



Università degli Studi di Salerno

Dipartimento di Informatica

Tesi di Laurea Triennale in

Informatica

**UN ALGORITMO PER L'INFERENZA DI
DIPENDENZE FUNZIONALI RILASSATE:
VERIFICA DI AMMISSIBILITA' DI PATTERN**

Relatore

Chiar.mo Prof. Vincenzo Deufemia

Secondo Relatore

Dott.sa Loredana Caruccio

Candidato

Luigi Durso

Matr. 0512101919

Anno Accademico 2016-2017

*Ad Alda e alla mia famiglia,
per aver creduto in me e per avermi sostenuto nei momenti più difficili.*

Abstract

Nella progettazione di una base di dati ci sono aspetti essenziali da prendere in considerazione per assicurare un servizio quanto più efficiente possibile. Considerato il netto aumento del flusso di dati degli ultimi anni, la *data quality* è divenuta una materia estremamente interessante vista la cospicua presenza di dati "sporchi" nelle basi di dati. Per ridurre anomalie ed inconsistenze ci vengono incontro le *Dipendenze funzionali*, utilizzate ampiamente per stabilire vincoli di integrità tra i dati. La grande mole di dati, però, ha reso necessario un riadattamento delle dipendenze funzionali rendendole in grado di catturare inconsistenze più ampie nei dati. Le *Dipendenze funzionali rilassate o approssimate* (**RFD**) sono da considerarsi come una naturale evoluzione o generalizzazione delle *dipendenze funzionali canoniche*. Infatti, il concetto più importante introdotto dalle RFD è quello della *similarità*. Mentre nelle dipendenze funzionali classiche esiste soltanto il vincolo di uguaglianza tra dati, nelle RFD questo vincolo viene esteso introducendo il confronto approssimato tramite funzioni di similarità, questo ci permetterà di coprire una quantità di dati maggiore. Tuttavia le RFD possono fornire vantaggi solo se possono essere scoperte automaticamente dai dati. Il lavoro di tesi si focalizza su quest'ultimo aspetto di recuperare le RFD attraverso una procedura automa-

tizzata. L'algoritmo proposto è in grado di scoprire le RFD presenti in un dataset fornito come input attraverso tre differenti fasi. La prima fase, chiamata *Feasibility*, si occupa di estrarre un insieme di tuple dal set rilevanti per l'identificazione delle RFD. La seconda fase, chiamata *Minimality*, si occupa di minimizzare il numero di pattern ottenuti dalla prima fase. Infine, l'ultima fase, chiamata *Generation*, estrae le RFD attraverso la verifica di opportune regole. Per questo lavoro di tesi mostreremo l'idea dell'algoritmo generale ed entreremo nel dettaglio della prima fase di sviluppo(*Feasibility*), mostrando, infine, i risultati della sperimentazione.

Indice

1	Introduzione	1
1.1	Incipit	1
1.2	Nozioni Preliminari	3
1.2.1	Schema di relazione	3
1.2.2	Dipendenze funzionali canoniche	4
1.2.3	Dipendenze funzionali rilassate	5
1.2.4	Scoperta delle RFD	8
1.2.5	Dominanza	9
1.3	Studi preliminari	10
2	Stato dell'arte	12
2.1	AFD Discovery	13
2.2	MD Discovery	13
2.3	DD Discovery	14
3	Algoritmo	16
3.1	Matrice delle distanze	17
3.1.1	Funzione di distanza	17
3.1.2	Calcolo della matrice delle distanze	19

3.2	Feasibility	22
3.3	Minimality e Generation	24
4	Implementazione	25
4.1	Tecnologie utilizzate	25
4.1.1	AKKA	25
4.1.2	FastUtil	26
4.1.3	Joinery Dataframe	27
4.2	Struttura del progetto	27
4.2.1	Package DataSet	28
4.2.2	Package RFD	29
4.2.3	Package Actors	36
4.2.4	Package Utility	39
4.3	Requisiti	40
5	Conclusioni	41
5.1	Test	41
5.1.1	Dataset utilizzati	42
5.1.2	Risultati test sequenziale	43
5.1.3	Risultati test con due thread	43
5.1.4	Risultati test con tre thread	43
5.1.5	Risultati test con sette thread	44
5.1.6	Considerazioni finali su testing	44
5.2	Riflessioni	46
5.3	Lavori futuri	46

Elenco delle tabelle

1.1	Esempio di schema di relazione	3
1.2	Esempio di Relazione con anomalie	8
3.1	Dataset di esempio.	21
3.2	Esempio matrice delle distanze	21
5.1	Dataset utilizzati	42
5.2	RFD scoperte correate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset	43
5.3	RFD scoperte correate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con due thread	43
5.4	RFD scoperte correate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con tre thread	44
5.5	RFD scoperte correate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con sette thread	44

Snippet di codice

1	Metodo loadDF	30
2	Metodo CreateDistanceMatrix	31
3	Metodo OrderedDMMethod	32
4	Metodo FeasibilityTest	33
5	Metodo Dominance	34
6	Metodo MinimalityAndGenerationRFD	35
7	MainClass	35
8	Esempio invio messaggio da MainActor	37
9	Chiamata metodo concurrentCreateMatrix	37
10	Chiamata metodo createOrderedDM	38
11	Chiamata metodo feasibilityTest	38
12	Chiamata metodo startMinimalityAndGeneration	39

Introduzione

1.1 Incipit

Nella progettazione di una base di dati ci sono aspetti essenziali da prendere in considerazione per assicurare un servizio quanto più efficiente possibile. Uno di questi servizi è certamente la *qualità dei dati*, una base di dati con questa caratteristica farà sì che le inconsistenze tra i dati siano il minor numero possibile. Negli ultimi anni la crescita delle reti ha portato ad un aumento considerevole del flusso di dati rendendo la *data quality* una materia estremamente interessante vista la cospicua presenza di dati "sporchi" proveniente da fonti differenti. Per ridurre questo tipo di anomalie è impensabile tentare di eliminare le *inconsistenze* manualmente, una procedura di questo tipo può essere facilmente incline ad errori soprattutto con la quantità di dati precedentemente citata. In questo lavoro ci vengono incontro le *Dipendenze funzionali*, utilizzate ampiamente per stabilire vincoli di integrità tra i dati e ridurre anomalie e inconsistenze all'interno della nostra base di dati. La grande mole di dati, però, ha reso necessario un riadattamento delle dipendenze funzio-

nali rendendole in grado di catturare inconsistenze più ampie nei dati. Le *Dipendenze funzionali rilassate o approssimate (RFD)* sono da considerarsi come una naturale evoluzione o generalizzazione delle *dipendenze funzionali canoniche*. Questo nuovo strumento ci permette di adattare le semplici dipendenze funzionali a diversi contesti applicativi, infatti, le RFD possono applicarsi anche solo ad una porzione di database. Il concetto più importante introdotto dalle RFD, però, è quello della *similarità*. Nelle dipendenze funzionali classiche esisteva soltanto il concetto di uguaglianza tra dati, nelle RFD espandiamo questo concetto ad una similarità, questo ci permetterà di coprire una quantità di dati maggiore e sfruttare le RFD appena scoperte per effettuare una operazione di *cleaning* sulla base di dati. Tuttavia le RFD possono fornire vantaggi solo se possono essere scoperte automaticamente. Il lavoro di tesi si è basato su questo ultimo concetto di ottenere le RFD in seguito ad una procedura automatizzata. Durante le varie fasi di studio si è pensato ed implementato un algoritmo che permette, attraverso tre fasi intermedie, la scoperta di RFD di un dataset dato come input. Le tre fasi di questo algoritmo sono: *Feasibility, Minimality, Generation* . Per questo lavoro di tesi mostriamo l'idea dell'algoritmo generale ed entreremo nel dettaglio della prima fase di sviluppo(Feasibility), mostrando, infine, i risultati della sperimentazione. Per questo algoritmo, particolare attenzione è stata posta sull'efficienza, oltre che sull'efficacia, studiando un'implementazione basata sul multithreading e predisponendola ad eventuale adattamento parallelo.

1.2 Nozioni Preliminari

E' necessario, prima di cominciare con lo studio del nostro algoritmo, introdurre alcuni concetti preliminari volti alla comprensione della logica dietro le RFD.

1.2.1 Schema di relazione

Uno schema di relazione è costituito da un simbolo R , detto nome della relazione, e da un insieme di attributi $X = \{A_1, A_2, \dots, A_n\}$, di solito indicato con $R(X)$. A ciascun attributo $A \in X$ è associato un dominio $dom(A)$. Uno schema di base di dati è un insieme di schemi di relazione con nomi diversi:

$$R = \{R_1(X_1), R_2(X_2), \dots, R_n(X_n)\}.$$

Una relazione su uno schema $R(X)$ è un insieme r di tuple su X . Per ogni istanza $r \in R(X)$, per ogni tupla $t \in r$ e per ogni attributo $A \in X$, $t[A]$ rappresenta la proiezione di A su t . In modo analogo, dato un insieme di attributi $Y \subseteq X$, $t[Y]$ rappresenta la proiezione di Y su t . [1]

Matricola	Cognome	Nome	Data di nascita
123456	Rossi	Mario	25/11/1991
567891	Neri	Anna	23/04/1992

Tabella 1.1: Esempio di schema di relazione

1.2.2 Dipendenze funzionali canoniche

Una *dipendenza funzionale*, abbreviata in FD, è un vincolo di integrità semantico per il modello relazionale che descrive i legami di tipo funzionale tra gli attributi di una relazione.

