

Analysetechniken für große Datenbestände

Alexander Poth

KIT - Karlsruhe Institute of Technology
Information Engineering and Management
`alexander.poth@informationswirtschaft.org`

30. April 2017

Einleitung

In unserer heutigen Zeit fallen eine Vielzahl von Daten in allen Bereichen des Lebens an. Dies ist der immer effizienteren Datenaufzeichnung und -übermittlung geschuldet, z.B. durch RFID-Chips, GPS-Geräten und allerlei Sensoren, die in unseren Smartphones verbaut sind. Um diese Daten sinnvoll verwerten zu können und Vorhersagen über unbekannte Variablen treffen zu können, sind Möglichkeiten zur Analyse von großen Datenbeständen zu einem der wichtigsten Themen geworden. Ziel dieser Zusammenfassung und der zugehörigen Vorlesung ist es, dem Studierenden Techniken vorzustellen, die es ihm ermöglichen, **nichttriviale, implizite und potentiell nützliche** Zusammenhänge in Datenbeständen zu finden. Potentiell nützlich kann in diesem Kontext bedeuten, dass man keine Ergebnis erhält, die man nicht ohnehin schon vorher kannte oder redundant sind. Hierbei ist der Begriff *groß* vorsichtig zu benutzen. Die “Größe“ eines Datenbestandes hängt insbesondere von der Komplexität der Daten, den Mustern, nach denen man sucht, und der verfügbaren CPU-Power ab.

Inhaltsverzeichnis

1	Statistische Grundlagen	1
1.1	Beschaffenheit von Daten	1
1.2	Einfache deskriptive Statistik	1
1.3	Qualifizierung der Tendenz insgesamt	3
1.4	Quantifizierung der Streuung der Daten	4
1.5	Boxplots	4
1.6	Histogramme	5
1.7	Entropie	6
1.8	Wahrscheinlichkeitstheorie	6
1.9	Statistische Tests	9
1.9.1	Chi-Quadrat Unabhängigkeitstest	9
1.9.2	Kolmogorov-Smirnov-Test	10
1.9.3	Wilcoxon-Mann-Whitney Test	10
1.9.4	Bernoulli-Experiment	11
1.10	Datenreduktion	12
1.10.1	Numerosity Reduction	12
1.10.2	Dimensionality Reduction	13
1.10.3	Diskretisierung	17
2	Informatik Grundlagen	19
2.1	Indizierung allgemein	19
2.2	Räumliche Indexstrukturen	20
2.2.1	Normalisierung	20
2.2.2	k-dimensionale Bäume	21
2.2.3	Objekte mit räumlicher Ausdehnung	21
2.2.4	Optimierung kd-Bäume	23
2.2.5	R-Baum	24
2.3	Instanzbasiertes Lernen	27
3	Klassifikation mit Entscheidungsbäumen	29
3.1	Attribute vs. Features	29
3.2	Binäre Entscheidungsbäume	29
3.3	Kosten beim Lernen	31
3.4	NULL-Werte	32
4	Evaluation von Datenanalyseverfahren	34
4.1	Training und Testing	34
4.2	Wahrscheinlichkeiten als Vorhersageergebnis	35
4.3	Fehlerarten und entsprechende Maße	36

4.3.1	Bias vs. Varianz	36
4.3.2	Fehlerarten und Erfolgsquote	36
4.4	Lift Charts	37
4.5	ROC Kurven	38
4.6	Minimum Description Language	42
4.6.1	Minimum Message Length	42
5	Association Rules	46
5.1	Apriori	47
5.2	Multidimensional Association Rules	49
5.3	Multi-Level Association Rules	49
6	Association Rules - Erweiterungen und Anwendungen	53
6.1	Direct Hashing and Pruning	53
6.1.1	Candidate Itemset Reduktion	53
6.1.2	Datenbankreduktion	53
6.1.3	DHP Algorithmus	54
6.2	Sampling	55
6.2.1	Negative Border	55
6.3	Optimistische Verfeinerung	56
6.4	Frequent Pattern Trees	57
6.4.1	FP-Tree Erzeugung	57
6.4.2	Frequent Pattern Mining	58
7	Pattern Mining unter Constraints	60
7.1	Constrained Association Rules	60
7.1.1	Meta-Rule Guided Mining	61
7.1.2	1-var und 2-var Constraints	62
7.1.3	Eigenschaften von Constraints	63
7.2	Constrained Frequent Sequence Mining	65
8	Clustering	67
8.1	Partitionierendes Clustering	70
8.1.1	k-Means	70
8.1.2	k-Means in der Variante CLARANS	71
8.1.3	BIRCH	72
8.2	Hierarchisches Clustering	74
8.3	Probleme mit hochdimensionalen Räumen	76
8.4	Clustering mit kategorischen Daten	77
8.5	Dichte-basiertes Clustering	79
8.5.1	DBSCAN	79

8.5.2	OPTICS	80
8.6	Probabilistisches Clustering	82
8.6.1	Expectation Maximization	82
8.6.2	Erweiterungen von Mixture Models	83
9	Statistische Modellierung	87
9.1	Naive Bayes	87
9.2	Bayesian Networks	88
9.3	Anwendung Bayesian Networks: Duplikaterkennung	90
10	Lineare Modelle und SVMs	92
10.1	Logistic Regression	92
10.2	Support Vector Machines	93
10.3	Support Vector Regression	95
11	Ensembles	96
11.1	Bagging	96
11.2	Boosting	97
11.3	Stacking	98
11.4	Interpretation von Ensembles	98

1 Statistische Grundlagen

Zunächst wiederholen wir ein paar Grundlagen aus der Statistik.

1.1 Beschaffenheit von Daten

Daten können in verschiedenen Kategorien vorliegen:

- **Nominal:** Hier herrscht keine natürliche Ordnung der Werte (z.B. Name, Farbe, ...)
- **Ordinal:** Eine Anordnung ist möglich. Es kann jedoch nicht ohne Weiteres eine Metrik angelegt werden (z.B. ist nicht quantifiziert, um wie viel sich groß und gigantisch unterscheiden)
- **Metrisch-diskret:** Es existiert eine endliche Anzahl an Werten, auf die eine Metrik angewandt werden kann (z.B. $n \in \mathbb{N} \mid n \in [0, 100]$)
- **Metrisch-kontinuierlich:** Es existieren unendlich viele Werte, auf die eine Metrik angewandt werden kann (z.B. $n \in \mathbb{R} \mid n \in [0, 100]$)

Weiter können die Datensätze auch unterschiedlich komplex sein. Die kann sich unter anderem in der **Dimensionalität** der Daten widerspiegeln. So haben offensichtlich die Datensätze einer einfachen Namensliste eine geringere Dimension als die in den Kundendatenbanken einer großen Firma.

Betrachten wir metrisch skalierte Daten, so gilt für eine Metrik d und Domäne M :

$$\forall p, q, r \in M :$$

$$\textit{Symmetrie} \quad d(p, q) = d(q, p)$$

$$\textit{Definitheit} \quad d(p, q) = 0 \Leftrightarrow p = q$$

$$\textit{Dreiecksungleichung} \quad d(p, r) \leq d(p, q) + d(q, r)$$

Metrik bezeichnet hierbei eine Funktion, die den Abstand zweier Punkte im Raum beschreibt.

1.2 Einfache deskriptive Statistik

Im Folgenden betrachten wir einfache Methoden zur Beschreibung von Daten, um diese besser verstehen zu können. Dafür dienen vor allem so genannte

Aggregate. Sie vereinen *alle Werte* eines Attributes und berechnen daraus einen *einzigsten* skalaren Wert. In Standard-SQL werden folgende Funktionen verwendet:

- COUNT() - Zählt die Anzahl
- SUM() - Bildet die Summe
- MIN() - Gibt das Minimum aus
- MAX() - Gibt das Maximum aus
- AVG() - Berechnet das arithmetische Mittel

In spezialisierten SQL-Versionen gibt es weitere Aggregatsfunktionen (z.B. für die Bereiche Statistik, Physik, etc.). Manche dieser Aggregate haben den Vorteil, dass sie sich in ihrer Ausführung parallelisieren lassen, z.B. kann für die MIN()-Funktion der Datenbestand in kleinere Bestände aufgeteilt werden, aus denen jeweils das Minimum berechnet wird, woraufhin in einem zweiten Schritt das Minimum der Minima berechnet wird. Aufgrund dieser Eigenschaften lassen sich die Aggregate klassifizieren (F bezeichne die Aggregatsfunktion):

- **distributiv:** Formal gibt es eine Funktion G , so dass $F(\{X_{i,j}\}) = G(\{F(\{X_{i,j}|i = 1, \dots, I\})|j = 1, \dots, J\})$ gilt. Auf Deutsch: F wird erst auf Teilmengen ausgeführt, dann G auf der Ergebnismenge. Hierbei ist $I \in \mathbb{N}$ die Mächtigkeit der Teilmengen und $J \in \mathbb{N}$ ihre Anzahl (es ist nicht zwingend notwendig, dass alle Teilmengen auch tatsächlich die gleiche Mächtigkeit haben).
- **algebraisch:** Formal gibt es eine Funktion G , die M -Tupel liefert und H , so dass $F(\{X_{i,j}\}) = H(\{G(\{X_{i,j}|i = 1, \dots, I\})|j = 1, \dots, J\})$ gilt. Auf Deutsch: Die Definition entspricht der distributiver Aggregate, jedoch hat man hier die Freiheit, in der inneren Klammer eine Funktion anzuwenden, die nicht die Ausgangsaggregatfunktion F ist. So könnte man z.B. AVG() folgendermaßen formalisieren:

$$G : \text{Menge von } \mathbb{R} \rightarrow (\mathbb{R}, \mathbb{N}), S \mapsto a := \left(\sum_{x \in S} x, |S| \right)$$

$$H : \text{Menge von } (\mathbb{R}, \mathbb{N}) \rightarrow \mathbb{R}, a \mapsto \frac{\sum_{a \in A} a.first}{\sum_{a \in A} a.second}$$

- **holistisch:** Holistische Aggregate sind all jene, die weder distributiv noch algebraisch sind. Man kann das Problem also nicht in Teilprobleme zerlegen, z.B. bei median() oder häufigsterWert(). **Definition aus der Vorlesung:** Man kann keine Beschränkung des Speicherbedarfs für Sub-Aggregate angeben.

Offensichtlich sind distributive bzw. algebraische Aggregate aufgrund ihrer Parallelisierungsmöglichkeiten effizienter in ihrer Berechnung.

Eine weitere vorteilhafte Eigenschaft, die eine Aggregatsfunktion haben kann, heißt **“Self-Maintainable“**. Self-Maintainable Aggregatsfunktionen können nach einer Änderung der Daten ihren neuen Wert aus ihrem alten Wert und der Änderung berechnen, z.B. $SUM()$. Änderungen bedeutet in diesem Fall Einfügen oder Löschen von Daten.

1.3 Qualifizierung der Tendenz insgesamt

Als nächstes geht es um Kennzahlen, die etwas über die Tendenz in unseren Daten aussagen. Die bekannteste ist das **arithmetische Mittel**

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i .$$

Dieses kann man auch weiter verfeinern zum **gewichteten arithmetischen Mittel**

$$\bar{x}_w = \frac{\sum_{i=1}^n w_i * x_i}{\sum_{i=1}^n w_i} .$$

Anschaulich beschrieben, wird jedes x_i mit einem prozentualen Wert multipliziert, wobei sich diese Gewichte zu 1 aufaddieren. Laut obiger Klassifikation lassen sich diese Kennzahlen als *algebraisch* einstufen. Des Weiteren sind sie nur auf numerische Daten anwendbar. Wenn es um die Mitte unseres Wertebereiches geht, kann das sogar ein Grundschüler ausrechnen:

$$midrange = \frac{max - min}{2}$$

Auch *midrange* kann nur auf numerische Daten angewandt werden.

Der **Median** gibt bei sortierter Anordnung den Wert an, der in der Mitte liegt:

$$x_{med} = \begin{cases} x_{\frac{n+1}{2}} & \text{für } n \text{ ungerade} \\ \frac{1}{2}(x_{n/2} + x_{n/2+1}) & \text{für } n \text{ gerade} \end{cases}$$

Der Median lässt sich auf numerische und ordinale Daten anwenden und ist als *holistisch* einzustufen.

Der **Modus** gibt den Wert an, der im Datenbestand am häufigsten vorkommt. Wenn jeder Wert im Datenbestand nur ein *einziges* Mal auftaucht, ist der Modus nicht definiert. Dies führt bei kontinuierlichen Daten schnell zu Problemen.

Beim Modus muss beachtet werden, dass evtl. wichtige Informationen über unsere Daten ignoriert werden können, z.B. weitere Peaks bei multimodalen Verteilungen.

1.4 Quantifizierung der Streuung der Daten

Quantile sind Lagemaße, die einen Schwellenwert in unseren Daten beschreiben, d.h. ein bestimmter Anteil ist kleiner als das Quantil, der Rest ist größer. Besondere Quantile sind die **Quartile**: Das 0.25-Quantil $Q_{0.25}$ bzw. Q_1 gibt den Wert an, für den 25% der Werte kleiner oder gleich und 75% der Werte größer oder gleich Q_1 sind. Analog wird $Q_{0.75}$ bzw. Q_3 definiert. Es gilt: $Q_2 = Q_{0.5} = x_{med}$. Mit diesen Quartilen lässt sich der so genannte **Inter-Quartils-Abstand** definieren als $IQR = Q_3 - Q_1$. Als **Ausreißer** bezeichnet man Werte, die mehr als $1,5 \times IQR$ von Q_1 nach unten oder Q_3 nach oben abweichen.

Weitere wichtige Streumaße sind **Varianz** und **Standardabweichung**:

$$\sigma^2 = \frac{1}{n-1} \sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2$$
$$\sigma = \sqrt{\sigma^2}$$

1.5 Boxplots

Wir halten uns kurz.

Die Daten in Abb. 1 sind als Box repräsentiert. Die Ränder der Box sind Q_1 bzw. Q_3 , womit die Höhe der Box dem IQR entspricht. Innerhalb der Box ist x_{med} explizit eingezeichnet. Das Minimum und Maximum sind als “whiskers” eingezeichnet.

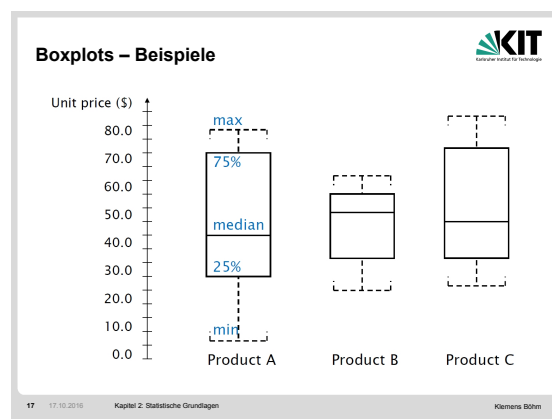


Abb. 1: Beispiel eines Boxplots ¹

1.6 Histogramme

Histogramme zeigen die Häufigkeit, mit der einzelne Werte auftreten. Falls nahezu bzw. alle Werte unterschiedlich sind, hat man jedoch mit einem Histogramm nichts gewonnen. Deswegen werden die Daten in Klassen bzw. “Buckets” unterteilt. Dies stellt im Allgemeinen eine recht gute Approximation dar. Wählt man die Partitionierung der Art, dass alle Klassen gleich breit sind, erhalten wir ein *Equi-Width*-Histogramm, Abb. 2.

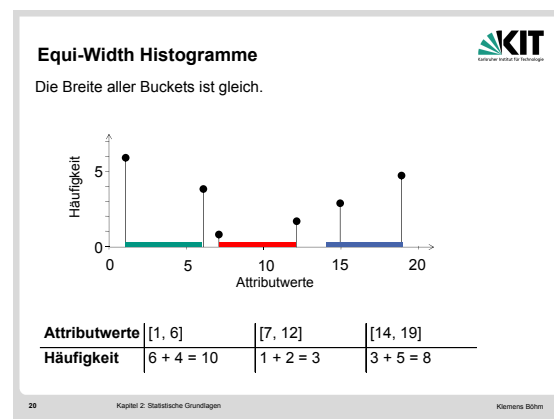


Abb. 2: Beispiel eines Equi-Width-Histogramms ²

Wählt man jedoch die Klassen so, dass alle gleich viele Elemente enthalten, so ergibt sich ein *Equi-Depth*-Histogramm, Abb. 3.

Probleme ergeben sich für Histogramme bei höher dimensionalen Datenbeständen. In den Beispielen der Abb. 2 und 3 handelt es sich um 1-dimensionale Daten. Diese können leicht klassiert werden. Wie aber sollen z.B. 4-dimensionale Daten gleichmäßig auf Buckets verteilt werden? Außerdem legt man zu Beginn fest, wie groß die Partitionierung ausfällt, womit bei späteren Schätzungen, die auf diesen Histogrammen basieren, nicht weiter mit der Genauigkeit variiert werden kann. Insgesamt ist die Genauigkeit der Approximation durch ein Histogramm in hohem Maße abhängig von der richtigen Wahl der Partitionierung.

¹2. Foliensatz, S.17, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

²2. Foliensatz, S.20, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

³2. Foliensatz, S.21, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

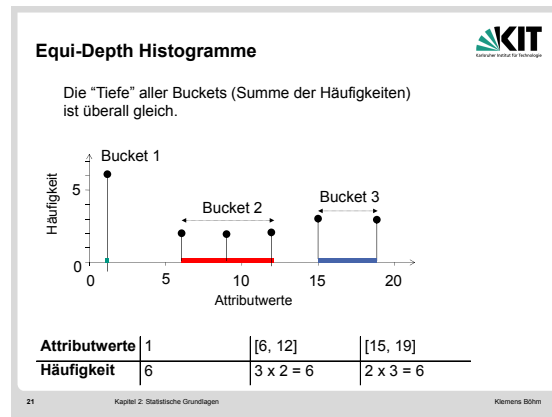


Abb. 3: Beispiel eines Equi-Depth-Histogramms ³

1.7 Entropie

Die **Entropie** einer Menge gibt an, wie zufällig die Daten in ihr verteilt sind, d.h. die Entropie dient als Maß für die Unordnung und ist definiert als

$$E(S) = - \sum_{j \in S} p_j \cdot \log p_j.$$

Hierbei bezeichnet j die Klassen in S , p_j die relative Häufigkeit der Elemente in Klasse j und $\log p_j$ wird als statistische Signifikanz bezeichnet. Da $p_j \leq 1$, gilt $\log p_j \leq 0$, was durch das negative Vorzeichen der Summe aufgehoben wird. Offensichtlich ist die Entropie minimal, wenn alle Werte in einer Klasse liegen, da somit $p_1 = 1$ wird und sich alle Summanden zu 0 ergeben. Im Gegensatz dazu wird die Entropie für eine gegebene Klassenanzahl maximal, wenn $p_i = p_j$, $\forall i, j \in S$ gilt, die Werte also über alle Klassen gleichverteilt sind.

1.8 Wahrscheinlichkeitstheorie

Die Wahrscheinlichkeitstheorie ist zentral für die Datenanalyse, da viele Algorithmen auf Annahmen probabilistischer Natur zum Datenbestand beruhen. Ein zentrales Konzept ist der *Wahrscheinlichkeitsraum*, der durch das 3-Tupel (Ω, F, P) beschrieben wird. Hierbei ist Ω die Ergebnismenge, $F \subseteq 2^\Omega$ der Raum der Ereignisse und P ist das Wahrscheinlichkeitsmaß, dass jedem Ereignis einen Wert aus $[0, 1]$ zuweist. F ist hierbei abgeschlossen unter Komplement und Vereinigung und enthält das triviale (sichere) und leere (unmögliche)

Ereignis. Das Wahrscheinlichkeitsmaß P erfüllt die *Axiome von Kolmogoroff*:

- | | |
|-------------------------|--|
| (K1) Nichtnegativität | $P(a) \geq 0$ |
| (K2) Triviales Ereignis | $P(\Omega) = 1$ |
| (K3) Additivität | Für $a \cap b = \emptyset : P(a \cup b) = P(a) + P(b)$ |

Variablen, deren Wert vom Zufall abhängt, nennen wir ganz kreativ **Zufallsvariable**. Diese Zufallsvariablen können auch als Abbildung aufgefasst werden. Dabei wird jedem $\omega \in \Omega$ ein reeller Wert $x = X(\omega)$ zugewiesen, was auch als *Realisierung* von X bezeichnet wird. Mit X können aber auch **Ereignisse** beschrieben werden, z.B. $\{X = x\}$ oder $\{X \leq x\}$. Man denke anschauliche an das Werfen mit 2 Würfeln, wobei $X =$ Summe der Augen.

	y_1	\dots	y_j
x_1	p_{11}	\dots	p_{1j}
\vdots	\vdots	\ddots	\vdots
x_i	p_{i1}	\dots	p_{ij}

Abb. 4: Schema einer Kontingenztabelle

Multivariate Verteilungen beschreiben die Wahrscheinlichkeitsverteilung einer mehrdimensionalen Zufallsvariable bzw. mehrerer Zufallsvariablen. Zumindest für 2-dimensionale Zufallsvariablen kann die Verteilung in einer *Kontingenztabelle* dargestellt werden, die schematisch in Abb. 4 zu sehen ist. Summiert man die einzelnen Spalten auf, so erhält man die Randverteilung für X ; summiert man die einzelnen Zeilen auf, so erhält man die Randverteilung von Y .

Die Zufallsvariablen können aber auch voneinander abhängen. Die Verteilung einer Zufallsvariable, gegeben den Wert der anderen, nennt man **bedingte Verteilung** und wir durch

$$P(X = a \mid Y = b) = \frac{P(X = a, Y = b)}{P(Y = b)}$$

beschrieben. Mithilfe der Kontingenztabelle lassen sich die Werte des Bruchs direkt ablesen. Falls die Variablen **unabhängig** voneinander sind, gilt $P(X) = P(X|Y)$ und $P(X, Y) = P(X)P(Y)$.

Sei im Folgenden X eine diskrete Zufallsvariable. Dann bezeichnet $f(x) = P(X = x)$ für alle $x \in \mathbb{R}$ die Wahrscheinlichkeitsfunktion von X . Für $f(x)$

gilt *Nichtnegativität* und es muss $\sum f(x) = 1$ sein. Würde man diese Funktion plotten, so hätte man im Prinzip ein Stabdiagramm. Sei X nun kontinuierlich. Damit ergibt sich die *Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion* zu $P(X \in [a, b]) = \int_a^b f(x)dx$ und auch hier gilt *Nichtnegativität*. Weiter muss $\int_{-\infty}^{\infty} f(x)dx = 1$ sein.

Der **Erwartungswert** $E(X)$ für den diskreten bzw. kontinuierlichen Fall lautet

$$E(X) = \sum_{i \geq 1} x_i f(x_i) \qquad E(X) = \int_{-\infty}^{\infty} x f(x) dx$$

Durch den Verschiebungssatz erhalten wir für die **Varianz** $Var(X) = E(X^2) - E(X)^2$. Somit ergeben sich für diskrete bzw. kontinuierliche Zufallsvariablen

$$Var(X) = \sum_i f(x_i) x_i^2 - (\sum_i f(x_i) \bar{x})^2 \quad Var(X) = \int_{-\infty}^{\infty} x^2 f(x) dx - E(X)^2$$

Um Zusammenhänge zwischen den Zufallsvariablen anschaulich darzustellen, gibt es bestimmte Kennzahlen. Zum einen die **Kovarianz**, die als

$$Cov(X, Y) := E([X - E(X)][Y - E(Y)])$$

$$Cov(X, Y) = \begin{cases} \sum_i \sum_j f(x_i, y_j) (x_i - E(X))(y_j - E(Y)) & X \text{ und } Y \text{ diskret} \\ \int_{-\infty}^{\infty} \int_{-\infty}^{\infty} f(x, y) (x - E(X))(y - E(Y)) dx dy & X \text{ und } Y \text{ stetig} \end{cases}$$

definiert ist. Betrachten wir die zweite Gleichung. In einem Koordinatensystem durch den Punkt $(E(X), E(Y))$ liefern die Werte des ersten und dritten Quadranten einen positiven Beitrag zur Gesamtsumme, die Werte des zweiten und vierten Quadranten hingegen negative. Damit ergibt sich, dass die Kovarianz zwar anzeigen kann, ob die Daten positiv/negativ korreliert sind oder unabhängig; da sie aber unskaliert ist, lässt sich die Stärke der Korrelation nicht sinnvoll quantifizieren. Eine gängige Normierung ergibt sich mittels der Standardabweichung und man erhält den **Korrelationskoeffizienten**

$$\rho(X, Y) = \frac{Cov(X, Y)}{\sqrt{Var(X)} \sqrt{Var(Y)}}.$$

Dieser ist auf $[-1, 1]$ normiert, womit sich nun auch die Stärke der Korrelation bewerten lassen kann. Des Weiteren gilt $Cov(X, X) = Var(X)$.

Für den Fall, dass wir es mit einem Vektor an Zufallsvariablen zu tun haben, kommt die **Kovarianzmatrix** Σ ins Spiel. Die Kovarianzmatrix als

Matrix aller paarweisen Kovarianzen der Elemente des Zufallsvektors enthält Informationen über seine Streuung und über Korrelationen zwischen seinen Komponenten. Formal ergibt sich:

$$\Sigma = (Cov(X_i, X_j))_{i,j=1\dots n} = \begin{pmatrix} Var(X_1) & Cov(X_1, X_2) & \dots & Cov(X_1, X_n) \\ Cov(X_2, X_1) & Var(X_2) & \dots & Cov(X_2, X_n) \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ Cov(X_n, X_1) & Cov(X_n, X_2) & \dots & Var(X_n) \end{pmatrix}$$

1.9 Statistische Tests

Die folgenden statistischen Tests sollen nur soweit vorgestellt werden, wie es nötig ist, sie anwenden zu können. Für die genauen mathematischen Herleitungen und Zusammenhänge sei auf die entsprechende Fachliteratur verwiesen.

1.9.1 Chi-Quadrat Unabhängigkeitstest

χ^2 -Tests bezeichnen zunächst eine ganze Klasse von Tests. Hier wollen wir uns jedoch auf den Unabhängigkeitstest beschränken. Mit ihm können wir eine Aussage über die Unabhängigkeit zweier Zufallsvariablen X und Y treffen. Meist liegt eine zu untersuchende Kontingenztafel vor. Damit lässt sich der gesamte Test kurz zusammenfassen:

- **Annahmen:** Unabhängige Stichprobenvariablen $(X_i, Y_i), i = 1, \dots, n$, gruppiert in eine $(k \times m)$ -Kontingenztafel

- **Hypothese:**

$$H_0 : P(X = i, Y = j) = P(X = i)P(Y = j) \quad \forall i, j$$

$$H_1 : P(X = i, Y = j) \neq P(X = i)P(Y = j)$$

für mindestens ein Paar (i, j) .

- **Teststatistik:** $\chi^2 = \sum_{i=1}^k \sum_{j=1}^m \frac{(h_{ij} - \tilde{h}_{ij})^2}{\tilde{h}_{ij}}$ mit $\tilde{h}_{ij} = \frac{h_{i\bullet} \cdot h_{\bullet j}}{n}$

- **Verteilung unter H_0 :** approximativ $\chi^2((k-1)(m-1))$

- **Ablehnungsbereich:** $\chi^2 > \chi^2_{1-\alpha}((k-1)(m-1))$

Der Verlust der Freiheitsgrade tritt durch die Schätzung \tilde{h}_{ij} auf. Mit anderen Worten: Ist ein χ^2 -Wert besonders groß, so kann der entsprechenden Tabelle die Wahrscheinlichkeit für so einen Wert entnommen werden. Ist dieser sehr

klein, so wird die Nullhypothese verworfen. Bei diesem Test ist zu beachten, dass der χ^2 -Wert in hohem Maße von dem Stichprobenumfang n abhängig ist.

1.9.2 Kolmogorov-Smirnov-Test

Dieser Test eignet sich, um Verteilungsannahmen zu prüfen. Es wird angenommen, dass die beobachteten Ereignisse bereits sortiert vorliegen. Aus diesen Werten wird nun die Summenhäufigkeitsfunktion (empirische Verteilungsfunktion) S berechnet, die nun mit der angenommenen Verteilungsfunktion F_0 verglichen wird. Hierfür werden an den Stellen x_i die Differenzen der beiden Funktionen berechnet, also $S(x_{i-1}) - F(x_i)$ und $S(x_i) - F(x_i)$. Hierbei ist $S(x_0) := 0$. Man prüft also die Stärke der Abweichung der angenommenen Funktion von den echten Werten. Insgesamt ist damit also $H_0 : F(x) = F_0(x)$. Die größte Differenz d_{max} wird nun mit den Tabellenwerten verglichen. Für $n \leq 35$ liegen diese tabelliert vor, danach muss mit $d_\alpha = \frac{\sqrt{-0,5 \ln(\frac{\alpha}{2})}}{\sqrt{n}}$ approximiert werden.

Obwohl nur für eine Zufallsvariable formuliert, lässt sich der Test auch für 2 Zufallsvariablen durchführen. Dabei gilt nun: $H_0 : F(y) = F(x)$.

1.9.3 Wilcoxon-Mann-Whitney Test

Auch bekannt als Wilcoxon-Rangsummen-Test. Wir fassen kurz zusammen:

- **Annahmen:** X_1, \dots, X_n unabhängige Wiederholungen von X ,
 Y_1, \dots, Y_m unabhängige Wiederholungen von Y ,
 X, Y sind unabhängig voneinander,
die Verteilungsfunktionen unterscheiden sich nur durch eine Verschiebung a voneinander, also $F_Y(x) = F_X(x - a)$.

- **Hypothese:**

$$H_0 : x_{med} = y_{med} \qquad H_1 : x_{med} \neq y_{med} \qquad (a)$$

$$H_0 : x_{med} \leq y_{med} \qquad H_1 : x_{med} > y_{med} \qquad (b)$$

$$H_0 : x_{med} \geq y_{med} \qquad H_1 : x_{med} < y_{med} \qquad (c)$$

- **Teststatistik:** Sortiere die Beobachtungen gepoolt und berechne die Summe der Ränge der Elemente der anfangs kleineren Stichprobe. Diese kleinere Stichprobe sei nun X . Die Teststatistik ergibt sich damit als $T_W = \sum_{i=1}^n rg(X_i)$.

- **Ablehnungsbereich:**

$$T_W > w_{1-\alpha/2}(n, m) \text{ oder } T_W < w_{\alpha/2}(n, m) \quad (\text{a})$$

$$T_W > w_{1-\alpha}(n, m) \quad (\text{b})$$

$$T_W < w_{\alpha}(n, m) \quad (\text{c})$$

wobei $w_{\tilde{\alpha}}$ das $\tilde{\alpha}$ -Quantil der tabellierten Verteilung bezeichnet.

Die genauen kritischen Werte lassen sich aus kombinatorischen Überlegungen berechnen. Diese werden jedoch schnell sehr mühselig zu berechnen, wodurch die Nutzung der Approximation durch

$$W_{n,m} \approx N\left(\frac{n(m+n+1)}{2}, \frac{nm(n+m+1)}{12}\right)$$

ratsam ist. Die Idee, die hinter diesem Test steckt, ist, dass bei Gültigkeit der Nullhypothese die Werte der X - und Y -Stichproben gut durchmischt sein sollten, d.h. keine der beiden Stichproben zeigt im Verhältnis zur anderen eine Tendenz zu besonders großen bzw. kleinen Werten. Der Test stellt nicht direkt eine Gleichheit von zwei Verteilungen fest, sondern will lediglich eine Aussage über die Mediane von X und Y treffen.

1.9.4 Bernoulli-Experiment

Sei n die Anzahl unserer Datenobjekte, also die Anzahl der Versuche; p beschreibe nun die Erfolgswahrscheinlichkeit eines einzelnen Experiments und S sei die Anzahl der erfolgreichen Experimente. Damit ergibt sich als beobachtete Erfolgsquote $f = \frac{S}{n}$. Ohne Herleitung ist der Erwartungswert $E(f) = p$ und die Varianz $Var(f) = \frac{p(1-p)}{n}$. Im Allgemeinen ist es das Ziel, p zu bestimmen, da dieses meist unbekannt ist. Oft ist jedoch eher die Frage interessant, wie die Grenzen z gewählt werden müssen, sodass

$$P(-z \leq f \leq z) = c$$

gilt. Normiert man f , so kann man die Werte für z aus der Tabelle der Standardnormalverteilung ablesen. Es ergibt sich

$$P\left(-z < \frac{f - p}{\sqrt{p(1-p)n}} < z\right) = c,$$

was nun nach Umformung nach p die Grenzen für dieses liefert. Hierbei muss man beachten, dass n groß sein muss. Wie groß, da scheiden sich die Geister.

