دانشگاه صنعتی امیرکبیر
(پلی‌تکنیک تهران)
دانشکده ریاضی و علوم کامپیوتر

پایان‌نامه کارشناسی‌ارشد
علوم کامپیوتر گرایش سیستم‌های کامپیوتری

کاهش بعد داده‌های بزرگ مقیاس با استفاده از نگاشت تصادفی

نگارش
سیامک دهبد

استاد راهنما
دکتر عادل محمدپور

استاد مشاور
دکتر هادی زارع

دی ۱۳۹۷

صفحه فرم ارزیابی و تصویب پایان نامه- فرم تأیید اعضاء کمیته دفاع

در این صفحه فرم دفاع یا تایید و تصویب پایان نامه موسوم به فرم کمیته دفاع- موجود در پرونده آموزشی- را قرار دهید.

نکات مهم:

- نگارش پایان نامه/رساله باید به زبان فارسی و بر اساس آخرین نسخه دستورالعمل و راهنمای تدوین پایان نامه های دانشگاه صنعتی امیرکبیر باشد.(دستورالعمل و راهنمای حاضر)
- رنگ جلد پایان نامه/رساله چاپی کارشناسی، کارشناسی ارشد و دکترا باید به ترتیب مشکی، طوسی و سفید رنگ باشد.
- چاپ و صحافی پایان نامه/رساله بصورت پشت و رو(دورو) بلامانع است و انجام آن توصیه می شود.

دانشگاه صنعتی امیرکبیر
(پلی‌تکنیک تهران)

تعهدنامه اصالت اثر

تاریخ: دی ۱۳۹۷

اینجانب **سیامک دهبد** متعهد می‌شوم که مطالب مندرج در این پایان‌نامه حاصل کار پژوهشی اینجانب تحت نظارت و راهنمایی اساتید دانشگاه صنعتی امیرکبیر بوده و به دستاوردهای دیگران که در این پژوهش از آنها استفاده شده است مطابق مقررات و روال متعارف ارجاع و در فهرست منابع و مآخذ ذکر گردیده است. این پایان‌نامه قبلاً برای احراز هیچ مدرک هم‌سطح یا بالاتر ارائه نگردیده است.

در صورت اثبات تخلف در هر زمان، مدرک تحصیلی صادر شده توسط دانشگاه از درجه اعتبار ساقط بوده و دانشگاه حق پیگیری قانونی خواهد داشت.

کلیه نتایج و حقوق حاصل از این پایان‌نامه متعلق به دانشگاه صنعتی امیرکبیر می‌باشد. هرگونه استفاده از نتایج علمی و عملی، واگذاری اطلاعات به دیگران یا چاپ و تکثیر، نسخه‌برداری، ترجمه و اقتباس از این پایان نامه بدون موافقت کتبی دانشگاه صنعتی امیرکبیر ممنوع است. نقل مطالب با ذکر مآخذ بلامانع است.

سیامک دهبد

امضا

سپاس گزاری

با تشکر از استاد گرامی دکتر محمدپور بابت همراهی و صبر ایشان

سیامک دهبد
دی ۱۳۹۷

چکیده

با ظهور داده‌های بزرگ مقیاس و دشواری در نگهداری و پردازش این داده‌ها در حافظه، مسئله کاهش بعد اهمیت زیادی پیدا کرده است. یکی از روش‌های کاهش بعد، نگاشت تصادفی است که می‌تواند بر روی مه‌دادهایی که بزرگ مقیاس هستند و همچنین بر روی جریان داده‌ها، اعمال شود. مبنای این روش ضرب ماتریسی داده‌های اولیه در یک ماتریس تصویرگر است که بعد داده‌های اولیه را کاهش داده ولی اطلاعات آماری مورد نیاز در داده‌های اولیه را با دقت مورد نیاز نگه می‌دارد.

داده‌های بزرگ مقیاس داده‌هایی هستند که تعداد پارامترهای مدل از تعداد مشاهدات بیشتر است.

روش تصویر تصادفی برای کاهش بعد داده‌های بزرگ مقیاس مزایای متعددی نسبت به روش‌های دیگر کاهش بعد دارد. از جمله سرعت بالا در پردازش، نیاز به حافظه محدود، قابل اعمال بر روی جریان داده و قابل اعمال در شرایطی که تعداد پارامترها از مشاهدات بیشتر است. در این پایان‌نامه این روش برای داده‌های بزرگ مقیاس با دیگر روش‌های کاهش بعد مقایسه شده است. همچنین توانایی این روش برای داده‌هایی با توزیع پایدار غیر نرمال با دیگر روش‌های کاهش بعد مقایسه شده است.

با مقایسه روش‌های مختلف به این نتیجه رسیدیم که برای داده‌های بزرگ مقیاس روش کاهش بعد تصویر تصادفی کارایی خوبی دارد و با توجه به هزینه محاسباتی در خیلی از موارد بهینه است. ولی در بیشتر موارد تکرار این روش برای رسیدن به یک حالت بهینه لازم است.

واژه‌های کلیدی:

کاهش بعد، نگاشت تصادفی، توزیع پایدار، داده‌های بزرگ مقیاس

فهرست مطالب

عنوان　صفحه

فهرست اشکال

شکل صفحه

فهرست جداول

جدول صفحه

فهرست نمادها

نماد	مفهوم
$\mathbb{R}^n$	فضای اقلیدسی با بعد n
$\mathbb{S}^n$	کره یکه n بعدی
M^m	خمینه m-بعدی M
$\mathfrak{X}(M)$	جبر میدان‌های برداری هموار روی M
$\mathfrak{X}^1(M)$	مجموعه میدان‌های برداری هموار یکه روی (M, g)
$\Omega^p(M)$	مجموعه p-فرمی‌های روی خمینه M
Q	اپراتور ریچی
$\mathcal{R}$	تانسور انحنای ریمان
ric	تانسور ریچی
L	مشتق لی
Φ	۲-فرم اساسی خمینه تماسی
∇	التصاق لوی-چویتای
Δ	لاپلاسین ناهموار
∇^*	عملگر خودالحاق صوری القا شده از التصاق لوی-چویتای
g_s	متر ساساکی
∇	التصاق لوی-چویتای وابسته به متر ساساکی
Δ	عملگر لاپلاس-بلترامی روی p-فرم‌ها

فصل اول

پیشگفتار

عمومیت پیدا کردن داده‌های حجیم مانند داده‌های حجیم تحت وب و جریان داده‌های بزرگ در کاربردهای جدید، موجب به وجود آمدن فرصت‌های و چالش‌هایی برای مهندسین و دانشمندان شده است.[۵۳] برای مثال، زمانی که ماتریس داده $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ ابعادی در حد وب داشته باشد، عملیات ساده‌ای مانند محاسبه $\mathbf{AA}^T$ سخت می‌شود. برای ارائه و نگهداری داده‌های حجیم در حافظه‌ای کوچک و برای استخراج اطلاعات آماری اصلی از مجوعه‌ای از بیانی محدود، روش‌های گوناگونی نمونه‌برداری توسعه یافته است. به طور کلی روش نگاشت تصادفی پایدار [۱] برای داده‌های با دم سنگین خیلی خوب کار می‌کند.

روش نگاشت تصادفی پایدار، ماتریس داده‌های اولیه $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ شامل n مشاهده با D بعد را در ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}(k \ll D)$ ضرب می‌کند و نتیجه ماتریس $\mathbf{B} = \mathbf{AR} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ است. معمولا درایه‌های ماتریس تصادفی $\mathbf{R}$ به صورت i.i.d[۲] از یک توزیع α -پایدار متقارن انتخاب می‌شوند ($0 < \alpha \leq 2$). ما می‌توانیم مشخصه‌های l_α را در $\mathbf{A}$ بر اساس $\mathbf{B}$ تخمین بزنیم. در مورد حالت l_2 مزیت توزیع تصادفی پایدار توسط لم JL[۳] [۴۸] برجسته شده است. لم JL بیان می‌دارد که کافی است $k = O(\frac{\log n}{\epsilon^2})$ باشد تا هم فاصله دو به دویی با نرم l_α در $\mathbf{A}$ را بتوان با ضریب $1 \pm \epsilon$ از روی ماتریس $\mathbf{B}$ تخمین زد. در رساله پینگ لی[۴] [۵۳] لمی مشابه لم JL برای $0 < \alpha < 2$ اثبات شده است. روش نگاشت تصادفی پایدار به یک مسئله تخمین آماری کاهش می‌یابد برای تخمین پارامتر مقیاس برای یک توزیع پایدار α متقارن. این مسئله از این جهت مورد توجه قرار می‌گیرد زیرا ما به دنبال برآوردی می‌گردیم که هم از نظر آماری درست باشند و هم از نظر محاسباتی مقرون به صرفه. برآوردگرهای مختلفی را مطالعه و مقایسه کردیم. شامل میانگین حسابی، میانگین هندسی، میانگین هارمونیک، تقسیم توانی [۵] و برآوردگر حداکثر بزرگنمایی.

در این پایان‌نامه ما به بررسی موارد خاصی از نگاشت تصادفی پایدار می‌پردازیم. برای نرم l_2 ارتقایی را با استفاده از اطلاعات حاشیه‌ای پیشنهاد می‌کنیم. همچنین برای حالت l_2 می‌توان ماتریس نگاشت‌گر را از یک توزیع زیرگاوسی [۶] بسیار کوچکتر به جای توزیع نرمال انتخاب کرد. با در نظر گرفتن محدودیت‌های معقولی می‌توان، از یک توزیع خاص زیر گاوسی استفاده کرد. این توزیع شامل $[-1, 0, 1]$ با احتمالات

[1] stable random projection
[2] independent and identically distributed random variables
[3] Johnson-Lindenstrauss
[4] Ping Li
[5] fractional power
[6] sub-Gaussian

$\{\frac{1}{2s}, 1-\frac{1}{s}, \frac{1}{2s}\}$ با مقادیر بسیار بزرگی برای s (به عبارتی، نگاشت تصادفی خیلی تُنُک [۷]) می‌تواند به خوبی نگاشت تصادفی نرمال عمل کند. برای حالت نرم l_1 به عبارتی دیگر نگاشت تصادفی کوشی [۸] انجام تخمین کاری نسبتا جذاب است. برای مثال، محاسبه برآوردگر بیشینه درستنمایی MLE در این حالت از لحاظ محاسباتی ممکن است. و یک توزیع معکوس گاوسی [۹] برای مدل‌سازی دقیق توزیع MLE بیان شده است.

روش نگاشت تصادفی از پراکندگی داده‌ها استفاده‌ای نمی‌کند. در حالی که داده‌های بزرگ مقیاس معمولا بسیار پراکنده هستند. از روش نگاشت تصادفی می‌توان برای حل مسائل بزرگ مقیاس در علوم و مهندسی در موتورهای جستجو و سیستم‌های اخذ داده، پایگاه‌های داده، سیستم‌های جریان داده جدید، جبر خطی عددی و بسیاری از کارهای یادگیری ماشین و داده کاوی که شامل محاسبه حجیم فاصله‌ها است، استفاده کرد.

در فصل بعد مروری بر متون مربوط، خواهیم داشت. در ابتدا کاهش بعد و روش‌های مرسوم برای آن را معرفی می‌کنیم. سپس به خوشه‌بندی روش‌های آن خواهیم پرداخت و در ادامه شاخص‌هایی را معرفی خواهیم کرد که کارامدی خوشه‌بندی را مورد بررسی قرار می‌دهند. در ادامه همین فصل موضوع داده‌های حجیم و اهمیت آن را با معرفی مثال‌هایی شرح خواهیم داد. نگاشت تصادفی را به عنوان راه حلی برای مسئله‌ی نمونه‌گیری از داده‌های حجیم بررسی می‌کنیم و در نهایت به کاربردهای آن خواهیم پرداخت. در فصل سوم مسئله‌ی نگاشت تصادفی پایدار و انواع آن را بررسی می‌کنیم و مبانی این روش مزایا و معایب هر یک از انواع آن را شرح خواهیم داد. در فصل چهارم نحوه‌ی پیاده‌سازی و داده‌های مورد استفاده را شرح می‌دهیم. در فصل پنج هم نتایج مقایسه‌ای را مطرح کرده و به طبقه‌بندی کارهای بعدی ممکن می‌پردازیم.

[7] very sparse random projections
[8] Cauchy random projection
[9] inverse Gaussian

فصل دوم
کاهش بعد و داده‌های بزرگ مقیاس

۲-۱ کاهش بعد

۲-۱-۱ تحلیل مؤلفه‌های اصلی

تحلیل چند متغیره معمولا بر روی داده‌هایی که شامل تعداد زیادی از متغیرهای مرتبط با هم هستند انجام می‌شود. روش تحلیل مؤلفه‌های اصلی(PCA)[۱] یک ابزار کاهش بعد است که می توان از آن برای کاهش یک مجموعه‌ی بزرگ از متغیرها به مجموعه‌ی کوچکتری که غالب اطلاعات مجموعه‌ی بزرگ را دارد استفاده کرد.

روش تحلیل مؤلفه‌های اصلی استفاده از یک تابع ریاضی است که تعدادی متغیر (احتمالا) همبسته را به تعداد (کمتر یا مساوی) متغیرهای غیرهمبسته به نام «مؤلفه‌های اصلی» تبدیل می‌کند.

بیشترین میزان اطلاعات ممکن در داده در اولین مؤلفه اصلی ثبت می‌شود. بیشترین میزان اطلاعات ممکن باقیمانده به ترتیب در مؤلفه‌های بعدی ثبت می‌شوند.

تحلیل مؤلفه‌های اصلی مشابه یک تابع چند متغیره دیگر به نام تحلیل عاملی است. این دو روش در موارد زیادی با یکدیگر اشتباه گرفته می‌شوند، و تفاوت بین این دو، و انواع تحلیل هایی که هر یک برایشان مناسب تر هستند به درستی تشخیص داده نمی‌شود. به طور سنتی، تحلیل مؤلفه های اصلی بر روی ماتریس های متقارن مربعی انجام می شود. این ماتریس‌ها می تواند یکی از انواع SSCP[۲] (مجموع خالص مربعات و ضرب های داخلی)، ماتریس کوواریانس[۳] (مجموع مقیاس شده مربعات و ضرب های داخلی)، یا ماتریس همبستگی[۴] (مجموع مربعات و ضرب های داخلی داده های استاندارد شده) باشد.

نتایج تحلیل روی ماتریس‌های از نوع SSCP و کوواریانس تغییری ندارند، چرا که تغییرات آنها فقط در یک ضریب مقیاس قابل مشاهده است.

اهداف تحلیل مؤلفه‌های اصلی

تحلیل مؤلفه‌های اصلی فضای مشخصه‌ها را از تعداد زیادی متغیر به تعداد کمتری عامل کاهش می‌دهد، و یک تابع «غیر وابسته» است (یعنی نیازی وجود ندارد که یک متغیر وابسته تعیین شده باشد). تحلیل مؤلفه های اصلی یک روش کاهش یا فشرده سازی ابعاد است. هدف، کاهش بعد است و تضمینی وجود ندارد که این ابعاد قابل تفسیر باشند. در نهایت، انتظار آن است که زیرمجموعه‌ای از متغیرها از یک

[1] principal components analysis
[2] pure sums of squares and cross products
[3] covariance
[4] correlation

مجموعه بزرگتر انتخاب شود، به گونه‌ای که متغیرهای اولیه بیشترین همبستگی را با مؤلفه اصلی داشته باشند.

تحلیل مؤلفه‌های اصلی به دنبال رسیدن به ترکیبی خطی از متغیرها است، به گونه ای که بیشینه واریانس از آنها قابل استخراج باشد. پس از آن، این واریانس حذف شده و ترکیب خطی دومی جستجو می‌شود که بیشینه باقی‌مانده واریانس را توصیف می‌کند، و این روند ادامه پیدا می کند. به این روش، روش محور اصلی گفته می شود و عامل های متعامد غیرهمبسته را به دست می‌دهد. تحلیل مؤلفه‌های اصلی، واریانس (مشترک و یکتای) کل را شرح می‌دهند.

ویژه بردارها: مؤلفه‌های اصلی، هر دو واریانس مشترک و یکتای متغیرها را منعکس می‌کنند و بنابراین ممکن است که این روش به عنوان یک روش واریانس محور دیده شود که هم به دنبال بازتولید واریانس متغیر کل با تمام مؤلفه‌ها و هم بازتولید همبستگی‌ها است. مؤلفه های اصلی، ترکیب های خطی از متغیرهای اولیه هستند که بر اساس میزان سهمشان در به وجود آمدن واریانس در یک بعد متعامد مشخص، وزن دهی می‌شوند. وزن‌های داده شده برای هر یک از مؤلفه‌های اصلی نسبت به داده‌های اولیه، ویژه بردارها هستند.

ویژه مقدارها: ویژه مقدار یک مؤلفه، واریانس همه‌ی متغیرهایی را که به آن عامل مرتبط هستند اندازه گیری می کند. نسبت ویژه مقدارها، نسبت اهمیت توصیفی عامل ها با توجه به متغیرها است. اگر یک عامل دارای ویژه مقدار پایین باشد، نشانگر آن است که اثر کمی روی توصیف واریانس در متغیرها دارد، و ممکن است از آن در مقابل عامل های مهمتر چشم پوشی شود. در ویژه مقدارها میزان تغییر در نمونه کل حساب شده است.

ویژه مقدار یک عامل ممکن است حاصل جمع مربعات عامل های تمامی متغیرها باشد. باید توجه شود که ویژه مقدارهای مرتبط با راه حل های دورانی و غیردورانی متفاوت خواهند بود، اگرچه مقدار کل آنها یکسان است.