Data una relazione r su uno schema $R(X)$ e due sottoinsiemi di attributi non vuoti Y e Z di X , diremo che esiste su r una dipendenza funzionale tra Y e Z , se, per ogni coppia di tuple t_1 e t_2 di r aventi gli stessi valori sugli attributi Y , risulta che t_1 e t_2 hanno gli stessi valori sugli attributi Z :

$$\forall t_1, t_2 \in r, t_1[Y] = t_2[Y] \implies t_1[Z] = t_2[Z] \quad (1.1)$$

Una dipendenza funzionale tra gli attributi Y e Z viene indicata con la notazione $Y \rightarrow Z$ e viene associata ad uno schema.

Se l'insieme Z è composto da attributi A_1, A_2, \dots, A_k , allora una relazione soddisfa $Y \rightarrow Z$ se e solo se essa soddisfa tutte le k dipendenze $Y \rightarrow A_1, Y \rightarrow A_2, \dots, Y \rightarrow A_k$. Di conseguenza, quando opportuno, possiamo assumere che le dipendenze abbiano la forma $Y \rightarrow A$, con A singolo attributo.

Una relazione funzionale è *non banale* se A non compare tra gli attributi di Y .

Data una chiave K di una relazione r , si può facilmente notare che esiste una dipendenza funzionale tra K ed ogni altro attributo dello schema di r . Quindi una dipendenza funzionale $Y \rightarrow Z$ su uno schema $R(X)$ degenera nel vincolo di chiave se l'unione di Y e Z è pari a X . In tal caso Y è superchiave per lo schema $R(X)$.

Con la notazione $\langle R(X), F \rangle$ indicheremo uno schema $R(X)$ su cui è definito un insieme di dipendenze funzionali F . Un'istanza r di $R(X)$ viene detta *istanza legale* di $\langle R(X), F \rangle$ se soddisfa tutte le dipendenze funzionali in F . Infine, data una relazione funzionale $Y \rightarrow Z$, se ogni istanza legale r di $\langle R(X), F \rangle$ soddisfa anche $Y \rightarrow Z$, allora diremo che F *implica logicamente* $Y \rightarrow Z$, indicato come $F \models Y \rightarrow Z$.

1.2.3 Dipendenze funzionali rilassate

In alcuni casi per risolvere dei problemi in alcuni di domini di applicazioni, come l'identificazione di inconsistenze tra i dati, o la rilevazione di relazioni semantiche fra i dati, è necessario rilassare la definizione di dipendenza funzionale, introducendo delle approssimazioni nel confronto dei dati. Invece di effettuare dei controlli di uguaglianza, si utilizzano dei controlli di similarità. Inoltre spesso si potrebbe desiderare che una certa dipendenza valga solo su un sottoinsieme di tuple che su tutte. Per questo motivo sono nate delle dipendenze funzionali che rilassano alcuni dei vincoli delle FD, prendono il nome di Dipendenze Funzionali Rilassate o Approssimate ¹. Esistono differenti tipi di RFD, ciascuna di esse rilassa uno o più vincoli delle FD, si possono dividere in due macro aree:

1. Confronto di attributi: La funzione di uguaglianza delle FD canoniche viene sostituita da una funzione di similarità , ciò implica che l'AFD deve descrivere una soglia di rilassamento per ogni attributo.

¹RFD abbreviazione di Relaxed Functional Dependency.

2. Estensione: Permette che il vincolo non sia valido su tutte le tuple, ma solo su di un sottoinsieme di esse.

Le RFD sono utilizzate in attività di: data cleaning, record matching e di rilassamento delle query.

Le definizione formale di una RFD è la seguente:

Teorema 1 *Sia R uno schema relazionale definito su di un insieme di attributi finito, e sia $R = (A_1, A_2, \dots, A_k)$ una relazione definita su R . Una RFD φ su R viene rappresentata come:*

$$D_c : (X)_{\Phi_1} \xrightarrow{\Psi(X,Y) \leq \epsilon} (Y)_{\Phi_2}$$

dove

- $\mathbb{D}_c = \{t \in \text{dom}(R) \mid (\bigwedge_{i=1}^k c_i(t[A_i]))\}$, dove $c = (c_1, c_2, \dots, c_k)$ con c_i predicato sul $\text{dom}(A_i)$, utilizzato per filtrare le tuple a cui φ va applicata;
- $X, Y \subseteq \text{attr}(R)$ tali che $X \cap Y = \emptyset$;
- $\Phi_1(\Phi_2 \text{ rispettivamente})$ è un insieme di vincoli $\phi[X](\phi[Y])$ definite sugli attributi di X (Y). Per qualsiasi coppia di tuple $(t_1, t_2 \in \mathbb{D}_c)$ il vincolo $\phi[X](\phi[Y])$ restituisce vero se la similarità fra $t_1[X]$ e $t_2[X]$ ($t_1[Y]$ e $t_2[Y]$) concordano con i vincoli specificati da $\phi[X](\phi[Y])$;
- $\Psi : \text{dom}(X) \times \text{dom}(Y) \rightarrow \mathbb{R}$ rappresenta una misura di copertura su \mathbb{D}_c e indica il numero di tuple che violano o soddisfano φ ;
- ϵ è la soglia che indica il limite superiore o inferiore per il risultato della misura di copertura;

Per questo algoritmo vengono trattate solo le RFD che rilassano il vincolo di uguaglianza, senza considerare l'estensione. Data RFD $X \rightarrow Y$ essa vale su una relazione r se e solo se la distanza fra due tuple t_1 e t_2 , i cui valori sui singoli attributi A_i non superano una certa soglia β_i , è inferiore ad una certa soglia a_A su ogni attributo $A \in X$, allora la distanza fra t_1 e t_2 su ogni attributo $B \in Y$ è minore di una certa soglia a_B .

La struttura delle RFD utilizzate è la seguente:

$$attr_1(\leq soglia_1), \dots, attr_n(\leq soglia_n) \rightarrow RHS$$

Gli attributi che si trovano a sinistra della freccia costituiscono la parte LHS², l'attributo che invece si trova dopo la freccia costituisce l'RHS³. È importante focalizzare l'attenzione su questo concetto in quanto le dipendenze funzionali hanno un verso, ed è quello indicato dalla freccia. Qualsiasi operazione effettuata con le RFD deve sempre tener conto del verso, le RFD non forniscono conoscenza nel verso opposto. Questa non è una proprietà riguardante solo le RFD, bensì riguarda qualsiasi tipo di dipendenza funzionale. Ad esempio consideriamo la relazione in questa tabella:

²Left Hand Side o lato sinistro.

³Right Hand Side o lato destro.

Impiegato	Stipendio	Progetto	Bilancio	Funzione
Rossi	20000	Sito web	2000	tecnico
Verdi	35000	App Mobile	15000	progettista
Verdi	35000	Server	15000	progettista
Neri	55000	Server	15000	direttore
Neri	55000	App Mobile	15000	consulente
Neri	55000	Sito web	2000	consulente
Mori	48000	Sito web	15000	direttore
Mori	48000	Server	15000	progettista
Bianchi	48000	Server	15000	progettista
Bianchi	48000	App Mobile	15000	direttore

Tabella 1.2: Esempio di Relazione con anomalie

Si può osservare che lo stipendio di ciascun impiegato è unico, quindi in ogni tupla in cui compare lo stesso impiegato verrà riportato lo stesso stipendio. Possiamo dire che esiste una Dipendenza Funzionale: $Impiegato \rightarrow Stipendio$. Si può fare lo stesso discorso tra gli attributi Progetto e Bilancio, quindi anche qui abbiamo una dipendenza funzionale $Progetto \rightarrow Bilancio$. Non si può dire che di conseguenza vale anche il verso opposto:

$$Impiegato \rightarrow Stipendio \neq Stipendio \rightarrow Impiegato$$

Infatti percepiscono 48000 di stipendio sia Mori che Bianchi.[1]

1.2.4 Scoperta delle RFD

Data una relazione r , la scoperta di una RFD è il problema di trovare un *minimal cover set* di RFD che si verificano per r . Questo problema rende ancor più complesso il problema della scoperta delle dipendenze dei dati visto l'ampio spazio di ricerca dei possibili vincoli di similarità. Dunque è necessario trovare algoritmi efficienti in grado di estrarre RFD con vincoli di similarità

significativi.