Wiederholt man nun ein Bernoulli-Experiment beliebig oft, so lässt sich auch die Wahrscheinlichkeit für eine bestimmte Folge von Ausgängen berechnen. Formal ergibt sich

$$\prod_{i=1}^n p^{y_i} (1-p)^{1-y_i}$$

wobei y_i den Ausgang des i -ten Experiments bezeichnet und nur die Werte 0 oder 1 annehmen kann. Das bedeutet, dass im Produkt am Ende pro Faktor entweder p oder $1-p$ steht. Da p jedoch meist unbekannt ist, kann man stattdessen $E(p) = \frac{\sum y_i}{n}$ verwenden, was im Prinzip ein *Maximum-Likelihood-Schätzer* für p ist. Und da es egal ist, ob man, wenn man p maximieren möchte, den obigen Ausdruck selbst, oder den Logarithmus davon berechnet, ergibt sich stattdessen die **Log-Likelihood-Funktion**

$$\sum_{i=1}^n y_i \log p + (1 - y_i) \log(1 - p).$$

Auch hier gilt, dass pro Summand vom inneren Term nur ein Summand übrig bleibt. Die Log-Likelihood-Funktion bietet den Vorteil, dass man nicht so viele Produkte berechnen muss, und das aufsummieren schneller geht.

1.10 Datenreduktion

Da wir in unserer heutigen Zeit eine Unmenge an Daten sammeln, ist es zum Teil nicht mehr möglich, die Daten roh zu verarbeiten bzw. zu analysieren. Deswegen kann es nötig werden, die Daten irgendwie zu verkleinern. Die grundsätzlichen Methoden hierfür sind

- **Numerosity Reduction** - Die Reduzierung der Anzahl der Datenobjekte
- **Dimensionality Reduction** - Die Reduzierung der Anzahl der Attribute
- **Diskretisierung** - Die Vergrößerung der Attributwerte

Im Folgenden werden wir die einzelnen Methoden etwas genauer betrachten.

1.10.1 Numerosity Reduction

Hier muss grundlegend zwischen zwei Arten von Verfahren unterschieden werden. Die einen sind *parametrische* Verfahren, die anderen *nichtparametrische*. Beim parametrischen Verfahren werden zunächst statistische Tests

auf den Datenbestand (oder nur einen Teil davon) angewandt, welche die Art der Verteilung liefern. Kann man nun annehmen, dass die Verteilung des Datenbestandes der einer bekannten Verteilung folgt, so braucht man sich lediglich die Parameter der bekannten Verteilung (z.B. Mittelwert und Varianz bei einer Normalverteilung) merken. Dass dies eine enorme Reduktion darstellt ist offensichtlich.

Die nichtparametrischen Verfahren treffen zunächst keinerlei Annahme über die Verteilung der Werte des Datenbestandes. Methoden zur Reduktion umfassen hier *Histogramme*, *Sampling* und *Clustering*. Histogramme wurden bereits weiter oben besprochen. **Sampling** bedeutet, dass nur ein möglichst repräsentativer Ausschnitt des Datenbestandes verwendet wird. Dies kann die Komplexität mancher Analysealgorithmen erheblich reduzieren. **Clustering** ist relativ selbsterklärend, setzt jedoch voraus, dass sich die Daten in Cluster aufteilen lassen. So kann man jedes Cluster am Ende für sich betrachten und muss nur die relevanten Clustereigenschaften, z.B. Anzahl der enthaltenen Datenobjekte, lineare Summe, square sum, etc., speichern, aus denen man dann Werte wie die Clustermitte oder -radius berechnen kann. Auf diese Methode wird in einem späteren Kapitel näher eingegangen.

1.10.2 Dimensionality Reduction

Feature Selection: Man kann Attribute, die unnötig sind, auch einfach weglassen. Dies setzt jedoch ein Wissen über die spezifische Domäne voraus. Hat man dieses Wissen nicht, müssen andere Maßstäbe angesetzt werden, z.B. welche Attribute lassen sich relativ gut mit anderen Attributwerten vorher-sagen, sprich wo liegt eine Abhängigkeit vor? Da es insgesamt 2^d mögliche Teilmengen von Attributen gibt (d ist die Mächtigkeit der Domain), können wir die Lösung oft nicht direkt explizit ausrechnen. Hier müssen Heuristiken zur Auswahl der Dimensionen angewandt werden, z.B. wird zuerst die *Vorhersagekraft* jedes Attributs ermittelt und nur die besten Attribute werden behalten, oder schrittweise Auswahl der miteinander am vorhersagekräftigsten Attribute bis man genügend hat, oder eine schrittweise Eliminierung der am wenigsten nützlichen Attribute.

Hauptachsentransformation: Auch Singulärwertzerlegung genannt, oder auf englisch Principal Component Analysis, Singular Value Decomposition oder Latent Semantic Indexing. Gegeben einem Datenbestand von N k -dimensionalen Datenobjekten: Finde nun $c \leq k$ orthogonale Vektoren, die den Datenbestand am besten repräsentieren. Lügen beispielsweise alle Datenpunkte im \mathbb{R}^2 auf einer Geraden durch den Ursprung, so würde es sich doch anbieten, die Gerade als neue Hauptachse zu nehmen und die andere Achse wegzulassen, da mit der Geraden bereits alle Datenobjekte beschrieben

werden. Dieser Fall ist natürlich komplett konstruiert; würden sich aber die Werte relativ nah um eine Gerade herum verteilen, so würde diese Gerade schon ausreichen.

Diese eher graphische Darstellung kann mit der Singulärwertzerlegung auch für Matrizen und höher-dimensionale Probleme angewandt werden. Da SVD eine äußerst wichtige Methode zur Datenreduktion und auch Analyse ist, wollen wir hier mit einem extensiveren Beispiel arbeiten, als es in der Vorlesung gegeben ist.

Tabelle 1: Ein Beispiel Datenbestand mit Filmbewertungen von verschiedenen Personen.

	Avengers	Dr.Strange	Ant.Man	Batman	Superman	Watchmen
Tony	10	9	8	1	0	0
Thor	10	10	7	0	0	1
Stephen	8	10	8	0	0	0
Scott	10	9	10	2	0	0
Bruce	1	0	0	10	9	8
Clark	2	0	0	9	10	9
Dr.Manhattan	1	0	0	7	7	10
Rorschach	0	0	0	9	8	10

Betrachten wir also zunächst Tablle 1. Man kann durchaus vermuten, dass die jeweiligen Superhelden die Filme aus ihrem eigenen Universum besser bewerten. Diese Werte lassen sich auch in Form einer Matrix A aufschreiben

$$A = \begin{bmatrix} 10 & 9 & 8 & 1 & 0 & 0 \\ 10 & 10 & 7 & 0 & 0 & 1 \\ 8 & 10 & 8 & 0 & 0 & 0 \\ 10 & 9 & 10 & 2 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 10 & 9 & 8 \\ 2 & 0 & 0 & 9 & 10 & 9 \\ 1 & 0 & 0 & 7 & 7 & 10 \\ 0 & 0 & 0 & 9 & 8 & 10 \end{bmatrix}$$

Für diese $m \times n$ -Matrix A mit Rang r gilt nun, dass sie sich immer Zerlegen lässt in

$$A = U\Sigma V^*$$

wobei U eine **unitäre** $m \times m$ -Matrix⁴, Σ eine reelle $m \times n$ -Matrix und V^* die **Adjungierte**⁵ einer **unitären** $n \times n$ Matrix V ist. Σ hat die spezielle Form,

⁴**Unitär** bedeutet, dass $U^H * U = I$, wobei U^H die Adjungierte ist.

⁵ **Adjungiert** ist die komplex-konjugierte Transponierte einer Matrix (die Reihenfolge der Operationen ist hierbei unerheblich).

dass sich auf den ersten r Diagonaleinträgen die **Singulärwerte**⁶ von A befinden, die auch durch A eindeutig bestimmt sind. Alle anderen Werte von Σ sind 0. Die Spaltenvektoren von U heißen **Links-Singulärvektoren** und die Spaltenvektoren von V heißen **Rechts-Singulärvektoren**. Das scheint erstmal wieder schrecklich viel Mathe zu werden. Es sollen aber im Endeffekt zunächst nur die Begriffe hängen bleiben. Fahren wir mit dem Anschaulichen fort. Lassen wir uns die Werte aus Tabelle 1 in einer Heatmap plotten, ergibt sich Abb. 5.

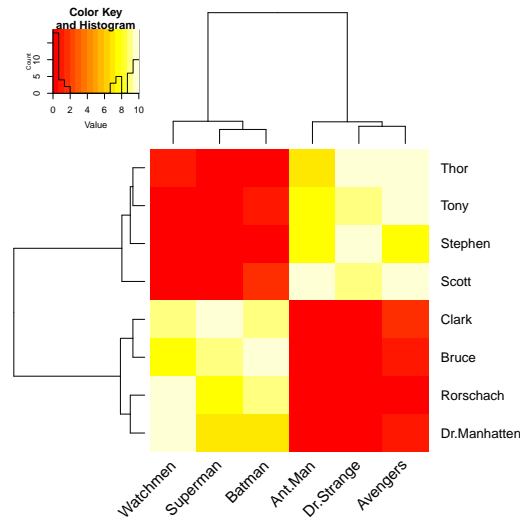


Abb. 5: Die Rohdaten als Heatmap.

Aus dieser Heatmap lässt sich einfach erkennen, dass es offensichtlich zwei Cluster gibt, nämlich die Marvel-Fans und die DC-Fans, welche die jeweils anderen hassen. Es gibt also zwei “Konzepte“, die den Datenbestand prägen. Damit kann es also durchaus interessant sein, die Anzahl der betrachteten Dimensionen auf ein Minimum zu reduzieren, ohne einen großen Informationsverlust in Kauf nehmen zu müssen. Hierfür ist die Singulärwertzerlegung zuständig. Wendet man in R auf obigen Datenbestand die $svd()$ -Funktion an, so ergibt sich

⁶Singulärwerte können als Streckung der Vektoren betrachtet werden.

$$\begin{aligned}
U &= \begin{bmatrix} -0.41 & 0.28 & -0.11 & -0.14 & -0.31 & 0.22 \\ -0.41 & 0.28 & 0.43 & -0.44 & -0.07 & 0.36 \\ -0.38 & 0.29 & 0.16 & 0.09 & 0.75 & -0.36 \\ -0.44 & 0.29 & -0.43 & 0.50 & -0.31 & -0.19 \\ -0.29 & -0.41 & -0.47 & -0.14 & 0.26 & 0.46 \\ -0.32 & -0.42 & -0.18 & -0.51 & -0.11 & -0.59 \\ -0.26 & -0.37 & 0.55 & 0.26 & -0.35 & -0.16 \\ -0.28 & -0.43 & 0.18 & 0.43 & 0.21 & 0.28 \end{bmatrix} \\
\Sigma &= \begin{bmatrix} 32.43 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 \\ 0.00 & 29.87 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 \\ 0.00 & 0.00 & 3.36 & 0.00 & 0.00 & 0.00 \\ 0.00 & 0.00 & 0.00 & 2.32 & 0.00 & 0.00 \\ 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 1.82 & 0.00 \\ 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 0.00 & 1.01 \end{bmatrix} \\
V &= \begin{bmatrix} -0.52 & 0.31 & -0.04 & -0.44 & -0.65 & 0.13 \\ -0.48 & 0.37 & 0.30 & -0.13 & 0.68 & 0.26 \\ -0.42 & 0.32 & -0.27 & 0.64 & -0.03 & -0.49 \\ -0.35 & -0.45 & -0.53 & 0.22 & 0.06 & 0.58 \\ -0.30 & -0.47 & -0.21 & -0.49 & 0.25 & -0.58 \\ -0.34 & -0.50 & 0.71 & 0.30 & -0.22 & -0.03 \end{bmatrix}
\end{aligned}$$

Wenn wir uns nun Σ etwas näher anschauen, stellen wir fest, dass es zwei große Werte gibt, nämlich σ_1 und σ_2 , und die anderen Werte eher schwach ausfallen. Dies zeigt uns, dass die einzigen wirklich aussagekräftigen Werte σ_1 und σ_2 sind und wir die übrigen vernachlässigen können. Dies geschieht, indem alle anderen σ gleich 0 gesetzt werden, wodurch bei der Multiplikation $U\Sigma V^*$ die rechten Spalten von U und die unteren Zeilen von V^* effektiv wegfallen. Am Ende kommt eine Art Approximation \tilde{A} von A heraus mit

$$\tilde{A} = \begin{bmatrix} 9.45 & 9.39 & 8.20 & 0.78 & 0.03 & 0.25 \\ 9.47 & 9.42 & 8.22 & 0.79 & 0.04 & 0.26 \\ 9.04 & 9.03 & 7.88 & 0.37 & -0.34 & -0.16 \\ 10.12 & 10.03 & 8.75 & 1.11 & 0.30 & 0.56 \\ 1.04 & -0.01 & 0.02 & 8.92 & 8.66 & 9.34 \\ 1.40 & 0.31 & 0.29 & 9.30 & 9.00 & 9.71 \\ 0.94 & -0.00 & 0.02 & 7.99 & 7.75 & 8.36 \\ 0.67 & -0.38 & -0.31 & 8.92 & 8.69 & 9.36 \end{bmatrix}$$

Wie man sehen kann, sind die Werte dieser Approximation relativ nahe an den echten Werten von A dran.

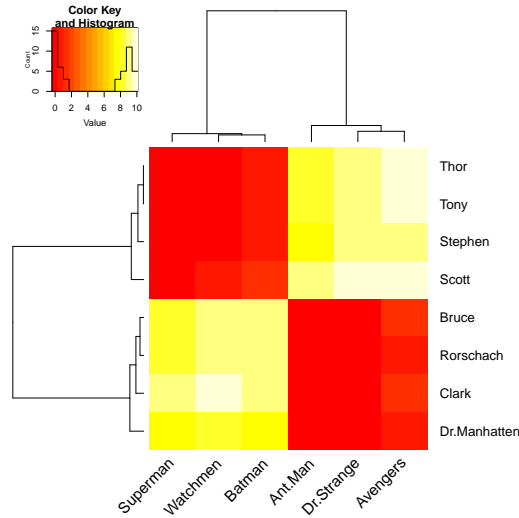


Abb. 6: Die Heatmap für die Approximation mit reduzierten Daten.

Die Heatmap in Bild 6 zeigt, dass durch die Singulärwertzerlegung die Struktur der Daten weitestgehend erhalten geblieben ist.

Es sei an dieser Stelle ein Wort der Warnung gegeben: Sollten weitere Datensätze hinzukommen, die sich nicht so einfach den einzelnen Clustern zuordnen lassen, wie z.B. die Gottheiten aus Lovecrafts Geschichten, die weder an Marvel noch an DC besonderen Gefallen finden, so wird die Interpretation der erhaltenen Matrizen sehr schnell schwierig und die Werte für die Singulärwerte sind auch weitaus weniger eindeutig. Es ist also im Allgemeinen nicht so einfach, passende Werte zu finden, die die Struktur des Datenbestandes treffend wiedergeben.

1.10.3 Diskretisierung

Okay, wir halten uns kurz. **Entropiebasierte Diskretisierung:** Wir teilen unseren Datenbestand S auf in kleinere Partitionierungen. Wo genau wir aber die Intervallsgrenzen am besten setzen, verrät uns die **Entropie des Splits**:

$$Entropie_{split}(S, T) = \frac{|S_1|}{|S|} Entropie(S_1) + \frac{|S_2|}{|S|} Entropie(S_2)$$

Hierbei ist T der Schwellenwert für den Split. Diesen gilt es effizient zu wählen. Natürlich lässt sich das auch für mehr als 2 Partitionen machen. Optimal ist unsere Partitionierung, wenn obige Funktion minimiert wird. Die Berechnung wird rekursiv durchgeführt, bis irgendein Abbruchkriterium erfüllt ist.

Grundsätzlich kann man zwischen *top-down* und *bottom-up* Verfahren bei der Diskretisierung unterscheiden, die dann entweder Split- oder Merge-basiert

arbeiten. Hat man z.B. bereits eine Partitionierung kleinen Intervalls, hat jedoch zu viele Partitionen, ist es sinnvoll, gut zusammenpassende Intervalle zu einem größere zusammenzufassen. Ein passender Algorithmus wäre der s.g. **Chi-Merge**, der darauf beruht, dass der χ^2 -Test auf den einzelnen Intervallen Zusammenhänge zwischen den Verteilungen der Intervallnachbarn aufdeckt, und diese bei Übereinstimmung zusammenfügt. Dieser Algorithmus läuft ebenfalls so lange, bis irgendein Abbruchkriterium erfüllt ist. Wir werden nicht näher auf ihn eingehen, **R** und andere Statistik Software können das auch so berechnen.

2 Informatik Grundlagen

2.1 Indizierung allgemein

Bei großen Datenbeständen ist es nicht mehr möglich, die gesamten Daten in den Arbeitsspeicher unseres Rechners zu laden. Zugriffe auf die Daten sind jedoch nur vom Arbeitsspeicher aus möglich, wodurch die Daten erst vom Hauptspeicher (z.B. Disk, HDD, etc.) in den RAM geladen werden müssen, was eine relativ teure Operation ist. Kommt es hier zu Verzögerungen, so bezeichnet man diese als *Zugriffslücken*.

Daten im Hauptspeicher liegen zumeist nicht als einzelne Objekte vor, sondern als ganze *Seiten*. Will man nun auf ein Objekt a auf Seite A zugreifen, so muss die gesamte Seite mit allen ihren enthaltenen Elementen mit in den RAM geladen werden.

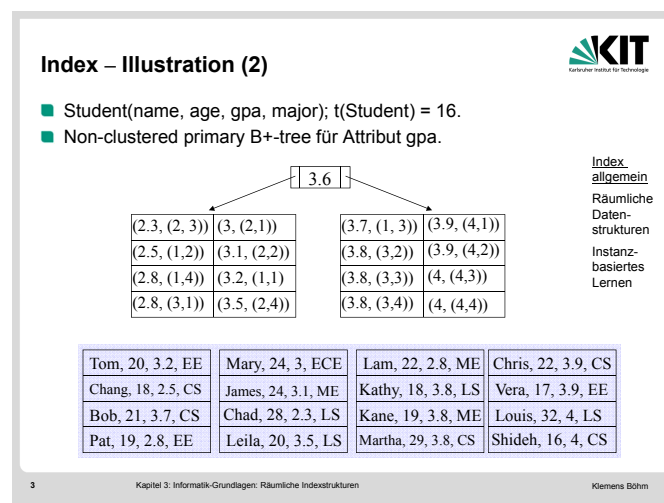


Abb. 7: Beispiel für Indizierung eines Seitenweise angeordneten Datenbestandes ⁷

Dies kann nun ausgenutzt werden, um den Zugriff auf die Daten zu vereinfachen. Betrachten wir das Beispiel in Bild 7. Würde man hier z.B. alle Leute mit einem Notendurchschnitt besser als 3.6 ausgeben wollen, müssten aufgrund der fehlenden Sortierung alle Seiten einzeln in den Arbeitsspeicher geladen werden, um sich die richtigen Kandidaten herausuchen zu können; das Problem steigt also linear mit der Anzahl der Seiten. Liegt hingegen

⁷3. Foliensatz, S.3, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

ein **Index** vor, hier in Form eines Suchbaumes, so kann die Suche erheblich vereinfacht werden. Dieser Baum ist dahingehend zu verstehen, dass der erste Eintrag eines Tupels die Note bezeichnet, nach welcher der Index aufgebaut ist, und der zweite Eintrag gibt die Seite und die Position auf der Seite des Datensatzes an. Sucht man nun hier nach allen Leuten, mit einem Notenschnitt besser als 3.6, so erkennt man leicht, dass wir im Baum einfach nach links absteigen müssen. Damit erhalten wir bereits alle Seiten, die wir in unseren Arbeitsspeicher laden müssen. Ein effizienteres Beispiel wäre es, wenn wir direkt nach einer bestimmten Note fragen. Würden wir uns also für den größten Streber interessieren, so müssten wir im Baum lediglich nach links absteigen und den ersten Eintrag betrachten. Dieser liefert uns, dass auf Seite 2 an Stelle 3 der Streber #1 steht. Ohne Index hätten wir alle Seiten in den RAM laden müssen, um sicher zu gehen, dass nicht auf der letzten Seite jemand mit einer 1.0 auftaucht.

Diese Indizierung ist natürlich auch für **mehrere Attribute** möglich. Oben kommt die Note 3,8 mehrfach vor. Sortieren wir zusätzlich auch nach dem Namen, erhalten wir eine eindeutigere Indizierung. Es gilt zu beachten, dass eine Sortierung $(gpa, name)$ im Allgemeinen nicht $(name, gpa)$ gleicht.

2.2 Räumliche Indexstrukturen

2.2.1 Normalisierung

Betrachten wir nun Datenbestände mit mehreren Dimensionen. Möchte man hier die Ähnlichkeit von zwei Datensätzen bestimmen, so wäre ein naiver Ansatz, einfach die Distanz zwischen den beiden Punkten im n -dimensionalen Raum zu berechnen. Ein Problem ergibt sich jedoch daraus, dass mit der einfachen Berechnung des Abstandes zweier Punkte der sich ergebende Wert mit der Anzahl der Dimensionen automatisch mitwächst. Deswegen ist eine Normalisierung nötig. Im zwei-dimensionalen Raum mit jeweils unterschiedlichen Einheiten würde dies mittels

$$a_i = \frac{v_i - \min v_j}{\max v_j - \min v_j}$$

geschehen, wobei v_i ein Wert aus dem betrachteten Tupel ist (ob es der erste oder zweite Wert ist, spielt keine Rolle, beide werden gleich normiert) und v_j ein anderer Wert aus dem Wertebereich ist. Die Notation ist tatsächlich nicht schön.

Diese Normierung trägt zwar den Unterschieden in den Einheiten der Dimensionen Rechnung (z.B. Alter und Einkommen), jedoch noch nicht der Anzahl der Dimensionen. Würde man nun einfach den Abstand der Punkte

berechnen, ergäbe sich mit

$$d(x_1, x_2) = \sum_{i \in D} |x_{1,i} - x_{2,i}|$$

die sogenannte *Manhattan Distance*. Mit dieser Formel ist die Abhängigkeit des Abstands von den Dimensionen eindeutig. Um diese nun auch zu normieren, gibt es die **Manhattan Segmental Distance** mit

$$d_D(x_1, x_2) = \frac{\sum_{i \in D} |x_{1,i} - x_{2,i}|}{|D|}$$

wobei $|D|$ die Anzahl der Dimensionen ist.

2.2.2 k-dimensionale Bäume

Das Konzept von kd-Bäumen ist einfach erklärt. Man nehme eine Dimension und suche sich den Punkt, bei welchem die Hälfte der Datensätze jeweils auf beide Seiten verteilt ist. Nun nehme man die nächste Dimension, und wiederholt das Ganze. Dieses Spiel wird nun so lange getrieben, bis man entweder jeden Punkt eindeutig durch einen Pfad beschrieben hat, oder in jedem Blatt nur noch ein gewisse (geringe) Anzahl an Elementen liegt. Auf diese Weise kann man Punkte durch Traversieren des Baumes sehr leicht auffinden. Auch sind Bereichsanfragen möglich. Im 2D-Raum würde dadurch eine Art "Raster" entstehen. *Bereichsanfragen* sind möglich, indem man prüft, ob der Raum, den man abfragt eine Überlappung mit dem Split des aktuellen Knotens hat, oder nicht. Fall der Bereich nur in eine Hälfte des Splits fällt, dann kann man einfach in diesen Teilbaum absteigen und den anderen Teilbaum vernachlässigen. Fällt ein Split jedoch in den Bereich der Anfrage, so muss man in beide Teilbäume absteigen, um alle Elemente in diesem Bereich finden zu können. Die *Nächster Nachbar Anfragen* haben den Vorteil, dass nicht jeder Datenpunkt einzeln verglichen wird, sondern nur die von bestimmten Zonen, die durch den kd-Baum gegeben sind. In Algorithmus 1 ist ein beispielhafter Algorithmus für eine NN-Anfrage mit einem kDB-Baum gegeben.

Die genaue Berechnung der Distanzen des Anfragepunktes zu den Zonen ist im Einzelnen zu implementieren, je nach gegebenem Fall.

2.2.3 Objekte mit räumlicher Ausdehnung

Im Folgenden sollen die zu untersuchenden Objekte nicht nur lediglich durch Punkte dargestellt werden, sondern auch durch höher-dimensionale Objekte. Diese Objekte können z.T. nicht regelmäßig sein, was die Arbeit mit

Algorithmus 1 : Algorithmus für eine NN-Anfrage mittels eines kDB-Baumes.

```

input   : K-D-B-Tree, Query
Queue := new Priorityqueue()
Region := Root
Distance := Dist(Region, Query)
Enqueue(Queue, Distance, Region)

while true do
    Element = Dequeue(Queue)
    if Element is object then
        | return Element
    else
        if Element is leaf then
            | forall objects in Element do
            |     Distance = Dist(object, Query)
            |     Enqueue(Queue, Distance, object)
            | end
        else
            | forall Child of Element do
            |     Distance = Dist(Child, Query)
            |     Enqueue(Queue, Distance, Child)
            | end
        end
    end
end

output : Nearest Neighbor

```

diesen Objekten deutlich erschweren kann. Deswegen können diese durch die so genannten *Minimum Bounding Rectangles* approximiert werden, welche man sich als Box kleinster Ausdehnung vorstellen kann, die das Objekt noch umfasst. Mit solchen Objekten stellt sich für Punktanfragen die Frage, in welche der Objekte (Rechtecke) der Punkt fällt. Die Rechtecke können sich durchaus auch überschneiden und überlappen und sie werden durch eine bestimmte Menge an Punkten beschrieben. Im 2-dimensionalen sei dies (*links*, *rechts*, *unten*, *oben*), also x-Position links /rechts und y-Position oben / unten.

Auch hier lässt sich der Raum an bestimmten Werten splitten und als Baum repräsentieren. Im 2-dimensionalen Fall würde man also nach den

einzelnen Seiten der Rechtecke splitten. Der Unterschied zu normalen kd-Bäumen besteht hierbei jedoch darin, dass, wenn der zu suchende Punkt zum Beispiel einen größeren x-Wert aufweist, als der aktuelle Schwellenwert für die linke Seite, man nicht nur in den rechten Teilbaum absteigt, sondern man in beide absteigen muss. Insbesondere gilt es zu beachten, dass dies jeweils für die zu untersuchende Seite der Rechtecke gilt, d.h. würde man nun nach dem x-Wert der rechten Seite unterscheiden, so müsste man in beide Teilbäume absteigen, wenn der Wert des zu suchenden Punktes kleiner als der Schwellenwert wäre. Entsprechendes gilt auch für die oberen und unteren Seiten.

2.2.4 Optimierung kd-Bäume

Zunächst eine Klarstellung: *Physische Knoten* sind die Seiten auf dem Speichermedium, *Logische Knoten* sind die Knoten des Baumes. Nach dieser Interpretation ist es durchaus möglich, dass ein physischer Knoten mehrere logische Knoten enthalten kann. Es wäre auch verschwenderisch, jeden logischen Knoten durch eine Seite im Speicher zu repräsentieren. Die kompakte Darstellung der Knoten erlaubt es, mehrere logische Knoten auf einer Seite zu speichern.

Außerdem kann es durch die Wahl der Splits zu einem sehr unbalancierten Baum kommen. Effizienter wären die Anfragen dann, wenn der Abstand der einzelnen Datenpunkte zur Wurzel immer gleich wäre, der Baum also balanciert ist. Hierfür nutzen wir aus, dass ein physischer Knoten auch mehrere logische Knoten enthalten kann, und damit in Folge auch mehrere logische Regionen enthalten kann. Logische Regionen sind bestimmte Wertebereiche der Datenpunkte.

In Abb. 8 ist beispielhaft ein so genannter kdB-Baum dargestellt. Die verschiedenen logischen Regionen sind farblich gekennzeichnet. Sie entsprechen einfach dem Beispiel des kd-Baums aus der Vorlesung. In einem kd-Baum haben die Knoten die Splitdimensionen dargestellt, hier stellen die Knoten jetzt verschiedenen logischen Regionen dar. Diese logischen Regionen müssen nicht unbedingt den elementaren Partitionen (also den einzelnen Farben) entsprechen, sondern können auch mehrere zusammenfassen. Dadurch geben die Knoten, wenn man sie als logische Hierarchie auffasst, nicht die Partitionierungsstruktur wieder, wie es der kd-Baum getan hat. Die einzelnen Knoten, bzw. ihre Elemente (z.B. (0,0,6,6)) beschreiben nun aber einen größeren Ausschnitt des Raumes, und das auf kompakte Weise. Der Baum der entsteht ist augenscheinlich balanciert; nutzt man diese Balance aus, indem man nun

⁷3. Foliensatz, S.24, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

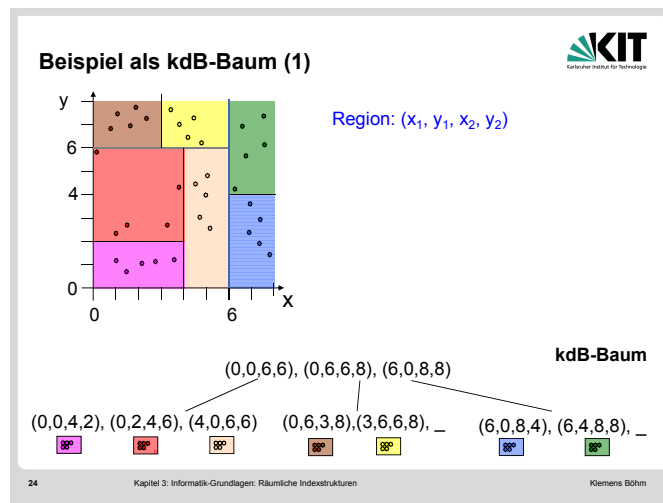


Abb. 8: Optimierung eines kd-Baumes durch Kombination mit einem B*-Baum

den einzelnen Knoten ihre eigenen physischen Seiten im Speicher zuweist, so ergibt sich eine balancierte Suchstruktur auf Speicherebene. Das ermöglicht eine verbesserte Performance. Für die Prüfung sollte man wohl lediglich die Vor- und Nachteile eines kdB-Baumes kennen.

Vorteile	Nachteil
Abstand Daten und Wurzel immer gleich	Komplexe Reorganisation
Pro physischem Knoten genau eine Speicherseite	
Effizienterer Zugriff	

2.2.5 R-Baum

Der **R-Baum** ist eine ebenfalls balancierte Indexstruktur, die schnelle Suche nach und auf Objekten mit räumlicher Ausdehnung erlauben. Realisiert wird dies, indem in den Blattknoten nur die Datenobjekte enthalten sind und in den übrigen Knoten so genannte *minimum bound rectangles* gespeichert werden. Diese Rechtecke enthalten alle im darunter liegenden Teilbaum befindlichen Datenobjekte. Datenobjekte können entweder Datenpunkte, rechteckige Berei-

che oder Polygone sein, wobei letztere meist durch ein Rechteck approximiert werden.