برای به دست آوردن واریانس همه متغیرها که توسط عامل لحاظ می شود، مجموع مربعات بارگذاری های عامل برای آن عامل (ستون) را جمع کرده، و بر تعداد متغیرها تقسیم می کنیم. (توجه کنید که تعداد متغیرها برابر با مجموع واریانس آنهاست، چرا که واریانس یک متغیر استاندارد شده مساوی با ۱ است). این کار مشابه تقسیم ویژه مقدار عامل بر تعداد متغیرها است.

امتیاز PC : این امتیازها، امتیازهای هر نمونه (ردیف) در هر عامل (ستون) هستند. امتیاز عامل برای یک نمونه و برای یک عامل داده شده، به صورت مجموع حاصل ضرب امتیاز استاندارد نمونه در هر متغیر با بارگذاری عامل مربوطه برای عامل داده شده محاسبه می‌شود. [۱]

۲-۲ خوشه‌بندی و شاخص‌های سنجش

۲-۲-۱ شاخص رند تعدیل شده

برای مقایسه نتایج خوشه‌بندی در کنار شاخص‌های بیرونی، نیازمند معیارهای مورد توافق هستیم. برای مجموعه‌ی n عضوی $S = \{O_1, \ldots, O_n\}$، فرض کنید که $U = \{u_1, \ldots, u_R\}$ و $V = \{v_1, \ldots, v_R\}$ نمایانگر دو افراز متفاوت از عضوهای S هستند به گونه ای که $\bigcup_{j=1}^{C} v_j = S = \bigcup_{i=1}^{R} u_i$ و $u_i \cap u_{i'} =$ $v_j \cap v_{j'} = \emptyset$ برای $1 \leq i \neq i' \leq R$ و $1 \leq j \neq j' \leq C$. فرض کنید که U شاخص خارجی و V نتیجه خوشه‌بندی است. فرض کنید a تعداد جفت عضوهایی باشد که در یک کلاس یکسان U و خوشه یکسان V هستند، b تعداد جفت عضوهایی باشد که در یک کلاس یکسان U اما خوشه متفاوت V هستند، c تعداد جفت عضوهایی باشد که در یک کلاس متفاوت U و خوشه یکسان V هستند، و d تعداد جفت عضوهایی باشد که در یک کلاس متفاوت U و خوشه متفاوت V هستند. می‌توان مقادیر a و d را به عنوان موارد توافق، و مقادیر b و c را به عنوان موارد عدم توافق تعریف کرد. شاخص رند[۵] [۶۱] به سادگی به صورت $\frac{a+b}{a+b+c+d}$ تعریف می‌شود. شاخص رند عددی بین ۰ و ۱ است. زمانی که دو خوشه کاملا در حالت توافق باشند، مقدار شاخص رند برابر با ۱ خواهد بود.

یکی از مشکلات شاخص رند آن است که مقدار مورد انتظار شاخص رند دو خوشه تصادفی یک مقدار ثابت (به عنوان مثال صفر) نیست. مقدار شاخص رند تعدیل شده[۶] پیشنهادی توسط هوبرت و اربی[۷] [۴۳] بر پایه این فرض است که توزیع فوق‌هندسی[۸] تعمیم یافته برای مدل تصادفی استفاده می‌شود، به عبارت دیگر خوشه های U و V به شکلی تصادفی انتخاب می‌شوند که تعداد عضوهای کلاس‌ها و خوشه‌ها ثابت باشد. فرض کنید n_{ij} تعداد عضوهایی باشد که هم در کلاس u_i و هم در خوشه v_j هستند. در نظر بگیرید $n_{i.}$ و $n_{.j}$ به ترتیب تعداد اعضا در کلاس u_i و خوشه‌ی v_i هستند. تمامی این نشانه‌گزاری‌ها در جدول جدول ۲-۱ بیان شده‌اند.

شکل کلی شاخص با در نظر گرفتن مقادیر انتظاری ثابت بدین شکل است که $\frac{\text{شاخص} - \text{مقدار مورد انتظار شاخص}}{\text{حداکثر شاخص} - \text{مقدار مورد انتظار شاخص}}$ که از بالا به یک محدود است و زمانی که شاخص مقدار مورد انتظار را داشته باشد صفر می‌شود.

بر اساس مدل جنرال فوق‌هندسی، می‌توان نشان داد [۴۴] :

[5] Rand index
[6] adjusted Rand index
[7] Hubert and Arabie
[8] hypergeometric

جدول ۲-۱: نشانه‌گزاری برای جدول پیشایندی مقایسه دو بخش

Class \Cluster	v_1	v_2	$\ldots$	v_C	Sums
u_1	n_{11}	n_{12}	$\ldots$	n_{1C}	$n_{1.}$
u_2	n_{21}	n_{22}	$\ldots$	n_{2C}	$n_{2.}$
$\vdots$	$\vdots$	$\vdots$	$\ddots$	$\vdots$	$\vdots$
u_R	n_{R1}	n_{R2}	$\ldots$	n_{RC}	$n_{R.}$
Sums	$n_{.1}$	$n_{.2}$	$\ldots$	$n_{.C}$	$n_{..} = n$

$$E\left[\sum_{i,j}\binom{n_{ij}}{2}\right] = \left[\sum_i\binom{n_{i.}}{2}\sum_j\binom{n_{.j}}{2}\right]/\binom{n}{2} \tag{۲-۱}$$

عبارت $a+b$ می‌تواند به تبدیل خطی $\sum_{i,j}\binom{n_{ij}}{2}$ ساده‌سازی شود. شاخص رند تعدیل شده می‌تواند به شکل زیر ساده‌سازی شود: [۴۴]

$$\frac{\sum_{i,j}\binom{n_{ij}}{2} - \left[\sum_i\binom{n_{i.}}{2}\sum_j\binom{n_{.j}}{2}\right]/\binom{n}{2}}{\frac{1}{2}\left[\sum_i\binom{n_{i.}}{2}+\sum_j\binom{n_{.j}}{2}\right] - \left[\sum_i\binom{n_{i.}}{2}\sum_j\binom{n_{.j}}{2}\right]/\binom{n}{2}} \tag{۲-۲}$$

با مثالی به بیان تعدیل انجام شده می‌پردازیم. جدول ۲-۲ یک جدول پیشایندی به شکل جدول پیشایند در جدول ۲-۱ است.

جدول ۲-۲: مثال ۱ بررسی شاخص رند تعدیل شده در یک حالت ساده

Class \Cluster	v_1	v_2	v_3	*Sums*
u_1	1	1	0	2
u_2	1	2	1	4
u_3	0	0	4	4
Sums	2	3	5	$n = 10$

a به عنوان تعداد جفت اشیاءی در که یک رده در U و یک خوشه در V قرار دارند. بنابراین a می‌تواند به شکل $\sum_{i,j}\binom{nij}{2}$ نوشته شود. در مثال جدول ۲-۲ ، $a = \binom{2}{2}+\binom{4}{2} = 7$. b به عنوان تعداد جفت اشیاءی که هر دو در یک رده هستند در U ولی در V در دو خوشه‌ی متفاوت جای دارند. با توجه به الگوی نوشتار جدول ۲-۱ b را می‌تواند به شکل $\sum_i\binom{n_i}{2} - \sum_{i,j}\binom{n_{ij}}{2}$ بازنویسی کرد. در مثال جدول ۲-۲ ، $b = \binom{2}{2}+\binom{4}{2}+\binom{4}{2}-7 = 6$. همچنین c به طور مشابه تعداد جفت اشیاءی

که در یک خوشه در V قرار دارند ولی در یک رده در U قرار ندارند، تعریف می‌شود. پس c به شکل $\sum_j \binom{n_{.j}}{2} - \sum_{i,j} \binom{n_{ij}}{2} = \binom{2}{2} + \binom{3}{2} + \binom{5}{2} - 7 = 7$ و d تعداد جفت اشیاءی است که نه در U در یک رده قرار دارند و نه در V در یک خوشه. از آنجا که $a+b+c+d = \binom{n}{2}$ پس $d = \binom{10}{2} - 7 - 6 - 7 = 25$. شاخص رند برای مقایسه دو بخش در مثال جدول ۲-۲ $\frac{7+25}{45} = 0.711$ است. در حالی که شاخص رند تعدیل شده، $\frac{7-14\times13/45}{(14+13)/2-14\times13/45} = 0.313$ (برای تعریف شاخص رند تعدیل شده به رابطه‌ی (۲-۲) مراجعه کنید). شاخص رند بسیار بیشتر از شاخص رند تعدیل شده است، که این موضوع معمولی است. از آنجا که شاخص رند بین 0 و 1 است، مقدار مورد انتظار شاخص رند (که مقداری ثابت نیست) باید بزرگتر مساوی ۰ باشد. از طرفی دیگر، مقدار مورد انتظار شاخص رند تعدیل شده 0 است و بیشترین مقدار آن هم 1 می‌باشد. بنابراین، محدوده‌ی بیشتری از مقادیر توسط شاخص رند تعدیل شده بیان می‌شوند و حساسیت شاخص زیاد می‌شود.

در [۵۸]، اندیس‌های مختلفی برای تطابق دو تفکیک مختلف در خوشه‌بندی و برای تعداد مختلفی خوشه مورد بررسی قرار گرفته‌اند و پیشنهاد آن‌ها شاخص رند تعدیل شده بود. ما شاخص رند تعدیل شده را به عنوان سنجه‌ای برای توافق معیار خارجی و نتایج خوشه‌بندی قرار دادیم. [۶۸]

۲-۳ داده‌های حجیم

عبارات زیر از سایت *Information Week* نقل قول شده‌اند [۲] :

- مقدار داده‌ای که توسط کسب و کارها ذخیره می‌شود تقریبا هر ۱۲ تا ۱۸ ماه دو برابر می‌شود.
- پایگاه داده‌ها بیشتر هم زمان شده‌اند. فروشگاه‌های زنجیره‌ای Wall-Marat داده‌های فروش را هر ساعت به روز می‌کند.
- اضافه شدن یک میلیون خط داده اجازه جستجوهای پیچیده‌تری را می‌دهد. شرکت eBay به کارمندان اجازه می‌دهد برای بدست آوردن درکی عمیق‌تر در خصوص رفتار مشتریان در میان داده‌های حراج در بازه‌های زمانی کوتاه جستجو کنند.
- بزرگترین پایگاه داده‌ها توسط، مرکز شتابدهنده خطی استاندارد، مرکز تحقیقات ناسا، آژانس امنیت ملی و ... در ابعادی در محدوده‌ی پتابایت (هزار ترابایت 10^{15} بایت)، اداره می‌شوند.

پدیده نو ظهور مجموعه داده‌های حجیم، چالش‌های محاسباتی در بسیاری کاربردهای علمی و تجاری به وجود آورده است. شامل اخترفیزیک، بیوتکنولوژی، جمعیت شناسی[۹] ، مالی، سیستم‌های اطلاعات جغرافیایی، دولت، دارو، ارتباطات از راه دور، محیط زیست، اینترنت.

۲-۳-۱ داده‌های حجیم وب

وب چقدر بزرگ است؟ جدول ۲-۳ نشان‌دهنده تعداد بازدید صفحات در موتورهای جستجوی امروزی است. به طور تخمینی حدود $D = 10^{10}$ صفحه‌ی وب را می‌توان بر اساس بازدید دو واژه‌ی بسیار پر کاربرد « A » و « THE » تخمین زد. جدول ۲-۳ همچنین نشان می‌دهد که حتی کلماتی که به ندرت کاربرد دارند هم تعداد زیادی بازدید دارند.

جدول ۲-۳: تعداد بازدید صفحات برای کلمات با بازخورد بالا و کلمات با بازخورد نادر

Query	Google	Bing
A	25,270,000,000	175,000,000
The	25,270,000,000	101,000,000
Kalevala	7,440,000	939,000
Griseofulvin	1,163,000	332,000
Saccade	1,030,000	388,000

کلماتی با بازخورد معمولی چه میزان بازدید دارند؟ برای جواب این سوال ما به طور تصادفی ۱۵ صفحه از لغتنامه‌ی آموزشی انتخاب می‌کنیم. [۴۲] (لغتنامه‌ای با ۵۷،۱۰۰ کلمه) و اولین کلمه در هر صفحه را مد نظر قرار می‌دهیم. میانه‌ی آماری بر اساس جستجوگر گوگل ۱۰ میلیون صفحه برای کلمه است.

زبان انگلیسی چند کلمه دارد؟ در اینجا عبارتی را از AskOxford.com نقل قول می‌کنیم:

« این بیان می‌دارد که حداقل یک چهارم میلیون واژه‌ی انگلیسی مستقل وجود دارد. به جز افعال صرفی و کلمات فنی و ناحیه‌ای که توسط OED[۱۰] تحت پوشش قرار نمی‌گیرند یا کلماتی که هنوز به لغتنامه‌های منتشر شده اضافه نشده‌اند. در صورتی که این موارد هم در نظر گرفته شوند تعداد لغات در حدود سه چهارم میلیون لغت خواهد بود »

بنابراین اگر یک ماتریس «عبارت به سند» $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ در نظر بگیریم. در ابعاد وب این ماتریس در ابعاد $n \approx 10^6$ و $D \approx 10^{10}$ بزرگ خواهد شد. در اینجا عدد (i, j) در $\mathbf{A}$ تعداد ظهور واژه i در سند j

[9] demographics

[10] Oxford english dictionary

را نشان می‌دهد.

کارکردن با ماتریسی در این ابعاد بزرگ چالش برانگیز است. برای مثال، شاخص LSI[11] [۳۰] و یک مدل موضوعی فراگیر، از SVD[12] بر روی ماتریس عبارت به سند استفاده می‌کند. که انجام این عملیات در ابعاد وب قطعا غیرممکن است.

یک مشکل اصلی در قبال مجموعه داده‌های سنگین، حافظه کامپیوتر است. به این دلیل که ابعاد و سرعت حافظه فیزیکی بسیار رشد کمتری در مقایسه با پردازنده‌ها (CPU) دارد. این پدیده به عنوان دیوار حافظه شناخته می‌شود [۵۷، ۶۷] . برای مثال، هر چند ممکن است تمامی رخدادهای همزمان دوتایی از پیش محاسبه شوند، ولی نگهداری این حجم از داده در حافظه غیر ممکن است. علاوه بر این، گاهی اوقات تخصیص‌هایی با بیش از دو عامل هم اهمیت پیدا می‌کنند زیرا درخواست‌ها ممکن است شامل بیش از دو واژه هم باشند. یک راه حل ممکن این است که یک «نمونه» از **A** نگهداری شود و همزمانی‌ها بر اساس این نمونه در حین کار تخمین زده شوند. ما حدس می‌زنیم که این روش توسط موتورهای جستجوی امروزی مورد استفاده قرار می‌گیرد، هر چند که روش واقعی قطعا جزو اسرار تجاری آن‌ها است.

هر چند که انتظار می‌رود تخمین‌ها سازگار باشند و فرکانس‌های جفت شده باید با افزایش عبارت به درخواست، کاهش پیدا کنند. جدول ۲-۴ نشان می‌دهد که تخمین‌های بیان شده با موتورهای جستجوی فعلی، همیشه سازگار نیستند.

جدول ۲-۴: با افزایش تعداد عبارات در درخواست، باید فرکانس‌های جفت شده کاهش پیدا کنند. ولی تخمین‌های بیان شده توسط موتورهای جستجو گاهی این موضوع تثبیت شده را نقض می‌کنند.

Query	Hits(Bing)	Hits(Google)
America	150,731,182	393,000,000
America & China	15,240,116	66,000,000
America & China & Britain	235,111	6,090,000
America & CHina & Britain & Japan	154,444	23,300,000

با اینکه، تعداد کل واژه‌های انگلیسی (که به‌طور صحیح نوشته شده‌اند) هم اکنون شگفت‌انگیز است، در بسیاری کاربردهای متن کاوی، ما باید با ابعاد بسیار بزرگتری سر و کار داشته باشیم. در حالی که یک سند ممکن است بیانگر برداری از تک واژه‌ها باشد (به عبارت دیگر، مدل کیسه لغات[13]). معمولا بهتر

[11] latent semantic indexing
[12] singular value decomposition
[13] bag-of-words

است سند به عنوان یک بردار از لغات به صورت l پیوسته [14] [۲۱] بیان شود. برای مثال، با استفاده از مدل ۳ پیوسته، جمله‌ی "It is a nice day" به مجموعه‌ی زیر تجزیه می‌شود. {"it is a", "is a nice", "a nice day"} این مدل به طور چشمگیری ابعاد داده‌ها را افزایش می‌دهد. به خاطر اینکه، اگر مجموعه‌ی 10^6 تک لغت انگلیسی موجود داشته باشد. مدل ۳ پیوسته تعداد ابعاد را از 10^6 به 10^{18} افزایش می‌دهد.

۲-۳-۲ جریان داده‌های حجیم

در بسیاری کاربردهای جدید پردازش داده، جریان‌های داده‌ی حجیم نقش بنیادی دارند. جریان‌های داده‌ای که از روترهای اینترنت، سوئیچ‌های تلفن، رصد اتمسفر، شبکه‌های سنسور، شرایط ترافیکی بزرگراهی، داده‌های مالی و غیره [۸، ۵۹، ۲۹، ۱۴، ۴۵، ۵۰، ۴۱] حاصل می‌شوند.

برخلاف پایگاه داده‌های سنتی، معمول نیست که جریان‌های داده‌ی حجیم (که با سرعت زیادی منتقل می‌شوند) در جای نگهداری شوند. بنابراین پردازش معمولا به طور همزمان انجام می‌شوند. برای مثال، گاهی اوقات «رصد تصویری» داده‌ها با رصد تغییرات زمانی برخی آماره‌ها کفایت می‌کند. برای مثال آماره‌های نظیر: مجموع، تعداد آیتم‌های مجزا، برخی نرم‌های l_α . در برخی کاربردها (برای مثال، طبقه‌بندی صدا/محتوا و جدا سازی) نیاز است یک مدل یادگیری آماری برای رده‌بندی[15] یا خوشه‌بندی[16] جریان داده‌های حجیم تدوین شود. ولی معمولا فقط می‌توانیم یک‌بار داده‌ها را مورد بررسی قرار دهیم.