Se i vincoli di similarità e le soglie sono noti per ogni attributo del dataset, scoprire le RFD si riduce a trovare tutte le possibili dipendenze che soddisfano la seguente regola:

Lemma 1 *Le partizioni di tuple che sono simili sugli attributi contenuti nel lato sinistro o LHS della dipendenza, devono corrispondere a quelle che sono simili nel lato destro o RHS.*

Questo problema è simile a trovare le FD, dove bisogna trovare le partizioni di tuple che condividono lo stesso valore sull'RHS quando esse condividono lo stesso valore sull'LHS. Il problema viene reso più semplice dal fatto che, nel caso della scoperta delle FD, tali partizioni sono disgiunte, cosa che però non vale nelle RFD in quanto uno stesso valore può essere simile a valori differenti. Ciò impedisce quindi di sfruttare gli algoritmi utilizzati nella scoperta delle FD, nella scoperta delle RFD.

1.2.5 Dominanza

Nel corso del nostro lavoro, abbiamo applicato alcuni risultati dell'intelligenza artificiale al campo della discovery delle *Dipendenze Funzionali Rilassate*. In particolare, cercando di individuare le dipendenze funzionali rilassate ci siamo serviti di un importante risultato nella succitata materia: la dominanza stretta (*strict dominance*).

Teorema 2 *Dato un vettore di attributi $\mathbf{X} = X_1, X_2, \dots, X_n$, siano $\mathbf{x} = (x_1, x_2, \dots, x_n)$ e $\mathbf{y} = (y_1, y_2, \dots, y_n)$ due vettori di assegnamenti definiti sugli*

attributi di \mathbf{X} , dove l' i -esimo elemento x_i o y_i può essere sia un valore numerico sia un valore discreto con un assunto ordinamento su tali valori. Diremo che \mathbf{x} domina strettamente (o deterministicamente) \mathbf{y} se e solo se

$$y_i \leq x_i \quad i = 1, 2, \dots, n,$$

ovvero

$$\mathbf{y} - \mathbf{x} \leq \mathbf{0}$$

1.3 Studi preliminari

Prima di iniziare lo sviluppo dell'algoritmo per la scoperta di RFD si è reso necessario uno studio approfondito di un algoritmo precedentemente sviluppato come progetto del corso di intelligenza artificiale. [2]. Tale algoritmo è stato sviluppato in Python, pertanto, abbiamo effettuato uno studio del linguaggio precedentemente citato. Oltre le principali caratteristiche di questo linguaggio, è stato fatto uno studio anche delle librerie utilizzate all'interno del progetto:

- **Pandas**: È una libreria che include delle strutture dati e tool di analisi facili da usare e fortemente ottimizzate.
- **Numpy**: È un package dedicato all'elaborazione scientifica sul linguaggio Python.

Una volta concluso questo tipo di studio si è cominciato a pensare allo sviluppo dell'algoritmo in un ambiente differente. La scelta è ricaduta su *Java*,

tale scelta è dovuta, oltre che alla già piena conoscenza del team di questo linguaggio, alla potenza e versatilità che questo linguaggio ci offre, oltre che al gran numero di framework presenti per la gestione di parallelizzazione e concorrenza, essendo quest'ultimo un aspetto molto importante per l'efficienza dell'algoritmo. Le librerie esterne studiate ed utilizzate saranno ben approfondite nel capitolo 4 (*Implementazione*) di questo elaborato. Le sopracitate librerie esterne utilizzate sono:

- ***AKKA***: Framework per la gestione del parallelismo e concorrenza.
- ***FastUtil***: Libreria per la gestione efficiente delle strutture dati di base presenti in Java.
- ***Joinery Dataframe***: Struttura dati simile al dataframe presente in *Pandas* di Python.

All'infuori delle conoscenze legate ai linguaggi di programmazione, è stato necessario leggere e studiare vari documenti legati al mondo delle dipendenze funzionali.

Stato dell'arte

Esistono svariati metodi per scoprire le RFD data una determinata soglia ϵ , un esempio è il metodo *top-down*.

I metodi di discovery *top-down* effettuano una generazione di possibili FD livello per livello e controllano se queste si verificano. L'algoritmo inizia generando un grafo di attributi, con una struttura a lattice, dove vengono considerati tutti i possibili sottoinsiemi di attributi. Dato uno schema relazionale $R = (A_1, A_2, \dots, A_n)$, il livello 0 del lattice non contiene nessun attributo, il livello 1 contiene tutti i singleton dei singoli attributi dello schema relazionale R , il livello due tutte le possibili coppie di attributi in R fino ad arrivare all'ultimo livello, l' n -esimo, che contiene un unico insieme con tutti gli attributi di R al suo interno. Ogni sottoinsieme contenuto nel lattice rappresenta un candidato per una possibile FD.

Generato il lattice, l'algoritmo parte dal livello 0 fino ad arrivare all'ultimo, e per ogni livello verifica, per tutti i possibili sottoinsiemi $X \in L_r^1$, l'esistenza di possibili dipendenze funzionali. Nello specifico, per ogni attributo $A \in X$

¹livello r-esimo

si cerca di verificare se la FD $X \setminus \{A\} \rightarrow A$ vale. Per ridurre il tempo di esecuzione esponenziale, assieme alla verifica avviene una potatura del grafo sfruttando la scoperta di nuove FD.

Inoltre negli ultimi anni c'è stata una proliferazione delle RFDs di cui solo alcune di loro erano dotate dell'algoritmo per la scoperta dai dati. Mostriamo adesso alcune di esse [3].

2.1 AFD Discovery

Una *dipendenza funzionale approssimata* (AFD) è una canonica FD che deve essere soddisfatta da 'più' tuple, piuttosto che 'tutte', di una relazione r . In altre parole, una AFD permette a una piccolissima porzione di tuple di r di violarla. Diversi approcci sono stati proposti per calcolare il grado di soddisfacibilità di una AFD. Gli approcci principali sono basati su una piccola porzione di tuple $s \subset r$ per decidere se una AFD esiste su r . Come conseguenza, le AFDs che esistono su s possono anche esistere su r , con una data probabilità. Alcuni metodi sfruttano la misurazione dell'errore della super chiave per determinare la soddisfacibilità approssima delle AFDs.

2.2 MD Discovery

Matching dependencies (MDs) sono delle RFD proposte recentemente per l'object identification. Sono definite in termini di predicati di similarità per adeguarsi agli errori e a differenti rappresentazioni di dati in sorgenti inaffidabili. Infatti è stato proposto un algoritmo che ha a che fare con la valutazione

dell' utilità delle MDs in una data istanza di un database e la determinazione del pattern di similitudine delle MDs. L'utilità è misurata considerando la convenienza e il sostegno delle MDs, mentre le soglie sono determinate in base alla distribuzione statistica dei dati. Inoltre sono state introdotte delle strategie di Pruning per filtrare i pattern con un basso sostegno.

2.3 DD Discovery

Differential dependencies(DDs) sono delle RFD che specificano vincoli sulla differenza dei valori degli attributi invece delle corrispondenze esatte delle FD canoniche. Il discovery delle DDs eredita la complessità esponenziale dal problema del discovery delle FD.

Un algoritmo per il discovery delle DDs si basa sugli algoritmi di riduzione, il quale una volta fissate le funzioni di differenza per l' RHS per ogni attributo della relazione r , l'insieme delle funzione di differenza per gli LHS ridotti viene cercato per formare le DDs. Le strategie di pruning sono state proposte per migliorare le performance del discovery.

Un algoritmo alternativo riduce lo spazio di ricerca per mezzo di limiti superiori alle soglie di distanza per gli intervalli di LHS specificati dall' utente.

Un ulteriore proposta per il DD discovery è un algoritmo che estrae un minimal cover di DDs, basato su regole di associazione. In particolare l'algoritmo estrae una classe di regole di associazione non ridondanti le quali verranno trasformate in DDs.

Infine è stato proposto un algoritmo per ottenere delle soglie adatte per una data DD. In particolare data una istanza di un database e una DD su di esso,

l'algoritmo determina le soglie di distanza per la DD al fine di massimizzare la sua utilità.

Algoritmo

In questo capitolo saranno mostrati i passi da effettuare per ottenere, partendo da un dataset rappresentante una relazione, una lista di dipendenze funzionali rilassate. La sequenza di passi che l'algoritmo affronterà sono:

- *Feasibility*
- *Minimality*
- *Generation*

Per fare in modo che la prima fase(*Feasibility*) abbia inizio, ci dobbiamo creare la matrice delle distanze, che, insieme ad alcune informazioni aggiuntive verranno date in input alla suddetta fase. In questo capitolo verranno descritte nello specifico le fasi di creazione della *matrice delle distanze* e la fase di *Feasibility* che sono oggetto di questo lavoro di tesi.

3.1 Matrice delle distanze

Il primo passo consiste nel calcolo delle distanze tra ogni coppia di tuple del dataset. Questo passaggio viene fatto utilizzando diverse funzioni di distanza, a seconda del tipo di RFD che si vuole ricavare.