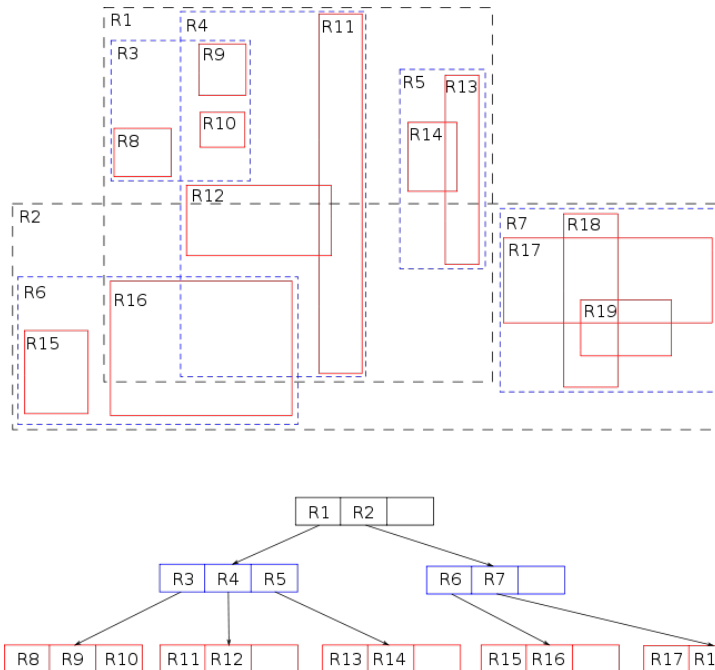


Abb. 9: Beispiel für einen R-Baum und Visualisierung der räumlichen Indizierung.⁸

Der Vorteil eines R-Baums besteht darin, dass bereichsspezifische Anfragen effizient beantwortet werden können, ob z.B. der Anfragebereich in einem bestimmten Rechteck enthalten ist, oder welche Rechtecke im Anfragebereich liegen. Auch die NN-Anfrage kann effizient bearbeitet werden, sofern die Distanzen in Rechtecke umgewandelt werden können. Außerdem ist ein R-Baum *dynamisch*, er kann also laufend aktualisiert und erweitert werden. Beim *Einfügen* kann im Wesentlichen zwischen 3 Fällen unterschieden werden.

- Punkt fällt in Zone **genau eines Kind-Knotens**: Es wird einfach naiv in den entsprechenden Knoten eingefügt.
- Punkt fällt in **Überlappung** von 2 Kindknoten: Optimale Entscheidung ist sehr schwierig zu treffen bis unmöglich ohne weitere Hinweise.
- Punkt fällt **außerhalb** jeder Zone: Es wird der Punkt in den Knoten

⁸<https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/6/6f/R-tree.svg>

⁹<https://upload.wikimedia.org/wikipedia/commons/5/57/RTree-Visualization-3D.svg>

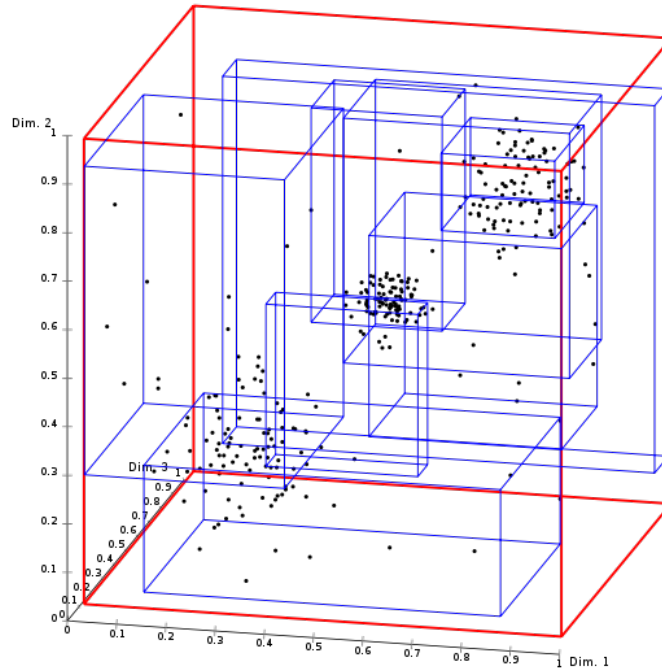


Abb. 10: Beispiel für einen 3D-R-Baum.⁹

eingefügt, durch den die Vergrößerung der Rechtecksflächen minimal bleibt.

Beim Einfügen kann es nun passieren, dass irgendwann in einem Blattknoten zu viele Kinder enthalten sind. Um dem entgegenzuwirken gibt es den **LinearSplit**, welcher zunächst alle Datenobjekte in dem betroffenen Blatt auf ihre Distanz zueinander untersucht und das Paar mit dem größten Abstand auswählt. Die beiden gewählten Objekte dienen nun jeweils als Ausgangspunkt für die Erzeugung der beiden neuen Blätter. Es werden die übrigen Objekte nun derart auf die neuen Blätter verteilt, dass der Zuwachs der Fläche jeweils möglichst gering ausfällt. Da die Reihenfolge der Betrachtung der Blätter nicht fest vorgeschrieben ist, kann es bei mehreren Durchläufen des selben Splits zu unterschiedlichen Ergebnissen kommen. Es sei angemerkt, dass es noch weitere Ansätze für den Split gibt, die jedoch aufgrund ihrer quadratischen bzw. exponentiellen Laufzeit in der Mächtigkeit der Menge der Datenobjekte und dem nur geringen Qualitätszuwachs des Ergebnisses in der Realität fast nie Anwendung finden. Im Übrigen sind auch R-Bäume nicht vom Fluch der Dimensionalität befreit. Durch zu viele Dimensionen kommt

es zu immer häufigeren Überlappungen der Objekte, wodurch die Effizienz der Suche stark leidet, da nun nicht mehr eindeutig ist, in welchen Teilbaum man absteigen muss.

Als Schlusswort zum R-Baum wie zu allen oben genannten Indexstrukturen lässt sich festhalten, dass sie alle nur einen Kompromiss darstellen. Zwar wird das Auffinden der Datenobjekte durch die Indizierung erheblich effizienter, die Verwaltung und die Aktualisierung der Strukturen ist jedoch um einiges komplexer als das naive Speichern der Daten. Im Gegenzug für die höheren Anforderungen an Speicherverbrauch und Rechenzeitbedarf bei Änderungen erhält man meist sehr effiziente Zeiten bei Suchanfragen.

2.3 Instanzbasiertes Lernen

Das **Instanzbasierte Lernen** ist im Maschinellen Lernen ein Verfahren, dem das Prinzip der *NN-Anfrage* zugrunde liegt. Bei anderen Methoden des Maschinellen Lernens geht es zumeist darum, dass mit Hilfe eines Trainingsdatenbestandes ein Modell erzeugt wird, dass zur Vorhersage der Klasse eines unbekannten Objektes verwendet wird. Beim Instanzbasierten Lernen, auch "Lazy Learning", entfällt dieser Schritt, denn es wird beim Untersuchen eines unbekannten Objektes der Trainingsdatenbestand direkt zu Rate gezogen. Das heißt, es wird mit dem neuen Objekt eine NN-Anfrage auf dem Trainingsdatenbestand ausgeführt, und das Ergebnis bestimmt dann die Klasse des neuen Objektes. Offensichtlich kann es durch Rauschen im Trainingsdatenbestand zu Fehlentscheidungen kommen, wenn lediglich der nächste Nachbar gesucht wird. Eine *k-NN-Anfrage* kann hierbei Abhilfe verschaffen, da nun die *k* nächsten Nachbarn untersucht werden und damit das Rauschen herausgefiltert werden kann.

Der Vorteil von Instanzbasiertem Lernen liegt darin, dass der hohe und komplizierte Arbeitsaufwand für die Modellerstellung entfällt. Dafür muss jedoch bei jeder Entscheidung eine NN-Anfrage auf dem Trainingsdatenbestand ausgeführt werden, was signifikant ineffizienter ausfällt, als Modellentscheidungen. Dafür kann jedoch auch gut mit sich ändernden Datenbeständen umgegangen werden, indem einfach schnell der Trainingsdatenbestand angepasst wird. Außerdem hat jedes Attribut den gleichen Einfluss auf das Resultat. Bei Modellbasiertem Lernen können die Attribute unter Zunahme von Domänenwissen priorisiert werden. Ganz pragmatisch sei hier die Kostenabschätzung für ein zu bauendes Haus genannt: Faktoren wie die Anzahl der Stockwerke und Unterkellerung haben offensichtlich einen größeren Einfluss auf die Kosten als die Lage und Größe des Grundstücks.

Die Anwendung eines Suchbaumes als Indizierung für den Trainingsdatenbestand ist hierbei unumgänglich. Auch hier kann es jedoch zu den üblichen

Problemen bei zu hoher Dimensionalität kommen. So kann es bei Indexstrukturen über hochdimensionierte Daten zu Problemen mit der Aussagekraft der Distanzwerte kommen oder es kann aufgrund der Anzahl der Dimensionen zu viele Partitionsmöglichkeiten geben.

3 Klassifikation mit Entscheidungsbäumen

3.1 Attribute vs. Features

Im Folgenden sei unser Trainingsdatenbestand T beschrieben durch

$$T = \{(A, l_i)\}$$

wobei A eine Menge von Attributen und $l_i \in L$ ein Label / die Klassenzugehörigkeit des Datenobjektes ist. Betrachten wir nun als Beispiel die Daten der Überwachung eines Schiffsmotors hinsichtlich der Temperaturen. So könnte man die Temperaturen zu unterschiedlichen Zeiten messen, um daraus zwei Klassen “Motor läuft in 5 Minuten noch“ und “Motor ist in 5 Minuten kaputt“ zu bilden. Wenn nun eine neue Temperaturmessung erfolgt, soll also vorhergesagt werden, wie der Status des Motors in 5 Minuten sein wird. Dabei sind die einzelnen Temperaturen an sich jedoch nicht sonderlich aussagekräftig. Es wäre z.B. viel interessanter zu wissen, ob baugleiche Zylinder zum selben Zeitpunkt sehr unterschiedliche Temperaturen aufweisen, was auf eine Fehlfunktion hinweisen kann. Auch der Temperaturanstieg innerhalb der letzten 5 Minuten wäre interessant zu wissen. Abstrakt handelt es sich hierbei um Funktionen, die die Attribute auf andere Werte abbilden. Diese Werte sind die sogenannten *Features* (Merkmale). Es sind also diese Features, die für die Klassifikation neuer Messungen wichtig sind. Angenommen $|A| = 2$ o.B.d.A.; damit ergibt sich unser neuer Trainingsdatenbestand T' zu

$$T' = \{(f_1(x_1, y_1), f_2(x_1, y_2), \dots, f_1(x_2, y_2), f_2(x_2, y_2), \dots), \}$$

wobei f_i das i -te Feature ist.

3.2 Binäre Entscheidungsbäume

Ein einfaches Mittel zur Klassifikation sind binäre Entscheidungsbäume. Basierend auf dem Trainingsdatenbestand wird der Baum erstellt, wobei in den Knoten jeweils eine Abfrage an die Attribute oder Features erfolgt. Am Ende muss jedes Datenobjekt auf eines der Blätter abgebildet werden können. Hat man dies getan, wird die Klassenzugehörigkeit des Blattes durch das größte Klassenvorkommen der auf das Blatt abgebildeten Datenobjekte bestimmt.

Es spielt eine wichtige Rolle, wie die Splitwerte in den einzelnen Knoten gewählt werden, da es sonst zu einem Baum kommen könnte, in dem jedes Blatt seine Klassenzugehörigkeit nur mit sehr geringem Vorsprung erhalten

¹⁰<https://upload.wikimedia.org/wikipedia/de/6/63/Entscheidungsbaum.svg>

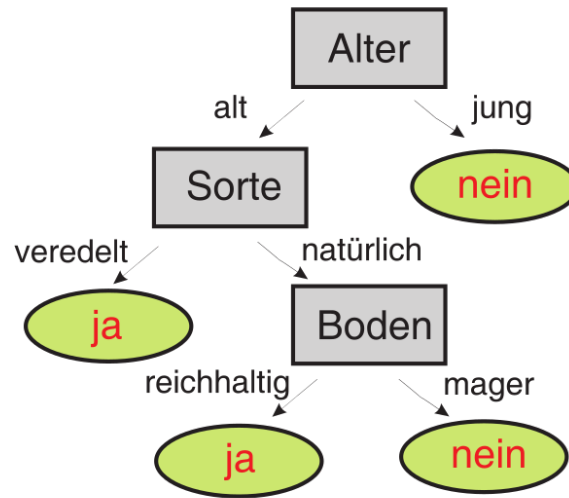


Abb. 11: Beispielhafter Entscheidungsbaum über die voraussichtliche Fruchtbarkeit eines Apfelbaumes.¹⁰

hat. Hier hilft uns das Konzept der Entropie weiter: Die Splitwerte werden am besten so gewählt, dass die Entropie möglichst gering ausfällt, da dann die Heterogenität der Verteilung der Datenobjekte auf die Blätter am größten ist, der Baum also zutreffendere Vorhersagen erstellen kann. Hierfür sei

$$E(S_1, S_2) = \frac{n_1}{n} E(S_1) + \frac{n_2}{n} E(S_2)$$

die **Entropie des Splits**. Hierbei werden also die Entropien der beiden Teile gewichtet aufsummiert; n ist die Anzahl der Datenobjekte.

Ein grundlegendes Problem beim algorithmischen Erstellen eines Entscheidungsbaums ist das so genannte **Overfitting**. Hierbei werden so lange neue Entscheidungsregeln erstellt, bis der Fehler bei der Klassifikation des Trainingsdatenbestandes minimal wird, was jedoch zu einer Erhöhung der Fehlerrate bei den echten Datenbeständen führen kann. Der Entscheidungsbaum ist also so speziell an den Trainingsdatenbestand angepasst, dass er schon keine anderen Daten mehr richtig klassifizieren kann. Es kann also nötig sein, den “Entscheidungsbaum ein wenig zu stutzen“, was auf Neudeutsch “**Pruning**“ genannt wird. Hierbei kann im Wesentlichen zwischen zwei Methoden unterschieden werden.

Beim **Pre-Pruning** wird das “Wachsen“ des Baumes verhindert, indem bei der Erstellung der Kindknoten geprüft wird, wie viel der Split einer weiteren Dimension noch bringt.

Bei der gängigeren Variante, dem **Post-Pruning** wird zunächst der gesamte Entscheidungsbaum aufgebaut, und danach “zurückgeschnitten“. Hierfür ist es zunächst notwendig, den verfügbaren Datenbestand in einen Trainingsteil und einen Testteil zu unterteilen. Mit dem Trainingsteil wird zunächst der Baum komplett aufgebaut, danach wird die Fehlerrate anhand des Testbestandes gemessen. Nun wird sukzessiv ein Knoten nach dem anderen entfernt und jeweils die neue Fehlerrate mit den Testdaten bestimmt. Die Knoten, deren Entfernung zu einem Sinken der Fehlerrate führen, werden damit endgültig ausgeschlossen. Dies wird so lange durchgeführt, bis keine Verbesserung der Fehlerrate mehr feststellbar ist. Dieses Verfahren erzeugt im Allgemeinen die kleinste Version des Entscheidungsbaumes, benötigt jedoch immer einen Testdatenbestand.

Anstelle von einer klaren Klasseneinteilung der Blätter ist es im Allgemeinen nützlicher, stattdessen mit Wahrscheinlichkeiten zu arbeiten. So könnte in einem Entscheidungsbaum in den Blätter statt den Klassen eher die Wahrscheinlichkeit der Zugehörigkeit zu einer Klasse angegeben werden, wenn ein Objekt nach Traversieren des Baumes an diesem Blatt ankommt. Hierfür kann die relative Häufigkeit der häufigsten Klasse des Blattes genommen werden. Dies Vorgehen ist jedoch im Allgemeinen statistisch wenig signifikant und sollte mit Mitteln, die in späteren Kapiteln vorgestellt werden, ergänzt werden.

3.3 Kosten beim Lernen


Es gibt im Grunde zwei Fehlerarten, die auftreten können: **False Positives** und **False Negatives**. Im Anwendungskontext ist es oft der Fall, dass der eine Fehler schlimmere Folgen nach sich zieht als der andere. So kann im Bankenwesen bei der Bewertung der Kreditwürdigkeit von Kunden ein False Positive (Classifier sagt “Guter Kunde“, obwohl Kunde in Wirklichkeit kreditunwürdig ist) zu viel höheren Verlusten führen, als ein False Negative (Missed chance). Salopp formuliert sollte ein Classifier in diesem Kontext also genau darauf achten, wann er “Guter Kunde“ voraussagt.

Gegeben einen Entscheidungsbaum mit 2 Klassen YES und NO. Ein False Positive sei nun ein sehr teurer Fehler (Faktor 10). Dann wollen wir unseren Entscheidungsbaum besonders darauf trainieren, NO-Objekte richtig zu identifizieren. Dies kann nun dadurch erreicht werden, dass es 10-mal mehr NO-Instanzen in unserem Trainingsdatenbestand gibt als YES-Instanzen.

Eine andere Möglichkeit, Kosten einzusparen, besteht darin, Wahrscheinlichkeiten zu verwenden. Liefert unser Classifier nun beispielsweise mit 70% ein NO für ein NO-Objekt, während die Kosten für ein False Positive 10 betragen, dann ergeben sich die erwarteten Kosten zu $0.3 * 10 = 3$ für diese Art

von Fehler. Mit dieser Darstellung lässt sich nun auch beobachten, dass das wahrscheinlichste Ergebnis nicht auch die beste Wahl für die Klassifikation ist.

**Kombination
Wahrscheinlichkeiten und Kosten (1)**



- Auf ersten Blick vielleicht unintuitiv:
Wahrscheinlichste Vorhersage i. Allg. nicht die beste!
- Beispiel (Fortsetzung des Bankbeispiels):
 - False Positive („Pleittier als Kunde“) kostet 100, Miss kostet 0.
True Positive („guter Kunde richtig erkannt“) bringt 10,
False Negative („Pleittier richtig erkannt“) kostet 0.
 - Potentieller neuer Kunde: Mit 51% WS guter Kunde
gemäß unseres Classifiers, mit 49% WS schlechter Kunde.
 - Ist Vorhersage ‚guter Kunde‘ eine gute Idee?
 - Erwarteter Gewinn $R(\text{gut} \mid \text{vorhergesagt} \mid x) = 0,51 \cdot 10 + 0,49 \cdot (-100) = -43,9$
 - Vorhersage ‚schlechter Kunde‘ hingegen:
Erwarteter Gewinn $R(\text{schlecht} \mid \text{vorhergesagt} \mid x) = 0$

27 03.11.2016
Kapitel 4: Entscheidungsbäume
Klemens Böhm

Abb. 12: Beispiel für den Fall, dass die wahrscheinlichste Vorhersage nicht auch die geringsten Kosten mit sich bringt. ¹¹

In Abb. 12 lässt sich dies gut nachvollziehen. Damit kann man die Kosten und Wahrscheinlichkeiten in einer Formel miteinander verbinden zu dem *Conditional Risk*

$$R(i|x) = \sum_j P(j|x) * Cost(i, j),$$

wobei j die tatsächliche Klasse und i die vorhergesagt Klasse beschreibt.

3.4 NULL-Werte

NULL-Werte können von besonderer Bedeutung für die Analyse der Daten sein. So kann ein fehlender Eintrag des Abiturdatums bedeuten, dass der Proband keine höhere Bildung genossen hat. Es kann also nützlich sein, eine Unterscheidung auch für NULL-Werte einzuführen. Bei der Erstellung des Baumes werden bei den Splitkriterien die Werte, die in dem abgefragten Attribut einen NULL-Wert haben gewichtet die jeweiligen Teilbäume hinabgeschickt und gehen dann damit am Ende auch nur gewichtet in die Entscheidungen in den jeweiligen Blättern ein. Diese Gewichtung geschieht

¹¹4. Foliensatz, S. 27, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

entsprechende der Anzahl der Objekte, die einen Wert in dem Attribut vorweisen und nach links bzw. rechts absteigen, also sind die beiden Gewichte für die NULL-Objekte $\frac{n_1}{n_1+n_2}$ und $\frac{n_2}{n_1+n_2}$.

4 Evaluation von Datenanalyseverfahren

4.1 Training und Testing

Es ist üblich, den verfügbaren Datenbestand in einem 2:1 Verhältnis aufzuteilen, wobei der größere Teil als Trainingsdatenbestand für den zu bewertenden Classifier verwendet wird. Um nun den resultierenden Classifier testen zu können, wird der Rest der Daten als so genannter Testdatenbestand eingesetzt. *Nach* dem Testen können die Testdaten zusammen mit den Trainingsdaten zur Verfeinerung des Classifiers verwendet werden.

Es ist auch eine Unterteilung in *Trainings*-, *Validierungs*- und *Testdaten* denkbar, bei der die Validierungsdaten vor allem zur Parametereinstellung verwendet werden.

Möchte man auf eine Unterteilung der Daten verzichten, und benutzt alle Daten für die Erstellung des Classifiers, so ist dies im Allgemeinen kein gutes Vorgehen, da man nicht mehr viel über die Güte aussagen kann. Ein Ansatz wäre es, die Fehlerrate des Classifiers angewandt auf den Trainingsdatenbestand zu berechnen, was jedoch keine besonders hohen Wert hat, da diese Daten ja schon zum Erstellen des Classifiers verwendet wurden.

Ein wichtiger Aspekt ist die Verteilung der Klassenzugehörigkeiten innerhalb der verschiedenen Partitionen. Diese sollte in etwa gleich sein über alle Partitionen hinweg. Dieser Vorgang der Homogenisierung nennt sich **Stratification**. Der Sinn dahinter ist, Fehler möglichst zuverlässig abschätzen zu können. Es könnte nämlich bei einer randomisierten Partitionierung der Fall auftreten, dass die Trainingsdaten krass von den Testdaten abweichen (Außreißer) und dadurch der Classifier falsche Vorhersagen liefert.

Oft ist unsere Ausgangssituation die, dass uns nur wenig Daten zur Verfügung stehen. Um trotzdem eine gute Evaluation unseres Classifiers zu erhalten, gibt es das Verfahren der **Crossvalidation**. Die Grundidee beruht auf der *repeated holdout method*: Es werden die Daten zufällig aufgeteilt in Trainings- und Testdaten und daraus die Fehlerrate berechnet. Dies wird mehrmals wiederholt und am Ende wird der Durchschnitt aus den Fehlerraten berechnet. Bei der Crossvalidation wird eine fixe Anzahl an Partitionen generiert, sogenannte *Folds*. Einer dieser Folds wird für das Testen verwendet, der Rest als Trainingsdaten. Bei jeder Iteration wird nun die Testpartition gewechselt. Auch bei der Crossvalidierung kann eine Stratification sinnvoll sein, um die Varianz und die Verzerrung des Ermittelten Fehlers zu verringern. Der Standard ist eine *10-fold Crossvalidation*.

4.2 Wahrscheinlichkeiten als Vorhersageergebnis

Da es im Allgemeinen besser ist, eine Wahrscheinlichkeit als Classifier-Ergebnis zu erhalten (z.B. Kunde ist zu 87% kreditwürdig), sollte dies auch irgendwie in der Evaluation berücksichtigt werden. Dies geschieht meist durch Berechnung der Verluste, die bei einer falschen Vorhersage auftreten. Die Grundform einer **Loss Function** gibt an, wie viel man bei unkorrekter Vorhersage verliert (die Art des Fehlers und daraus resultierende unterschiedliche Kosten werden hier noch nicht berücksichtigt). Beispiel einer 0-1 Loss Function:

$$Loss_{0-1} = \begin{cases} 0 & \text{wenn Vorhersage richtig,} \\ 1 & \text{ansonsten.} \end{cases}$$

Dies entspricht unserer bisherigen Betrachtungsweise, es gibt nur “schwarz-weiß”. Im Folgenden werden wir uns mit den Grautönen beschäftigen.

Eine Erweiterung der $Loss_{0-1}$ -Function ist die **Quadratic Loss Function**. Es sei k die Anzahl an Klassen. Damit liefert der Classifier für ein Datenobjekt einen Ergebnisvektor (p_1, \dots, p_k) , der sich zu 1 aufsummiert (z.B. Ergebnis des Classifiers: Person ist zu 87% guter Kunde und zu 13% schlechter Kunde). Die tatsächliche Klassenzugehörigkeit eines Objektes lässt sich als Vektor (a_1, \dots, a_k) darstellen, wobei, an der i -ten Stelle eine 1 steht, wenn das Objekt zu Klasse i gehört. Damit ergibt sich die Quadratic Loss Function als

$$QLoss = \sum_{j=1}^k (p_j - a_j)^2.$$

Hätte man einen Classifier, der komplett daneben liegt, also z.B. Vorhersage $(0, 1)$ obwohl wahre Klassenzugehörigkeit $(1, 0)$ ist, dann ergibt sich der maximale Loss als **2**. Um den Quadratic Loss zu minimieren, ist es am besten, wenn die Wahrscheinlichkeiten insgesamt möglichst gleich sind.

Ein weiteres Maß ist der **Informational Loss**, der sich mit

$$LogLoss = -\log_2(p_i)$$

berechnen lässt, wobei hier i die korrekte Klasse ist.. Da der Logarithmus nicht für 0 definiert ist, sollte damit unser Schätzer auch nie eine Klasse mit der Wahrscheinlichkeit von 0% vorhersagen, da sonst unser Loss unendlich groß würde.¹²

Im Vergleich ist der Quadratic Loss aussagekräftiger, da er alle Ergebnisse verwertet, und nicht nur eine Spalte betrachtet, wie der Informationale Loss. Letzterer kann jedoch nützlich sein, wenn man nur an dem Ergebnis bzgl. einer bestimmten Klassenzugehörigkeit interessiert ist.

¹²Auch als *zero-frequency-problem* bekannt

4.3 Fehlerarten und entsprechende Maße

4.3.1 Bias vs. Varianz

Bias ist die Verzerrung, also wie weit der berechnete Wert vom tatsächlichen abweicht (z.B. Mittelwert im Trainingsdatenbestand ist doppelt so groß, wie der wahre Wert). Die **Varianz** ist die Streuung um den ermittelten Wert.

Unterliegt unser Classifier einer Verzerrung, so ist dieser Fehler beim Lernen *konsistent*, d.h. auch bei einem unendlichen großem Trainingsdatenbestand verschwindet er nicht. Die Varianz ist der Fehler, der durch die begrenzte Anzahl der Trainingsdaten entsteht; wird die Varianz sehr groß, so bedeutet dies ein *Overfitting*: Es wird nicht mehr die vorgesehene Ausgabe modelliert, sondern das Rauschen in den Trainingsdaten.

Mithilfe der *Bias-Variance-Decomposition* kann der erwartete Fehler analysiert werden, der aus 3 Teilen besteht: Dem Bias, der Varianz und dem irreduziblen Fehler, resultierend aus dem Rauschen innerhalb der Daten selbst.

4.3.2 Fehlerarten und Erfolgsquote

Im Wesentlichen lässt sich zwischen 2 Fehlerarten unterscheiden, den **False Positives** und den **False Negatives**, wobei letztere auch als *misses* bezeichnet werden. Die Gesamt-Erfolgsquote ergibt sich aus

$$\frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} = \frac{\text{Anzahl der richtigen Vorhersagen}}{\text{Anzahl aller Vorhersagen}}$$

Die Ergebnisse eines Klassifikators lassen sich durch eine so genannte *Konfusionsmatrix* darstellen. So repräsentieren die Zeilen die tatsächlichen Klassen, und die Spalten stellen die vorhergesagten Klassen dar. In der ersten Diagonalen steht die Anzahl der jeweils korrekt vorgegesagten Klasse.

Um 2 Klassifikatoren miteinander zu vergleichen, kann man den **Kappa-Koeffizienten** zu Rate ziehen.

„The Kappa statistic (or value) is a metric that compares an Observed Accuracy with an Expected Accuracy (random chance). The kappa statistic is used not only to evaluate a single classifier, but also to evaluate classifiers amongst themselves. In addition, it takes into account random chance (agreement with a random classifier), which generally means it is less misleading than simply using accuracy as a metric (an Observed Accuracy of 80% is a lot less impressive with an Expected Accuracy of 75% versus an Expected Accuracy of 50%).“

Amazing.¹³ Formaler ausgedrückt ist der Kappa-Koeffizient also

$$\kappa = \frac{\text{Number of observed successes} - \text{Number of expected successes}}{\text{Total number of possible successes} - \text{Number of expected successes}}$$

Dieser Koeffizient wird maximal, wenn unser Ausgangs-Classifier immer richtig liegt, also $\kappa = 1$. Wenn unser Classifier immer daneben liegt, dann kann κ unter Umständen sehr klein werden, ist also nach unten nicht beschränkt. Ein weiteres Phänomen, das auftreten kann, ist, dass unser Classifier Objekte nicht öfter richtig vorhersagt, als naives Raten; unser Classifier ist also gerade so gut, wie es der Zufall auch ist, also nicht wirklich erstrebenswert. In diesem Fall ist $\kappa = 0$. Im Allgemeinen ist die Qualifizierung des Koeffizienten eher willkürlich, es gibt dafür verschiedene Ansätze. Außerdem sollte stets eine Konfusionsmatrix bei der Interpretation betrachtet werden. Für ein Beispiel, siehe Fußnote.

4.4 Lift Charts

Als Beispiel betrachten wir das Verschicken von Werbeflyern an viele Haushalte. Im Allgemeinen gibt es nur wenige Antworten, in etwa 0.1%. Es kann aber der Fall sein, dass einen Landkreis gibt, aus dem besonders viele Antworten stammen. Würde man nun nur noch dieses Landkreis anschreiben, so könnte sich die Antwortrate auf etwa 0.5% erhöhen. Es wäre wohl also sinnvoll, sich bei seinem Marketing vor allem auf dieses Gebiet zu konzentrieren. Diese Erhöhungsfaktor nennt sich **Lift** und hat in diesem Beispiel den Wert 5.

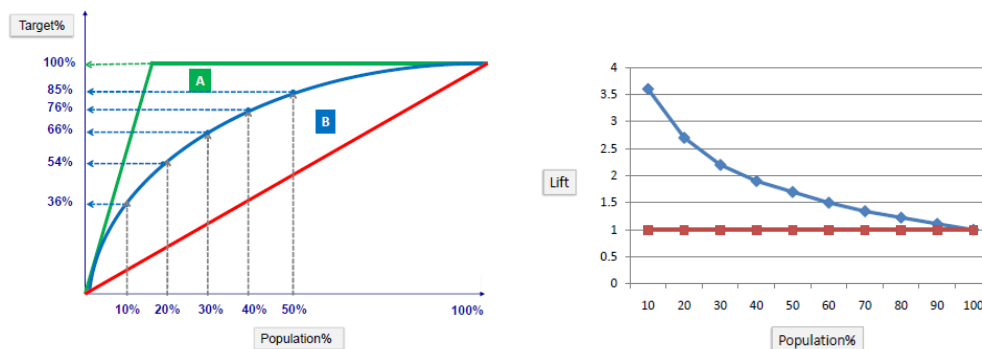


Abb. 13: Quelle: www.saesdsayad.com

In Abb. 13 kann man die Wirkung des Lifts gut erkennen. Die grüne Kurve A zeigt, dass es ab ca. 15% der gesamten Population keinen Sinn mehr macht,

¹³<http://stats.stackexchange.com/questions/82162/kappa-statistic-in-plain-english>

mehr Leute anzuschreiben, da keine weiteren Responses mehr hinzukommen. Die Blaue Kurve B zeigt, dass, obwohl es noch einen Zuwachs an Responses gibt, dies nur noch in relativ geringem Maße stattfindet. Rechts daneben ist in einem Lift Chart dargestellt, welchen Wert der Lift bei welcher Population annimmt.

4.5 ROC Kurven

Eine weitere Bewertungsgrundlage sind die **ROC-Kurven** (receiver operating characteristics). Diese basieren auf ein paar Grundlegenden Kennzahlen beruhen, nämlich

$$\begin{array}{ll} \text{False Positive Rate} & 100 * \frac{FP}{FP + TN} \\ \text{True Positive Rate (Recall)} & 100 * \frac{TP}{TP + FN} \end{array}$$

Wählt man die False Positive Rate als x-Achse und trägt auf die y-Achse den Recall ein, so kann man die beiden im Verhältnis zu einander in einem Graphen darstellen wie in Abb. 14.

