

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

<b>1</b>	<b>Einleitung</b>	<b>1</b>
1.1	Motivation und Hintergrund . . . . .	1
1.1.1	Anomaliererkennung auf Zeitreihen . . . . .	1
1.1.2	PPC-Datensatz . . . . .	2
1.2	Aufbau der Arbeit . . . . .	2
<b>2</b>	<b>Grundlagen</b>	<b>3</b>
2.1	Anomalien . . . . .	3
2.1.1	Komplikationen . . . . .	4
2.2	Anomalieerkennungsverfahren . . . . .	6
2.2.1	Überwachtes und unüberwachtes Lernen . . . . .	6
2.2.2	Input und Output von Anomalieerkennungsverfahren . . . . .	7
2.2.3	Robustheit . . . . .	8
2.2.4	Streaming Data . . . . .	8
2.2.5	Kriterien zur Performancebeurteilung . . . . .	8
<b>3</b>	<b>Isolation Forest</b>	<b>13</b>
3.1	iForest Theory . . . . .	13
<b>4</b>	<b>Robust Random Cut Forest</b>	<b>15</b>
4.1	Notationen . . . . .	15
4.2	RRCF Theory . . . . .	15
4.2.1	RRCF Aufbau . . . . .	16
4.2.2	Distanzbeibehaltung bei der RRCT Konstruktion . . . . .	18
4.2.3	RRCF Instandhaltung . . . . .	19
4.3	Anomalieerkennung über RRCF . . . . .	20
4.3.1	Modellkomplexität eines RRCT . . . . .	21
4.3.2	Verschiebung der Modellkomplexität durch einen Punkt $\mathbf{x}$ . . . . .	22
4.3.3	Codisp . . . . .	25

<b>5 Tests auf Niederspannungsdaten</b>	<b>29</b>
5.1 Aufmachung der Testdaten . . . . .	29
5.1.1 Eignung der Daten für überwachte und unüberwachte Anomalieer- kennung . . . . .	31
5.1.2 Benötigte Eigenschaften eines Anomalieerkennungsverfahrens . . . .	32
5.2 Testen des RRCF Verfahrens . . . . .	32
5.2.1 Implementierung der Tests . . . . .	33
<b>6 Fazit</b>	<b>35</b>
<b>A Weitere Informationen</b>	<b>37</b>
<b>Abbildungsverzeichnis</b>	<b>39</b>
<b>Tabellenverzeichnis</b>	<b>41</b>
<b>Algorithmenverzeichnis</b>	<b>43</b>
<b>Literaturverzeichnis</b>	<b>46</b>
<b>Erklärung</b>	<b>46</b>

# Kapitel 1

## Einleitung

### 1.1 Motivation und Hintergrund

#### 1.1.1 Anomalieerkennung auf Zeitreihen

Anomalieerkennung auf Zeitreihen ist ein weitreichendes Forschungsgebiet, sowohl an der großen Zahl möglicher Vorgehensweise gemessen, als auch an der Vielfalt der Anwendungsgebiete. [11] 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 platzen 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 Anomalieerkennung dazu genutzt werden Ereignisse und Zusammenhänge in diesen Daten zu entdecken die ansonsten unbemerkt geblieben wären.

Diese Arbeit beschäftigt sich spezifisch mit dem in dem folgendem Abschnitt erläuterten Sensordatensatz.

### 1.1.2 PPC-Datensatz

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.

Zum Testen inwiefern sich diese Auswertung automatisieren lässt, sollen zuerst vordefinierte Anomalien automatisch auf dem Datensatz erkannt werden. Dazu wurde eine Teilmenge dieser Daten, in Form von der gemessenen absoluten Spannung von 17 Messstationen als Grundlage dieser Arbeit freigegeben.

## 1.2 Aufbau der Arbeit

In dieser Arbeit wird nun für diese Anomalieerkennung eine Implementation des *Robust Random Cut Forest* Verfahrens [9] benutzt. Als Vergleichsverfahren wird das dem Random Forest zugrundeliegende *Isolation Forest* [13] Verfahren angewandt.

In Kapitel 2 werden zuerst die Grundsätze und Herausforderungen von Anomalieerkennung erläutert. In Kapitel 3 und Kapitel 4 werden jeweils der *Isolation Forest* und der auf diesem aufbauende *Random Forest* beschrieben. In Kapitel 5 wird auf die Ergebnisse der beiden Verfahren eingegangen. In Kapitel 6 wird, auf Basis dieser Ergebnisse ein Fazit gezogen, inwiefern auf Basis des PPC-Datensatzes der *Random Forest* eine Verbesserung gegenüber dem *Isolation Forest* verfahren darstellt, und generell für die Anwendung auf dem Datensatz geeignet ist.

# Kapitel 2

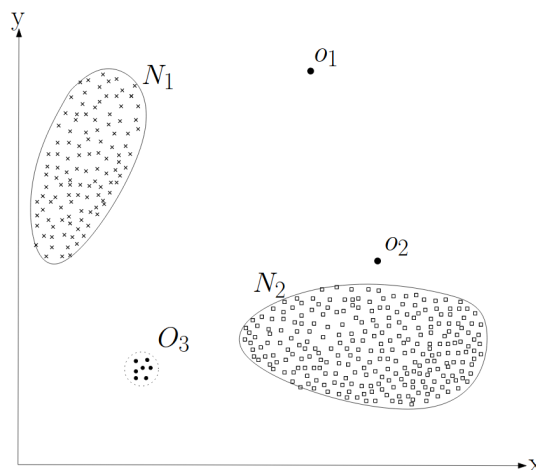
## Grundlagen

### 2.1 Anomalien

In einem gegebenen Datensatz an Punkten, wird einer dieser Punkte als Anomalie bezeichnet, falls er sich signifikant in einen oder mehreren seiner Merkmale von dem restlichen, nicht-anomalen *normalen* Punkten des Datensatzes abhebt.

Grundsätzlich lassen sich Anomalien darüber inwiefern sie sich aus ihrem Datensatz abheben in drei Klassen unterteilen [3] :

- *Punktanomalien*: Wenn ein Datenpunkt sich stark von den normalen Merkmalsausprägungen in seinem Datensatz unterscheidet. Beispielsweise wäre bei Beobachtung des Kraftstoffverbrauchs eines Autos pro Tag ein Verbrauch von 50 Litern, bei einem normalen Verbrauch von 5 Litern pro Tag eine Punktanomalie. Die anomalen Punkte in Figur 2.1 entsprechen dieser Anomaliekategorie.



**Abbildung 2.1:** Ein zweidimensionaler Beispieldatensatz dessen Struktur durch die Punktgruppen  $N_1$  und  $N_2$  gebildet wird. Im Kontext zu diesen sind die Punkte  $o_1$  und  $o_2$ , sowie die Punktgruppe  $O_3$  anomal. Quelle: [6]

- *Kontextanomalien*: Wenn ein Datenpunkt in einem bestimmten Kontext in seinem Datensatz hervorsticht, ohne diesen aber nicht als Anomalie zu erkennen wäre. Zum Beispiel können bei einer Anomalieerkennung auf den Finanzen einer Person, überdurchschnittlich 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 der normalen Punkte, eine Reihe lange zeitlich aufeinanderfolgender Werte allerdings ist eine Anomalie.

Kollektivanomalien setzen entsprechend ihrer Definition voraus, dass die Punkte des ihnen zugrunde liegendem Datensatz miteinander in Beziehung stehen, etwa wie in den oben aufgeführten Beispiel durch deren Zeitpunkt zu dem diese aufgenommen wurden. Ähnlich muss ein Datensatz über Attribute Verfügen, mit welcher für dessen Punkte Kontexte definiert werden können, damit in diesem Kontextanomalien existieren können.