3.1.1 Funzione di distanza

Date due tuple t_i e t_j tali che $t_i, t_j \in \mathbf{r}$, risulta necessario definire un metodo per capire quanto queste siano distanti tra di loro. Definiamo quindi una funzione

$$\mathbf{d} : \mathbf{r} \rightarrow \mathbb{R}^{k+1}$$

tale che, date due tuple $t_i, t_j \in \mathbf{r}$,

$$\mathbf{d}(t_i, t_j) = [(d_1, d_2, \dots, d_{k+1}) \mid d_p = d(t_i[p], t_j[p])],$$

dove $t_i[p]$ rappresenta il p-esimo elemento della tupla t_i e $d(x, y)$ è una funzione di distanza tra gli elementi x e y che cambia in base al tipo di elemento.

Una funzione $\mathbf{d}(t_i, t_j)$ può quindi essere ibrida, ossia composta da diverse distanze su attributi di tipi diversi: per confrontare tuple composte da valori misti (e.g. numerici, stringhe e date) è necessario utilizzare diverse distanze. Quindi, una generica funzione distanza \mathbf{d} operante su due tuple, è composta al suo interno da altre funzioni di distanza d_t , anche diverse tra di loro, operanti su singoli attributi.

Durante la progettazione del nostro algoritmo abbiamo considerato le seguenti

funzioni distanza, in base ai diversi tipi di elemento che potevano far parte di una tupla:

Distanza euclidea mono-dimensionale tale funzione viene utilizzata quando x e y sono entrambi tipi numerici:

$$d_{eucl}(x, y) = \sqrt{(x - y)^2} = |x - y|. \quad (3.1)$$

Distanza di Levenshtein è una metrica per misurare la differenza fra due stringhe (o sequenze in generale). Tale distanza indica il minimo numero di caratteri singoli che è necessario modificare (e.g. inserimenti, cancellazioni, sostituzioni) per far sì che le due stringhe siano uguali. È quindi definita come:

$$d_{lev}(x, y) = lev_{x,y}(|x|, |y|) \quad (3.2)$$

dove

$$lev_{a,b}(i, j) = \begin{cases} \max(i, j) & \text{se } \min(i, j) = 0 \\ \min \begin{cases} lev_{a,b}(i - 1, j) + 1 \\ lev_{a,b}(i, j - 1) + 1 \\ lev_{a,b}(i - 1, j - 1) + 1_{(a_i \neq b_j)} \end{cases} & \text{altrimenti} \end{cases}$$

dove $1_{(a_i \neq b_j)}$ è una *funzione indicatrice*, uguale a 0 se $a_i = b_j$ e uguale a 1 altrimenti, e $lev_{a,b}(i, j)$ è la distanza di Levenshtein tra i primi i caratteri di a e i primi j caratteri di b ;

Distanza tra date quando gli attributi da confrontare sono di tipo data (a prescindere dal formato di questa), viene utilizzata una semplice funzione di distanza che permette di calcolare i giorni trascorsi dalla data meno recente a quella più recente.

3.1.2 Calcolo della matrice delle distanze

Dal confronto tra tutte le coppie di tuple della relazione ricaviamo una tabella delle distanze DT tale che $|DT| = \binom{n}{2} = \frac{n(n-1)}{2}$.

La tabella delle distanze (supponendo senza perdere di generalità di utilizzare l'attributo X_{k+1} come attributo RHS) ricavata è quindi:

	RHS	X_1	X_2	\dots	X_k
1	d_1^{RHS}	d_{11}	d_{12}	\dots	d_{1k}
2	d_2^{RHS}	d_{21}	d_{22}	\dots	d_{2k}
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\ddots	\vdots
m	d_m^{RHS}	d_{m1}	d_{m2}	\dots	d_{mk}

dove $m = \frac{n(n-1)}{2}$ e ogni riga rappresenta il vettore distanza ottenuto confrontando due diverse tuple facenti parte della relazione, ad esempio, date due tuple $t_r = (x_1, x_2, \dots, x_{k+1})$ e $t_l = (y_1, y_2, \dots, y_{k+1})$ tali che $t_r \in \mathbf{r}$ e $t_l \in \mathbf{r}$, calcoliamo la distanza tra queste due tuple e poniamo il vettore

$$d(t_r, t_l) = [d(x_1, y_1), d(x_2, y_2), \dots, d(x_{k+1}, y_{k+1})]$$

in $DT[i]$. Il generico d_{ij} rappresenta la distanza sull'attributo X_i calcolato su una coppia di tuple.

La colonna

$$DT[\cdot][RHS'] = d_1^{RHS} d_2^{RHS} : d_m^{RHS}$$

rappresenta la colonna delle distanze tra tutte le n tuple rispetto all'attributo RHS.

Dopo aver calcolato la tabella DT , occorre ordinarla utilizzando come pivot la colonna $DT[\cdot][RHS']$, ottenendo il seguente data frame:

$$\begin{array}{c|cccc} & RHS & X_1 & X_2 & \dots & X_k \\ 1 & d_i^{RHS} & d_{i1} & d_{i2} & \dots & d_{ik} \\ 2 & d_j^{RHS} & d_{j1} & d_{j2} & \dots & d_{jk} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ m & d_r^{RHS} & d_{r1} & d_{r2} & \dots & d_{rk} \end{array}$$

dove $d_i^{RHS} \leq d_j^{RHS} \leq \dots \leq d_r^{RHS}$.

A questo punto occorre dividere e raggruppare tutte le righe del data frame: le righe aventi lo stesso valore sulla colonna $DT[\cdot][RHS']$ saranno raggruppate in sezioni di data frame disgiunte. Questo data frame finale può finalmente essere utilizzato dalle successive fasi dell'algoritmo.

Di seguito viene mostrato un esempio di creazione della matrice delle distanze:

height	weight	shoe_size	age
175	70	40	30
175	75	39	41
175	69	40	33
176	71	40	35
178	81	41	27
169	73	38	49
170	65	39	30

Tabella 3.1: Dataset di esempio.

height	weight	shoe_size	age	TuplePairID
0	5	1	11	0-1
0	6	1	8	1-2
\vdots	\vdots	\vdots	\vdots	\vdots
1	8	1	19	5-6

Tabella 3.2: Esempio matrice delle distanze

3.2 Feasibility

Una volta creato il dataframe contenente la matrice delle distanze, siamo pronti per l'avvio del *Feasibility test*. Questa fase prende in input la precedentemente citata matrice con un determinato campo che sarà il nostro *RHS*. Ovviamente, i restanti campi, formeranno il nostro *LHS*. Nel seguente pseudocodice diamo una occhiata su quello che dovrebbe effettuare il nostro algoritmo durante la fase corrente:

Algorithm 1: Feasibility Test

Data : An ordered difference relation D of size n
Result: Sets C and C'

```

1 clusterID  $\leftarrow$  getClusterID( $n$ )+1;
2 actualC  $\leftarrow$   $\emptyset$ ;
3 actualC'  $\leftarrow$   $\emptyset$ ;
4 dominates  $\leftarrow$  false;
5 foreach  $t_p \in D$  in descending order do
6   if getClusterID( $t_p$ )  $\neq$  clusterID then
7     clusterID  $\leftarrow$  getClusterID( $t_p$ );
8     if actualC  $\neq$   $\emptyset$  then addSet(C, actualC);
      // actualC is put into C
9     if actualC'  $\neq$   $\emptyset$  then
10      addSet(C', actualC');
11      actualC'  $\leftarrow$   $\emptyset$ ;
12   if getClusterID( $t_p$ ) == 0 then break;
      // the process is stopped when the
      // cluster 0 is reached
13   if actualC ==  $\emptyset$  then
14     // for the first pattern
15     addTuple(actualC,  $t_p$ );
16     addTuple(actualC',  $t_p$ );
17   else
18     dominates  $\leftarrow$  false;
19     foreach  $t'_p \in$  actualC do
20       if !dominance( $t_p, t'_p$ ) then
21         if dominance( $t'_p, t_p$ ) then
22           // when  $t'_p$  is not anymore
23           // a minimal pattern
24           removeTuple(actualC,  $t'_p$ );
25           if containTuple(actualC',  $t'_p$ )
26             then
27             removeTuple(actualC',  $t_p$ );
28         else
29           dominates  $\leftarrow$  true;
30           break;
31   if !dominates then
32     addTuple(actualC,  $t_p$ );
33     addTuple(actualC',  $t_p$ );
34 return C, C';

```

Figura 3.1: Pseudocodice Feasibility Test

Come detto nella fase di creazione della matrice delle distanze, tale matrice è stata ordinata per il valore dell' RHS e successivamente sono stati raggruppati i pattern con valori uguali di tale campo($Cluster$)¹. Lo scopo di questa fase è l'ottenimento di insiemi contenenti pattern che superino il test di Feasibility, tali insiemi saranno costruiti uno per ogni valore differente di RHS. Come si evince dallo pseudocodice l'analisi ha inizio con il clusterN con N di valore massimo. Per questo caso l'insieme viene inizializzato con l'ultima riga trovata, essendo l'insieme ancora vuoto.