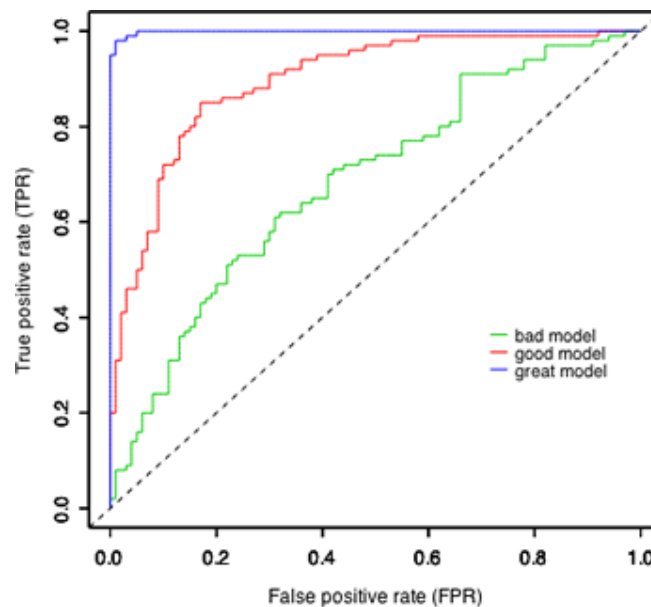


Abb. 14: Beispiel einer ROC Kurve mit FP-Rate und Recall als Achsen.¹⁴

¹⁴<https://www.unc.edu/courses/2010fall/ecol/563/001/docs/lectures/lecture22.htm>

Anstelle des Recalls kann man auch die **Precision** als y-Achse verwenden, die sich aus

$$\text{Precision} = 100 * \frac{TP}{TP + FP}$$

ergibt.

Im Graphen ist es, wie bei einem Gain Chart, besser, wenn der Graph möglichst weit oben links verläuft, da dann bei nur geringer False Positive Rate bereits eine sehr hohe Recall-Rate erreicht wird. Befindet man sich unten rechts, so ist das Ergebnis dementsprechende schlechter.

Um nun die ROC Kurve quantifizieren zu können, wir meist die Fläche unter der Kurve (**AUC**) betrachtet. Analog lassen sich auch andere Maße verwenden, wie etwa der **11-point average recall**¹⁵. Hierbei wird an den Stellen 0%, 10%, ... 100% der Wert gemessen und aus allen der Durchschnitt berechnet.

Weitere Kennzahlen, die beide Fehlerarten berücksichtigen, sind das **f-Measure** (F1-score) und die **Erfolgsquote**. Die Erfolgsquote ist einfach die Anzahl aller richtigen Verhersagen geteilt durch die Anzahl aller Verhersagen, also

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

Das f-Measure ist das harmonische Mittel der Precision und des Recalls:

$$2 * \frac{\text{recall} * \text{precision}}{\text{recall} + \text{precision}}$$

Die Multiplikation mit 2 sorgt dafür, dass das f-Measure den Wert 1 annimmt, wenn sowohl Precision als auch Recall den Wert 1 haben. Die Allgemeine Form lautet:

$$F_{\beta} = (1 + \beta^2) * \frac{\text{precision} * \text{recall}}{(\beta^2 * \text{precision}) + \text{recall}}$$

„The F-measure was derived, so that F_{β} measures the effectiveness of retrieval with respect to a user who attaches β times as much importance to recall as precision.“¹⁶

In Abb. 15 kann man die erwartete Fehlerquote eines Classifiers im Verhältnis zu der Wahrscheinlichkeit, dass ein Objekt zu einer bestimmten Klasse gehört, betrachten. Die Gerade eines Classifiers, der immer richtig liegt, entspricht der x-Achse, da ja der erwartete Fehler gleich 0 ist. Rät der Classifier

¹⁵Oder auch Precision.

¹⁶wikipedia.com

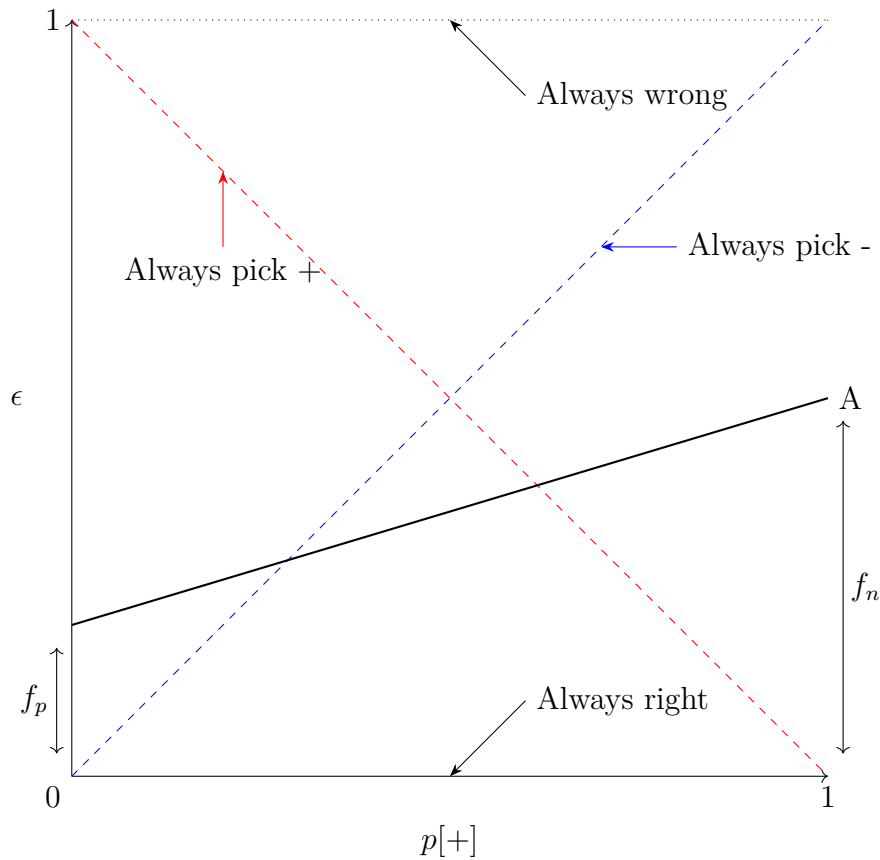


Abb. 15: Eine alternative Darstellung von erwartetem Fehler ϵ im Verhältnis zur Wahrscheinlichkeit $p[+]$, dass ein zufälliges Objekt zur Klasse $[+]$ gehört.

jedoch immer falsch, so ist der Graph $\epsilon = 1$. Die beiden Diagonalen repräsentieren jeweils einen Classifier, der für alle Objekte angibt, dass diese Teil (oder nicht Teil) der Klasse $[+]$ sind. Gerade A stellt einen moderateren Classifier dar. Die Formel für ihn lautet $A = f_p * (1 - p) + f_n * p$. f_p ist genau die False Positive Rate, da für $p[+] = 0$ keine Objekte zu der Klasse $[+]$ gehören können. Entsprechend ist f_n die False Negative Rate. In diese Grafik können auch ganz leicht die Kosten für die jeweiligen Fehlerarten eingeführt werden, indem einfach die Summanden von A mit den Kosten der entsprechenden Fehler multipliziert werden, was offensichtlich wieder eine Gerade ergibt.

Im Großen und Ganzen soll Abb. 15 nur eine alternative Visualisierungsmöglichkeit präsentieren.

Wenn wir uns in den Raum der numerischen Vorhersage begeben, und

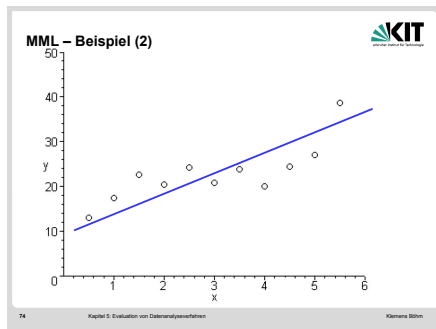
¹⁷Foliensatz 5, S.53

Qualitätsmaße für numerische Vorhersagen (2)

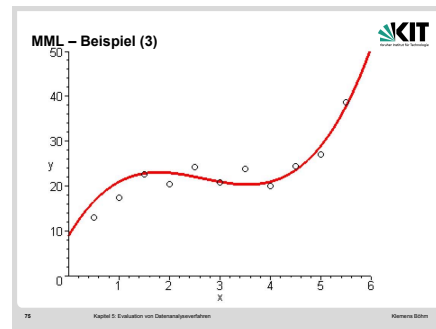
Mean-squared error	$\frac{(p_1 - a_1)^2 + \dots + (p_n - a_n)^2}{n}$
Root mean-squared error	$\sqrt{\frac{(p_1 - a_1)^2 + \dots + (p_n - a_n)^2}{n}}$
Mean-absolute error	$\frac{ p_1 - a_1 + \dots + p_n - a_n }{n}$
Relative-squared error*	$\frac{(p_1 - a_1)^2 + \dots + (p_n - a_n)^2}{(a_1 - \bar{a})^2 + \dots + (a_n - \bar{a})^2}$
Root relative-squared error*	$\sqrt{\frac{(p_1 - a_1)^2 + \dots + (p_n - a_n)^2}{(a_1 - \bar{a})^2 + \dots + (a_n - \bar{a})^2}}$
Relative-absolute error*	$\frac{ p_1 - a_1 + \dots + p_n - a_n }{ a_1 - \bar{a} + \dots + a_n - \bar{a} }$
Correlation coefficient**	$\frac{S_{pA}}{\sqrt{S_p S_A}}, \text{ mit } S_{pA} = \frac{\sum_i (p_i - \bar{p})(a_i - \bar{a})}{n-1},$ $S_p = \frac{\sum_i (p_i - \bar{p})^2}{n-1}, S_A = \frac{\sum_i (a_i - \bar{a})^2}{n-1}$
* \bar{a} ist Mittelwert des Trainingsdatenbestands. ** \bar{a} ist Mittelwert des Testdatenbestands.	

Abb. 16: Verschiedene numerische Qualitätsmaße. Hierbei beschreibt p_i die Vorhersage für das i -te Objekt im Trainingsdatenbestand und a_i ist der tatsächliche Wert.¹⁷

nicht nur die einfache Klassenzugehörigkeit von Objekten voraussagen wollen, so kann man dies mit 3 Arten von Maßen quantifizieren, die in Abb. 16 zu sehen sind. Die ersten drei Kennzahlen liefern absolute Werte, sie sind also unter Umständen schwer zu interpretieren. Besser wäre wohl ein *relatives Maß*, welches mit den nächsten drei Kennzahlen bewerkstelligt werden kann. Effektiv stehen bei diesen im Zähler die Werte unseres Classifiers und im Nenner ein simpleres Verfahren (hier die Abweichung vom Mittelwert). Wird der Wert des Bruchs größer als 1, dann ist unser Classifier weniger effektiv, als wenn man einfach immer den Mittelwert des Datenbestandes vorhergesagt hätte. Liegt jedoch ein perfekter fit vor, dann ist der Wert des Bruches 0, der Wertebereich ist also $[0, \infty]$. Die letzte Kennzahl ist der *Korrelationskoeffizient*, welcher die Gleichheit zweier Verteilungen misst, in unserem Fall die Verteilung der Werte unseres Classifiers und die der echten Werte. Der Wertebereich des Korrelationskoeffizienten ist $[-1, 1]$, minimal wird er, wenn eine *negative* Korrelation vorliegt, maximal, wenn eine Gleichheit der Verteilungen vorliegt und er wird 0, wenn überhaupt keine Korrelation besteht.



(a) Lineares Modell



(b) Polynomielles Modell

Abb. 17: Beispiele von Beschreibungsmodellen für einen Datenbestand.¹⁸

4.6 Minimum Description Language

Zunächst ein paar Grundlagen.

- X sei ein **Alphabet**
- C sei eine injektive Abbildung (**Code**) von X auf $\{0, 1\}^+$
- $L_c(x)$ sei die **Länge** (in Bits) der Beschreibung von x

Wenn $\forall x : L_c(x)$ gleich ist, dann nennt man den Code **uniform**. Ziel soll es sein, eine möglichst kurze Codierung zu finden. Kennt man die Wahrscheinlichkeitsverteilungen der Buchstaben, so kann man folgenden Zusammenhang feststellen:

$$\forall x : L_c(x) = \lceil -\log P(x) \rceil$$

Damit ergeben sich für häufige Buchstaben kurze Codierung und vice versa für seltene Buchstaben. Der kürzest mögliche Code entsteht also, wenn die Längen der Codierungen der Wahrscheinlichkeitsverteilung der Buchstaben gleichen.

Im Allgemeinen ist also die Berechnung der Code-Längen aus der Wahrscheinlichkeitsverteilung (und auch umgekehrt) durchaus möglich.

4.6.1 Minimum Message Length

Ein mit dem MDL verwandtes Konzept ist MML, die Beschreibung von einem Datenbestand mithilfe eines **Modells**.

¹⁸Foliensatz 5, S. 74,75

Das **MDL-Principle** ¹⁹ besagt, dass das Modell, welches die Größe des Modells zusammen mit den zusätzlichen Informationen, die nötig sind, um die Ausnahmen vom Modell zu beschreiben, minimiert, das geeignetste ist. Das MDL-Principle ist eine Umformulierung von *Ockhams Rassiermesser* ²⁰ unter Anwendung von *Shannons Theorem*

$$length(E) = -\log_2 P(E),$$

wobei E ein Event ist, und dem *Theorem von Bayes*

$$P(T \wedge E) = \frac{P(E|T)P(T)}{P(E)},$$

wobei E eine feste Evidence ²¹ ist und T eine Theorie beschreibt. Wir können unser Modell und den realen Datenbestand in einer gemeinsamen Message codieren, womit sich die Länge zu

$$length(T \wedge E) = -\log_2 P(T \wedge E) = -\log_2 P(T) - \log_2 P(E|T) + \log_2 P(E)$$

ergibt. Der erste Teil steht für unser Modell, der zweite Teil codiert die zusätzlichen Informationen (Fehler bzw. Abweichungen), die, wenn in das Modell eingespeist, es dem Modell erlauben, den Datenbestand wiederherzustellen. Der letzte Teil beschreibt nur den Datenbestand, ist also nicht variabel und kann beim Vergleich unterschiedlicher Theorien vernachlässigt werden. Wenn wir nun die Länge unseres Gesamtmodells (also inkl. der Fehler) minimieren wollen, muss zum einen das Modell möglichst einfach gehalten werden (minimiert den ersten Teil), und zum anderen jedoch den Datenbestand möglichst gut beschreiben können, also wenig Fehler machen (minimiert den zweiten Teil).

Sind durch $P(T \wedge E)$ die absoluten Abweichungen kodiert, so kann dies schnell, unhandlich werden. Deswegen kann es Sinn machen, auch die Fehler zu kodieren. Man könnte sich eine etwaige Verteilung der Fehlerwerte zu Nutze machen, um so die Fehler kompakt zu codieren. Somit lässt sich dann auch die Länge des Gesamtmodells berechnen.

Die beiden Extreme an Modellen sind jene, die maximal simpel sind, dafür aber viele Fehler machen, und solche, die perfekt an den Trainingsdatenbestand angepasst sind (*overfitting*), also keine Fehler machen, dafür aber um einiges

¹⁹In der Vorlesung auch MML-Principle.

²⁰Es "rassiert" unnötige Teile weg. Das ganze ist mehr eine Leitlinie mit philosophischem Charakter, als eine echtes Theorem.

²¹In der Vorlesung Examples genannt, da man sich auf einen vorliegenden Datenbestand bezieht.

komplexer sind. Das MDL-Principle bestraft nun erstere Modelle dadurch, dass der zweite Teil, also die Fehler, einen höheren Codierungsaufwand benötigt, der die Kürze des Codes im ersten Teil zunichtemacht. Im zweiten Fall wird die Komplexität der Modelle dafür sorgen, dass der Code insgesamt sehr lang wird.

Die Länge des Codes hängt auch davon ab, wie viele Daten betrachtet werden, da es, je nachdem, mehr Möglichkeiten gibt, mit der Vorhersage falsch zu liegen. So kann es bei einem kleinen Datenbestand vorteilhaft sein, ein einfaches Modell zu wählen, da die maximale Anzahl an möglichen Fehler sehr klein ist. Im Gegensatz dazu ist es für einen großen Bestand wichtig, ein möglichst genaues, wenngleich komplexeres Modell zu verwenden, um die Zahl der Fehler klein zu halten.

Das MDL-Principle ist ein hochgradig abstraktes Prinzip und sieht auf dem Papier ziemlich einfach aus. Die praktische Umsetzung ist jedoch im Allgemeinen gelinde gesagt sehr schwer. Zum einen ist die Codierung des Modells ein echtes Problem. In Abb. 17 werden die Daten durch ein Polynom beschrieben; hätte man sich stattdessen eines Entscheidungsbaumes bedient, so wird die Codierung offensichtlich um einiges schwieriger. Auch die Umwandlung der zusätzlichen Informationen ist nicht trivial, was sich schon daraus ergibt, dass die Daten als Menge vorliegen, also keine Reihenfolge besitzen. So kann schon eine "klügere" Anordnung der Datenobjekte bei der Codierung (z.B. wenn bestimmte Fehler mehrmals auftreten) zu einer kürzeren Länge führen.

Als Beispiel für die Anwendung des MDL-Principles sei das Clustering genannt. Beim Vergleich von verschiedenen Clustering-Ergebnissen gibt es zunächst kein offensichtliches objektives Bewertungskriterium. Hier kann jedoch das MDL-Principle Abhilfe verschaffen.²² Angenommen, unser Verfahren generiert aus dem Bestand E insgesamt k Cluster. Nach MDL sollte ein gutes Clustering E kompakt darstellen können. Man kann nun für jeden Cluster den Mittelpunkt wählen und dann für jedes Element von E die Clusterzugehörigkeit und den Abstand zum entsprechenden Mittelpunkt codieren. Liegt in den Daten ein natürliches Clustering vor, so wird sich das in einem kurzen Code widerspiegeln.

Sollten hingegen nicht numerische sondern nominale Attributwerte vorliegen, so kann man in jeden Cluster eine Wahrscheinlichkeitsverteilung für jedes Attribut feststellen, welche auch für jeden Cluster unterschiedlich ist. Für die Elemente aus E gilt laut Witten et al. [2011] nun:

„Attribute values are coded with respect to the relevant probability

²²Das MDL-Principle kann auf sehr viele verschiedenen Situationen angewandt werden, was eine seiner großen Stärken ist.

distribution, a standard operation in data compression. “

5 Association Rules

Zunächst ein paar Definitionen:

- **Item:** Einzelnes Element
- **Itemset:** Menge von Items
- **Transaktion:** Menge von Items, die im Datenbestand tatsächlich vorkommt.
- **Support** eines Itemsets I : Anzahl der Transaktionen, die I enthalten.
- **Minimum Support** σ : Schwellenwert für Support
- **Frequent Itemset:** Itemset mit $\text{Support} \geq \sigma$

Frequent Itemsets identifizieren Mengen von Items, die positiv miteinander korreliert sind, wenn der Support-Schwellenwert groß ist. Ein Frequent Itemset ist *maximal* genau dann, wenn es nicht Teilmenge eines anderen Frequent Itemsets ist.

Itemsets, die keine Obermenge besitzen, die genau den gleichen Support hat, nennt man *closed*.

Zwischen Personengruppen, die bestimmte Items kaufen, bestehen grundlegende Beziehungen. Betrachte also im Folgenden a, b , zwei Items und $T(x)$, die Menge der Kunden, die Produkt x kaufen.

- Falls $T(a) \subseteq T(b)$ dann folgt daraus $a \Rightarrow b$.
- Falls $T(a) \cap T(b)$ sehr klein ist, dann folgt daraus, dass es fast keinen Zusammenhang zwischen den beiden Items gibt.
- Falls $T(a) \cap T(b)$ sehr groß, dann folgt daraus, dass fast $a \leftrightarrow b$

Ein Frequent Itemset $I = \{a, b\}$ beinhaltet an und für sich weniger Informationen als die obigen Logik-Regeln. Beispielhaft sagt “Wer Bier kauft, kauft auch Chips“ mehr aus, als “Bier und Chips werden oft zusammen gekauft.“

Eine **Association Rule** ist eine Implikation

$$A \Rightarrow B[s, c],$$

wobei A und B Itemsets sind, $s = \text{Support von } A \Rightarrow B := \text{support}(A \cup B)$ und $c = \text{Confidence von } A \Rightarrow B := \frac{\text{support}(A \cup B)}{\text{support}(A)}$. Mit dem Support und der Confidence, die die Association Rules qualifizieren, kann man eine Auswahl

treffen, welche Association Rules man behalten möchte und welche man besser verwirft. Dafür muss man Minimum Niveaus festlegen (σ und γ), sodass man nur Regeln behält, für die gilt:

$$s \geq \sigma \quad \text{und} \quad c \geq \gamma.$$

Man kann den Support einer Regel auch schreiben als $\text{support}(A \Rightarrow B[s, c]) = p(A \cup B)$. Sie beschreibt die Häufigkeit der Regel in der Menge der Transaktionen. Ein hoher Supportwert bedeutet, dass die Regel einen großen Teil des Datenbestandes beschreibt. Die Confidence lässt sich auch als bedingte Wahrscheinlichkeit beschreiben, dass eine Transaktion, welche A enthält, auch B beinhaltet, also $\text{confidence}(A \Rightarrow B[s, c]) = p(B|A) = \frac{p(A \cup B)}{p(A)}$. Je nachdem, wie man σ und γ wählt, erhält man unterschiedliche Ergebnisse; wählt man σ hoch, so erhält man nur wenige Frequent Itemsets und damit auch nur *wenige Regeln*, die dafür jedoch *oft* vorkommen. Für niedriges σ ist das Gegenteil der Fall. Wählt man γ hoch, so gibt es nur *wenige* Regeln, die dafür aber alle “logisch fast wahr“ sind. Für niedriges γ ergeben sich *viele* Regeln, von denen aber viele sehr *unsicher* sind.²³

5.1 Apriori

Um nun in großen Datenbeständen unsere Frequent Itemsets und Association Rules zu finden, braucht man ein strukturiertes Vorgehen. Das liefert und der **Apriori Algorithmus**.

In Algorithmus 2 beschreibt die Hauptschleife die schrittweise Generierung neuer Frequent Itemsets. Am Anfang wird in einem *join&prune-Schritt*²⁴ die Menge aller potentiellen Frequent Itemset Kandidaten C_k bestimmt. Danach wird in einem *Support Counting Schritt* geprüft, ob der Support der neuen Itemsets noch ausreichend hoch ist.

Im **join-Schritt** werden mögliche Kandidaten für k -elementige Frequent Itemsets aus den $k - 1$ -elementigen Frequent Itemsets abgeleitet. Hierfür werden die Elemente der Itemsets topologisch sortiert miteinander verglichen. Gibt es zwei $k - 1$ -Itemsets, die sich nur im letzten Element unterscheiden, so kann man diese beiden Itemsets zu einem neuem k -Itemset zusammenfügen.

²³Typische Werte für σ sind 2-10% und γ in etwa 70-90%.

²⁴In Worten bedeutet die Candidate Itemset Erstellung: Nehme zwei $(k-1)$ -Itemsets aus L_{k-1} , die $k - 2$ Items miteinander teilen und füge sie zu einem k -Itemset zusammen. Enthält dieses nun ein $(k-1)$ -Itemset, das nicht in L_{k-1} enthalten ist, so füge es **nicht** zu C_k hinzu. Der Grund ist, dass alle Teilmengen eines *large Itemsets* wiederum selbst *large* sein müssen. Die im Algorithmus gezeigt Darstellung stammt von https://en.wikipedia.org/wiki/Apriori_algorithm.

Algorithmus 2 : Apriori Algorithmus.

```
 $L_1 := \{\text{large 1-itemsets}\}$ 
for  $k := 2$ ;  $L_{k-1} \neq \emptyset$ ;  $k++$  do
     $C_k :=$ 
         $\{a \cup b \mid a \in L_{k-1} \wedge b \notin a\} \setminus \{c \mid \{s \mid s \subseteq c \wedge |s| = k-1\} \not\subseteq L_{k-1}\}$ 
        forall transaction  $t \in T$  do
             $C_t := \text{subset}(C_k, t)$  //candidates contained in t
            forall  $c \in C_t$  do
                 $c.\text{count}++$ 
            end
        end
     $L_k := \{c \in C_k \mid c.\text{count} \geq \text{minsup}\}$ 
end
return  $\bigcup_k L_k$ 
```

Im **prune-Schritt** werden alle $k-1$ -Teilmengen aller k -Itemsets betrachtet.²⁵ Findet sich eine Teilmenge, die nicht in L_{k-1} vorhanden ist, so ist auch schon das entsprechende k -Itemset nicht mehr frequent. Auf diese Weise kann die Anzahl der noch zu untersuchenden Itemsets erheblich verringert werden; es besteht jedoch auch die Gefahr, dass der Mehraufwand durch das Pruning unverhältnismäßig hoch ist, z.B. bei vielen Möglichkeiten für $k-1$ -Itemsets oder großem L_{k-1} , da dann viele Vergleiche ausgeführt werden müssen.

Der letzte Teil der Schleife beschäftigt sich mit dem **Support Counting**. Hierbei werden nur diejenigen Frequent Itemsets weiterverwendet, die in den betrachteten Transaktionen auch den benötigten Support besitzen.

Das Support Counting lässt sich effizient mithilfe eines **Hash-Trees** implementieren. Hierfür werden in die Blättern des Hash-Trees die entsprechenden neuen Kandidaten gespeichert. Nun wird für jede Transaktion t geprüft, welche Blätter erreichbar sind.²⁶ Die Itemsets, die mit t in dem Hash-Tress erreichbar waren, sind auch Teilmengen der Transaktion und damit kann ihr Support Counter inkrementiert werden.

Mit Algorithmus 2 haben wir nun die maximalen Frequent Itemsets gefunden. Aber eigentlich sind wir ja an den zugrunde liegenden Association Rules interessiert. Hierfür sei I ein Frequent Itemset und $a \subset I$ eine Teilmenge

²⁵Für $k = 2$ ist trivialer Weise kein Pruning nötig.

²⁶Das soll heißen, dass alle Teilmengen entsprechender Länge der Transaktion durch den Hash-Tree geschickt werden. Jedes mal, wenn man ein Blatt erreicht, wird der Support Count des dortigen Itemsets erhöht. Im Falle von mehrelementigen Blättern wird das Itemset genommen, durch welches das Blatt tatsächlich erreicht wurde.

von I . Damit gilt für eine Association Rule $R_a := a \implies I \setminus \{a\}$ mit Confidence $\text{conf}(R_a)$:

$$R_a \text{ ist eine Association Rule} \iff \text{conf}(R_a) = \frac{\text{Support}(I)}{\text{Support}(a)} \geq \text{minconf}.$$

Da durch die eindeutige Wahl von a auch $I \setminus \{a\}$ eindeutig bestimmt ist, wird jede untersuchte Association Rule auch nur einmal betrachtet, es kommt nicht zu Duplikaten. Wichtig ist, dass Algorithmus 2 einem “nur“ die maximalen Frequent Itemsets liefert; diese reichen jedoch für die Generierung von Association Rules nicht aus, denn auch für kleinere Itemsets können deren Association Rules interessant sein. Es müssen also **alle** Frequent Itemsets zur Regelerzeugung berücksichtigt werden.

5.2 Multidimensional Association Rules

Natürlich lassen sich obige Aussagen auch auf Association Rules beziehen, die mehrere Dimensionen haben. Das heißt, dass nun nicht mehr nur Mengen an Items betrachtet werden, sondern Attributmengen mit ihren jeweiligen Ausprägungen.

Das Äquivalent zu Frequent Itemsets ist hier die Kombination von Attributwerten, die häufig vorkommen.²⁷

Der Apriori Algorithmus lässt sich auch für die Erzeugung von Association Rules im Mehrdimensionalen verwenden. Dazu müssen die Datensätze jedoch erst in eindimensionale umgewandelt werden, also

$$\begin{aligned} &< ID, A_1 = a_1, A_2 = a_2, \dots, A_n = a_n > \\ &\longrightarrow < ID, \{A_1/a_1, A_2/a_2, \dots, A_n/a_n\}, > \end{aligned}$$

was eine Umwandlung der Attribute und ihrer Werte in eine Menge ihrer Kombination darstellt. Hierbei ist $a_x \in \mathcal{A}_x$, wobei \mathcal{A}_x die Menge der Attributwerte von A_x ist.

5.3 Multi-Level Association Rules

Bei der Kategorisierung von Items gibt es verschiedene Level an Abstraktion. So kann die Milch im Supermarkt durch Kriterien wie Fettgehalt, Bio-Zertifizierung, Herkunft etc. eingeteilt werden. Hierbei kann es nun von Interesse sein, diese verschiedenen Ebenen der Abstraktion durch Association

²⁷Ein Attributwert kann nur einen Wert haben. So wäre z.B. Nationalität Deutsch-Rumänisch nicht möglich. Dafür gibt es jedoch einfache Workarounds.

Rules miteinander in Beziehung zu setzen, z.B. $Brot \rightarrow Butter$.²⁸ Der Minimum Support eines *Mixed-Level* Kandidaten kann als der des unteren Levels angenommen werden.

Als Folge gibt es meist jedoch keinen hohen Support; dieser kann i.A. nur mit High-Level Concepts erreicht werden ($Essware \rightarrow Getränk$). Diese sind jedoch tendenziell uninteressant.

Auch wenn die Idee von **Level-Crossing** Association Rules ein potentiell mächtiges Werkzeug ist, stellt in der Praxis die Wahl der Schwellenwerte und die ungeheure Menge an Möglichkeiten für Level-Crossing Association Rules jedoch ein so großes Problem dar, dass es i.A. nicht mehr möglich ist, die gewünschten Association Rules effizient zu berechnen. Die Menge an Möglichkeiten für Rules ergibt sich nämlich exponentiell in der Tiefe der Hierarchie. Für jede hinzukommende Ebene müsste jede mögliche Kombination aus neuer Ebene und allen anderen Ebenen beachtet werden. Des Weiteren stellt die Ähnlichkeit mancher Ebenen ein Problem dar; es kann zu einer Vielzahl ähnlicher Rules kommen, die eigentlich redundant sind.

Ein Ansatz, der zwar eben genannte Probleme nicht löst, dafür jedoch in manchen Situationen eine Beschleunigung der Berechnung von **Multi-Level** Association Rules erlaubt, soll im Folgenden vorgestellt werden.

Zunächst müssen die Items derart codiert werden, dass jede Ziffer eine andere Abstraktionsebene beschreibt.²⁹ Auf diese Weise lassen sich die Items in einer Transaktionstabelle (siehe Tabelle 2) zusammenfassen.

Tabelle 2: Beispiel einer Transaktionstabelle.

T-ID	Items
T_1	{111, 121, 132}
\vdots	\vdots
T_n	{...}

Möchte man nun auf den jeweiligen Abstraktionsebenen für sich betrachtet die Frequent Itemsets finden, so kann man eine 2-dimensionale Darstellung der Frequent Itemsets auf den verschiedenen Hierarchieebenen nutzen (siehe Tabelle 3). Hierfür betrachten wir $L[h, i]$, wobei h die Hierarchieebene und i die Größe der Itemset beschreibt.

Die Idee für dieses Vorgehen bei der Betrachtung von Multi Level Association Rules geht zurück auf Han and Fu [1995]. Zunächst stellt er fest, dass sich Frequent Itemsets für hierarchisch strukturierte Transaktionsdaten iterativ

²⁸Butter als Unterebene von Milchprodukten und Lebensmitteln.

²⁹Milch = 1, Vollmilch = 2 \rightarrow 12

Tabelle 3: 2-dimensionale Darstellung von Frequent Itemsets auf unterschiedlichen Abstraktionsebenen.

L[1,1], minsup = 4		L[1,2], minsup = 4	
Itemset	Support	Itemset	Support
{1 * *}	4	{1 * *, 2 * *}	4
⋮	⋮	⋮	⋮
L[2,1], minsup = 3		⋮	
Itemset	Support		
{12*}	4		
⋮	⋮		

aus den Frequent Itemsets des vorhergehenden Levels berechnen lassen. Hierfür muss zunächst aus einer Transaktionstabelle $\mathcal{T}[1]$ wie in Tabelle 2 $L[1, 1]$ berechnet werden. In $L[1, 1]$ stehen nun die Frequent Itemsets der höchsten Abstraktionsebene. Mit Hilfe dieser lässt sich nun die Transaktionstabelle “bereinigen“, indem alle Transaktionen entfernt werden, die nur *kleine* Items enthalten, und aus allen Transaktionen die *kleinen* Items entfernt werden. Man erhält damit die *gefilterte Transaktionstabelle* $\mathcal{T}[2]$. Die Berechnung von $L[1, 2]$ ergibt sich einfach aus der Kombination der Frequent Itemsets von $L[1, 1]$ und des Support Countings anhand von $\mathcal{T}[2]$.

