Streszczenie

TODO

Słowa kluczowe

discretization, feature extraction, decision system, mapreduce

Dziedzina pracy (kody wg programu Socrates-Erasmus)

11.1 Matematyka

Klasyfikacja tematyczna

sztuczna inteligencja, systemy decyzyjne

Tytuł pracy w języku angielskim

Discretization and feature extraction methods with application of MapReduce paradigm

Spis treści

Rozdział 1

Podstawowe informacje

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

- U jest skończonym zbiorem, którego elementami są obiekty:

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

- A jest skończonym zbiorem atrybutów warunkowych (cech) takim, że dla każdego $a \in A$ istnieje funkja

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

  gdzie przez V^a oznaczamy zbiór wartości atrybutów,

- d jest skończonym zbiorem atrybutów, które nazywamy atrybutami decyzyjnymi.

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

  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 $\{a_{11}, \ldots, a_{nn}\}$. Dokładniej mówiąc w i-tym wierszu znajduje się wartość j-tego atrybutu (a_i) dla obiektu u_i. W ostatniej kolumnie umieszczony jest atrybut decyzyjny d_i dla obiektu u_i

U	a_1	$\ldots$	a_n	dec
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 takie rzeczy jak szeregi czasowe, ludzie, papiery wartościowe i inne.
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. Na podstawie wyników badań lekarz diagnozował pacjentów.

$Pacjent$	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:

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

. Tj jeśli mamy te same wartości na atrybutach musimy mieć te same decyzje.

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:

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

Uwaga 1.4. Szukanie niesprzecznego zbioru cięć o najmniejszej mocy jest NP-zupełny. Dowód poprzez sprowadzenie do problemu $SETCOVER$.

Rozdział 2

Skalowalność

Większość algorytmów została zaimplementowana w sposób skalowalny za pomocą frameworku do obliczeń równoległych $ApacheSpark$ bazującego na paradygmacie MapReduce. Na wstępie przytoczę kilka definicji przydatnych w dalszej części omawiania Sparka.

2.1. Wstępne definicje

Definicja 2.1 (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.

Definicja 2.2 (Klaster)**.** 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).

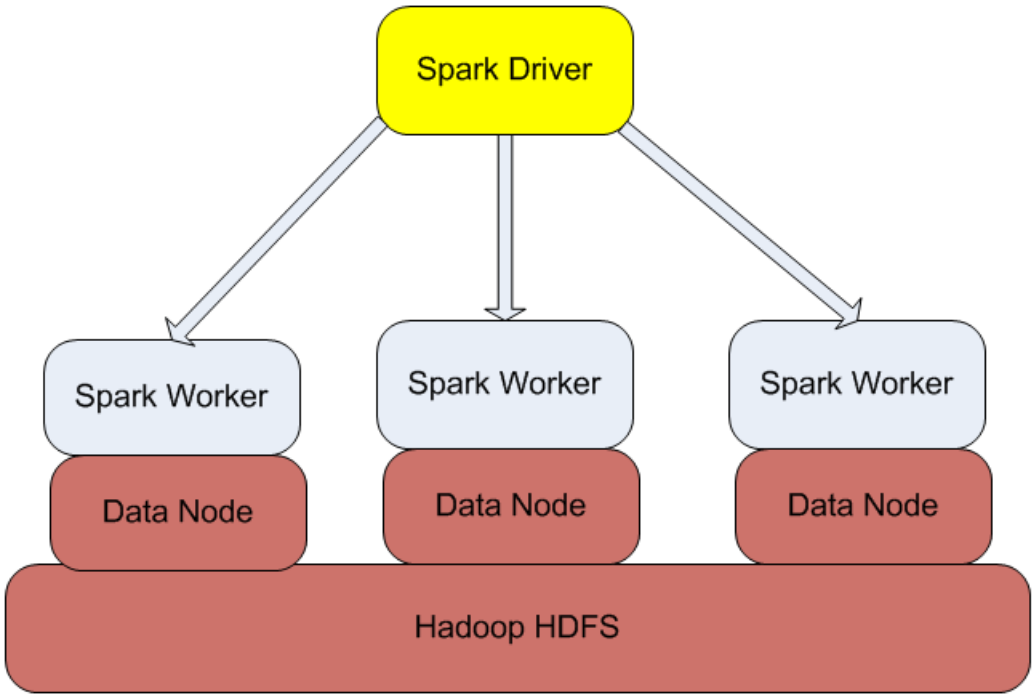
Definicja 2.3 (HDFS)**.** Hadoop Distributed File System, rozproszony, skalowalny, spójny system plików używany przez framework Apache Spark.