### 2.1.1 Komplikationen

Die Diversität von möglichen Datensätzen und deren Merkmalen macht es generell nicht möglich, ein allgemeines Vorgehen für die Erkennung von Anomalien zu bestimmen. E Dazu kommen mögliche Eigenschaften von Datensätzen, welche Anomalieerkennung auf diesen weiter erschweren, oder bestimmten Vorgehensweisen sogar unmöglich machen, Anomalien zu klassifizieren. Ein Überblick über einige dieser möglichen erschwerenden Eigenschaften ist hier aufgeführt:

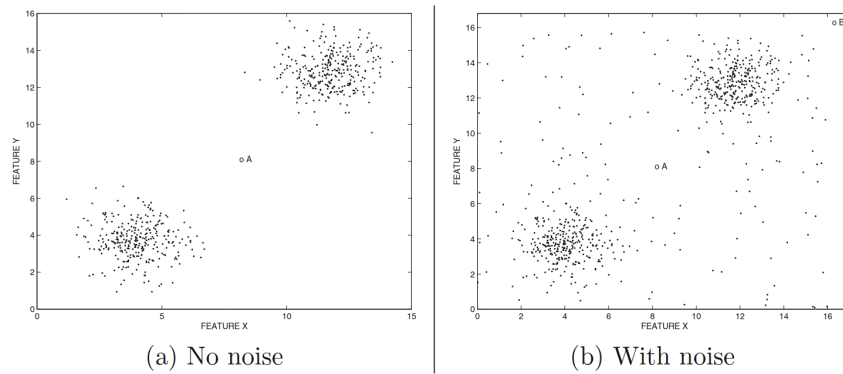
#### Kontextabhängigkeit

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 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. [15]

#### 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-Punktgruppen  $N_1$  und  $N_2$  abgrenzen, so haben sie alleinstehend betrachtet





**Abbildung 2.2:** Der Einfluss von Rauschen auf einen Datensatz bestehend aus zwei Inlinergruppen und einem anomalen Punkt  $A$ . Quelle: [2]

dennoch untereinander eine starke Ähnlichkeit, ein Modell des dargestellten Datensatzes vereinfacht sich durch die einzelne Entfernung eines Punktes aus  $O_3$  nicht. [9] 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 2.2.1

### 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. [2] 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 Rauschens, 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. [7]

## 2.2 Anomalieerkennungsverfahren

Ein Anomalieerkennungsverfahren bietet generalisiert die Funktion auf einem Datensatz Anomalien zu erkennen und diese eventuell in mehrere Klassen zu kategorisieren. Nicht alle Verfahren für alle Datensätze, sei es weil sie für eine bestimmte Eigenschaft des Datensatzes nicht geeignet sind, oder umgekehrt weil sie zur eigenen Leistungsverbesserung bestimmte Eigenschaften im Datensatz voraussetzen [11]. Auch die Zielsetzung, welche Art von Anomalie man in dem Datensatz erkennen will hat Einfluss auf die Auswahl des entsprechenden Anomalieerkennungsverfahrens.

### 2.2.1 Überwachtes und unüberwachtes Lernen

Es mag sein, dass für Teile eines Datensatzes auf dem ein Anomalieerkennungsverfahren laufen soll, bereits Label existieren die Punkte oder Ausschnitte des Datensatzes als anomal oder normal klassifizieren. Mithilfe dieser gelabelten Daten können einem Anomalieerkennungsverfahren die Eigenschaften der anomalen beziehungsweise der normalen Daten antrainiert werden, damit es diese besser auf ungelabelten Daten erkennen kann. Anomalieerkennungsverfahren lassen sich so über den Grad an Informationen den sie auf ihren Trainingsdaten benötigen in drei Klassen unterteilen [6]:

#### Überwachtes Lernen

Das überwachte Lernen setzt voraus das ein Trainingsdatensatz zur Verfügung steht, welcher gelabelte Instanzen von normalen sowie anormalen Daten enthält. Oftmals wird über diese Daten ein Prognosemodell erstellt, welches zwischen den normalen Daten, sowie den Anomalieklassen unterscheiden soll. Bei dieser Art von Anomalieerkennung gibt es zwei grundlegende Probleme: Zuerst sind Anomalien, naheliegend aus ihrer Definition im Datensatz oft nur geringfügig vertreten, was dazu führen kann das bei der Erstellung des Prognosemodells die zugehörigen Anomalieklassen zu spezifisch auf diese im Trainingsdatensatz vorkommenden Ausprägungen dieser Klassen modelliert werden, was dazu führt das diese im ungelabelten Teil des Datensatzes nicht vollständig als Teil ihrer Klasse erkannt werden. Weiterhin entspricht das Vorhandensein eines Trainingsdatensatzes, welcher alle möglichen Ausprägungen aller Anomalieklassen darstellt oft nicht der Praxis. Einerseits, weil Anomalien als Abweichung von dem normalen Verhalten des Datensatzes oftmals in

vielfältiger Form kommen können, und somit eventuell künstliche Trainingspunkte erzeugt werden müssen um die Ausmaße der Klassen, sowie den eventuell benötigten Kontext für diese Klassen ausreichend darzustellen. Andererseits müssen real vorkommende Anomalien im Trainingsdatensatz oftmals per Hand von einer Fachkraft als solche gelabelt werden, was unerwünschte Kosten mit sich bringt.

### **Semiüberwachtes Lernen**

Beim semiüberwachten Lernen wird nur von einem Trainingsdatensatz ausgegangen, welcher das Normalverhalten der Daten vollständig darstellt. Dies ist oft einfacher zu erfüllen, so kann der Trainingsdatensatz zum Beispiel bereits aus einer Aufzeichnung eines normalen Ablaufs des datengenerierenden Prozesses gewonnen werden. Die einzige Voraussetzung bleibt, dass der Trainingsdatensatz das Normalverhalten ausreichend genug darstellt, sodass das Anomalieerkennungsverfahren nicht anormale Entwicklungen im datengenerierenden Prozess, als solche erkennen kann. Da das Normalverhalten eines Prozesses aber oft klarer definiert ist, als eine anomale Abweichung in beliebig komplexer Form, ist diese Voraussetzung oft verfügbarer als die für überwachtes Lernen.

Aufgrund dieses klaren Unterschied der Praktikabilität, kommen semiüberwachte Ansätze, welche einen Trainingsdatensatz aus gelabelten Anomalien nur limitiert vor.

### **Unüberwachtes Lernen**

Der Ansatz des unüberwachten Lernens benötigt keinerlei vorgelabelten Testdaten, stattdessen wird die implizite Annahme getroffen, dass Anomalien im Datensatz wesentlich seltener auftreten als normale Daten. Unter dieser Annahme versucht ein unüberwachtes Verfahren diese selten auftretenden anomalen Daten von den zueinander konformen Daten abzugrenzen.

Viele semiüberwachte Verfahren können unüberwacht angewandt werden, indem sie in Abwesenheit des eigentlich benötigten, das Normalverhalten modellierenden Testdatensatzes, über einem Datensatz trainieren, bei dem davon ausgegangen wird dass dieser eine sehr geringe Anzahl an Anomalien enthält. So verwendete Verfahren müssen robust genug gegenüber den so eintrainierten Anomalien sein, um eine Verfälschung bei der späteren Beurteilung von Daten zu verhindern.