Im Folgenden wird für die Berechnung der weiteren $L[h, i]$ nicht mehr die Ausgangstabelle, sondern $\mathcal{T}[2]$ für das Support Counting benutzt, da man hierbei ausnutzt, dass in $\mathcal{T}[2]$ schon die Items und Transaktionen ausgeschlossen wurden, die gar nicht frequent sein können.

Der originale Algorithmus (ML_T2L1) von Han and Fu [1995] läuft naiv für alle Level und jedes k -Itemset alle Transaktionen $t \in \mathcal{T}[2]$ ab.³⁰ Dieser Ablauf lässt sich potentiell verbessern, indem man die Zusammenhänge der Daten auf verschiedenen Levels ausnutzt und aus den Ergebnissen in jedem Schritt “das Meiste herausholt“.

Betrachten wir den auch in der Vorlesung vorgestellten³¹ Verbesserungsvorschlag von Han, ML_T1LA. Die Grundidee ist die Vermeidung einer zusätzlichen gefilterten Transaktionstabelle $\mathcal{T}[2]$. Hier für wird in einem ersten Durchlauf $\mathcal{T}[1]$ abgelaufen, wobei für jedes Item e der aktuellen Transaktion t der Counter von e in $L[l, 1]$ für alle l **parallel** inkrementiert werden kann, sofern er

³⁰Außer für $l = 1$, da hier stattdessen $\mathcal{T}[1]$ verwendet wird.

³¹Eher in einem Halbsatz erwähnt.

nicht schon durch t erhöht wurde. Nach diesem initialen Durchlauf werden diejenigen Items aus den $L[l, 1]$ entfernt, deren Parent im darüberliegenden Level nicht ein Frequent Item ist oder deren Support geringer als das geforderte Minimum für das entsprechende Level $[minsup(l)]$ ist.

Die folgenden Durchläufe erzeugen nun die übrigen k -Itemsets für $k > 1$. Hierfür wird der Apriori Algorithmus verwendet, wobei das Support Counting wiederum parallel für alle $L[k, l]$ des aktuellen Levels mit Hilfe von $\mathcal{T}[1]$ geschieht.

Insgesamt wird $\mathcal{T}[1]$ also k -mal durchlaufen.

Daneben gibt es noch weitere Variationen von Han's Algorithmus; deren Studium bleibt dem interessierten Leser selbst überlassen.³²

³²Die übrigen von Han vorgestellten Variationen laufen darauf hinaus, dass zum einen in jedem Durchlauf eine gefilterte Transaktionstabelle erstellt werden kann (**ML_TML1**) und zum anderen, dass man wie im Original eine Transaktionstabelle $\mathcal{T}[2]$ erstellt, diese jedoch für eine parallele Abarbeitung wie in der vorgestellten Variante benutzt (**ML_T2LA**). Das Interessante hierbei ist, dass alle Algorithmen potentiell schnell sind und nur bedingt von der Eingabegröße abhängen, denn in der Analyse hat sich gezeigt, dass alle 4 Algorithmen (inkl. dem Original) approximativ lineare Laufzeiten aufweisen. Der Unterschied ergibt sich jedoch in der Wahl der Schwellenwerte für die unterschiedlichen Abstraktionslevel. Können bereits auf den ersten Leveln viele Items aus $\mathcal{T}[1]$ herausgefiltert werden, so bietet sich die Verwendung von gefilterten Transaktionstabellen an. Im gegenteiligen Fall bieten die gefilterten Tabellen gegenüber der Ausgangstabelle nur eine so geringe Verbesserung, dass sich der Aufwand für deren Erstellung nicht mehr (wirklich) lohnt.

6 Association Rules - Erweiterungen und Anwendungen

Im Folgenden werden ein paar der Weiterentwicklungen von Apriori besprochen, die bereits kurz nach dessen Veröffentlichung erschienen sind. Sie nehmen sich verschiedenen Schwächen von Apriori an und verbessern diese signifikant.

6.1 Direct Hashing and Pruning

Es konnte gezeigt werden, dass Apriori vor allem für kleine k einen hohen Rechenaufwand benötigt, da in diesem Schritt viele (unnötige) Candidate Itemsets erzeugt werden. **DHP** ermöglicht es, diesen *bottleneck* zu umgehen, indem zum einen für kleine k die Candidate Itemsets verringert werden, und zum anderen in den weiteren Schritten die Datenbank verkleinert wird.

6.1.1 Candidate Itemset Reduktion

Oft ist es der Fall, dass man viele *large 1-itemsets* hat, also $|L_1|$ sehr groß ist. Für die Menge der daraus resultierenden Candidate Itemsets ergibt sich $|C_2| = \binom{|L_1|}{2}$. Es wäre also gut, wenn man schon in frühen Iterationen die Größe von C_2 deutlich verringern könnte. Dies ist in der Tat möglich, indem man bereits beim Support Counting im k -ten Schritt Informationen über die möglichen $(k+1)$ -Candidate Itemsets sammelt. Hierfür werden alle möglichen $(k+1)$ -Teilmengen einer Transaktion t in eine Hashtabelle H_{k+1} gehasht, wobei in jedem Bucket die Anzahl der darauf gehashten Teilmengen gespeichert wird. Bei der Generierung von C_{k+1} wird nun mit Hilfe der zuvor erstellten Hashtabelle H_{k+1} grob geprüft, ob der Support für ein $c \in C_{k+1}$ überhaupt gegeben ist. Auf diese Weise können bereits viele Candidate Itemsets ausgeschlossen werden, bevor für diese der Support anhand der Datenbank gezählt werden muss.

Laut Vorlesung sollte unser Hash-Filter derart gewählt werden, dass unser Arbeitsspeicher möglichst voll ausgenutzt wird, da er unsere Hauptlimitierung darstellt. Für die übrigen Vergleiche mit den Transaktionen muss nämlich sowieso auf die Datenbank zugegriffen werden.

6.1.2 Datenbankreduktion

Eine weitere Eigenschaft von DHP ist, dass er schrittweise auch die Transaktionen entfernt, die nicht mehr groß genug sind, um ein *(large $k+1$)-Itemset* im Schritt $k+1$ zu erzeugen, und unnötige Items aus den Transaktionen entfernt.

Die Reduktion der Items basiert auf der Erkenntnis, dass jede Teilmenge einer *large Itemsets* ebenfalls *large* ist. Jedes *item* eines *large (k+1)-Itemsets* ist genau k -mal in den $(k+1)$ k -Teilmengen enthalten. Umfasst eine Transaktion einige *large (k+1)-itemsets*, dann ist jedes Item der $(k+1)$ -*Itemsets* mindestens k -mal im Candidate Itemset C_k vorhanden. Wenn ein Item der Transaktion t nicht k -mal in den in t -enthaltenen Candidate k -Itemsets vorkommt, kann es gelöscht werden. Auf diese Weise verringert sich die Transaktionslänge [Petersohn, 2005].

6.1.3 DHP Algorithmus

DHP geht zurück auf Park et al. [1995]. Der dort vorgestellte Algorithmus besteht aus drei Teilen.

Im ersten Teil werden die *Candidate 1-Itemsets* in einen Hashtree gehasht, wobei gleichzeitig der Support für die einzelnen Items gezählt wird, und transaktionsweise alle *2-item subsets* in H_2 gehasht werden. Danach wird L_1 anhand des gezählten Supports bestimmt.³³

Im zweiten Teil wird bei der Generierung von C_2 auf H_2 zur Vermeidung unnötiger *Candidate 2-Itemsets* zurückgegriffen. Hat man seine neuen Kandidaten erstellt, so wird transaktionsweise deren Support gezählt, wobei schon hier diejenigen Items geprunt werden, die nicht in wenigstens k der Kandidaten vorkommen (also auch nicht für spätere *large Itemsets* relevant sind). Sollte die aktuell betrachtete Transaktion nach diesem ersten Pruning noch mehr als k Items besitzen, so werden alle $(k+1)$ -Teilmengen in H_{k+1} gehasht, sofern alle k -Teilmengen der $(k+1)$ -Teilmengen den nötigen Support mitbringen, also $H_k[h_k(y)] \geq s$ für alle k -Teilmengen y einer $(k+1)$ -Teilmenge gilt. Damit haben wir auch schon die Hashtabelle für die Candidate Itemset Generierung der nächsten Iteration erstellt. Wird bei der Erstellung der Hashtabelle festgestellt, dass ein Item in keinem der $(k+1)$ -*Itemsets* enthalten ist, kann es geprunt werden.

Der dritte Teil funktioniert im Prinzip wie der zweite. Da jedoch hier bereits nur noch mit kleinen C_k und L_k gearbeitet wird, ist ein weiteres Filtern unnötig. Deswegen wird hier die Arbeit mit einer Hashtabelle weggelassen. Man geht dann in Phase 3 über, wenn es in H_k nicht mehr genügend Buckets gibt, für die $H_k[x] \geq s$ gilt.

Für den genauen Algorithmus und die Auswertung der Ergebnisse, die mit DHP erzielt werden konnten sei auf das zugrunde liegende Paper verwiesen.

³³Soweit eigentlich alles fast so wie bei Apriori.

6.2 Sampling

Ein Nachteil vieler Mining Algorithmen für Association Rules ist die Menge an Datenbank Zugriffen, die bei der Ausführung entstehen. Algorithmen, die auf Apriori beruhen, arbeiten *level-weise*, es werden also für jede Größe an Frequent Itemsets erst deren Kandidaten erzeugt, die dann mit der Datenbank geprüft werden. Gibt es also Candidate Itemsets der Größe $(k+1)$, so sind $(K+1)$ “Database Passes“ notwendig.

Es wäre effizienter, wenn man die Anzahl der Database Passes reduzieren könnte. Eine Möglichkeit hierfür ist es, eine viel kleinere Teilmenge (**Sample**) der Datenbank zu betrachten und anhand des Samples Association Rules für die ganze Datenbank zu generieren. Tatsächlich ist dies sogar so gut möglich, dass die wirklich vorhandenen Frequent Itemsets nicht nur approximiert, sondern genau bestimmt werden können, und das in nicht mehr als *worst case* 2 Database Passes. Der Vorteil beim Sampling ist, dass dieses in den Arbeitsspeicher passt, sodass eine schnelle Abarbeitung möglich ist.

6.2.1 Negative Border

Um unsere Samples auszuwerten, brauchen wir zunächst das Konzept der **Negative Border**. Nehmen wir an, wir haben eine Menge an Items $R = \{I_1, \dots, I_m\}$, mit $I_i \in \{0, 1\}$. Hierbei bedeutet $I_i = 0$ (1), dass das Item I_i in einer Transaktion nicht enthalten (bzw. enthalten) ist. Diese Transaktionen seien durch eine Relation r dargestellt, in der jede Transaktion in einer Zeile steht. Dann sei $S \subseteq \mathcal{P}(R)$ eine Menge von Teilmengen, die hinsichtlich der Inklusion abgeschlossen ist.³⁴ Die Negative Border $\mathcal{B}d^-(S)$ beinhaltet nun alle **minimalen** Itemsets $X \subseteq R$, die nicht in S liegen.

Für die Menge aller Frequent Itemsets $\mathcal{F}(r, \text{minsup})$ gilt insbesondere die Abgeschlossenheit bezüglich der Inklusion. Damit enthält $\mathcal{B}d^-(\mathcal{F}(r, \text{minsup}))$ alle minimalen Itemsets, die nicht mehr frequent sind. Für ein anschauliches Beispiel sei auf Toivonen [1996] verwiesen.

Gegeben einem Sample s unserer Datenbank. Wir bestimmen anhand dieses Samples dessen Frequent Itemsets $S := \mathcal{F}(s, \text{lowsup})$ mit Mindestsupport *lowsup*. Dieser Wert sollte kleiner sein als unser eigentlich gesuchter *minsup*, damit die im Sample gefundenen Frequent Itemsets mit großer Wahrscheinlichkeit die eigentlichen Frequent Itemsets unserer Datenbank umfassen. Ist S bestimmt, müssen die gefundenen Frequent Itemsets anhand der Datenbank verifiziert werden. Hier kommt unsere Negative Border ins Spiel. Für die

³⁴Damit ist gemeint, dass alle Teilmengen der in S enthaltenen Teilmengen ebenfalls in S enthalten sind.

Verifizierung berechnen wir

$$\mathcal{F} := \{X \in S \cup \mathcal{B}d^-(S) \mid \text{sup}(X, r) \geq \text{minsup}\}.$$

Sind alle gefundenen Frequent Itemsets in S enthalten, also $\mathcal{F}(r, \text{minsup}) \in S$, dann gibt es kein Problem und mit unserem Sample haben wir alle Frequent Itemsets gefunden.

Es kann jedoch auch der Fall auftreten, dass es ein Frequent Itemset Y gibt, dass in $\mathcal{B}d^-(S)$ liegt. Ein solches Itemset nennen wir **miss**. An und für sich sind misses kein Problem, da sie ja in obiger Betrachtung berücksichtigt wurden. Das Problem entsteht dadurch, dass es Obermengen von Y geben könnte, die ebenfalls frequent sind. Diese sind jedoch nicht mehr in $S \cup \mathcal{B}d^-(S)$ enthalten, wodurch sie überhaupt nicht entdeckt werden. Diese nicht entdeckten Frequent Itemsets nennen wir **failures**. Stellt man fest, dass man einen miss hat, geht man wie folgt vor: Ausgehend von S wird dieses solange um seine Negative Border erweitert, bis S nicht mehr weiter wächst. Mit diesem neuen S sind sicherlich alle Frequent Itemsets der eigentlichen Datenbank abgedeckt; es sind potentiell jedoch auch Itemsets in S enthalten, die eigentlich keine Frequent Itemsets sind. Dies ist dem geringeren Schwellenwert geschuldet. Um diese nun zu entfernen berechnen wir

$$\mathcal{F} := \{X \in S \mid \text{sup}(X, r) \geq \text{minsup}\}.$$

Insgesamt wurde die Datenbank also zweimal durchlaufen; dies ist jedoch nur im unwahrscheinlichen worst case der Fall. Meistens reicht bereits bei einer vernünftigen Wahl von Samplesize und *lowsup* ein einziger Durchlauf aus. In Toivonen [1996] sind die Auswirkungen von verschiedenen Samplesizes und Schwellenwerten angegeben.

6.3 Optimistische Verfeinerung

Apriori ist wie bereits festgestellt deswegen langsam, weil alle möglichen Frequent Itemsets ihrer Größe nach sequenziell erzeugt werden. Dies bedeutet exponentielles Wachstum.

Eine Verbesserung kann erreicht werden, indem einfach Schritte ausgelassen werden. So können aus den *large 1-Itemsets* direkt die Kandidaten für C_3 oder C_4 erzeugt werden. Durch diese größere Schrittweite kann es passieren, dass man über die Negative Border hinaus Kandidaten erzeugt. Stellt man eine solche Überschreitung fest, so nutzt man aus, dass Apriori auch für das Komplement nutzbar ist, und geht “rückwärts“ levelweise wieder zurück, bis man wieder “unter“ der Negative Border ist.

Durch ein solches Vorgehen ist es möglich, approximativ lineare Laufzeiten zu erreichen, was eine deutliche Verbesserung gegenüber der exponentiellen Anzahl an generierten Kandidaten von Apriori ist.

6.4 Frequent Pattern Trees

Die bisher vorgestellten Verfahren folgen dem so genannte *generate and test paradigm*. Es wurden zunächst Kandidaten für large Itemsets erzeugt, die dann mit der Datenbank getestet wurden. Da dies jedoch schon aufgrund der kombinatorischen Natur der Vorgehen selbst für mittelgroße Datenmengen bei geringen Thresholds für großen Aufwand sorgt, kann es leicht passieren, dass der Arbeitsspeicher nicht mehr für die betrachteten Objekte ausreicht. Deswegen wäre eine kompaktere Darstellung wünschenswert. In der Tat ist dies mit **Frequent Pattern Trees** möglich. Aus den *FP-Trees* lassen sich dann die Frequent Itemsets direkt produzieren, ohne erst Kandidaten erzeugen zu müssen.

6.4.1 FP-Tree Erzeugung

Das Erzeugen eines FP-Trees ist relativ günstig, da man gerade einmal **zwei** Datenbank-Scans benötigt. In einem ersten Scan wird wie bei Apriori die *Häufigkeit der individuellen Items* gezählt. Im zweiten Durchlauf wird dann die Baumstruktur erstellt. Hierfür werden die Items in einer Transaktion entsprechend der gezählten Häufigkeit sortiert. Hierbei muss sichergestellt werden, dass es in allen Transaktionen die gleiche Sortierung gibt (also im Falle von gleichen Häufigkeiten kommt ein weiteres Merkmal zur Sortierung ins Spiel, z.B. die Lexikographische Ordnung). Hierbei können dann bereits die Items aussortiert werden, die nicht einem gewissen Minimumsupport genügen. Nach dem Sortieren und Prunen einer Transaktion wird diese dann in den Baum eingefügt.³⁵ Beim Einfügen werden in den Knoten des Baumes die Anzahl der Transaktionen, die diese “durchlaufen“ gespeichert, d.h. fangen zwei sortierte Transaktionen mit den selben ersten drei Items an, so werden diese die selben Knoten beim Einfügen durchlaufen, wobei die entsprechenden Counter in den Knoten inkrementiert werden. Auf diese Weise können Transaktionen mit gleichen Präfixen effizient komprimiert werden. Hat man alle Transaktionen auf diese Weise verarbeitet, so darf man auf eine hohe Kompression um die Wurzel des Baumes herum hoffen. Jedes Item aus dem FP-Tree zeigt auch auf **ein** weiteres Item mit gleichem Namen, sofern noch ein solches vorhanden ist, das nicht schon mit einem anderen gleichnamigen Item verbunden ist. Dies

³⁵Beachte: Die Wurzel eines FP-Trees bleibt leer! Das erste Item der ersten Transaktionen geht also schon als Child der Wurzel in den Baum ein!

erleichtert später die Traversierung. Es entsteht als eine Art Item-Sequenz (das wichtige ist, dass es einen Anfang gibt).

Die zweite Komponente unseres FP-Trees ist eine **Header-Table**. Diese Tabelle enthält alle individuellen Items, die dem Minimumsupport entsprechen, sortiert nach absteigender Häufigkeit. Jedes Element dieser Header-Table zeigt auf das gleichnamige Item im FP-Tree, welches den Anfang der entsprechenden Item-Sequenz bildet. Man kann nun also leicht über die Header-Tabelle auf die Item-Sequenzen im Baum zugreifen.

6.4.2 Frequent Pattern Mining

Eine wichtige Beobachtung im Rahmen von FP-Trees ist, dass *für jedes Item a_i alle möglichen Frequent Patterns gefunden werden können, wenn man der Item Sequenz, die mit a_i in der Header-Table beginnt, folgt und die Pfade zu diesen a_i betrachtet*. Diese Eigenschaft wird auch **node-link property** genannt. Sie erlaubt es, dass mit nur einer Traversierung des FP-Trees alle möglichen Frequent Patterns, die a_i enthalten, gefunden werden können.

Betrachte ein a_i und den dazugehörigen Pfad zu diesem Item. Dann gilt für die *counts* der Items im Präfix-Pfad zu a_i , dass diese den selben Wert haben, wie $a_i.count$. Haben mehrere Pfade eine Überschneidung am Anfang, so ist der count der Items in der Schnittmenge die Summe der counts der jeweiligen Pfade. Mit anderen Worten: Die counts der Items im durch a_i bedingten Baumes ergeben sich dadurch, dass die Blätter die counts der entsprechenden a_i erhalten und sich diese in ihren Elternknoten aufsummieren.

Zusammenfassend können also Frequent Patterns wie folgt gefunden werden.

1. Erstelle den FP-Tree aus der Ursprungsdatenbank.
2. Betrachte das am seltensten vorkommende Item in der Header-Table. Dieses sei mit a_i bezeichnet.
3. Betrachte den Subtree, der als Pfade die Pfade zu den a_i besitzt.
4. Füge in den Eltern der a_i die count-Werte der a_i ein und summiere diese nach oben hin auf. Entferne die a_i aus dem Subtree. Dieser Subtree wird auch als *Conditional FP-Tree of a_i* bezeichnet.
5. Prüfe nun, ob es Items in diesem Subtree gibt, deren count noch den Minimumsupport erfüllt. Diese Items können zusammen mit a_i noch zu einem größeren Frequent Pattern anwachsen. Angenommen es gäbe ein Item a_k , welches im Subtree den Minimumsupport erfüllt. Erstelle nun den Conditional FP-Tree of $a_k a_i$ aus dem Conditional FP-Tree of a_i . Es

findet also ein rekursiver Aufruf statt. Beachte, dass sich diese Rekursion verzweigt stattfinden kann, d.h. man muss erst alle Rekursionsteilpfade fertig berechnen, bevor man den ganzen Rekursionspfad abschließen kann.

6. Gibt es keine Items mehr, die im Conditional FP-Tree noch den Minimumssupport erfüllen, so breche diesen Rekursionszweig ab. Gibt es keine Rekursionsmöglichkeiten für a_i mehr, so wiederhole Schritt 3–6 für das nächste Item der Header Table. Für dieses muss man keine Rücksicht mehr auf die a_i nehmen, da man ja im vorherigen Schritt bereits alle Frequent Patterns erzeugt hat, die a_i enthalten.

Stellt man fest, dass man einen Conditional FP-Tree of a_i erhält, der nur aus einem einzigen Pfad besteht (alle Items in diesem Single Path haben den selben count), so lässt sich dieser leicht minen: Man muss lediglich alle Itemkombinationen dieses Pfades nehmen und diese mit a_i konkatenieren (a_i steht am Ende).

Die Grundidee stammt aus Han et al. [2000]; aus dieser Arbeit stammen auch die Beispiele aus der Vorlesung. Für ein weiteres anschauliches Beispiel sei auf Kapitel 6.3 von Witten et al. [2011] verwiesen.

7 Pattern Mining unter Constraints

7.1 Constrained Association Rules

Die bisher vorgestellten Verfahren von Pattern Mining haben das gemeinsame Problem, dass sich nicht fokusierbar sind. Es werden immer alle Rules gemined, ganz gleich, ob diese auch wirklich interessant für den User sind. Besser wäre es, wenn man stattdessen dem User ein Interface gibt, welches er zur Einschränkung der Suche nutzen kann. Damit kann neben relevanteren Ergebnissen unter Umständen auch eine Verkürzung der Laufzeit einhergehen.

Das Mining bisher hat sich die Konzepte von Support und Confidence zu nutzen gemacht, um Items und Transaktionen zu prunen. Dies soll nun durch das Pruning mit Constraints ersetzt werden. Ein Item oder eine Transaktion wird dann geprunt, wenn es/sie nicht mehr alle Constraints erfüllt.

Ein naiver Ansatz wäre nun, zuerst mit den bekannten Algorithmen alle Association Rules zu generieren und diese dann in einem *Post-Pruning* hinterher zu filtern. Diese Variante ist jedoch nicht effektiv, da die Laufzeit eines solchen Vorgehens offensichtlich mehr Zeit in Anspruch nimmt, als nötig. Es wäre doch viel besser, wenn man schon während der Association Rule Erzeugung die irrelevanten Rules prunen könnte. Das ist in der Tat möglich, dafür müssen die Constraints jedoch bestimmte Eigenschaften erfüllen, auf die wir gleich eingehen werden.

Zunächst klassifizieren wir jedoch die möglichen Constraints. Im Wesentlichen lässt sich zwischen **Data Constraints** und **Rule Constraints** unterscheiden.

Data Constraints spezifizieren sehr genau, wie das Mining Ergebnis auszu-sehen hat, z.B. "Finde alle Produkte, die in *Freiburg* im *Dezember 2014* oft zusammen gekauft wurden.", oder Einschränkungen auf bestimmte Attribute, z.B. (region, price, brand, customer). Das Problem ist, dass hierbei die Mining Ergebnisse nicht nur besonders stark eingegrenzt werden; es setzt auch voraus, dass der User ein sehr gutes Verständnis der Daten hat und schon eine Vorstellung hat, wie das Ergebnis aussehen sollte.

Rule Constraints hingegen wirken nicht so einschränkend. Sie treffen lediglich Aussagen über die Struktur der zu minenden Regeln, z.B. "Nur Frequent Itemsets der Größe 3." oder "Finde alle Paare von günstigen Items, die den Kauf eines oder mehrerer teurer Item(s) gefördert haben."

Im Folgenden werden wir auf zwei Ansätze eingehen, mit denen Constraint basiertes Mining möglich ist. Der Unterschied zwischen den beiden Ansätzen besteht in der zugrunde liegenden Datenstruktur (vermutlich können die Konzepte trotzdem auch auf andere Situationen verallgemeinert werden).

7.1.1 Meta-Rule Guided Mining

Beim Meta-Rule Guided Mining gehen wir von einer relationalen Datenbank mit Schema aus. Für Datenbanken kennt man im Allgemeinen bereits schon naive Anfrage- Sprachen wie SQL. Das Problem ist, dass diese zu restriktiv sind.

Eine Abwandlung hiervon ist die *Data Mining Query Language* (DMQL). Angenommen, wir hätten eine Datenbank, die wie folgt aussieht:

student(name, sID, status, major, gpa, birthplace, birthdate, adress)
course(cID, title, dept)
grading(sID, cID, instructor, semester, grade).

Eine Anfrage in DMQL hätte dann ungefähr die Form:

Finde alle Regeln der Form: (1)

$major(s : student, x) \wedge Q(s, y) \implies R(s, z)$ (2)

from *student* (3)

where *birthplace* = *Canada* (4)

in relevance to *major, gpa, status, adress*. (5)

In dieser Anfrage sind mehrere Arten von Constraints enthalten, auch einige, die nicht Teil der Vorlesung waren. Die bisher kennengelernten *Data* und *Rule Constraints* kommen in obigem Beispiel aber auch vor: In Zeile 2 ist die so genannte **Meta Rule** zu finden. In ihrer ersten Komponente stellt *student* eine Data Constraint dar. Ebenso ist Zeile 3 eine Data Constraint, da sie angibt, welche Art von Daten als Ergebnis zulässig sind. Auch Zeile 4 ist eine Data Constraint. Eine Rule Constraint stellt die Tatsache dar, dass auf der linken Seite der Regel zwei Prädikate stehen müssen. Prädikate sind Variablen, die mit Attributen aus der betrachteten Datenbank instanziiert werden während dem Mining Prozess. Das Mining Ergebnis könnte dann die Form

$major(s, Art) \wedge gpa(s, Excellent) \implies status(s, Graduate) \quad (60\%)$

haben, also alle Kanadier, die Kunst studieren und einen exzellenten Notenschnitt haben, bestehen auch ihr Studium, wobei diese Regel einen Support von 60% hat. Ein Kapitel über Meta-Rule Guided Mining findet sich auch in Han [2005]; hier werden jedoch ein paar Konzepte anders als in der Vorlesung definiert.

7.1.2 1-var und 2-var Constraints

Wenn wir es nicht mit einer ganzen relationalen Datenbank zu tun haben, sondern nur mit einer einfachen Datenbank aus unserem Warenkorb-Szenario, dann gibt es die Möglichkeit mit **1-var** und **2-var Constraints** zu arbeiten. Wie der Name schon sagt wirkt jeweils entweder eine Seite der Regel (links oder rechts) oder beide Seiten einschränkend.

1. **1-var Constraints:** Eine 1-var Constraint kann eine der folgenden Formen annehmen.

- (a) *Class Constraint:* Hat die Form $S \subset A$, wobei S eine Menge und A ein Attribut ist. Diese Constraints sagen aus, dass S eine Menge von Werten aus der Domain von A ist.
- (b) *Domain Constraints:* Hat eine der folgenden Formen.
 - i. $S\theta v$, wobei S eine Menge, v eine Konstante aus der Domäne von S und $\theta \in \{=, \neq, <, \leq, >, \geq\}$ ist. Sie sagen aus, dass alle Elemente aus S in der Beziehung θ zu v stehen.
 - ii. $v\theta S$, wobei v und S wie oben sind und $\theta \in \{\in, \notin\}$ ist. Sie sagen lediglich aus, dass v in S vorkommen muss (oder nicht vorkommen darf).
 - iii. $V\theta S$ oder $S\theta V$, wobei S wie oben ist, V eine Menge von Konstanten aus der Domäne von S und $\theta \in \{\subseteq, \subsetneq, \subset, \not\subset, =, \neq\}$ ist.
- (c) *Aggregate Constraint:* Hat die Form $agg(S)\theta v$, wobei agg eine der Aggregatsfunktionen min , max , sum , $count$ und avg ist, und $\theta \in \{=, \neq, <, \leq, >, \geq\}$ ist. Sie sagt aus, dass das Aggregat der numerischen Werte aus S in der Beziehung θ zu v stehen.

2. **2-var Constraints:** Eine 2-var Constraint kann eine der folgenden Formen annehmen.

- (a) $S_1\theta S_2$, wobei S_i eine Menge und $\theta \in \{\subseteq, \subsetneq, \subset, \not\subset\}$ ist.
- (b) $(S_1 \diamond S_2)\theta V$, wobei S_1, S_2 Mengen sind, $\diamond \in \{\cap, \cup\}$ und $\theta \in \{=, \neq, \subseteq, \subsetneq, \subset, \not\subset\}$ ist.
- (c) $agg_1(S_1)\theta agg_2(S_2)$, wobei $\theta \in \{=, \neq, <, \leq, >, \geq\}$ ist.

Eine Anfrage unter gegebenen Constraints an die Datenbank unter Zuhilfenahme der eben vorgestellten 1-var und 2-var Constraints ist mit der

constrained association query (CAQ) möglich. Diese hat die Form $\{S_1, S_2 \mid \mathcal{C}\}$, wobei \mathcal{C} eine Menge an Constraints auf S_1, S_2 ist. Ein Beispiel wäre

$$\{(S_1, S_2) \mid S_1 \subset \text{Item} \ \& \ S_2 \subset \text{Item} \ \& \\ \text{count}(S_1) = 1 \ \& \ \text{count}(S_2) = 1 \ \& \\ \text{freq}(S_1) \ \& \ \text{freq}(S_2)\}.$$

Diese CAQ fragt nach allen Single Item Paaren, die den Mindestsupport erfüllen. Für ausgefeiltere CAQs und Beispiele sei auf Ng et al. [1998] verwiesen.

Beim Apriori Algorithmus und seinen Erweiterungen hat man sich zwei wichtige Eigenschaften von Frequent Itemsets zu nutze gemacht, nämlich die, dass alle Untermengen eines Frequent Itemsets ebenfalls frequent sein müssen, und dass keine Obermenge eines nicht frequent Itemsets frequent sein kann. Diese Eigenschaften haben sich zur Generierung von Frequent Itemsets “tief in den Algorithmus” reindrücken lassen, d.h. dass sie schon während den einzelnen Iterationen berücksichtigt wurden. Für unsere Constraints wollen wir nun im Folgenden auch solche Eigenschaften finden, die es uns erlauben, die Constraints möglichst weit in unseren Algorithmus reinzudrücken, wodurch sich der Aufwand im Post-Pruning erheblich verringert oder sogar ganz entfällt.

7.1.3 Eigenschaften von Constraints

Die gewünschten Eigenschaften heißen **Anti- Monotonizität** und **Succinctness**.

Erstere lässt sich wie folgt definieren: *Eine 1-var Constraint C ist anti-monoton genau dann, wenn für alle Mengen S, S' gilt:*

$$S \supseteq S' \ \& \ S \text{ erfüllt } C \implies S' \text{ erfüllt } C.$$

Das Ziel ist es nun, mithilfe der Anti-Monotonizität möglichst früh diejenigen Itemsets, die das Constraint nicht mehr erfüllen, zu prunen, da auch deren Obermengen die Constraints nicht mehr erfüllen können.