یک خاصیت مهم جریان‌های داده‌ای این است که دینامیک هستند. به عنوان یک مدل محبوب، جریان u شامل ورودی‌های (i, u_i) است که $i = 1 \text{to} D$. برای مثال، $D = 2^{64}$ زمانی که جریان بیان‌گر IP آدرس‌ها است.[17] ورودی‌ها ممکن است به هر ترتیبی باشند و ممکن است مرتبا به روز شوند. ذات دینامیک جریان داده‌های حجیم فرآیند نمونه‌گیری را بسیار چالش‌برانگیزتر از زمانی می‌کند که با داده‌های ایستا سر و کار داریم.

[14] l-shingles
[15] classification
[16] clustering
[17] هرچند ما بیشتر اوقات تعداد دقیق ابعاد (D) یک جریان داده را نمی‌دانیم ولی در بیشتر کاربردها کافی است حد بالایی محافظه‌کارانه‌ای را در نظر بگیریم. برای مثال $D = 2^{64}$ زمانی که جریان بیانگر IP های ورودی است. همچنین این یکی از دلایلی است که داده‌ها بسیار پراکنده هستند. به این نکته توجه داشته باشید که ابعاد بسیار بزرک تاثیری در محاسبه‌ی فاصله‌ها و نمونه‌گیری طی الگوریتم‌های معرفی شده در این پایان‌نامه ندارد.

۴-۲ چالش‌های نمونه‌گیری از داده‌های حجیم

در حالی که مسائل جذاب و چالش‌برانگیزی با ورود داده‌های حجیم شکل گرفته‌اند، این پایان‌نامه بر روی توسعه‌ی روش‌های کاهش‌بعد برای محاسبه فاصله در داده‌هایی با ابعاد بسیار بالا با استفاده از حافظه محدود تمرکز دارد.

در کاربردهای مدل‌سازی آماری و یادگیری ماشین، در اغلب موارد به جای داده‌های اصلی به فاصله، به خصوص فاصله‌ی جفتی نیاز داریم. برای مثال، محاسبه ماتریس گرام[۱۸] $\mathbf{AA^T}$ در آمار و یادگیری ماشین معمول است. $\mathbf{AA^T}$ بیانگر همه‌ی ضرب‌های داخلی دوتایی در ماتریس داده‌ی $\mathbf{A}$ است.

دو داده‌ی $u_1, u_2 \in \mathbb{R}^D$ داده شده‌اند. ضرب داخلی آن‌ها (که با a نمایش داده می‌شود) و l_α (که با $d_{(\alpha)}$ نمایش داده می‌شود)[۱۹] با عبارات زیر تعریف می‌شوند:

$$a = u_1^T u_2 = \sum_{i=1}^{D} u_{1,i} u_{2,i} \tag{۳-۲}$$

$$d_{(\alpha)} = \sum_{i=1}^{D} |u_1 - u_2|^\alpha \tag{۴-۲}$$

به این نکته توجه داشته باشید که هم ضرب داخلی و هم فاصله به شکل جمع D جمله تعریف می‌شوند. بنابراین، زمانی که داده‌ها به اندازه‌ای بزرگ مقیاس هستند که نمی‌توان به طور کارا آن‌ها را مدیریت کرد، انتخاب تصادفی ابعاد خیلی عادی به نظر می‌رسد تا بتوان با انتخاب تصادفی k عضو از D جمله تخمینی از مجموع به دست آوریم (با ضریب مقیاس $\frac{D}{k}$). در خصوص ماتریس داده‌ی $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ انتخاب تصادفی ابعاد [۲۰] ، k ستون را از ماتریس داده به طور یکنواخت و تصادفی انتخاب می‌کند.

کاهش بعد از این جهت سودمند است که هم دورهای کاری CPU را کاهش می‌دهد و هم در حافظه صرفه‌جویی می‌کند. در کاربردهای جدید، در اغلب موارد صرفه‌جویی در حافظه از اهمیت بیشتری برخوردار است. در نیم قرن گذشته گلوگاه محاسباتی حافظه بوده است، نه پردازشگر. سرعت پردازشگرها با نرخ تقریبی ۷۵ درصد در سال رو به افزایش است. در حالی که سرعت حافظه تقریبا سالی ۷ درصد

[18] Gram matrix

[۱۹] ما فاصله l_α را به صورت $d_{(\alpha)} = \sum_{i=1}^{D}|u_1 - u_2|^\alpha$ تعریف کرده‌ایم. به جای اینکه به شکل $(\sum_{i=1}^{D}|u_1 - u_2|^\alpha)^{1/\alpha}$ تعریف کنیم. زیرا شکل اول در کاربردهای عملی عمومیت بیشتری دارد. برای مثال، لم JL ، در ادبیات معمولا به شکل توان دو l_2 بیان می‌شود. $\sum_{i=1}^{D}|u_1 - u_2|^2$ به جای $(\sum_{i=1}^{D}|u_1 - u_2|^2)^{1/2}$. در این پایان‌نامه، ما برای سادگی $\sum_{i=1}^{D}|u_1 - u_2|^2$ را «فاصله l_2» بیان می‌کنیم به جای «مربع فاصله‌ی l_2».

[20] random coordinate sampling

افزایش می‌یابد [۵۷] . این پدیده به عنوان «دیوار حافظه»[21] شناخته می‌شود. [۵۷، ۶۷] بنابراین در کاربردهایی که شامل مجموعه داده‌های حجیم می‌شوند، بحرانی‌ترین کار بیان کردن داده‌ها است. برای مثال، از طریق کاهش بعد با فرمی فشرده برای قرارگیری در ابعاد حافظه در دسترس.

۲-۴-۱ مزایای کاهش بعد با انتخاب تصادفی ابعاد

نمونه‌گیری تصادفی ابعاد به دو دلیلی معمولا انتخاب پیش‌فرض است.

- **سادگی** این روش از لحاظ زمانی تنها از مرتبه $O(nk)$ برای نمونه‌گیری k ستون از $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n \times D}$ طول می‌کشد.

- **انعطاف پذیری** یک مجموعه نمونه را می‌توان برای تخمین بسیاری از شاخص‌های آماری استفاده کرد. شامل: ضرب داخلی، فاصله l_α (برای هر مقداری از α)

۲-۴-۲ معایب نمونه‌گیری تصادفی ابعاد

با این حال نمونه‌گیری تصادفی ابعاد دو ایراد اساسی دارد:

- معمولا دقیق نیست زیرا مقادیری با مقدار زیاد محتمل است که گم شوند. مخصوصا زمانی که داده‌ها دم سنگینی داشته باشند. داده‌های بزرگ مقیاس دنیای واقعی (مخصوصا داده‌های مربوط به اینترنت) همیشه دم‌سنگین هستند و از قاعده توانی پیروی می‌کنند. [۶۰، ۳۲، ۲۷، ۵۲] زمانی که فاصله l_2 یا ضرب داخلی را تخمین می‌زنیم. واریانس تخمین‌ها بر اساس ممان چهارم داده‌ها تعیین می‌شود. در حالی که در داده‌های دم سنگین، گاهی اوقات حتی ممان اول هم معنی‌دار نیست (محدود نیست) [۶۰] .

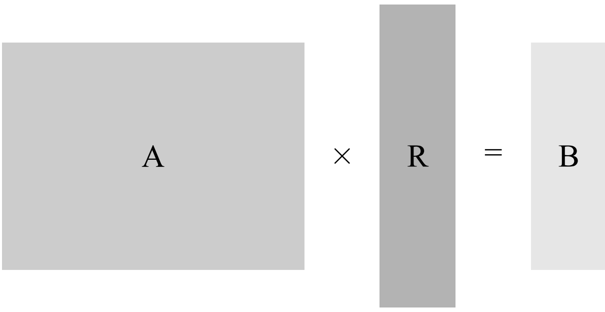
- این روش داده‌های پراکنده را به خوبی مدیریت نمی‌کند. بسیاری از داده‌های بزرگ مقیاس به شدت پراکنده هستند، به عنوان مثال، داده‌های متنی [۳۱] و داده‌های بر اساس بازار [۹، ۶۴] . به جز برخی واژه‌های کاربردی مانند "A" و "The" بیشتر لغات با نسبت بسیار کمی در مستندات ظاهر می‌شوند ($< 1\%$) اگر ما داده‌ها را با در نظر گرفتن تعدادی از ستون‌های ثابت، کاهش بعد دهیم. خیلی محتمل است که بیشتر داده‌های (مقادیر غیر صفر) را از دست بدهیم.به خصوص موارد جذابی که در دو نمونه، دو ستون با هم غیر صفر شده‌اند.

[21] memory wall

در این پایان‌نامه ما روش نگاشت تصادفی را مورد بررسی قرار می‌دهیم و نشان خواهیم داد که این روش به خوبی قابلیت مدیریت داده‌های دم‌سنگین را دارد.

۲-۵ نگاشت تصادفی پایدار

شکل ۲-۱ ، ایده نگاشت تصادفی را نشان می‌دهد. ایده اصلی نگاشت تصادفی ضرب ماتریس داده‌ی $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ در ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}(k \ll D)$ است. که حاصل ماتریس نگاشت شده‌ی $\mathbf{B} = \mathbf{A} \times \mathbf{R} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ است. $\mathbf{B}$ بسیار کوچکتر از $\mathbf{A}$ است و بنابراین به راحتی قابل ذخیره‌سازی است. (برای مثال: برای حافظه‌های فیزیکی به اندازه‌ی کافی کوچک است)



شکل ۲-۱: نگاشت تصادفی پایدار $\mathbf{B} = \mathbf{A} \times \mathbf{R}$ ، $\mathbf{A}$ ماتریس اولیه داده‌ها است.

ماتریس نگاشت‌گر $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ معمولا از درایه‌های مستقل هم توزیع (i.i.d) یک توزیع متقارن α-پایدار پر شده است. [۶۹] (بنابراین نام این روش «نگاشت تصادفی پایدار» است.) بر اساس مشخصات توزیع‌های α-پایدار، داده‌های نگاشت شده هم از توزیع α-پایدار پیروی می‌کنند. که بر اساس آن‌ها شاخص‌های l_α و فاصله دودویی l_α در $\mathbf{A}$ تخمین زده می‌شوند و می‌توانیم داده‌های اصلی را دور بریزیم.

موفقیت نگاشت تصادفی پایدار توسط لم JL[۲۲][۴۸] برای کاهش بعد در l_2 نشان داده شده است. لم JL بیان می‌کند: رعایت $k = O\left(\frac{\log n}{\epsilon^2}\right)$ تضمین می‌کند هر فاصله l_2 میان n نقطه در هر تعداد بعدی با دقت $1 \pm \epsilon$ با احتمال بالایی تخمین زده شود. (k در اینجا بیانگر تعداد ابعاد کاهش یافته است)

با این حال لم JL برای نرم‌های فاصله با α کوچکتر از ۲ $l_\alpha(\alpha < 2)$ صادق نیست. در صورتی که لازم باشد از برآوردگرهایی استفاده کنیم که متریک باشند (در نامساوی مثلثی صدق کنند). به این نتیجه «عدم امکان»[۲۳] گفته می‌شود. [۲۲، ۵۱، ۱۹] خوشبختانه شامل برآوردگرهایی که متریک نیستند نمی‌شود. در این پایان‌نامه ما در مورد برآوردگرهای گوناگونی که متریک نیستند صحبت خواهیم کرد.

[22] Johnson-Lindenstrauss

[23] impossibility

شامل: میانگین هندسی[24] ، میانگین هارمونیک[25] ، توان نسبی[26] و همچنین حداکثر بزرگنمایی.

۲-۶ کاربردها

علاقه‌ی زیادی به فنون کاهش بعد وجود دارد که در کاربردهای زیادی مورد استفاده قرار می‌گیرند. مانند: قانون وابستگی[27] [۱۶، ۱۷] ، خوشه‌بندی، بهینه‌سازی درخواست[28] [۵۵، ۲۴] ، تشخیص تکراری[29] [۲۱، ۱۵] و بسیاری موارد دیگر. روش‌های کاهش بعد هر چه بیشتر و بیشتر برای مجموعه‌های بزرگتر اهمیت پیدا می‌کنند.

طرح برودر[30] [۲۱] در ابتدا برای تشخیص صفحات وب تکراری معرفی شد. URLهای زیادی به HTMLهای مشابه (یا تقریبا مشابه) اشاره می‌کنند. جواب‌های برآورد شده به اندازه‌ی کافی خوب بودند. نیازی نبود تا همه تکراری‌ها پیدا شوند ولی کاربردی بود که تعداد زیادی از آن‌ها پیدا شوند، بدون اینکه بیش از ارزش آن از توان محاسباتی استفاده شود.

در کاربردهای بازیابی اطلاعات (IR)[31] معمولا گلوگاه حافظه‌ی فیزیکی است. زیرا مجموعه‌ی وب برای حافظه (RAM) بسیار بزرگ است و از طرفی ما می‌خواهیم زمان گشتن به دنبال داده‌ها بر روی دیسک را کمینه کنیم. زیرا زمان پاسخ به یک درخواست کلیدی است. [۱۸] به عنوان یک وسیله صرفه‌جویی در فضا، کاهش بعد یک ارائه فشرده از داده‌ها فراهم می‌کند که برای تولید جواب‌های تخمینی در حافظه فیزیکی مورد استفاده قرار می‌گیرند.

ما به بازدید صفحات وب اشاره کردیم. اگر ما یک عبارت جستجوی دو کلمه‌ای داشته باشیم، می‌خواهیم بدانیم چه تعداد از صفحات هر دو کلمه را دارند. فرض می‌کنیم محاسبه‌ی از قبل و نگهداری بازدید صفحات غیر ممکن باشد. حداقل نه برای کلماتی که تکرار زیادی ندارند و سری‌های چند کلمه‌ای.

مرسوم است که در بازیابی اطلاعات با یک ماتریس بزرگ عبارت به ازای سند شروع کنیم که در آن مقادیر ورودی نشان‌دهنده‌ی وجود عبارت در متن است. بنا به کاربردهای خاص می‌توانیم یک اندیس معکوس[32] بسازیم و کلیتی از عبارات (برای تخمین ارتباط لغات) یا اسناد (برای تخمین شباهت اسناد)

[24] geometric mean
[25] harmonic mean
[26] fractional power
[27] association rules
[28] query optimization
[29] duplicate detection
[30] Broder's sketch
[31] information retrieval
[32] inverted index

نگهداری کنیم.

۲-۶-۱ کاوش قوانین وابستگی

تحلیل‌های مبتنی بر بازار و قوانین وابستگی [۱۰، ۱۱، ۱۲] ابزارهای مناسبی برای کاوش پایگاه داده‌های تجاری هستند. پایگاه داده‌های تجاری روز به روز بزرگتر و تُنُک‌تر می‌شوند [۹، ۶۴] و الگوریتم‌های مختلف نمونه‌برداری برای آن‌ها، پیشنهاد شده است. نمونه برداری این امکان را فراهم می‌کند تا قواعد تخصیص را به صورت آنلاین برآورد کنیم، که می‌تواند مزایایی را در برخی کاربردهای خاص داشته باشد.

۲-۶-۲ همه‌ی جفت تخصیص‌ها (فاصله‌ها)

در بسیاری از موارد کاربرد، شامل رده‌بندی فاصله محور یا خوشه‌بندی و مدل‌سازی زبان با بای‌گرام[۳۳] [۲۶] ما نیازمند محاسبه‌ی همه‌ی جفت تخصیص‌ها (یا فاصله‌ها) هستیم. ماتریس داده‌ی $\mathbf{A}$ شامل n سطر و D ستون داده شده است. محاسبه‌ی مستقیم $\mathbf{A}\mathbf{A}^T$ ، هزینه‌ای از مرتبه‌ی $O(n^2D)$ دارد.در شرایطی که $\bar{f}$ را برابر با میانگین تعداد مقادیر غیر صفر در تمام سطرهای $\mathbf{A}$ در نظر بگیریم، این هزینه از مرتبه‌ی $O(n^2\bar{f})$ است. محاسبه مستقیم می‌تواند بسیار زمان‌بر باشد. به علاوه، زمانی که ماتریس داده آنقدر بزرگ است که در حافظه فیزیکی جا نمی‌شود، محاسبه بیش از پیش ناکارآمد خواهد بود.

۲-۶-۳ برآورد فاصله‌ها به طور آنلاین

در حالی که ماتریس داده‌ی اولیه $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ ممکن است برای حافظه‌ی فیزیکی بسیار بزرگ باشد، نگهداری[۳۴] همه جفت فاصله‌ها و جفت تخصیص‌ها در $\mathbf{A}$ ، فضای $O(n^2)$ را اشغال می‌کند. این می‌تواند برای حافظه‌ی فیزیکی بسیار بزرگ باشد. این در شرایطی است که وابستگی‌های چندتایی را کنار بگذاریم، که در نظر گرفتن آن‌ها شرایط را بسیار سخت‌تر خواهد کرد. در بسیاری از کاربردها نظیر یادگیری برخط، سیستم‌های توصیه آنلاین، تحلیل‌های بازار برخط و موتورهای جستجو، بهتر است که برداشت‌ها[۳۵] در حافظه نگهداری شوند و همه‌ی فاصله‌ها به طور آنلاین، در زمانی که مورد نیاز باشد، محاسبه شوند.

[33] bi-gram
[34] materializing
[35] sketches

۲-۶-۴ بهینه‌سازی درخواست از پایگاه داده

در پایگاه داده‌ها یک وظیفه‌ی بسیار مهم تخمین تلاقی‌های[۳۶] چندراهی است، که تاثیر زیادی بر روی کارایی سیستم دارد. [۳۹] بر اساس تخمین دوراهی، سه‌راهی و حتی جوین‌هایی از مرتبه‌ی بالاتر، بهینه‌گرهای درخواست یک نقشه برای کمینه کردن تابع هزینه می‌سازند (برای مثال، نوشتن‌های میانی[۳۷]). بهینه بودن اهمیت بسیاری دارد زیرا مثلا نمی‌خواهیم زمان بیشتری برای بهینه‌سازی نقشه نسبت به زمان اجرای آن تلف کنیم.