Analizzando l'esempio di dataset mostrato nella sezione precedente 3.1, per

$RHS=ShoeSize$ avremo la seguente situazione iniziale:

$$C_3 : < 4, 5 >$$

L'analisi per questo cluster proseguirà con le altre righe, esse saranno inserite nell'insieme in costruzione corrente solo se non dominano quelle già presenti. La verifica della dominanza(concetto espletato nell'introduzione), però, è effettuata non solo dalla riga da inserire verso quelle già presenti, tale controllo viene effettuato anche dai pattern esistenti verso la riga che vuole "entrare" nell'insieme. Se il risultato della dominanza rileva che un pattern nell'insieme *domina* la riga in entrata, allora questo viene rimosso. Il duplice controllo ci garantirà che in uno stesso cluster non ci siano pattern che dominano altri. Una volta finita l'analisi di un cluster, l'algoritmo avrà l'insieme corrispondente e sarà pronto ad analizzare quello successivo. Per effettuare questo cambio, l'insieme corrispondente verrà inizializzato con i pattern facente parte dell'in-

¹Per questo algoritmo ci riferiremo a ClusterN come il gruppo di pattern aventi N come valore di RHS

sieme ottenuto in precedenza. Questa analisi verrà conclusa o con la fine dei cluster disponibili oppure quando si giunge ad un valore di RHS uguale a 0.

Facendo riferimento sempre allo stesso esempio 3.1, per $RHS=ShoeSize$

avremo uno stato di terminazione come questo:

$$C_3 : < 4, 5 >$$

$$C_2 : < 4, 6 >, < 3, 5 >, < 2, 5 >, < 0, 5 >, < 1, 4 >$$

$$C_1 < 1, 5 >, < 0, 6 >, < 2, 6 >, < 0, 4 >, < 1, 3 >, < 1, 2 >, < 0, 1 >$$

Infine, avremo ottenuto un insieme di pattern per ogni cluster, tali insiemi sono definiti **insiemiC**. A questo punto, con il nostro output, potremo procedere verso le fasi di *Minimality e Generation*.

3.3 Minimality e Generation

Le fasi di *Minimality e Generation* sono quelle finali dell'algoritmo. La prima fase che beneficerà dei nostri *insiemiC* è quella di minimality. Successivamente si procederà verso la generazione delle **RFD** trovate mediante la fase di *Generation*. Entrambe le fasi finali non saranno oggetto di studio per questo lavoro di tesi.

Implementazione

4.1 Tecnologie utilizzate

Al fine di testare l'algoritmo progettato, abbiamo sviluppato una applicazione scritta in Java. La scelta nell'utilizzare Java, come detto negli studi preliminari, è nata dalla necessità di ottenere maggiori prestazioni, dalla potenza del linguaggio e dal gran numero di librerie e framework utilizzabili al nostro scopo. Nella seguente sezione analizzeremo quelle che sono le librerie utilizzate per la realizzazione del seguente progetto.

4.1.1 AKKA

Akka è un insieme di strumenti per la realizzazione di applicazioni Java o Scala altamente concorrenti e distribuite. La scelta di questo framework è stata fatta in seguito alla necessità di rendere l'algoritmo quanto più efficiente possibile. La soluzione migliore si è rivelata essere quella del multithreading. A questo punto si è pensato che una impostazione *low level* dei thread fosse poco sicura, quindi ci siamo orientati verso l'utilizzo di un container che ge-

stisse le operazioni fondamentali di coordinazione. Oltre alla coordinazione del multithreading **AKKA** ci offre la possibilità di creare una applicazione distribuita. Questo argomento è stato trattato in fase di studio preliminare e temporaneamente accantonato, ciò non toglie che l'utilizzo di questo framework renda l'applicazione predisposta alla distribuzione. AKKA ci offre un *ambiente sicuro* su cui eseguire i nostri thread chiamato **Actor system**. L'Actor system è un container che prevede la gestione dei vari thread, chiamati **Actor**, garantendo servizi come la scalabilità della nostra applicazione, gestione della concorrenza e massime prestazioni. Per questa tecnologia si può fare riferimento alla documentazione ufficiale: <https://akka.io>

4.1.2 FastUtil

In fase di implementazione si è reso necessario un boost nelle prestazioni ed un uso efficiente della memoria da parte delle principali strutture dati utilizzate da Java. Per garantire questi servizi ci viene incontro una libreria chiamata **fastutil**. Questa libreria re-implementa le principali strutture di java garantendoci i servizi succitati. Le strutture sfruttate nella nostra applicazione sono:

- **ObjectArrayList**: Re-implementazione della classe ArrayList di Java.
- **Object2ObjectHashMap**: Re-implementazione della classe HashMap di Java.

4.1.3 Joinery Dataframe

Il DataFrame di joinery è una struttura dati simile a dataframe presente nella libreria *pandas* del linguaggio Python. Essa ci permette di memorizzare velocemente un *dataset* ed effettuare operazioni su di esso come se fosse una semplice tabella. La scelta di questa libreria è stata fatta in seguito alla valutazione dei vantaggi che offrivano i vari metodi implementati da Joinery. Si sono mostrati essere molto vantaggiosi i metodi che garantiscono l'import di un dataset da file csv e la gestione diretta ai dati in esso contenuti. Si può fare riferimento a tale libreria sulla documentazione ufficiale: <https://cardillo.github.io/joinery/>.

4.2 Struttura del progetto

Tutto il progetto è strutturato in 4 *package* (*Dataset, RFD, Actors, Utility*). Nel corso della descrizione del codice, assumeremo che il lettore possieda già basi del linguaggio di programmazione *Java*. Per cui, sarà omessa la differenziazione tra metodi pubblici, metodi privati e metodi statici delle singole classi. Sia la **matrice delle distanze**, sia il **dataset** sono implementati utilizzando due diversi data frame (classe **DataFrame** della libreria DataFrame di Joinery citata nella sezione precedente). Per gli **insiemi C**, invece, è stata utilizzata una lista (classe **ObjectArrayList** della libreria FastUtil) avente come elementi i vettori contenenti le distanze e le coppie di identificativi delle due tuple da cui tale vettore è stato ricavato. Le **RFDs** sono state inserite in una classe di utility chiamata **RFDMap**.

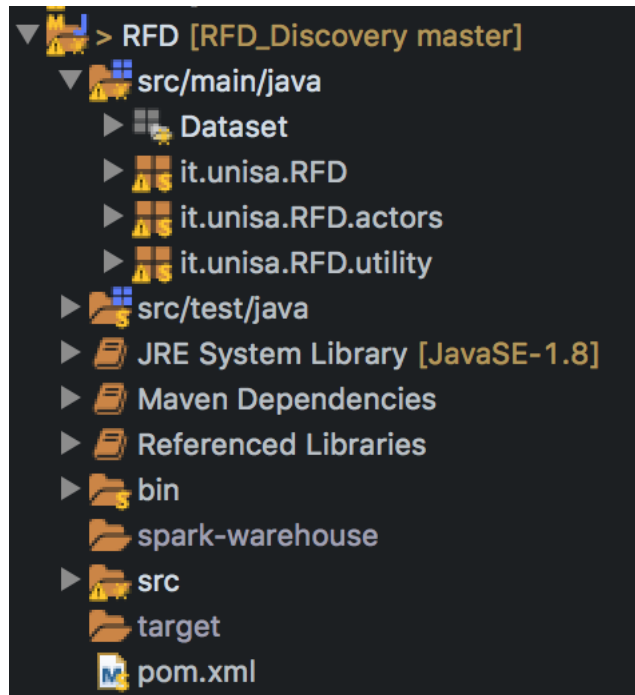


Figura 4.1: Struttura del Progetto

4.2.1 Package DataSet

Il package DataSet include una serie di DataSet in formato *csv*. I DataSet inclusi nel progetto sono:

- adult.csv
- balance-scale.csv
- breast-cancer-wisconsin.csv
- bridges.csv
- chess.csv
- Citiseer.csv
- cora.csv
- crawled-tweets.csv
- dataset.csv
- dataset_string.csv

- echocardiogram.csv
- hepatitis.csv
- horse.csv
- iris.csv
- restaurant.csv

4.2.2 Package RFD

Questo pacchetto contiene le classi che vengono utilizzate per le fasi principali del nostro algoritmo.



Figura 4.2: Package RFD

Il contenuto di questo pacchetto è:

DistanceMatrix.java: Questa classe contiene alcuni metodi statici fondamentali per il caricamento del dataset nella struttura dati *DataFrame* e per la creazione della Distance Matrix, tali metodi verranno spiegati di seguito.

