인공지능

Clusturing & Word Embedding

2013011800 구장회

구성

- (1) 코드설명 : data structure , flow , 주요 method 설명 , 부가적인 method
- (2) Implemenataion detail : 유사도 계산 metric , clustering 평가 metric
- (3) Cluster 평가결과 + 분석
- (4) 컴파일방법 + 사용버전

코드설명

[data structure]

(1) HAC class

(2) Unit class

설명 : all word-word pair에서 유사도를 우선순위큐로 관리하기 위한 단위.

```
public class Unit implements Comparable dunit: {
   int index;
   double sim;

public Unit(int _index, double _sim) {
    index = _index;
    sim = _sim;
}

@Override

public int compareTo(Unit o) {
    // TODO Auto-generated method stub
    if (this.sim < o.sim) {
        return 1;
    } else if (this.sim > o.sim) {
        return =1;
    } else {
        return 0;
    }
}
```

(3) Pair class

설명 : all word-word pair에서 유사도를 관리하기 위한 단위.

```
public class Pair {
   int kidx, lidx;
   double sim;

public Pair(int _kidx, int _lidx, double _sim) {
     this.kidx = _kidx;
     this.lidx = _lidx;
     this.sim = _sim;
}
```

main method에서 HAC class의 인스턴스를 생성하고 work() method를 호출한다. HAC class의 인스턴스가 work() method내에서

- init(): 변수들을 초기화
- readInputfile(): input-file을 읽고 (word, wordembedding vector)를 저장한다.
- computeMatrix(): all word-word pair의 유사도에 대해서 행렬과 우선순위큐를 만든다.
- initialization() : 변수들을 초기화
- computeClustering() : 실제 clustering을 하는 부분
- readClassfile(): class-file을 읽고 (class,word)를 저장한다.
- partitioningAndAnalysis() : 정해진 threshold에 따라 cluster를 분할하고, 3가지 metric에 대해 평가.
- writeOutFile(): clustering결과를 output-file로 쓴다.

```
void work() {
   init();
   readInputfile();
   computeMatrix();

434    initialization();

435    computeClustering();
   readClassfile();
   partioningAndAnalysis();
   writeOutputFile();

438    writeOutputFile();

439   }

440

441   public static void main(String[] args) {
   new HAC().work();

443   }
```

[주요 method 설명]

- (1) computeMatrix(): all word-word pair의 유사도에 대해서 행렬과 우선순위큐를 만든다.
- all word-word pair에 대해서 유사도를 계산해서 유사도 행렬에 저장한다.
 - 같은 word에 대해서는 유사도를 0
 - 다른 word에 대해서는 유사도를 euclidean-distance or cosine-similarity으로 계산.
- all word-word pair에 대해서 유사도 normalization해서 유사도 행렬에 다시 저장한다.
 - 같은 word에 대해서는 하지 않는다.
- all word-word pair의 유사도를 유사도행렬의 row마다 우선순위큐에 저장한다.(유사도의 max heap)

```
vaid computeMatrix() {
    Smarrix = rew |Boorle[ment + 1][wont + 1];
for (String k : vectormop.keySet()) {
  int kidx = wtoi.get(k);
          for (String 1 : wectornop.keySet()) {
    tnt lidx = wto1.get(1);
               if (kidx - lidx) [
                     smatrix[ktdk][lidk] = (double) 0;
               } else {
    double sin = 8;
                     if (simtype.equalsIgnoreCase(type[8])) {
    sim = suclideandistance(vectormap.get(k), vectormap.get(l));
} else {
                          sim = cosinesimilarity(vectormap.get(k), vectormap.get(l));
                     smatrix[kidx][lidx] = sim;
    PriorityQueue<Unit> pq = new PriorityQueue<>();
int kidx = wtoi.get(k);
          for (String 1 : wectornap.keySet()) {
  int lids = wtoi.get(1);
  if (kids != lids) {
                     double sin = smatrix[kidx][lidx];
double temp = 0;
                     tf (simtype.equalsIgnoreCase(type[0])) {
                          temp = (1 / (sin * sin) - 1 / (encx * encx)) / (1 / (enin * enin) - 1 / (encx * encx));
                          temp = (sin - cmin) / (cmax - cmin);
                     smatrix[widx][lidx] = temp;
pq.add(new Unit(lidx, smatrix[kidx][lidx]));
          pgmap.put(hidx, pg);
```