ما از مثال «Governator» برای نمایش کاربرد تخمین دو و چند راهه برای بهینه کردن درخواست استفاده می‌کنیم.

جدول ۲-۵: بازدید صفحات گزارش شده توسط گوگل برای چهار کلمه و وابستگی‌های دو، سه و چهارتایی آن‌ها

	Query	Hits(Google)
One-way	Austria	88,200,000
	Governor	37,300,000
	Schwarzenegger	4,030,000
	Terminator	3,480,000
Two-way	Governor & Schwarzenegger	1,220,000
	Governor & Austria	708,000
	Schwarzenegger & Terminator	504,000
	Terminator & Austria	171,000
	Governor & Terminator	132,000
	Schwarzenegger & Austria	120,000
Tree-way	Governor & Schwarzenegger & Terminator	75,100
	Governor & Schwarzenegger & Austria	46,100
	Schwarzenegger & Terminator & Austria	16,000
	Governor & Terminator & Austria	11,500
Four-way	Governor & Schwarzenegger & Terminator & Austria	6,930

جدول ۲-۵ بازدید صفحات را برای چهار کلمه و ترکیبات دو، سه، چهارتایی آن‌ها نشان می‌دهد. فرض کنیم بهینه‌ساز قصد استخراج نقشه برای درخواست: $''\text{Governor}, \text{Schwarzenegger}, \text{Terminator}, \text{Austria}''$ را داشته باشد. راه حل استاندارد این است که با عبارات با کمترین فراوانی شروع کند: $((''\text{Schwarzenegger}'' \cap ''\text{Terminator}'') \cap ''\text{Governor}'') \cap ''\text{Austria}''$ این نقشه $579,100$ نوشتن میانی بعد از اولین و دومین جوین دارد. یک بهینه‌سازی می‌تواند $((''\text{Schwarzenegger}'' \cap ''\text{Austria}'') \cap ''\text{Terminator}'') \cap$

[۳۶] joins
[۳۷] intermediate writes

"Governor" باشد که $579,100$ را به $136,000$ کاهش می‌دهد.

۲-۶-۵ جستجوی نزدیکترین همسایه از مرتبه‌ی زیر خطی

محاسبه‌ی نزدیکترین همسایه در بسیاری کاربردها از اهمیت زیادی برخوردار است. با این حال، به دلیل «نفرین ابعاد»[۳۸] راه حل فعلی برای پیدا کردن بهینه‌ی نزدیکترین همسایه‌ها (حتی به طور تقریبی) اصلا رضایت بخش نیست. [۳۶، ۴۷]

به دلیل ملاحظات محاسباتی، دو شکل اصلی در جستجوی نزدیکترین همسایه‌ها وجود دارد. اول اینکه ماتریس اصلی داده‌ها $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ ممکن است برای حافظه فیزیکی بسیار بزرگ باشد ولی اسکن کردن دیسک‌های سخت برای پیدا کردن نزدیکترین همسایه‌ها می‌تواند خیلی کند باشد. دوما، پیدا کردن نزدیکترین همسایه‌های یک داده ممکن است $O(nD)$ هزینه‌بر باشد که می‌تواند به شدت زمان‌بر شود.

با این حال، روش کاهش ابعادی در این پایان‌نامه می‌تواند در حافظه صرفه‌جویی کند و سرعت محاسبات را افزایش دهد. برای مثال: وقتی ماتریس داده‌ی اولیه $\mathbf{A}$ به ماتریس داده‌ی $\mathbf{B} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ کاهش می‌یابد. با این حال، $O(nk)$ است و معمولا این درخواست وجود دارد که هزینه‌ی محاسباتی از $O(n)$ به $O(n^\gamma)$ برای $\gamma < 1$ کاهش پیدا کند، حداقل برای کاربردهای خاص.

دو گروه اصلی الگوریتم‌های زیر خطی برای محاسبه عبارتند از KD-Trees (و انواع آن) [۳۷، ۳۸] و LSH[۳۹] [۱۳، ۲۸، ۴۷] این الگوریتم‌ها معمولا با یک فضای متریک کار می‌کنند (که در ان نامساوی مثلثی برقرار است). برای مثال، فضای l_α زمانی که $\alpha \geq 1$ باشد یک متریک است. زمانی که به دنبال نزدیکترین همسایه‌ها در l_α $(\alpha > 1)$ می‌گردیم، می‌توانیم (نسبتا به سادگی) فضای جستجو را به طور کاملا اساسی با استفاده از نامساوی مثلثی کاهش دهیم. به عبارت دیگر، نیازی نیست که همه n نقطه داده‌ها را مورد بررسی قرار دهیم.

در داده‌هایی با ابعاد بسیار بزرگ، الگوریتم‌های زیر خطی موجود شامل KD-trees و LSH ، عملکرد رضایت بخشی ندارند. وقتی حافظه‌ی فیزیکی (به جای CPU) گلوگاه باشد [۴۰] ، یکی از مشکلات اصلی این است که این الگوریتم‌ها برای کاهش هزینه‌ی محاسباتی به حافظه‌ی ابر خطی[۴۱] نیاز دارند که می‌تواند

[38] curse of dimensionality
[39] locality-sensitive hashing
[40] memory wall
[41] super-linear memory

مشکل ساز باشد. [۴۷] به طرح کلی برای LSH توجه کنید که ترکیبی از هش[42] و نگاشت تصادفی است. متاسفانه این طرح به دلیل هزینه‌ی زیاد پیش پردازش غیر کاربردی است. [۴۷]

در این پایان‌نامه، موفقیت اصلی کاهش بعد داده $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ به $\mathbf{B} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ و تامین برآوردگرهای دقیق برای استخراج فاصله‌های اولیه در $\mathbf{A}$ بر اساس $\mathbf{B}$ است. در حالی که سناریوهای مهمی وجود دارند که در آن‌ها نتایج ما رضایت بخش هستند، توسعه‌ی یک الگوریتم زیر-خطی برای تخمین نزدیکترین همسایه‌ها، بر اساس الگوریتم ما یک ایده جذاب برای تحقیقات آینده است. یک مانع اصلی در این راه این است که بیشتر برآوردگرهای ما غیر متریک هستند (نامساوی مثلثی در آن‌ها صدق نمی‌کند) و بنابراین طراحی یک الگوریتم هوشمند و تحلیل‌های تئوری ممکن است سخت باشد، با این حال غیر ممکن نیست.

[42]hash

فصل سوم
نگاشت تصادفی پایدار

روش نگاشت تصادفی پایدار(قسمت ۲-۵) [۵۴، ۶۵، ۱۴، ۴۶، ۴۵، ۴۹] یک روش پرکاربرد در داده‌کاوی و یادگیری ماشین است. با این روش به طور کارا فاصله $l_\alpha(0 < \alpha \leq 2)$ در داده‌های حجیم (برای مثال: وب یا جریان داده‌های حجیم) محاسبه می‌شود. در این روش حافظه‌ی کمی استفاده شده و فقط یک بار پایش داده‌ها کافی است.

همانطور که در شکل ۲-۱ مشاهده می‌کنید. ایده نگاشت تصادفی پایدار، ضرب ماتریس داده‌ها $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ در ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}(k \ll D)$ است که حاصل یک ماتریس نگاشت شده‌ی $\mathbf{B} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ است. درایه‌های ماتریس تصادفی $\mathbf{R}$ به طور i.i.d. (مستقل و هم توزیع) از یک توزیع α-پایدار [1] حاصل می‌شوند. به همین دلیل به این روش «نگاشت تصادفی پایدار» گفته می‌شود. به این نکته توجه کنید که توزیع ۲-پایدار معادل توزیع نرمال و توزیع پایدار ۱-پایدار معادل کوشی[2] است.

حالت خاص نگاشت تصادفی نرمال (به عبارت دیگر $\alpha = 2$) نسبتا به خوبی مورد بررسی قرار گرفته است. به رساله [۶۵] مراجعه کنید. بنابراین، بخش اعظم این پایان‌نامه به نگاشت تصادفی پایدار $\alpha < 2$ اختصاص یافته است.

پس از مروری بر حالت کلی نگاشت تصادفی پایدار $0 < \alpha \leq 2$ ، جزئیات بیشتری در خصوص حالت l_2 مورد بررسی قرار می‌گیرد. سپس ارتقاء روش با استفاده از اطلاعات حاشیه‌ای[3] بررسی می‌شود. در ادامه، نگاشت تصادفی نرمال ساده‌سازی می‌شود. این کار با نمونه‌برداری $\mathbf{R}$ از حالت توزیع گسسته‌ی سه‌نقطه‌ای $\{-1, 0, 1\}$ با احتمالات $\{\frac{1}{2s}, 1-\frac{1}{s}, \frac{1}{2s}\}$ انجام می‌شود. این حالت، یک حالت خاص توزیع‌های زیرگاوسی[4] است. سپس نرم l_1[5] مورد بررسی قرار گرفته و در ادامه حالت کلی $0 < \alpha \leq 2$ مورد بحث قرار می‌گیرد.

۳-۱ مسئله‌ی اصلی در نگاشت تصادفی پایدار

مسئله اصلی نگاشت تصادفی پایدار یک مسئله‌ی برآورد آماری است. همانطور که بیان شد، ماتریس داده‌ی $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ را در ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ ضرب می‌کنیم تا ماتریس بسیار کوچکتر $\mathbf{B} = \mathbf{A} \times \mathbf{R} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ را به‌دست بیاوریم. هدف این است که مشخصات آماری $\mathbf{A}$ بر اساس ماتریس $\mathbf{B}$ استنتاج شوند. (شامل نرم و فاصله)

[1] α-stable distribution
[2] Cauchy
[3] marginal information
[4] sub-Gaussian
[5] Cauchy random projection

بدون از دست دادن کلیت، ما بر ۲ سطر اول $\mathbf{A}$ ، $u_1, u_2 \in \mathbb{R}^D$ و دو سطر اول در $\mathbf{B}$ ، $v_1, v_2 \in \mathbb{R}^k$ تمرکز می‌کنیم. تعریف می‌کنیم $\mathbf{R} = \{r_{ij}\}_{i=1}^{D}{}_{j=1}^{k}$ بنابراین:

$$v_{1,j} = \sum_{i=1}^{D} r_{ij} u_{1,i}, \quad v_{2,j} = \sum_{i=1}^{D} r_{ij} u_{2,i}, \quad x_j = v_{1,j} - v_{2,j} = \sum_{i=1}^{D} r_{ij}(u_{1,i} - u_{2,i}). \tag{۳-۱}$$

۳-۱-۱ توزیع‌های پایدار

به طور معمول $r_{ij} \sim S(\alpha, 1)$ و به طور .i.i.d استخراج می‌شود. همچنین در ادامه ما حالت‌های ساده‌تری را هم مورد بررسی قرار می‌دهیم. در اینجا $S(\alpha, 1)$ بیانگر یک توزیع متقارن α-پایدار تصادفی است [۶۹] با پارامتر اندیس α و پارامتر مقیاس ۱.

یک متغییر تصادفی z در صورتی متقارن α-پایدار است که تبدیل فوریه آن به شکل زیر باشد.

$$E\big(\exp\big(\sqrt{-1}zt\big)\big) = \exp\big(-d|t|^{\alpha}\big) \tag{۳-۲}$$

که $d > 0$ پارامتر مقیاس است. ما می‌نویسیم $z \sim S(\alpha, d)$ که به طور کلی شکل بسته‌ای برای تابع چگالی ندارد. به جز حالت $\alpha = 2$ (نرمال) و $\alpha = 1$ (کوشی).

۳-۱-۲ مسئله برآورد آماری

با توجه به خواص تبدیل فوریه، به راحتی می‌توان نشان داد که داده‌های نگاشت شده هم از توزیع α-پایدار پیروی می‌کنند که در این حالت پارامتر مقیاس مشخصه‌ی l_α ی (نرم‌ها، فاصله‌ها) داده‌های اصلی در $\mathbf{A}$ است. به طور خاص:

$$v_{1,j} \sim S\left(\alpha, \sum_{i=1}^{D} |u_{1,i}|^{\alpha}\right), \quad v_{2,j} \sim S\left(\alpha, \sum_{i=1}^{D} |u_{2,i}|^{\alpha}\right), \tag{۳-۳}$$

$$x_j = v_{1,j} - v_{2,j} \sim S\left(\alpha, d_{(\alpha)} = \sum_{i=1}^{D} |u_{1,i} - u_{2,i}|^{\alpha}\right). \tag{۳-۴}$$

بنابراین، مسئله ما به برآورد پارامتر مقیاس از k نمونه .i.i.d ، $x_j \sim S\big(\alpha, d_{(\alpha)}\big)$ تقلیل پیدا می‌کند. به این خاطر که هیچ شکل بسته‌ای برای تابع چگالی به جز در حالت $\alpha = 0, 1/2, 1, 2$ وجود ندارد، فرآیند تخمین خود مسئله‌ی جالبی است اگر به دنبال برآوردگرهایی بگردیم که هم به طور آماری دقیق باشند

و هم از لحاظ محاسباتی کارا باشند.

یک موضوع مربوط و نزدیک هم تعیین اندازه نمونه k است. روش استاندارد محدود کردن احتمال دم است $\Pr\left(|\hat{d}_{(\alpha)} - d_{(\alpha)}| > \epsilon d_{(\alpha)}\right)$ که $\hat{d}_{(\alpha)}$ برآوردگری برای $d_{(\alpha)}$ است و ϵ دقت مورد نظر است (معمولا $0 < \epsilon < 1$). به طور ایده‌آل امیدوار هستیم نشان دهیم [۶] :

$$\Pr\left(|\hat{d}_{(\alpha)} - d_{(\alpha)}| > \epsilon d_{(\alpha)}\right) \leq 2\exp\left(-k\frac{\epsilon^2}{G}\right), \tag{۵-۳}$$

برای برخی مقادیر ثابت G که می‌تواند تابعی از ϵ هم باشد.

برای ماتریس داده‌ی $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ ، در مجموع $\frac{n^2}{2} < \frac{n(n-1)}{2}$ جفت فاصله وجود دارد. ما معمولا علاقمندیم که احتمالات دم را به طور همزمان برای همه‌ی جفت‌ها محدود کنیم.

۳-۲ نگاشت تصادفی نرمال

برای کاهش بعد در نرم l_2، روش نگاشت تصادفی نرمال ماتریس داده‌ی اولیه $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ را در ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k} (k \ll D)$ با درایه‌های i.i.d. از $N(0,1)$ ضرب می‌کنیم، تا ماتریس نگاشت شده‌ی $\mathbf{B} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ حاصل شود. تحلیل‌های مربوط به نگاشت تصادفی نرمال نسبتا ساده است. برای مثال، در ادامه به شکل سرراستی یک نسخه از لم JL [۷] [۴۸] را برای حالت l_2 استنتاج می‌کنیم.

ما در ابتدا برخی خواص اولیه نگاشت تصادفی نرمال را بیان می‌کنیم و سپس بر روی اطلاعات حاشیه تمرکز می‌کنیم تا تخمین‌ها را بهینه کنیم. حاشیه‌ها (به عبارت دیگر، نرم l_2 برای هر خط در $\mathbf{A}$) معمولا در ابتدا در دسترس هستند (برای مثال، از طریق نرمال سازی داده‌ها). ولی حتی در حالتی که در دسترس نیستند، محاسبه‌ی نرم l_2 برای تمام سطرهای $\mathbf{A}$ فقط نیازمند یکبار مرور داده‌ها است که هزینه‌ای از $O(nD)$ دارد که قابل صرفنظر است. [۸] از آنجا که اعمال نگاشت تصادفی $\mathbf{A}\times\mathbf{R}$ هم اکنون

[۶] بنابر قضیه حدمرکزی برآوردگر $\hat{d}_{(\alpha)}$ بر اساس k نمونه تحت شروط ساده‌ای به حالت نرمال همگرا می‌شود. بنابر محدوده‌ی دم نرمال می‌دانیم که حداقل برای پارامترهای خاصی $\Pr\left(|\hat{d}_{(\alpha)} - d_{(\alpha)}| \geq \epsilon d_{(\alpha)}\right) \leq 2\exp\left(-k\frac{\epsilon^2}{2V}\right)$ باید صادق باشد. در اینجا $\frac{V}{k}$ واریانس مجانبی $\hat{d}_{(\alpha)}$ است. بنابراین، حداقل برای آزمون درستی، می‌توانیم با بررسی این‌که آیا $\lim_{\epsilon\to 0+} G = 2V$ چک کنیم که محدوده‌ی دم نسبت مطلوب را دارا باشد.

[7] Johnson-Lindenstrauss

[۸] این وضعیتی برای زمانی که با جریان داده‌های داینامیک سر و کار داریم اندکی متفاوت است. در جریان داده‌های ما معمولا به دنبال اطلاعات آماری یک جریان داده هستیم تا اختلاف میان دو جریان داده را مد نظر داشته باشیم. به عبارت دیگر، محاسبه نرم l_2 حاشیه‌ای گاهی اوقات هدف اصلی است. به دلیل ذات دینامیک جریان داده‌ها (برای مثال، به روز شدن

هزینه‌ای از مرتبه $O(nDk)$ دارد.

در این بخش، ما این قاعده مرسوم تبعیت در ادبیات نگاشت تصادفی [۶۵] پیروی می‌کنیم و تعریف می‌کنیم $\mathbf{B} = \frac{1}{\sqrt{k}}\mathbf{AR}$.