Listing 1 Metodo loadDF

```
/**
 * Metodo che riceve in input nome del file csv e lo carica
 * in un DataFrame
 * @param nameCSV nome file CSV
 * @param separator separatore di colonne utilizzato nel file
 * @param naString stringa nulla
 * @param hasHeader presenza di header nel file
 * @return Dataframe DataFrame caricato da file
 * @throws IOException
 */
public static DataFrame<Object> loadDF(String nameCSV,
                                       String separator,
                                       String naString,
                                       boolean hasHeader,
                                       int righeTaglio)
```

Il metodo **loadDF** è utilizzato per importare il dataset dato in input come file csv. Per importare tale file ci siamo affidati al metodo messo a disposizione dalla libreria DataFrame di Joinery. Tale metodo ha il compito di caricare il file CSV e di trasformarlo in un oggetto della classe **DataFrame** di Joinery. Tutti i parametri relativi al CSV specificati nella firma saranno usati per interpretare correttamente tale file. Restituisce un oggetto di tipo **DataFrame** contenente il dataset.

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **nameCSV** : il percorso dal quale caricare il file CSV;
- **separator**: il separatore di campi del file CSV;
- **naString**: il carattere di valore nullo presente all'interno del file CSV;
- **hasHeader**: presenza o meno dell'header come prima riga nel file CSV;

- **righeTaglio**: permette di effettuare un taglio sulle righe, inserire "0" se non si vuole effettuare alcun taglio. Tale parametro è stato inserito al fine di effettuare testing sulle grandezze dei dataset.

Durante l'esecuzione del nostro algoritmo è necessario calcolare un secondo dataset che nel nostro caso andrà ad essere inserito in una istanza della classe DataFrame di joinery. Questo secondo dataset è la matrice delle distanze che conterrà, per ogni coppia di pattern nel dataset originale, la differenza dei valori dei singoli attributi. Per calcolare la differenza fra i valori di un attributo, occorre prima di tutto capire il tipo dell'attributo in questione. Per questo scopo viene utilizzato il metodo offerto dalla classe DataFrame di Joinery: **types()**. A differenza del dataset originale, la matrice delle distanze avrà un campo in più inserito alla fine che rappresenterà la coppia dei pattern da cui è nata quella riga. Tale processo di creazione farà in modo di inserire una sola riga tra una coppia di tipo (1,2) e (2,1). Infine, effettuiamo un taglio delle righe duplicate. Tutto questo viene effettuato dal metodo **concurrentCreateMatrix**.

Listing 2 Metodo CreateDistanceMatrix

```
/**
 * @param inizio Indice di riga iniziale da confrontare
 * @param dimensione Indice di numero righe da confrontare
 * @param df dataframe in input
 * @return Matrice Delle Distanze
 * Metodo per la creazione della matrice delle distanze.
 * Effettua anche taglio dei duplicati.
 * Versione per la parallelizzazione.
 */
public static DataFrame<Object> concurrentCreateMatrix
                                (int inizio,
                                 int dimensione,
                                 DataFrame<Object> completeDF)
```

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **inizio** : indice di riga di inizio del processo di creazione della matrice delle distanze su cui il thread corrente dovrà operare;
- **dimensione**: numero di righe su cui operare per il thread corrente;
- **completeDF**: dataframe precedentemente importato.

Come ultimo metodo richiamato dalla classe **DistanceMatrix** c'è **createOrderedDM**, questo metodo viene utilizzato per creare informazioni sulla matrice delle distanze al variare di tutti gli *RHS*. Queste informazioni saranno memorizzate come istanza di una classe di utility chiamata **OrderedDM**

Listing 3 Metodo OrderedDMMMethod

```
/**
 * Metodo statico per la creazione di una DM ordinata
 * in base a RHS dato come parametro
 * @param indiceRHS colonna RHS
 * @param dm distance matrix
 * @return orderedDM DM ordinata
 */
public static OrderedDM createOrderedDM(int indiceRHS,
                                         DataFrame<Object> dm)
```

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **indiceRHS** : indice di colonna del corrente RHS;
- **dm**: matrice delle distanze creata in precedenza .

FeasibilityOrderedDM.java: Questa classe contiene i metodi per l'esecuzione della fase di *Feasibility*, che ricordiamo essere la prima fase dell'algoritmo di RFD Discovery.

Il metodo più importante di questa classe è senz'altro il metodo statico **feasibilityTest**, esso darà inizio alla fase vera e propria di Feasibility. Questo metodo restituirà gli insiemi C fondamentali per l'inizio della prossima fase di *Minimality*.

Listing 4 Metodo FeasibilityTest

```
/**
 * Metodo che permette di calcolare l'insieme c
 * dell'orderedDM dato come parametro
 * @param orderedDM
 * @return hashMap contenente l'insieme c
 */
public static Object2ObjectOpenHashMap
    <String, ObjectArrayList<Tuple>>
    feasibilityTest(OrderedDM orderedDM,
                    DataFrame<Object> dmGenerale)
```

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **orderedDM** : istanza di una classe di utility che contiene informazioni sulla matrice delle distanze per un dato RHS;
- **dmGenerale**: matrice delle distanze creata in precedenza .

Questo metodo richiamerà, come visto nel capitolo precedente la dominanza tra due righe. La dominanza è definita attraverso un altro metodo implementato in questa classe. Il metodo è chiamato **dominance** e restituisce true se la prima tupla passata come parametro *domina* la seconda.

Listing 5 Metodo Dominance

```
/**
 * Metodo che permette di verificare se tupla1
 * domina tupla2, in questo caso ritorniamo true
 * @param tupla1
 * @param tupla2
 * @param dm
 * @return boolean
 */
private static boolean dominance(int tupla1,
                                int tupla2,
                                DataFrame<Object> dm,
                                int rhs)
```

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **tupla1** : una riga per il confronto;
- **tupla2** : seconda riga per il confronto;
- **dmGenerale**: matrice delle distanze creata in precedenza .
- **rhs** : indice di colonna che rappresenta l’RHS attualmente considerato;

MinimalityAndGenerationRFD.java: Questa classe contiene il metodo per l’inizio delle ultime due fasi finali. Durante l’esecuzione si cercano i minimi attraverso la fase di *Minimality* e, successivamente, vengono trovate le *RFD* durante la fase di *Generation*(Queste ultime due fasi non sono parte dello studio di questo lavoro di tesi). Il Metodo che si occupa di dare inizio a questi ultimi due step è **startMinimalityAndGeneration**.

Listing 6 Metodo MinimalityAndGenerationRFD

```
/**
 * Metodo che da inizio alla fase di minimality e RFD discovery
 */
public static ObjectArrayList<RFDMap> startMinimalityAndGeneration
    (ObjectArrayList<ObjectArrayList<String>> allC,
     int colonne,
     OrderedDM orderedDM,
     DataFrame<Object> dM)
```

Gli argomenti da passare al metodo sono i seguenti:

- **allC** : insiemi C trovati nella fase precedente di Feasibility;
- **colonne** : numero colonne del dataset;
- **orderedDM**: istanza di una classe di utility che contiene informazioni sulla matrice delle distanze per un dato RHS;
- **dM** : matrice delle distanze.

MainClass.java: Classe che dà il via al nostro algoritmo, si occupa di creare il container per i nostri attori (*ActorSystem*) e di mandare un messaggio all'*Attore principale* per l'avvio delle varie fasi dell'algoritmo. Di seguito vediamo uno snippet che mostra quanto appena descritto.

Listing 7 MainClass

```
df = DistanceMatrix.loadDF(args[0],
    args[3],
    args[4],
    true,
    Integer.parseInt(args[1]));

ActorSystem system = ActorSystem.create("SistemaAttoriRDF");

ActorRef act=system.actorOf(MainActor.
    props(df,Integer.parseInt(args[2])), "AttorePrincipale");

act.tell(new MainActor.ConcurrenceDistanceMatrix(), ActorRef.noSender());
```

OrderedDM.java: Classe di utility per mantenere in memoria informazioni sulla matrice delle distanze per i vari RHS.

Le variabili di istanza di tale classe sono le seguenti:

- **allC** : insiemi C trovati nella fase precedente di Feasibility;
- **rhs** : indice di colonna che rappresenta l'RHS attualmente considerato;
- **lhs** : lista degli indici colonna degli LHS.

4.2.3 Package Actors



Figura 4.3: Package Actors

Questo pacchetto contiene le classi che rappresentano gli *Actors*. Queste classi si occupano di richiamare i metodi presenti nel package RFD in modo concorrente. Verrà istanziato un attore presente in questo pacchetto per quanti thread vogliamo far lavorare in concorrenza per ogni fase dell'algoritmo. Le classi per questo pacchetto sono:

MainActor.java: Classe principale che coordina il numero di attori che devono essere istanziati. Questa classe dà il via ad ogni singola fase dell'algoritmo richiamando i metodi principali situati nelle classi del pacchetto precedentemente visto(RFD). Per ogni inizio di fase istanzia un numero di attori(thread) deciso come parametro da parte dell'utente(default:2).