#### **2.2.2 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 und den Eigenschaften der zugrundeliegenden Daten kann in diesen nach einzelnen oder unter einem bestimmten Kontext zusammenhängenden anomalen Datenpunkten gesucht werden. Auch mag es von Nutzen sein, ganze Datensätze aus einer Gruppe dieser als anomal oder normal zu bestimmen. [11]

### Ergebnisse des Anomalieerkennungsverfahrens

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: [3]

- *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.

#### 2.2.3 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. [17]

#### 2.2.4 Streaming Data

Space Time Anpassung des Modells, Live Ergebnisse, ressourcen einschränkung

#### 2.2.5 Kriterien zur Performancebeurteilung

Zur Beurteilung des Erfolges eines spezifischen Anomalieerkennungsverfahrens auf einem gelabelten Datensatz kann das Ergebnis von diesem mit den vorhandenen Labels abgegli-

chen werden. Aus diesem Vergleich können eine Reihe von Metriken gezogen werden, um eine quantitative Rangliste der Performance von verschiedenen Verfahren, beziehungsweise verschiedenen parametrisierte Verfahren erstellen zu können [5]. In den folgenden vorgestellten Verfahren werden die folgenden Notationen, basierend auf den englischen Begriffen *True(/ False) Positives(/ Negatives)* benutzt. Zur beispielhaften Darstellung wird hier von einer einzigen Anomalieklasse, und einer punkweisen Anomalie Erkennung ausgegangen:

$TP$  = Anzahl korrekt als Anomalien klassifizierter Punkte

$TN$  = Anzahl korrekt als nicht-Anomalie klassifizierter Punkte

$FP$  = Anzahl fälschlicherweise als Anomalien klassifizierter Punkte

$FN$  = Anzahl fälschlicherweise als nicht-Anomalie klassifizierter Punkte

Ein Punkt gilt als von seinem Verfahren korrekt klassifiziert, wenn das Ergebnis des Verfahrens in bezüglich mit seinem Label übereinstimmt.

### Accuracy

Eine der einfachsten Formen des Vergleichs bietet sich dadurch, zu identifizieren zu welchen Raten Anomalien, beziehungsweise nicht-Anomalien korrekt identifiziert wurden. Diese ergeben sich jeweils folgendermaßen aus den richtig und falsch klassifizierten Anomalien, beziehungsweise nicht-Anomalien:

$$TPR = \frac{TP}{TP + FN} \qquad FPR = \frac{FP}{TN + FP}$$

Aus dem Zusammenfügen dieser beiden Raten, für einen einfachen Vergleich ergibt sich die *Genauigkeit* (englisch: *Accuracy*) mit der ein Verfahren seine Daten klassifiziert:

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$$

Die möglichen Werte der Genauigkeit liegen dabei zwischen 0 und 1, wobei eine 0 dafür steht das kein einziger und eine 1 dafür, dass alle Punkte des zugrundeliegenden Datensatzes richtig klassifiziert wurden. Der Vorteil dieser Metrik zur Performancebeurteilung eines Verfahrens liegt neben der Intuitivität darin, dass sie alle möglichen Klassifizierung eines Datenpunktes miteinbezieht, jegliche positive oder negative Abänderung des Ergebnisses demnach durch sie abgebildet wird. Ein Problem mit der Genauigkeit eines Verfahrens ergibt sich allerdings sobald der zugrundeliegende Datensatz gegenüber einer Klasse sehr unbalanciert ist, er zum Beispiel wesentlich mehr anomale als nicht anomale Punkte enthält. Diese wie in Sektion 2.2.1 beschriebene häufig vorkommende Situation kann zu, wie in Tabelle 2.1 dargestellt missrepresentativen Genauigkeitswerten führen. Die beiden dargestellten Verfahren V1 und V2 unterscheiden sich stark darin, dass V1 keine einzige der

**Tabelle 2.1:** Zwei mögliche Ergebnisse eines Anomalieerkennungsverfahrens auf einem Datensatz bestehend aus 950 normalen und 50 anomalen Punkten, mit der berechneten Genauigkeit für jedes Verfahren

	TP	TN	FP	FN	Genauigkeit
Verfahren					
<b>V1</b>	0	950	0	50	0.95
<b>V2</b>	50	900	50	0	0.95

50 Anomalien als solche klassifiziert hat, V2 hingegen lediglich 50 Punkte fälschlicherweise als normal klassifiziert hat. In der Praxis würde V2 fast immer als produktiver angesehen werden, dies spiegelt sich jedoch keinesfalls in der Genauigkeit der beiden Verfahren wieder.

### F-Measure

Um einen Messwert zu definieren, dessen Fokus mehr auf dem Erkennen von Anomalien liegt eignen sich die Präzision (englisch: *Precision*) und die Trefferquote (englisch: *Recall*) eines Verfahrens, welche wie folgt definiert sind:

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \qquad Recall = \frac{TP}{TP + FN}$$

Dabei stellt die Präzision im Bereich von 0 bis 1 den Anteil an wirklichen Anomalien den diese an den als Anomalie bestimmten Punkte eines Verfahrens haben dar. Dazu passend steht die Trefferquote im Bereich von 0 bis 1 für den Anteil an Anomalien die ein Verfahren erfolgreich klassifiziert hat. Über das harmonische Mittel zusammengefasst ergibt sich das  $F_1$ -Maß:

$$F_1 = 2 * \frac{Precision * Recall}{Precision + Recall}$$

Ein hoher  $F_1$  Wert steht so für ein Verfahren, welches einen Großteil der Anomalien des zugrundeliegenden Datensatzes richtig klassifiziert und nur wenige normale Punkte fälschlicherweise als Anomalie klassifiziert. Soll auf eine dieser Eigenschaften mehr Wert gelegt werden bietet sich eine Variation des  $F_1$ -Maßes an:

$$F_\alpha = (1 + \alpha^2) * \frac{Precision * Recall}{\alpha^2 * Precision + Recall}$$

Für  $\alpha$  größer null wird die Trefferquote mit wachsendem  $\alpha$  im Vergleich zur Präzision stärker gewichtet. Alle F-Maße haben allerdings zwei Schwächen. Einmal setzen sie das vorhandensein von Anomalien im Datensatz voraus um angewandt werden zu können, da ansonsten mit einer garantieren Anzahl von richtig klassifizierten Anomalien  $TP$  von 0, sowohl die Genauigkeit als auch die Trefferquote, und somit auch jedes F-Maß immer gleich 0 sind. Der zweite Nachteil des F-Maßes ist die Nichteinbeziehung der Anzahl der von dem

**Tabelle 2.2:** Zwei mögliche Ergebnisse eines Anomalieerkennungsverfahrens auf zwei Datensätzen, mit dem berechneten  $F_1$ -Maß für jedes Verfahren. Der Datensatz von V1 besteht aus 200 anomalen und 125 normalen Punkten, der von V2 aus 200 normalen und 1025 anomalen Punkten.

	TP	TN	FP	FN	Präzision	Trefferquote	$F_1$
Verfahren							
<b>V1</b>	100	0	25	100	0.8	0.5	$\sim 0.62$
<b>V2</b>	100	1000	25	100	0.8	0.5	$\sim 0.62$

Verfahren richtig als normal klassifizierten Punkte  $FP$ , wie in der Tabelle 2.2 dargestellt [8]. Verfahren V1 hat gegenüber dem Verfahren V2 die Schwäche keine normalen Punkte als solche klassifizieren zu können. Dennoch sind beide Verfahren nach beliebigen F-Maßen gleich.