۳-۲-۱ مشخصه‌های اصلی

ما فرض می‌کنیم یک ماتریس داده $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ و یک ماتریس نگاشت‌گر $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ که به طور i.i.d. از $N(0,1)$ تولید شده است. در نظر می‌گیریم $\mathbf{B} = \frac{1}{\sqrt{k}}\mathbf{AR}$. در نظر بگیرید u_i^T سطر i ام ماتریس $\mathbf{A}$ باشد، و سطر متناظر در $\mathbf{B}$ ، v_i^T باشد. برای راحتی بر روی دو سطر اول $\mathbf{A}$ یعنی u_1 و u_2 همچنین دو سطر اولیه v_1 و v_2 در $\mathbf{B}$ تمرکز می‌کنیم. تعریف می‌کنیم:

$$a = u_1^T u_2,\ m_1 = \|u_1\|^2,\ m_2 = \|u_2\|^2,\ d = \|u_1 - u_2\|^2 = m_1 + m_2 - 2a \qquad (۳-۶)$$

$\|v_1 - v_2\|$ ، فاصله‌ی l_2 نمونه و $v_1^T v_2$ ضرب داخلی نمونه، برآوردگرهای نااریبی از d و a هستند. لم ۱ واریانس و تابع مشخصه‌ی $v_1^T v_2$ را مشخص می‌کند. اثبات در [۵۳] .

لم ۱: $u_1, u_2 \in \mathbb{R}^D$ داده شده‌اند و یک ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ شامل درایه‌های i.i.d. از نرمال استاندارد $N(0,1)$. اگر مقادیر $v_1 = \frac{1}{\sqrt{k}}\mathbf{R}^T u_1$ و $v_2 = \frac{1}{\sqrt{k}}\mathbf{R}^T u_2$ را تعیین کنیم، داریم:

$$E\left(\|v_1 - v_2\|^2\right) = d, \quad Var\left(\|v_1 - v_2\|^2\right) = \frac{2}{k}d^2 \qquad (۳-۷)$$

$$E\left(v_1^T v_2\right) = a, \quad Var\left(v_1^T v_2\right) = \frac{1}{k}\left(m_1 m_2 + a^2\right), \qquad (۳-۸)$$

سومین گشتاور مرکزی $v_1^T v_2$ عبارت است از:

$$E\left(v_1^T v_2\right)^2 = a, \quad \frac{2a}{k^2}\left(2m_1 m_2 + a^2\right) \qquad (۳-۹)$$

و تابع مولد احتمال برای $v_1^T v_2$ عبارت است از:

مدام)، محاسبه‌ی حاشیه‌ها می‌تواند پر هزینه باشد.

$$E\big(\exp\left(v_1^T v_2 t\right)\big) = \left(1 - \frac{2}{k}at - \frac{1}{k^2}(m_1m_2 - a^2)t^2\right)^{-\frac{k}{2}} \qquad (۱۰\text{-}۳)$$

که $\frac{-k}{\sqrt{m_1m_2}+a} \leq t \leq \frac{-k}{\sqrt{m_1m_2}-a}$ است.

بنابراین، برآوردگرهای ناریبی برای فاصله d l_2 و ضرب داخلی a به شکل سر راستی عبارت است از:

$$\hat{d}_{MF} = \|v_1 - v_2\|^2, \quad Var\left(\hat{d}_{MF}\right) = \frac{d^2}{k}, \qquad (۱۱\text{-}۳)$$

$$\hat{a}_{MF} = v_1^T v_2, \quad Var\left(\hat{a}_{MF}\right) = \frac{1}{k}\left(m_1m_2 + a^2\right), \qquad (۱۲\text{-}۳)$$

که اندیس « MF » به معنی «بدون حاشیه»[۹] نشان دهنده این است که برآوردگرها از اطلاعات حاشیه‌ای $m_1 = \|u_1\|^2$ و $m_2 = \|u_2\|^2$ استفاده نمی‌کنند.

به این نکته توجه کنید که، $k\hat{d}_{MF}/d$ از توزیع χ^2 با k درجه آزادی، پیروی می‌کند، χ_k^2 . بنابراین، به راحتی می‌توان می‌توانیم این محدوده‌های دم را برای لم ۲ اثبات کنیم.

لم ۲:

$$\Pr\left(\hat{d}_{MF} - d > \epsilon d\right) \leq \exp\left(-\frac{k}{2}\left(\epsilon - \log(1+\epsilon)\right)\right), \quad \epsilon > 0 \qquad (۱۳\text{-}۳)$$

$$\Pr\left(\hat{d}_{MF} - d < -\epsilon d\right) \leq \exp\left(-\frac{k}{2}\left(-\epsilon - \log(1-\epsilon)\right)\right), \quad 0 < \epsilon < 1 \qquad (۱۴\text{-}۳)$$

اثبات:

از آنجا که $k\hat{d}_{MF}/d \sim \chi_k^2$ ، بر اساس نامساوی چرنوف[۱۰] [۲۵] ، برای هر $t > 0$ داریم:

[9] margin-free
[10] Chernoff inequality

$$\begin{aligned}&\Pr\big(\hat{d}_{MF}-d>\epsilon d\big)=\Pr\big(k\hat{d}_{MF}/d>k(1+\epsilon)\big)\\&\leq\frac{E\bigg(\exp(k\hat{d}_{MF}/dt)\bigg)}{\exp\big((1+\epsilon)kt\big)}=\exp\Bigg(-\frac{k}{2}\big(\log(1-2t)+2(1+\epsilon)t\big)\Bigg)\end{aligned}\tag{۳-۱۵}$$

که در $t=t_{NR}=\frac{\epsilon}{2(1+\epsilon)}$ و بنابراین برای هر $\epsilon>0$ داریم:

$$\Pr\big(\hat{d}_{MF}-d>\epsilon d\big)\leq\exp\left(-\frac{k}{2}\left(\epsilon-\log\left(1+\epsilon\right)\right)\right)\tag{۳-۱۶}$$

ما می‌توانیم به طور مشابه برای دیگر محدوده‌ی دم $\Pr\big(\hat{d}_{MF}-d<-\epsilon d\big)$ هم اثبات کنیم. ■

برای راحتی مرسوم است که محدوده دم را در لم ۲ به صورت متقارن $\Pr\left(\left|\hat{d}_{MF}-d\right|>\epsilon d\right)$ نوشته شود. نامساوی‌های ساده‌ای برای $\log(1+\epsilon)$ و $\log(1-\epsilon)$ نتیجه می‌دهد:

$$\Pr\left(\left|\hat{d}_{MF}-d\right|\geq\epsilon d\right)\leq2\exp\left(-\frac{k}{4}\epsilon^2+\frac{k}{6}\epsilon^3\right),\quad0<\epsilon<1\tag{۳-۱۷}$$

از آنجا که $\mathbf{A}\in\mathbb{R}^{n\times D}$ تعداد n سطر دارد. به عبارت دیگر $\frac{n(n-1)}{2}$ جفت. ما باید احتمال دم را به طور همزمان برای همه‌ی جفت‌ها محدود کنیم. با استفاده از محدوده اجتماع بنفرونی [11] کافی است که:

$$\frac{n^2}{2}\Pr\left(\left|\hat{d}_{MF}-d\right|\geq\epsilon d\right)\leq\delta\tag{۳-۱۸}$$

به عبارت دیگر کافی است اگر:

$$\frac{n^2}{2}2\exp\left(-\frac{k}{4}\epsilon^2+\frac{k}{6}\epsilon^3\right)\leq\delta\Rightarrow k\geq\frac{2\log n-\log\delta}{\epsilon^2/4-\epsilon^3/6}\tag{۳-۱۹}$$

[11] Benferroni union bound

بنابراین ما یک نسخه‌ای از لم JL را نشان داده‌ایم.

لم ۳: اگر $k \geq \frac{2\log n - \log\delta}{\epsilon^2/4 - \epsilon^3/6}$ پس با حداقل احتمال $1-\delta$ ، فاصله l_2 بین هر جفت از داده‌ها (میان n نقطه) می‌تواند با ضریب اطمینان $1 \pm \epsilon$ با استفاده فاصله‌ی l_2 در داده‌های نگاشت شده بعد از نگاشت تصافی نرمال، تخمین زده شود. $0 < \delta < 1, 0 < \epsilon < 1$. ■

۳-۳ نگاشت تصادفی زیر گاوسی و بسیار پراکنده

در بخش قبل ما به بررسی نگاشت تصادفی نرمال پرداختیم، که در آن ماتریس نگاشت‌گر $\mathbf{R}$ از روی توزیع $N(0,1)$ به طور .i.i.d نمونه‌گیری می‌شود. این انتخاب خاص برای $\mathbf{R}$ ، صرفا برای سهولت تحلیل تئوری است. در واقع می‌توان $\mathbf{R}$ را از هر توزیعی با میانگین صفر و واریانس محدود برای کاهش بعد در نرم l_2 نمونه‌گیری کرد.

نمونه‌گیری $\mathbf{R}$ از یک توزیع زیرگاوسی هم از نظر تئوری قابل قبول و هم از جنبه‌ی محاسباتی تسهیل کننده است. برای مثال، محدوده‌ی دم زیر گاوسی به سادگی به نسخه‌ای از لم JL منتهی می‌شود.

ما بر روی یک انتخاب معمول از توزیع زیر گاوسی تمرکز خواهیم کرد، که درایه‌ها ماتریس $\mathbf{R}$ از مجموعه‌ی $\{-1,0,1\}$ با احتمالات $\{\frac{1}{2s}, 1-\frac{1}{s}, \frac{1}{2s}\}$ ، که $s \geq 1$. به این ترتیب فرآیند نمونه‌گیری ساده‌تر شده و محاسبات سریعتر انجام می‌شوند. در واقع، زمانی که $s < 3$ باشد، واریانس‌های صرحا کوچکتری نسبت به استفاده از نگاشت تصادفی نرمال به‌دست می‌آید.

با در نظر گرفتن قواعد معقول، برای مثال، داده‌های اولیه ممان سوم محدود داشته باشند،می‌توانیم $s \gg 3$ در نظر بگیریم (حتی $s = \sqrt{D}$). تا نتایج s برابر سریعتر به‌دست بیاوریم؛ و بنابراین، این رویه را نگاشت تصادفی بسیار پراکنده می‌نامیم.

۳-۳-۱ نگاشت تصادفی زیرگاوسی

مشابه قسمت ۳-۲ ماتریس داده را $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ در نظر می‌گیریم. ماتریس نگاشت تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ را تولید کرده و آن را در $\mathbf{A}$ ضرب می‌کنیم تا به یک ماتریس نگاشت شده‌ی $\mathbf{B} = \frac{1}{\sqrt{k}}\mathbf{AR} \in \mathbb{R}^{n\times k}$ برسیم. دوباره رو دو ردیف ابتدایی تمرکز می‌کنیم، که یعنی u_1 و u_2 در $\mathbf{A}$ ، و دو ردیف ابتدایی v_1 و v_2 در $\mathbf{B}$ و همچنین تساوی‌های زیر را تعریف می‌کنیم:

$$a = u_1^T u_2, \quad m_1 = \|u_1\|^2, \quad m_2 = \|u_2\|^2, \quad d = \|u_1 - u_2\|^2 = m_1 + m_2 - 2a \qquad (۳-۲۰)$$

$\mathbf{R}$ را به طور i.i.d از یک توزیع زیر گاوسی مشخصا پرکاربرد تولید می‌کنیم: ($S \geq 1$)

$$r_{ij} = \sqrt{s} \times \begin{cases} 1 & \text{با احتمال } \frac{1}{2s} \\ 0 & \text{با احتمال } 1 - \frac{1}{s} \\ -1 & \text{با احتمال } \frac{1}{2s} \end{cases} \qquad (۳-۲۱)$$

- نمونه‌گیری از رابطه‌ی (۳-۲۱) ساده‌تر از نمونه‌گیری از $N(0,1)$ است.
- می‌تواند از s برابر افزایش سرعت در ضرب ماتریسی $\mathbf{A} \times \mathbf{R}$ بهره برد، زیرا فقط $\frac{1}{s}$ داده‌های نیازمند پردازش هستند.
- نیازی به عملیات محاسباتی با ممیز شناور نیست و تمامی بار محاسباتی بر روی عملیات تجمیع پایگاه داده است که به خوبی بهینه شده.
- وقتی $s < 3$ باشد می‌توان به تخمین‌هایی با دقت بیشتر (واریانس کمتر) دست پیدا کرد.
- هزینه نگهداری ماتریس $\mathbf{R}$ از $O(Dk)$ به $O(Dk/s)$ کاهش می‌یابد.

[۶، ۷] نشان می‌دهند زمانی که $s = 1$ و $s = 3$ باشد، می‌توان به همان محدوده‌ی JL ای دست پیدا کرد که در نگاشت تصادفی نرمال وجود دارد. ما در ادامه به بررسی خواص توزیع زیر گاوسی می‌پردازیم، که برای تحلیل محدوده‌ی دم مناسب است. در واقع، آنالیز زیر گاوسی نشان می‌دهد که می‌توان حتی در بدترین شرایط از مقادیری اندکی بیشتر از ۳ برای s استفاده کرد.

توزیع زیر گاوسی

ما در اینجا مقدمه‌ای کوتاه بر توزیع‌های زیرگاوسی بیان می‌کنیم. برای جزئیات و منابع بیشتر می‌توانید به [۲۳] مراجعه کنید. تئوری توزیع‌های زیرگاوسی در حدود ۱۹۶۰ آغاز شد.

متغییر تصادفی x [۱۲] زیرگاوسی است اگر یک مقدار ثابت $g > 0$ وجود داشته باشد به شکلی که:

$$\mathrm{E}(\exp(xt)) \leq \exp\left(\frac{g^2t^2}{2}\right), \forall t \in \mathbb{R} \tag{۳-۲۲}$$

می‌توان مقدار بهینه‌ی g^2 را از تعریف $T^2(x)$ با استفاده از فرمول زیر به‌دست آورد.

$$T^2(x) = \sup_{t\neq 0} \frac{2\log \mathrm{E}\left(\exp(xt)\right)}{t^2} \tag{۳-۲۳}$$

توجه کنید که $T^2(x)$ فقط یک نمادگذاری برای مقدار ثابت بهینه‌ی زیرگاوسی یک متغیر تصادفی x است (و نه یک نمونه مشخص از x).

برخی از ویژگی‌های اولیه‌ی توزیع‌های زیرگاوسی:

- اگر x زیر گاوسی باشد آنگاه $\mathrm{E}(x) = 0$ و $\mathrm{E}(x^2) \leq T^2(x)$. برای هر مقدار ثابت c ، $T^2(cx) = c^2T^2(x)$. و

$$\Pr(|x| > t) \leq 2\exp\left(-\frac{t^2}{2T^2(x)}\right) \tag{۳-۲۴}$$

- اگر $x_1, x_2, \ldots, x_D$ زیرگاوسی مستقل باشند، آنگاه $\sum_{i=1}^{D} x_i$ زیرگاوسی است.

$$T^2\left(\sum_{i=1}^{D} x_i\right) \leq \sum_{i=1}^{D} T^2(x_i) \tag{۳-۲۵}$$

- اگر x زیرگاوسی باشد، آنگاه برای همه‌ی $t \in [0,1)$ ،

$$\mathbf{E}\left(\exp\left(\frac{x^2t}{2T^2(x)}\right)\right) \leq (1-t)^{-\frac{1}{2}} \tag{۳-۲۶}$$

[۶، ۷] همچنین رابطه‌ی (۳-۲۶) را برای توزیع ویژه‌ی رابطه‌ی (۳-۲۱) به‌دست آورده‌اند. یک

[۱۲] در این پایان‌نامه در تمامی موارد متغیرهای تصادفی با حروف کوچک نشان داده شده‌اند.

متغییر تصادفی زیرگاوسی x صریحا زیرگاوسی است اگر $\mathrm{E}(x^2) = T^2(x)$

- اگر x صریحا زیر گاوسی باشد، آنگاه $\mathrm{E}(x^3) = 0$ و کشیدگی [۱۳] غیر مثبت خواهد بود، به عبارت دیگر $\frac{\mathrm{E}(x^4)}{\mathrm{E}^2(x^2)} - 3 \leq 0$.

- اگر $x_1, x_2, \ldots, x_D$ صریحا زیرگاوسی مستقل باشند، آنگاه $\sum_{i=1}^{D} x_i$ صریحا زیرگاوسی است.

$$T^2\left(\sum_{i=1}^{D} x_i\right) = \sum_{i=1}^{D} T^2(x_i) = \sum_{i=1}^{D} \mathbf{E}\left(x_i^2\right) \tag{۲۷-۳}$$

■

۳-۴ نگاشت تصادفی کوشی برای l_1

در بخش‌های قبلی به نگاشت تصادفی برای کاهش بعد در نرم l_2 پرداخته شد. در این بخش به کاهش بعد در نرم l_1 پرداخته خواهد شد.

در اینجا هم با یک ماتریس داده‌ی $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n \times D}$ کار خواهیم کرد. و یک ماتریس نگاشت‌گر تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D \times k}$ که به طور .i.i.d از توزیع کوشی استاندارد $C(0,1)$ نمونه‌گیری شده است، تولید خواهیم کرد. ما اجازه خواهیم داد که ماتریس نگاشت شده $\mathbf{B} = \mathbf{A} \times \mathbf{R} \in \mathbb{R}^{n \times k}$ باشد. بدون آنکه ضریب نرمال‌سازی $\frac{1}{\sqrt{k}}$ که در بخش‌های قبلی مشاهده کردیم، حضور داشته باشد. ضمن آنکه این کار به یک تخمین آماری منجر خواهد شد که پارامتر مقیاس‌دهی را از تعداد k متغییر تصادفی کوشی به طور .i.i.d برآورد می‌کند.