Di seguito è riportato un esempio di lancio di messaggio da parte del *MainActor*, in particolare, in questo esempio viene lanciato un thread per la creazione di una parte di matrice delle distanze.

Listing 8 Esempio invio messaggio da MainActor

```
ActorRef actor=this.getContext().actorOf(ConcurrentDMActor.props());
actor.tell(new CreateConcurrentDM
           (inizioCorrente,dimension,this.df), this.getSelf());
```

ConcurrentDMActor.java: Questa classe, istanziata in numero pari ai thread desiderati in input, è la responsabile della creazione della matrice delle distanze. Essa riceve un messaggio da parte del *MainActor* e richiama il metodo **concurrencyCreateMatrix**. A lavoro ultimato invierà la sua parte di matrice delle distanze appena calcolata al MainActor. Il MainActor, infine, ricompone tutte le parti ricevute dai diversi thread ed elimina eventuali pattern ripetuti. Al termine otterremo la matrice delle distanze completa che verrà utilizzata nelle fasi successive.

Listing 9 Chiamata metodo concurrentCreateMatrix

```
/*
 * Chiama metodo per la creazione della DM parziale e
 * la invia al MainActor
 */
return receiveBuilder().match(CreateConcurrentDM.class, c->
{
    this.getSender().tell(new ReceivePartDM(DistanceMatrix
        .concurrentCreateMatrix(c.inizio,
                                c.dimensione,
                                c.completeDF)),
        this.getSelf());
}).build();
```

ConcurrentOrderedDMActor.java: Questa classe attende un messag-

gio da parte del *MainActor* per dare il via alla fase di creazione degli *OrderedDM* richiamando l'apposito metodo nella classe *DistanceMatrix*.

Listing 10 Chiamata metodo createOrderedDM

```
//crea DM ordinata e la spedisce al mittente
return receiveBuilder()
  .match(CreateOrderedDM.class, c->
  {
    this.getSender().tell(new ReceiveOrderedDM
      (DistanceMatrix.createOrderedDM(c.indiceRHS,
                                      c.dm)),
      this.getSelf());
  }).build();
```

ConcurrentFeasibilityActor.java: Analogamente alle classi precedenti di attori, essa viene istanziata in numero pari ai thread desiderati. Queste istanze attendono un messaggio per dare il via alla fase di *Feasibility* chiamando il metodo della classe *FeasibilityOrderedDM*.

Listing 11 Chiamata metodo feasibilityTest

```
//Gestione feasibility test e risposta al mittente
return receiveBuilder()
  .match(CreateFeasibiity.class, cf->
  {
    OrderedDM dm = cf.orderedDM;
    Object2ObjectOpenHashMap<String, ObjectArrayList<Tuple>> hMap =
      FeasibilityOrderedDM.feasibilityTest(dm, cf.dmGenerale);
    dm.setInsiemeC(hMap);
    this.getSender().tell(new MainActor.ReciveFeasibility(dm),
      this.getSelf());
  }).build();
```

ConcurrentLastStepsActor.java: Questa classe attende un messaggio da parte del *MainActor* per dare il via alle ultime due fasi di *Minimality*

e *Generation*. Le due fasi hanno inizio chiamando il metodo apposito nella classe *MinimalityAndGenerationRFD*.

Listing 12 Chiamata metodo startMinimalityAndGeneration

```
//Gestione last steps e risposta al mittente
return receiveBuilder()
    .match(CreateLastSteps.class, lsps->
    {
        this.getSender().tell(new MainActor
            .ReceiveLastSteps(MinimalityAndGenerationRFD
                .startMinimalityAndGeneration
                    (lsps.allC,lsps.colonne,lsps.orderedDM,lsps.dM),
                    lsps.orderedDM.getRhs()),this.getSelf()));
    }).build();
```

4.2.4 Package Utility

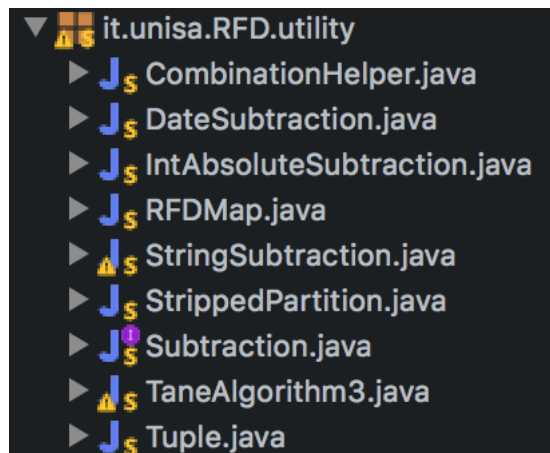


Figura 4.4: Package Utility

Questo pacchetto contiene le classi di utility utilizzate durante i 3 processi dell'algoritmo. Tale package comprende l'interfaccia per i vari tipi di differenza tra i campi e le relative implementazioni. In particolare, possiamo notare la presenza di 3 diversi tipi di differenze: *Interi*, *Date*, *String*. Particolare attenzione può essere posta sulla differenza tra stringhe. Quest'ultima è effettuata tramite l'algoritmo di *levenshtein*.

4.3 Requisiti

La versione di Java utilizzata è la 8 ed è stata utilizzata su di un architettura a x64. Il progetto è stato basato su un *maven project*, quindi, è necessaria l'installazione di maven. L'IDE utilizzato prevalentemente è *Eclipse*. Il progetto contiene le seguenti dipendenze:

- *FastUtil*
- *DataFrame Joinery*
- *AKKA-actor*
- *DataFrame Joinery*

Conclusioni

5.1 Test

Tutti i test sono stati eseguiti su una macchina con sistema operativo windows 10, un processore Intel Core i7 4750HQ a 2.0GHz e con 12Gb di RAM DDR3. Per ogni dataset utilizzato abbiamo testato il nostro algoritmo tramite la classe **MainClass.java** descritto nel capitolo di implementazione, ricavando così i tempi impiegati dal nostro algoritmo su ciascun dataset, provando ogni possibile colonna come RHS e le restanti colonne come LHS.

Per ogni dataset abbiamo testato tutte le combinazioni di attributi sull'RHS e sull'LHS ciascuna per 10 volte in modo da avere una stima più accurata dei tempi. Abbiamo diviso il tempo complessivo in più parti, il tempo impiegato per calcolare la matrice delle distanze, il tempo per il Feasibility ed il tempo per gli ultimi due step. Per un testing più approfondito sono stati effettuati dei test con l'utilizzo di un numero differente di thread. Dato l'hardware su cui sono stati testati i dataset è stato possibile effettuare test su un numero di thread che va da 1 a 7.

Mostreremo quelli che sono i test ritenuti rilevanti:

- Test in sequenziale;
- Test con un numero di thread pari a 2;
- Test con un numero di core fisici massimi(thread pari a 3);
- Test con thread massimi (pari a 7).

5.1.1 Dataset utilizzati

Oltre ad una serie di dataset creati appositamente per verificare la correttezza di alcune operazioni, abbiamo prelevato una serie di dataset dal sito dell'Information Systems Group dell'Hasso-Plattner-Institut [4]: un un gruppo di ricerca della suddetta Università tedesca che si occupa, tra le altre cose, di progettare algoritmi dedicati alla ricerca delle dipendenze funzionali. Su tale sito, oltre a poter consultare gli algoritmi sviluppati, è possibile accedere a tutti i dataset sui quali tali algoritmi sono stati testati corredati a varie informazioni (i.e. fonte, numeri di attributi, numero di righe, dipendenze funzionali trovate, dipendenze funzionali ordinate trovate ecc).

Nome	Attributi	Righe	Dimensione
dataset	4	7	118 B
Bridges	13	108	6 Kb
balance-scale	5	624	7 Kb
echocardiogram	13	131	6,1 Kb

Tabella 5.1: Dataset utilizzati

5.1.2 Risultati test sequenziale

In questa fase di testing mostreremo i risultati ottenuti lavorando in **sequenziale**. Nella seguente tabella sono mostrati i risultati ottenuti dai test sui dataset considerati.

Dataset	DM	Feasibility	Minimality e GenRFD	RFD trovate
dataset	0,0005s	0,016s	2,5s	82
Bridges	0,215s	0,860s	8000s	62912
balance-scale	1s	0,016s	0,172s	1
echocardiogram	0,300s	0,850s	10000s	236852

Tabella 5.2: RFD scoperte corredate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset

5.1.3 Risultati test con due thread

In questa fase di testing mostreremo i risultati ottenuti lavorando con **due thread**, sfruttando appieno così la potenza di due core fisici presenti sul nostro hardware. Nella seguente tabella sono mostrati i risultati ottenuti dai test sui dataset considerati.

