technische universität
dortmund

Bachelorarbeit

Detektion von Zeitreihenanomalien in der Niederspannung

Joël Haubold

Juni 2020

Gutachter:
Prof. Dr. Rudolph
Dr.-Ing. Sebastian Ruthe

Technische Universität Dortmund
Fakultät für Informatik
Lehrstuhl für Computational Intelligence (LS-11)
https://ls11-www.cs.tu-dortmund.de/

Inhaltsverzeichnis

Kapitel 1

Einleitung

1.1 Motivation und Hintergrund

1.1.1 Anomaliererkennung auf Zeitreihen

Anomalieerkennung auf Zeitreihen ist ein weitreichendes Forschungsgebiet, sowohl an der großen Zahl möglicher Vorgehensweise gemessen, als auch and der Vielfalt der Anwendungsgebiete. [8] Einige Beispiele für den Nutzen den die Erkennung von Anomalien darstellt sind:

- Finanzmärkte: Abrupte Einbrüche im Finanzmarkt müssen möglichst Frühzeitig erkannt werden um sich ausbreitenden Schaden zu verhindern oder einzudämmen.

- Benutzerhandlungen: Zeichnen sich Auffälligkeiten im Verhalten eines Benutzers ab so kann dies auf Situationen mit Handlungsbedarf hindeuten. So kann zum Beispiel etwaigen ungewollten Eingriffen in ein Computersystem entgegengewirkt werden.

- Biologische Daten: Zwar nicht direkt Zeitabhängig so können bestimmte biologische Forschungsprozesse, wie das platzieren einzelner Aminosäuren, analog zu temporalen Daten mit Methoden zur Zeitreihenanomalieerkennung unterstützt werden.

- Sensordaten: Viele physikalischen Anwendungen wird deren Verlauf anhand umfassender Sensordaten überwacht. Die hohe Quantität an Daten die kontinuierlich erfasst werden, macht es unmöglich diese alle per Hand auszuwerten und so kann automatisierte Anomalieerkenung dazu genutzt werden Ereignisse und Zusammenhänge in diesen Daten zu entdecken die ansonsten unbemerkt geblieben wären.

Diese Arbeit beschäftigt sich spezifisch mit dem folgend erläuterten Sensordatensatz, auf dem sie zwei Unterschiedliche Methoden miteinander vergleicht.

1.1.2 Analyse des Niederspannungsnetzes

Das deutsche Verteilnetz wurde ursprünglich mit dem Ziel gebaut, den in Großkraftwerken produzierten Strom und über das Transportnetz in die einzelnen Regionen Deutschlands transportiert wird, regional an die Endkunden (sowohl Industrie- und Gewerbekunden als auch Haushalte) zu verteilen. Das Verteilnetz ist dabei baumartig strukturiert und besteht aus der Hochspannungsebene die den Übergabepunkt des Transportnetz enthält und sich hin zur Mittelspannungsebene, Niederspannungsebene und schließlich den Endkunden verzweigt.
Mit zunehmender Integration von Erneuerbaren Energien wie Wind- und PV-Anlagen in die Mittel- und Niederspannungsebene steigt auch die Dynamik in den unteren Spannungsebenen. Lastflüsse die vorher stets von oben (Hochspannung) nach unten (Mittel-, Niederspannung) gerichtet waren, kehren sich in Teilen um und können zu einer lokal höheren Auslastung des Netzes führen. Hinzu kommen neue Verbraucher wie z.B. Elektrofahrzeuge die insbesondere in den frühen Abendstunden und über die Nacht verteilt das Netz stärker belasten.
Um diese Effekte erkennen und analysieren zu können, müssen die Niederspannungsebene zunächst messtechnisch erfasst werden. Die Firma PPC hat ein Messgerät entwickelt, welches sich in Ortsnetzstationen (Übergabepunkt von Mittel- zu Niederspannung) einbauen lässt und dort eine dreiphasige Spannungsmessung durchführen kann. Zusätzlich verfügt das Messgerät über eine Kommunikationsanbindung mit der sich die Daten abrufen und an einem zentralen Punkt aggregieren und auswerten lassen. Eine Teilmenge dieser Daten sind nun Bestand dieser Arbeit.

Datensatz

Maybe here???

1.2 Aufbau der Arbeit

In dieser Arbeit werden zuerst in Kapitel 2 die Grundsätze von Anomalieerkennung und mögliche Komplikationen die sie mit sich bring erläutert. In Kapitel 3 werden die zwei in der Arbeit eingesetzten Verfahren Robust Random Cut Forest", und Öne Dimensional Support Vector Machineërläutert. In Kapitel 4 wird auf die im Rahmen dieser Arbeit angewendete Implementierung und deren Ergebnisse eingegangen, sowie wie diese Ergebnisse geneinander Abschneiden. In Kapitel 5 wird, auf Basis dieser Ergebnisse, ein Fazit gezogen.

Kapitel 2

Grundlagen

2.1 Notationen

Die in dieser Arbeit verwendeten Notationen lehnen sich an die in dem Papier [6] verwendeten an:

- $\mathbb{E}$ ddd
- $\mathbb{P}r$ ddd
- $\mathcal{T}$ ddd

2.2 Anomalien

In einem gegebenen Datensatz Z an Punkten, wird einer dieser Punkte $x \in Z$ als Outlier bezeichnet, falls er sich signifikant in einen oder mehreren seiner Merkmale von den Punkten $Z - \{x\}$ unterscheidet. Seien Y alle anomalen Punkte aus Z. Ein Modell welches Z darstellt ist entsprechend wesentlich komplexer als ein Modell welches $Z - Y$, also nur die nicht-normalen *Inliners* von Z darstellt. Wie stark sich x in seinen Merkmalen von anderen Punkten in Z unterscheiden muss, beziehungsweise wie stark x die Komplexität des Modells von Z erhöht, damit x als Anomalie gesehen wird ist hängt oft von der jeweiligen Zielsetzung ab.