### MCC

Eine Lösung sowohl des Problems der Nichtmiteinbeziehung der richtig klassifizierten normalen Punkte der F-Maße, als auch der Schwäche gegenüber stark unbalancierten Klassen der Genauigkeit, bildet der Mathews Correlation Coefficient ( $MCC$ ):

$$MCC = \frac{TP * TN - FP * FN}{\sqrt{(TP + FP) * (TP + FN) * (TN + FP) * (TN + FN)}}$$

Dieser reicht von -1 für ein Verfahren, welches alle Punkte jeweils umgekehrt zu ihren Labels klassifiziert über 0 für ein Verfahren, welches Punkte unabhängig von ihrem tatsächlichem Label klassifiziert zu 1 für ein Verfahren, welches alle Punkte entsprechend ihrer Labels klassifiziert. Auch für den MCC bilden sich jedoch zwei Probleme. Erstens zieht dieser zwar alle möglichen Klassifizierungen mit ein und vernachlässigt keine basierend auf ihrer Größe, dafür fehlt ihm aber die Flexibilität der F-Maße, einen Fokus auf die Reinheit, beziehungsweise auf die Vollständigkeit der Klassifizierungen eines Verfahrens zu legen. Weiterhin ist der MCC aufgrund der Miteinbeziehung der als normal klassifizierten Punkte  $FP$  sowohl für Datensätze, welche keine Anomalien, als auch für Datensätze welche nur Anomalien beinhalten nicht definiert.





## Kapitel 3

# Isolation Forest

Da das in dieser Arbeit auf dem PPC-Datensatz evaluierte Verfahren *Robust Random Cut Forest* auf dem benutztem Vergleichsverfahren *Isolation Forest* (**iForest**) basiert, wird zuerst in diesem Kapitel der Isolation Forest in seinen Grundzügen beschrieben. Das Kapitel orientiert sich dabei an dem Artikel [13], welcher das Verfahren vorstellte. Es werden die folgenden Notationen benutzt:

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

### 3.1 iForest Theory

Ein Großteil der existierenden Anomalieerkennungsverfahren, wie *Replicator Neural Network* [18], *One class Svm* [16], oder auf Klassifizierung [1] [14] beziehungsweise Clustering [12] basierenden Methoden erkennen Anomalien in einem Datensatz, indem sie ein Profil der normalen Klasse an Punkten konstruieren und alle Punkte welche von diesem Profil abweichen als Anomalien identifizieren. Da solche Verfahren oftmals ursprünglich nicht zur Anomalieerkennung eingesetzt wurden ergeben sich zwei große Nachteile [13]: Zuerst ziehen nicht auf Anomalieerkennung spezifizierte Verfahren nicht den oftmals sehr geringen Anteil der anomalen Punkte am Datensatz in Betracht, was zu einer erhöhten Zahl an fälschlicherweise als Anomalie klassifizierten Punkten führt. Weiterhin sind solche Verfahren oftmals nicht für hoch dimensionale oder sehr große Datensätze, welche zum Beispiel bei der Auswertung von Sensordaten vorhanden sein können optimiert, und brauchen daher auf diesen eine große Menge an Rechenleistung.



# Kapitel 4

## 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 [9] und dem zugehörigen Supplement [10].

### 4.1 Notationen

Die in diesem Kapitel verwendeten Notationen lehnen sich an die in dem Papier [9] verwendeten an:

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

### 4.2 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 2.1.1) 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.

#### 4.2.1 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):

**4.2.1 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  $\frac{l_i}{\sum_j l_i}$ , 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 [13], 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.

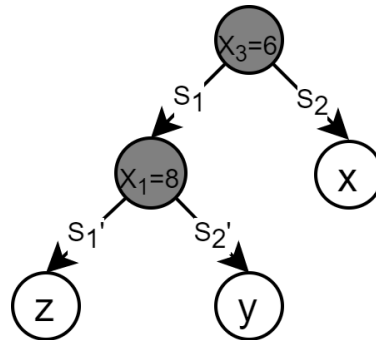
In Schritt 2 wird darauf analog zum Isolation Forest Verfahren ein Trennwert  $X_i$  uniform aus der Wertespanne aller Punkte  $x \in S$  der in Schritt 1 ausgewählten Dimension gewählt.

In Schritt 3 wird der Datensatz  $S$  dann über  $X_i$  partitioniert, sodass  $S_1$  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.

Beispielhaft würden in dem Datensatz von Tabelle 4.1 bei dem ersten Durchlauf der Baumkonstruktion die Dimensionen 1, 2 und 3 mit einer jeweiligen Wahrscheinlichkeit von

**Tabelle 4.1:** Ein Beispiel Datensatz über 3 Dimensionen mit numerischen Werten mit  $S = \{x, y, z\}$  sowie die von Definition 4.2.1 in Schritt 1 berechnete Wahrscheinlichkeit  $\frac{l_i}{\sum_j l_i}$  das  $S$  in Schritt 3 über die jeweilige Dimension partitioniert wird

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



**Abbildung 4.1:** Ein möglicher, nach Definition 4.2.1 konstruierter RRCF über den in Tabelle 4.1 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

$\frac{1}{7}$ ,  $\frac{2}{7}$  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 RRCT, welcher sich aus dem in Tabelle 4.1 dargestellten Datensatz ergibt ist in Abbildung 4.1 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.

#### 4.2.2 Distanzbeibehaltung bei der RRCT Konstruktion

Damit ein RRCT 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:

**4.2.2 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:*

$$\mathcal{O}(d \log \frac{|S|}{L_1(u, v)}) \quad (4.1)$$

#### Beweis von Theorem 4.2.2

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:

**4.2.3 Lemma.** *Die Wahrscheinlichkeit das  $u, v \in S$  durch eine Partition von  $S$  nach Definition 4.2.1 getrennt werden ist gegeben durch:*

$$\frac{1}{P(S)} \sum_i |u_i - v_i| \quad (4.2)$$

$P(S)$  entspricht der Summe der Länge aller Wertespannen  $l_i$  in denen in Schritt 1 und 2 von Theorem 4.2.1 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.

### 4.2.3 RRCT 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 einzelner 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 ???

**4.2.4 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 RRCT Verfahrens, setzt es von vielen anderen Partitionierungsverfahren ab [9], 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 RRCT 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.

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

Das Theorem folgt aus den bisher definierten. Theorem 4.2.2 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 4.2.4 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 weitere Stichprobenverfahren vor oder auch abhängig von der Größe des resultierenden Baumes nach der Konstruktion des RRCT angewandt werden. Es folgt:

**4.2.6 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 4.2.5 ergibt sich weiterhin:

**4.2.7 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.*

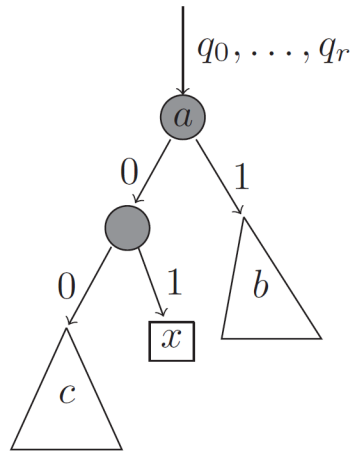
Diese Möglichkeit, kontrafaktische Fragen gegenüber dem Einfügen von  $u$  in  $\mathcal{T}(S)$  effizient zu beantworten, eignet sich Intuitiv der Anomalieerkennung. So kann entweder die erwartete Tiefe von  $u$  bestimmt werden, um über Theorem 4.2.2 den Grad der Normalität von  $u$  abzuschätzen, 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.

