Uniwersytet Warszawski
Wydział Matematyki, Informatyki i Mechaniki

Krzysztof Rutkowski
Nr albumu: 319379

Wybrane metody dyskretyzacji i generowania nowych cech z zastosowaniem paradygmatu MapReduce

Praca magisterska
na kierunku MATEMATYKA

Praca wykonana pod kierunkiem
prof.dr.hab Andrzej Skowron
Zakład Logiki Matematycznej

Czerwiec 2016

Oświadczenie kierującego pracą

Potwierdzam, że niniejsza praca została przygotowana pod moim kierunkiem i kwalifikuje się do przedstawienia jej w postępowaniu o nadanie tytułu zawodowego.

Data Podpis kierującego pracą

Oświadczenie autora (autorów) pracy

Świadom odpowiedzialności prawnej oświadczam, że niniejsza praca dyplomowa została napisana przeze mnie samodzielnie i nie zawiera treści uzyskanych w sposób niezgodny z obowiązującymi przepisami.

Oświadczam również, że przedstawiona praca nie była wcześniej przedmiotem procedur związanych z uzyskaniem tytułu zawodowego w wyższej uczelni.

Oświadczam ponadto, że niniejsza wersja pracy jest identyczna z załączoną wersją elektroniczną.

Data Podpis autora (autorów) pracy

Streszczenie

Praca przedstawia przegląd metod dyskretyzacji oraz generowania nowych cech i indukcji drzew decyzyjnych przez hiperpłaszczyzny. Zaimplementowane algorytmy zbadano pod kątem skuteczności oraz skalowalności. Do obliczeń równoległych wykorzystano paradygmat obliczeniowy MapReduce. Rozdziały 1 oraz 2 zostały spisane wspólnie z Pawłem Olszewskim.

Słowa kluczowe

discretization, feature extraction, decision system, mapreduce

Dziedzina pracy (kody wg programu Socrates-Erasmus)

11.0 Matematyka i Informatyka
11.4 Sztuczna inteligencja

Klasyfikacja tematyczna

68T Artificial Intelligence, 68T05 Learning and adaptive systems

Tytuł pracy w języku angielskim

Selected discretization and feature extraction methods with application of MapReduce paradigm

Spis treści

Rozdział 1

Podstawowe informacje

Definicje w tym rozdziale zostały zaczerpnięte z [1] oraz [2].

Definicja 1.1. Systemem decyzyjnym ($ang.\ Decision\ System$) nazwiemy następującą trójkę $\mathbb{S} = (U, A, d)$, gdzie

- U jest skończonym zbiorem, którego elementami są obiekty:

$$U = \{u_1, \ldots, u_n\},$$

- A jest skończonym zbiorem atrybutów warunkowych (cech) takim, że jeśli $a \in A$ to

$$a : U \to V^a,$$

  gdzie przez V^a oznaczamy zbiór wartości atrybutów,

- zaś d nazywamy atrybutem decyzyjnym

$$d : U \to \{d_1, \ldots d_k\},$$

  gdzie zbiór $\{d_1, \ldots d_k\}$, jest to zbiór wszystkich możliwych decyzji.

Jedną z możliwości reprezentacji systemu decyzyjnego 1 jest dwuwymiarowa tabela. W poszczególnych wierszach tabeli znajdują się obiekty $\{u_1, \ldots, u_n\}$, natomiast w kolumnach znajdują się wartości atrybutów $\{a_1, \ldots, a_k\}$. Dokładniej mówiąc w polu i, odpowiadającemu i-temu wierszowi i j-tej kolumnie znajduje się wartość j-tego atrybutu (a_j) dla obiektu u_i. W ostatniej kolumnie umieszczony jest atrybut decyzyjny d_i dla obiektu u_i.

U	a_1	$\ldots$	a_n	d
u_1	a_{11}	$\ldots$	a_{1n}	d_1
u_2	a_{21}	$\ldots$	a_{2n}	d_2
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$
u_n	a_{n1}	$\ldots$	a_{nn}	d_n

1 : System decyzyjny

Obiektami tablicy decyzyjnej mogą być np. szeregi czasowe, ludzie, papiery wartościowe. Dla przykładu rozważmy tablicę decyzyjną, której obiektami są ludzie. Rozważmy pacjentów, którzy zostali przebadani pod kątem białaczki. Każdemu pacjentowi zbadano kilkanaście genów. Wynikiem tego padania jest kilkanaście liczb rzeczywistych opisujących poszczególne geny. Wartość decyzji oznacza diagnozę pacjenta.

$Pacjent$	gen 1	gen 2	gen 3	Chory
$pacjent_1$	0.02	0.12	1.2	Tak
$pacjent_2$	-0.45	4.56	2.3	Nie
$pacjent_3$	1.32	2.3	0.01	Tak
$pacjent_4$	1.23	1.2	2.12	Nie

W powyższej sytuacji obiekt (pacjent) tablicy decyzyjnej zawiera ciąg liczb (każda traktowana jako jeden atrybut), które zostały uzyskane podczas przeprowadzonego badnia. Ostatnim elementem wiersza jest atrybut decyzyjny(decyzja), stwierdzająca czy pacjent jest chory.
Często zdarza się tak, że w tabeli występują wartości rzeczywiste, np. w powyższych danych medycznych, gdzie wyniki badań mają wartości z pewnego przedziału bądź gdy mamy podane pewne ciągłe wielkości fizyczne, np. temperaturę. Z różnych względów (np wymagają tego niektóre klasyfikatory) chcieliśmy mieć tabelę z wartościami nominalnymi. I tak, np. poniższą tabelę:

U	Temparatura	Wilgotność	Zachmurzenie	Gra
u_1	0	30	słabe	Nie
u_2	10	90	umiarkowane	Nie
u_3	20	30	słabe	Tak
u_4	15	30	deszcz	Nie

moglibyśmy zastąpić tabelą:

U	Temparatura	Wilgotność	Zachmurzenie	Gra
u_1	niska	mała	słabe	Nie
u_2	średnia	duża	umiarkowane	Nie
u_3	wysoka	mała	słabe	Tak
u_4	średnia	mała	deszcz	Nie

Wprowadzę teraz wstępne pojęcia dotyczące dyskretyzacji atrybutów rzeczywistych.

Definicja 1.2 (Niesprzeczna tabela decyzyjna)**.** Tabela $\mathbb{S} = (U, A, d)$ jest niesprzeczna, jeśli dla dowolnych dwóch obiektów u_1 i u_2:

$$(a_1(u_1), a_2(u_1), ..., a_k(u_1)) = (a_1(u_2), a_2(u_2), ..., a_k(u_2)) \Rightarrow d(u_1) = d(u_2),$$

tzn. jeśli mamy te same wartości na atrybutach wartości atrybutów decyzyjnych również powinny być takie same.

Definicja 1.3 (Podział atrubutu)**.** Dla tabeli $\mathbb{S} = (U, A, d)$ i zbioru cięć dla atrubutu a:

$$c_0^a < c_1^a < ... < c_{k_a}^a < c_{k_a+1}^a,$$

definiujemy podział (dyskretyzacje) atrubutu a jako:

$$P_a = [c_0^a, c_1^a], ..., [c_{k_a}^a, c_{k_a+1}^a].$$

Zaś podział całego uniwersum jako:

$$P = \cup_{a \in A} P_a.$$

Definicja 1.4 (Zdyskretyzowana tabela decyzyjna)**.** Zdyskretyzowaną tabelą decyzyjną $\mathbb{S} = (U, A', d)$ otrzymaną z tabeli $\mathbb{S} = (U, A, d)$ przez podział P jest tabela, dla której jeśli $a' \in A'$ to

$$a'(u_k) = l,$$

gdzie

$$c_l^a \leqslant a(u_k) < c_{l+1}^a,$$

oraz

$$P_a = [c_0^a, c_1^a], ..., [c_{k_a}^a, c_{k_a+1}^a].$$

Atrybut a' jest nowym atrybutem otrzymanym poprzez dyskretyzację atrubutu a.

Definicja 1.5 (Niesprzeczny zbiór cięć)**.** Zbiór cięć P jest niesprzeczny gdy otrzymana z niego tabela decyzyjna $\mathbb{S} = (U, A', d)$ z tabeli $\mathbb{S} = (U, A, d)$ jest niesprzeczna.

Uwaga 1.6. Szukanie niesprzecznego zbioru cięć o najmniejszej mocy jest problemem NP-trudnym. Dowód poprzez sprowadzenie do problemu **SET COVER** znajdziemy w [2].

Rozdział 2

Skalowalność

Większość algorytmów została zaimplementowana w sposób skalowalny za pomocą frameworku dla obliczeń równoległych **Apache Spark** ([11]) bazującego na paradygmacie MapReduce ([9]). Na wstępie przytoczę kilka pojęć przydatnych w dalszej części omawiania Sparka.

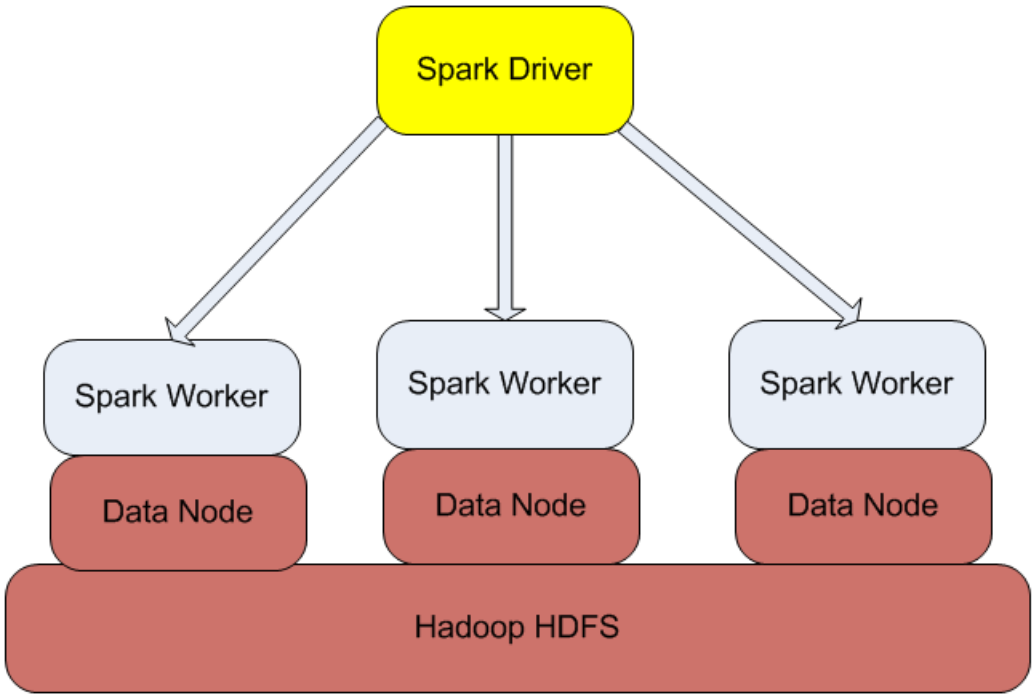
2.1. Pojęcia wstępne

- **Programowanie funkcyjne** Filozofia i metodyka programowania będąca odmianą programowania deklaratywnego, w której funkcje należą do wartości podstawowych, a nacisk kładzie się na wartościowanie (często rekurencyjnych) funkcji, a nie na wykonywanie poleceń. W czystym programowaniu funkcyjnym, raz zdefiniowana funkcja zwraca zawsze tę samą wartość dla danych wartości argumentów, tak jak funkcje matematyczne. W czystych językach funkcyjnych nie występują zmienne ani efekty uboczne, a wartościowanie jest leniwe, tj wykonywanie obliczenia następuje tylko w momencie, gdy jest to potrzebne.
- **Klaster, skupisko** Grupa połączonych jednostek komputerowych, które współpracują ze sobą w celu udostępnienia zintegrowanego środowiska pracy. Komputery wchodzące w skład klastra (będące członkami klastra) nazywamy węzłami (ang. node).
- **HDFS** Hadoop Distributed File System, rozproszony, skalowalny, spójny system plików używany przez framework Apache Spark.
- **RDD** Resilent Distributed Dataset, podstawowa struktura danych w Sparku. RDD jest kolekcją elementów dystrybuowaną pomiędzy węzły klastra, na których operacje mogą być wykonywane równolegle. Po zakończenie operacji na RDD można je dalej przechowywać w pamięci RAM, co umożliwia szybsze dostęp do następnych obliczeń.

2.2. Paradygmat MapReduce

Paradygmat MapReduce został wprowadzony przez firmę **Google** i służy do równoległego przetwarzania dużych danych przy użyciu klastra. Rozproszenie obliczeń pomaga w istotny sposób zmniejszyć czas wykonywanych zadań. Apache Spark jest niejako rozszerzeniem wprowadzonego paradygmatu. Jak każdy framework do obliczeń na klastrze posiada pod sobą rozproszony system plików (HDFS), a także oprogramowanie (dla workerów i mastera), które odpowiada za zarządzanie awariami, przydzielanie zadań i organizację.

Rysunek 2.1: architektura Sparka



Spark jest dedykowany dla języka funkcyjnego - Scali, algorytmy zostały jednak napisane w pythonie, który mimo, iż językiem funkcyjnym nie jest, posiada jednak cechy języków funkcyjnych.

Typowy potok obliczeń w Sparku polega na:

- stworzeniu RDD bazującego na kolekcji utrzymywanej w programie,
- wykonaniu transformacji na RDD,
- wykonaniu akcji.