2.2.1 Anomalytypen

Grundsätzlich lassen sich Anomalien darüber inwiefern sie sich von den Inlinern abheben in drei Klassen unterteilen: [2]

- *Punktanomalien*: Wenn ein Datenpunkt sich stark von den normalen Merkmalsausprägungen im Datenset unterscheidet. Beispielsweise wäre bei Beobachtung des

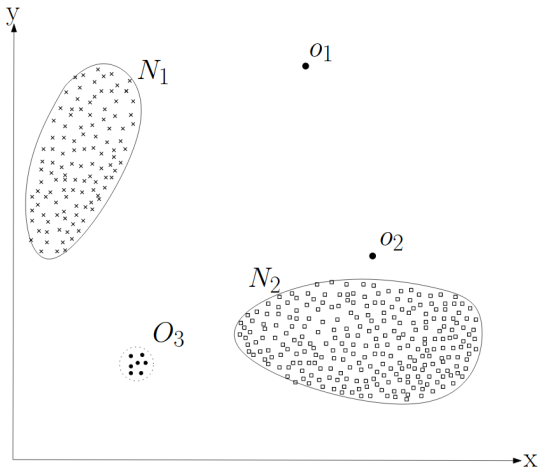


Abbildung 2.1: Ein Beispieldatensatz mit zwei Anomalien o_1 und o_2, sowie eine Punktegruppe O_3 von 7 Anomalien. Die Gruppen N_1 und N_2 stellen die Inliner des Datensatzes da. Quelle: [4]

Kraftstoffverbrauchs pro Tag eines Autos ein Verbrauch von 50 Litern, mit einem normalen Verbrauch von 5 Litern pro Tag eine Punktanomalie

- *Kontextanomalien*: Wenn ein Datenpunkt in einem bestimmten Kontext in seinem Datensatz hervorsticht. Zum Beispiel können bei der Anomalieerkennung auf den Ausgaben einer Person, überdurchschnittlich hohe Ausgaben hohe Ausgaben an einem Feiertag normal sein, im Kontext eines Arbeitstages allerdings eine Anomalie darstellen.

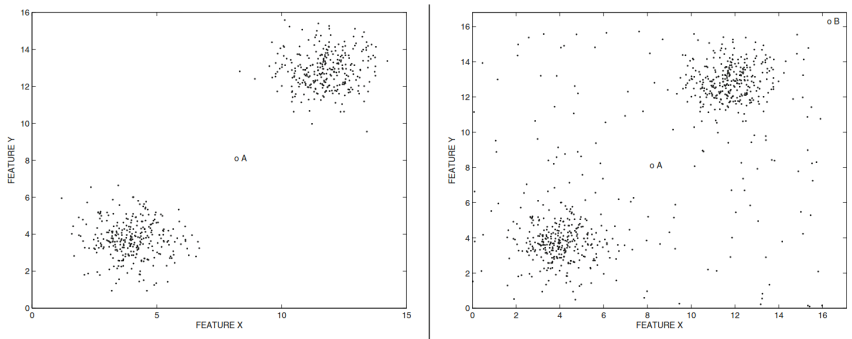
- *Kollektivanomalien*: Wenn mehrere, über ein oder mehrere ihrer Merkmale zusammenhängende Datenpunkte, welche alleine keine Besonderheit darstellen würden, zusammen eine Anomalie darstellen. Beispielsweise sind bei einem Elektrokardiogramm (EKG) einzelne niedrige Werte Teil einer Inlinergruppe, eine Reihe lange zeitlich aufeinanderfolgender Werte allerdings ist eine Anomalie.

2.2.2 Komplikationen

Die Diversität von möglichen Datensätzen und deren Merkmalen macht es generell nicht möglich, ein allgemeines Vorgehen für die Erkennung von Anomalien zu bestimmen. Dazu kommen mögliche Eigenschaften die dies weiterhin erschweren, oder es bestimmten Vorgehen sogar unmöglich machen, Anomalie von Inliner zu unterscheiden. Ein Überblick über einige dieser ist hier aufgeführt:

Kontextabhängigkeit

Es ist zu beachten das bei zwei anomalen Punkten nicht die gleichen Grenzwerte für die einzelnen Merkwerte gelten müssen, es kommt vielmehr auf die Kombination der Merkmale



(a) No noise (b) With noise

Abbildung 2.2: Der Einfluss von Rauschen auf einen Datensatz bestehend aus zwei Inlinergruppen und einem anomalen Punkt A. Quelle: [1]

an. Ein einfaches Beispiel ist ein über die Zeit stetig zunehmender Messwert. Ein Punkt dessen Wert zu Beginn aus der Zeitreihe nach oben ausreißt, ist wahrscheinlich anomal. Die Punkte die später durch den Trend der Zeitreihe diesen Wert überschreiten, sind deswegen aber nicht zwingend selber anomal, noch invalidieren sie den Status des Ausreißers als Anomalie. [10]

Duplikate

Erschwerend für die Anomalieerkennung kann es sein falls sich mehrere Anomalien eines Datensatzes ähneln, wie in Abbildung 2.1. Während sich die Punkte in O_3 eindeutig von den beiden Inliner-Punktegruppen N_1 und N_2 abgrenzen, so haben sie alleinstehend betrachtet dennoch untereinander eine starke Ähnlichkeit., ein Modell des dargestellten Datensatzes vereinfacht sich durch die einzelne Entfernung eines Punktes aus O_3 nicht. [6] Sollen die Punkte in O_3 von einem Anomalieerkennungsverfahren als Anomalie eingestuft werden, so muss entweder dem Verfahren mitgeteilt werden das Inliner Ähnlichkeiten zu den Punkten in N_1 und N_2 haben müssen, oder es muss so kalibriert werden, dass eine Ansammlung von 7 ähnlichen Punkten noch nicht als Inlinergruppe gesehen wird. Mehr dazu in Sektion 2.3.1

Rauschen

Je nach generierenden Prozess des Datensatzes kann es sein das in diesem neben der zu beobachtenden Größe, weitere Punkte aufgenommen werden, welche sich in ihren Merkmalen stark von den Inlinern unterscheiden, aber nicht von Relevanz für den Beobachter des Prozesses sind. [1] In den beiden Abbildungen 2.2 ist die Schwierigkeit die Rauschen bei der Anomalieerkennung mit sich bringt zu sehen. In Abbildung 2.2 (a) ist der Punkt A offensichtlich anomal. In 2.2 (b) könnte dieser allerdings Teil des Rauschens sein. Um den Punkt A als anomal markieren zu können, aber nicht den Rest des uninteressanten Rau-

schens, muss dem Anomalieerkennungsverfahren mitgeteilt werden das Punkte mit seinen Merkmalen als anomal gelten.

Mehrdimensionalität

Hat der zu untersuchende Datensatz eine hohe Dimensionalität in seinen Merkmalen, führt dies zu weiteren Problemen bei der Anomalieerkennung. Mit zunehmender Anzahl an Merkmalsdimensionen erhöhen sich die möglichen Kombinationen an Dimensionen auf denen nach anomalen Merkmalen gesucht werden kann exponentiell, womit der Aufwand der Anomalieerkennung ansteigen kann. Weiterhin führt diese Zunahme der möglichen Dimensionskombinationen auf denen gesucht werden kann, dass es immer wahrscheinlicher wird, für jeden Punkt mindestens eine solche Kombination zu finden, dass er auf dieser anomal ist. Umgekehrt wird es mit zunehmenden Dimensionen, auf denen man nach anomalen Ausprägungen suchen kann, schwieriger die relevanten Dimensionen zu finden. Es entsteht effektiv ein Rauschen, da die relevanten Dimensionen gegenüber den nicht relevanten untergehen. [5]

2.3 Anomalieerkennung durch maschinelles Lernen

Ein Anomalieerkennungsverfahren bietet generalisiert die Funktion auf einem Datensatz Anomalien zu erkennen. Dabei eignen sich nicht alle Verfahren für alle Datensätze, sei es weil sie für eine bestimmte Eigenschaft des Datensatzes nicht geeignet sind, oder umgekehrt weil sie zur Leistungsverbesserung bestimmte Eigenschaften im Datensatz voraussetzen.