### 4.3 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.





**Abbildung 4.2:** 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 Teilmengen da.  $q_0, \dots, q_r$  sind die Bits die die Position von  $a$  in  $T$  beschreiben. Quelle: [9]

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 RRCTF 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.

#### 4.3.1 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 von der Wurzel zu dem Punkt  $x$ , bestimmt. Siehe Abbildung 4.2, wo der Platz von  $x$  in  $T$  durch die Bitfolge  $q_0, \dots, q_r, 0, 1$  definiert ist. Es bietet sich die folgende Definition 4.3.2 der Modellkomplexität eines RRCTs an:

**4.3.1 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:

$$f(x, S, T) = |b| \quad (4.3)$$

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 4.3.

**4.3.2 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  $T$ :

$$|M(T)| = \sum_{x \in S} f(x, S, T) \quad (4.4)$$

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 4.2.4, durch ihre Hervorstechenden Merkmale früh im RRCT Konstruktionsprozess isoliert werden, die restlichen Punkte also einen gebündelt einen weiteren Zweig herunter schickt.

### 4.3.2 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 4.2.4 gegeben durch:

$$|M(T')| = \sum_{x \in S - \{x\}} f(x, S - \{x\}, T) \quad (4.5)$$

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

$$|M(T)| - |M(T')| \quad (4.6)$$

Dabei ist zu beachten das der Term 4.6 nur für den Effekt gilt den  $x$  auf  $|M(T)|$  hat, da nach Theorem 4.2.4 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 4.6 keine Aussage über den Effekt den  $x$  in  $T'$  haben würde.

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

$$\begin{aligned} \mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T')|] &= \sum_T \sum_{y \in S} \Pr[T] f(y, S, T) \\ &\quad - \sum_{T'} \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T'] f(y, S - \{x\}, T') \end{aligned} \quad (4.7)$$

$$\begin{aligned} &= \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T] f(y, S, T) \\ &\quad - \sum_{T'} \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T'] f(y, S - \{x\}, T') \\ &\quad + \sum_T \Pr[T] f(x, S, T) \end{aligned} \quad (4.8)$$

$$\begin{aligned} &= \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T] \left( f(y, S, T) - f(y, S - \{x\}, T') \right) \\ &\quad + \sum_T \Pr[T] f(x, S, T) \end{aligned} \quad (4.9)$$

Der Term 4.7 ergibt sich aus 4.3.2 und entspricht der durchschnittlichen Modellkomplexität aller über nach Definition 4.2.1 konstruierten RRCTs  $T$  und  $T'$ . In dem Term 4.8 ist die durchschnittliche Modellkomplexität des Punktes  $x$  getrennt von der des Rest des Baumes dargestellt. Wie oben dargestellt ist nach 4.2.4 mit gegebenen  $T$  und  $x$ , das Resultat  $T'$  der Entfernung des Punktes  $x$  aus  $T$  deterministisch gegeben und es gilt somit:

$$\sum_{T'} \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T'] f(y, S - \{x\}, T') = \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T'] f(y, S - \{x\}, T') \quad (4.10)$$

Woraus der Term 4.9 folgt und sich folgende Definition gibt:

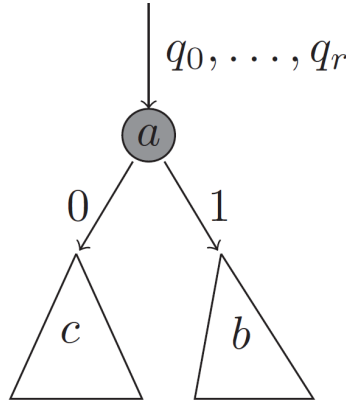
**4.3.3 Definition (Verschiebung (*Displacement*) eines Punktes).** Sei ein Satz an Punkten  $S$  und sei ein Punkt  $x \in S$ . Seien  $T = \mathcal{T}(S)$  und  $T' = \mathcal{T}(S - \{x\})$  RRCTs über  $S$ . Die bitweise Verschiebung die der Punkt  $x$  im RRCT  $T$  verursacht ist:

$$Disp(x, S) = \sum_T \sum_{y \in S - \{x\}} \Pr[T] \left( f(y, S, T) - f(y, S - \{x\}, T') \right) \quad (4.11)$$

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

$$\mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T')|] = Disp(x, S) + \sum_T \Pr[T] f(x, S, T) \quad (4.12)$$

, 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



**Abbildung 4.3:** 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 Teilmengen da.  $q_0, \dots, q_r$  sind die Bits die die Position von  $a$  in  $T$  beschreiben. Quelle: [9]

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:

**4.3.4 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 4.3.4** Orientiert an Abbildung 4.2, ist die Bitrepräsentation jedes Punktes in  $c$ , also jedes Punktes welcher in dem Baum  $T$  ein Geschwister von  $x$  ist, gegeben durch:

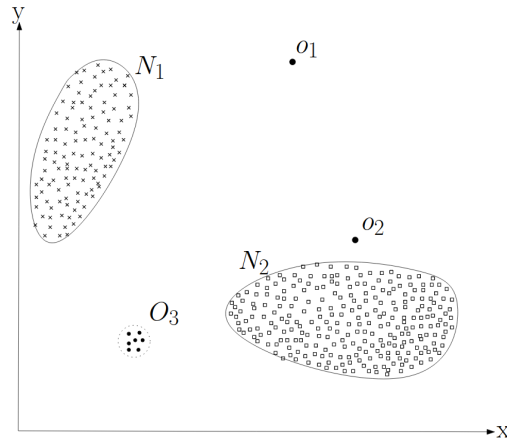
$$q_0, \dots, q_r, 0, 0, \dots \quad (4.13)$$

Repräsentiert in Abbildung 4.3, welche den Teilbaum darstellt der sich aus dem Entfernen von  $x$  aus dem in 4.2 dargestellten RRCT ergibt, fällt durch das Entfernen nach 4.2.4, 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:

$$q_0, \dots, q_r, 0, \dots \quad (4.14)$$

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 4.3.1, für den Effekt von  $x$  auf die Länge der Bitrepräsentation jedes anderen Punktes in  $T$ :

$$f(y, S, T) - f(y, S - \{x\}, T') = \begin{cases} 1, & y \in c \\ 0, & \text{otherwise} \end{cases} \quad (4.15)$$



**Abbildung 4.4:** Ein Beispieldatensatz mit zwei Anomalien  $o_1$  und  $o_2$ , sowie eine Punktgruppe  $O_3$  von 7 Anomalien. Die Gruppen  $N_1$  und  $N_2$  stellen die Inliner des Datensatzes da. Quelle: [6]

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

$$Disp_T(x, S) = |c| \quad (4.16)$$

### 4.3.3 Codisp

Definition 4.3.3 bietet eine Möglichkeit der Anomaliedefinition. Diese ist allerdings stark anfällig gegenüber Duplikaten, wie in Sektion 2.1.1 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 4.4 dargestellten Datensatz  $S$ , würde ein auf diesem konstruierter RRCT die Punkte  $o_1$  und  $o_2$ , basierend auf Theorem 4.2.2, 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  $L_1$ , ebenfalls schnell von allen Punkten nicht in  $O_3$  getrennt werden. Aufgrund ihrer geringen Distanz  $L_1$  untereinander würde die dafür verantwortliche Partitionierung, in Erwartung alle Punkte in  $O_3$ , nach Schritt 3 der Definition 4.2.1 in eine Teilmenge partitionieren. In Erwartung ergibt sich ein RRCT wie in Abbildung 4.4. Da jedes Blatt, welches einen Punkt von  $O_3$  enthält, eine geringe Anzahl an Blättern hat die von seinem Geschwisterknoten abstammen, ist somit  $Disp(o_3, S)$  für alle  $o_3 \in O_3$  gering. Die Punkte  $O_3$  können über Definition 4.3.3 nicht als Anomalie erkannt werden.