Funkcje w Sparku dzielą się na transformacje i akcje:

- **transformacja** jest funkcją działającą na RDD i zwracającą RDD,
- **akcja** jest funkcją działającą na RDD i zwracającą kolekcję do programu po zakończeniu obliczeń.

Zarówno akcje, jak i transformacje wykonywane są leniwie. Przykłady transformacji:

- **map(f)** - zwraca nowy RDD aplikując funkcję f do każdego elementu RDD,
- **filter(f)** - zwraca nowy RDD składający się tylko z tych elementów, dla których funkcja f zwróci True,
- **reduceByKey(f)** - dla RDD postaci (klucz, wartość), grupuje według kluczy i zwraca RDD z agregacją wartości za pomocą funkcji f dla zgrupowanych kluczy.

Przykłady akcji:

- **reduce(f)** - zwraca kolekcję będą agregacją RDD za pomocą funkcji f, która przyjmuje dwa argumenty i zwraca jeden,

- **collect()** - zwraca kolekcję elementów do programu.

W powyższych przykładach zamiast funkcji f można użyć wyrażeń lambda (funkcji anonimowych).

Przykład, zliczanie słów w języku python:

```
#ustawiamy kontekst i konfiguracje
conf = SparkConf().
       setMaster("spark://localhost:7077").
       setAppName("entropy")
sc = SparkContext(conf=conf)
words = ["ala", "ma", "ala", "kota", "ma"]
#tworzenie rdd na podstawie listy
words_rdd = sc.paralellize(words)
words_counts =  words_rdd.
                map(lambda x: (x, 1)).
                reduceByKey(lambda x, y: x+y)
```

W powyższym, jak i w następnych listingach algorytmów w języku python, sc zawsze będzie obiektem klasy **SparkContext**, który inicjuje RDD na podstawie konfiguracji klastrowego środowiska dla Sparka. Konfigurację tworzymy na podstawie obiektu klasy **SparkConf**, bądź ustawiamy parametry klastra, takie jak:

- liczba komputerów,
- liczba procesorów,
- pamięć RAM na jednostkę obliczeniową,
- nazwa aplikacji,

w odpowiednim pliku konfiguracyjnym.

Obliczenia wykonywane w Sparku są nie tylko skalowalne, ale również szybkie ze względu na:

- leniwość wykonywanych operacji, obliczenia wykonywane są tylko wtedy gdy są potrzebne (ważna cecha języków funkcyjnych),
- możliwość przechowywania rozproszonych struktur danych (RDD) w pamięci RAM, co powoduje szybszy dostęp do danych podczas ponownego przetwarzania (np w Hadoop MapReduce musieliśmy dane wczytywać z HDFS).

Na rysunku 2.2 widzimy porównanie szybkości działania Hadoop MapReduce i Sparka. Widzimy jak bardzo idea RDD, która nie występuje w Hadoop MapReduce zwiększa szybkość działania.

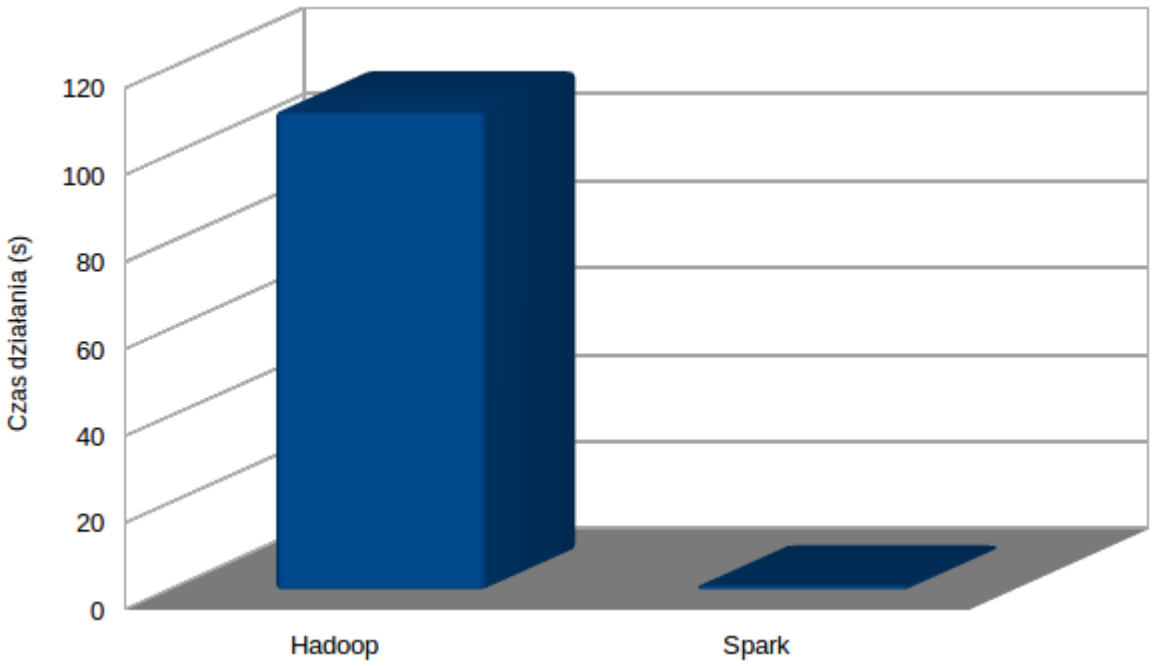
2.3. Metryki

Do oceniania jakości skalowalnych algorytmów wykorzystywanych jest kilka metryk pozwalających ocenić czy dany algorytm skaluje się w odpowiedni sposób. W tej sekcji zaprezentowane zostały przykłady metryk pozwalających ocenić skalowalność algorytmów.

Speed_up

Jedną z metryk mierzącą ile razy obliczenia na jednej maszynie trwają dłużej od obliczeń wykonywanych na n maszynach jest metryka zdefiniowana następująco:

Rysunek 2.2: porównanie szybkości działania Hadoop MapReduce i Spark na przykładzie regresji logistycznej



$$speed\_up(n) = \frac{t_1}{t_n},$$

gdzie t_j jest czasem obliczeń wykonywanych na j maszynach.

Scale_up

Ta metryka z kolei opisuje jak zmienia się czas obliczeń podczas gdy liczba komputerów oraz wielkość zbioru danych rosną taką samą liczbę razy.

$$scale\_up(n) = \frac{t_{D_n}}{t_{D_1}},$$

gdzie:

- t_{D_1} – czas obliczeń dla ustalonego zbioru danych na jednym komputerze,
- t_{D_n} – czas obliczeń dla n –razy większego zbioru danych na n komputerach.

Rozdział 3

Biblioteka mllib-extensions

Algorytmy użyte w dalsze części pracy zostały zaimplementowane w bibliotece **mllib-extensions**, umieszczonej w repozytorium, które znajduje się pod adresem: `https://github.com/cpawols/mllib-extension`. Biblioteka została napisana w języku python, jest skalowalna, wszystkie obliczenia mogą być wykonywane na wielu maszynach, bądź w zwyczajnym trybie, na jednym procesorze, zostały zaimplementowane następujące moduły:

- **discretization**: moduł do wykonywania dyskretyzacji,
- **feature-extraction**: moduł do generowania nowych cech,
- **decision-tree**: moduł do indukcji drzew decyzyjnych,
- **reduct-feature-selection**: moduł do selekcji atrybutów (autor: Paweł Olszewski).

Rozdział 4

Skalowalne algorytmy dyskretyzacji

W tym rozdziale omówię zaimplementowane algorytmy dyskretyzacji, jak i przedstawię wyniki eksperymentów i obliczeń. Algorytmy dyskretyzacji dzielimy na:

- **globalne** - poszukiwane są cięcia na podstawie całej tabeli, tj na podstawie zagregowanej informacji ze wszystkich pól tabeli
- **lokalne** - poszukiwane są cięcia na podstawie każdego atrubutu niezależnie, wykorzystując jedynie informacje w kolumnach

Będziemy tu analizować algorytmy lokalne, gdyż w naturalny sposób łatwo je zrównoleglić, zgodnie ze schematem:

```
# tworzymy RDD na podstawie listy kolumn i
# dzielimy na numer_of_columns kawalkow
columns_rdd = sc.paralellize(table, numer_of_columns)
# wykonujemy algorytm dyskretyzacyjny rownolegle dla kazdej
   kolumny
discretized_columns = columns_rdd.
                      mapPartitions(discretizeColumn).
                      collect()
```

W algorytmie tym **discretizeColumn** przyjmuje kolumnę liczb rzeczywistych tabeli decyzyjnej i zwraca jej dyskretyzację. Algorytm równolegle oblicza dyskretyzację dla każdej z kolumn. Metody globalne szukają zbioru cięć dla całej tabeli, przez co trudniej je zrównoleglić. Niżej przedstawię 3 lokalne algorytmy dyskretyzacji.

4.1. Sprawdzanie spójności tabeli

W przypadku sensownej dyskretyzacji należy sprawdzić czy tabela jest spójna. W Sparku możemy to w prosty sposób zrobić za pomocą poniższego algorytmu:

```
# funkcja agregujaca, zwraca tuple skladajaca sie z roznych
   decyzji
# dla danej kombinacji atrybutow
def get_unique_dec(x, y):
  return tuple(set(x + y))
# rows_rdd = (row, (dec,))
rows_rdd = sc.paralellize(table, numer_of_rows)
one_dec = rows_rdd.
          reduceByKey(get_unique_dec).
```

```
            map(lambda k, v: len(v) == 1).
            collect()
# tabela jest spojna jesli dla kazdej kombinacji atrybutow
# mamy jedna decyzje
is_consistent = all(one_dec)
```

W tym algorytmie wykorzystujemy wcześniej omówioną metodę **reduceByKey** 2.2. Funkcją redukującą jest tu scalenie złączonych krotek $(a_1(u), ..., a_n(u), d)$ atrybutów i decyzji. Jeśli któraś z otrzymanych list jest większa niż jeden, znaczy to, że dla takiej samej krotki wartości na atrybutach $(a_1(u), ..., a_n(u))$ mieliśmy różną wartość decyzji d, więc tabela jest niespójna.

4.2. Opis algorytmów

Wszystkie z poniższych algorytmów są zrównoleglane ze względu na kolumnę, tak jak było to napisane we wstępie. Różnią się one wyborem metody **discretizeColumn**.

4.2.1. Sortowanie

Wszystkie niżej wymienione algorytmy operują na posortowanych kolumnach. By posortować całą tabelę najpierw sprowadzam ją do postaci EAV, tj listy trójek (Obiekt, Atrybut, Wartość), a następnie sortuję tę listę najpierw względem wartości, potem obiektów, a następnie atrybutów, otrzymując listę posortowanych wartości zgrupowanych względem atrybutów. W Sparku wykonujemy sortowanie równoległe, za pomocą poniższego algorytmu, będącego uogólnieniem mergesort:

- dzielę listę na **numChunks** kawałków
- sortuję każdy kawałek niezależnie
- scalam posortowane kawałki

Kod algorytmu w języku python:

```
# funkcja porownujaca
# wzgledem atrybutu, potem  wartosci, a nastepnie nazwy
   obiektu
def compare(iterator):
  yield sorted(iterator, key=lambda x: (x[1], x[2], x[0]))

def merge_sort():
  numChunks = 10
  eav_rdd_part = Configuration.sc.
                 parallelize(eav, numChunks)
  self.eav =  eav_rdd_part.
              mapPartitions(compare).
              reduce(lambda x, y:
              sorted(x+y, key=lambda x: (x[1], x[2], x[0])))
```

Dla podziału na k kawałków algorytm ma złożoność czasową $O(\underbrace{\frac{n}{k} \cdot log(\frac{n}{k})}_{\text{dzielenie}} + \underbrace{\frac{n}{k} \cdot k)}_{\text{scalanie}}$, czyli $O(\frac{n}{k} \cdot log(\frac{n}{k}) + n)$ ma więc gdy $k \sim O(n)$ otrzymujemy algorytm liniowy.