2.3.1 Überwachtes und unüberwachtes Lernen

Generell lassen sich zur Anomalieerkennung angewandte maschinelle Lernverfahren in zwei Bereiche teilen, überwachtes und unüberwachtes Lernen:

Überwachtes Lernen

Überwachtes Lernen

Unüberwachtes Lernen

2.3.2 Input und Output von Anomalieerkennungsverfahren

Weiter Unterscheidungen lassen sich über Anomalieerkennungsverfahren darin machen, in welcher Form der Input auf Anomalien untersucht wird, und in Welcher Form das Anomalieerkennungsverfahren seine Ergebnisse ausgibt.

Arten von zu analysierenden Dateninstanzen

Auch darin in welcher Form die Anomalien erkannt werden sollen unterscheiden sich die möglichen Verfahren. Je nach Zielsetzung kann in einer Zeitreihe nach einzelnen oder Sequenzen von anomalen Datenpunkten gesucht, oder es können Zeitabschnitte nach Auffälligkeiten miteinander verglichen werden. Anders mag es auch von Nutzen seien, ganze Zeitreihen aus einer Gruppe von Zeitreihen als anomal zu bestimmen. [8]

Ergebnisse des Anomalieerkennungsverfahren

Das Ergebnis eines Anomalieerkennungsverfahrens, stellt die Beurteilung des Verfahrens gegenüber den eingegebenen Datensatz dar, ob die Eingabe oder die Elemente die diese ausmacht anomal oder nicht sind, beziehungsweise um welche Art von Anomalie es sich handelt. Allgemein kann man zwischen zwei Ausgabearten der Ergebnisse unterscheiden: [2]

- *Bewertung*: Bei bewertenden Anomalieerkennungsverfahren wird jeder zu bewertenden Dateninstanz, ein Wert zugeordnet, dessen Größe darstellt wie sicher sich das Verfahren ist, ob die Instanz eine Anomalie ist. Entweder werden diese Werte dann einer genaueren Betrachtung unterzogen, oder es wird eine Grenze festgelegt, ab welchen Wert eine Dateninstanz als Anomalie interpretiert wird.

- *Kennzeichnung*: Bei einem kennzeichnenden Anomalieerkennungsverfahren bestimmt das Verfahren im Alleingang, ob eine Dateninstanz eine Anomalie ist oder nicht, beziehungsweise zu welcher Anomalieklasse es gehört.

2.3.3 Robustheit

Die Robustheit eines Algorithmus beschreibt seine Stabilität gegenüber Anomalien im Trainingsdatensatzes und gegenüber ungewollten Unterschieden zwischen dem Trainingsdatensatz und dem Testdatensatz. Weiterhin kann ein Anomalieerkennungsverfahren besonders Robust gegenüber einer Eigenschaft von Datensätzen, wie zum Beispiel Rauschen oder Mehrdimensionalität, sein, die sich allgemein negativ auf die Performance von auf ihrem Datensatz ausgeführten Algorithmen auswirkt.

2.3.4 Streaming Data

Space Time Anpassung des Modells, Live Ergebnisse

2.3.5 Kriterien zur Performancebeurteilung

2.3.6 F-Measure

2.4 Arten von Anomalieerkennungsverfahren

Kapitel 3

Robust Random Cut Forest

In diesem Kapitel wird einer der beiden, auf den PPC Datensatz angewendeten Verfahren, der **Robust Random Cut Forest** (von hier an RRCF) in seinen Grundzügen beschrieben. Das Kapitel orientiert sich dabei an Artikel [6] und dem zugehörigen Supplement [7].

3.1 RRCF Theory

Der RRCF basiert auf, und ähnelt somit vielerlei dem in Kapitel 2 vorgestellten Isolation Forest. So versucht der RRCF ebenfalls Anomalien direkt vom Datensatz zu isolieren statt ein Profil einer normalen Klasse zu definieren. Auch basiert der RRCF ebenfalls auf dem Zufallsprinzip, und mittelt sein Ergebnis aus den einzelnen Ergebnissen der unabhängig konstruierten Bäume aus denen er besteht. Unterscheiden tut sich der RRCF allerdings in zweierlei Hinsicht:

1. Bei der Konstruktion der Bäume des RRCFs, werden die Dimensionen über die der zugrundeliegende Datensatz geteilt wird nicht uniform-zufällig, sondern nach der Größe der in ihnen vorhandenen Unterschieden der Punkte des Datensatzes gewichtet ausgewählt. So kann der Einfluss von unwichtigen Dimensionen (siehe Sektion 2.2.2) reduziert werden, und die Zugrundeliegenden Wahrscheinlichkeiten jedes Baumes über einen Datensatz bleiben konstant, unabhängig davon wie dieser Baum zustande kam.

2. Das Kriterium nach dem die Ausgabe des RRCFs berechnet wird bezieht sich nicht auf die Tiefe der Punkte, sondern auf den Effekt die eine beliebige diesen Punkt beinhaltende Gruppe von Punkten, auf die gesamte Modellkomplexität des Baumes hat. Diese Metrik ist allgemein robuster, ins besonders können Duplikate einer Anomalie nicht mehr ihre Erkennung als solche verhindern

In den folgenden Sektionen werden diese Unterschiede, sowie die dem RRCF zugrunde liegenden Theoreme dargestellt.

Tabelle 3.1: Ein Beispiel Datensatz über 3 Dimensionen mit numerischen Werten mit $S = \{x, y, z\}$ sowie die von Definition 3.1.1 in Schritt 1 berechnete Wahrscheinlichkeit $\frac{l_i}{\Sigma_j l_i}$ das S in Schritt 3 über die jeweilige Dimension partitioniert wird

Dimension	**x**	**y**	**z**	$\frac{l_i}{\Sigma_j l_i}$
1	5	10	6	$\frac{5}{35}$
2	2	8	12	$\frac{10}{35}$
3	25	5	5	$\frac{20}{35}$

3.1.1 RRCF Aufbau

Analog zu anderen Forest-Ansätzen aus dem Gebiet des maschinellen Lernens, besteht ein RRCF aus mehreren unabhängig voneinander konstruierten **Robust Random Cut Trees** (RRCT):

3.1.1 Definition (RRCT). Ein RRCT wird über ein Datensatz S mit j Dimensionen wie folgt generiert:

1. Wähle eine Dimension i aus den j Dimensionen. Dabei hat jede Dimension eine Wahrscheinlichkeit proportional zu $\frac{l_i}{\Sigma_j l_i}$, mit $l_i = \max_{x \in S} x_i - \min_{x \in S} x_i$ ausgewählt zu werden.