(2) computeClustering(): 실제 clustering을 하는 부분

- (word의 갯수-1)번의 반복문을 돌면서
 - clustering 되지 않은(checklist로 체크) all word에 대해서, 그 word의 우선순위큐에서 peek() 해서 나온 word 중 유사도행렬에서 최댓값을 가지는 pair와 유사도를 찾는다
 - 그 pair를 clustering한다.
 - pair의 첫번째 word의 우선순위큐를 초기화
 - pair의 두번째 word의 checklist를 초기화
 - clustering 되지 않고, pair의 첫번째 word가 아닌 all word에 대해서
 - complete-link clustering의 과정으로 유사도를 재 계산한다.
 - pair의 첫번째 word의 우선순위큐에 새로 계산된 유사도를 저장한다.
 - 나머지 word들의, pair의 첫번째 word에 대한 유사도 또한 우선순위큐에 update한다.

```
void computeClustering() {
    for (int i = 1; i < wcnt; i++) {
        int k1 = 0, k2 = 0;
        double max = 0;
        for (int j = 1; j <= wcnt; j++) {
            if (chklist[j] -- 1) {
                Unit u = pamap.get(j).peek();
                 if (Math.max(u.sim, max) -- u.sim) {
                    max = u.sim;
                     kl = j;
                     k2 = u.index;
                ł
        ł
        resultset.add(new Pair(k1, k2, smatrix[k1][k2]));
        chklist[k2] = 0;
        pqmap.get(k1).clear();
        for (String 1 : vectornap.keySet()) {
            int lidx = wtoi.get(1);
            if (lidx != k1 && chklist[lidx] -- 1) {
                smatrix[k1][lidx] = Math.min(smatrix[lidx][k1], smatrix[lidx][k2]);
                smatrix[lidx][k1] = Math.min(smatrix[lidx][k1], smatrix[lidx][k2]);
                PriorityQueue<Unit> temppqmsp = new PriorityQueue<Unit>();
                 for (Unit u : pamap.get(lidx)) {
                     if (u.index != k1 88 u.index != k2)
                         temppgmap.add(u);
                pqmap.get(lidx).clear();
                for (Unit u : temppqmap) {
    pqmap.get(lidx).add(u);
                pqmap.get(k1).add(new Unit(lidx, smatrix[k1][lidx]));
                pqmap.get(lidx).add(new Unit(k1, snatrix[lidx][k1]));
       3
   }
```

- (3) partitioningAndAnalysis() : 정해진 threshold에 따라 cluster를 분할하고, 3가지 metric에 대해 평가.
- all threshold에 대해서 partitioning을 진행하고, 3가지 metric(entropy,silhouett,dunnindex)로 clustering 결과를 평가한다.

```
405
        void particmingAndAnalysis() [
             double entropy = 0, silhouett = 0, dunnindex = 0;
             for (int i = 0; i < 4; i++) {
                 partitioning(i);
                 entropy = entropyanalysis();
                 silhouett = silhouetteanclysis();
                 dunnindex = dunnindex();
                 System.out.println("=
                                                                                 י;כ'
                 System.cut.println("threshold : " + threshold[i]);
                 System.cut.println("# of cluster : " + clusternum);
                 System.out.println("entropy : " + entropy);
                 System.cut.println("silhouett: " + silhouett);
                 System.dut.println("dunnindex : " + dunnindex);
                 System.out.println("-
                                                                                 "כ;
```