4.2.2. Algorytm bazowy

Jest to prosty algorytm polegający na wykonywania cięć w równych odstępach, co m obiektów, gdzie m jest parametrem. Jego zaletą jest prostota, jednak w tym przypadku nie bierzemy pod uwagę tego jak tworzone podziały odnoszą się do decyzji. Kod algorytmu:

```
def discretizeColumn(column, m):
  for ind, row in enumerate(column):
    yield (row[0], row[1], ind / m)
```

Przykład 4.1 (Przykładowa dyskretyzacja)**.** *Dla tabeli:*

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*30*	*słabe*	*Nie*
u_2	*10*	*90*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*20*	*30*	*słabe*	*Tak*
u_4	*15*	*50*	*deszcz*	*Nie*
u_5	*15*	*30*	*deszcz*	*Nie*
u_6	*30*	*70*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*15*	*30*	*deszcz*	*Nie*

Oraz $m = 3$, mamy następującą dyskretyzację (dla kolumn Temperatura i Wilgotność):

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*0*	*słabe*	*Nie*
u_2	*0*	*2*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*1*	*0*	*słabe*	*Tak*
u_4	*0*	*1*	*deszcz*	*Nie*
u_5	*1*	*0*	*deszcz*	*Nie*
u_6	*2*	*1*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*1*	*1*	*deszcz*	*Nie*

4.2.3. OneR Discretizer

W tym algorytmie wykonujemy cięcie w momencie, gdy częstość występowania jednej z decyzji jest większa niż innych, przy czym dany przedział musi zawierać więcej niżej m elementów, gdzie m jest ustalonym parametrem. Algorytm:

```
def discretize_column(column, m):
        new_dec = 0
        block_elements = 0
        dec_histogram_block = Counter()
        for elem in column:

            if block_elements > m and
               most_common(dec_histogram_block) >
                  block_elements / 2:
                block_elements = 0
                new_dec += 1
                dec_histogram_block = Counter()
            dec_histogram_block[decision(elem)] += 1
            block_elements += 1

            yield (elem[0], elem[1], new_dec)
```

Przykład 4.2 (Przykładowa dyskretyzacja)**.** *Dla tabeli:*

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*30*	*słabe*	*Nie*
u_2	*10*	*90*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*20*	*30*	*słabe*	*Tak*
u_4	*15*	*50*	*deszcz*	*Nie*
u_5	*15*	*30*	*deszcz*	*Tak*
u_6	*30*	*70*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*15*	*30*	*deszcz*	*Nie*

Oraz m = 4, mamy następującą dyskretyzację (dla kolumn Temperatura i Wilgotność):

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*0*	*słabe*	*Nie*
u_2	*0*	*1*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*1*	*0*	*słabe*	*Tak*
u_4	*0*	*0*	*deszcz*	*Nie*
u_5	*0*	*0*	*deszcz*	*Tak*
u_6	*1*	*1*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*1*	*0*	*deszcz*	*Nie*

4.2.4. Dyskretyzacja za pomocą entropii

Metoda została zaczerpnięta z [2]. Entropię dla zbioru obiektów U definiujemy jako:

$$Ent(U) = -\sum_{d \in dec(U)} p_d \cdot log(p_d),$$

Gdzie $dec(U)$ to zbiór decyzji obiektów ze zbioru U, oraz p_d jest empirycznym prawdopodobieństwem decyzji d, liczonym z wzoru:

$$p_d = \frac{|\{u \in U : dec(u) = d\}|}{|U|}.$$

Entropia jest miarą informacji jaką mamy o danym zbiorze obiektów. Jest ona zerowa, gdy w danym zbiorze obiektów mamy jedną decyzję, a więc mamy pełną informację, zaś największa gdy częstość wszystkich decyzji jest taka sama. Entropię dla danego cięcia c na danym atrybucie a możemy zdefiniować jako:

$$E(a, c, U) = \frac{U_1}{n} Ent(U_1) + \frac{U_2}{n} Ent(U_2),$$

gdzie n jest liczbą obiektów w U oraz U_1 i U_2 powstają z U na podstawie cięcia c, w taki sposób, że do U_1 należą obiekty o wartościach mniejszych od c na atrybucie a zaś $U_2 = U \setminus U_1$. Dla danego cięcia możemy więc zdefniować miarę przyrostu informacji:

$$Gain(a, c, U) = Ent(U) - E(a, c, U).$$

Wybieramy takie cięcie, które maksymalizuje zysk informacji. Podział obiektów wykonujemy rekurencyjnie, dopóki nie spełniony zostanie pewien warunek stopu, tj gdy zysk informacji, który osiągamy dla danego optymalnego cięcia jest mniejszy niż zadana wartość progowa.

Szukanie optymalnego cięcia - algorytm liniowy

Możemy łatwo znaleźć optymalne cięcie dla danego zbioru obiektów w czasie $O(n^2)$ (gdzie n jest liczbą obiektów) za pomocą algorytmu (gdzie Ent(U) jest funkcją obliczającą entropię obiektów ze zbioru U):

```
min_cut = 1
# mozliwe ciecia - pomiedzy obiektami od 1 do n
possible_cuts = range(1, n)
# ustawiamy wartosc minimalnego ciecia na nieskonczonosc
min_cut_value = INFINITY
for cut in possible_cuts:
  # Ent(U_k) liczymy w czasie liniowym ze wzgledu na
     d u g o    U_k
  cut_value = (cut / n) * Ent(U[cut:]) +
              ((n - cut) / n) * Ent(U[:cut])
  if cut_value < min_cut_value:
    min_cut_value = cut_value
    min_cut = cut
```

Możemy jednak nie obliczać za każdym razem entropii, lecz aktualizować jej wartość na podstawie wcześniejszych wyników w czasie stałym. Prowadzi to do algorytmu liniowego ze względu na liczbę obiektów. Algorytm opiera się na obserwacji (zakładamy, że dla obiektów $u_1, ..., u_{k-1}$ mamy już obliczone częstości poszczególnych decyzji (słownik **decHist** w którym trzymamy histogram decyzji, za pomocą którego w czasie stałym liczymy p_d), $Ent(U_k)$ oznacza entropię obiektów $u_1, ..., u_k$):

1. $Ent(U_k) = Ent(U_{k-1}) + log(p_{dec(u_k)}) \cdot p_{dec(u_k)}$
2. decHist[dec(u_k)] += 1
3. $Ent(U_k) = Ent(U_{k-1}) - log(p_{dec(u_k)}) \cdot p_{dec(u_k)}$

Analogicznie trzymamy histogram dla pozostałych obiektów $u_k, ..., u_n$ aktualizując entropię drugiej połowy. Otrzymujemy więc następujący algorytm liniowy:

```
def find_cut(U):
  # decHist1 -> histogram dla 1 polowy
  # decHist2 -> histogram dla 2 polowy
  # p1 -> prawdopodobie stwo liczone na podstawie decHist1
  # p2 -> prawdopodobie stwo liczone na podstawie decHist2
  def updateEnt(U, k):
    Ent[U[k:]] = Ent([[k-1:]] -
                 (-log(p1[dec(u_k)])*p1[dec(u_k)])
    Ent[U[:k]] = Ent[U[:k+1]] -
                 (-log(p2[dec(u_k)])*p2[dec(u_k)])
    decHist1[dec(U[k])] += 1
    decHist2[dec(U[k])] -= 1
    Ent[U[k:]] = Ent[U[k-1:]] -
                 (-log(p1[dec(u_k)])*p1[dec(u_k)])
    Ent[U[:k]] = Ent[U[:k+1]] -
                 (-log(p2[dec(u_k)])*p2[dec(u_k)])
    return Ent[U[k:]], Ent[U[:k]]
```

```
  min_cut = 1
  # mozliwe ciecia - pomiedzy obiektami od 1 do n
  possible_cuts = range(1, n)
  # ustawiamy wartosc minimalnego ciecia na nieskonczonosc
  min_cut_value = INFINITY
  Ent[0] = 0
  for cut in possible_cuts:
    # Ent(U_k) liczymy w czasie stalym gdy mamy juz
       wczesniej obliczone Ent(U_k-1)
    Ent1, Ent2 = updateEnt(U, cut)
    cut_value = (cut / n) * Ent1 + ((n - cut) / n) * Ent2
    if cut_value < min_cut_value:
      min_cut_value = cut_value
      min_cut = cut
  # jesli nie jest spelnione kryterium stopu zwracamy
     minimalne ciecie
  # oraz ciecia dla odpowiednich podzbiorow obiektow
  if not stop_criterion_satisfied(U, min_cut_value):
    yield min_cut

    for cut in find_cut(U[k:]):
      yield cut
    for cut in find_cut(U[:k]):
      yield cut
```

Koncowy Algorytm:

```
# zwracamy tabele z odpowiednimi wartosciami disc_value
def discretizeColumn(column):
  disc_value = 0
  cuts_set = sorted(find_cut_lin(column))
  cur_cut = cuts_set[0]

  for i, elem in enumerate(column):
    if cur_cut == i:
      disc_value += 1
    if len(cuts_set) > disc_value:
      cur_cut = cuts_set[disc_value]

    yield (elem[0], elem[1], disc_value)
```

Przykład 4.3 (Przykładowa dyskretyzacja). *Dla tabeli:*

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*30*	*słabe*	*Tak*
u_2	*10*	*90*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*20*	*30*	*słabe*	*Nie*
u_4	*15*	*50*	*deszcz*	*Tak*
u_5	*15*	*30*	*deszcz*	*Nie*
u_6	*30*	*70*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*15*	*30*	*deszcz*	*Nie*

mamy następującą dyskretyzację (dla kolumn Temperatura i Wilgotność):

U	*Temperatura*	*Wilgotność*	*Zachmurzenie*	*Gra*
u_1	*0*	*0*	*słabe*	*Tak*
u_2	*0*	*2*	*umiarkowane*	*Nie*
u_3	*1*	*1*	*słabe*	*Nie*
u_4	*0*	*2*	*deszcz*	*Tak*
u_5	*1*	*1*	*deszcz*	*Nie*
u_6	*1*	*2*	*deszcz*	*Nie*
u_7	*1*	*1*	*deszcz*	*Nie*

4.3. Wyniki eksperymentów

W przeprowadzonych eksperymentach wykorzystałem komputery z laboratorium MIMUW. Obliczenia wykonywałem na maksymalnie 48 komputerach o następujących parametrach:

- **pamięć RAM**: 32 komputery 4 GB RAM, 16 komputerów 8 GB RAM,
- **liczba jednostek CPU**: 8,
- **taktowanie pojedyńczego CPU**: 16 komputerów 3.1 GHz, 16 komputerów 3.4 GHz, 16 komputerów 2.8 GHz.

Do eksperymentów wykorzystałem zbiór danych WAVEFORM z UCI Machine Learning Repository zawierający informacje na temat parametrów fal dźwiękowych oraz zbiór danych digits z pythonowej biblioteki sklearn ([12]) zawierający opisy obrazków z narysowanymi odręcznie cyframi. Pierwszy zbiór zawiera 5000 obiektów i 40 atrybutów oraz 3 wartości decyzyjne - rodzaj fali. Drugi zawierał 1797 obiektów, 64 atrybuty (numer piksela na obrazku 8x8) oraz 10 wartości decyzyjnych - cyfrę. Przeanalizowałem wyniki predykcji dla zbioru danych WAVEFORM w zależności od parametrów:

- dla metody simple jest to liczba obiektów dla pojedyńczego cięcia,
- dla metody OneR jest to minimalna liczba obiektów dla pojedyńczego cięcia.

Predykcja została wykonana za pomocą drzewa decyzyjnego z biblioteki sklearn za pomocą 10-krotnej kroswalidacji metodą accuracy.

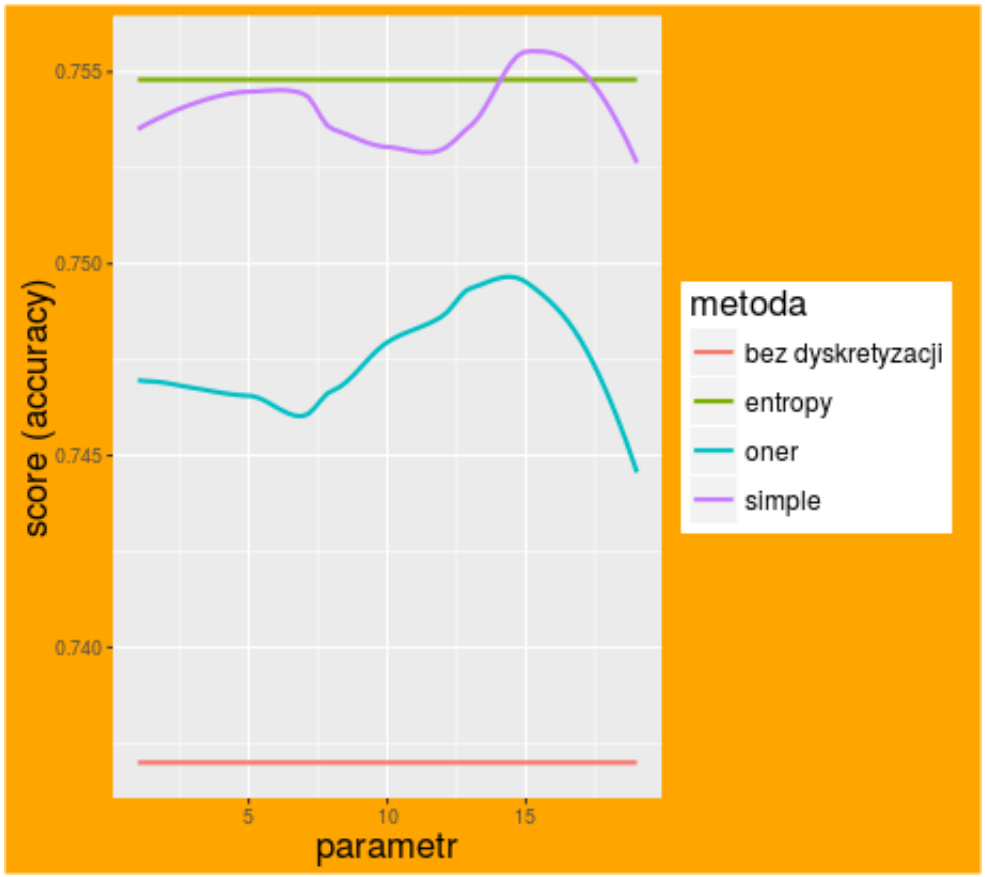
Z wykresu 4.1 widzimy, że wyniki dla dyskretyzacji są lepsze od baseline-u, zaś najlepsze dla metody prostej i parametru $m = 15$, lecz średnio dla analizowanych danych najlepsza okazała się metoda entropii.