2. Wähle $X_i \sim \text{Uniform}[\min_{x \in S} x_i, \max_{x \in S} x_i]$

3. Teile S in $S_1 = \{x \mid x \in S, x_i \leq X_i\}$ und $S_2 = S \setminus S_1$ und fahre rekursiv auf S_1 und S_2 fort, solange $|S_1| > 1$ beziehungsweise $|S_2| > 1$.

In Schritt 1 wird die Dimension ausgewählt über die der Datensatz bei der Konstruktion des Baumes getrennt wird. Ein wichtiger Unterschied bei der Konstruktion eines RRCT zu der Konstruktion eines Baumes in einem Isolation Forest, wie in [9], ist dabei, dass die zur Trennung genutzte Dimension i nicht Uniform über alle Dimensionen j ausgewählt wird. Stattdessen werden die Dimensionen proportional dazu wie stark die Werte der einzelnen Punkte sich in den Dimensionen unterscheiden gewichtet bevor eine von ihnen gewählt wird.

In Schritt 2 wird darauf analog zum Isolation Forest Verfahren ein Trennwert X_i uniform aus der Wertespanne aller Punkte $x \in S$ der in Schritt 1 ausgewählten Dimension gewählt.
In Schritt 3 wird der Datensatz S dann über X_i partitioniert, sodass $S1$ die Datenpunkte enthält die in Dimension i größer oder gleich groß wie X_i sind und S_2 die verbliebenen Datenpunkte, welche in i einen kleiner als X_i sind.

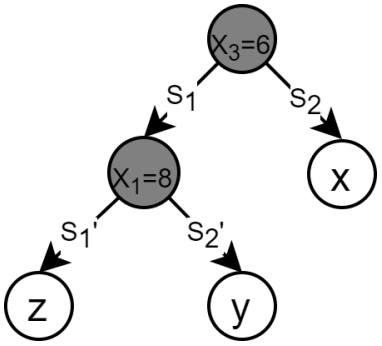


Abbildung 3.1: Ein möglicher, nach Definition 3.1.1 konstruierter RRCF über den in Tabelle 3.1 dargestellten Datensatz S. Die erste Partition erfolgte über die dritte Dimension mit einem nach Schritt 2 zufällig bestimmten Grenzwert von 6. Da S_1 darauf mehr als einen Punkt enthielt erfolgte eine weitere Partition über die erste Dimension und einen Grenzwert von 8

Beispielhaft würden in dem Datensatz von Tabelle 3.1 bei dem ersten Durchlauf der Baumkonstruktion die Dimensionen 1, 2 und 3 mit einer jeweiligen Wahrscheinlichkeit von $\frac{1}{7}$, $\frac{2}{7}$ und $\frac{4}{7}$, als die Dimension über die S partitioniert wird, ausgewählt werden. Je nach gewählter Dimension wird X_i darauf aus den Wertespannen $[5, 10]$, $[2, 12]$ beziehungsweise $[5, 25]$ uniform-zufällig gewählt. Ein möglicher RRCF, welcher sich aus dem in Tabelle 3.1 dargestellten Datensatz ergibt ist in Abbildung 3.1 dargestellt.

Jeder innere Knoten eines RRCTs $T = \mathcal{T}(S)$, über einen Datensatz S, entspricht demnach einer Partition, und enthält die entsprechende Dimension und den Grenzwert für diese Partition. Die Blätter des RRCTs entsprechen den einzelnen Punkten in S, welche über eine Reihe von Partitionen, entsprechend der Knoten entlang des Pfades von der Wurzel von T zu dem jeweiligen Blatt, von allen anderen Punkten in S isoliert wurden.

3.1.2 Distanzbeibehaltung bei der RRCT Konstruktion

Damit ein RRCF zur Anomalieerkennung eingesetzt werden kann, muss gezeigt werden, dass die RRCTs in der er die Punkte des zu untersuchenden Datensatzes auf eine Art speichert, die die Distanz zwischen den Punkten Beibehält. Ein Datenpunkt der sich im Datensatz anomal abzeichnet muss, auch in einem aus diesem Datensatz gebauten RRCT als anomal erkennbar sein. Dies ist gegeben durch folgendes Theorem:

3.1.2 Theorem (Distanzbeibehaltung). *Sei ein RRCT $\mathcal{T}$ über einen Datensatz S mit d Dimensionen konstruiert. Sei das Gewicht eines Knotens von $\mathcal{T}$ die Summe der Länge der Kanten der minimal begrenzenden Box der diesem Knoten untergeordneten Punkte $\sum_i l_i$, und sei die Baumdistanz zwischen zwei Knoten $u, v \in S$ das Gewicht des letzten*

gemeinsamen Vorfahrens von u und v. Dann ist die Baumdistanz von u und v mindestens $L_1(u, v)$ und in Erwartung maximal ein Vielfaches von $L_1(u, v)$ um den Faktor:

$$\mathcal{O}(d \log \frac{|S|}{L_1(u, v)}) \tag{3.1}$$

Beweis von Theorem 3.1.2

Sei für einen Datensatz S l_i erneut als die Wertespanne zwischen den niedrigsten und höchsten Wert von S in der Dimension i definiert. Sei $B(S)$ die $MinimalBoundingBox$(MBB) um alle Punkte in S. Sei dann $P(S) = \sum_i l_i$ die Summe der Seitenlängen von $B(S)$. Es ergibt sich:

3.1.3 Lemma. *Die Wahrscheinlichkeit das $u, v \in S$ durch eine Partition von S nach Definition 3.1.1 getrennt werden ist gegeben durch:*

$$\frac{1}{P(S)} \sum_i |u_i - v_i| \tag{3.2}$$

$P(S)$ entspricht der Summe der Länge aller Wertespannen l_i in denen in Schritt 1 und 2 von Theorem 3.1.1 ein Schnittpunkt gewählt wird. $\sum_i |u_i - v_i|$ entspricht der Summe der Wertespannen, auf denen die Wahl eines Schnittpunktes u und v trennen würde. Das Lemma folgt.

3.1.3 RRCF Instandhaltung

In diesem Abschnitt wird gezeigt das von einem RRCT $\mathcal{T}(S)$ effizient ein Punkt x gelöscht oder hinzugefügt werden kann, also die jeweiligen RRCTs $\mathcal{T}(S - \{x\})$ und $\mathcal{T}(S \cup \{x\})$ effizient erzeugt werden können.

Löschen eizelner Punkte

Soll ein Punkt u aus dem Baum $\mathcal{T}$ gelöscht werden, so muss lediglich der Elternknoten k von u, welcher die Trennung mithilfe der u isoliert wurde darstellt, mit gelöscht werden, und der Elternknoten von k bekommt als neues Kind, dass nun verwaiste Kind von k. Siehe Bild ???