از آنجا که کوشی میانگین محدود ندارد. نمی‌توانیم از یک برآوردگر خطی آنطور که در نگاشت تصادفی نرمال استفاده کردیم، استفاده کنیم. علاوه بر این، نتیجه‌ی عدم امکان بیان شده در [۲۰، ۵۱، ۱۹] اثبات کرده است که وقتی از یک نگاشت‌گر خطی استفاده شود، نمی‌توان از برآوردگرهای خطی بدون رخ دادن خطاهای بزرگ استفاده کرد. به عبارت دیگر، لم JL برای l_1 صدق نمی‌کند.

در این بخش سه برآوردگر غیرخطی ارائه و یک معادل برای لم JL برای l_1 استنتاج می‌شود. از آنجا که برآوردگرهای ما، متریک نیستند، این معادل لم JL از حالت کلاسیک لم JL برای l_2 ضعیفتر است.

[13] kurtosis

۳-۴-۱ خلاصه نتایج اصلی

ما دوباره مانند بخش‌های قبلی دو سطر اول A ، u_1 و u_2 و دو سطر اول B ، v_1 و v_2 را در نظر می‌گیریم. فاصله‌ی l_1 را با $d = \sum_{i=1}^{D} |u_{1,i} - u_{2,i}|$ تعریف می‌کنیم.

در نگاشت تصادفی کوشی، فعالیت اصلی آن است که پارامتر مقیاس‌دهی کوشی از k نمونه‌ی $x_j \sim C(0,d)$ به طور i.i.d. استخراج شود. برخلاف نگاشت تصادفی نرمال، نمی‌توان d را از میانگین نمونه برآورد کرد (به عبارت دیگر، $\frac{1}{k}\sum_{j=1}^{k}|x_j|$) زیرا $\mathrm{E}(x_j) = \infty$.

سه نوع برآوردگر غیر خطی مورد بررسی قرار خواهند گرفت: برآوردگرهای میانه‌ی نمونه، برآوردگرهای میانگین هندسی و برآوردگرهای حداکثر درستنمایی.

- **برآوردگرهای میانه نمونه**

برآوردگر میانه‌ی نمونه $\hat{d}_{me}$ و نسخه‌ی بدون انحراف [14] $\hat{d}_{me,c}$ به شکل زیر هستند.

$$\hat{d}_{me} = \mathrm{median}\left(|x_j|, j = 1, 2, \ldots, k\right) \tag{۳-۲۸}$$

$$\hat{d}_{me,c} = \frac{\hat{d}_{me}}{b_{me}} \tag{۳-۲۹}$$

$$b_{me} = \int_0^1 \frac{(2m+1)!}{(m!)^2} \tan\left(\frac{\pi}{2}t\right)\left(t - t^2\right)^2 dt, \quad k = 2m+1 \tag{۳-۳۰}$$

برای سهولت، ما فقط $k = 2m+1, m = 1, 2, \ldots$ را در نظر می‌گیریم.

در بین تمامی برآوردگرهای چندکی، $\hat{d}_{me}$ (و $\hat{d}_{me,c}$) کوچکترین مقدار واریانس مجانبی را به‌دست می‌دهد.

- **برآوردگرهای میانگین هندسی**

برآوردگر میانگین هندسی، $\hat{d}_{gm}$ و نسخه‌ی بدون انحراف $\hat{d}_{gm,c}$ به شکل زیر هستند:

[14] unbiased version

$$\hat{d}_{gm} = \prod_{j=1}^{k} |x_j|^{1/k} \quad (۳۱-۳)$$

$$\hat{d}_{gm,c} = \cos^k\left(\frac{\pi}{2k}\right) \prod_{j=1}^{k} |x_j|^{1/k} \quad (۳۲-۳)$$

از نظر واریانس‌های مجانبی، برآوردگرهای میانگین هندسی به صورت مجانبی متناظر با برآوردگرهای میانه‌ی نمونه هستند. اگر چه از نظر محدوده‌ی دم، برآوردگرهای میانه‌ی نمونه ممکن است نیازمند نمونه‌ای به اندازه‌ی تا دو برابر بزرگتر باشند.

- **برآوردگر حداکثر درستنمایی**

این برآوردگر که به صورت $\hat{d}_{MLE,c}$ تعریف می‌شود. برآوردگر بدون انحراف حداکثر درستمانی (MLE) عبارت است از:

$$\hat{d}_{MLE,c} = \hat{d}_{MLE}\left(1 - \frac{1}{k}\right) \quad (۳۳-۳)$$

که $\hat{d}_{MLE}$ یک معادله‌ی غیر خطی MLE را حل می‌کند.

$$-\frac{k}{\hat{d}_{MLE}} + \sum_{j=1}^{k} \frac{2\hat{d}_{MLE}}{x_j^2 + \hat{d}_{MLE}^2} = 0 \quad (۳۴-۳)$$

برآوردگرهای میانه‌ی نمونه و میانگین هندسی از نظر واریانس مجانبی، دقتی معادل 80% MLE دارند. در حالی که استنتاج محدوده‌های دمی فرم-بسته دشوار است. نشان خواهیم داد که توزیع $\hat{d}_{MLE,c}$ را می‌توان به وسیله‌ی یک معکوس گاوسی [۱۵] تخمین زد.

[15] Inverse Gaussian

۳-۵ نگاشت تصادفی α -پایدار

توضیحات در بخش‌های قبلی، در مورد نگاشت تصادفی نرم l_2 و نگاشت تصادفی نرم l_1 صحبت کردیم. در این بخش، کاهش بعد در نرم l_α ، برای $0 < \alpha \leq 2$ مورد بررسی قرار خواهد گرفت. و نرم‌های l_1 و l_2 به عنوان حالت خاص بررسی می‌شوند.

مسئله اساسی در نگاشت تصادفی پایدار، انجام برآورد آماری است. به عبارت دیگر، برآورد پارامتر مقیاس‌دهی توزیع پایدار متقارن. از آنجا که چگالی احتمال توزیع پایدار جز برای $\alpha = 1, 2$ فرم بسته ندارد. تولید برآوردگرهایی که از نظر آماری دقیق و از نظر محاسباتی بهینه هستند، جذاب است.

برآوردگرهایی که بر اساس میانه‌های نمونه (یا به طور کلی بر اساس چندک‌های نمونه) تولید شده‌اند، در علم آمار شناخته‌شده‌اند، اما خیلی دقیق نیستند به خصوص در مورد نمونه‌های کوچک، و برای تحلیل نظری از جمله محدوده‌های دم زمانی که $\alpha \neq 1, 2$ راحت نیستند.

ما در اینجا برآوردگرهای مختلفی را بر اساس میانگین هندسی، میانگین هارمونیک و توان نسبی بررسی خواهیم کرد.

۳-۵-۱ نتایج اصلی

گفته شد که، اگر دو بردار $u_1, u_2 \in \mathbb{R}^D$ (برای مثال، u_1 و u_2 دو ردیف اول در ماتریس داده‌ی $\mathbf{A}$ باشند) ، اگر $v_1 = \mathbf{R}^T u_1$ و $v_2 = \mathbf{R}^T u_2$ باشند که $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D \times k}$ شامل نمونه‌های i.i.d. در $S(\alpha, 1)$ باشد، آنگاه $x_j = v_{1,j} - v_{2,j}, j = 1, 2, \ldots, k$ ، همگی $S(\alpha, d_{(\alpha)})$ های i.i.d. هستند. که $d_{(\alpha)} = \sum_{i=1}^{D} |u_{1,i} - u_{2,i}|^\alpha$. بنابراین مسئله اصلی برآورد پارامتر مقیاس‌دهی $d_{(\alpha)}$ از تعداد k نمونه‌ی i.i.d. توزیع $S(\alpha, d_{(\alpha)})$ است. در بخش‌های قبلی به طور خلاصه توزیع‌های پایدار را مرور کردیم.

برآوردگری پرکاربرد در آمار بر اساس نمونه میان چندکی [۱۶] [۳۳، ۳۴، ۵۶] است که به دلیل تقارن $S(\alpha, d_{(\alpha)})$ می‌توان آن را به صورت برآوردگر میانه‌ی نمونه، ساده‌سازی کرد.

$$\hat{d}_{(\alpha),me} = \frac{\text{median}\left\{|x_j|^\alpha, j = 1, 2, \ldots, k\right\}}{\text{median}\left\{S(\alpha, 1)\right\}^\alpha} \qquad (۳-۳۵)$$

علی‌رغم سادگی، مسائل بسیاری براساس برآوردگر میانه‌ی نمونه $\hat{d}_{(\alpha),me}$ وجود دارند. این برآوردگر، علی الخصوص برای نمونه‌های کوچک یا α ی کوچک دقیق نیست. همچنین برای تحلیل نظری دقیق

[16] inter-quantiles

از جمله تحلیل محدوده‌ی دم دشوار است.

ما برآوردگرهای زیادی را بر اساس میانگین هندسی، میانگین هارمونیک و توان کسری ارائه خواهیم کرد.

- برآوردگر میانگین هندسی (بدون انحراف) $\hat{d}_{(\alpha),gm}$:
- برآوردگر میانگین هندسی (دارای انحراف) $\hat{d}_{(\alpha),gm,b}$:

این معادله به طور مجانبی معادل $\hat{d}_{(\alpha),gm}$ است. اگرچه برای $0.25 \leq \alpha \leq 1$ ، توزیع $\hat{d}_{(\alpha),gm,b}$ خطای میانگین توان دوم خطای کوچکتری در مقایسه با $\hat{d}_{(\alpha),gm}$ دارد.

- برآوردگر میانگین هارمونیک $\hat{d}_{(\alpha),hm}$: این معادله زمانی که $\alpha \to 0+$ به صورت مجانبی بهینه است و در مقایسه با برآوردگرهای میانگین هندسی، برای $\alpha \leq 0.344$ واریانس مجانبی کوچکتری دارد.
- برآوردگر میانگین ریاضی

برای $\alpha = 2$ بهترین روش استفاده از برآوردگر میانگین ریاضی $\frac{1}{k}\sum_{j=1}^{k}|x_j|^2$ است. این برآوردگر را می‌توان با استفاده از برآوردگر بیشینه درستنمایی، به شکلی که در بخش نگاشت تصادفی نرمال توضیح داده شد، با استفاده از اطلاعات حاشیه‌آی ارتقاع داد.

- برآوردگر توان کسری $\hat{d}_{(\alpha),fp}$:

برای $\alpha = 2, \hat{d}_{(\alpha),fp}$ معادل برآوردگر میانگین ریاضی و برای $\alpha \to 0+$ معدل برآوردگر میانگین هارمونیک است. علاوه بر این، برای $\alpha \to 1$ ، $\hat{d}_{(\alpha),fp}$ دارای واریانس مجانبی برابر با برآوردگر میانگین هندسی است.

فصل چهارم
پیاده‌سازی نگاشت تصادفی

در این فصل به بررسی نحوه پیاده‌سازی نگاشت تصادفی و نحوه بررسی عملکرد آن می‌پردازیم همان‌طور که در زیرقسمت ۲-۱-۱ اشاره شد تصویر تصادفی به عنوان یک روش کاهش بعد باید با دیگر روش‌های کاهش بعد مقایسه شود. در همین راستا مهمترین موردی که باید بدان توجه کرد مقایسه با روش‌های مرسوم کاهش بعد مانند PCA است.

برای پیاده‌سازی روش نگاشت تصادفی مجموعه داده‌های مختلفی تهیه و بر روی آن‌ها این روش برای کاهش بعد به دو بعد و سه بعد اعمال شده است. نتایج پس از خوشه‌بندی مورد مقایسه با نتایج خوشه‌بندی بدون کاهش بعد شده است. این فرآیند درکی از حوزه کاربرد نگاشت تصادفی و عملکرد آن بر روی داده‌های واقعی به ما می‌دهد.

۴-۱ داده‌های مورد استفاده

در این پایان‌نامه از ۷ مجموعه‌داده‌ی استاندارد و پرکاربرد، آیریس، اسکناس، دیابت، تیروئید، خرچنگ، بذر، پروتئین استفاده شده است.

دادگان‌های آیریس، بذر و پروتئین از سایت https://archive.ics.uci.edu/ml/index.php گردآوری شده و سایر مجموعه داده‌ها در کتابخانه‌های نرم‌افزار R وجود دارد. یکی از ویژگی‌های داده‌های دم‌سنگین این است که شامل نقاط دورافتاده باشند. نقاط دور افتاده داده‌ها را بررسی کردیم. داده‌های اسکناس، آیریس، بذر، پروتئین، تیروئید، دیابت، خرچنگ دارای به ترتیب ۲۰، ۵۰، ۷۷، ۱۰۳، ۵۵، ۴۴، ۱۴ نقطه دور افتاده هستند. متاسفانه آزمونی برای برازش توزیع پایدار چند متغییره وجود ندارد و فقط می‌توانیم آزمون برازش یک متغیره توزیع پایدار را بررسی کنیم و مشاهده کردیم هیچ کدام از متغییرهای دادگان‌های خرچنگ، اسکناس و بذر به توزیع پایدار برازش نشدند اما برخی از متغیرهای دادگان‌های تیروئید، آیریس، دیابت و پروتئین به توزیع پایدار برازش شدند. همچنین هیچ کدام از دادگان‌ها به توزیع نرمال چند متغیره برازش نشد و آزمون نرمال بودن رد شد. توزیع این داده‌ها را بررسی کردیم و با استفاده از چهار آزمون ماردیا، هنس-زیرکلر، شاپیرو و رویستون، نرمال بودن این دادگان‌ها رد شده است.[۶۳]

در جدول زیر تعداد ابعاد، تنوع کلاس‌های و تعداد نمونه‌های داده‌ها به طور خلاصه بیان شده است:

جدول ۴-۱: تعداد نمونه‌ها n، تعداد ابعاد D و تعداد کلاس‌ها N_{class} برای هر مجموعه داده

Dataset	n	D	N_{class}
Thyroid	215	5	3
Iris	150	4	3
Diabetes	145	3	3
Swiss Banknotes	200	6	2
Seeds	210	7	3
Mice Protein Expression	1080	77	8
Crabs	200	6	2

۴-۱-۱ داده‌های غده تیروئید

این مجموعه داده که با نام اختصاری Thyroid در جداول مشخص شده است، از کتابخانه mclust [۶۲] در R استخراج شده. داده‌ها شامل پنج تست آزمایشگاهی انجام شده بر روی ۲۱۵ بیمار است. داده‌های بدین منظور مورد استفاده قرار گرفته‌اند تا بتوانیم پیش‌بینی کنیم که آیا غده تیروئید بیمار را می‌توان در دسته‌ی «مواردی که غده تیروئید به شکل نرمال کار می‌کند» [۱]، «غده تیروئید کم کار است و هورمون کافی تولید نمی‌کند» [۲] یا «غده تیروئید بیش فعال است و مقدار زیادتری هورمون **T3** و یا **T4** [۳] ترشح می‌کند» [۴]. درمان عملکرد تیروئید بر اساس اطلاعات کامل پزشکی صورت گرفته است. شامل، سابقه‌ی درمانی، اسکن، ...

داده به شکل یک قاب داده‌ها [۵] شامل متغییرهای زیر در R قرار می‌گیرند:

- **Diagnosis** درمانی که برای تیروئید تجویز شده است. شامل: Hyper, Normal, Hypo
- **RT3U** تست میزان جذب **T3-resin** (به شکل درصد)
- **T4** کل سرم تیروکسین که با روش جایگزاری ایزوتوپ [۶] اندازه‌گیری شده است.

[1] euthyroidism
[2] hypothyroidism
[3] thyroxine
[4] hyperthyroidism
[5] data.frame
[6] isotopic displacement method

- **T3** کل سرم تیرودوتیروئین [۷] که با روش رادیو ایمونو [۸] اندازه‌گیری شده است.
- **TSH** هورمون اصلی محرک تیروئید که با روش رادیوایمونو اندازه‌گیری شده است. **DTSH** مقدار حداکثر اختلاف **TSH** بعد از تزریق $200\mu gr$ هورمون رها ساز تیروتروپین [۹] در مقایسه با مقدار پایه.

۴-۱-۲ داده‌های دیابت

برای این مجموعه داده که به اختصار Diabetes در جداول ذکر شده است، از کتابخانه mclust [۶۲] نرم‌افزار R استفاده شده است.

این مجموعه داده شامل سه اندازه‌گیری است که بر روی ۱۴۵ بیمار غیر چاق صورت گرفته است. این بیماران به سه گروه تقسیم شده‌اند.

داده‌ها به شکل یک قاب داده‌ها شامل متغییرهای زیر در R قرار دارند:

- **class** نوع دیابت را مشخص می‌کند و به رده‌ی Normal, Overt, Chemical طبقه‌بندی می‌شود.
- **glucose** مساحت زیر نمودار گلوکوز در پلاسما پس از سه ساعت آزمون **OGTT** [۱۰]
- **insulin** مساحت زیر نمودار انسولین در پلاسما پس از سه ساعت آزمون OGTT
- **sspg** میزان گلوکوز پلاسما در حالت پایدار

۴-۱-۳ داده‌های خرچنگ‌ها

این مجموعه داده‌ها اندازه‌گیری موفولوژیکی [۱۱] بر روی خرچنگ لپتوکراپسوس که به اختصار Crabs در جداول نشان داده شده‌اند، از کتابخانه‌ی MASS [۶۶] در نرم‌افزار R استخراج شده‌اند.

قالب داده‌های خرچنگ‌ها شامل ۲۰۰ سطر و هشت ستون است که بیانگر ۵ اندازه‌ی مورفولوژیک برای ۵۰ خرچنگ از دو رنگ و دو جنسیت است.