4.3.1. Skalowalność

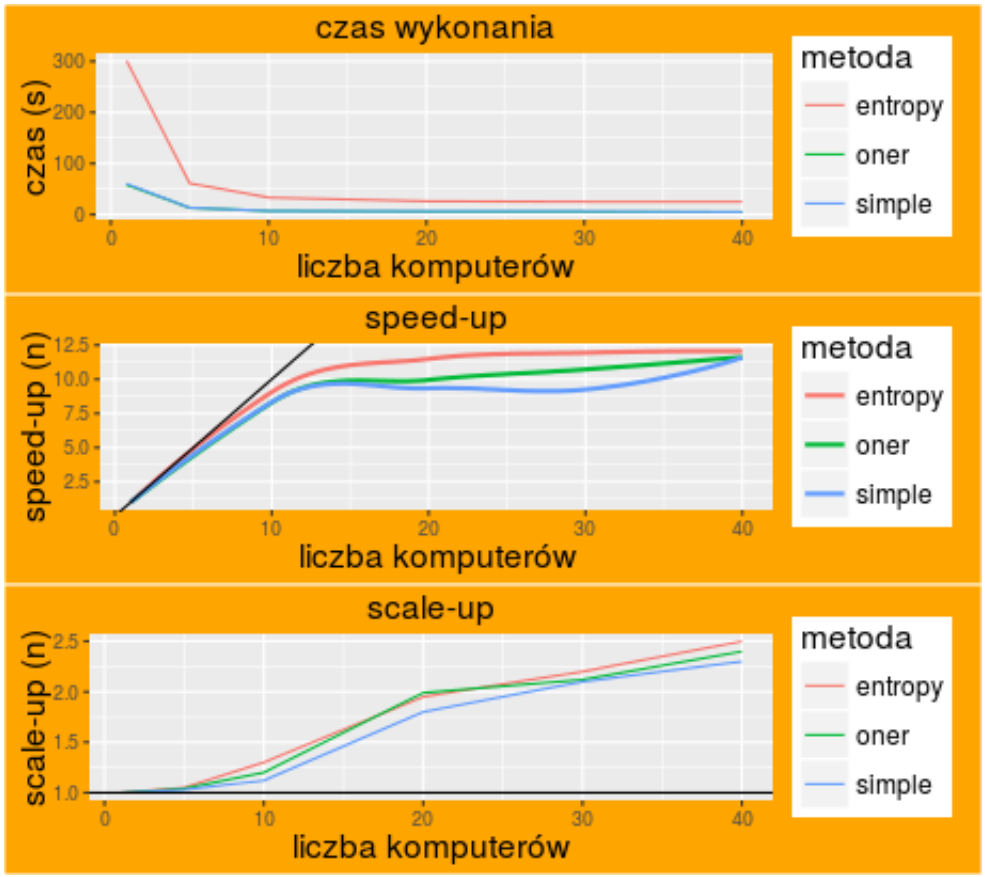
Zobaczmy jak wypadły eksperymenty pod kątem skalowalności. Wykonałem eksperymenty z następującą liczbą komputerów: 1, 5, 10, 20, 30, 40. Zbadałem jak rozkładają się poszczególne metryki w zależności od liczby komputerów i użytej metody.

Z wykresu 4.2 widzimy, że zarówno speed_up jak i scale_up wraz ze zwiększaniem liczby komputerów odbiega coraz bardziej od idealnej sytuacji (zaznaczonej na wykresie na brązowo). Jest to zgodne z prawem Gustafsona. Gdy liczba komputerów wzrasta, jest coraz większy narzut czasowy ze względu na przesyłanie danych po sieci. Widzimy jednak, że gdy liczba komputerów zaczyna przekraczać 10, obie metryki zachowują się coraz gorzej, przyrost jest coraz wolniejszy lub zerowy. Do 10 jednostek algorytmy skalują się więc dobrze, zaś stosowanie większej liczby komputerów jest już nieopłacalne.

Rysunek 4.1: Accuracy score dla zbioru danych WAVEFORM dla wybranych metod dyskretyzacji w zależności od parametrów



Rysunek 4.2: Metryki skalowalności dla różnych liczb komputerów oraz wybranych metod dyskretyzacji



Rozdział 5

Generowanie nowych cech na podstawie algorytmów genetycznych

W tym rozdziale omówię uogólnienie pojęcia dyskretyzacji prowadzące do generowania nowych cech. Przedstawię wyznaczanie nowych cech za pomocą hiperpłaszczyzn i algorytmu genetycznego. Zaczerpnięty algorytm pochodzi z pracy [3].

5.1. Dyskretyzacja jako generowanie nowych cech oraz generowanie nowych cech przez hiperpłaszczyzny

Na dyskretyzację, a konkretnie na cięcie na pewnym atrybucie rzeczywistym możemy też patrzeć jak na nową cechę zdefiniowaną przez funkcję charakterystyczną wyznaczonej przez cięcie półprzestrzeni. Cięcie o wartości c na atrybucie a_k możemy traktować jako cechę zdefiniowaną następująco:

$$v_{c,k}(u) = \begin{cases} 1 \text{ dla } a_k(u) \leqslant c \\ 0 \text{ dla } a_k(u) > c. \end{cases}$$

Cięcie na danym atrybucie definiuje nam jedynie hiperpłaszczyznę równoległą do odpowiednich osi. Możemy zdefiniować nowe cechy jako funkcje charakterystyczne dowolnych półprzestrzeni:

$$v_{w_1,w_2,\ldots,w_n,c}(u) = \begin{cases} 1 \text{ dla } w_1 \cdot a_1(u) + w_2 \cdot a_2(u) + \ldots + w_n \cdot a_n(u) \leqslant c \\ 0 \text{ dla } w_1 \cdot a_1(u) + w_2 \cdot a_2(u) + \ldots + w_n \cdot a_n(u) > c. \end{cases}$$

Ogólne półprzestrzenie mają o wiele większą moc wyrazu i zwykle wystarczy ich mniej by znaleźć minimalny zbiór cięć dla danej przestrzeni, tj tak podzielić przestrzeń, aby otrzymać spójną tabelę. Jednak przestrzeń poszukiwań odpowiednich parametrów, tj wag w_k jest nieskończona. Dla danego zbioru wag, tj dla danej półprzestrzeni, możemy jednak ocenić jak dobre jest dane cięcie na podstawie funkcji oceny. Jedną z popularniejszych miar jest miara rozróżnialności. Zdefiniujmy C_i^R oraz C_i^L jako liczbę obiektów o decyzji i należących do odpowiednich półprzestrzeni:

$$C_i^R(H) = |\{u \in U : dec(u) = i \wedge w_1 \cdot a_1(u) + w_2 \cdot a_2(u) + \ldots + w_n \cdot a_n(u) > c\}|$$
$$C_i^L(H) = |\{u \in U : dec(u) = i \wedge w_1 \cdot a_1(u) + w_2 \cdot a_2(u) + \ldots + w_n \cdot a_n(u) \leqslant c\}|$$

Na podstawie tych wielkości definiujemy miarę rozróżnialności dla hiperpłaszczyzny H:

$$discMeasure(H) = \sum_{i \neq j} C_i^R(h) \cdot C_j^L(H)$$

Mając funkcję oceny możemy więc z powodzeniem stosować pewne heurystyki doboru wag pozwalające wyznaczyć niezbędne punkty za pomocą algorytmów genetycznych. Konkretny algorytm omówię w następnym rozdziale.

5.2. Algorytmy ewolucyjne

Algorytmy ewolucyjne [4] są jedną popularniejszych metod heurystycznych metod optymalizacji, jak np. symulowane wyżarzanie. Sprawdzają się, gdy mamy dobrze określoną funkcję celu oraz potrafimy odpowiednio zamodelować nasze uniwersum. Algorytm genetyczny polega na iteracyjnym poprawianiu wyniku poprzez dobieranie do następnej fazy tych osobników, które osiągają najlepsze wartośc funkcji celu. Podstawowym pojęciem jest tu populacji i osobnik. Osobnik jest pewnym obiektem matematycznym, najczęściej wektorem zerojedynkowym, który modeluje wielkości, które chcemy optymalizować. W przypadku problemu szukania optymalnej hiperpłaszczyzny będzie to wektor reprezentujący wagi w_i. Populacja zaś jest zbiorem osobników. Algorytm genetyczny można podzielić na następujące etapy:

1. Inicjowanie populacji początkowej
   1.1. Inicjowanie losowe
   1.2. Inicjowanie wg wcześniej ustalonego schematu
2. W pętli, aż do spełnienia pewnego warunku stopu wykonuj:
   2.1. Liczymy funkcję oceny każdego osobnika w populacji. Najlepsze osobniki poddajemy reprodukcji.
   2.2. Proces repropdukcji najlepszych osobników:
      2.2.1. Krzyżowanie - łączenie genotypów rodziców
      2.2.2. Mutacja - wprowadzanie losowych zmian
   2.3. Po procesie reprodukcji wybieramy najlepsze osobniki.
   2.4. Jeśli został spełniony warunek stopu wybieramy i zwracamy najlepszego osobnika w populacji.

Podstawowymi zadaniami przy projektowaniu algorytmu genetycznego są:

- ustalenie genomu osobnika jako reprezentanta wyniku
- ustalenie funkcji oceny
- dobór parametrów (warunek stopu, prawdopodobieństwo krzyżowania, mutacji, rozmiar populacji)

Dla problemu znajdowania optymalnej hiperpłaszczyzny funkcją oceny będzie wspomniana wcześniej miara **discMeasure**. Pozostaje ustalić genom osobnika (hiperpłaszczyzny). Będziemy reprezentować hiperpłaszczyznę w przestrzeni $\mathbb{R}^n$ jako zbiór $n-1$ liniowo niezależnych wektorów i przesunięcia.

5.2.1. Reprezentacja hiperpłaszczyzny

Ustalmy jedną z osi, niech to będzie x_1 odpowiadająca atrybutowi a_1 i liczbę naturalną b, będzie to parametr odpowiadający za zbiór, z którego inicjujemy populację początkową. Z każdej dwu-wymiarowej płaszczyzny $L(x_1, x_i)$ wybieramy wektory $v_1^i, v_2^i, ..., v_{2^b}^i$ (nierównoległe do x_1) zdefiniowane przez:

$$v_j^i = [\alpha_j^i, 0, ..., 0, \underbrace{1}_{\text{i-ta pozycja}}, 0, ..., 0] \text{ dla } i = 2, ..., n \text{ oraz } j = 1, ..., 2^b$$

Wektory te będziemy inicjować przez losowy dobór 2^b liczb: $\alpha_1^i, \alpha_2^i, ..., \alpha_{2^b}^i$. Każdy z wektorów v_j^i może być reprezentowany przez b bitów odpowiadających reprezentacji binarnej liczby j. Rozważmy zbiór $n-1$ wektorów $\{v_{j_2}^2, v_{j_3}^3, ..., v_{j_n}^n\}$:

$$\begin{aligned} v_{j_2}^2 &= [\alpha_{j_2}^2, 1, 0, 0, ..., 0] \\ v_{j_3}^3 &= [\alpha_{j_3}^3, 0, 1, 0, ..., 0] \\ &..... \\ v_{j_n}^n &= [\alpha_{j_n}^n, 0, 0, 0, ..., 1] \end{aligned}$$

Łatwo widać, że wektory dla dowolnego doboru indeksów $j_2, j_3, ..., j_n$ wektory $\{v_{j_2}^2, v_{j_3}^3, ..., v_{j_n}^n\}$ są liniowo niezależne. Wybierając przesunięcie $P_1 = (p, 0, ..., 0)$ na osi x_1, możemy zdefiniować hiperpłaszczyznę $(P_1, v_{j_2}^2, v_{j_3}^3, ..., v_{j_n}^n)$ przez:

$$H = \{(x_1, x_2, ..., x_n\} \in \mathbb{R}^n : x_1 - \alpha_{j_2}^2 x_2 - \alpha_{j_3}^3 x_3 - ... - \alpha_{j_n}^n x_n - p = 0\}$$

Osobniki będziemy reprezentować przez $n-1$ liczb b-bitowych $\alpha_1, \alpha_2, ..., \alpha_{n-1}$, które będą reprezentować wektory (dla osi x_1):

$$\begin{aligned} v_1 &= [\alpha_1, 1, 0, 0, ..., 0] \\ v_2 &= [\alpha_2, 0, 1, 0, ..., 0] \\ &..... \\ v_{n-1} &= [\alpha_{n-1}, 0, 0, 0, ..., 1] \end{aligned}$$

Są one liniowo niezależne i rozpinają $n-1$ wymiarową podprzestrzeń liniową. Taka reprezentacja umożliwia nam sprawdzenie w czasie $O(n)$ po której stronie hiperpłaszczyzny znajduje się dany obiekt $u \in U$ oraz policzyć w czasie $O(n)$ rzut wektora u na x_1 równoległy do $L = lin(v_{j_2}^2, v_{j_3}^3, ..., v_{j_n}^n)$. Odpowiednie funkcje, $Test(u)$ licząca, po której stronie hiperpłaszczyzny jest obiekt u:

$$Test(u) = \begin{cases} 1 \text{ jeśli } a_1(u) - \alpha_{j_2}^2 a_2(u) - \alpha_{j_3}^3 a_3(u) - ... - \alpha_{j_n}^n a_n(u) \geqslant p \\ 0 \text{ wpp} \end{cases}$$