3.1.4 Theorem (Konsistenz der inneren Probabilität). *Sei ein RRCT $\mathcal{T}$ welcher über einen Datensatz S konstruiert wurde. Wird ein Punkt $u \in S$ wie oben skizziert gelöscht, so hat der daraus resultierende Baum die gleiche Probabilität gegenüber über welche Dimensionen $\mathcal{T}$ bei seiner Konstruktion partitioniert wird, wie ein RRCT der über $S - u$ konstruiert wurde. Parallel dazu hat ein RRCT der über $S \cup \{v\}$ mit $v \notin S$ konstruiert wird, die gleiche Probabilität wie der RRCT der aus dem hinzufügen von v zu $\mathcal{T}$ resultiert*

Dieses natürliche Verhalten gegenüber dem hinzufügen und löschen von Punkten des RRCF Verfahrens, setzt es von vielen anderen Partitionierungsverfahren ab [6], insbesondere auch von anderen Baum konstruierenden Anomalieerkennungsverfahren Verfahren wie das Isolation Forest Verfahren, welche die über die zu partitionierende Dimension uniform-zufällig auswählen. Dies zeigt sich durch folgendes Beispiel:

Unterschiede beim Löschen eines Punktes

Beispiel mit Bild pro Fall 4+2 :)

Die so ermöglichten dynamischen Änderungen an den durch das RRCF Verfahren konstruierten Bäumen, ermöglicht unter anderem die effiziente Anomalieerkennung auf gestreamten Daten, da die neu eintreffenden Punkte in die bestehenden Bäume mit eingefügt werden können, anstatt das diese von Grund auf neu gebaut werden müssten.

3.1.5 Theorem (Die RRCT Konstruktion ist Stichproben unabhängig). *Sei S eine Stichprobe eines Datensatzes. Es kann ein RRCF über S gebildet werden, selbst wenn S dynamisch aktualisiert wird.*

Das Theorem folt aus den bisher definierten. Theorem 3.1.2 sagt aus, dass der RRCT die in S gegebenen Abstände beibehält. Jedes auf S angewendete Stichprobenverfahren, welches die gewünschten Zusammenhänge beibehält, kann dementsprechend auch in einem RRCT abgebildet werden. Mit Theorem 3.1.4 ist der Prozess der RRCT Konstruktion unabhängig von den angewendeten Stichprobenverfahren. Soll beispielsweise eine Stichprobe von S der Größe $\rho|S|$, mit $\rho < 1$ uniform-zufällig erstellt werden, so müssen kann entweder ein RRCT über $\rho|S|$ uniform-zufällig ausgewählte Punkte von S konstruiert werden, oder es können $|S| - \rho|S|$ Punkte uniform-zufällig bestimmte Punkte aus einem bestehenden RRCT über S gelöscht werden. Beide Vorgehensweisen resultieren in den selben Probabilitäten, gegenüber der Struktur und den ausgewählten Dimensionen über die die Stichprobe partitioniert wurde, für den resultierenden Baum. Parallel dazu kann jedes weiter Stichprobenverfahren vor oder auch abhängig von der Größe des resultierenden Baumes nach der Konstruktion des RRCT angewandt werden. Es folgt:

3.1.6 Theorem. *Existiert ein Verfahren welches eine Stichprobe des Datensatzes S per Downsampling erstellt dann existiert für jede Downsampling Rate ein Algorithmus der einen RRCT über die Stichprobe erzeugt indem er Punkte aus dem RRCT über S löscht.*

Somit ist es möglich die Menge an Punkten mit der ein RRCF konstruiert wurde, nach seiner Konstruktion anzupassen. Aus Theorem 3.1.5 ergibt sich weiterhin:

3.1.7 Theorem. *Sei ein RRCT über einen Datensatz S konstruiert. Sei $u \notin S$. Da wir effizient den RRCT über $S \cup \{p\}$ konstruieren können indem wir u zu $\mathcal{T}(S)$ hinzufügen,*

können wir effizient den erwarteten Effekt von u auf die Platzierung der anderen Punkte in S bestimmen, sowie die erwartete Tiefe die u in $\mathcal{T}(S \cup \{u\})$ hat.

Diese Möglichkeit, kontrafaktische Fragen gegenüber dem Einfügen von u in $\mathcal{T}(S)$ effizient zu beantworten, eignet sich Intuitiv der Anomalieerkennung. So kann entweder die erwartete Tiefe von u bestimmt werden, um über Theorem 3.1.2 den Grad der Normalität von u abzuschätzen, oder es kann der Unterschied den u zwischen $\mathcal{T}(S)$ und $\mathcal{T}(S \cup \{u\})$ erzeugt, bemessen werden. Eine konkrete Metrik dazu wird in der nächsten Sektion in Form des $Codisplacements(CoDisps)$ vorgestellt.

3.2 Anomalieerkennung über RRCF

Um zu spezifizieren wie genau ein anomaler Punkt in einem $RRCF$ erkannt wird, sei hier auf das Beispiel in Kapitel 2, der Menge bestehend aus schwarzen Kugeln und Würfeln, sowie einer grünen Kugel, zurückgegriffen. Hier lassen sich 2 Arten der Anomalieausprägung definieren:

1. Eine Anomalie ist einfach zu beschreiben, die grüne Kugel unterscheidet sich zwar nicht im Merkmal der Länge, aber im Merkmal der Farbe stark von den anderen Objekten der Menge. Ihre Unterscheidung von der Menge ist leicht abzugrenzen. Diese Kategorisierung ist die in Kapitel 2 verwendete.

2. Die Existenz einer Anomalie in einer Menge, macht es schwieriger diese Menge zu beschreiben. So müssen die Objekte der Menge nun nicht mehr nur noch nach Form, sondern auch nach Farbe differenziert werden. Der Fokus einer Beschreibung wird von einer Mehrzahl der Objekte zu einem einzigem verschoben.

Die beiden Anomalieausprägungen folgen auseinander. Das eine Anomalie über ihr hervorstechendes Merkmal einfach zu beschreiben ist, ist äquivalent dazu, dass die Beschreibung der Merkmale einer Menge einfacher wäre, würde diese Anomalie mit ihrem besonderen Merkmal beziehungsweise ihrem besonders ausgeprägtem Merkmal nicht existieren.

Der RRCF Algorithmus versucht die in Punkt 2 definierte, durch einen Punkt erzeugte Verschiebung ($Disp$) zu bestimmen. Dazu wird zuerst die Komplexität eines RRCTs definiert, um eine exakte Relation über den Effekt der im RRCT untergebrachten Punkte auf die Komplexität von diesem zu bestimmen.