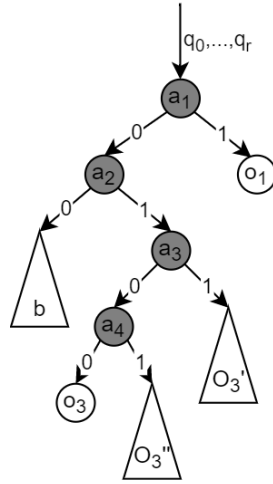


Abbildung 4.5: Ein Teilbaum, welcher

### 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 4.9 ergibt sich für den erwarteten durchschnittlichen Unterschied in der Modellkomplexität aller RRCTs  $T = \mathcal{T}(S)$  und  $T'' = \mathcal{T}(S - C)$ :

$$\mathbb{E}_T[|M(T)|] - \mathbb{E}_{T'}[|M(T'')|] = \text{Disp}(C, S) + \sum_T \sum_{y \in C} \mathbb{P}r[T] f(y, S, T) \quad (4.17)$$

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

$$\text{Disp}(C, S) = \sum_T \sum_{y \in S-C} \mathbb{P}r[T] \left( f(y, S, T) - f(y, S - C, T'') \right) \quad (4.18)$$

Die Bit-Verschiebung von  $x$  entspricht damit, basierend auf Term 4.18 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,  $\text{Disp}(C, S)/|C|$ . Dementsprechend wäre eine Methodik  $C$  zu wählen die Ermittlung des folgenden Maximums:

$$\max_{x \in C \subseteq S} \text{Disp}(C, S)/|C| \quad (4.19)$$

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 4.19 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 4.19 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:

**4.3.5 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:

$$CoDisp(x, S, |S'|) = \mathbb{E}_{S' \subseteq S, T} \left[ \max_{x \in C \subseteq S} \frac{1}{|C|} \sum_{y \in S - C} f(y, S', T) - f(y, S' - C, T'') \right] \quad (4.20)$$

Dabei kann  $T''$  wieder aufgrund von Theorem 4.2.4 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:

**4.3.6 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:

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

**Beweis von Lemma 4.3.7** Analog zu dem Beweis von Lemma 4.3.4 ist der U





## Kapitel 5

# Tests auf Niederspannungsdaten

Im Rahmen dieser Arbeit wurde die Performance von zwei Anomalieerkennungsverfahren auf dem ihr zugrundeliegendem PPC-Datensatz beurteilt. In diesem Kapitel wird nun zuerst auf die Eigenschaften des Datensatzes eingegangen, und darauf auf die Eignung der angewandten Anomalieerkennungsverfahren für diesen, sowie auf die Details ihrer jeweiligen Implementierung.

### 5.1 Aufmachung der Testdaten

Der PPC-Datensatz wurde im Jahr 2018 von in 17 unterschiedlichen Stellen des deutschen Niederspannungsnetz angebrachten Messstationen aufgezeichnet. Bemessen wurde dabei die absolute Spannung aller drei Stromphasen in Abständen von 9.5 Sekunden, wobei jede Phase zeitgleich bemessen wurde. Je nach Station bilden die aufgenommenen Daten einen Zeitraum von mindestens 3 bis zu maximal 8 Monaten ab. Insgesamt enthält der Datensatz über alle Phasen aller Stationen 66 Millionen Punkte, welche sich in wie in Tabelle 5.1 dargestellt aufteilen.

Die absoluten Spannungswerte bewegen sich in einem Bereich von 182 V bis 236 V. Über den Gesamtmesszeitraum ergeben sich dabei starke saisonale Unterschiede, unter anderem Abhängig von der Jahreszeit und der Tagesart. ??

Die Punkte des PPC-Datensatzes wurden in der Nachbearbeitung zu bis zu 5 Anomalieklassen zugeordnet. Diese sind:

1. **Sprunganomalien:** Punkte direkt nach einer Trafostufung, also eine drei Punkte Kombination einer Messung deren jeweilige Spannungen in der jeweilig gleichen Phase entweder jeweils ungewöhnlich größer oder jeweils ungewöhnlich kleiner sind, als die 3 Spannungen der 3 Punkte Kombination der vorherigen Messung der Messstation.
2. **Zeitanomalien** Punkte direkt nach einer Messlücke, also Punkte deren Zeitpunkt weit länger als die üblichen 10 Sekunden hinter dem Zeitpunkt ihres Vorgängerpunkts liegt.

**Tabelle 5.1:** Der PPC-Datensatz aufgeschlüsselt nach den Stationen und der Anzahl an Punkten aller drei Phasen der Station, welche den jeweiligen Anomalieklassen zugehören. Die letzten beiden Reihen stellen die Gesamtgröße der Anomalieklassen in dem Datensatz dar, sowie den prozentualen Anteil den diese insgesamt an dem Datensatz haben

	Punkte	Sprunga.	Zeita.	Phasena.	Saisona.	Stationsa.
Station						
<b>4352</b>	3798525	2853	6723	66	4085	98
<b>0928</b>	4854720	4377	84	12	5455	1300
<b>0120</b>	5521035	6867	54	0	0	782
<b>0691</b>	1974597	10563	4662	13560	3647	9205
<b>4366</b>	4814937	4497	129	9	5474	1158
<b>0942</b>	4032360	4965	8640	0	6037	94
<b>4609</b>	4365249	23865	10350	39414	17326	1547
<b>0595</b>	4276122	8310	12201	0	10	473
<b>4623</b>	2254374	5427	3300	0	0	81
<b>0888</b>	4864896	4677	99	375	4791	1382
<b>0637</b>	946380	3513	8346	6204	1689	3059
<b>0993</b>	5303775	7971	909	5589	1839	34259
<b>3723</b>	5767935	6999	57	0	0	2241
<b>4367</b>	4863876	4461	84	327	4930	1369
<b>1035</b>	4061799	5403	9180	564	2493	7790
<b>1145</b>	2194560	2478	657	0	3724	177
<b>1146</b>	2156118	2937	1569	48	4604	1062
<b>gesamt</b>	66051258	110163	67044	66168	66104	66077
<b>anteil</b>	1	0.0016678	0.001015	0.0010018	0.001	0.0010004

3. **Phasenanomalien:** Punkte welche sich von den jeweiligen Punkten der anderen beiden Phasen absetzen, also Punkte deren Spannung stark von der Spannung von mindestens einer Spannung der beiden zugleich aufgenommenen Punkte der beiden anderen Phasen unterscheidet.
4. **Saisonanomalien:** Punkte die mit dem saisonalen Trend der Zeitreihe brechen, also Punkte deren Spannungswerte sich stark von den Werten vorherigen Punkte unterscheiden, welche zu einer ähnlichen Uhrzeit und in der gleichen Tagesart gemessen wurden. Dabei wurde zwischen Werktagen und der Kombination aus Feier- und Wochenendtagen unterschieden.

5. **Stationsanomalien:** Punkte welche gegen den Trend des durchschnittlichen Verlaufs aller Zeitreihen verstoßen, also Punkte deren Spannung sich stark von dem Durchschnitt der Spannung der Punkte aller anderen Stationen unterscheiden.