Die Succinctness-Eigenschaft soll es ermöglichen, schon die Kandidaten nicht zu erzeugen, die die Constraints nicht erfüllen würden. Die Definition ist nicht so straight-forward wie bei der Anti-Monotonizität, der interessierte Student sei abermals auf Ng et al. [1998] verwiesen. Man sollte sich merken, dass ein Constraint dann succinct ist, wenn man alle Itemsets, die das Constraint erfüllen, “kurz und knapp” aufschreiben kann. Das heißt, man kann bereits alle möglichen Frequent Itemsets und Association Rules erzeugen, ohne überhaupt jemals auf die Datenbank geblickt haben zu müssen. Dies ist z.B. mit regulären Ausdrücken möglich.

Tabelle 4: Charakterisierung der Anti-Monotonizität und Succinctness von 1-var Constraints.

1-var Constraint	Anti-Monoton	Succinct
$S\theta v, \theta \in \{=, \leq, \geq\}$	ja	ja
$v \in S$	nein	ja
$S \supseteq V$	nein	ja
$S \subseteq V$	ja	ja
$S = V$	teilweise	ja
$\min(S) \leq v$	nein	ja
$\min(S) \geq v$	ja	ja
$\min(S) = v$	teilweise	ja
$\max(S) \leq v$	ja	ja
$\max(S) \geq v$	nein	ja
$\max(S) = v$	teilweise	ja
$\text{count}(S) \leq v$	ja	schwach
$\text{count}(S) \geq v$	nein	schwach
$\text{count}(S) = v$	teilweise	schwach
$\text{sum}(S) \leq v$	ja	nein
$\text{sum}(S) \geq v$	nein	nein
$\text{sum}(S) = v$	teilweise	nein
$\text{avg}(S)\theta v, \theta \in \{=, \leq, \geq\}$	nein	nein
(Frequency Constraint)	(ja)	(nein)

* Aus Platzgründen sind hier die Negationen der jeweiligen Relationen nicht aufgelistet.

Dies ist bei Weitem noch nicht der Wahrheit letzter Schluss. Es wurden Effektiv gerade mal die grundlegenden Konzepte erklärt. Die genaue Implementierung der Constraints in den Algorithmus stellt ein ganz anderes Problem dar. Es ist leicht zu erkennen, dass aufgrund der unterschiedlichen Kombinationen von Constraint Eigenschaften, z.B. anti-monoton aber nicht succinct oder sowohl anti-monoton als auch succinct, andere Strategien beim Einfügen in den verwendeten Algorithmus benutzt werden müssen, eine Übersicht findet sich in Tabelle 4. Da dies aber über den Stoff der Vorlesung hinaus geht, beschäftigen wir uns lieber mit einer anderen Variation: Dem Finden von *Frequent Sequences*.

7.2 Constrained Frequent Sequence Mining

Anstelle von Itemsets kann es auch interessant sein, sich Folgen von Items anzuschauen. Eine Folge von Items ist eine Menge $S = \langle s_1, \dots, s_n \rangle$, bei der die Reihenfolge fest gegeben ist. Eine Teilfolge T lässt sich aus S generieren, indem beliebig viele $s_i \in S$ aus S für $i \leq n$ entfernt werden. Aus wirtschaftlicher Sicht kann dies interessant sein, wenn z.B. einen Einkaufstrend für schwangere Frauen in den Daten erkennen kann. Hat man so etwas wie ein Pattern für das Einkaufsverhalten von Frauen über den gesamten Zeitraum der Schwangerschaft, so könnte man diese Informationen nutzen, um jeweils zugeschnittene Werbung für potentiell Schwangere zu schalten.

Das Mining nach Frequent Sequences ist dem von Association Rules nicht unähnlich. Das Grundgerüst stellt wieder der Apriori Algorithmus dar. Dieser wird dadurch erweitert, dass innerhalb jeder Iteration sowohl Support-basiert, als auch Constraint-basiert geprunt wird. Constraints sind in diesem Falle meist *Reguläre Ausdrücke*, da sie zum einen ein mächtiges Beschreibungswerkzeug und zum anderen leicht in deterministische endliche Automaten überführbar sind. Auch für RegEx gibt es die Konzepte von Anti-Monotonizität und Succinctness, wobei Succinctness nach dem Verständnis des Verfassers schon sowieso für alle RegEx gilt.

Ein Beispiel für eine *nicht* anti-monotone RegEx wäre $(ab)^*$. Betrachtet man die Folge $abab$, welche die Constraint erfüllt, so besitzt diese diverse Teilfolgen, z.B. aab , die die Constraint nicht mehr erfüllen. Beim Mining wäre es egal, ob die Folge aab möglicherweise frequent ist, da sie aufgrund des Constraint-basierten Prunings (welches vor dem Support-basierten geschieht, da man sonst das Constraint nicht effektiv genutzt hätte) niemals in L_3 erscheinen wird.

Auf den ersten Blick scheint dies ja wünschenswert zu sein. Man erhält gerade die Frequent Sequences, die das Constraint erfüllen und man muss sich nicht mit Sequenzen herumschlagen, die zwar frequent sind, jedoch das Constraint nicht erfüllen und damit für den User uninteressant sind. The devil is in the detail.

Wenn unser Constraint nicht anti-monoton ist, dann kann es passieren, dass eine Teilfolge existiert, die unser Constraint nicht erfüllt, obwohl die Ausgangsfolge konform ist. Schaut man in den SPIRIT Algorithmus [Garofalakis et al., 1999], so sieht man aber, dass dann eine solche Folge für die späteren Iterationen nicht mehr betrachtet wird, man hat für diese Teilfolgen keine Informationen mehr über ihren Support-count. Das hat zur Folge, dass diese Folgen nicht mehr zum Support Counting von längeren Folgen benutzt werden können, d.h. die Effektivität unseres Support-basierten Prunings wird erheblich verringert.

Dieser Trade-Off zwischen Constraint- und Support-basiertem Pruning hängt in großem Maße von der Restriktivität unseres gewählten Constraints ab. Ist es sehr restriktiv (und damit im Allgemeinen auch oft nicht mehr anti-monoton), so bleibt offensichtlich hinterher “nicht mehr viel“ für das Support-basierte Pruning übrig. Es konnte in Studien gezeigt werden, dass ein zu starkes Constraint sich sogar negativ auf die Laufzeit unseres Algorithmus auswirken kann. Ein Möglicher Lösungsansatz ist die **Relaxation** unseres Anfangsconstraints C . Hierbei wird einfach ein Constraint C' gewählt, für das gilt: *Wenn eine Folge C erfüllt, dann erfüllt sie auch C'* . Es gibt verschiedene Abstufungen der Stärke der Relaxation, es reicht aber, sich zu merken, dass C' “mehr durchlässt“ als C . Am besten wählt man C' derart, dass es anti-monoton ist, sodass man alle Teilfolgen einer erzeugten zulässigen Folge behalten und damit für das Support-basierte Pruning nutzen kann. Für genauere Infos und die Ergebnisse der verschiedenen Relaxationsstufen sei auf Garofalakis et al. [1999] verwiesen.

8 Clustering

Beim Clustering geht es darum, eine möglichst natürliche Partitionierung der Daten in k Cluster zu finden. Cluster können anhand ihrer **Intra-** und **Inter-Cluster Similarity** qualifiziert werden, also wie sehr sich die Elemente im selben Cluster ähneln und wie sehr sich die Objekte aus verschiedenen Clustern unterscheiden. Gemessen wird diese Ähnlichkeit im Allgemeinen mit der Distanz der Objekte zueinander gemessen. Damit lässt sich die so genannte **Criterion Function** aufstellen, die minimiert werden soll:

$$\min E = \sum_{i=1}^k \sum_{\vec{x} \in C_i} d(\vec{x}, \vec{m}_i).$$

Hierbei muss k jedoch bekannt sein; das Problem ist nun jedoch die Wahl von k . Das beste Ergebnis entsteht trivialerweise, wenn man jedem Datenobjekt seinen eigenen Cluster zuweist, wodurch E verschwindet. Das kann jedoch nicht gewünscht sein.

Die Wahl der Anzahl der Cluster ist also generell ein nicht offensichtlich lösbares Problem. Es würde ein profundes Wissen über die Verteilung der Daten voraussetzen, was jedoch meistens nicht vorhanden ist. Deswegen werden stattdessen oft verschiedene Clusterings erzeugt, die dann miteinander verglichen werden. Auf das beste Clustering fällt dann die Wahl.

Aber was heißt hier das “beste”? Wie kann man die Güte eines Clusterings qualifizieren? Abhilfe verschafft uns hier der **Silhouette-Koeffizient**. Dieser nutzt zum einen die Eigenschaften von Intra- Inter-Cluster Similarity aus und wächst zum anderen nicht monoton mit k , was bei der Criterion Function nicht gegeben ist. Die Silhouette eines Objektes soll ausdrücken, wie sehr das Objekt tatsächlich zum theoretisch angenommenen Cluster und nicht zu nächst gelegenen gehört. Hierbei seien nun

$$a(o) = \frac{1}{|C(o)|} \sum_{p \in C(o)} \text{dist}(o, p),$$

$$b(o) = \min_{C_i \neq C(o)} \left(\frac{1}{|C_i|} \sum_{p \in C_i} \text{dist}(o, p) \right)$$

die mittleren Distanzen von Objekt o zu den Objekten des eigenen Clusters ($a(o)$) und den Objekten des nächstgelegenen anderen Clusters ($b(o)$). Das gewählte Objekt o kann nun entweder tatsächlich ein Objekt der Menge sein, oder ein beliebiger Repräsentant (z.B. der Centroid, dazu später mehr).

Die Silhouette von o ist nun definiert als

$$s(o) = \begin{cases} 0 & \text{if } a(o) = 0, \text{ d.h. } |C_i| = 1, \\ \frac{b(o) - a(o)}{\max\{a(o), b(o)\}} & \text{sonst.} \end{cases}$$

Der Wertebereich von $s(o)$ erstreckt sich auf $[-1, 1]$. Werte nahe 1 bedeuten, dass unser Clustering relativ gut ist, da die Objekte in ihren eigenen Clustern liegen, womit $a(o)$ klein wird. Liegen hingegen die Objekte in den falschen Clustern, dann wird $b(o)$ sehr klein, $a(o)$ jedoch sehr groß, womit $s(o)$ negativ wird. Es sind also Werte nahe bei 1 für $s(o)$ wünschenswerte. Möchte man nun ein Clustering $\mathcal{C} = \{C_1, \dots, C_k\}$ als Ganzes bewerten, so kann man

$$silh(\mathcal{C}) = \frac{1}{|\mathcal{C}|} \sum_{C_i \in \mathcal{C}} \frac{1}{|C_i|} \sum_{o \in C_i} s(o)$$

berechnen. Durch die Normalisierungen erstreckt sich der Wertebereich von $silh(\mathcal{C})$ wieder auf $[-1, 1]$. Über die Interpretation, ab wann nun ein Clustering als gut zu bezeichnen ist, kann man, wie bei fast allen Koeffizienten, im Detail streiten. Grob sagt man, dass ein Clustering für Werte $> 0,5$ mittelmäßig bis gut sind, für Werte zwischen 0 und 0,5 keine oder nur eine schwache Strukturierung vorliegt, und für negative Werte unser Clustering wohl falsch ist.

Um diese Einführung in das Konzept von Clustering zu beenden und mit den konkreten Clustering Algorithmen fortfahren zu können, müssen wir noch kurz ansprechen, wie man Distanzen zwischen Mengen von Datenobjekten misst. Dafür werden wir die drei folgenden Methoden verwenden, die im Wesentlichen gleich funktionieren, nämlich

$$\begin{aligned} \text{Single Link: } dist_{sl}(X, Y) &= \min_{x \in X, y \in Y} dist(x, y), \\ \text{Complete Link: } dist_{cl}(X, Y) &= \max_{x \in X, y \in Y} dist(x, y), \\ \text{Average Link: } dist_{al}(X, Y) &= \frac{1}{|X||Y|} \sum_{x \in X, y \in Y} dist(x, y). \end{aligned}$$

Der Single Link ist der Abstand zwischen den nächsten beiden Objekten zweier Cluster, der Complete Link beschreibt die Distanz zwischen den beiden am weitesten voneinander entfernten Objekten. Das Problem dieser beiden Maße ist, dass sie für Ausreißer besonders anfällig sind. Der Average Link ist in dieser Hinsicht geeigneter, insbesondere, wenn viele Datenobjekte zur Verfügung haben.

Grob lassen sich Clustering Verfahren in folgende Kategorien einteilen:

- **Partitionierend:** Hierbei werden die Daten in Partitionen eingeteilt, so dass jede Partition nicht leer ist und jedes Objekt zu *genau einem* Cluster gehört. Meistens gehen die Verfahren derart vor, dass zunächst ein initiales Clustering erstellt wird, welches in iterativen Abläufen durch Verschieben der Objekte in andere Cluster verbessert werden soll. Durch

die schiere Menge an möglichen Partitionierungen ist es selten möglich, ein globales Optimum zu finden, insbesondere wenn wir es mit großen Datenbeständen zu tun haben. Stattdessen greift man auf Heuristiken zurück, indem z.B. Cluster durch Medoide (dazu gleich mehr) oder ihren Mittelwert repräsentiert werden. Diese Verfahren sind gut in der Lage, sphärische Cluster in kleinen bis mittleren Datenbeständen zu finden. Für große Datenmengen oder komplex Clusterformen werden Erweiterungen der vorgestellten Algorithmen benötigt.

- **Hierarchisch:** Hierbei geht es darum, eine Hierarchie aufzubauen, die unseren Datenbestand widerspiegelt. Im Wesentlichen unterscheidet man hier **agglomerative** (bottom-up) und **divisive** (top-down) Methoden. Das Problem bei diesen Verfahren ist, dass man einen *split* oder *merge* Schritt nicht mehr rückgängig machen kann. Das hat zwar den Vorteil, dass die kombinatorische Zahl an theoretisch zu betrachteten Möglichkeiten entfällt, dafür jedoch Fehler auch nicht mehr rückgängig gemacht werden können. Es gibt verschiedene Lösungsansätze, von denen wir uns später BIRCH ansehen werden, in welchem zunächst mittels agglomerativen hierarchischem Clustering ein (guter) Ausgangspunkt für ein partitionierendes Verfahren erzeugt wird (man möchte hier vor allem die iterative Reallokation der Datenobjekte in den partitionierenden Verfahren nutzen).
- **Dichte-basiert:** Hierbei wird die Objektdichte in bestimmten Teilräumen betrachtet. Dadurch ist es möglich, zum einen Noise möglichst aus unseren Clustern rauszuhalten, was in den anderen Verfahren nicht ohne weiteres gegeben ist, und zum anderen beliebige Formen von Clustern zu finden.
- **Probabilistisch:** Bei diesen Verfahren werden Objekte nur mit einer bestimmten *Wahrscheinlichkeit* einem bestimmten Cluster zugewiesen. Diese Verfahren nehmen für jedes Cluster eine Verteilungsfunktion an, mithilfe derer die Zugehörigkeit eines Objektes zu besagtem Cluster gemessen werden kann. Sie bieten auch die Möglichkeit, anhand der Daten die Anzahl der Cluster zu bestimmen, auch unter Berücksichtigung von Noise und Ausreißern.

Verfahren aus verschiedenen Kategorien lassen sich auch leicht miteinander kombinieren (siehe BIRCH).

8.1 Partitionierendes Clustering

8.1.1 k-Means

k-Means ist ein ziemlich einfaches, naives Clustering Verfahren. Am Anfang wählt man beliebig k Datenobjekte, die als Surrogate für unsere Cluster dienen, und weist dann jedes andere Datenobjekt dem ihm am nächsten gelegenen Surrogat zu. So erhält man eine Partitionierung aller Datenobjekte in k Cluster. Da man nicht davon ausgehen kann, dass man beim ersten Mal bereits die optimalen Mittelpunkte der Cluster gefunden hat, geht man iterativ wie folgt vor: Man bestimmt den Mittelpunkt eines jeden Clusters und wählt im nächsten Schritt diese Mittelpunkte als Surrogate für die Neu-zuweisung der Datenobjekte. Dieses Vorgehen verschiebt in jedem Schritt den Mittelpunkt des aktuellen Clusters in Richtung des Mittelpunktes des (lokal) optimalen Clusters, so lange, bis für eine bestimmte Anzahl an Iterationen keine signifikante Verbesserung mehr möglich ist (z.B. 4 Iterationen lang keine Verbesserung $> \epsilon = 10^{-4}$). Das Gütemaß kann hierbei sowohl die Criterion Function als auch der Silhouette Koeffizient sein, da unser k in jeder Iteration gleich bleibt. Die Wahl des Mittelpunktes kann auch auf zwei mögliche Methoden geschehen. Entweder wählt man den **Medoid** des Clusters oder den **Centroid**. Der Medoid ist der Datenpunkt, der dem tatsächlichen Clustermittelpunkt, dem Centroid, am nächsten ist. Centroide sind also nicht notwendigerweise auch tatsächlich in unserem Datenbestand enthalten, jedoch kann der Fall eintreten, dass Medoid und Centroid zusammenfallen.

Die Wahl der Punkte in der Initialisierungsphase (auch **Seeds** genannt) ist maßgebend für das spätere Ergebnis. k-Means erzeugt nämlich zunächst nur lokale Optimalpunkte. Ein ungeschickte oder unglückliche Wahl der Seeds kann dazu führen, dass man eine Lösung findet, die vom globalen Optimum weit entfernt ist, dieses jedoch nie mit den gegebenen Seeds erreichen kann. Dies könnte z.B. dann passieren, wenn die Seeds dicht beieinander liegen. Ein Ansatz wäre eine Greedy-Lösung, indem die Seeds immer mit einem Mindestabstand zueinander gewählt werden müssen. Dadurch wird eine bessere Abdeckung der Raumes gewährleistet. Insgesamt ist diese Lösung aber auch kein Garant für ein (nahezu) globales Optimum, weswegen man auch mit einem Greedy-Ansatz nicht vermeiden kann, mehrere Runs von k-Means laufen zu lassen mit unterschiedlichen Seeds.

Dies stellt bereits eine der Variationen für k-Means dar. Neben der Anzahl an Runs kann auch das Stop-Kriterium angepasst werden, wodurch die Genauigkeit der Lösung variiert werden kann. Hat man es mit sehr großen Datenbeständen zu tun, so kann es zu teuer sein, in jeder Iteration die ganze Datenbank zu scannen. Hierfür ist Sampling eine Lösung. Generell lässt sich

aber wohl sagen, dass k-Means besonders empfänglich für eine raffinierte Wahl der Seeds ist, da damit nicht nur die Laufzeit, sondern auch die Güte der Lösung stark beeinflusst werden können.

Eine Variation des Verfahrens, die sich nicht mit den Parametern von k-Means beschäftigt, ist das Ersetzen von womöglich schlechten Medoiden. Ein Medoid kann als schlecht angenommen werden, wenn er weniger als $\frac{N}{k} * minDev$ Datenobjekte zugewiesen bekommen hat. Hierbei ist N die Anzahl der Datenobjekte insgesamt, k die Anzahl der Cluster und $minDev$ eine Konstante, die der Tatsache Rechnung trägt, dass es wohl kaum eine Gleichverteilung der Daten auf alle Cluster gibt. Je nach Wahl von $minDev$ sind also auch kleine Cluster möglich.

8.1.2 k-Means in der Variante CLARANS

Wie bereits eben gesagt, ist k-Means für sehr große Datenbestände ungeeignet, da zu viele Datenobjekte in jedem Schritt zu oft betrachtet werden müssten. “Zu oft“ bedeutet hier, dass in jeder Iteration jeder Medoid verändert wird, d.h. man muss alle Datenobjekte mit allen Medoiden neu vergleichen. Ebenfalls wurde gesagt, dass Sampling hier helfen kann. Dieses Verfahren hat sogar einen Namen, nämlich **CLARA** (Clustering LARge Applications). CLARA nimmt sich ein Sample, und führt auf diesem k-Means aus. Aufgrund der kleineren Größe kann k-Means effektiv ausgeführt werden und bei einer hinreichend randomisierten Auswahl des Samples ist das Ergebnis meist auch recht gut.

Ein Problem stellt jedoch die Beschränkung auf ein einziges Sample dar. CLARA wählt ein Sample, was effektiv eine Einschränkung des Raumes bedeutet. Ist in diesem Raum nun nicht der Optimalpunkt eines Clusters enthalten, so kann CLARA nie ein optimales Ergebnis liefern. Man müsste CLARA mehrmals mit verschiedenen Samples laufen lassen.

Dieses Problem wird durch **CLARANS** (Clustering Large Applications based upon RANdomized Search) gelöst. Die Grundidee ist, dass man einen Graphen betrachtet, in dem die Knoten Seeds für k-Means darstellen. Knoten sind genau dann verbunden, wenn sich die Seeds in *genau einem* Medoiden unterscheiden. Der Unterschied zu CLARA besteht nun darin, dass man nicht auf einem Sample des Datenbestandes arbeitet, sondern auf einem Sample aus Nachbarn: Man wählt zunächst einen beliebigen Seed, also einen beliebigen Knoten aus dem Graphen aus. Danach wählt man beliebig eine zuvor festgelegte Anzahl an Nachbarknoten und vergleicht die Clusterings untereinander. Das Clustering, welches am besten ist, wird als aktuelles Minimum gewählt. Ebenso wie k-Means findet CLARANS zunächst nur lokale Optima, weswegen mehrere Runs von CLARANS mit unterschiedlichen Startseeds nötig sind.

Experimentell konnte gezeigt werden, dass CLARANS schneller läuft, als der naive k-Means und CLARA. Für die Performance kann man verschiedene Variationen bei der Auswahl der Nachbarn sowie der zugrunde liegenden Datenstruktur (z.B. R-Baum etc.) wählen. Das im letzten Abschnitt Gesagte über das Ersetzen von schlechten Medoiden lässt sich auch auf CLARANS übertragen.

8.1.3 BIRCH

Whut?³⁶

BIRCH benutzt als Grundgerüst einen so genannten **CF-Tree** (Clustering Feature Tree). In diesem werden die Cluster anhand ihrer bestimmten Features bestimmt und das auf mehreren Hierarchieebenen. Die Features eines Clusters sind ein Tripel $CF = (N, \vec{LF}, SS)$, wobei N die Zahl der Datenobjekte im Cluster, $\vec{LF} = \sum_{i=1}^N \vec{o}_i$ die lineare Summe aller Objekte des Clusters und $SS = \sum_{i=1}^N \vec{o}_i^2$ die Summe der Quadrate der Clusterobjekte ist. Mit diesen Werten lassen sich weitere Eigenschaften von Clustern berechnen, z.B. der Centroid und der Radius.³⁷ Diese kompakte Darstellung von Clustern macht den CF-Tree zu einem sparsamen Repräsentanten des Clusterings auf unserem Datenbestand.

Der Vollständigkeit halber hier noch die Definitionen von

$$\begin{aligned} \text{Centroid:} \quad & \vec{x}_0 = \frac{\sum_{i=1}^N \vec{x}_i}{N}, \\ \text{Radius:} \quad & R = \left(\frac{\sum_{i=1}^N (\vec{x}_i - \vec{x}_0)^2}{N} \right)^{\frac{1}{2}}, \\ \text{Durchmesser:} \quad & D = \left(\frac{\sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N (\vec{x}_i - \vec{x}_j)^2}{N(N-1)} \right)^{\frac{1}{2}} \end{aligned}$$

³⁶Okay, es lässt sich darüber streiten, ob wir BIRCH als hierarchisches oder als partitionierendes Verfahren einstufen. Let's be honest: BIRCH heißt *Balanced Iterative Reducing and Clustering using Hierarchies* – das trägt es ja schon im Namen. In der Vorlesung wird es als partitionierendes Verfahren vorgestellt; das könnte daran liegen, dass am Ende doch nur ein Seeds für ein partitionierendes Verfahren entsteht bzw. dass die Lösung, die BIRCH anfangs produziert aus diversen Gründen weniger handlich ist, als es ein auf k-Means basierendes Verfahren liefern würde.

³⁷Sollte sich der Verfasser dieser Zeilen nicht irren, dann gilt für den Radius $R = \left(\frac{SS}{N} - \frac{L^2}{N^2} \right)^{\frac{1}{2}}$.

und der Durchschnittlichen Inter Cluster Distanz:

$$D_2 = \left(\frac{\sum_{i=1}^{N_1} \sum_{j=N_1+1}^{N_1+N_2} (\vec{x}_i - \vec{x}_j)^2}{N_1 N_2} \right)^{\frac{1}{2}}.$$

Kommen wir nun aber endlich zum tatsächlichen CF-Tree. Der CF-Tree ist ein höhenbalancierter Baum, in dem jeder Knoten einem Cluster entspricht. In den Blättern sind die s.g. **Elementarcluster** enthalten, in den inneren Knoten befinden sich Mengen an Tupeln der Form (CF_i, child_i) . Dabei enthält Child nur einen Verweis auf den Knoten, dessen Cluster aggregiert das CF des aktuellen Childs begründen (geht man im Baum nach oben, so ergibt sich das CF eines Knotens aggregiert aus den CF's seiner Children). Die Parameter, die man anfangs bei der Erstellung des Baumes mitgeben muss sind

- **B**: Der Fan-Out für innere Knoten, also die Zahl der Kinder, die ein innerer Knoten maximal haben darf.
- **B'**: Die Kapazität eines Blattes.
- **T**: Der Schwellenwert für den Radius oder Durchmesser eines **Elementarclusters**.

Der Parameter T ist wichtig, da ohne ihn beim Einfügen der Elemente in den Baum ansonsten ein einziger Megacuster entstehen würde.

Das *Einfügen* in den Baum erfolgt relativ einfach. Es werden nacheinander alle Datenobjekte in den Elementarcluster eingefügt, dessen Centroid den kleinsten Abstand zum einzufügenden Datenobjekt hat. Wird dabei T überschritten, so muss ein neuer Elementarcluster erzeugt werden. Wird damit jedoch die maximale Anzahl an Clustern pro Blatt (B') überschritten so muss der Knoten in zwei neue Blattknoten gesplittet werden.

Das *Splitten* funktioniert, indem man die beiden Cluster im Knoten als Seeds für die neuen Blätter wählt, die am weitesten voneinander entfernt sind. Die übrigen Cluster werden dann dem Knoten des näher gelegenen Seeds zugewiesen. Danach sowie nach jedem eingefügten Datenobjekt müssen die Knoteneinträge bzgl. ihrer CF nach oben hin bis zur Wurzel geupdated werden. Das Splitting erzeugt zwei neue Blattknoten, d.h. der Elternknoten des gesplitteten Knotens muss nun zwei Einträge aufnehmen, anstelle eines einzigen. Ist der Elternknoten jedoch ebenfalls bereits voll, dann muss auch dieser gesplittet werden, wodurch sich für dessen Eltern das gleiche Problem ergeben kann.

Damit der CF-Tree nicht komplett wild wächst und Elementarcluster, die eigentlich nahe beieinander liegen durch ungünstiges Splitting im Baum weit

voneinander entfernt stehen, können ähnliche Cluster auch gemergt werden. Ein *Merge* kann sich insbesondere nach einem Splitting anbieten. Führt man die eben genannte “Splitting-Kette“ ganz bis zum Schluss durch, so gibt es einen Knoten, der nicht mehr gesplittet wurde (das kann auch eine etwaige neue Wurzel sein). Man betrachtet nun die Kinder dieses Knotens und wählt das Paar, das sich am nächsten ist. Dies sind Kandidaten für einen Merge. Sind beide Kandidaten nicht das Ergebnis des Splittings (wenn einer der beiden ein “Split“-Knoten ist, ist das noch in Ordnung), dann werde diese beiden zu einem neuem Knoten zusammengefügt. Gegebenenfalls sind nach dem Merge noch weitere Splittingschritte notwendig. Dafür gewinnt man jedoch, dass die Wahrscheinlichkeit, dass ähnliche Cluster in komplett verschiedenen Subtrees des Baumes landen, verringert wird.

Dies zeigt ein deutliches Problem von BIRCH auf, was es als alleiniges Clustering disqualifiziert. Das Splitting von Knoten beruht nicht auf der Struktur des zugrundeliegenden Datenbestandes. Stattdessen wird lediglich aufgrund von technischen Eigenheiten des Algorithmus und des Rechnersystems gesplittet. Auch sind die gefundenen Cluster sehr abhängig vom gewählten T . Hat man z.B. in seinen Daten ein eindeutiges, schweres und dichtes natürliches Cluster, das jedoch einen Radius größer T hat, dann kann dieses nie identifiziert werden. Stattdessen wird es im Baum durch einzelne Elementarcluster repräsentiert, die im schlimmsten Fall sogar in verschiedenen Subtrees stehen. Damit ist zum einen das direkte Auslesen der Cluster aus dem Baum keine gute Idee und zum anderen ist die Aussagekraft der Hierarchischen Struktur des Baumes wenigstens fragwürdig. Deswegen haben auch die Erfinder von BIRCH vorgeschlagen, dass man stattdessen das Ergebnis von BIRCH als Seeds für ein anderes Clustering Verfahren nimmt, in der Hoffnung, dass durch die Vorarbeit von BIRCH ein gutes Ergebnis erzielt werden kann.

8.2 Hierarchisches Clustering

Das Prinzip von Hierarchischem Clustering dürfte jetzt spätestens seit BIRCH bekannt sein. Wie bereits in der Einführung erwähnt unterscheidet man im Wesentlichen zwischen zwei Ansätzen: den **agglomerativen** und den **divisiven** Verfahren. Das Ergebnis jeweils lässt sich gut als Dendogramm darstellen, da so die Verschachtelung der Cluster gut visualisiert wird.

Ein einfaches agglomeratives Verfahren ist das iterative Zusammenfügen von einzelnen Objekten zu immer größeren Clustern basierend auf deren Abstand. Dies funktioniert im Prinzip genauso wie das Bestimmen eines minimalen Spannbaumes. Der Rechenaufwand entsteht in diesem Verfahren vor allem zu Beginn, da am Anfang die Abstände aller Objekte jeweils

zueinander bestimmt werden müssen. In den Folgenden Schritten müssen dann lediglich für das neue Cluster die Entfernungen berechnet werden. Insgesamt gibt es also eine quadratische Laufzeit ($\frac{n(n-1)}{2}$ um genau zu sein) in der Größe des Datenbestandes. Nicht effizient, aber es funktioniert. Ein Vorteil ist, dass durch dieses Vorgehen auch lokale Muster gut berücksichtigt werden können.

Ein Beispiel für ein divisives Clustering wäre **DIANA** (DIvisiv ANALysis). Hierbei hat man anfangs einen “Mega Cluser“, der alle Datenobjekte beinhaltet. Danach bestimmt man das Objekt, dass im Mittel den größten Abstand zu allen anderen Objekten hat. Dieses Objekt wird als Seed für unsere “SplinterGroup“ gewählt. Danach wird iterativ jedes übrige Objekte aus dem Rest (also Cluster ohne SplinterGroup) auf seine Clusterzugehörigkeit geprüft. Dafür wird die durchschnittliche Unterschiedlichkeit zu jedem Cluster berechnet und daraus die Differenz gebildet. Formal ergibt sich

$$D(o') = \sum_{o_j \in \text{Rest}} \frac{d(o', o_j)}{|\text{Rest}|} - \sum_{o_j \in \text{SplinterGroup}} \frac{d(o', o_j)}{|\text{SplinterGroup}|}.$$

Man beachte die Ähnlichkeit zur Silhouette eines Objektes. Prinzipiell wird bei beiden ja das Gleiche geprüft, hier findet lediglich keine Normierung statt. Hat man nun für alle übrigen Objekte $D(o)$ berechnet, so wählt das Objekt mit dem größten positiven Wert aus, und fügt dieses der SplinterGroup hinzu. Danach wird das Spiel so lange wiederholt, bis kein Objekt mehr ein positives $D(o)$ besitzt. Danach ist man mit diesem Cluster fertig. Als nächstes wählt man den Cluster, der den größten Durchmesser hat und verfährt genauso mit diesem. Man kann den Algorithmus entweder so lange laufen lassen, bis man tatsächlich alle Datenobjekte in eigene Cluster unterteilt hat, oder man legt stattdessen einen unteren Grenzwert fest, der Cluster ab einer gewissen Dichte und Größe als fest annimmt und diese nicht mehr splittet (d.h. findet man durch Splitting ein kleines, sehr dichtes Cluster, dann macht es wohl keinen Sinn, dieses weiter aufzuteilen). DIANA war einer der ersten (vielleicht sogar **der** erste) Ansatz eines divisiven Verfahrens, der nicht an der exponentiellen Anzahl an Splittmöglichkeiten am Anfang des Algorithmus gescheitert ist. Hat man nämlich am Anfang nur sein Mega Cluster gegeben, ist es nicht trivial ersichtlicht, wie man dieses nun splittet. Würde man nun alle Möglichkeiten miteinander vergleichen wollen, dann müsst man insgesamt $2^{n-1} - 2$ Möglichkeiten betrachten. DIANA umgeht dieses Problem durch sein iteratives Vorgehen. Ein Vorteil von Hierarchischen Verfahren insgesamt ist, dass sie sich nicht zu sehr auf den “Kleinschleiß“ verfahren; durch den top-down Ansatz sind globale Trends in den Daten besser erfassbar, als bei agglomerativen Verfahren.