3.2.1 Modellkomplexität eines RRCT

Sei jedem Zweig in einem RRCT ein Bit zugeordnet. Ein linker Zweig wird durch das Bit 0 und ein rechter Zweig durch das Bit 1 gekennzeichnet. Der Platz von jedem Punkt x in einem RRCT ist dann in diesem eindeutig durch die Folge an Bits entlang der Zweige

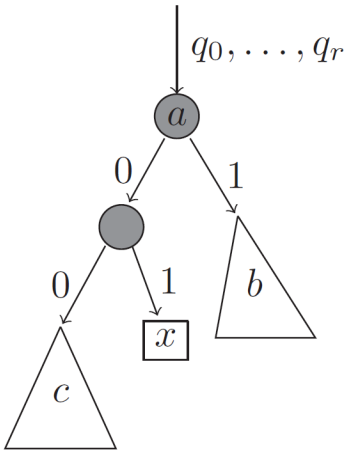


Abbildung 3.2: Ein Teilbaum T_1 über die Menge S_1, eines RRCTs T, dessen Wurzel in T die Tiefe $r+1$ hat. Der Knoten a stellt eine Partitionierung von S_1 in zwei Teilemengen da. $q_0, ..., q_r$ sind die Bits die die Position von a in T beschreiben. Quelle: [6]

von der Wurzel zu dem Punkt x, bestimmt. Siehe Abbildung 3.2, wo der Platz von x in T durch die Bitfolge $q_0, ..., q_r, 0, 1$ definiert ist. Es bietet sich die folgende Definition 3.2.2 der Modellkomplexität eines RRCTs an:

3.2.1 Definition (Tiefe eines Punktes in x). Gegeben sei ein Satz an Punkten S und sei $T = \mathcal{T}(S)$ ein RRCT über S. Sei ein Punkt $x \in S$, mit der zugehörigen Bitfolge b. Dann sei:

$$f(x, S, T) = |b| \tag{3.3}$$

die Tiefe von x in T.

Die Tiefe eines Knotens eines Binärbaumes entspricht der Anzahl der Zweige zwischen ihm und der Wurzel. Da sich pro Zweig ein Bit in der zugeordneten Bitfolge eines Knotens eines RRCTs ergibt, folgt die Gleichung 3.3.

3.2.2 Definition (Modellkomplexität). Gegeben sei ein Satz an Punkten S und sei $T = \mathcal{T}(S)$ ein RRCT über S. Sei $f(x, S, T)$ mit $x \in S$ die Tiefe des Punktes x in T. Dann ist die Modellkomplexität von T:

$$|M(T)| = \sum_{x \in S} f(x, S, T) \tag{3.4}$$

Die definierte Modellkomplexität $|M(T)|$ entspricht somit der Summe der Länge der Bitfolgen aller Punkte in dem RRCT T. Anomalien in einem Datensatz sorgen somit für eine höhere Modellkomplexität, da diese nach 3.1.4, durch ihre Hervorstechenden Merkmale früh im RRCT Konstruktionsprozess isoliert werden, die restlichen Punkte also einen gebündelt einen weiteren Zweig herunter schickt.

3.2.2 Verschiebung der Modellkomplexität durch einen Punkt x

Parallel zu der Modellkomplexität $|M(T)|$ ist die Modellkomplexität des RRCTs $T' = \mathcal{T}(S - \{x\})$, also des RRCTs der aus der Entfernung des Punktes x aus dem RRCT T nach Theorem 3.1.4 gegeben durch:

$$|M(T')| = \sum_{x \in S - \{x\}} f(x, S - \{x\}, T) \tag{3.5}$$

Der Effekt den x auf die Modellkomplexität von T hat ist demnach:

$$|M(T)| - |M(T')| \tag{3.6}$$

Dabei ist zu beachten das der Term 3.6 nur für den Effekt gilt den x auf $|M(T)|$ hat, da nach Theorem 3.1.4 mit gegebenen T und x der durch das Entfernen von x aus T produzierte RRCT T' deterministisch bestimmt ist. Umgekehrt kann aber jeder einzelne T' aus beliebig vielen möglichen T und x hergeleitet werden, es handelt sich um eine viele-zu-einem Beziehung. Somit trifft der Term 3.6 keine Aussage über den Effekt den x in T' haben würde.

Ausgeweitet auf alle möglichen RRCTs $T = \mathcal{S}$ und allen möglichen $T = \mathcal{S} - \{\S\}$ ergibt sich für die erwartete Verschiebung der Modellkomplexität, die x im durchschnitt in allen T verursacht:

$$\begin{aligned}
\mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T')|] &= \sum_T \sum_{y \in S} \mathbb{P}r[T] f(y, S, T) \\
&\quad - \sum_{T'} \sum_{y \in S - \{x\}} \mathbb{P}r[T'] f(y, S - \{x\}, T') && (3.7) \\
&= \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \mathbb{P}r[T] f(y, S, T) \\
&\quad - \sum_{T'} \sum_{y \in S - \{x\}} \mathbb{P}r[T'] f(y, S - \{x\}, T') \\
&\quad + \sum_T \mathbb{P}r[T] f(x, S, T) && (3.8) \\
&= \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \mathbb{P}r[T] \Big(f(y, S, T) - f(y, S - \{x\}, T') \Big) \\
&\quad + \sum_T \mathbb{P}r[T] f(x, S, T) && (3.9)
\end{aligned}$$

Der Term 3.7 ergibt sich aus 3.2.2 und entspricht der durchschnittlichen Modellkomplexität aller über nach Definition 3.1.1 konstruierten RRCTs T und T'. In dem Term 3.8 ist die durchschnittliche Modellkomplexität des Punktes x getrennt von der des Rest

des Baumes dargestellt. Wie oben dargestellt ist nach 3.1.4 mit gegebenen T und x, das Resultat T' der Entfernung des Punktes x aus T deterministisch gegeben und es gilt somit:

$$\sum_{T'} \sum_{y \in S-\{x\}} \mathbb{P}r[T'] f(y, S-\{x\}, T') = \sum_{T} \sum_{y \in S-\{x\}} \mathbb{P}r[T'] f(y, S-\{x\}, T') \tag{3.10}$$

Woraus der Term 3.9 folgt und sich folgende Definition gibt:

3.2.3 Definition (Verschiebung (*Displacement*) eines Punktes). Sei ein Satz an Punkten S und sei ein Punkt $x \in S$. Seien $T = \mathcal{T}(S)$ und $T' = \mathcal{T}(S - \{x\})$ RRCTs über S. Die bitweise Verschiebung die der Punkt x im RRCT T verursacht ist:

$$Disp(x, S) = \sum_{T} \sum_{y \in S-\{x\}} \mathbb{P}r[T] \Big(f(y, S, T) - f(y, S-\{x\}, T') \Big) \tag{3.11}$$

Zu bemerken gilt, dass die totale durch x durchnitlisch verursachte Vergrößerung der Modellkomplexität gegeben ist durch:

$$\mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T')|] = Disp(x, S) + \sum_{T} \mathbb{P}r[T] f(x, S, T) \tag{3.12}$$