Definicja 2.4 (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:

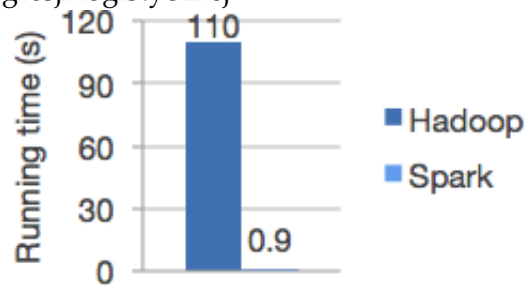
- liczba komputerów
- liczba procesorów
- pamięć RAM na jednostkę obliczeniową
- nazwa aplikacji

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)

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



Rozdział 3

Skalowalne algorytmy dyskretyzacji

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

- **globalne** - szukają cięć na podstawie całej tabeli
- **lokalne** - szukają cięć na podstawie każdego atrubutu niezależnie

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()
```

Gdzie funkcja discretizeColumn przyjmuje kolumnę liczb rzeczywistych tabeli decyzyjnej i zwraca jej dyskretyzację. Metody globalne szukają zbioru cięć dla całej tabeli, przez co trudniej je zrównoleglić. Niżej przedstawię 3 lokalne algorytmy dyskretyzacji.

3.1. Sprawdzanie spójności tabeli

By dyskretyzacja miała sens, potrzebujemy 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)
```

3.2. Opis algorytmów

Wszystkie z poniższych algorytmów są zrównoleglane ze względu na kolumnę, tak jak było to napisane we wstępie. Różnią się metodą $discretizeColumn$.

3.2.1. 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])))
```

3.2.2. Algorytm bazowy

Jest to prosty algorytm polegający na wykonywania cięć w równych odstępach, co m obiektów, gdzie m jest parametrem. Przy czym kolumna Jego zaletą jest prostota, jednak wogóle nie patrzymy na decyzję. Kod algorytmu:

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

Przykład 3.1 (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*

3.2.3. OneR Discretizer

W tym algorytmie wykonujemy cięcie w momencie, gdy jednej z decyzji jest więcej 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 3.2 (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*

3.2.4. Dyskretyzacja za pomocą entropii

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 wszystkich decyzji jest po równo. 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. Dla danego cięcia możemy więc zdefniować miarę przyrostu informacji:

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

Wybieramy takie cięcie, by zmaksymalizować zysk informacji. Cięcia wykonujemy rekurencyjnie, dopóki nie spełniony zostanie pewien warunek stopu, tj gdy zysk informacji, który osiągamy dla danego optymalnego cięcia jest mniejszy niż jakaś wielkość.

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:
  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 liczyć ją na podstawie wcześniejszych wyników w czasie stałym, otrzymując algorytm liniowy ze względu na liczbę obiektów. Algorytm opiera się na obserwacji (zakładamy, że dla obiektów $1, ..., k-1$ mamy już obliczone częstości poszczególnych decyzji (słownik $decHist$ w którym trzymamy histogram decyzji, za pomocą którego w czasie stałym liczymy p_d):

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

Analogicznie trzymamy histogram dla drugiej obiektów $k, ..., n$ aktualizując entropię drugiej połowy. Otrzymujemy więc następujący algorytm liniowy:

```
def find_cut(U):
  # decHist1 -> histogram dla 1 po owy
  # decHist2 -> histogram dla 2 po owy
  # 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:
    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 discretize_column(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], dis_value)
```

Przykład 3.3 (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*

3.3. Wyniki eksperymentów

Rozdział 4

Generowanie nowych cech na podstawie algorytmów genetycznych

W tym rozdziale omówię uogólnienie pojęcia dyskretyzacji jako generowanie nowych cech i omówię znajdowanie nowych cech za pomocą hiperpłaszczyzn i algorytmu genetycznego.

4.1. 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 odpowiedniej półprzestrzeni. Na cięcie cięcia o wartości c na atrybucie a_k możemy patrzeć jak na cechę:

$$v(a_1(u), a_2(u), ..., a_n(u)) = \begin{cases} 1 \text{ dla } a_k(u) \leqslant c \\ 0 \text{ dla } a_k(u) > c \end{cases}$$

Dyskretyzacja na danym atrybucie definiuje nam jedynie hiperpłaszczyzny równoległe do odpowiednich osi. Możemy zdefiniować nowe cechy jako funkcje charakterystyczne ogólnych półprzestrzeni:

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

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:

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

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 i algorytmy genetyczne. Konkretny algorytm omówię w następnym rozdziale.

4.2. Algorytmy ewolucyjne

Algorytmy ewolucyjne 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.

4.2.1. 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:

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

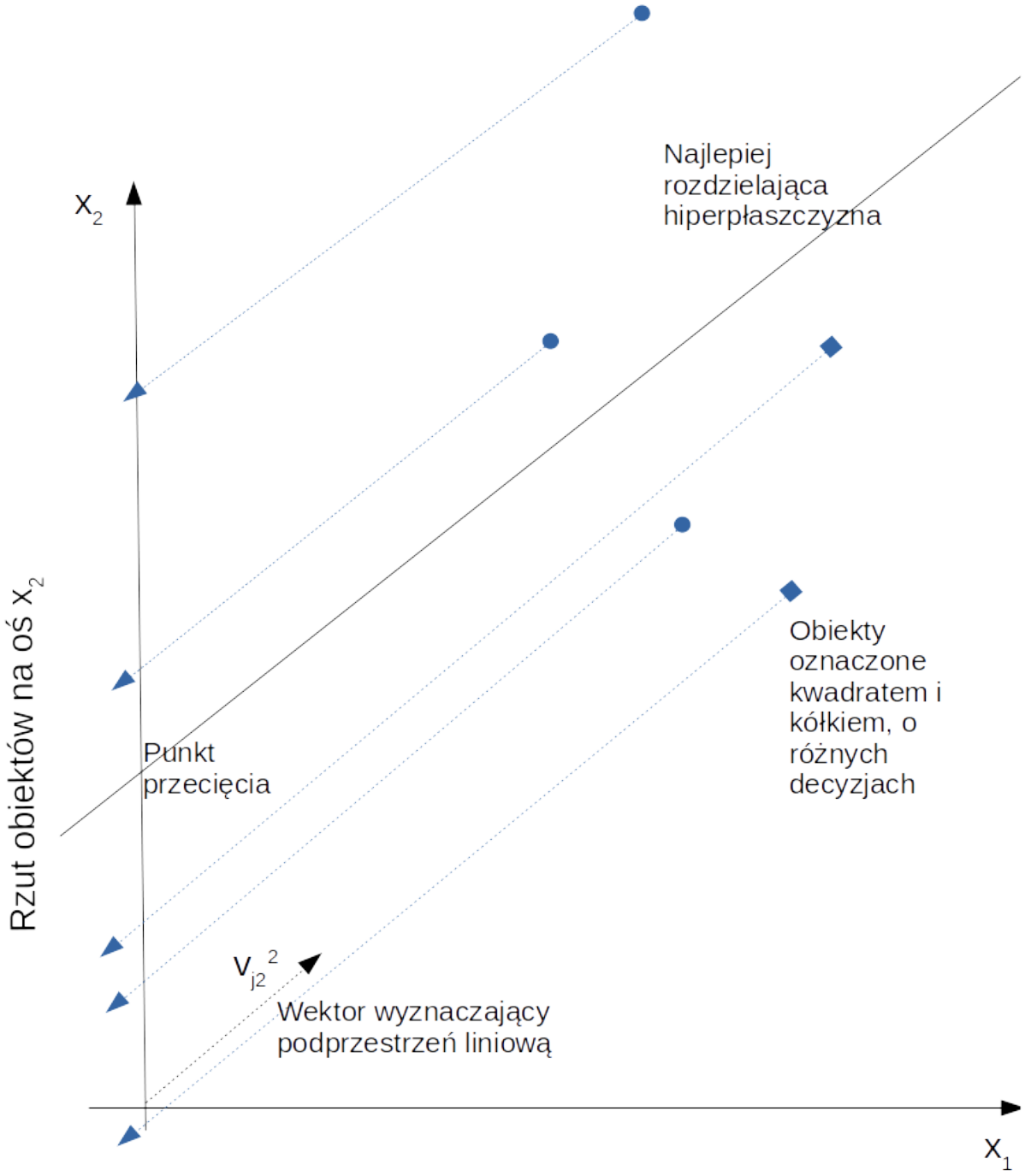
Oraz $Projection(u)$ licząca rzut obiektu u na odpowiednią oś (tu x_1):

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

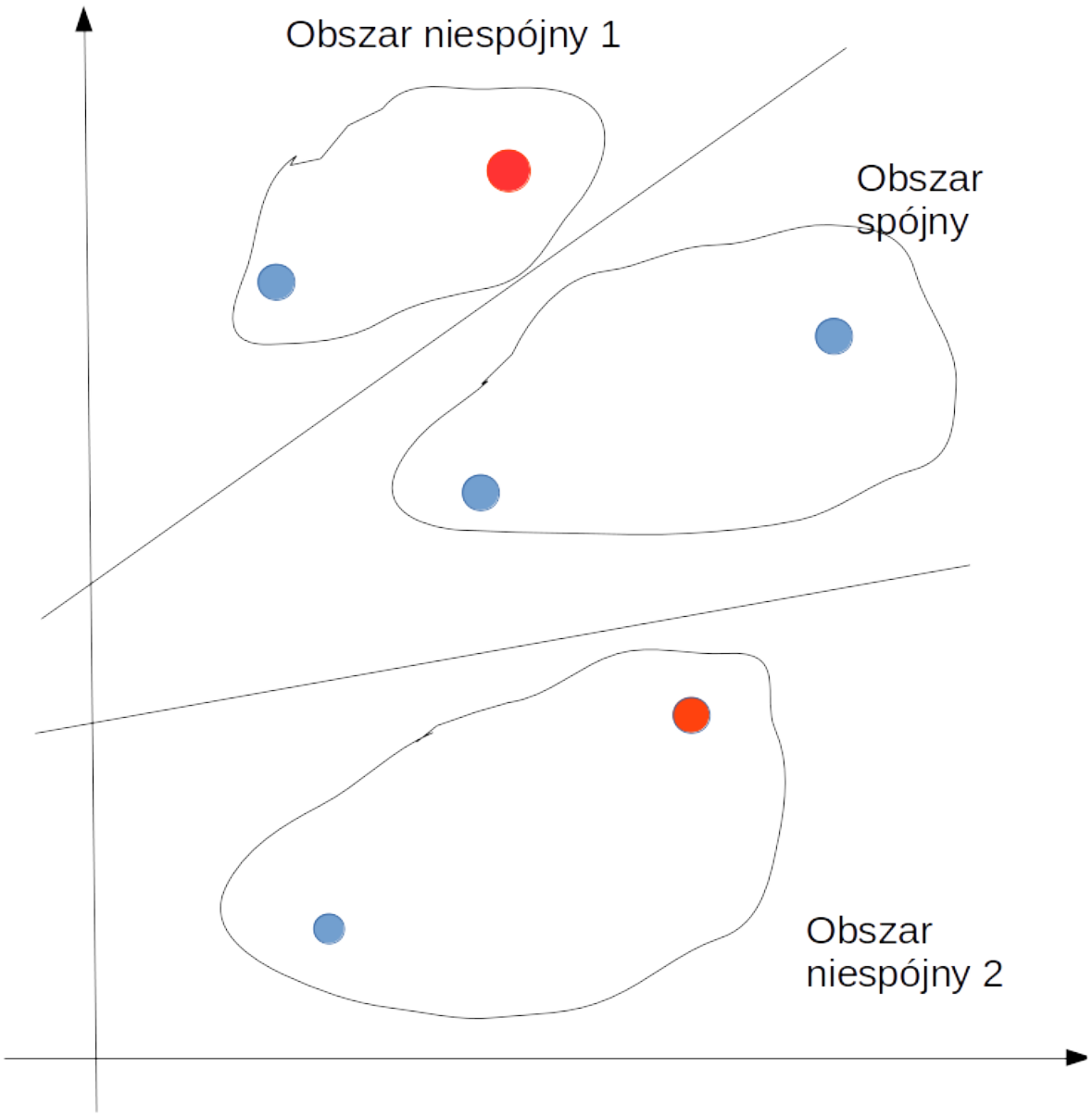
4.2.2. Szukanie optymalnej hiperpłaszczyzny za pomocą algorytmu genetycznego

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 4.1 widzimy to 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 4.2 widac 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 4.1: Interpretacja szukania optymalnej hiperpłaszczyzny w przestrzeni dwuwymiarowej



Rysunek 4.2: Podział obiektów przez hiperpłaszczyzny



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

Kod algorytmu w języku python:

```
# 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))
```

4.3. 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 $test$ odpo-

wiadającą 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))
```

4.3.1. 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. 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))
```

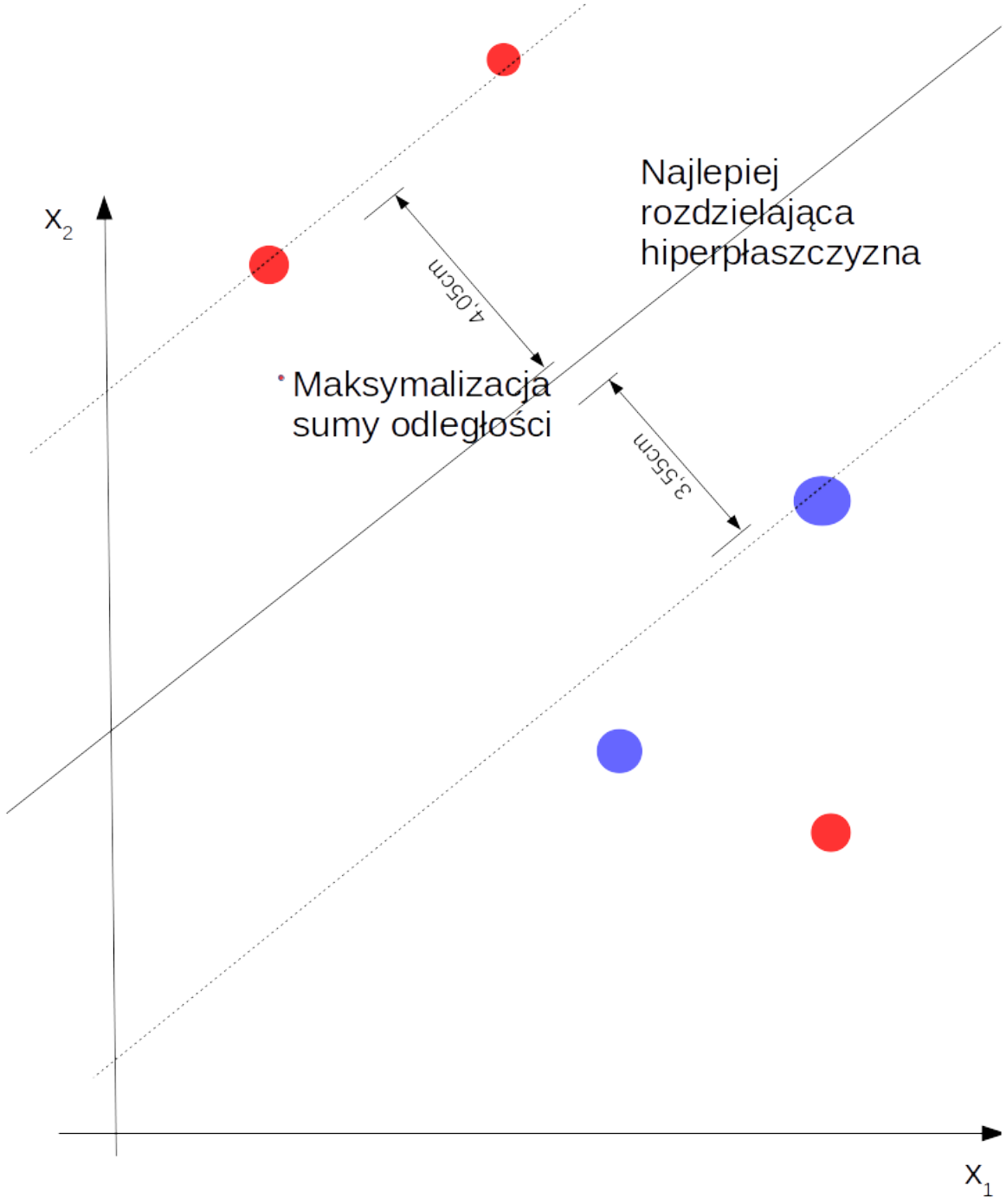
4.4. Drzewo SVM

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, szukającego hiperpłaszczyzny maksymalizującej sumę odległości od obiektów. Rysunek 4.3 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)))
```

Rysunek 4.3: Podział obiektów przez hiperpłaszczyznę SVM



```
        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))
```

4.5. Strategie klasyfikacji bliskich punktów o różnej decyzji

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:

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
```

4.6. Wyniki eksperymentów

Bibliografia

[1] Hun Son Nguyen, *Approximate Boolean Reasoning: Foundations and Applications in Data Mining*. Institute of Mathematics, Warsaw University, 1998.

[2] Hun Son Nguyen, *From Optimal Hyperplanes to Optimal Decision Trees*. Institute of Mathematics, Warsaw University, 1998.

[3] 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.

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