Die Anomalieklassen sind nicht exklusiv, jeder Punkt kann in mehreren Anomalieklassen sein. Dies trifft allerdings nur auf  $x$  Punkte von  $x$  anomalen Punkten zu

Während die Zeitreihen jeder Messtation ähnliche Verhaltensweisen aufweist, treten die vorhandenen Anomalien je nach Zeitreihe in jeweils unterschiedlicher Stärke und Frequenz auf. Die Daten sind jeweils punktweise gelabelt, es zeichnen sich allerdings punktübergreifende Muster für jede Anomalieklasse ab:

- Aufgrund der Definition von Sprunganomalien, nach welcher jeder Punkt in einer Messung ein bestimmtes Verhalten gegenüber dem Punkt, der jeweilig gleichen Phase der vorherigen Messung haben muss, damit diese Punkte als anomal gekennzeichnet sind, sind in einer Messung entweder alle Punkte eine Sprunganomalie oder keiner von ihnen. Analog dazu sind entweder alle Punkte einer Messung als Phasenanomalie gekennzeichnet oder keine.
- Ähnlich dazu treten Zeitanomalien fast ausschließlich in dreier Paaren von Punkten auf, welche eine Messung einer Station darstellen, da die ihnen zugrundeliegenden Zeitlücken, fast immer Messlücken einer Messtation entsprechen und so für jede Phase einer Station sich zeitliche Lücken bilden.
- Saison-, Phasen- und Stationsanomalien weisen ein stark geklustertes Verhalten auf, wo der Großteil der ihnen zugehörigen Punkte direkt aufeinander folgen, da in diesem Bereich der Spannungsverlauf einer Phase nach dem zugehörigen Anomaliekriterium wesentlich höher oder niedriger als erwartet ist.

### 5.1.1 Eignung der Daten für überwachte und unüberwachte Anomalieerkennung

Während die Verhaltensformen der Anomalieklassen sich überwachten Lernen anbieten können, wurde sich in dieser Arbeit dennoch für zwei unüberwachte Verfahren entschieden. Wie in Tabelle 5.1 zu sehen ist, sind die Anomalieklassen sehr gering vertreten, wodurch sich eine Knappheit an Daten ergibt, mithilfe derer ein überwacht Anomalieerkennungsverfahren die jeweiligen Anomalieklassen lernen könnte. Weiterhin entsprechen die Anomalien immer einer in einem bestimmten Kontext ungewöhnlich höheren oder niedrigeren Spannung als gewöhnlich, weshalb ein unüberwachtes Verfahren, diese über Bestimmung der jeweiligen Häufigkeit der eingegebenen Punkte als solche klassifizieren kann.

### 5.1.2 Benötigte Eigenschaften eines Anomalieerkennungsverfahrens

Es ergeben sich drei weitere Eigenschaften für die die gewählten Anomalieerkennungsverfahren geeignet sein müssen:

1. Aufgrund der oben beschriebenen Tendenz mancher Anomalien in Gruppen zu klustern muss ein auf dem Datensatz angewendetes Anomalieerkennungsverfahren robust gegenüber Duplikaten sein.
2. Da die Daten über die Messstationen live erfasst werden, sollte das Anomalieerkennungsverfahren in der Lage dazu sein, seinen Input als Stream zu empfangen. Weiterhin muss das Verfahren sich an Änderung des durchschnittlichen Spannungswerts anpassen können, möglichst bevor wegen dieser Änderungen eigentliche Inliner als Anomalien klassifiziert werden.
3. Aufgrund der numerischen Klassifizierungskriterien der Anomalien, also dem Fehlen einer klaren Abgrenzung zwischen Inlinern und Anomalien, muss das Verfahren in der Lage sein die Grenze zwischen diesen zu approximieren. Im Falle eines unüberwachten Verfahrens ohne das es sich diesen anlernen kann.

### Aufbau der Testsätze

Aufgrund des hohen Umfangs der PPC-Daten wurden die Tests auf einem Subset der RRCF Daten ausgeführt, diese waren jeweils definiert über:

- Die Station der zu testenden Zeitreihe
- Der Startzeitpunkt des zu testenden Zeitfensters
- Die zu testende Phase
- Die zu testende Anomalieklasse

Die Gesamtheit der Testsätze wurde repräsentativ über die Daten ausgewählt. Dabei wurde ein Fokus auf Testsätze, welche anomale Abschnitte enthalten gelegt. Testsätze, welche nur aus Inlinern bestehen wurden stellenweise hinzugefügt um die Klassifizierung von Inlinern als solche zu überprüfen.

## 5.2 Testen des RRCF Verfahrens

RRCF als unüberwachtes Anomalieerkennungsverfahren eignet sich zur Analyse des dieser Arbeit zugrunde legendem Datensatzes[4]:

- *Robust gegenüber Duplikaten*: Da der RRCF seine Anomalieeinschätzung in Form des CoDisps gibt, welches per Konzept Robust gegenüber Duplikaten ist, ist das Verfahren in der Lage auch mehrere sich nur schwach unterscheidende anomale Punkte in den Bäumen als solche zu klassifizieren.
- *Anwendbarkeit auf Streaming-Daten*: Neue Datenpunkte können in die konstruierten Bäume eingegliedert werden ohne dass diese neu aufgebaut werden müssen.
- *Anpassung an Änderungen im Datensatz*: Da jeder RRCT eine endliche Anzahl an Punkten enthält, muss mit dem Einfügen von neuen Punkten in den RRCT, das Löschen von alten Punkten einhergehen. So kann das was der RRCT als Inliner klassifizieren würde, an das neuer normal angepasst werden
- *Ausgabe in Form einer Bewertung*: Für das RRCF Verfahren muss ein Grenzwert ermittelt werden, um den Codisp der jedem Punkt zugeordnet wird zu der binären Klassifizierung zwischen Inliner und Anomalie zu transformieren. So kann die tatsächliche Grenze der vorhandenen Anomalie-label ermittelt werden.

Ein weiterer Vorteil des RRCF Verfahrens, die effiziente Handhabung von hochdimensionalen Daten, wird hier nicht benutzt, öffnet aber weitere Alternativen zu der Handhabung des Datensatzes.

### 5.2.1 Implementierung der Tests

Über die Tests sollen die Parameter für den auf den PPC-Daten leistungsfähigsten RRCF gefunden werden. Zur Ermittlung der Leistungsfähigkeit wird dabei der MCC verwendet, um eine Balance zwischen der richtigen Klassifizierung von Inlinern und Anomalien zu finden, eine detailliertere Begründung dazu folgt in [Sektion ??](#)

Da in der Praxis der RRCF live auf den von den Messstationen aufgenommenen Daten laufen soll, ist es Ziel der Tests diese Situation über Ausschnitte der Daten zu simulieren. Dazu wird wie folgt vorgegangen:

#### Ablauf der Testläufe

Jeder Testlauf testet, auf einem Testsatz die Leistungsfähigkeit einer Kombination der folgenden drei Parameter:

- **Baumgröße ( $ts$ )**: Die Anzahl an Punkten die in jeden RRCT des RRCFs passen
- **Baumanzahl ( $nt$ )**: Die Anzahl der RRCTs in dem konstruierten RRCF
- **Fenstergröße**: Die Größe der Fensterabschnitte, welche die Punkte aus denen die RRCTs gebaut werden ausmachen

Der Testlauf erfolgt in drei Schritten:

**Schritt 1: Simulation der Praxis** Es wird ein RRCF entsprechend der Parameter des Testlaufes erzeugt, um den in der Praxis bereits vorhanden, über die vorherig gestreamten Daten konstruierten RRCF zu simulieren. Dazu werden aus den letzten  $ts$  Punkten (wobei ein Punkt je nach Fenstergröße entweder ein alleinstehender Wert oder eine Reihe von Werten ist) vor dem von dem Testlauf definierten Startpunkt,  $nt$  Bäume konstruiert. Es genügt die einzelnen RRCTs nach Definition 4.2.1 zu konstruieren, anstatt die Punkte einzeln in die Bäume einzufügen, da es so nach Theorem 4.2.4 keinen Unterschied in den erwarteten Bäumen gibt.