- (4) partitioning(double threshold): clustering의 결과를 인자로 받은 threshold로 분할한다.
- word가 속한 class/cluster의 index를 각각 배열에 저장하여 관리해주면서
- 전역변수로 0으로 초기화된 clusternum 변수를 증가시키면서 cluster index를 할당해준다.
- clustering된 all word-word pair에 대해서
 - 유사도 > threshold이면
 - 두 word의 cluster index가 비어있다면, clusternum을 하나 더해주고 cluster index로 저장 한다
 - 두 word 중 하나의 word의 cluster index가 있다면, 나머지 word를 그 cluster index로 저장한다.
 - 두 word의 cluster index가 모두 있다면, do nothing.
 - 유사도 < threshold이면
 - 두 word의 cluster index가 비어있다면, clusternum을 각각 더하면서 cluster index로 저장한다.
 - 두 word 중 하나의 word의 cluster index가 있다면, 나머지 word를 clusternum을 하나 더 해주고 그 cluster index로 저장한다.
 - 두 word의 cluster index가 모두 있다면, do nothing.
- cluster analysis의 편의를 위해서
 - cluster 별 class에 속한 word의 갯수를 세는 행렬을 만든다.
 - cluster 별 word를 저장해준다.

```
clusternum = 0;

if (drim.manfport.stm.thmscholdfuhd) = port.stm) {

clusternum = 0;

if (drim.manfport.stm.thmscholdfuhd) = port.stm) {

clusternum = clusternum = clusternum;

clusternum = certaglatoClusterHum[port.kids] = 0 & stringlatoClusterHum[poir.lids] = 0) {

clusternum = certaglatoClusterHum[poir.kids] = 0 & stringlatoClusterHum[poir.lids] = 0) {

clusternum = certaglatoClusterHum[poir.kids] = 0 & stringlatoClusterHum[poir.lids] = 0) {

clusternum = certaglatoClusterHum[poir.kids] = clusternum;

} clusternum = certaglatoClusterHum[poir.kids] = clusternum;

} clusternum = clusternum = clusternum;

} clusternum = clusternum = clusternum;

clusternum = clusternum = clusternum;

clusternum = clusternum = clusternum;

} clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clusternum = clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clusternum = clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clusternum = clusternum = clusternum = clusternum = clusternum;

| clusternum = clustern
```

[부가적인 method]

- double entropy(int[] arr) {}
 double cosinesimilarity(List<Double> I1, List<Double> I2) {}
 double euclideandistance(List<Double> I1, List<Double> I2) {}
- double entropyanalysis() {}
 double silhouetteanalysis() {}
 double dunnindex() {}

Implementation detail

[euclidean-distance]

실제 word-word간 euclidean-distance가 [3:5]의 분포를 보이므로

유사도가 거리에 반비례 or 거리의 제곱에 반비례하도록 [0:1]에 normalization했다.

(threshold를 변화시키지 않고 사용하기 위함)

(동일 word-word pair에 대해서는 최솟값 0으로)

결과는 유사도가 거리에 반비례하도록 하는것이 더 좋았다.

[cosine-similarity]

cosine-similarity또한 threshold를 변화시키지 않고 사용하기 위해서 [0:1]로 normalization했다. (동일 word-word pair에 대해서는 최솟값 0으로)

[표 : 유사도 metric에 따른 word-word pair의 유사도 분포([0:1] 로 정규화)]

	0~0.2	0.2~0.4	0.4~0.6	0.6~0.8	0.8~1.0
sim ∝1/ed	71	29	3	0.3	0.07
sim ∝1/ed^2	98	11	0.5	0.1	0.03
sim ∝1/cs	20	67	11	10	0.07

[결과파일 출력시]

word embedding vector의 각 value를 double형 변수로 바꾼 값을 적었다. (실제로 근사한 차이가 있기 때문)

[clustering 평가 metric]

- (1) entropy: 명세에 의해 무조건 분석.
- (2) silhouett 지표 : 간단한 방법으로 데이터들이 얼마나 잘 클러스터링 되었는지를 나타낸다. 실루엣 지표가 1에 가까울 수록 데이터 데이터 *i* 는 올바른 클러스터에 분류된 것이며, -1에 가까울 수록 잘못된 클러스터에 분류되었음을 나타낸다.
- (3) dunn index : 밀도가 높고 잘 나뉜 클러스터링 결과를 목표로 하는 metric. Dunn index값이 높은 클러스터링 알고리즘은 클러스터링 성능이 좋은 것으로 판단할 수 있다.
- (4) 외부 평가 지표 : 본 과제에 적용 불가.