8.3 Probleme mit hochdimensionalen Räumen

Wie bereits in früheren Kapiteln erwähnt ist die Anzahl der Dimensionen unseres Merkmalraumes ein gravierendes Problem. Haben wir Datensätze mit vielen hundert Dimensionen, dann kann wohl kaum der Fall eintreten, dass sich die Daten gut in Cluster einteilen lassen. Stattdessen hat man mehr einen Raum voller Noise. Dichte-basierte Verfahren kann man in den Wind schießen und Hierarchien in so vielen Dimensionen sind auch wenig sinnvoll.

Es kann jedoch der Fall sein, dass es Datensätze gibt, die nur in einer kleinen Anzahl an Dimensionen ein Cluster bilden. Diese lassen sich durch das so genannte **Projected Clustering** finden. Dieser Algorithmus erhält als Input k , die Anzahl der zu findenden Cluster, und l , die durchschnittliche Zahl der Dimensionen pro Cluster. Als Output erhält man eine Partitinierung der Daten in $k + 1$ Mengen (+1 für die Daten, die in kein Cluster gefallen sind) und eine Menge an Dimensionen D_i für jedes Cluster C_i .

Projected Clustering funktioniert im Prinzip genauso wie k-Means, nur dass nun am Anfang jedes Schrittes die Dimensionen, in denen die Medoiden signifikant sind, ermittelt werden müssen.

Dies geschieht dadurch, dass man für jede Dimension einzeln den durchschnittlichen Abstand zwischen Medoid m_i und den Objekten in seiner **Locality** \mathcal{L}_i bestimmt. Die Locality kann man sich als Kugel um den Medoiden vorstellen. Die Größe dieser Kugel kann beliebig gewählt werden, in der Vorlesung wurde sie mit dem Abstand zum jeweils nächsten Medoiden vorgestellt. Die berechnete durchschnittliche Distanz der Objekte in der Locality in einer bestimmten Dimension j sei als $X_{i,j}$ bezeichnet. Das i steht für die Locality \mathcal{L}_i . Hat man alle $X_{i,j}$ einer Locality berechnet, so berechnet man aus diesen nun wieder den Durchschnitt

$$Y_i = \frac{\sum_{j=1}^d X_{i,j}}{d},$$

wobei d die Gesamtzahl der Dimensionen ist. Spontan lässt sich festhalten, dass, falls die Differenz $X_{i,j} - Y_i$ negativ wird, die Dimension j wichtig für den Medoiden m_i ist. In der Vorlesung wurde ein Beispiel gezeigt, in dem ein Cluster zunächst nur in einer Dimension signifikant war. Hat man jedoch die Daten des Clusters in allen Dimensionen **gestaucht**, so wurden dadurch auch absolut gesehen die $X_{i,j}$ kleiner. Verglichen mit der Ausgangsverteilung der Daten wären diese nun auf einmal in allen Dimensionen signifikant! Um solche Effekte zu vermeiden, benutzen wir stattdessen die Standardabweichung der $X_{i,j}$ von ihrem jeweiligen Y_i , um die Werte zu normalisieren. Die

Standardabweichung sei

$$\sigma_i = \sqrt{\frac{\sum_j (X_{i,j} - Y_i)^2}{d - 1}}.$$

Damit lässt sich nun die Kennzahl $Z_{i,j} = \frac{X_{i,j} - Y_i}{\sigma_i}$ berechnen. Wenn die Standardabweichung klein wird, dann wird der Quotient insgesamt groß. Das heißt, wenn die Daten in vielen Dimensionen ähnlich um m_i verteilt sind, scheint unser Medoid ein brauchbarer Mittelpunkt für seine Locality und damit potentiell auch für sein Cluster zu sein. Deswegen werden die $Z_{i,j}$ zunächst einmal der Größe nach sortiert. Danach wählt man die ersten $k * l$ $Z_{i,j}$ aus und ordnet diese ihren Medoiden zu. Der Sinn dahinter ist, dass man die Dimensionen jeweils für jeden Medoiden anhand ihrer Signifikanz für die Beschreibung der Locality des Medoiden sortiert. Und das sogar Locality- und damit auch Cluster-übergreifend. Damit kann man die *wichtigsten Dimensionen für die wichtigsten Medoiden* unseres Datenbestandes finden. Auch ist durch diese Wahl der $Z_{i,j}$ die Bedingung, dass es pro Cluster im Durchschnitt l Dimensionen gibt, immer noch gewährleistet.

Nachdem wir nun den Medoiden ihre Dimensionen zugeordnet haben, müssen wir wieder die Daten den Medoiden zuordnen. Offenbar sollte dies am besten die Dimensionen, in denen die Medoiden signifikant sind, berücksichtigen. Dabei haben wir jedoch das Problem, dass gegebenenfalls Medoiden mit weniger Dimensionen einen Vorteil bei der Distanzbestimmung haben. Deswegen verwenden wir die *Manhattan Segmental Distance*, die jedes mal die Anzahl der Dimensionen pro Medoiden herausnormalisiert.

Haben wir nun alle Datenobjekte ihrem nächsten Medoiden zugeordnet, dann berechnen wir den Schwerpunkt dieser Partition und der Spaß geht von vorne los.

8.4 Clustering mit kategorischen Daten

Wenn wir uns unser Warenkorbszenario anschauen, dann bestehen unsere Transaktionen nicht aus numerischen Werten, sondern sind Bit-Vektoren, die angeben, ob ein Item enthalten ist oder nicht. Bei einer hohen Zahl an möglichen Items ist zudem auch die Dimension unserer Vektoren sehr hoch. Dies hat zur Folge, dass selbst Kunden mit einem eigentlich gleichem Kaufverhalten unterschiedlich eingestuft werden, z.B. Premium-Kunden, die zwar Luxusgüter kaufen, aber eben nicht **exakt** die selben. Außerdem funktionieren herkömmliche euklidische Distanzmaße nicht sinnvoll, z.B. wird ein Bit-Vektor, der ganz am Anfang eine 1 und ansonsten nur 0 enthält ähnlich eingestuft wie ein Vektor, der ganz am Ende eine 1 und ansonsten nur 0 hat.

Die beiden Vektoren stimmen nur in den Items überein, die nicht gekauft wurden. Das ist nicht unbedingt hilfreich (außer in Sonderfällen evtl.).

Deswegen brauchen wir ein anderes Ähnlichkeitsmaß, nämlich den so genannten **Jaccard-Koeffizienten**. Dieser beschreibt die Ähnlichkeit zweier Transaktionen anhand ihrer gleichen Items.

$$\text{Jaccard} = \frac{|T_1 \cap T_2|}{|T_1 \cup T_2|}$$

Der Jaccard-Koeffizient alleine reicht aber noch nicht aus. Wie im Beispiel aus der Vorlesung gezeigt, funktioniert der Jaccard-Koeffizient als Distanzmaß in einem naiven agglomerativen Verfahren deswegen nicht, da die Transaktionen nur paarweise betrachtet werden.

Es lässt sich feststellen, dass, um bei unseren beiden Premium-Kunden zu bleiben, diese zwar jeweils für sich genommen nur wenig gleiches Items in ihren Transaktionen haben; wenn man jedoch noch andere hinzunimmt, so kann man feststellen, dass sie mit diesen anderen mehr Ähnlichkeit haben. Über diese “Brücke“ sind die beiden Ausgangskunden dann miteinander verbunden. Dieses Konzept der **Nachbarschaft** kann uns beim Clustering behilflich werden.

Dafür gibt es die **Link-basierte Methode**. Bei ihr werden zwei Punkte dann als Nachbarn betrachtet, wenn ihre Ähnlichkeit einen gewissen Schwellwert überschreitet. Was genau dieses Ähnlichkeitsmaß ist, ist abhängig von der Situation. Bei unseren Transaktionen, also Mengen von Items, bietet sich der Jaccard-Koeffizient an. Nun werden Links zwischen den einzelnen Punkten erzeugt, wobei die Anzahl der Links zwischen zwei Punkten der Zahl ihrer gemeinsamen Nachbarn entspricht. Als nächstes werden dann die beiden Punkte / Cluster gemerget, die die größte Linkzahl zwischen sich haben. Dies wird so lange wiederholt, bis man nur noch einen einzigen Cluster hat (also ein agglomeratives hierarchisches Verfahren).

Zusammenfassend lässt sich festhalten, dass Clustering mit kategorischen Daten nicht ohne weitere Denkarbeit zu lösen ist. Man muss sich geeignete Kriterien überlegen, der Ansatz mit der Nachbarschaft ist aber meistens schon eine recht gute Wahl und liefert brauchbare Ergebnisse. Auch ist oben vorgestellte Link-basierte Methode nicht in Stein gemeißelt; wie gesagt, kann das Abstandmaß durchaus variiert werden, um sich besser den Daten anzupassen, und auch das agglomerative Verfahren kann ein anderes sein. So lässt sich k-Means dahingehend abändern, dass der “Abstand“ zwischen zwei Objekten der Anzahl ihrer Links, also gemeinsamen Nachbarn, entspricht. Nicht zuletzt muss man sich auch Gedanken über die Repräsentation der gefundenen Cluster machen. Im Allgemeinen können mit der Link-basierten Methode auch nicht runde Cluster gefunden werden, insbesondere wären

auch stark sichelförmige Cluster möglich. Wie kann man aber solche Cluster ausgeben? Der Mittelpunkt wird wohl nicht ausreichen und ist im Beispiel sogar irreführend. Man wird wohl nicht darum herumkommen, mehrere Punkte ausgeben zu müssen, damit der User ein Gefühl für das Cluster bekommt, aber das dürfte gerade für hochdimensionale Lösungen wenig intuitiv sein.

8.5 Dichte-basiertes Clustering

8.5.1 DBSCAN

Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise (DBSCAN) ist ein Verfahren, dass sich die **Dichte** von Clustern und von unseren Datenobjekten zu Nutze macht. Dabei ist ein Objekt genau dann dicht, wenn es mehr als *minPts* andere Datenobjekte innerhalb einer ϵ - Umgebung besitzt. Punkte, die selbst in einer solchen ϵ - Umgebung liegen, aber selbst nicht dicht sind, heißen **dichte-erreichbar**.

Die Idee des Algorithmus ist nun Folgende: Wähle einen Punkte aus dem Datenbestand. Prüfe, ob es dicht ist. Falls ja, dann ist der Punkt ein potentieller Kandidat für ein Cluster und wir fügen alle seine Nachbarn dem Cluster hinzu. Betrachte nun alle seine Nachbarn und prüfe, ob diese dicht sind. Falls ja, wiederhole das Spiel von eben (d.h. expandiere die Nachbarn um ihre ϵ - Umgebung und prüfe Dichte der neuen Punkte). Wiederhole dies, bis alle Punkte erreicht wurden. Wähle dann einen anderen, noch nicht besuchten Punkt aus. Wiederhole, bis alle Punkte besucht wurden.

Man kann sehen, dass die Zuordnung von dichten Punkten deterministisch ist. Nichtdeterministisch wird es, wenn wir dichte-erreichbarer Punkte betrachten. Diese können auch zwischen zwei Clustern liegen. Bei ihrer Zuordnung hängt es nun davon ab, welchen Cluster man zuerst erstellt.

Die Kosten dieses Verfahrens hängen maßgeblich von der Expansion, also dem Finden der Nachbarn, ab. Ohne eine entsprechende Implementierung müsste man jedes mal den ganzen Datenbestand scannen. Hierbei sind räumliche Indexstrukturen ein wahrer Segen, z.B. R-Trees. Hat man eine entsprechende Implementierung, so belaufen sich die Kosten etwa auf $O(n \log n)$. Im schlimmsten Fall hätten wir es stattdessen mit $O(n^2)$ zu tun.

Die *Parameter* von DBSCAN sind zum einen ϵ und zum anderen *minPts*. Generell lässt sich sagen, dass eine Veränderung der Parameter eine Auswirkung auf die *Dichte* und *Größe* der gefundenen Cluster hat. Die Zahl der gefundenen Cluster könnte auch variieren; das hängt jedoch sehr von dem gegebenen Datenbestand ab. An und für sich ist es blöd, dass der Anwender diese Parameter spezifizieren muss, da sie sich stark auf die Qualität des Ergebnisses auswirken, aber daran lässt sich nichts ändern. Um hier eine bessere

Wahl der Parameter zu ermöglichen, müsste Wissen über die Verteilung der Daten vorhanden sein, was man nicht voraussetzen kann. Und wenn man dieses Wissen hätte, wozu würden wir dann noch Clustern wollen? Man wird sich also insgesamt bei der Parameterwahl nicht vor einem Trial & Error Prozess drücken können.

8.5.2 OPTICS

Ordering Points To Identify the Clustering Structure (OPTICS) soll bei der Wahl des ϵ für unser DBSCAN helfen, indem es die Auswirkungen auf das Clustering visualisiert für verschiedene Werte für ϵ . *minPts* muss jedoch noch weiterhin vom User selbst gewählt werden.

Hierfür werden wir weitere Distanzkonzepte brauchen. Zum einen haben wir die **core-distance**, die dem minimalen ϵ entspricht, für das das Objekt noch **dicht** ist. Die andere Distanz ist die **reachability-distance**³⁸ von o zu Punkt p

$$reach_{\epsilon, minPts}(o, p) = \begin{cases} undefined & \text{wenn } dist(o, p) > \bar{\epsilon}, \\ \max\{dist(p, o), coreDist_{minPts}(p)\} & \text{sonst.} \end{cases}$$

Die Idee dahinter ist, dass wir uns zunächst nur für Objekte interessieren, die überhaupt in der $\bar{\epsilon}$ -Umgebung unseres betrachteten Objekte liegen. Dabei ist $\bar{\epsilon}$ der maximale Wert für unser ϵ . Indem wir also die nicht direkt erreichbaren Objekte erst einmal außer Acht lassen, haben wir die Hoffnung, dass wir nahe Objekte auch möglichst zeitnah betrachten. Für die betrachteten Objekte gilt, dass, wenn sie innerhalb des cores liegen, die Reihenfolge ihrer Betrachtung egal ist. Das kommt daher, dass das Objekt für ein ϵ kleiner als seine *coreDist* nicht mehr dicht wäre. Dann aber würde das Objekt auch nicht mehr zu einem Cluster gehören. Insofern beschränken wir uns auf den Fall, dass das Objekt doch dicht ist, also die Nachbarn des Objektes in jedem Fall (unabhängig vom aktuellen ϵ betrachtet werden. Dies gilt in der Form nicht für die Objekte, die außerhalb des cores liegen. Diese sind nämlich nur dann vom aktuellen Objekt aus direkt erreichbar, wenn das ϵ entsprechend gewählt wird. Der Unterschied zu den Punkten, die außerhalb der $\bar{\epsilon}$ -Umgebung liegen, ist, dass die Punkte *überhaupt* erreicht werden können.³⁹

Der Algorithmus geht wie folgt vor. Man wählt sich einen beliebigen Punkt als Start. Von diesem berechnet man dann die core-distance. Seine

³⁸Auf Wikipedia wird's anders definiert. Dort ist das "undefined" Kriterium, ob der aktuell betrachtete Punkt dicht ist, oder nicht.

³⁹Irgendwie erscheint der Ansatz von Wikipedia, Punkte auszuschließen, die nicht dicht sind, sinnvoller...

reachability-distance ist am Anfang undefined, da wir die reachability-distance für neue Punkte zu allen Punkten aus der Ausgabeliste berechnen, um so den nächsten Punkt zu den bisher ausgegebenen zu finden. Da es aber noch keine Punkte in der Ausgabe gibt, wird der Wert einfach auf undefined gesetzt. Als neuer Punkt wird dann einer der Punkte gewählt, die vom Startpunkt aus erreichbar sind. Von diesen wird die reachability-distance berechnet und die Punkte werden anhand derer in einer PriorityQueue gespeichert. Aus dieser Queue werden dann die Objekte nacheinander ausgelesen, d.h. es wird immer der nächste Punkt zur Ausgabeliste gewählt. Hat man einen neuen Punkt gewählt, und besucht diesen (man fügt ihn also der Ausgabeliste hinzu), so muss die PriorityQueue jedes Mal aktualisiert werden. Insgesamt erhält man als Ausgabe also die Datenpunkte sortiert nach ihrer reachability-distance.

Plottet man dieses Ausgabe als Säulendiagramm, so dass man an der Höhe die Größe der reachability-distance ablesen kann. Man stellt fest, dass es immer wieder zu Tälern kommt, d.h. es gibt Mengen an Daten, die zueinander eine kleine reachability-distance haben. Das sind die Cluster. Unser variables ϵ kann man sich nun als horizontale Linie vorstellen, die man über den Plot legen und vertikal verschieben könnte. Alle Täler, die für ein bestimmtes ϵ noch unter der Horizontalen liegen, sind für dieses ϵ dicht, d.h. sie sind Kandidaten für Cluster. Im Allgemeinen muss der User die im Plot dargestellten Cluster noch von Hand untersuchen, um festzustellen, welche dieser sich tatsächlich als tauglich erweisen.

Die Laufzeit ist im Grunde ähnlich wie bei DBSCAN; da jedoch unser $\bar{\epsilon}$ fast immer größer ist als das ϵ aus DBSCAN, sind die Nachbarschaftsanfragen bei OPTICS aufwändiger.

Die Parameter sind dieses Mal das $\bar{\epsilon}$ und *minPts*. Veränderungen von ersterem führen nur zu relativ kleinen Veränderungen. Man wählt diesen Parameter sowieso etwas größer, damit man später Variationsmöglichkeiten bei der Wahl des ϵ -Wertes hat. Für genügend große Werte von $\bar{\epsilon}$ gibt es also kaum Probleme. Wählt man den Wert aber zu klein, dann ergeben sich daraus kleinere Cluster mit höherer Dichte. Große Cluster, die jedoch eine geringere Dichte besitzen bleiben außen vor. Warum würde man dann nicht einfach das $\bar{\epsilon}$ riesig wählen, sodass immer alle Objekte in der $\bar{\epsilon}$ -Umgebung liegen? So würde man das "Full-Picture" bekommen. Das Problem ist hierbei die Performance. Die Laufzeit würde unweigerlich quadratisch werden, selbst bei geeigneten Implementierungen, da nun in jedem Durchlauf alle Datenobjekte gescannt und geupdatet werden müssten. Der andere Parameter *minPts* wirkt sich vor allem auf notwendige Dichte, und damit auch auf die Zahl der Cluster aus. Wählt man ihn zu klein, dann hat man das Problem, dass die Cluster zu kleinteilig werden, d.h. die Darstellung sieht sehr zersplittert aus, weil sich große Cluster in eine Unmenge in kleinen Unterclustern aufteilen. Eine

gute Wahl von *minPts* dürfte wohl ebenfalls erst nach einem Trial & Error Prozess möglich sein.

8.6 Probabilistisches Clustering

Wie bereits bei der Klassifikation angesprochen ist es meistens nicht wirklich sinnvoll (und evtl. auch gar nicht möglich) Objekte zu 100% einem bestimmten Cluster zuzuweisen. Stattdessen will man die Objekte mit einer bestimmten Wahrscheinlichkeit einem Cluster zuordnen. Die setzt aber Voraus, dass wir Annahmen über die Verteilungen innerhalb der Cluster treffen und auch über die Auftrittswahrscheinlichkeit eines Clusters. Dieses Problem wird auch *Finite Mixture Problem* genannt.

8.6.1 Expectation Maximization

Ein Algorithmus, der uns hierbei hilft, ist der **EM-Algorithmus**. Die Idee ist es, einen Art ML-Schätzer auf unsere angenommenen Verteilungen anzuwenden und die Parameter dahingehen zu verändern, dass sich die angenommenen Verteilungen möglichst gut mit den echten decken.

Nehmen wir dafür zunächst eine Normalverteilung in allen Clustern an. Dann raten wir für alle Cluster deren μ und σ und für die Cluster als solche raten wir die jeweilige Wahrscheinlichkeit für ihren auftritt p_k . Was wir nun berechnen wollen, ist die Wahrscheinlichkeit, dass ein gegebenes Objekt zu einem bestimmten Cluster gehört, also

$$P[\text{Cluster}_k \mid x] = \frac{P[x \mid \text{Cluster}_k] * P[\text{Cluster}_k]}{P[x]} = \frac{f(\mu_k, \sigma_k, x) * p_k}{P[x]}$$

, wobei x ein konkretes Datenobjekt sei und $f(\mu, \sigma, x)$ die Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion des Clusters k sei. Auf der rechten Seite fehlt eigentlich nur noch das $P[x]$ zur Berechnung des Quotienten. Es gilt jedoch auch $P[x] = \sum_k P[x \mid \text{Cluster}_k] * p_k$. Das ist genau der Teil, der im Zähler unserer obigen Gleichung steht. Und da wir über alle Cluster aufsummieren, bedeutet das effektiv eine Normalisierung unserer errechneten Werte. Die Bestimmung dieser Wahrscheinlichkeiten ist der **Expectation Schritt**, als nächstes kommt der **Maximization Schritt**. Hierbei wollen wir unsere geratenen Parameter möglichst den echten Werten annähern. Hierfür berechnen wir für jedes Cluster

$$\mu_k = \frac{\sum_{i=1}^{|DB|} w_i x_i}{\sum_{i=1}^{|DB|} w_i} \quad \sigma_k = \frac{\sum_{i=1}^{|DB|} w_i (x_i - \mu)^2}{\sum_{i=1}^{|DB|} w_i}.$$

Dabei sei $|DB|$ die Mächtigkeit unseres Datenbestandes und w_i entspricht unserem im Expectation Schritt errechneten $P[A \mid x]$. Damit haben wir unsere neuen Werte für den nächsten Durchlauf, d.h. die vorhin geratenen Werte werden nun für den kommenden Expectation Schritt durch die eben errechneten Werte ersetzt.⁴⁰ Die beiden Schritte werden dann so lange wiederholt, bis sich unsere *Terminierungsfunktion* nicht mehr wesentlich ändert. Sie ähnelt einem ML-Schätzer⁴¹ und lautet

$$\prod_{i=1}^{|DB|} \left(\sum_{k=1}^{|Cluster|} f(\mu_k, \sigma_k, x_i) * p_k \right).$$

Diese Funktion soll maximiert werden. Es lässt sich beweisen, dass sie auch immer konvergiert, weswegen unsere Iterationen dann abgebrochen werden sollten, wenn für eine bestimmte Zahl an Durchläufen sich der Wert unserer Terminierungsfunktion nicht mehr signifikant verändert. Diese Funktion ist nicht robust gegen Ausreißer: Sollte ein Wert nur eine sehr kleine Wahrscheinlichkeit besitzen, in überhaupt irgendein Cluster zu fallen, dann wird der entsprechende Faktor in obigem Produkt sehr sehr klein, was Auswirkungen auf den gesamten Wert hat. Das ist jedoch zum einen aufgrund der Konvergenz eigentlich kein Problem, am Ende kommen wir doch an das Ziel. Zum anderen ließe sich wie beim herkömmlichen ML-Schätzer stattdessen die log-Likelihood berechnen, wodurch die Funktion weniger anfällig für Ausreißer wird, und die Werte, mit denen man rechnet, werden auch schöner.

Dieser Algorithmus findet nur lokale Optima, es müssen also mehrere Runs mit verschiedenen geratenen Parametern durchgeführt werden.

8.6.2 Erweiterungen von Mixture Models

In der Vorlesung wurden folgende Erweiterungen von Mixture Models vorgestellt:

- **Mehr als 2 Klassen:** Das haben wir oben bereits getan, in der Vorlesung wurde alles nur anhand von 2 Klassen präsentiert. Wir machen das hier aus Leidenschaft natürlich gleich explizit für den allgemeinen Fall.

⁴⁰Tatsächlich wurde in der Vorlesung nur vorgestellt, wie die Parameter der Verteilungen **innerhalb** der Cluster neu berechnet werden. Die Annahme über die Verteilung der Cluster selbst (p_k) bleibt fest. Das dürfte wohl insofern kritisch sein, als dass man schon im Vorhinein ein Wissen über die Wahrscheinlichkeiten der Cluster haben muss. Das dürfte jedoch i.A. nicht der Fall sein...

⁴¹Eigentlich fast identisch bis auf die Gewichtung mit den p_k , die der Verfasser als kritisch sieht. Ein einfacher ML-Schätzer, wie er im Rest der Literatur verwendet wird, dürfte ein genauso gutes Ergebnis liefern ohne Voraussetzung von Domänenwissens.

- **Mehr als ein Attribut:** Hier kommt es darauf an, ob wir von Unabhängigkeit der Attribute ausgehen, oder nicht. Falls sie unabhängig sind, ist der Fall eigentlich ganz einfach: Aus unseren $P[x \mid A]$ wird $\prod_{i=1}^{|I|} P[x_i \mid A]$, wobei I die Anzahl der Attribute ist. Das Problem hierbei ist jedoch die Anzahl an Parametern. Wir müssten jetzt für jedes Cluster I Mittelwerte und I Varianzen berechnen. Das ist ein bisschen viel.

Gehen wir aber nun stattdessen von abhängigen Variablen aus, dann wird der Aufwand sogar noch größer: Wir müssen nun nicht mehr die Standardabweichungen berechnen, sondern die Kovarianz-Matrix. Diese ist quadratisch mit I^2 vielen Einträgen. Aufgrund der Symmetrie reicht es jedoch, nur eine Dreiecksmatrix davon zu berechnen. Damit ergeben sich für Cluster $I + \frac{I(I-1)}{2}$ viele Parameter (Standardabweichungen + Einträge Kovarianz-Matrix).

- **Kategorische Attribute:** Bisher sind wir nur von numerischen Attributen ausgegangen, d.h. die Berechnung der Mittelwerte und Standardabweichungen ist relativ “straight forward“. Diesem Teil werden wir uns unten widmen.
- **Andere Verteilungen:** Da wir im Prinzip einen ML-Schätzer als Gütemaß verwenden, können auch einfach andere Verteilungen verwendet werden. Kleine Anpassungen sind nötig, der Algorithmus läuft im Großen aber gleich ab. Die Wahl der Verteilungen setzt aber ebenfalls zumindest ein grobes Wissen über die gegebenen Daten voraus. Wählt man die Verteilungen jedoch passend, so kann man eine gute Darstellung des Datenbestandes erreichen.

Wie eben angekündigt wollen wir uns jetzt nochmal mit dem Thema kategorische Daten beschäftigen. Hier ist das Vorgehen auf den ersten Blick nicht ganz klar, da wir nicht von einer Normalverteilungsannahme ausgehen können. Betrachten wir den Fall für **ein** Attribut, das ν Ausprägungen annehmen kann (z.B. Ausprägung des Attributs Marke einer Kamera wäre Nikon, Canon, Sony, ...). Dann haben wir bei k Clustern insgesamt $k * \nu$ Parameter. Wir müssen nämlich pro Cluster die Wahrscheinlichkeit für das Auftreten der Merkmale schätzen (der Verfasser stellt sich dies als Tortendiagramm pro Cluster vor). Die Wahrscheinlichkeit der Clusterzugehörigkeit bei einem gegebenen Datenobjekt ist dann

$$P[\text{Cluster} \mid x] = \frac{P[x \mid \text{Cluster}] * P[\text{Cluster}]}{P[x]}.$$

Die ist unser Expectation Schritt. Im ersten Schritt raten wir dafür $P[x \mid Cluster]$ und $P[Cluster]$. Im Maximization Schritt wollen wir diese Parameter berechnen. Hierfür berechnen wir erst

$$P[Cluster] = \sum_i P[Cluster \mid x_i] * P[x_i].$$

Hierbei nutzen wir die eben berechneten Wahrscheinlichkeiten und die Werte für $P[x_i]$ lassen sich direkt durch Abzählen bestimmen, sind also die relativen Häufigkeiten. Mit diesem Wert lässt sich nun noch das fehlende

$$P[x \mid Cluster] = \frac{P[Cluster \mid x] * P[x]}{P[Cluster]}$$

berechnen. Diese Werte werden nun für die nächsten Iterationen verwendet.

Als Terminierungsfunktion dient nun wieder eine Art ML-Schätzer:

$$\prod_{i=1}^{|I|} \left(\sum_{k=1}^{|K|} P[x \mid Cluster] * P[Cluster] \right)$$

Es kann jedoch aber auch vorkommen, dass ein Attributwert gar nicht angenommen wird. Dann wird $P[x] = 0$ und wir hätten an einigen Stellen in unserer Berechnung ein Problem. Deswegen wird mithilfe des **Laplace Estimators** einfach das Vorkommen eines jeden Merkmals um 1 erhöht. Man tut so, als würde die Merkmalsausprägung wenigstens einmal vorkommen.

Auch hier wird nur ein lokales Optimum gefunden, d.h. mehrere Runs sind nötig.

Im Falle von mehreren Attributen ist das Vorgehen sowohl im korrelierten als auch im unabhängigen Fall gleich: Man konstruiert aus den β Attributen mit jeweils ν_i Ausprägungen ein neues Attribut, welches $\prod_i \nu_i$ Ausprägungen hat. Dabei dürfen die selbst Attribute jedoch nur überschaubar in ihrer Anzahl sein und sie dürfen jeweils nicht zu viele Ausprägungen besitzen. Die Zahl der zu schätzenden Parameter wäre schlicht zu groß. Außerdem besteht dabei umso mehr die Gefahr des Overfittings.

Im Übrigen lässt sich festhalten, dass es zwar Lösungen für Datenbestände gibt, die numerische und kategoriale Daten zusammen verarbeiten können, diese jedoch oft sehr komplex sind.

Zusammenfassend noch ein paar Punkte bzgl. EM und Overfitting. EM setzt darauf, dass der User die Anzahl der Cluster und die Korrelationen der Attribute explizit angibt. Generell gilt, zu viele Parameter führen gerne mal zu Overfitting. Deswegen sollten nicht alle Attribute als kovariat markiert werden. Auch muss bei der Wahl der Anzahl der Cluster Vorsicht walten; zu viele Cluster und es entsteht ein Overfitting (worst case wäre Anzahl der

Cluster = Anzahl der Datenobjekte). Auch sollten Verteilungen mit zu vielen Parametern vermieden werden, da diese zum einen mehr Rechenaufwand erfordern können und zum anderen leicht zu Overfitting führen, da man durch viele Parameter “Tweaks“ leichter ein Clustering finden kann, dass “gut aussieht“, aber zu sehr an den Trainingsdaten orientiert ist.

9 Statistische Modellierung

Wir wollen uns noch einmal der Klassifikation zuwenden. Wie bereits gesehen, sind Wahrscheinlichkeiten als Ergebnis einer Klassifikation sinnvoller, als absolute Zuweisungen. Dafür gibt es nun im Folgenden zwei Ansätze: **Naive Bayes** geht von der Unabhängigkeit der Attribute aus (was selten der Realität entspricht, deswegen “Naive“) und **Bayesian Networks**, die die Korreliertheit der Attribute berücksichtigen können.

9.1 Naive Bayes

Standardfall: Wir haben einen vollständigen Datenbestand mit seinen Klassenzugehörigkeiten. Wir bestimmen zunächst durch Abzählen die relative Häufigkeiten der Klassenzugehörigkeiten, also $P[Klasse]$, und dann bestimmen wir die relativen Häufigkeiten der Attributwerte pro Klasse, also $P[x | Klasse]$. Dabei wird $P[Klasse]$ auch als *Bayesian Prior* bezeichnet. Ist dieser nicht bestimmbar, so gehen wir einfach von einer Gleichverteilung der Klassen aus.