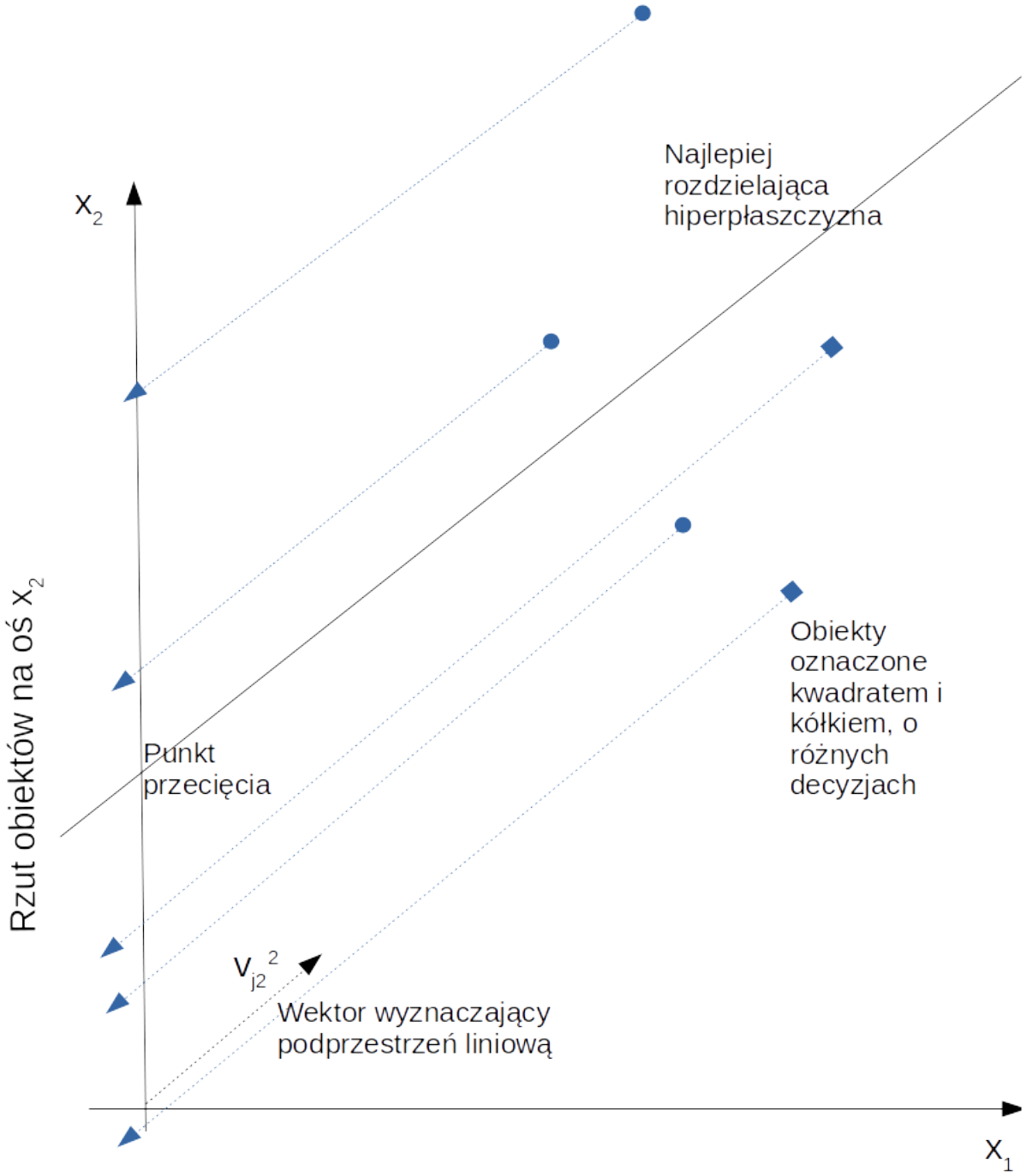
Oraz $Projection(u)$ licząca rzut obiektu u na odpowiednią oś (tu x_1):

$$Projection(u) = a_1(u) - \alpha_{j_2}^2 a_2(u) - \alpha_{j_3}^3 a_3(u) - ... - \alpha_{j_n}^n a_n(u)$$

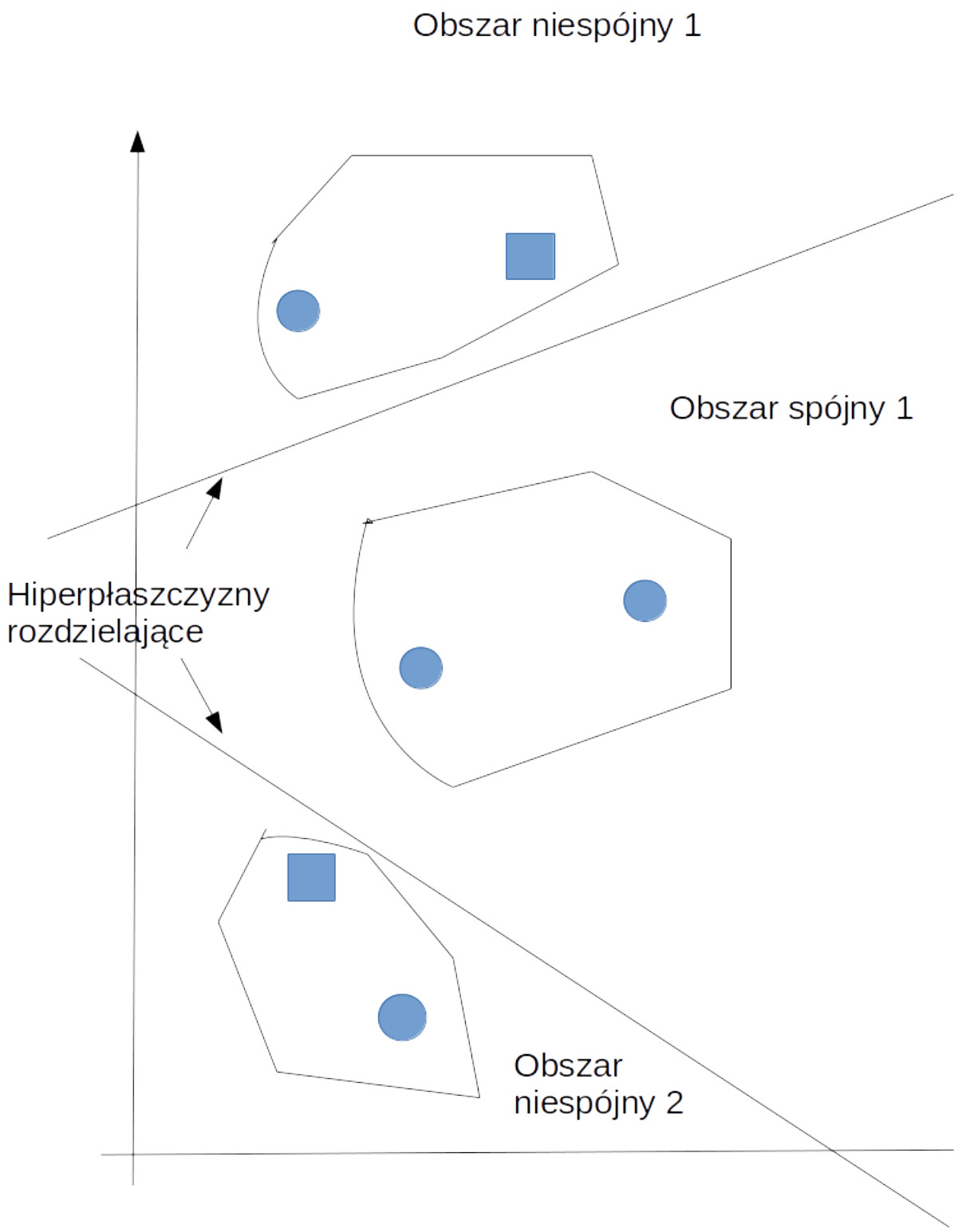
5.2.2. Szukanie optymalnej hiperpłaszczyzny za pomocą algorytmu genetycznego

Za pomocą algorytmu genetycznego będziemy chcieli szukać optymalnej hiperłpaszczyzny dla danej osi. Dla każdego osobnika liczymy rzut obiektów na odpowiednią oś za pomocą funkcji **Projection**, a następnie wybieramy najlepszą hiperpłaszczyznę równoległą do podprzestrzeni liniowej reprezentowanej przez osobnika za pomocą funkcji oceny. Na rysunku 5.1 widzimy przykład dla przestrzeni dwuwymiarowej. Powtarzając algorytm dla każdej z osi, wybierzemy najlepszą hiperpłaszczyznę. Hiperpłaszczyzny szukamy do momentu, w którym tabela otrzymana z nowych cech indykatorów odpowiednich półprzestrzeni będzie spójna, bądź spełniony zostanie warunek stopu, o którym opowiem w następnych rozdziałach. Na rysunku 5.2 widać przykładowy podział obiektów w przestrzeni dwuwymiarowej po znalezieniu dwóch hiperpłaszczyzn. Po znalezieniu kolejnych hiperpłaszczyzn grupy obszarów niespójnych będą się stale zmniejszać. Funkcję liczę jedynie dla obszarów niespójnych, które nie są jeszcze podzielone. Funkcję celu dla listy obszarów niespójnych wyliczam z wzoru (kod w języku python):

Rysunek 5.1: Interpretacja szukania optymalnej hiperpłaszczyzny w przestrzeni dwuwymiarowej



Rysunek 5.2: Przykładowy podział obiektów przez hiperpłaszczyzny. Na rysunku widzimy podział na 3 obszary, 2 z nich zawierają obiekty o różnych decyzjach (różne kształy oznaczają różne decyzje).



```
# unconsistent_groups jest lista niespojnych grup obiektow
award = sum([discMeasure(H, U) for U in unconsistent_groups
    ])
```

Pełny kod algorytmu w języku python znajduje sie tez w załączniku .1:

5.2.3. Analiza złożoności czasowej algorytmu

W skócie algorytm można przedstawić za pomocą pseudokodu:

Data: Tabela decyzyjna $\mathbb{S}$
Zbiór obiektów $\mathbb{U}$
Zbiór atrybutów $\mathbb{A}$
Lista niespójnych grup obiektów $UncGroups$
Nowa tabela $\mathbb{B}$
Result: Nowa tabela $\mathbb{B}$ z nowymi cechami
$B = \emptyset$;
$UncGroups = \mathbb{U}$;
$H = \emptyset$;
while $UncGroups \neg \emptyset$ **do**
  for atr *in* $\mathbb{A}$ **do**
    H = $H \cup$ najlepsza hiperpłaszczyzna znaleziona za pomocą algorytmu genetycznego dla osi odpowiadającej atrybutowi atr i grupom obiektów z $UncGroups$
  end
end
$OptH$ = najlepsza hiperpłaszczyzna z zbioru H.
B = $B \cup$ cecha wyznaczona przez $OptH$.
Aktualizuj $UncGroups$ na podstawie B

Koszt czasowy zewnętrznej pętli while ciężko jest oszacować, gdyż płaszczyzna wybierana jest w sposób niedeterministyczny. Możemy ustalić pewien próg czasowy, w którym algorytm musi się zatrzymać jeśli $UncGroups$ wciąż jest niepuste. Koszt czasowy pętli wewnętrznej wynosi $O(n \cdot gen)$, gdzie gen to koszt czasowy algorytmu genetycznego. Przyjrzyjmy się pseudokodowi algorytmu genetycznego oraz wyznaczania funkcji oceny:

Data: Populacja P
maksymalna liczba iteracji max_iter $i = 0$;
$P = init\_generation$;
while $i \leqslant max\_iter$ **do**
  i = i+1
  for $Osobnik \in P$ **do**
    $Oceny$ = $Oceny \cup$ wartość oceny dla $Osobnik$
  end
  Wybierz najlepszych osobników.
  Skrzyżuj i mutuj najlepsze osobniki.
  P = Zainicjuj nowe pokolenie.
end
zwróć najlepszego osobnika.

Algorytm 1: przeszukiwanie genetyczne

Złożonośc czasowa wyznaczania rzutu dla obiektu wynosi $O(n)$, zaś liczenia funkcji oceny dla wszystkich rzutów $O(k)$, gdzie k jest liczbą obiektów (dla posortowanych obiektów aktualizujemy w czasie stałym wartość **DiscMeasure**). A więc koszt czasowy wyznaczania funkcji oceny wynosi $O(n \cdot k + k \cdot log(k) + k) = O(k(log(k) + n))$. Koszt czasowy algorytmu gene-

Data: Osobnik o
Niespójne grupy obiektow $UncGroups$
rzuty = oblicz rzuty obiektów z $UncGroups$ na odpowiednią oś równolegle do podprzestrzeni wyznaczonej przez o.
sortuj rzuty.
oceny = licz wartośc $DiscMeasure$ dla wszystkich rzutów.
zwróć najlepszą ocenę.

Algorytm 2: wyznaczanie funkcji oceny

tycznego wynosi więc $O(max\_iter \cdot |P| \cdot k(log(k) + n))$. A więc koszt szukania pojedyńczej hiperplaszczyzny wynosi $O(n \cdot max\_iter \cdot |P| \cdot k(log(k) + n))$ i zależy od doboru parametrów $|P|$ i max_iter. W idealnym modelu obliczeń równoległych, gdy mamy do dyspozycji K komputerów koszt czasowy wyniesie: $O(\frac{n}{K} \cdot max\_iter \cdot \frac{|P|}{K} \cdot k(log(k) + n))$, a więc dla dostatecznie dużych K dostajemy: $O(max\_iter \cdot k(log(k) + n))$.