Clustering 평가 결과

	euclidean-distance	cosine-similarity
threshold=0.2	threshold : 0.2 # of cluster : 146 entropy : 0.67773 silhouett : -0.63039 dunnindex : 7.30051	threshold: 0.2 # of cluster: 129 entropy: 0.70417 silhouett: -0.67313 dunnindex: 4.88468
threshold=0.4	threshold : 0.4 # of cluster : 270 entropy : 0.19712 silhouett : 0.33573 dunnindex : 13.83416	threshold: 0.4 # of cluster: 144 entropy: 0.61326 silhouett: -0.5472 dunnindex: 6.09727
threshold=0.6	threshold : 0.6 # of cluster : 320 entropy : 0.04365 silhouett : 0.81377 dunnindex : 17.22967	threshold: 0.6 # of cluster: 225 entropy: 0.32807 silhouett: 0.02197 dunnindex: 12.61803
threshold=0.8	threshold : 0.8 # of cluster : 334 entropy : 0.00592 silhouett : 0.94274 dunnindex : 18.42827	threshold: 0.8 # of cluster: 310 entropy: 0.06141 silhouett: 0.74343 dunnindex: 21.52157

- 해석

- 최고 성능 : similarity-measure(cosine-similarity) , threshold(0.4)
- 유사도 metric을 euclidean-distance로 하는 경우가 3가지 clustering 평가 지표에서 모두 앞 섰다. 하지만 euclidean-distance의 경우 cluster의 갯수가 상대적으로 많았기 때문에 절대적으로 앞선다고 하기 어렵다.
- cosine-similarity의 경우 클러스터의 갯수가 그리 크지 않으면서 평가지표에서 euclidean-distance보다 많이 지지 않았다.

- 결론

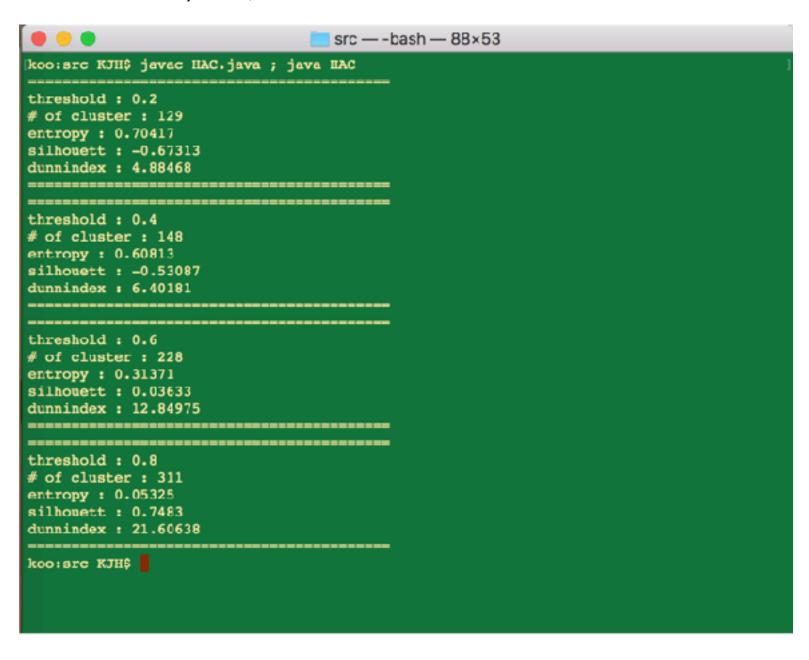
- 클러스터링이 가장 잘 된 경우 : similarity-measure(cosine-similarity) , threshold(0.4)
- 이유: 클러스터의 갯수가 너무 많지 않으면서 평가 지표가 그리 나쁘지 않았기 때문

컴파일방법

- 환경
 - OS : Mac OSLanguage : Java
- 실행 이전

```
| SIC -- - bash -- 88x53
| koc:src KJH$ ls -al | total 6960
| drwxr-xr-x 7 KJH | staff | 224B May 27 03:11 . | drwxr-xr-x 8 KJH | staff | 256B May 27 03:10 . | | -rw-r-r-@ 1 KJH | staff | 6.0K May 27 03:11 . DS_Store | | -rw-r-r-- 1 KJH | staff | 13K May 27 03:03 HAC.java | -rw-r-r-- 1 KJH | staff | 1.2M May 27 03:10 | WordClustering.txt | -rw-r-r-@ 1 KJH | staff | 1.3M May 12 00:18 | WordEmbedding.txt | -rw-r-r-@ 1 KJH | staff | 3.6K May 12 00:18 | WordTopic.txt | koc:sic KJH$
```

- 컴파일 방법
 - 컴파일: \$javac HAC.java;
 - 실행: \$java HAC;



- 컴파일 및 실행시 주의사항

제출시 코드파일명 수정했음(assignment2_2013011800.java) default package임