قالب داده‌ی مربوط شامل این ستون‌ها است:

[7] triiodothyronine
[8] radioimmuno
[9] thyrotropin
[10] oral glucose tolerance test
[11] morphological

- **sp** گونه‌ی «B» برای رنگ آبی و گونه‌ی «O» برای رنگ نارنجی
- **sex** جنسیت
- **index** اندیس از ۱ تا ۵۰ در داخل هر گروه
- **FL** لوب پیشانی بر حسب میلیمتر
- **RW** عرض عقب بر حسب میلیمتر
- **CL** طول لاک بر حسب میلیمتر
- **CW** عرض لاک بر حسب میلیمتر
- **BD** عمق بدن بر حسب میلیمتر

۴-۱-۴ داده‌های اسکناس سوئیس

این داده‌ها که به اختصار « Swiss banknotes » در جداول بیان شده است از کتابخانه‌ی mclust [۶۲] در R استخراج شده‌اند.

این داده‌ها شامل مجموعه‌ی ۶ اندازه‌گیری مربوط به ۱۰۰ اسکناس اصل و ۱۰۰ اسکناس تقلبی ۱۰۰۰ فرانکی قدیمی است. قالب داده‌های مربوط شامل موارد زیر است:

- **Status** وضعیت اسکناس که شامل دو حالت اصل (genuine) یا تقلبی (counterfeit) می‌شود.
- **Length** طول اسکناس بر حسب میلیمتر
- **Left** عرض لبه‌ی چپ بر حسب میلیمتر
- **Right** عرض لبه‌ی راست بر حسب میلیمتر
- **Bottom** عرض حاشیه پایین بر حسب میلیمتر
- **Top** عرض حاشیه بالا بر حسب میلیمتر
- **Diagonal** طول قطر بر حسب میلیمتر

۴-۱-۵ داده‌های آیریس

این مجموعه داده که در جداول به اختصار Iris نامیده می‌شود از سایت UCI [۳] تهیه شده است.

این مجموعه داده‌ها احتمالا شناخته‌شده‌ترین مجموعه داده در متون بازشناسی الگو[۱۲] است. مقاله فیشر[۳۵] که یک مقاله کلاسیک در این حوزه است و بارها مورد ارجاع قرار گرفته از این مجموعه داده استفاده می‌کند. این مجموعه داده شامل سه رده‌ی ۵۰ تایی است. که هر رده نمیونه‌ای از یک نوع گیاه آیریس است. یک رده که از دو گروه دیگر به طور خطی قابل تفکیک است ولی دو گروه بعدی به طور خطی قابل تفکیک نیستند.

داده‌ها در قالب یک فایل متنی با ستون‌های زیر از سایت UCI دانلود شده‌اند:

- **Sepal length** طول کاسبرگ که به سانتی‌متر بیان شده است.
- **Sepal Width** عرض کاسبرگ که به سانتی‌متر بیان شده است.
- **Petal length** طول گلبرگ که به سانتی‌متر بیان شده است.
- **Petal width** عرض گلبرگ که به سانتی‌متر بیان شده است.
- **Class** نوع گل آیریس که می‌تواند یکی از سه مقدار setosa, versicolor, virginica را داشته باشد.

۴-۱-۶ مجموعه داده‌های دانه‌ها

این مجموعه داده که با مخفف «Seeds» در جداول و نمودارها آورده شده است، از سایت UCI [۵] جمع‌آوری شده است.

گروه مورد آزمایش شامل سه گروه از گونه‌ای مختلف گندم است. گونه‌ی کاما، رز و کانادایی[۱۳]. ۷۰ مورد از هر گونه به طور تصادفی برای آزمایش انتخاب شده‌اند. تصاویری با کیفیت بالا از ساختار دورنی دانه‌گندم با استفاده از تکنیک پرتو ایکس نرم[۱۴] تهیه شده است. این روش یک روش غیر مخرب است و نسبت به دیگر روش‌های پیچیده‌ی تصویربرداری مانند میکروسکوپ روبشی و تکنولوژی لیزر، ارزانتر است. تصاویر بر روی فیلم پرتو ایکس کداک ۱۳ در ۱۸ سانتی‌متر ضبط شده است. مطالعه براساس

[12] pattern recognition
[13] Kama, Rose, Canadian
[14] saft x-ray

دانه‌ی جمع‌آوری شده از مزارع آزمایشی به طور ترکیبی انجام شده است و در انستیتو آکروفیزیکی آکادمی لهستان در لوبین مورد بررسی قرار گرفته است.[۱۵] این داده‌ها می‌تواند برای رده‌بندی و خوشه‌بندی مورد استفاده قرار گیرد.

این مجموعه داده در قالب یک فایل متنی شامل ۸ ستون تهیه شده است. توضیح ستون‌ها شامل موارد زیر است:

- **A** مساحت
- **P** محیط
- **C** فشردگی $4\pi A/P^2$
- **length of kernel** طول هسته
- **width of kernel** عرض هسته
- **symmetry coefficient** ضریب تقارن
- **length of kernel groove** طول رشد هسته
- **Class** نوع دانه

۴-۱-۷ مجموعه داده‌ی بیان پروتئین موش

این مجموعه داده که با نام اختصاری MPE [۱۶] در جداول و نمودارها آورده شده است، از وب سایت UCI [۴] جمع‌آوری شده است. مجموعه داده شامل سطوح بیان ۷۷ تغییرات پروتئین/پروتئین‌ها است که سیگنال قابل اندازه‌گیری در شکست پوسته‌ی هسته تولید می‌کنند.

۳۳ موش کنترلی و ۳۴ موش تیروزومی [۱۷] (دارای سندرم داون) مورد مطالعه قرار گرفته‌اند. که در کل شامل ۷۲ موش می‌شود. در این آزمایش، ۱۵ اندازه‌گیری مربوط به هر پروتئین برای هر موش اندازه‌گیری شده است. بنابراین برای موش‌های کنترلی، $38 \times 15 = 570$ اندازه‌گیری و برای موش‌های تیروزومی $34 \times 15 = 510$ اندازه‌گیری انجام شده است. این مجموعه‌داده شامل مجموعا ۱۰۸۰ اندازه‌گیری برای هر پروتئین است. هر اندازه‌گیری می‌تواند به عنوان یک نمونه/موش مستقل در نظر گرفته شود.

[15] institute of agrophysics of the Polish academy of science in Lubin
[16] mice protein expression
[17] trisomic

۸ رده‌ی موش‌ها بر اساس مشخصاتی مانند ژنوتیپ [18] ، رفتار و درمان طبقه‌بندی شده‌اند. از نظر ژنوتیپ موش‌ها می‌توانند کنترل با تیروزومی باشند. از نظر رفتاری، به یادگیری تحریک شده‌اند (زمینه-شوک) [19] و بقیه تحریک نشده‌اند (شوک-زمینه) و برای سنجش تأثیر دارو، داروی ممانتین [20] قابلیت یادگیری در موش‌های تیروزومی را افزایش می‌دهد. به برخی دارو تزریق شده است و به بقیه خیر.

رده‌ها:

- **c-CS-s** : موش کنترلی، تحریک شده به آموزش، تزریق با محلول آب و نمک (۹ موش)
- **c-CS-m** : موش کنترلی، تحریک شده به آموزش، تزریق با محلول ممانتین (۱۰ موش)
- **c-SC-s** : موش کنترلی، تحریک نشده به آموزش، تزریق با محلول آب و نمک (۹ موش)
- **c-SC-m** : موش کنترلی، تحریک نشده به آموزش، تزریق با محلول ممانتین (۱۰ موش)
- **t-CS-s** : موش تیروزومی، تحریک شده به آموزش، تزریق با محلول آب و نمک (۷ موش)
- **t-CS-m** : موش تیروزومی، تحریک شده به آموزش، تزریق با محلول ممانتین (۹ موش)
- **t-SC-s** : موش تیروزومی، تحریک نشده به آموزش، تزریق با محلول آب و نمک (۹ موش)
- **t-SC-m** : موش تیروزومی، تحریک نشده به آموزش، تزریق با محلول ممانتین (۹ موش)

هدف تعیین زیرگروهی از پروتئین‌ها است که بین رده‌ها تمایز ایجاد می‌کنند.

داده‌ها در قالب یک فایل متنی شامل ستون‌های زیر تهیه شده‌اند:

- ۱: شناسه‌ی موش
- ۲ تا ۷۸: میزان بیان پروتئین برای ۷۷ پروتئین
- ۸۰: نحوه‌ی درمان: ممانتین(m) یا نمک(s)
- ۸۱: رفتار (CS یا SC)
- ۸۲: رده‌ها

[18] genotype
[19] context-shock
[20] memantine

۴-۲ الگوریتم پیاده‌سازی نگاشت تصادفی

پیاده‌سازی نگاشت تصادفی نسبتا ساده‌است. چون در همه حالات درایه‌های ماتریس تصادفی $\mathbf{R} \in \mathbb{R}^{D\times k}$ به طور i.i.d انتخاب می‌شوند. چالشی از جهت وابستگی متغیرهای تصادفی در طول فرآیند تولید نداریم. به طور کلی از دو نوع توزیع جهت تولید ماتریس تصادفی $\mathbf{R}$ استفاده کردیم. یکی توزیع پایدار و دیگری توزیع زیرگاوسی بسیار تُنُک. توزیع‌های نرمال و کوچی حالت خاصی از توزیع نرمال قلمداد شده‌اند. کد مربوط به پیاده‌سازی تصویر تصادفی در حالت پایدار به سادگی زیر است:

```
randomProjection <- function(d, targetNumDimention, alpha = 2) {

  pm <- matrix(rstable(ncol(d) * targetNumDimention, alpha = alpha, beta = 0),
               nrow = ncol(d))

  d %*% pm

}
```

این تابع که دو یا سه ورودی می‌تواند داشته باشد ماتریس داده $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{n\times D}$ را در قالب متغیر d، تعداد ابعاد مد نظر برای کاهش بعد k در قالب متغیر `targetNumDimention` و پارامتر α توزیع پایدار با متغییر `alpha` بیان شده است. پارامتر α می‌تواند در وردی‌های تابع ظاهر نشود و مقدار پیش‌فرض ۲ را دارد.

برای حالت تُنُک تابع `sRandomProjection` به شکل زیر پیاده‌سازی شده است.

```
sRandomProjection <- function(d, targetNumDimention, s = 2) {

  r <- runif(ncol(d) * targetNumDimention, min = 0, max = 2*s)
  r[r <= 1] = -1
  r[r >= (2*s-1)] = 1
  r[r != 1 & r != -1] <- 0
  pm <- matrix(r,
               nrow = ncol(d))

  d %*% pm

}
```

دو متغییر ورودی d و `targetNumDimention` مانند تابع قبلی بیانگر داده‌هایی ورودی و تعداد ابعاد هدف است. ورودی s ولی نشان دهنده پارامتر s در توزیع ورودی مربوط به این تابع است. در این حالت از یک توزیع گسسته ما مقادیر $\{-1, 0, 1\}$ با احتمالات $\{\frac{1}{2s}, 1-\frac{1}{s}, \frac{1}{2s}\}$ استفاده می‌کنیم. هرچه مقدار پارامتر s در توزیع بیشتر باشد بهتر است.

۴-۳ ارزیابی روش‌های کاهش بعد

برای ارزیابی روش‌های کاهش‌بعد، معیارهای مختلفی معرفی شده است.[۴۰] یکی از روش‌های ارزیابی عملکرد کاهش بعد، خوشه‌بندی است. یکی دیگر از کاربردهای خوشه‌بندی علاوه بر کاهش بعد، ارزیابی کاهش بعد نیز است. برای ارزیابی روش‌های کاهش بعد با استفاده از خوشه‌بندی، ابتدا خوشه‌بندی را روی داده‌ها با تمام متغیرها انجام می‌دهیم و با استفاده از یکی از معیار ارزیابی خوشه‌بندی شاخص رند تعدیل شده که در بخش ۲-۲-۱ بیان شده است، عملکرد خوشه‌بندی را محاسبه می‌کنیم. سپس روش کاهش بعد را روی داده‌ها اعمال کرده و مجدد روی مجموعه داده‌های کاهش بعد یافته، خوشه‌بندی را پیاده‌سازی و عملکرد خوشه‌بندی را روی داده‌ها با ابعاد کمتر محاسبه می‌کنیم. سرانجام با مقایسه عملکرد خوشه‌بندی قبل و بعد از کاهش بعد، روش کاهش بعد را ارزیابی خواهیم کرد.

برای مقایسه روش‌های کاهش بعد بر اساس نگاشت تصادفی‌های متفاوت، از معیار نرخ خطار رده‌بندی استفاده می‌کنیم. معیار نرخ خطای رده‌بندی به صورت زیر تعریف می‌شود:

$$C_e = 100(\mathrm{ARI}_d - \mathrm{ARI}_p) \tag{۴-۱}$$

که در آن ARI_d و ARI_p به ترتیب شاخص رند تعدیل شده در فضای $\mathbb{R}^d$ و $\mathbb{R}^p$ می‌باشند $(d < p)$. ARI_d ، شاخص رند تعدیل شده خوشه‌بندی با متغیرهای کمتر و ARI_p ، شاخص رند تعدیل شده خوشه‌بندی با متغییرهای کامل است. هر چقدر معیار C_e بزرگتر باشد، بیانگر این است که کاهش بعد بهتری صورت گرفته است. در جداول فصل بعد کاهش بعد به دو و سه بعد انجام شده است. و عملکرد کاهش بعد با معیار C_e سنجیده شده است.

فصل پنجم

جمع‌بندی و نتیجه‌گیری و پیشنهادات

هدف این فصل سنجش عملکر کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی است. بدین منظور برای هر یک از مجموعه داده‌های معرفی شده در فصل چهارم روش‌های مختلف کاهش بعد بوسیله تصویر تصادفی با پارامترهای مختلف مقایسه شده‌اند. هر سطر جدول ۵-۱ یک حالت مورد بررسی است که بر روی تمام مجموعه داده‌ی معرفی شده در فصل چهارم اعمال می‌شود.

جدول ۵-۱: شرایط کاهش بعد در شش بخش اول

	روش	پارامتر	مقدار پارامتر	بعد کاهش یافته
۵-۱	پایدار	α	۲(نرمال)	۲
۵-۲	پایدار	α	۲(نرمال)	۳
۵-۳	پایدار	α	۱(کوشی)	۲
۵-۴	پایدار	α	۱(کوشی)	۳
۵-۵	گسسته	s	۲	۲
۵-۶	گسسته	s	۲	۳

در شش بخش اول به بررسی عملکرد و پایداری کاهش بعد برای هر یک از سطرهای جدول ۵-۱ پرداختیم. عملکرد کاهش بعد با سنجه‌های ARI_d و C_e که در (قسمت ۴-۳) معرفی شده‌اند. در جدول ابتدای هر بخش برای مجموعه داده‌های مختلف سنجیده شده. در ادامه نمودار فراوانی ARI_d برای هر مجموعه داده بیان شده است که به طور شهودی انتظار ما را از عملکرد کاهش بعد با روش تصویر تصادفی بیان می‌کند. اگر نمودار فراوانی دارای قله‌های مشخصی باشد انتظار می‌رود که عملکرد کاهش بعد با روش تصویر تصادفی معنی‌دار باشد ولی اگر ARI_d دارای مقادیر انتظاری محتمل‌تری نباشد نمی‌توان انتظار داشت که با یک یا تعداد کمی کاهش بعد با ماتریس‌های تصادفی لزوما به عملکرد مشابهی مانند میانگین آماری بیان شده در جداول ابتدای هر بخش، دست یافت. مقادیر مربوط به جداول میانگین مربوط به ۱۰۰۰ ماتریس تصادفی مختلف است.

در چهار بخش بعدی رفتار عملکرد کاهش بعد (C_e) نسبت به پارامترهای مدل سنجیده شده است. برای حالت پایدار در دو حالت کاهش بعد به دو و سه بعد برای α از ۱ تا ۲ در قدم‌های ۱.۰ مقدار C_e با نمونه‌گیری ۲۰۰ تایی بیان شده است. و برای کاهش بعد گسسته به دو و سه بعد برای s از ۵.۱ تا ۵.۲ در قدم‌های ۱.۰ مقدار C_e با نمونه‌گیری ۲۰۰ تایی بیان شده است.