5.3. Indukcja drzewa decyzyjnego na podstawie cięć przez hiperpłaszczyzny

Optymalne hiperpłaszczyzny mogą być użyte nie tylko ekstracji nowych cech, ale również do indukcji drzewa decyzyjnego. W standardowym drzewie, w węźle mamy funkcję $test$ odpowiadającą atrybutom, dla wartości ciągłych zwykle jest to:

$$test(x) = \begin{cases} 1 \text{ jeśli } a_i(x) > c \\ 0 \text{ wpp} \end{cases}$$

Możemy jednak użyć funkcji testu opartej o hiperplaszczyzny, wtedy drzewo będzie miało zwykle mniejszą głębokośc (hiperpłaszczyzny mogą mieć wyższą wartośc funkcji oceny na danym węźle), ale większy jest koszt czasowy predykcji (funkcja testu działa w czasie $O(n)$ gdzie n jest liczbą atrybutów) oraz szukania drzewa. Funkcja testu dla uogólnionego drzewa (dla wag w_i):

$$test(x) = \begin{cases} 1 \text{ jeśli } w_1 a_1(x) + ... + w_n a_n(x) > c \\ 0 \text{ wpp} \end{cases}$$

Oraz funkcja dla testu dla reprezentacji hiperplaszczyzny z algorytmu genetycznego (gdy x_1 jest najlepszą osią):

$$test(x) = \begin{cases} 1 \text{ jeśli } a_1(x) - \alpha^2_{j_2} a_2(x) - \alpha^3_{j_3} a_3(x) - ... - \alpha^n_{j_n} a_n(x) \geqslant p \\ 0 \text{ wpp} \end{cases}$$

Algorytm znajdowania drzewa przez algorytm genetyczny w języku python:

```
def count_decision_tree(objects, sc=None):
# jesli mozemy podjac decyzje dla danego zbioru obiektow
# zwracamy koncowy wezel
        decision = dpoints_strategy.decision(objects)
        if decision is not None:
            return DecisionTree(decision, 0, 0)

# szukamy najlepszej hiperplaszczyzny algorytmem genetycznym
# (tak jak dla ekstrakcji cech)
```

```
        best_hyperplane = search_best_hyperplane([objects],
            sc)
        hyperplane_indicator = count_objects_positions(
                                best_hyperplane, objects)
        left_son_objects = map(
                            lambda x: x[1],
                            filter(
                            lambda (i, x):
                            hyperplane_indicator[i] == 0,
                            enumerate(objects)))
        right_son_objects = map(
                             lambda x: x[1],
                             filter(
                             lambda (i, x):
                             hyperplane_indicator[i] == 1,
                             enumerate(objects)))

        return DecisionTree(best_hyperplane,
                            count_decision_tree(
                               left_son_objects),
                            count_decision_tree(
                               right_son_objects))
```

5.3.1. Generowanie lasu losowego

Jako, że w algrytmie genetycznym początkowe wartości wektorów dobierane są w sposób losowy, drzewa decyzyjne generowane kilkukrotnie przez algorytm genetyczny mogą się od siebie różnić. Przy jednokrotnym generowaniu drzewa istnieje prawdopodobieństwo utknięcia w lokalnym maksimum funkcji celu. Możemy więc stworzyć wiele drzew i podjąć decyzję na podstawie głosowania, tworząc coś na kształt lasu losowego ([6]). Algorytm w języku python:

```
# objects <- lista wszyskich obiektow w tabeli
def count_random_forest(size=50):
        return [count_decision_tree(objects) for _ in range(
            size)]

def predict(object):
        forest = count_random_forest()
# liczymy predykcje dla kazdego drzewa
        decisions = map(lambda tree: tree.predict(object),
            forest)
# zwracamy najczesciej wystpujaca decyzje
        return most_common(Counter(decisions))
```

5.4. Drzewo SVM

Dla celów analizy porównawczej możemy stworzyć drzewo, w którym funkcją testu również będzie funkcja charakterystyczna półprzestrzeni, ale odpowiednią hiperpłaszczyznę będziemy szukać nie za pomocą algorytmu genetycznego, ale algorytmu SVM ([7]), szukającego hi-

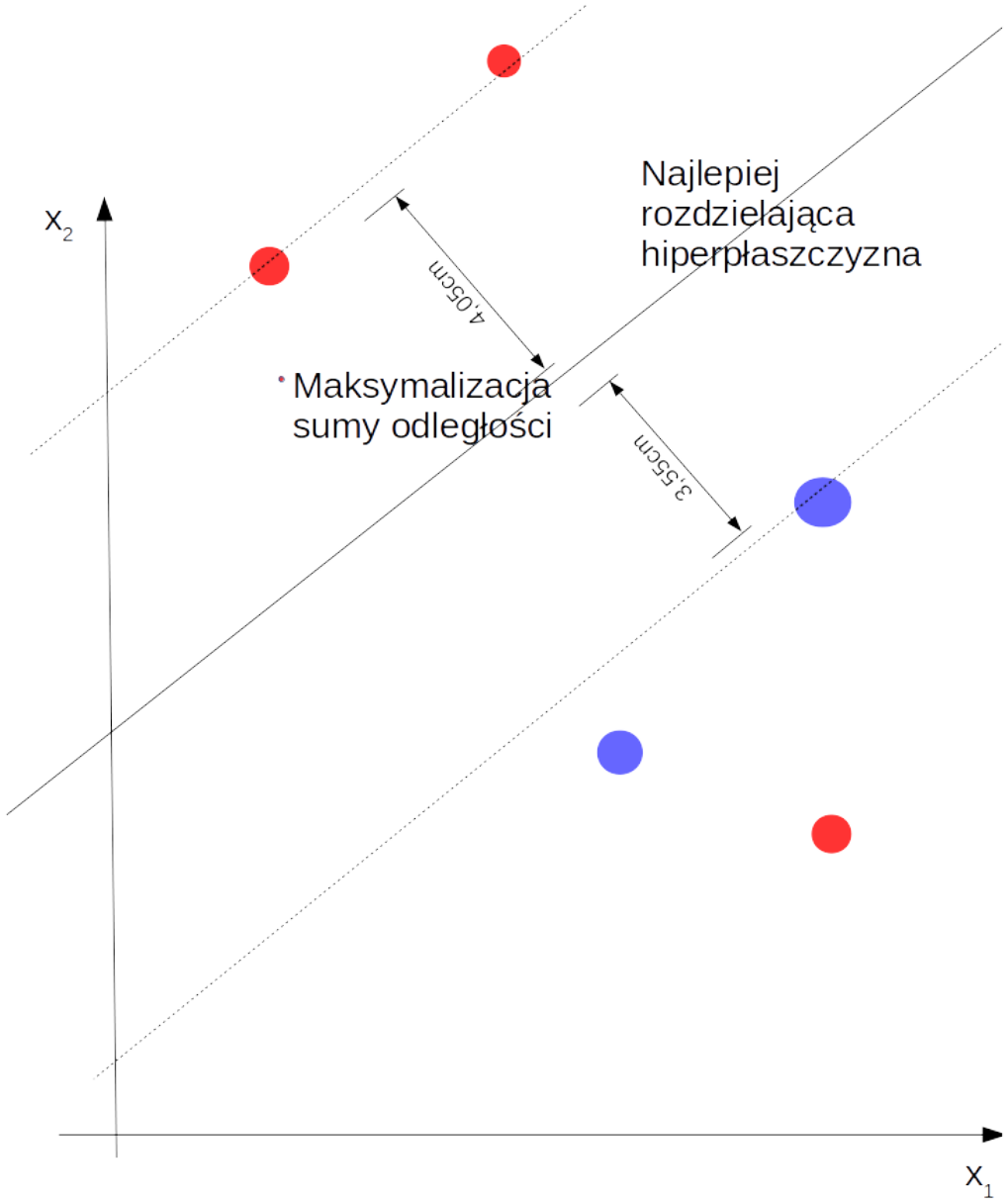
perpłaszczyzny maksymalizującej sumę odległości od obiektów. Rysunek ilustruje działanie algorytmu SVM. Kod algorytmu w języku python:

```
def count_decision_tree(objects, sc=None):
        decision = dpoints_strategy.decision(objects)
        if decision is not None:
            return DecisionTree(decision, 0, 0)

        X = [self.table[i] for i in objects]
        y = [self.dec[i] for i in objects]
        svm = LinearSVC()
# wyliczanie SVM z zewnetrznej biblioteki
        svm.fit(X, y)
# wybieranie wspolczynnikow optymalnej hiperplaszczyzny
        coefs = svm.coef_[0]
        intercept = svm.intercept_[0]
        best_hyperplane = (intercept, coefs)
        hyperplane_indicator = map(
                                lambda r:
                                (np.dot(
                                list(r), coefs) + intercept >
                                    0),
                                X)
        left_son_objects = map(
                               lambda x: x[1],
                               filter(
                               lambda (i, x):
                               not hyperplane_indicator[i],
                               enumerate(objects)))
        right_son_objects = map(
                                lambda x: x[1],
                                filter(lambda (i, x):
                                hyperplane_indicator[i],
                                enumerate(objects)))

        return DecisionTree(best_hyperplane,
                               count_decision_tree(
                                  left_son_objects),
                               count_decision_tree(
                                  right_son_objects))
```

5.5. Strategie klasyfikacji bliskich punktów o różnej decyzji oraz przycinanie

Zarówno w algorytmie indukcji drzewa decyzyjnego jak i w algorytmie szukania nowych cech pojawiła się funkcja **dpoints_strategy.decison(objects)**. W przypadku gdy pojawią się punkty będące "blisko" siebie mające różne decyzje algorytmowi genetycznemu ciężko będzie "wcisnąć" się pomiędzy te punkty przy losowej optymalizacji. Dlatego w przypadku indukcji drzewa wyliczamy decyzję dla takich punktów w inny, deterministyczny sposób, natomiast przy generowaniu cech takie punkty ignorujemy. Pytanie jakie się nasuwają są dwa:

Rysunek 5.3: Podział obiektów przez hiperpłaszczyznę SVM



1. Kiedy uznawać, że punkty są bliskie?

2. W jaki sposób podejmować decyzję dla takich punktów?

W swojej pracy uznaję punkty za bliskie, gdy średnica zbioru jest mniejsza niż pewien procent średnicy całego zbioru (problem pojawia się gdy występują outliery, wtedy można liczyć średnicę bez outlierów). Decyzją zaś jest najczęściej występująca decyzja w danym zbiorze. Kod algorytmu w języku python:

```
# max_dist <- srednia calego zbioru obiektow
def decision(objects, ratio):
        max_dist_objects = count_max_dist(objects)
        if max_dist_objects / max_dist < ratio:
          return most_common(Counter(decisions(objects)))
        return None
```

Dodatkowo, nawet jeśli punkty nie będą blisko siebie i algorytm genetyczny wyszuka optymalne płaszczyzny może wystąpić ryzyko nadmiernego dopasowania do danych i przeuczenia. Jedną z metod ustalania momentu stopu użytych w pracy jest odcięcie w momencie, gdy najliczniejsza decyzja stanowi więcej niż pewien ustalony odsetek. W eksperymentach dla generowania nowych cech użyłem właśnie tej strategii odcięcia.

5.6. Wyniki eksperymentów

Eksperymenty dla tej części również wykonywałem w laboratorium MIMUW przy użyciu takiego samego zestawu komputerów oraz dla zestawu danych WAVEFORM używanym wcześniej przy dyskretyzacji.

5.6.1. Generowanie nowych cech

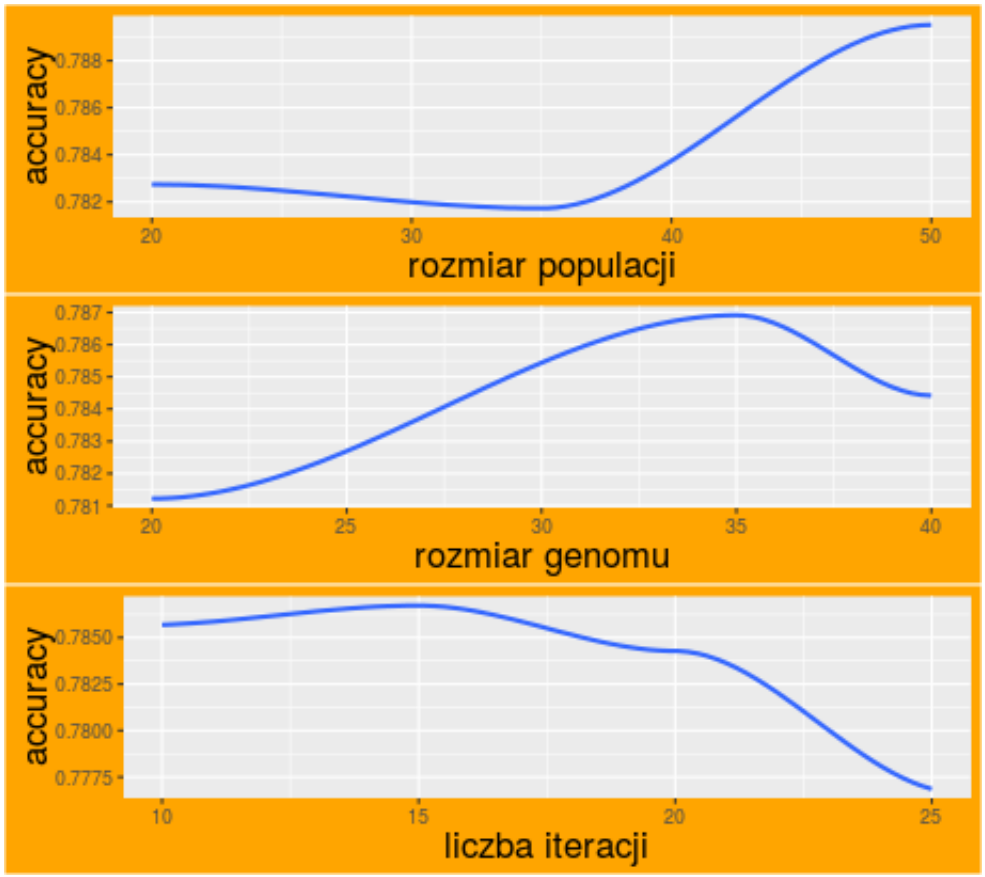
Przetestowałem skuteczność oraz czas trwania algorytmu genetycznego w zależności od parametrów, którymi są:

- rozmiar genomu
- rozmiar populacji
- maksymalna liczba iteracji

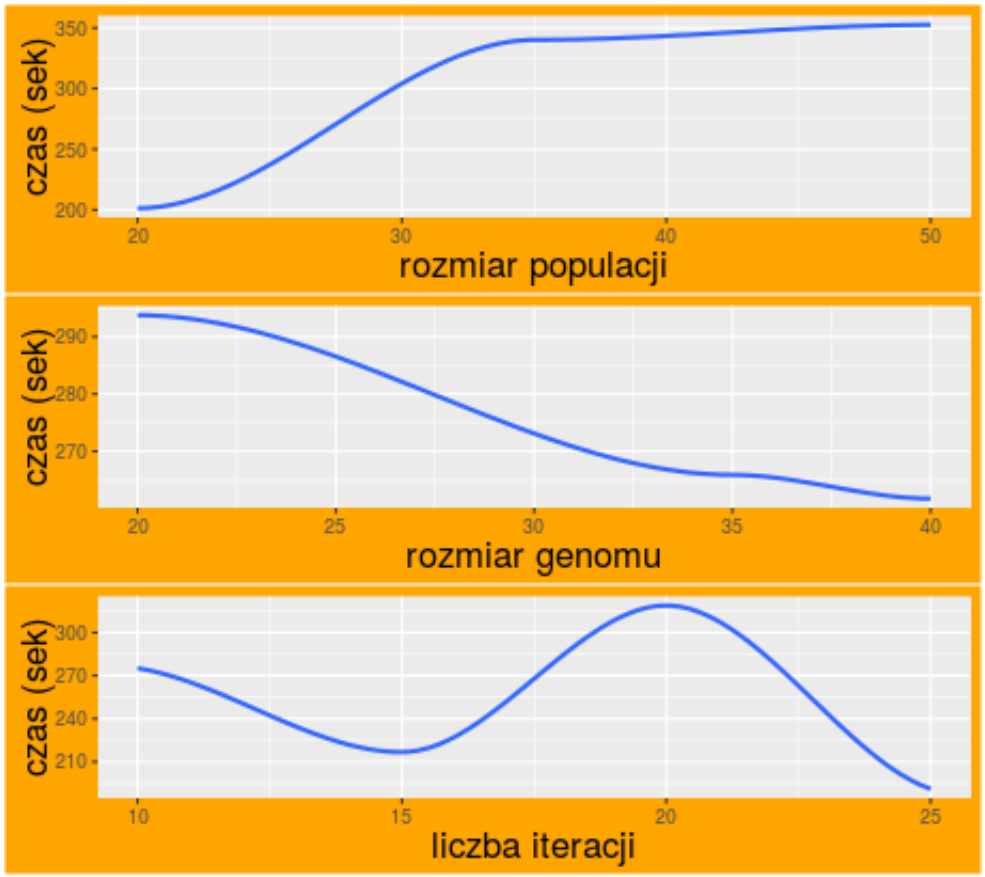
Jako strategię klasyfikacji bliskich punktów o różnej decyzji wybrałem zatrzymanie przeszukiwania w momencie gdy mamy 0.8 całości obiektów o jednej decyzji. Wygenerowane nowe cechy zostały dołączone do wyjściowej tabeli. Następnie zbadałem wyniki predykcji drzewem decyzyjnym z biblioteki sklearn z zastosowaniem 10-krotnej kroswalidacji. Wyniki można zobaczyć na wykresach 5.4 oraz 5.5.

Widzimy, że zwiększając liczbę populacji uzyskujemy lepsze wyniki, jednak odbywa się to kosztem czasu przetwarzania. Jeśli chodzi o maksymalną liczbę iteracji, już przy 15 iteracjach algorytm zbiega do dobrego rozwiązania, zwiększając liczbe iteracji, uciekamy od rozwiązania optymalnego, zwiększając jeszcze czas przetwarzania. Również rozmiar genomu wpływa na czas przetwarzania, im większy tym szybciej uzyskujemy rozwiązanie, a więc lepiej ustalić większy rozmiar genomu. Podsumowując wyniki eksperymentów, najlepsze wyniki uzyskaliśmy dla dużych rozmiarów genomów - 20, małej liczby iteracji - 15 i dużego rozmiaru populacji - 50.

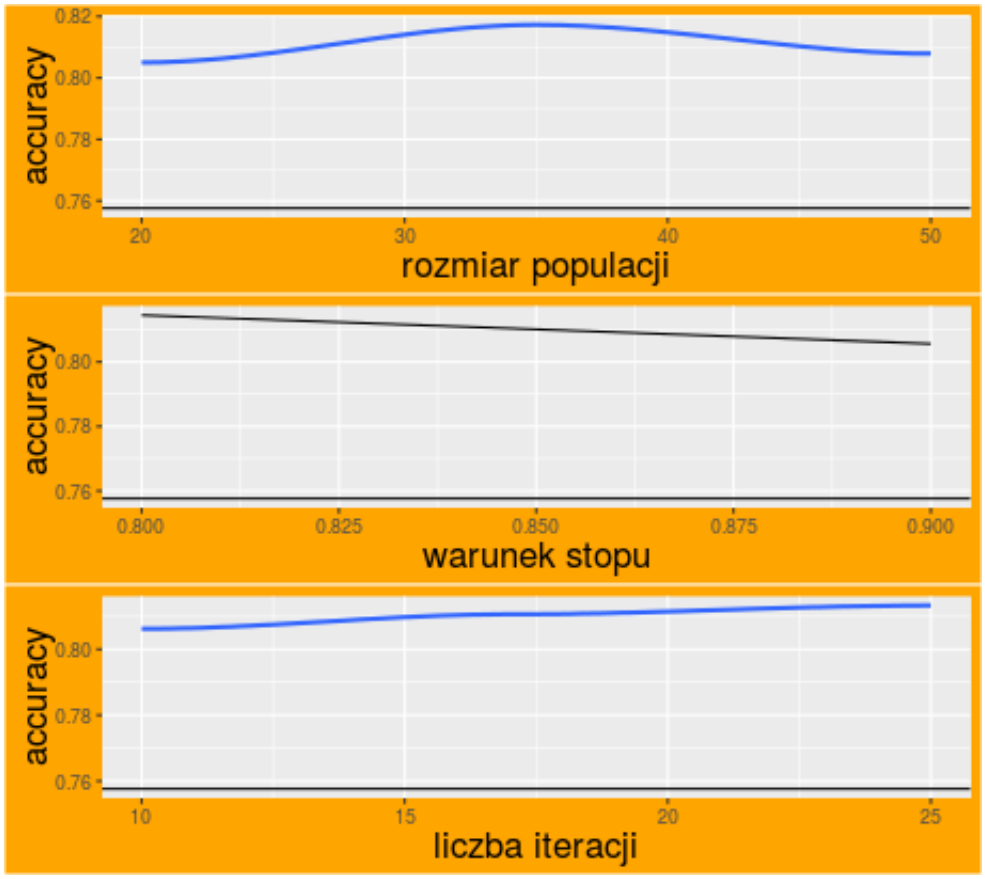
Rysunek 5.4: Accuracy score dla zbioru danych WAVEFORM z nowymi cechami w zależności od parametrów algorytmu genetycznego



Rysunek 5.5: Czas generowania nowych cech dla zbioru danych WAVEFORM w zależności od parametrów algorytmu genetycznego



Rysunek 5.6: Accuracy score dla zbioru danych WAVEFORM dla drzewa decyzyjnego wygenerowanego za pomocą algorytmu genetycznego



5.6.2. Generowanie drzewa decyzyjnego

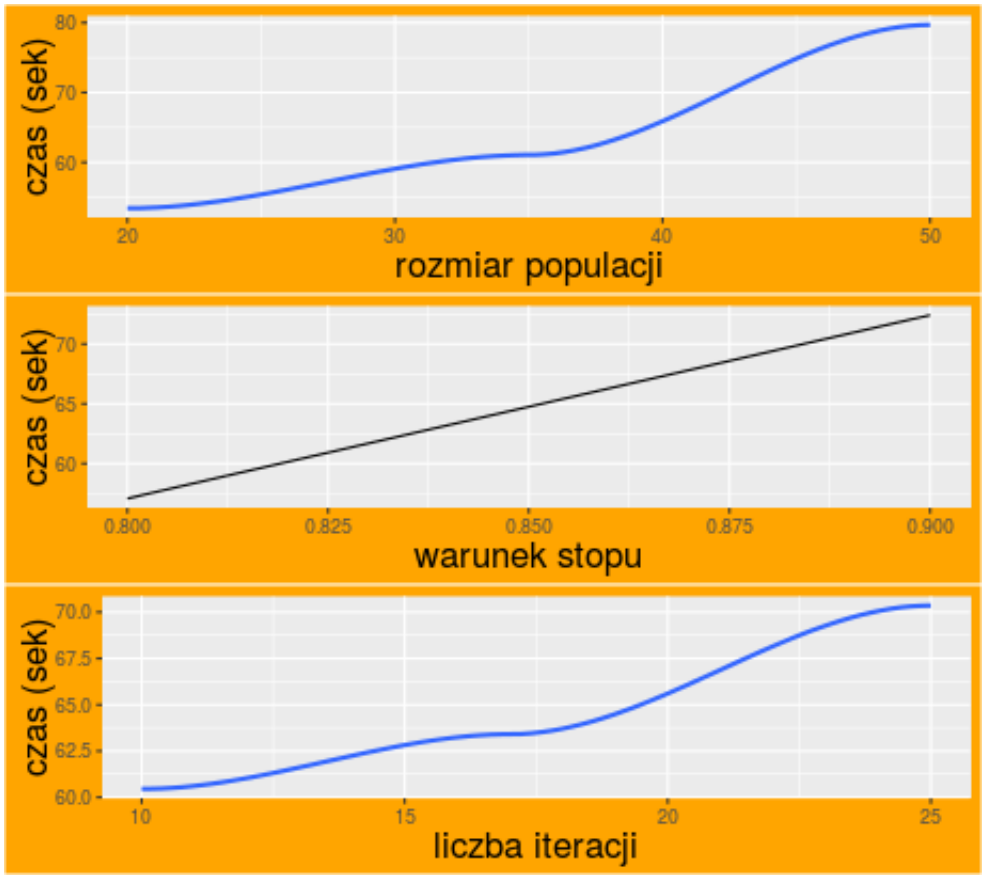
Podobne eksperymenty przeprowadziłem dla generowania drzewa decyzyjnego przez cięcia hiperpłaszczyznami. Ustaliłem rozmiar genomu na 35 i wprowadziłem parametr mówiący o tym, w którym momencie kończymy przeszukiwanie dla danego węzła: gdy 0.8 obiektów ma taką samą decyzję lub gdy tych obiektów jest 0.9. Poziomą kreską został zaznaczony wynik jaki uzyskałem drzewem decyzyjnym z biblioteki sklearn. Wyniki można zaobserować na wykresach 5.6 oraz 5.7.

Widzimy, że zarówno wyniki jak i czas pogarszają się gdy zwiększymy parametr warunku stopu. Przy zbyt dużym parametrze, szukamy płaszczyzn dłużej, co może prowadzić do nadmiernego dopasowania do danych, i w efekcie przeuczenia. W przeciwieństwie do algorytmu generowania nowych cech, tutaj zwiększając liczbę iteracji uzyskujemy lepsze wyniki, zaś optymalnym rozmiarem populacji będzie w tym przypadku 30. W przypadku generowania drzewa mamy prostszą funkcję oceny niż w przypadku generowania nowych cech, dlatego prawdopodobnie potrzebujemy mniejszego rozmiaru populacji. Różnica jaką otrzymujemy w wynikach jest jednak niewielka, opłaca się więc, tak jak w przypadku generowania nowych cech brać mniejsze rozmiary populacji i maksymalną liczbę iteracji, gdyż algorytm dość szybko zbiega do dobrego rozwiązania.