, also der Summe der Bits die zu der Bit-Repräsentation der Punkte $y \in S - \{x\}$ durch x hinzukommen, plus der Bits die x selbst darstellen. Der Fokus der Anomalieerkennung durch RRCFs liegt demnach auf der Erkennung eines Steigens der Komplexität des Datensatzes den ein Punkt des Datensatzes hervorruft, anstatt auf das Hervorstechen des Punktes an sich. Die Benutzung des Wortes Verschiebung, ergibt lässt sich über folgendes Lemma herleiten:

3.2.4 Lemma. *Die in durch einen Punkt $x \in S$ verursachte Verschiebung in einem RRCT $T = \mathcal{T}$ entspricht der Menge an Punkten, die Geschwister von x sind*

Beweis Lemma 3.2.4 Orientiert an Abbildung 3.2, ist die Bitrepräsentation jedes Punktes in c, also jedes Punktes welcher in dem Baum T ein Geschwister von x ist, gegeben durch:

$$q_0, ..., q_r, 0, 0, ... \tag{3.13}$$

Repräsentiert in Abbildung 3.3, welche den Teilbaum darstellt der sich aus dem Entfernen von x aus dem in 3.2 dargestellten RRCT ergibt, fällt durch das Entfernen nach3.1.4, von x aus T ein Knoten auf dem Pfad der Wurzel von T zu den Punkten in dem Bereich c weg, womit sich für diese eine neue Bitepräsentation gibt:

$$q_0, ..., q_r, 0, ... \tag{3.14}$$

Da der Pfad von der Wurzel von T, zu allen Knoten außerhalb des Bereiches c durch das Löschen von x unverändert bleibt, ergibt sich beziehend auf die Definition 3.2.1, für den Effekt von x auf die Länge der Bitrepräsentation jedes anderen Punktes in T:

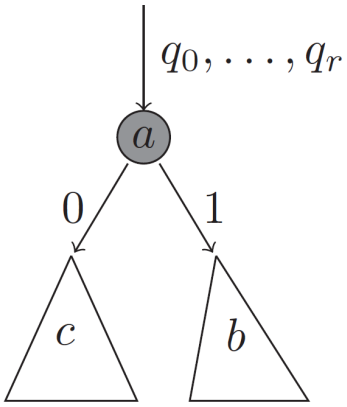


Abbildung 3.3: Ein Teilbaum T_2 über die Menge S_2, eines RRCTs T, dessen Wurzel in T die Tiefe $r+1$ hat. Der Knoten a stellt eine Partitionierung von S_2 in zwei Teilemengen da. $q_0, ..., q_r$ sind die Bits die die Position von a in T beschreiben. Quelle: [6]

$$f(y, S, T) - f(y, S - \{x\}, T') = \begin{cases} 1, & y \in c \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \tag{3.15}$$

Es folgt für die Verschiebung von x in einem gegeben Baum T:

$$Disp_T(x, S) = |c| \tag{3.16}$$

3.2.3 Codisp

Definition 3.2.3 bietet eine Möglichkeit der Anomaliedefinition. Diese ist allerdings stark anfällig gegenüber Duplikaten, wie in Sektion 2.2.2 definiert. Enthält die oben definierte Menge an Objekten 2 grüne Kugeln, so würde das Entfernen einer Kugel die Komplexität der Beschreibung der Menge nicht wesentlich vereinfachen. Ein genaueres Beispiel ergibt sich wie folgt:

Bei dem durch Abbildung 3.4 dargestellten Datensatz S, würde ein auf diesem konstruierten RRCT die Punkte o_1 und o_2, basierend auf Theorem 3.1.2, aufgrund ihrer hohen Distanz L_1 zu allen anderen Punkten des Datensatzes wahrscheinlich schnell isolieren. $Disp(o_1, S)$ sowie $Disp(o_2, S)$ wäre, aufgrund ihrer somit folgenden hohen Anzahl an Punkten in Geschwisterknoten, ebenfalls hoch im Vergleich zu den Punkten in N_1 und N_2. Die Punkte in O_3 würde in Erwartung, aufgrund ihrer hohen Distanz $L1$, ebenfalls schnell von allen Punkten nicht in O_3 getrennt werden. Aufgrund ihrer geringen Distanz $L1$ untereinander würde die dafür verantwortliche Partitionierung, in Erwartung alle Punkte in O_3, nach Schritt 3 der Definition 3.1.1 in eine Teilmenge partitionieren. In Erwartung ergibt sich ein RRCT wie in Abbildung 3.4. Da jedes Blatt, welches einen Punkt von O_3 enthält, eine geringe Anzahl an Blättern hat die von seinem Geschwisterknoten abstammen, ist

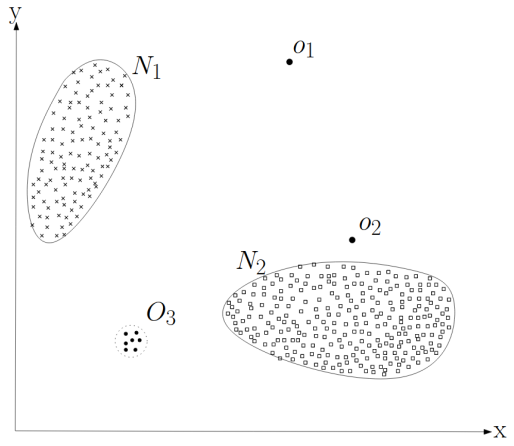


Abbildung 3.4: Ein Beispieldatensatz mit zwei Anomalien o_1 und o_2, sowie eine Punktegruppe O_3 von 7 Anomalien. Die Gruppen N_1 und N_2 stellen die Inliner des Datensatzes da. Quelle: [4]

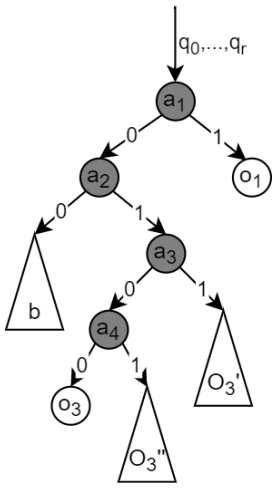


Abbildung 3.5: Ein Teilbaum, welcher

somit $Disp(o_3, S)$ für alle $o_3 \in O_3$ gering. Die Punkte O_3 können über Definition 3.2.3 nicht als Anomalie erkannt werden.