**Schritt 2: Streaming des Testsatzes** Der Testsatz wird angefangen mit dem definierten Startpunkt durch jeden RRCT des RRCF gestreamed. Da die Größe jedes RRCTs nach Schritt 1 der definierten Baumgröße entspricht, muss mit jedem eingefügten Punkt ein Punkt aus dem RRCF entfernt werden. In den Testläufen wurde dabei immer der älteste Punkt, also der Punkt welcher am frühesten gemessen wurde gewählt. Mit dem Einfügen von jedem Punkt wird das CoDisp zu diesem vom RRCF berechnet und abgespeichert.

**Schritt 3: Auswertung der Ergebnisse** Basierend auf den generierten CoDisp Werten wird darauf der bestmögliche MCC über alle möglichen CoDisp-Grenzwerte, für ab wann ein Punkt als Anomalie klassifiziert wird ermittelt. Daraufhin wird für den ermittelten optimalen Grenzwert die Accuracy bestimmt, um eine Vergleichsmetrik mit Testabschnitten zu haben, welche ausschließlich Inliner enthalten, da der MCC, wie in Sektion 2.2.5 beschrieben dort nicht anwendbar ist.

## Ergebnisse

Die ersten Testläufe, wurden gebündelt über alle Anomalieklassen ausgeführt:

Abweichungen, mcc vs accuracy, ergebnisse vs anomalie spezifische ergebnisse, reduzierung auf drei nachkommastellen vs volle nachkommastellen

## Kapitel 6

## Fazit





Anhang A

Weitere Informationen



# Abbildungsverzeichnis

2.1	Ein zweidimensionaler Beispieldatensatz dessen Struktur durch die Punktgruppen $N_1$ und $N_2$ gebildet wird. Im Kontext zu diesen sind die Punkte $o_1$ und $o_2$ , sowie die Punktgruppe $O_3$ anomal. Quelle: [6] . . . . .	3
2.2	Der Einfluss von Rauschen auf einen Datensatz bestehend aus zwei Inlinergruppen und einem anomalen Punkt $A$ . Quelle: [2] . . . . .	5
4.1	Ein möglicher, nach Definition 4.2.1 konstruierter RRCF über den in Tabelle 4.1 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 . . . . .	17
4.2	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 Teilmengen da. $q_0, \dots, q_r$ sind die Bits die die Position von $a$ in $T$ beschreiben. Quelle: [9] . . . . .	21
4.3	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 Teilmengen da. $q_0, \dots, q_r$ sind die Bits die die Position von $a$ in $T$ beschreiben. Quelle: [9] . . . . .	24
4.4	Ein Beispieldatensatz mit zwei Anomalien $o_1$ und $o_2$ , sowie eine Punktgruppe $O_3$ von 7 Anomalien. Die Gruppen $N_1$ und $N_2$ stellen die Inliner des Datensatzes da. Quelle: [6] . . . . .	25
4.5	Ein Teilbaum, welcher . . . . .	26



# Tabellenverzeichnis

2.1	Zwei mögliche Ergebnisse eines Anomalieerkennungsverfahrens auf einem Datensatz bestehend aus 950 normalen und 50 anomalen Punkten, mit der berechneten Genauigkeit für jedes Verfahren . . . . .	10
2.2	Zwei mögliche Ergebnisse eines Anomalieerkennungsverfahrens auf zwei Datensätzen, mit dem berechneten $F_1$ -Maß für jedes Verfahren. Der Datensatz von V1 besteht aus 200 anomalen und 125 normalen Punkten, der von V2 aus 200 normalen und 1025 anomalen Punkten. . . . .	11
4.1	Ein Beispiel Datensatz über 3 Dimensionen mit numerischen Werten mit $S = \{x, y, z\}$ sowie die von Definition 4.2.1 in Schritt 1 berechnete Wahrscheinlichkeit $\frac{l_i}{\sum_j l_i}$ das $S$ in Schritt 3 über die jeweilige Dimension partitioniert wird . . . . .	17
5.1	Der PPC-Datensatz aufgeschlüsselt nach den Stationen und der Anzahl an Punkten aller drei Phasen der Station, welche den jeweiligen Anomalieklassen zugehören. Die letzten beiden Reihen stellen die Gesamtgröße der Anomalieklassen in dem Datensatz dar, sowie den prozentualen Anteil den diese insgesamt an dem Datensatz haben . . . . .	30



# Algorithmenverzeichnis





# Literaturverzeichnis

- [1] ABE, NAOKI, BIANCA ZADROZNY und JOHN LANGFORD: *Outlier detection by active learning*. In: *Proceedings of the 12th ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery and data mining*, Seiten 504–509, 2006.
- [2] AGGARWAL, CHARU C: *Outlier analysis*. In: *Data mining*. Springer, 2015.
- [3] 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.
- [4] 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.
- [5] BOUGHORBEL, SABRI, FETHI JARRAY und MOHAMMED EL-ANBARI: *Optimal classifier for imbalanced data using Matthews Correlation Coefficient metric*. PloS one, 12(6):e0177678, 2017.
- [6] CHANDOLA, VARUN, ARINDAM BANERJEE und VIPIN KUMAR: *Anomaly detection: A survey*. ACM computing surveys (CSUR), 41(3):1–58, 2009.
- [7] 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.
- [8] GU, QIONG, LI ZHU und ZHIHUA CAI: *Evaluation measures of the classification performance of imbalanced data sets*. In: *International symposium on intelligence computation and applications*, Seiten 461–471. Springer, 2009.
- [9] 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.

- [10] 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.
- [11] 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.
- [12] HE, ZENGYOU, XIAOFEI XU und SHENGCHUN DENG: *Discovering cluster-based local outliers*. *Pattern Recognition Letters*, 24(9-10):1641–1650, 2003.
- [13] 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.
- [14] SHI, TAO und STEVE HORVATH: *Unsupervised learning with random forest predictors*. *Journal of Computational and Graphical Statistics*, 15(1):118–138, 2006.
- [15] 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.
- [16] TAX, DAVID MJ und ROBERT PW DUIN: *Support vector data description*. *Machine learning*, 54(1):45–66, 2004.
- [17] TEMPL, MATTHIAS, J GUSSENBAUER und P FILZMOSER: *Evaluation of robust outlier detection methods for zero-inflated complex data*. *Journal of Applied Statistics*, 47(7):1144–1167, 2020.
- [18] WILLIAMS, GRAHAM, ROHAN BAXTER, HONGXING HE, SIMON HAWKINS und LIFANG GU: *A comparative study of RNN for outlier detection in data mining*. In: *2002 IEEE International Conference on Data Mining, 2002. Proceedings.*, Seiten 709–712. IEEE, 2002.

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 12. Juli 2020

Muster Mustermann