Wenn wir nun die Klassenzugehörigkeitswahrscheinlichkeiten eines neuen Objekts o bestimmen wollen, lassen sich diese einfach durch

$$P[Klasse | o] = \frac{\prod_j (P[o_j | Klasse]) * P[Klasse]}{P[o]}$$

berechnen. $P[o]$ fällt hier wieder weg, da man durch Normalisierung sowieso $P[o] = \sum_i P[o | Klasse_i] * P[Klasse_i]$ berechnen lässt. Desweiteren gilt, dass sich $P[o | Klasse]$ aufgrund der Unabhängigkeitsannahme auch als Produkt der bedingten Wahrscheinlichkeiten der einzelnen Attribute berechnen lässt. Daher das Produkt über j .

Spezialfälle: Auch hier kann das Fehlen von bestimmten Attributwertkombinationen zu Problemen bei unseren Berechnungen führen. Deswegen wird in solchen Fällen der Laplace Estimator verwendet. Dies wird sich auf die Wahrscheinlichkeitsberechnung wie folgt auswirken: Aus $[0, 5/10, 5/10]$ wird $[1/13, 6/13, 6/13]$. Man kann statt der 1 auch eine kleine Konstante addieren.

Ein anderer Fall wäre, dass im neu zu klassifizierenden Objekt ein oder mehrere Attributwerte fehlen. Dies kann einfach behoben werden, indem bei der Wahrscheinlichkeitsberechnung einfach die entsprechenden Faktoren ausgelassen werden.

Haben wir zum Teil auch numerische Werte, dann können wir nicht mit relativen Häufigkeiten arbeiten. Für diese Attribute werden dann Klassenweise Verteilungen angenommen und die Parameter für diese berechnet (üblicherweise einfach die Normalverteilung annehmen). Dann kann mit der

Wahrscheinlichkeitsdichtefunktion wieder wie oben die Klassenzugehörigkeitswahrscheinlichkeiten berechnen.

9.2 Bayesian Networks

Mit diesen Netzwerken können auch Korrelationen der Attribute modelliert werden. Die Struktur des Netzwerks ist ein DAG, der jeweils pro Attribut und pro Klasse einen Knoten besitzt. Zwischen den Knoten gibt es genau dann eine Kante, wenn es eine Abhängigkeit zwischen den beiden Knoteninhalten gibt. Zwischen Klassen-Knoten und Attribut-Knoten gibt es **immer** eine Abhängigkeit. Die Richtung der Abhängigkeit soll seine Kausalität modellieren; sie bestimmt lediglich die Struktur der Wahrscheinlichkeitstabellen, die später in den Knoten stehen werden. Damit sind durchaus auch unterschiedliche Darstellungen des selben Sachverhaltes möglich.

Aus Gründen der Darstellbarkeit verzichten wir im Folgenden auf Sonderfälle, wie fehlende Daten oder numerische Werte.

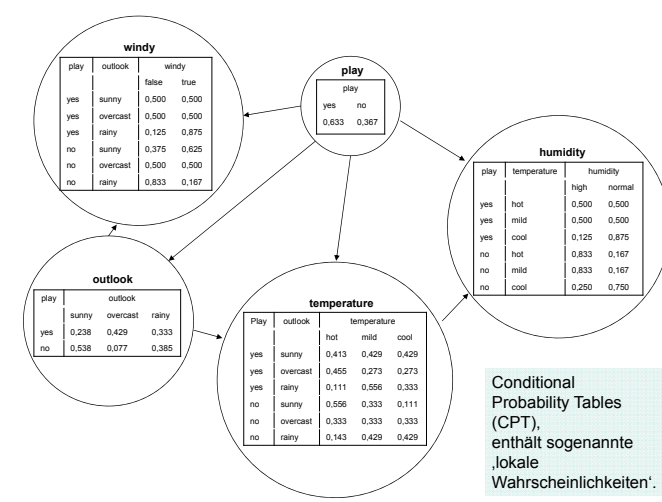


Abb. 18: Beispiel für ein Bayesian Network. ⁴²

In Abb. 18 ist ein Beispiel eines solchen Netzwerkes zu sehen. Wie man sieht, wirken sich die Pfeile auf die Tabellen aus: In den Tabellen stehen nun die von den abhängigen Attribute bedingten Wahrscheinlichkeiten. Man hat sieht, dass der Preis, den man für die höhere Genauigkeit zahlt, die größere Zahl an Parametern ist. Aber immerhin: Würde man explizit alle möglichen

⁴²11. Foliensatz, S.33, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

Attributwert- Kombinationen in einer einzigen großen Zustandstabelle modellieren, so hätte diese die Größe des Produkts der Anzahl an Attributen je Attribut.

Neue Objekte lassen sich nun einfach Klassifizieren, indem man die entsprechenden Wahrscheinlichkeiten für die Attribute aus dem Netzwerk abliest und miteinander multipliziert. Die Grundannahme hierbei ist die so genannte **conditional independence**, nach welcher die Werte von Attributen nur durch ihre Eltern-Attribute beeinflusst werden, d.h. dass alle anderen Attribute maximal indirekt Einfluss nehmen können über die Eltern-Attribute. Semi-formal ergibt sich

$$P[\text{node} \mid \text{parents} + \text{anyothernondescendants}] = P[\text{node} \mid \text{parents}].$$

Die Berechnung der neuen Vorhersage ergibt sich aus

$$P[x_1, x_2, \dots, x_n] = \prod_{i=1}^n P[x_i \mid x_{i-1}, \dots, x_1] = \prod_{i=1}^n P[x_i \mid x'_i \text{sparents}].$$

Der Vorgänger hat also in dieser Darstellung immer einen kleineren Index.

Nun zur **Konstruktion** eines Bayesian Networks. Dabei gilt es vor allem 2 Aspekte zu beachten. Zum einen das Finden der Netzstruktur und zum anderen die Berechnung der Tabelleneinträge. Die Netzstruktur ließe sich zwar algorithmisch bestimmen, das ist aber sehr komplex. Wir beschränken uns auf die Annahme, dass wir einen Experten haben, der uns die Abhängigkeiten vorgibt.

Die Berechnung der Tabelleneinträge ist im Falle eines vollständigen Datensatzes einfach: Man zählt einfach die Vorkommen. Easy.

Falls es aber missing values gibt, so gibt es verschiedene Möglichkeiten, dies zu beheben. Die einfachste wäre wohl *Smoothing*: Man fügt, ähnlich wie beim Laplace Estimator, neue “Phantom Werte“ hinzu, von denen ein Anteil p dem erwarteten Beobachtungswert entsprechen, also unserem Prior für den nicht aufgetretenen Wert. Damit lassen sich dann prinzipiell die Werte wieder durch abzählen bestimmen, wobei nun statt y/x die um m Phantome erweiterten Werte mittels $\frac{y+pm}{x+m}$ berechnet werden.

Eine andere Möglichkeit, wenn es zu einem Attribut überhaupt keine Werte gibt, ist es, diese mittel EM zu schätzen.

Am besten wir hier das Vorgehen durch Abb. 19 visualisiert. Die grünen Werte in den Anfangstabellen werden geraten, wodurch sich die übrigen Werte bestimmen lassen. Sind die Tabellen ausgefüllt, so werden die Wahrscheinlichkeiten für die jeweiligen Klassenzugehörigkeiten mit der dargestellten Formel

⁴³11. Foliensatz, S.47, Analysetechniken für große Datenbestände, Prof. Dr.-Ing. Klemens Böhm

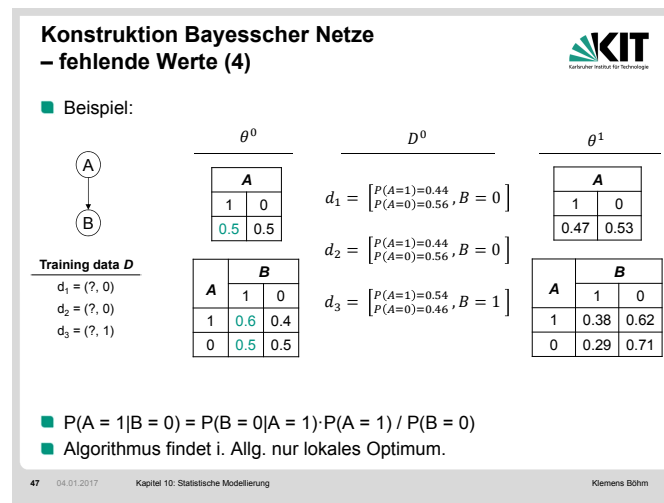


Abb. 19: Beispiel für ein Bayesian Network mit EM Lerner ⁴³

berechnet; auch hier gilt, dass man $P[B]$ nicht berechnen muss, da es durch Normalisieren im nächsten Schritt entfällt. Damit lassen sich dann die anderen Werte für die nächsten Schritte berechnen.

Ein letztes Verfahren wäre gradient descent gewesen, das in der Vorlesung jedoch ausgelassen wurde.

9.3 Anwendung Bayesian Networks: Duplikaterkennung

Ein Anwendungsgebiet von Bayesian Networks ist die Duplikaterkennung. Daten können durch menschliche Fehler in unserem Datenbestand doppelt vorkommen, jeweils mit kleinen Unterschieden. Dies ist ein Spezialfall von Klassifikation, nämlich ob ein Paar von Datensätzen ein Duplikat ist, oder nicht.

Dies ist auch schon die Transformation für unsere Daten: Wir betrachten die Daten nämlich nun im Folgenden nicht mehr einzeln, sondern Paarweise und unsere Klassen sind nun Duplikat: ja oder nein.

Betrachten wir ein einzelnes Attribut: Es gibt zig mögliche Varianten, wie man die Ähnlichkeit zwischen zwei Ausprägungen des Attributs messen kann. Erweitert man dies nun auch noch um die Abhängigkeiten zwischen den einzelnen Attributen, so hat man ganz schnell ein unhaltbar komplexes Netzwerk. Insbesondere wird es dann komplex, wenn wir kontinuierliche Ähnlichkeitsmaße haben. Die Grenzen zwischen ja und nein für unsere Duplikaterkennung verwischen immer mehr.

Deswegen kann mit sich mithilfe von **Hidden Variables** das Leben deutlich erleichtern. Diese sind binäre Variablen, die zwischen die Abhängigkeiten geschaltet werden und lediglich angeben, ob ein Paar fast übereinstimmt oder gar nicht ähnlich ist. Sie stellen eine Abstraktion vom Kontinuierlichen in das Binäre dar, während die Abhängigkeiten zwischen den Attributen in gewisser Weise erhalten bleiben (nicht in der Qualität, wie ohne diese Hidden Variables, aber immerhin lässt sich das Problem jetzt noch berechnen).

10 Lineare Modelle und SVMs

Die Lineare Regression kennen wir ja noch aus Statistik 2. Gegeben einen Datenbestand mit numerischen Attributwerten. Wir wollen nun Gewichte finden, sodass sich ein bestimmtes Attribut als gewichtete lineare Summe der anderen Attribute beschreiben lässt. Dies wollen wir für alle unsere Attribute tun.

Bei der Gerade, die wir dabei erhalten, wird die Steigung durch die Gewichte bestimmt und der Bias (y-Achsenabschnitt) bestimmt den Offset.

Wir wollen nun mit unseren Gewichten möglichst die Abweichungen unserer Vorhersage von den tatsächlichen Daten minimieren, also

$$\min \sum_{i=1}^n \left(x^{(i)} - \sum_{j=0}^k w_j * a_j^{(i)} \right)^2.$$

Dabei sei $x^{(i)}$ das i-te Objekt.

Im Folgenden wollen wir uns mit Regression im Kontext von Klassifikation beschäftigen: Ist es möglich, eine Gerade zu finden, die 2 Klassen von Daten voneinander trennt?

10.1 Logistic Regression

Diese Regressionsart funktioniert gut bei binärer Klassifikation. Das Problem bei binärer Klassifikation mit linearer Regression ist, dass die Gerade eigentlich auf dem Intervall $[0, 1]$ angeben sollte, für welchen Werte auf der x-Achse welche Wahrscheinlichkeit für die jeweilige Klasse angenommen wird. Die Gerade ist jedoch nicht auf dem Intervall $[0, 1]$ beschränkt und ab einem bestimmten Wert für x liefert uns die Gerade keine Wahrscheinlichkeiten mehr. Sinnvoller wäre hier eine Art S-Kurve, die jeweils gegen 0 und 1 konvergiert. Die so genannte logistische Funktion hat diesen Verlauf:

$$P[Klasse \mid x] = \frac{1}{1 + e^{-w_0 - w_1 x_1 - \dots - w_k x_k}}$$

Hierbei ist k die Zahl der Attribute.

Diese Funktion hat im Wesentlichen 2 Parameter, nämlich die Stauchung und der Abschnitt auf der x-Achse. Diese lassen sich nicht notwendiger Weise direkt auf die Gewichte aufteilen, sie hängen komplexer von den Parametern ab. Aber lassen wir das auf sich beruhen.

Durch einfache Umformungen kann man die logistische Funktion in eine Form bringen, in der die gewichtete Linearkombination auf einer Seite alleine

steht, also

$$w_o + w_1x_1 + \dots = \log \left(\frac{P[Klasse | x]}{1 - P[Klasse | x]} \right).$$

Das nennt man die Logit Transformation. Hierauf lässt sich wieder die normale Lineare Regression anwenden. Der Fehler lässt sich ähnlich dem Bernoulli-Experiment mittels

$$\sum_i^n (1 - x^{(i)}) \log(1 - P[K|x^{(i)}]) + x^{(i)} \log(P[K|x^{(i)}])$$

ermitteln. Hierauf lässt sich ein iteratives Verfahren anwenden, dass die Gewichte in die richtige Richtung verschiebt. Diese Formel soll maximiert werden. Es lässt sich auch stattdessen die robustere log-Variante berechnen. Generell funktioniert das Verfahren nur dann wirklich gut, wenn die Daten sich auch halbwegs gut separieren lassen.

Da der Teil mit den Perzeptoren in der Vorlesung ausgelassen wurde, geht es mit den SVMs weiter.

10.2 Support Vector Machines

In den meisten Fällen ist es nicht so, dass sich Daten einfach durch eine Gerade voneinander trennen lassen, z.B. da sie teilweise vermischt sind. Wir bräuchten also stattdessen ein Polynom, dass unsere Grenze beschreibt. Dieses ist im Allgemeinen nicht leicht zu berechnen und hat eine komplexe Struktur. Die Idee ist es nun, die Daten in einen Raum mit höherer Dimension zu projizieren, sodass sich dort leichter eine trennende Ebene finden lässt (z.B. $[a_1, a_2]$ wird zu $[a_1^3, a_1^2a_2, a_1a_2^2, a_2^3]$, also von 2D zu 4D).

Aber zunächst noch einmal eine grundlegende Definition: Gegeben zwei separierbaren Datenmengen. Die **Maximum Margin Hyperplane** zwischen diesen beiden Mengen ist die Ebene, die die Daten bei größt möglichem Abstand jeweils voneinander trennt, die also “am mittigsten“ zwischen den beiden Menge verläuft. Diese lässt sich relativ leicht finden für separierbare Daten: Man berechnet für beide Menge die konvexe Hülle, findet die kürzeste Strecke zwischen den beiden und die Mittelsenkrechte dieser Strecke wäre unsere Maximum Margin Hyperplane (hier im einfachen Fall von 2 Dimensionen). Man sieht, dass eine solche Gerade (bzw. Ebene) nur von ein paar wenigen Punkten bestimmt wird, nämlich den jeweils nächsten Datenpunkten. Diese heißen **Support Vectors**. Es können pro Datenmenge durchaus mehrere Support Vectors existieren, ihre Anzahl ist im Allgemeinen trotzdem recht klein. Dadurch, dass die Hyperplane nur von wenigen Vektoren abhängt, ist dieses Verfahren recht robust, da ein Hinzufügen von neuen Datenobjekten

nur selten eine Anpassung der Hyperplane nach sich zieht. Die Maximum Margin Hyperplane lässt sich auch in Abhängigkeit der Support Vektoren darstellen:

$$x = b + \sum_{i \in SV} \alpha_i y_i < a(i), a >$$

Hierbei ist b eine Konstante, i ist aus der Menge der Indizes der Support Vectors, α_i sein ein Gewicht, y_i ist die Klasse des i -ten Objektes, $a(i)$ ist der Vektor des i -ten Support Vectors und a ist der zu klassifizierende Vektor. Normalerweise würde man die Hyperplane als eine Linearkombination darstellen, jetzt ist aber der Bezug zu den Support Vectors gegeben. Wer sich fragt, wie man auf die obige Darstellung kommt... Magie und Dualisierung.

Unser Ziel ist es nun, die Maximum Margin Hyperplane in den verschiedenen Dimensionen zu finden und diese durch Rücktransformation in unserem Ursprünglichen Datenraum als Trennlinie für unsere Daten zu nutzen. So schön die Idee auch ist, das Problem stellt der Rechenaufwand dar: Dieser wächst nämlich kubisch in der Anzahl der zu berechnenden Gewichte, was zu einem großen Teil durch die Berechnung von Skalarprodukten kommt.

Dieses Problem lässt sich jedoch umgehen: Mit den so genannten **Kernel-Functions** lässt sich die Performance von SVMs signifikant verbessern, bzw. überhaupt erst ermöglichen. Wählt man für seine Berechnungen obige alternative Darstellung von Hyperplanes, so hat man durch das Skalarprodukt einen enormen Rechenaufwand aufgrund der hohen Dimensionalität nach Transformation seiner Daten. Die Kernel-Functions sind im Prinzip eine spezielle Vorschrift für die Transformation unseres Datenraumes, die es uns erlaubt, Skalarprodukte für den höherdimensionalen Raum im ursprünglichen Raum zu berechnen.

In unserer beispielhaften Transformation oben haben wir unseren 2D-Raum in einen 4D-Raum verändert, wobei jede Dimension nun ein Produkt aus 3 Faktoren war. Betrachten wir:

$$x = b + \sum_{i \in SV} \alpha_i y_i (< a(i), a >)^n$$

Das hat, ausmultipliziert für $n = 3$, die selbe Struktur wie unsere Transformation, also eine Linearkombination aus Produkten mit 3 Faktoren (und ein paar Gewichten, die jedoch nur die Skalierung ändern und deswegen im Prinzip egal sind). Generall ist jede Funktion eine Kernel Function, wenn sie sich als

$$K(x, y) = < \phi(x), \phi(y) >$$

darstellen lässt, wobei ϕ eine Abbildung in einen höherdimensionalen Raum darstellt. Dieses Beispiel einer Kernel Function heißt Polynomieller Kernel, es gibt auch weitere, z.B. Radial, Sigmoid, etc.

10.3 Support Vector Regression

Bisher haben wir uns nur auf kategorische Klassifikation beschränkt. Jetzt wollen wir uns auch der numerischen Vorhersage widmen. Diese läuft ähnlich ab, wie die normale Lineare Regression. Wir wollen eine Gerade finden, die den Datenbestand möglichst gut approximiert und dabei die Fehler minimiert. Dies wollen wir jetzt mithilfe von Support Vectors tun.

Eine Darstellung mit Support Vectors ist kompakt und lässt sich mittels einer Kernel-Funktion auch auf nicht-lineare Probleme anwenden. Die Idee ist es, einen Schlauch mit Durchmesser 2ϵ um unsere Gerade zu legen, in der Fehler **ignoriert** werden. Die außerhalb liegenden Punkte bestimmen nun den Fehler unserer Gerade und werden versucht zu minimieren. Außerdem wird eine möglichst flache Gerade gesucht. Die Flachheit einer Geraden steht im Zusammenhang mit dem Mittelwert der Daten. Je flacher die Gerade, desto näher liegt der vorhergesagte Wert später am Mittelwert. Die Flachheit der Geraden wird insbesondere von ϵ bestimmt: Ein zu großer Wert führt zu einem Schlauch, in den alle Datenobjekte passen; unsere Gerade degeneriert zu einer Horizontalen und unsere Regression gibt immer exakt den Mittelwert aus. Ein zu kleiner Wert führt dazu, dass es mehr Objekte gibt, die bei der Fehlerberechnung eine Rolle spielen. Dies kann leicht ein Overfitting verursachen. Generell ist der Vorteil eines Schlauches, in dem Fehler ignoriert werden, die geringere Gefahr eines Overfittings. Die Gerade wird durch diejenigen Punkte bestimmt, die in die Fehlerberechnung miteinfließen, d.h. Support Vectors sind alle Punkte, die genau auf dem Schlauch oder außerhalb liegen. Damit lässt sich die Gerade als

$$x = b + \sum_{i \in SV} \alpha_i < a(i), a >$$

darstellen.

11 Ensembles

Ensembles sind Modelle, die bekannte Classifier miteinander kombinieren. Damit soll ein Overfitting vermieden werden und die Vorhersagen sollen durch leichte Variationen verbessert werden.

11.1 Bagging

Bagging basiert darauf, dass man Randomisierung benutzt, um die erstellten Modelle unseres Lern-Algorithmus (z.B. zur Erstellung eines Entscheidungsbaumes) leicht zu variieren, um damit “lokale Schwächen“ der einzelnen Modelle auszugleichen. So kann Overfitting leicht verhindert werden.

Die einfachste Variante der Randomisierung ist eine Art von Sampling. Gegeben unseren Trainingsdatenbestand. Aus diesem ziehen wir nun eine bestimmte Anzahl an neuen Datenbeständen **mit** Zurücklegen. Dadurch können einzelne Elemente auch mehrfach oder andere auch gar nicht vorkommen. Wir erwarten nun, dass die Modelle, die jeweils auf einem anderen Datenbestand erstellt werden, leicht unterschiedlichen sind. Am besten wählen wir hier einen Lern-Algorithmus, der nicht stabil ist, also auch schon für relativ kleine Veränderungen im Datenbestand unterschiedliche Modelle liefert.

Das Ergebnis unseres Ensembles ist dann per Voting im kategorischen oder als Durchschnitt der Ergebnisse der einzelnen Classifier im numerischen Fall zu bestimmen. Bagging ist auch eine gute Möglichkeit, die Güte von Wahrscheinlichkeitsvorhersagen im Kontext von Entscheidungsbäumen zu verbessern. Das naive Bestimmen der relativen Häufigkeiten ist nicht unbedingt statistisch signifikant. Aber durch die unterschiedlichen Ergebnisse im Ensemble gleichen sich die Fehler der einzelnen Bäume aus, wodurch die Wahrscheinlichkeiten wieder brauchbar werden.

Wenn wir nicht nur die Wahrscheinlichkeiten wollen, sondern uns eher die Kosten interessieren, dann können wir wie bereits in früheren Abschnitten die Conditional Risk Function

$$R(i \mid x) = \sum_j P[j \mid x] * Cost(i, j)$$

benutzen. Hierbei ist i die vorhergesagte Klasse und j die tatsächliche Klasse. Betrachten wir unseren Trainingsdatenbestand: Es ist nun egal, ob wir die echte Klassenzugehörigkeit explizit gegeben haben, was wir brauchen ist die Wahrscheinlichkeit für jedes Objekt zu einer bestimmten Klasse zu gehören. Dann lässt sich damit das Conditional Risk berechnen und wir wählen als “echte“ Klasse nun diejenige, die die geringsten Kosten verursacht. Diesen Vorgang nennt man **Relabeling**. Indem wir jetzt die Kosten “implizit“ in

den Trainingsdaten versteckt haben, können wir einen beliebigen Classifier nehmen und ihn auf unseren Daten lernen lassen mit dem Ergebnis, dass dieser durch das Relabeling automatisch die Kosten berücksichtigt. Bei Bagging nennt man dies auch **MetaCost**.

Wie bereits erwähnt gibt es verschiedene Arten der Randomisierung. Neben Sampling gibt es solche, die sich mehr auf die lernenden Verfahren beziehen, z.B. bei Entscheidungsbäumen wird nun zufällig aus den N -besten Splits einer gewählt, oder bei NN-Classifiern wird die Distanzberechnung nur in bestimmten, unterschiedlichen zufälligen Teilräumen (also nach Anwendung von PCA oder SVD) ausgeführt.

Bagging kann auch Wahrscheinlichkeiten als Vorhersage generieren: Geben die einzelnen Classifier bereits Wahrscheinlichkeiten aus, so kann man einfach den Mittelwert nehmen. Werden absolute Klassenvorhersagen getroffen, so kann das Ensemble einfach die relativen Häufigkeiten ausgeben.

11.2 Boosting

Boosting ist eine andere Variante von Ensembles, die darauf abzielt, den Fokus der Classifier auf Datenobjekte zu lenken, die oft falsch vorhergesagt werden. Während bei Bagging die Modellgenerierung unabhängig voneinander abläuft, bauen die Modelle beim Boosting aufeinander auf.

Zunächst werden allen Datenobjekten gleiche Gewichte zugewiesen. Dann berechnet lernt man seinen Classifier auf den Daten und berechnet den Fehler. Ist der Fehler 0 oder größer gleich 0.5, dann wird das Modell verworfen. Ein perfekter Classifier wird verworfen, da unsere Berechnungen später sonst nicht mehr funktionieren. Ein Fehler ≥ 0.5 zeigt an, dass unser Classifier nicht besser ist, als naives Raten. Wenn wir also einen zulässigen Fehlerwert haben, wird das Gewicht jedes korrekt klassifizierten Datenobjektes verringert, indem es mit $\frac{e}{1-e}$ multipliziert wird, wobei e der Fehler ist. Dadurch wird bei geringen Fehlerraten das Gewicht der richtig klassifizierten Objekte sehr klein. Eine Normalisierung aller Instanzgewichte führt zu einer entsprechend größeren Gewichtung der falsch geschätzten Instanzen. Mit diesen Gewichten wird nun ein neues Modell gelernt.

Aber wie kann man nun die Gewichtung in den Lern-Algorithmus "drücken"? Prinzipiell ist das mit jedem Classifier ganz einfach möglich: Man wendet Resampling wie bei Bagging an, wobei nun die Gewichte den Wahrscheinlichkeiten entsprechen, mit denen ein Objekt gezogen wird. Dadurch sind die Objekte mit höherem Gewicht im Datenbestand überrepräsentiert und unser Lern-Algorithmus fokussiert sich auf diese besonders stark.

Hat man alle seine Classifier beisammen, so kann man auch noch eine Gewichtung der Vorhersagen der einzelnen Classifier vornehmen. Hierfür wird

ihre Confidence $conf = -\log \frac{e}{1-e}$ berechnet, die nun als Gewicht für die Vorhersage dient. Boosting gibt als Ergebnis dann die Klasse zurück, deren Gewicht am größten ist. Hier gilt, dass für kleine Fehlerraten der Logarithmus schnell groß wird, wodurch gute Classifier ihrer Vorhersage viel Gewicht verleihen können.

Es gibt auch eine Variante von Boosting, die mit einem Greedy-Prinzip versucht, nur dann neue Classifier zum Ensemble hinzuzufügen, wenn deren Fehler geringer ist, als der des Vorgängers. Hier ist jedoch zum einen die Komplexität der Modelle zu bemängeln und zum anderen führt ein solches Verfahren schnell zu Overfitting.

11.3 Stacking

Der Unterschied zwischen Stacking und den anderen beiden Ensembles ist, dass man sich bei Stacking nicht nur auf eine einzige Art von Classifier festlegt, sondern die Möglichkeit hat, mehrere miteinander zu kombinieren. Dies funktioniert folgendermaßen: Auf **Level 0** nimmt man beliebige herkömmliche Classifier (z.B. Naive Bayes, Decision Tree, Instanz-basierten Lerner) und auf **Level 1** benutzt man ein **Meta-Modell**, welches aus den Ergebnissen aus Level 0 eine Aussage ableitet. Im Prinzip muss das Meta-Modell noch nichtmal großartig komplex sein; die meiste Arbeit wurde bereits auf Level 0 erledigt. Man muss jedoch aufpassen, dass die Aussagen der Classifier richtig gewichtet werden.

Die Gefahr beim Stacking ist, dass, wenn man den ganzen Datenbestand für das Training der Level 0 Lerner nutzt, man unterschiedlich gute Classifier erhält. Fängt man dann an, seinen Level 1 Lerner auf die bereits verwendeten Daten anzusetzen, so wird dieser feststellen, dass manche Classifier bessere Vorhersagen auf dem gegebenen Datenbestand liefern, als andere. Daraus könnte sich für das Meta-Modell leicht die Regel ableiten lassen, dass es nur den besseren Classifiern vertraut und die Inputs der anderen verwirft.

Deswegen ist es nötig, mit den gegebenen Daten klug umzugehen. Eine einfache Möglichkeit ist es, Holdout Daten zu verwenden, um dann am Ende unser Meta-Modell auf “frischen“ Daten zu trainieren. Eine andere Möglichkeit wäre die Anwendung von cross-validation, wodurch dann auch der volle Datenbestand für das Lernen des Meta-Modells zur Verfügung steht.

11.4 Interpretation von Ensembles

Noch ein letzter kurzer Einlass über die Interpretation von Ensembles. Im Allgemeinen sind Ensembles aufgrund ihrer Struktur und insbesondere bei Stacking aufgrund ihrer Diversität schwer zu durchblicken. Für den User ist

das Ensemble also sowas wie eine Black-Box, die er nicht verstehen kann. Man kann dies in gewisser Weise umgehen, indem man das Prinzip von Relabeling nutzt: Wir werden unser Ensemble auf unseren Datenbestand an und relabeln die Daten mit den Vorhersagen des Ensembles. Auf den gerelabelten Daten wenden wir dann einen einfachen Lern-Algorithmus an, z.B. einen Entscheidungsbaum, der dann implizit das Ensemble "verinnerlicht" hat. Nun hängen die Entscheidungen nur noch von einem Classifier ab und die Klassifikation / Vorhersage wird transparenter.

Literatur

Minos N. Garofalakis, Rajeev Rastogi, and Kyuseok Shim. Spirit: Sequential pattern mining with regular expression constraints. In *Proceedings of the 25th International Conference on Very Large Data Bases, VLDB '99*, pages 223–234, San Francisco, CA, USA, 1999. Morgan Kaufmann Publishers Inc. ISBN 1-55860-615-7. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=645925.671514>.

Jiawei Han. *Data Mining: Concepts and Techniques*. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 2005. ISBN 1558609016.

Jiawei Han and Yongjian Fu. Discovery of multiple-level association rules from large databases. In *Proceedings of the 21th International Conference on Very Large Data Bases, VLDB '95*, pages 420–431, San Francisco, CA, USA, 1995. Morgan Kaufmann Publishers Inc. ISBN 1-55860-379-4. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=645921.673134>.

Jiawei Han, Jian Pei, and Yiwen Yin. Mining frequent patterns without candidate generation. *SIGMOD Rec.*, 29(2):1–12, May 2000. ISSN 0163-5808. doi: 10.1145/335191.335372. URL <http://doi.acm.org/10.1145/335191.335372>.

Raymond T. Ng, Laks V. S. Lakshmanan, Jiawei Han, and Alex Pang. Exploratory mining and pruning optimizations of constrained associations rules. *SIGMOD Rec.*, 27(2):13–24, June 1998. ISSN 0163-5808. doi: 10.1145/276305.276307. URL <http://doi.acm.org/10.1145/276305.276307>.

Jong Soo Park, Ming-Syan Chen, and Philip S. Yu. An effective hash-based algorithm for mining association rules. In *Proceedings of the 1995 ACM SIGMOD International Conference on Management of Data, SIGMOD '95*, pages 175–186, New York, NY, USA, 1995. ACM. ISBN 0-89791-731-6.

doi: 10.1145/223784.223813. URL <http://doi.acm.org/10.1145/223784.223813>.

H. Petersohn. *Data Mining: Verfahren, Prozesse, Anwendungsarchitektur*. Oldenbourg, 2005. ISBN 9783486577150. URL <https://books.google.de/books?id=U8B3tx4f--kC>.

Hannu Toivonen. Sampling large databases for association rules. In *Proceedings of the 22th International Conference on Very Large Data Bases, VLDB '96*, pages 134–145, San Francisco, CA, USA, 1996. Morgan Kaufmann Publishers Inc. ISBN 1-55860-382-4. URL <http://dl.acm.org/citation.cfm?id=645922.673325>.

Ian H. Witten, Eibe Frank, and Mark A. Hall. *Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques*. Morgan Kaufmann Publishers Inc., San Francisco, CA, USA, 3rd edition, 2011. ISBN 0123748569, 9780123748560.