Robustheit gegenüber Duplikaten

Um über die Modellkomplexität einen anomalen Punkt $x \in S$ als solchen zu erkennen selbst wenn S Duplikate oder Beinah-Duplikate von x enthält, muss demnach das Vergleichsmodell betrachtet werden, bei dem ein Set an Punkten C, mit $x \in C$ entfernt wurden. Analog zu Term 3.9 ergibt sich für den erwarteten durchschnittlichen Unterschied in der Modellkomplexität aller RRCTs $T = \mathcal{T}(S)$ und $T'' = \mathcal{T}(S - C)$:

$$\mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T'')|] = Disp(C, S) + \sum_T \sum_{y \in C} \mathbb{P}r[T] f(y, S, T) \tag{3.17}$$

, wobei $Disp(C, S)$ der erwarteten Bit-Verschiebung, die die Punkte C im Durchschnitt über alle T verursachen entspricht:

$$Disp(C, S) = \sum_{T} \sum_{y \in S-C} \mathbb{P}r[T]\Big(f(y, S, T) - f(y, S - C, T'')\Big) \tag{3.18}$$

Die Bit-Verschiebung von x entspricht damit, basierend auf Term 3.18 und der Annahme, dass alle Punkte in C die gleiche Bit-Verschiebung zugeschrieben werden sollte, da es sich bei diesen in Erwartung um Duplikate oder Beinah-Duplikate von x handelt, $Disp(C, S)/|C|$. Dementsprechend wäre eine Methodik C zu wählen die Ermittlung des folgenden Maximums:

$$\underset{x \in C \subseteq S}{max} Disp(C, S)/|C| \tag{3.19}$$

Dieser Methodik folgen allerdings zwei Probleme:

1. Die mögliche Anzahl an Sets von Punkten $x \in C \subseteq S$ wächst exponentiell zu S, weshalb Anomalieerkennung über Methodik 3.19 ineffizient wäre.

2. Wird S gestreamed, und der RRCF live über den Stream konstruiert, sind zum Zeitpunkt der Bewertung von x noch nicht alle Punkte von S, also nicht alle möglichen Punkte von C, sondern nur ein Sample $S' \subset S$ bekannt. Somit ist Methodik 3.19 nicht für Streaming-Daten geeignet.

Zur Lösung dieser Probleme, darf C für unterschiedliche Samples S' verschieden gewählt werden. Es ergibt sich die folgende Definition des $CollusiveDisplacements(Codisp)$, oder der Bit-Verschiebung mithilfe einer Gruppe von Punkten, eines Punktes:

3.2.5 Definition (CoDisp). Sei ein Datensatz S gegeben. Die erwartete durchschnittliche Bit-Verschiebung eines Punktes x in allen möglichen RRCTs $T = \mathcal{T}(S')$ über ein Sample $S' \subset S$ und die darüber gegebenen $T'' = \mathcal{T}(S - C)$, ist gegeben durch:

$$CoDisp(x, S, |S'|) = \underset{S' \subseteq S, T}{\mathbb{E}}\left[\underset{x \in C \subseteq S}{max} \frac{1}{|C|} \sum_{y \in S-C} f(y, S', T) - f(y, S' - C, T'')\right] \tag{3.20}$$

Dabei kann T'' wieder aufgrund von Theorem 3.1.4 deterministisch von allen Kombinationen von T und C abgeleitet werden. Mit der nun durch $Codisp()$ gegebenen, gegen Duplikate robusten Möglichkeit der Ermittlung des Effektes den ein Punkt innerhalb eines RRCTs auf die Modellkomplexität seines RRCTs hat, ergibt sich die zentrale Definition des RRCFs:

3.2.6 Definition. Die Ausreißer eines Datensatzes haben in einem über den Datensatz, oder über einem Sample über den Datensatz konstruierten RRCT in Erwartung einen hohen CoDisp()

Weiterhin gilt:

3.2.7 Lemma. *Die CoDisp(x,Z,|S|) kann effizient bestimmt werden*

Beweis von Lemma 3.2.7 Analog zu dem Beweis von Lemma 3.2.4 ist der U

Kapitel 4

Support Vector Machine

Kapitel 5

Tests auf Niederspannungsdaten

5.1 Vorteile von RRCF

RRCF wird zur Analyse des dieser Arbeit zugrunde legendem Datensatzes benutzt, da dass Verfahren eine Reihe von Vorteilen besitzt [3]:

- *Anwendbarkeit auf Streaming-Daten*: Neue Datenpunkte können in die konstruierten Bäume eingegliedert werden ohne das diese neu aufgebaut werden müssen.
- *Geeignet für hoch dimensionale Daten*: Die angewandte Baumstruktur ist sehr geeignet für das aufnehmen von hochdimensionalen Daten. Da der Algorithmus zwischen wichtigen und unwichtigen Dimensionen unterscheiden kann, wird auch der Einfluss von solchen unwichtigen Dimensionen eingeschränkt.
- *Robust gegenüber Duplikaten*: Duplikate
- *Ausgabe in vorm einer Bewertung*: Eine Bewertende Ausgabe ist nützlich, da

Kapitel 6

Fazit

Anhang A

Weitere Informationen

Abbildungsverzeichnis

Tabellenverzeichnis

Algorithmenverzeichnis

Literaturverzeichnis

[1] Aggarwal, Charu C: *Outlier analysis.* In: *Data mining.* Springer, 2015.

[2] Ahmed, Mohiuddin, Abdun Naser Mahmood und Jiankun Hu: *A survey of network anomaly detection techniques.* Journal of Network and Computer Applications, 60:19–31, 2016.

[3] Bartos, Matthew, Abhiram Mullapudi und Sara Troutman: *rrcf: Implementation of the Robust Random Cut Forest algorithm for anomaly detection on streams.* Journal of Open Source Software, 4(35):1336, 2019.

[4] Chandola, Varun, Arindam Banerjee und Vipin Kumar: *Anomaly detection: A survey.* ACM computing surveys (CSUR), 41(3):1–58, 2009.

[5] Erfani, Sarah M, Sutharshan Rajasegarar, Shanika Karunasekera und Christopher Leckie: *High-dimensional and large-scale anomaly detection using a linear one-class SVM with deep learning.* Pattern Recognition, 58:121–134, 2016.

[6] Guha, Sudipto, Nina Mishra, Gourav Roy und Okke Schrijvers: *Robust random cut forest based anomaly detection on streams.* In: *International conference on machine learning*, Seiten 2712–2721, 2016.

[7] Guha, Sudipto, Nina Mishra, Gourav Roy und Okke Schrijvers: *Supporting Information for: Robust random cut forest based anomaly detection on streams.* In: *International conference on machine learning*, Seiten 2712–2721, 2016.

[8] Gupta, Manish, Jing Gao, Charu C Aggarwal und Jiawei Han: *Outlier detection for temporal data: A survey.* IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering, 26(9):2250–2267, 2013.

[9] Liu, Fei Tony, Kai Ming Ting und Zhi-Hua Zhou: *Isolation-based anomaly detection.* ACM Transactions on Knowledge Discovery from Data (TKDD), 6(1):1–39, 2012.

[10] Tan, Swee Chuan, Kai Ming Ting und Tony Fei Liu: *Fast anomaly detection for streaming data.* In: *Twenty-Second International Joint Conference on Artificial Intelligence*, 2011.

Hiermit versichere ich, dass ich die vorliegende Arbeit selbstständig verfasst habe und keine anderen als die angegebenen Quellen und Hilfsmittel verwendet sowie Zitate kenntlich gemacht habe.

Dortmund, den 18. Juni 2020

Muster Mustermann