Dataset	DM	Feasibility	Minimality e GenRFD	RFD trovate
dataset	0,0005s	0,002	2s	82
Bridges	0,190s	0,730s	7400s	62912
balance-scale	900s	0,016s	0,125s	1
echocardiogram	0,250s	0,600s	9800s	236852

Tabella 5.3: RFD scoperte corredate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con due thread

5.1.4 Risultati test con tre thread

Dopo aver visto gli effetti sul testing del multithreading tentiamo ora di sfruttare al meglio quelli che sono i core fisici del nostro processore allocandone

tre per l'algoritmo. Nella seguente tabella sono mostrati i risultati ottenuti dai test sui dataset considerati.

Dataset	DM	Feasibility	Minimality e GenRFD	RFD trovate
dataset	0,0005s	0,002	2s	82
Bridges	0,190s	0,730s	7200s	62912
balance-scale	900s	0,016s	0,110s	1
echocardiogram	0,250s	0,570s	9700s	236852

Tabella 5.4: RFD scoperte corredate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con tre thread

5.1.5 Risultati test con sette thread

Nell'ultima fase dei test effettuati andiamo a sfruttare al meglio la tecnologia in nostro possesso. A questo punto andremo ad utilizzare l'*hyperthreading*, cioè la virtualizzazione dei core fisici presenti sulla CPU. In questo caso utilizzeremo **sette thread**. Nella seguente tabella sono mostrati i risultati ottenuti dai test sui dataset considerati.

Dataset	DM	Feasibility	Minimality e GenRFD	RFD trovate
dataset	0,0005s	0,002s	2s	82
Bridges	0,190s	0,730s	6900s	62912
balance-scale	700s	0,016s	0,100s	1
echocardiogram	0,220s	0,510s	9200s	236852

Tabella 5.5: RFD scoperte corredate dai tempi impiegati dall'algoritmo per ogni dataset con sette thread

5.1.6 Considerazioni finali su testing

Da una prima osservazione possiamo notare come, rispetto a *dataset*, *Balance-scale* richieda molto più tempo per computare la matrice delle distanze. Questo è dovuto alla differenza sostanziale che esiste tra il numero di righe dei due dataset. Altra importante osservazione va effettuata sulla creazione degli **insiemiC** attuata durante il *Feasibility*. Notiamo, infatti, che i dataset

con una presenza maggiore di righe impieghino un tempo superiore rispetto a *balance-scale* o *dataset*. Possiamo inoltre dare una piccola occhiata ai tempi per le ultime due fasi. Da una prima osservazione notiamo come man mano che il numero di RFD aumenta, il tempo di esecuzione cresce sempre più velocemente. Ciò è dovuto alla natura non lineare dell'algoritmo, in particolare al notevole aumento del numero di iterazioni necessarie all'aumentare delle RFD scoperte. Ora facciamo una piccola analisi che riguarda la parte multi-threading del nostro algoritmo. Possiamo notare che per algoritmi di piccole dimensioni, il fatto di utilizzare più thread porta un beneficio quasi nullo, anzi, in alcuni casi porta a delle piccole inflessioni delle prestazioni. Questo comportamento bizzarro è dovuto alla sincronizzazione applicata da *AKKA* ai nostri thread. Siccome la mole di lavoro per ogni singolo thread è insignificante, allora il tempo maggiore viene impiegato per la gestione attraverso il container(*Actor System*). Il miglioramento invece lo si evince dai risultati ottenuti per dataset di dimensioni più grandi, come possiamo ben vedere con *echocardiogram*.

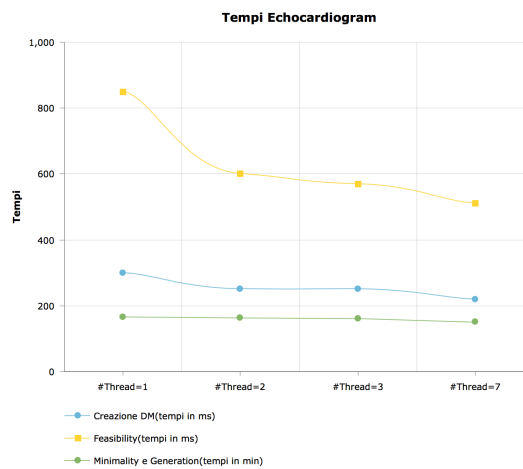


Figura 5.1: Tempi ricerca RFD per Echocardiogram

5.2 Riflessioni

Dopo aver completato la descrizione del progetto sviluppato è necessario fare qualche osservazione. L'idea iniziale era di apportare alcune migliorie ad un algoritmo sviluppato in un precedente progetto di intelligenza artificiale[2]. Dopo alcune attente riflessioni, si è deciso di riprogettare l'algoritmo in un ambiente differente che è quello di *JAVA*. Il sistema, seppur necessitante di diverse migliorie, è stato sviluppato in modo da essere facilmente manutenibile. I diversi moduli sono ben distinti all'interno del nostro codice, cosa che rende le tre fasi facilmente modificabili. Data la struttura dell'implementazione anche la parte riguardante il multithread è facilmente modificabile per future revisioni. Il progetto ha richiesto circa due mesi di sviluppo per essere completato. Si è svolto sotto la supervisione del prof. Vincenzo Deufemia e della dott.ssa Loredana Caruccio. Il lavoro si è svolto con i colleghi Ceruso Raffaele e Leo Giovanni. Ognuno di noi si è occupato di una fase differente però si è resa necessaria una collaborazione per integrare e mantenere le fasi sviluppate.

5.3 Lavori futuri

Basandoci sull'esperienza acquisita durante la progettazione ed implementazione di questo algoritmo, vengono proposte di seguito alcune idee per migliorare quello che è il lavoro fino ad ora svolto.

Miglioramento utilizzo memoria Durante la fase di testing, si è notato che l'utilizzo della memoria in questo algoritmo genera molti problemi su alcuni dataset di grandi dimensioni. Questo è dovuto alla ricerca delle migliori performance, per garantire questo servizio vengono mantenute alcune strutture dati in memoria principale che in alcuni casi ne saturano la capacità. Già durante la fase di lavoro si è cercato di sopperire a questa problematica implementando una seconda versione dell'algoritmo. Tale re-implementazione si è basata sull'utilizzo di un database per il mantenimento della matrice delle distanze, separando così la fase di creazione della DM con le altre tre principali. Questa soluzione però è ancora in fase sperimentale. Lavori futuri saranno quelli di migliorare la gestione di tali database, essendo questi di enormi dimensioni, bisogna garantire un sistema di query efficiente. In alternativa potrebbero essere ricercate altre soluzioni per l'ottimizzazione della memoria.

Distribuzione Tutto il progetto è stato sviluppato basandosi sul concetto di parallelizzazione. Tale progettazione e l'utilizzo della tecnologia *AKKA* rende l'algoritmo già pronto alla distribuzione. Questo tipo di miglioramento permetterebbe un incremento maggiore delle prestazioni su dataset di dimensioni notevoli.

Ringraziamenti

Desidero ringraziare il Professore Vincenzo Deufemia per la grande disponibilità mostrata, e per aver seguito man mano il lavoro di tesi, in particolare per i preziosi consigli sia riguardanti il progetto, sia la stesura del testo.

Un ringraziamento va alla Dott.ssa Loredana Caruccio per gli importanti chiarimenti dati, senza i quali il progetto avrebbe richiesto tempi molto più lunghi.

Un ringraziamento sincero va ai miei colleghi Raffaele Ceruso e Giovanni Leo, con i quali ho condiviso, oltre ai due mesi di sviluppo, tre anni fantastici. Li ringrazio oltre che per l'amicizia sincera ed il sostegno mostrato in questo periodo di studio, soprattutto per gli insegnamenti ricevuti lavorando gomito a gomito.

Più di un pensiero va al mio più grande amico Gabriele Cembalo per aver portato un sorriso anche quando il più ottimista non avrebbe accennato un ghigno.

Sono e sarò grato ai miei genitori per avermi permesso di frequentare l'università, facendo sacrifici anche oltre le proprie possibilità e confortandomi nei

momenti più angoscianti. Alle mie sorelle Anna e Gorizia per avermi sostenuto e creduto sempre in me.

Desidero ringraziare sentitamente la mia ragazza Alda per essersi impegnata a sostenermi nei momenti più difficili. Se ho raggiunto quest'obiettivo è anche merito suo, grazie alla sua presenza quando contava.

Un ringraziamento a tutti perché questo risultato è un po parte di tutti voi.

Bibliografia

- [1] P. Atzeni, S. Ceri, P. Fraternali, S. Paraboschi, and R. Torlone, *Basi di dati. Modelli e linguaggi di interrogazione*. McGraw Hill, 2013.
- [2] A. Altamura, D. Di Pasquale, and M. Tomeo, “Relaxed functional dependencies discovery,” *Unisa*, 2017.
- [3] L. Caruccio, V. Deufemia, and G. Polese, “On the discovery of relaxed functional dependencies,” 2017.
- [4] I. S. Group, “Hasso-plattner-institut: Information-systeme.”