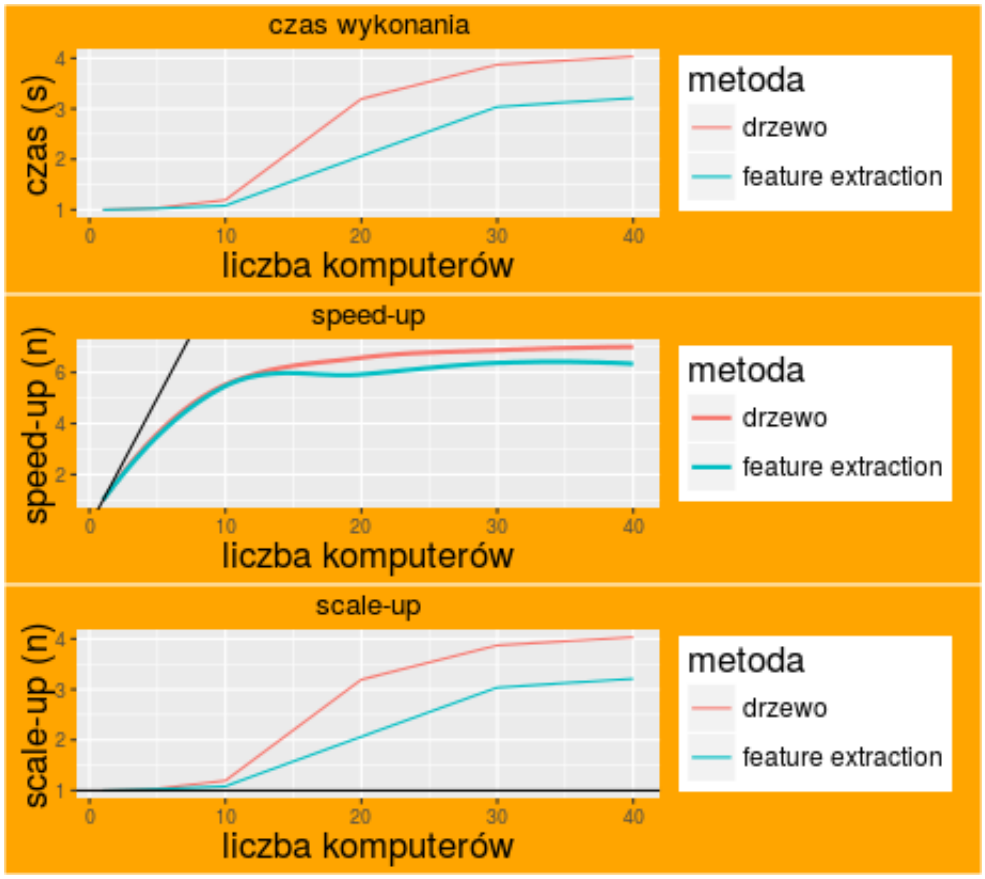
5.6.3. skalowalność

Tak samo jak dla dyskretyzacji zbadałem jak zachowują się metryki opisujące skalowalność dla szukania nowych cech i generowania drzewa decyzyjnego przez hiperpłaszczyzny za pomocą

Rysunek 5.7: Czas generowania drzewa decyzyjnego dla zbioru danych WAVEFORM w zależności od parametrów algorytmu genetycznego



Rysunek 5.8: Wskaźniki metryki skalowalności dla wyszkukiwania nowych cech i indukcji drzewa decyzyjnego algorytmem genetycznym



algorytmu genetycznego. Tak samo jak wcześniej eksperymenty przeprowadziłem dla: 1, 5, 10, 20, 30 i 40 komputerów. Wyniki możemy zaobserować na wykresie 5.8.

Podobnie jak dla dyskretyzacji widzimy, że powyżej 10 komputerów przyrosty są coraz mniejsze, jeszcze mniejsze niż w przypadku dyskretyzacji. W przypadku wyszukiwania genetycznego warto więc przeprowadzać obliczenia na mocniejszych jednostkach obliczeniowych rozpraszając na nie więcej niż 20 komputerów.

Tabela 5.1: Wyniki dla zbioru danych WAVEFORM

Metoda/parametr	Drzewo decyzyjne	Drzewo decyzyjne SVM	Drzewo decyzyjne genetycznie	Drzewo decyzyjne + nowe cechy	Las losowy gentycznie
Score (accuracy)	0.7576	0.7482	0.8231	0.793	0.841
Czas (s)	0.012	0.41	53.04	191.00	183.09
Odchylenie standardowe	0.0097	0.012	0.018	0.019	0.011

Tabela 5.2: Wyniki dla zbioru danych digits

Metoda/parametr	Drzewo decyzyjne	Drzewo decyzyjne SVM	Drzewo decyzyjne genetycznie	Drzewo decyzyjne + nowe cechy	Las losowy gentycznie
Score (accuracy)	0.869	0.971	0.915	0.941	0.947
Czas (s)	0.006	0.11	23.13	43.07	52.15
Odchylenie standardowe	0.013	0.010	0.024	0.022	0.013

5.6.4. Porównanie wyników

Oto porównanie najlepszych wyników jakie uzyskałem dla zbiorów danych WAVEFORM oraz digits z biblioteki sklearn przy zastosowaniu 5-krotnej kroswalidacji. Wyszukiwanie algorytmem genetycznym odbywało się na 20 komputerach. Parametry jakie ustawiłem:

- maksymalna liczba iteracji: 20
- rozmiar genomu: 50
- rozmiar populacji: 35
- liczba drzew w lesie losowym: 10

Z tabel 5.1 oraz 5.2 widzimy, że w obu przypadkach bardzo dobre wyniki uzyskujemy za pomocą drzewa wygenerowanego przez algorytm genetyczny oraz lasów losowych złożonych z tych drzew. Drzewa SVM dla digits również osiągnęły znakomity wynik, jednak dla WAVEFORM uzyskują zbliżone do zwykłego drzewa decyzyjnego z biblioteki sklearn. Dobre wynik uzyskaliśmy również dodając nowe cechy. Metody korzystające z cięć przez hiperplaszczyzny uzyskują więc bardzo dobre wyniki, odbywa się to jednak kosztem złożności czasowej. Ponadto drzewa wygenerowane metodą SVM lub algorytmem genetycznym ze względu na cięcia hiperpłaszczyznami mają mniejsze głębokości, więc są łatwiejsze w opisie i szybsze w klasyfikacji. W tabelach 5.3 oraz 5.4 widzimy jak wyglądały średnie głębokości dla drzew wygenerowanych przy kroswalidacji.

Drzewa decyzyjne wygenerowane algorytmem genetycznym oraz budowane z nich lasy losowe pozwalają osiągnąć najlepszą skuteczność przy jednoczesnej największej prostocie

Tabela 5.3: Średnie głębokości drzew wytrenowanych dla zbioru danych WAVEFORM

Metoda/parametr	Drzewo decyzyjne	Drzewo decyzyjne SVM	Drzewo decyzyjne genetycznie
średnia głębokość drzewa	6.4	3.0	2.4

Tabela 5.4: Średnie głębokości drzew wytrenowanych dla zbioru danych digits

Metoda/parametr	Drzewo decyzyjne	Drzewo decyzyjne SVM	Drzewo decyzyjne genetycznie
średnia głębokość drzewa	9.4	4.0	3.7

drzewa. Odbywa się to jednak kosztem złożności czasowej, jednak dzięki użyciu Sparka czas generowania drzewa znacząco spada. Również sterując parametrami stopu (przycinania), możemy decydować o kompromisie pomiędzy niedouczeniem/mniejszym czasem wykonania a przeuczeniem.

5.7. Podsumowanie i możliwe dalsze prace

Wyniki uzyskiwane metodą generowania hiperpłaszczyzn przez algorytm genetyczny są dość obiecujące. Na testowanych zbiorach danych osiagały znacznie lepsze rezultaty od baseline'u, którym była zwykła metoda drzew decyzyjnych. Wyniki eksperymentów związanych ze skalowalnością pokazują, że używanie do obliczeń więcej niż 10 jednostek obliczeniowych jest nieopłacalne, prawdopodobnie ze względy na straty związane z przesyłaniem danych po sieci. Dlatego należałoby uruchomić więcej workerów w ramach jednej jednostki. Niestety sprzęt w laboratorium MIMUW uniemożliwiał przeprowadzenie poważniejszych obliczeń, jak i testowanie na większej liczbie danych. Możliwe dalsze kierunki rozwoju mogłyby pójśc w stronę optymalizacji biblioteki (pisanie niektórych fragmentów kodu w C) oraz podpięcia pod GPU. Prace teoretyczne mogłyby pójśc w stronę badania różnych strategii momentu stopu oraz radzenia sobie z bliskimi punktami, co opisywałem w rozdziale 5.5.

.1. Kod algorytmu szukania optymalnych hiperplaszczyzn

```
# dla wszyskich funkcji:

# dec <- lista decyzji
# table <- tabela
# attrs_list <- lista atrybutow

# ekstracja nowych cech, generowanie nowej tabeli
def extract_features(sc=None):
        extracted_table = []
        while True:
            unconsistent_groups = ConsistentChecker.
                                  count_unconsistent_groups(
                                  extracted_table, dec, sc)
# kompresja niespojnych obszarow, np wyrzucanie
# bliskch punktow o roznych decyzjach
            unconsistent_groups = filter(
                                  lambda x:
                                  dpoints_strategy.decision(
                                     x) is None,
                                  unconsistent_groups)
# jesli sa jeszcze jakies niespojne grupy szukamy
   hiperplaszczyzn
            if unconsistent_groups:

                best_hyperplane = search_best_hyperplane(
                                  unconsistent_groups, sc)
                extracted_table.append(
                                count_objects_positions(
                                   best_hyperplane))
            else:
                break

        return np.transpose(np.array(extracted_table))

# szukanie optymalnej hiperplaszczyzny
def search_best_hyperplane(unconsistent_groups, sc=None):

            rdd_attributes = sc.parallelize(attrs_list)
# zrownoleglamy ze wzgledu na osie (atrybuty)
# i liczymy optymalne hiperplaszczyzny dla rzutow
            hyperplanes = rdd_attributes.map(
                          lambda x:
                          search_best_hyperplane_for_projection
                             (
                          x, unconsistent_groups)).collect()
```

```
# zwracamy najlepsza
        return max(hyperplanes, key=lambda x: x[1][0])

# szukanie optymalnej hiperplaszczyzny dla rzutu
def search_best_hyperplane_for_projection(
    attr, unconsistent_groups, sc=None):

        projection_axis = table[attr]
        other_axes = [x for x in attrs_list if not x == attr
           ]
        new_table = table[other_axes]

        # szukamy optymalnej hiperplaszczyzny algorytmem
           genetycznym
        gen_search = GeneticSearch(len(other_axes), dec,
           new_table,
                                   projection_axis,
                                      unconsistent_groups)
        cand_hyperplane = gen_search.genetic_search(sc)

        return attr, cand_hyperplane

# unconsistent_groups <- lista niespojnych grup
# population_size <- rozmiar populacji
# przeszukiwanie genetyczne
def genetic_search(sc=None):

# inicjowanie populacji
        population = init_generation()

        current_best_award = 0
        the_same_awards = 0
        for i in range(max_iter):
# liczymy funkcje celu dla populacji
            rdd_population = sc.parallelize(population,
                                            population_size
                                               * 10)
            awards = rdd_population.mapPartitions(
                                      count_award_for_chunk).
                                         collect()

# wybieramy najlepszych osobnik w
            population_awards = select_best_individuals(
               awards)

            best_individual = population_awards[0]

            population = map(lambda x: x[1],
               population_awards)
```

```
            new_generation = count_new_generation(
                             copy.deepcopy(population))

            population = new_generation + population

        return best_individual

def count_award_for_chunk(self, population):
        for individual in population:
            yield self.count_award(individual)

def count_award(individual):
        all_objects = reduce(add, unconsistent_groups)
# liczymy rzuty wszystkich obiektow
        projections = count_projections(individual,
           all_objects)
# sortujemy po wartosci rzutu
        objects = sorted(projections, key=lambda x: x[1])

# liczenie funkcji oceny (discMeasure) dla posortowanych
   obiektow
        object_group_dict = {}
        group_fqs_dict = {}
        act_left_sum = {}
        act_right_sum = {}

        for ind, group in enumerate(unconsistent_groups):
            group_decisions = []
            for obj in group:
                group_decisions.append(self.dec[obj])
                object_group_dict[obj] = ind
            act_left_sum[ind] = 0
            act_right_sum[ind] = len(group_decisions)
            group_fqs_dict[ind] = DiscMeasureCalculator.
                                  prepare_hist(
                                     group_decisions)

        act_award = 0
        max_award = 0
        for obj, proj in objects:
            group_id = object_group_dict[obj]
            dec = self.dec[obj]
            act_left_sum[group_id], act_right_sum[group_id],
                act_award = \
                DiscMeasureCalculator.
                update_award(dec, act_left_sum[group_id],
                             act_right_sum[group_id],
                             group_fqs_dict[group_id],
                                act_award)
            if act_award > max_award:
```

```
                max_award = act_award
                good_proj = proj

# zwracamy wartosc najlepszego wyniku, osobnika (wektory) i
   przesuniecie
        return max_award, individual, good_proj

# wyliczanie rzutu dla osobnika i grupy obiektow
def count_projections(individual, objects):
        table = table_as_matrix[objects, :]
        proj = [projection_axis[obj] for obj in objects]
        return zip(objects, proj - table.dot(individual))
```

Bibliografia

[1] Z. Pawlak, A. Skowron, *Rudiments of rough sets*, Information Sciences, **177**(1) (2007) 3–27.

[2] Hun Son Nguyen, *Approximate Boolean Reasoning: Foundations and Applications in Data Mining*, Rozprawa Doktorska, Instytut Matematyki, Uniwersytet Warszawski Banacha 2, 02-097, Warszawa, Polska 1998.

[3] Hun Son Nguyen, *From Optimal Hyperplanes to Optimal Decision Trees*. Instytut Matematyki, Uniwersytet Warszawski Banacha 2, 02-097, Warszawa, Polska 1998.

[4] Z. Michalewicz, *Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne*. Warszawa, WNT, 1996. (pol.)

[5] Srilatha Chebrolu, Sriram G Sanjeevi, *Rough set theory for discretization based on boolean reasoning and genetic algorithm*. Department of Computer Science and Engineering, NIT Warangal, India, 2012.

[6] Tin Kam Ho, *Random Decision Forests*. AT&T Bell Laboratories 600 Mountain Avenue, 2C-548C Murray Hill, NJ 07974, USA

[7] C. Cortes, V. Vapnik *Support-vector networks* Machine Learning 20 (3): 273–297. (1995)

[8] Xiaodong Zhang Xiaodong Zhang, Yong Yan Yong Yan, Qian Ma Qian Ma *Measuring and Analyzing Parallel Computing Scalability* Parallel Processing, 1994. ICPP 1994 Volume 2. International Conference

[9] Jeffrey Dean and Sanjay Ghemawat *MapReduce: Simplified Data Processing on Large Clusters*. Google Inc, 2004

[10] Spark Documentation, *http://spark.apache.org/docs/latest/programming-guide.html*

[11] Python Documentation, *https://www.python.org/doc*

[12] Sklearn Documentation, *http://scikit-learn.org/stable/*