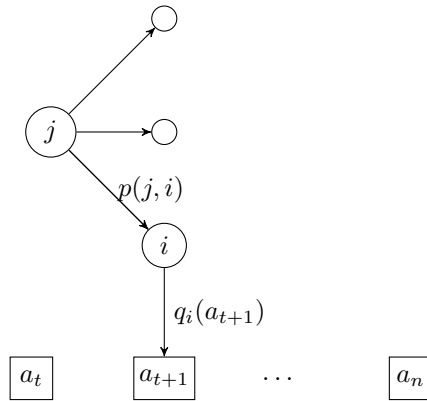


Abbildung 7.4: Skizze des Backward-Algorithmuses

Die Laufzeit des Backward-Algorithmus liegt damit in

$$\underbrace{\mathcal{O}(n \cdot |Z|^2)}_{\alpha\text{-Tabelle}} + \underbrace{\mathcal{O}(n \cdot |Z|^2)}_{\beta\text{-Tabelle}} + \underbrace{\mathcal{O}(|Z|)}_{\text{Summe}} + \underbrace{\mathcal{O}(1)}_{\text{Zugriff auf } \alpha_t(j) \text{ und } \beta_t(j)} = \mathcal{O}(n \cdot |Z|^2)$$

Die Wahrscheinlichkeit für den Zustand j im Schritt t ergibt sich aus

$$\begin{aligned} P(Z_t = j | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) &= \frac{P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n, Z_t = j)}{P(A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)} \\ &= \frac{\alpha_t(j) \cdot \beta_t(j)}{\sum_i \alpha_n(i)} \end{aligned}$$

7.6 Posterior Decoding

Wenn der Viterbi-Algorithmus viele unterschiedliche Pfade mit annähernd gleicher Wahrscheinlichkeit liefert, dann lässt sich die Wahl des wahrscheinlichsten Pfades nicht gut rechtfertigen. Alternativ können wir mit dem Backward-Algorithmus die Folge der in jedem Zeitpunkt t wahrscheinlichsten Zustände

$$\hat{z}_t = \arg_j \max P(Z_t = j | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$$

bestimmen. Diese muss jedoch keine zuverlässige Folge sein.

Übung Es sollen codierende und nicht-codierende Abschnitte in DNA bestimmt werden. Vorhanden sind:

- einige codierende Sequenzen
- einige nicht-codierende Sequenzen
- große Menge an unbekannten Sequenzen

Gesucht ist ein Verfahren um codierende Regionen in DNA zu identifizieren, gegeben eine DNA Sequenz.

Lösung:

- Hidden-Markov-Model wie in BildX
- jeweils einen ML-Schäfer für beide Zustandsmenge {codierend, nicht-codierend} (überwachtes Training)
- Übergangswahrscheinlichkeiten zwischen den Zustandsmengen {codierend, nicht-codierend} mittels unüberwachtem Training (Viterbi-Training oder Baum-Welch-Algorithmus)
- Backward-Algorithmus

$$\begin{aligned} P(Z_t \in \{a_c, c_c, g_c, t_c\} | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) &= \\ \sum_{z \in \{a_c, c_c, g_c, t_c\}} P(Z_t = z | A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n) \end{aligned}$$

Wenn das Ergebnis größer als $\frac{1}{2}$ ist, ist es eine codierende Sequenz, sonst uncodierend.

Übung Gegeben sei ein HMM. In diesem werden die Zustände verdoppelt. Wie muss sich die Länge der Trainingssequenz erhöhen, damit die gleiche Anzahl Zustandsübergänge vorhanden ist wie vorher. Vereinfacht sein angenommen das alle Zustandsübergänge die gleiche Wahrscheinlichkeiten besitzen.

Lösung:

$$\hat{p}(z, z') = \frac{n}{|z^2|}$$

Die Trainingssequenz muss 4-fach so lang sein.

7.7 Baum-Welch-Algorithmus

Der Baum-Welch-Algorithmus wird benutzt, um die unbekannten Parameter eines Hidden Markov Models (HMM) zu finden. Er nutzt dabei den Forward-Backward-Algorithmus zur Berechnung von Zwischenergebnissen, ist aber nicht mit diesem identisch. Der Baum-Welch-Algorithmus ist ein erwartungsmaximierender Algorithmus.

Idee:

1. HMM zufällig initialisieren
2. Mit dem Backward-Algorithmus die Wahrscheinlichkeit

$$P(Z_t = j \| A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$$

berechnen. Auf ähnliche Weise lassen sich

$$P(Z_t = i, Z_{t+1} = j \| A_1 = a_1, \dots, A_n = a_n)$$

berechnen. Damit lassen sich Erwartungswerte berechnen für die Häufigkeit eines Zustandes, eines Zustandsübergangs oder einer Emission. Damit lassen sich Schätzer berechnen für die Parameter des HMM. Damit werden die Parameter des HMM geändert.

3. Mehrfach iterieren, bis sich an den Parametern nichts mehr ändert, beste Lösung ausgeben (größte Wahrscheinlichkeit für Ausgabesequenz)