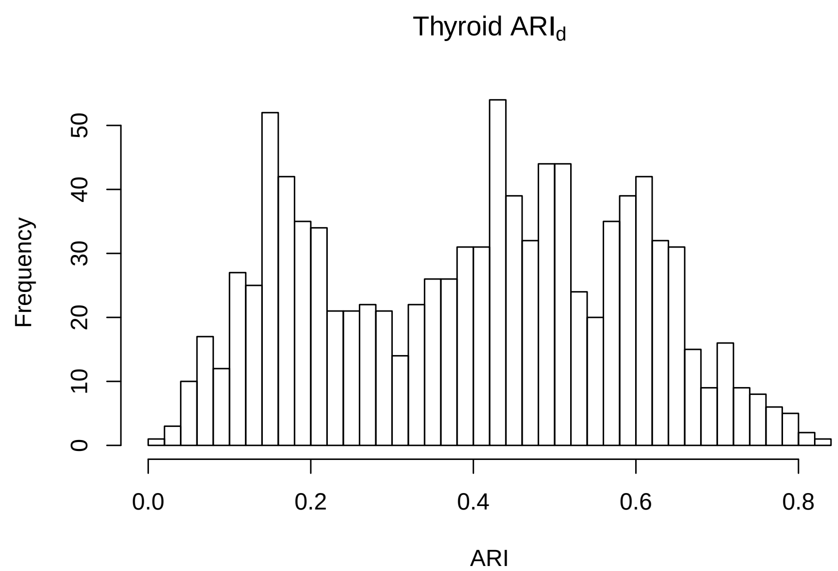
۵-۱ بررسی کاهش بعد نرمال $(\alpha = 2)$ به دو بعد

۵-۱-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

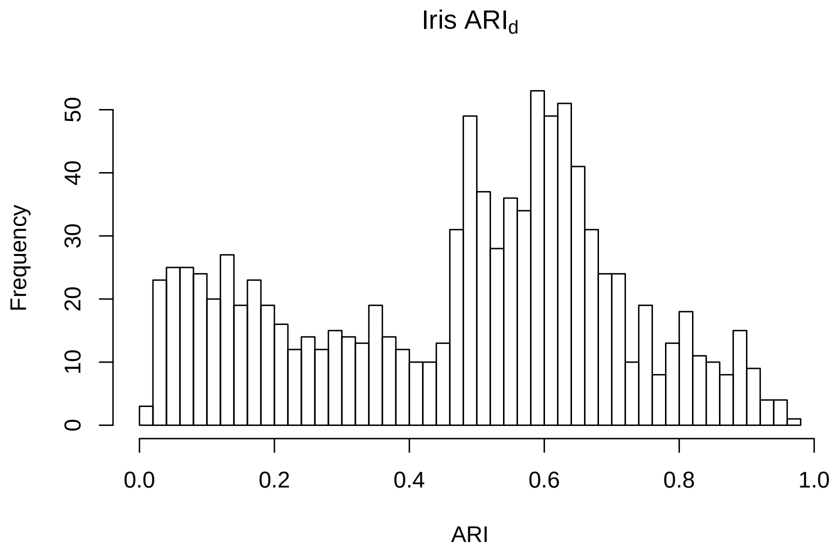
جدول ۵-۲: عملکرد تصویر تصادفی نرمال برای کاهش بعد به دو بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.3989981	-18
Iris	0.6201352	0.4710315	-15
Diabetes	0.3801662	0.3647537	-2
Swiss Banknotes	0.8456292	0.3880871	-46
Seeds	0.7732937	0.4482112	-33
Crabs	0.0481402	0.0439549	0
Mice Protein Expression	0.1316117	0.0657659	-7

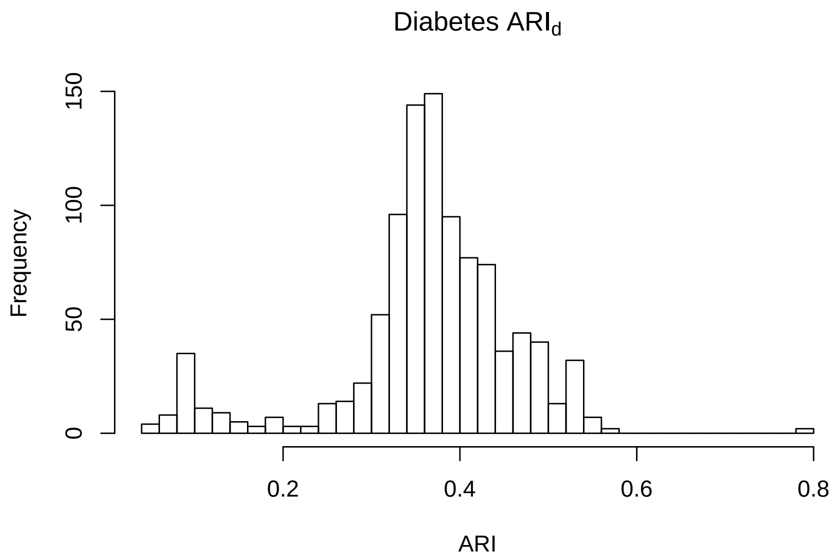
۵-۱-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



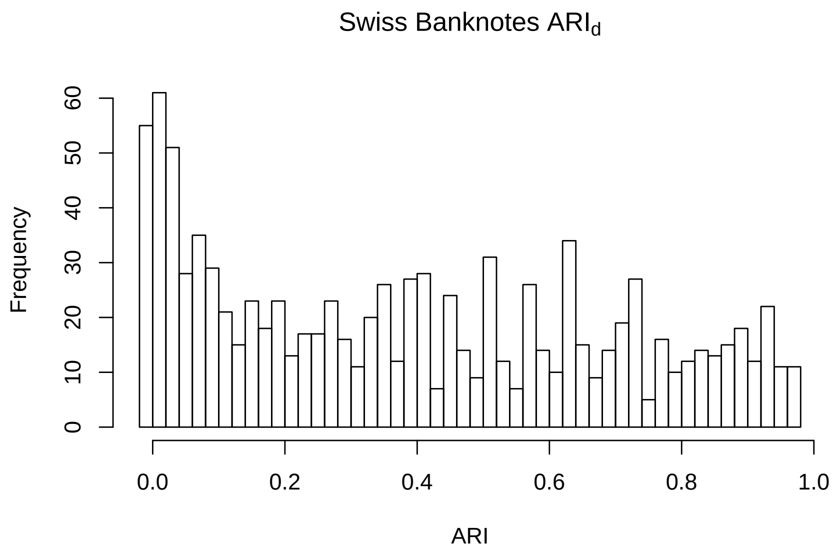
شکل ۵-۱: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال $(\alpha = 2)$ به دو $(d = 2)$ بعد برای مجموعه داده‌های تیروئید ۴-۱-۱ . این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



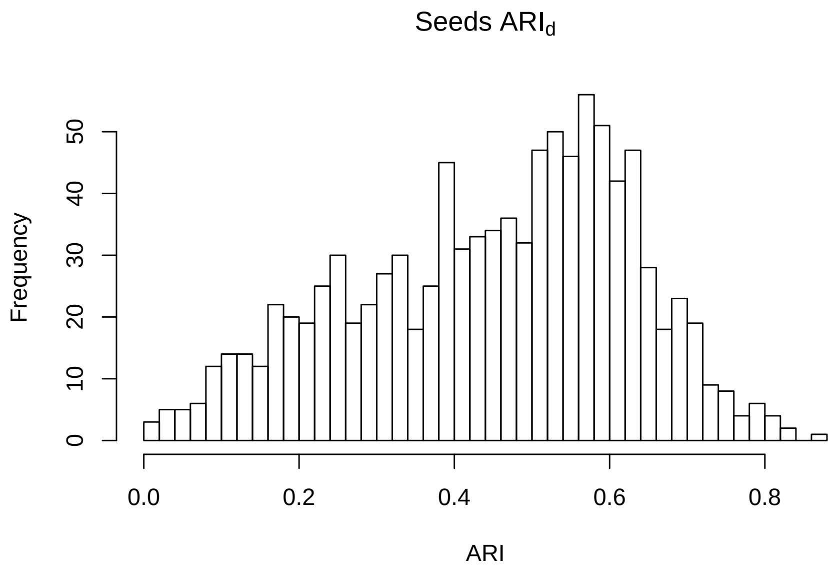
شکل ۵-۲: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و دسته‌ای از مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند که امکان این را فراهم می‌آورد که با تست تعداد محدودی ماتریس تصادفی کاهش بعد قابل قبولی را انتظار داشته باشیم.



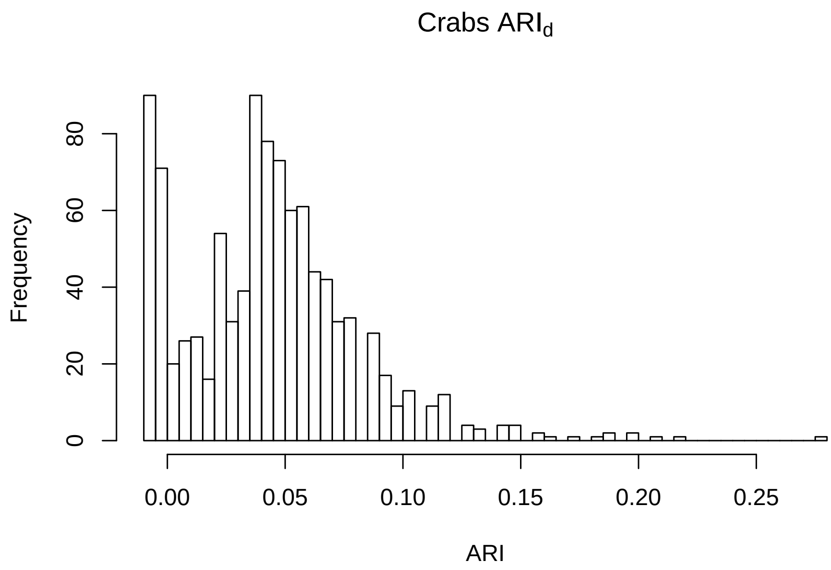
شکل ۵-۳: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



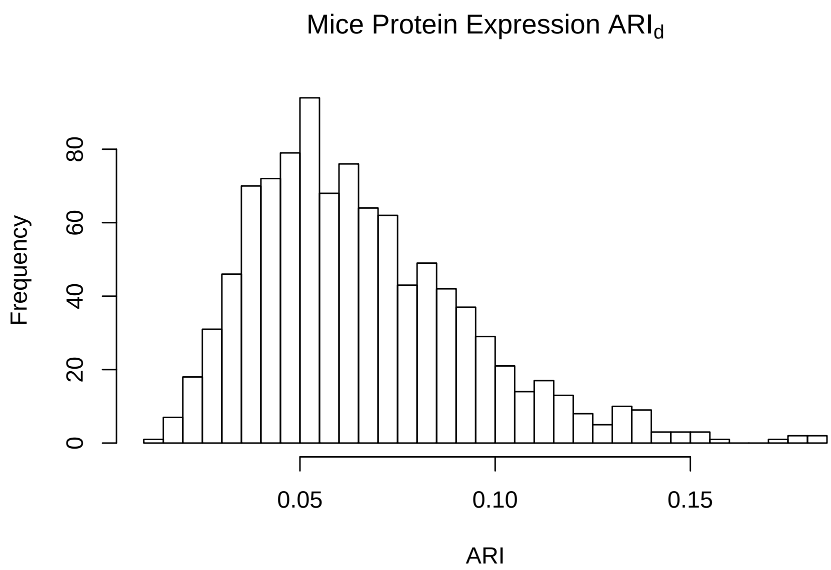
شکل ۵-۴: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۵: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۴-۱-۶ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۶: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۷: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

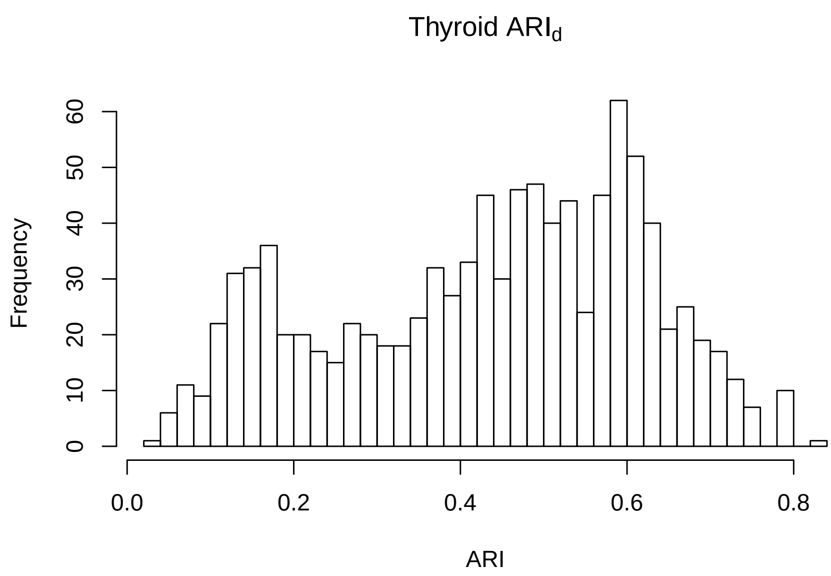
۵-۲ نتایج برای کاهش بعد نرمال به سه بعد

۵-۲-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

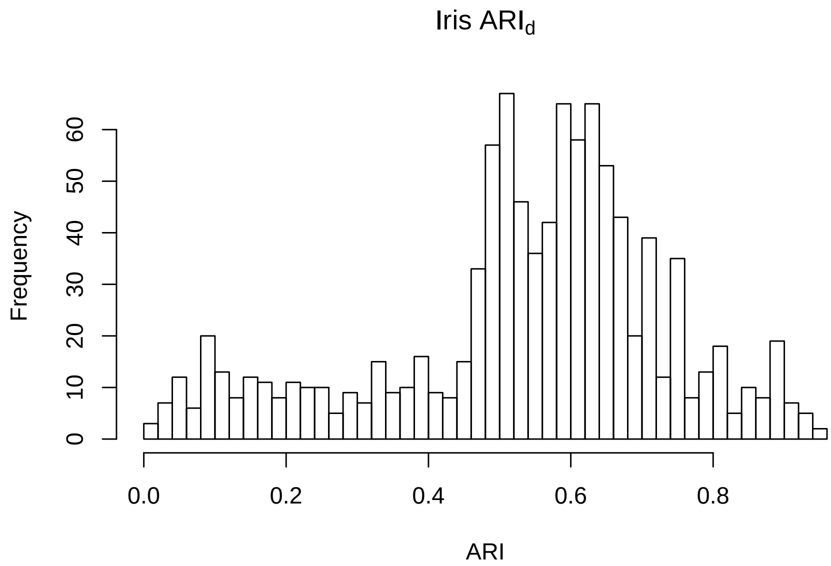
جدول ۵-۳: عملکرد تصویر تصادفی نرمال برای کاهش بعد به سه بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.4344288	-15
Iris	0.6201352	0.5359746	-8
Swiss Banknotes	0.8456292	0.4714675	-37
Seeds	0.7732937	0.5299329	-24
Mice Protein Expression	0.1316575	0.0814613	-5
Crabs	0.0481402	0.0485252	0

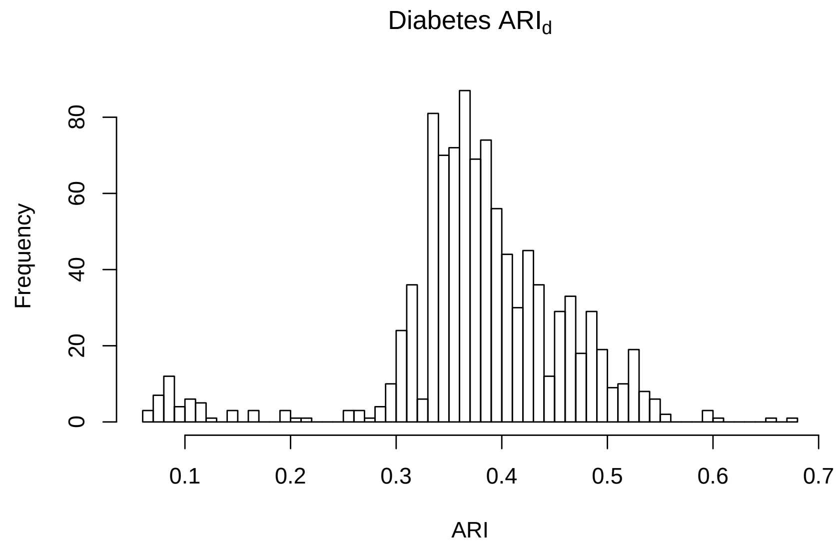
۵-۲-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



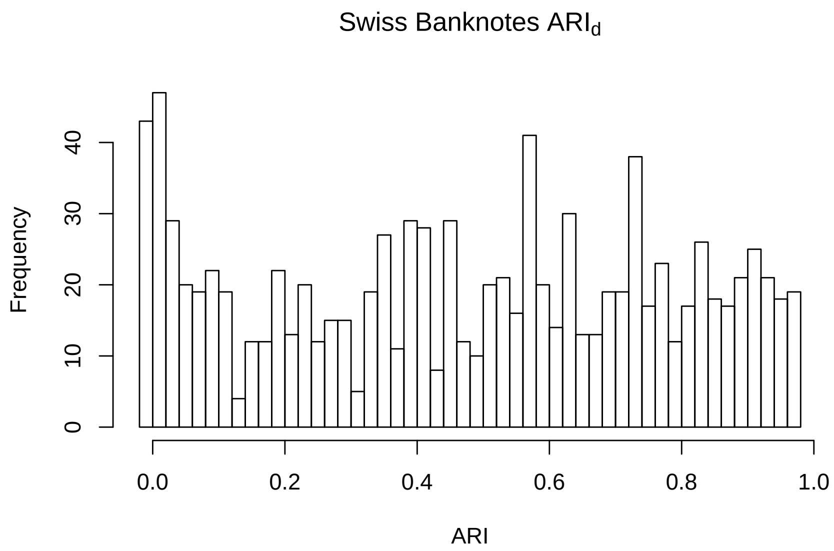
شکل ۵-۸: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های تیروئید ۴-۱-۱ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



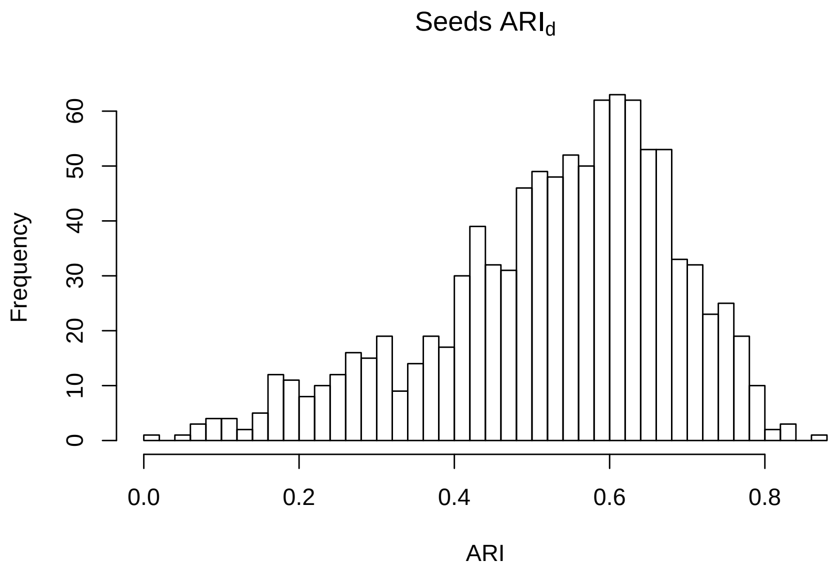
شکل ۵-۹: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



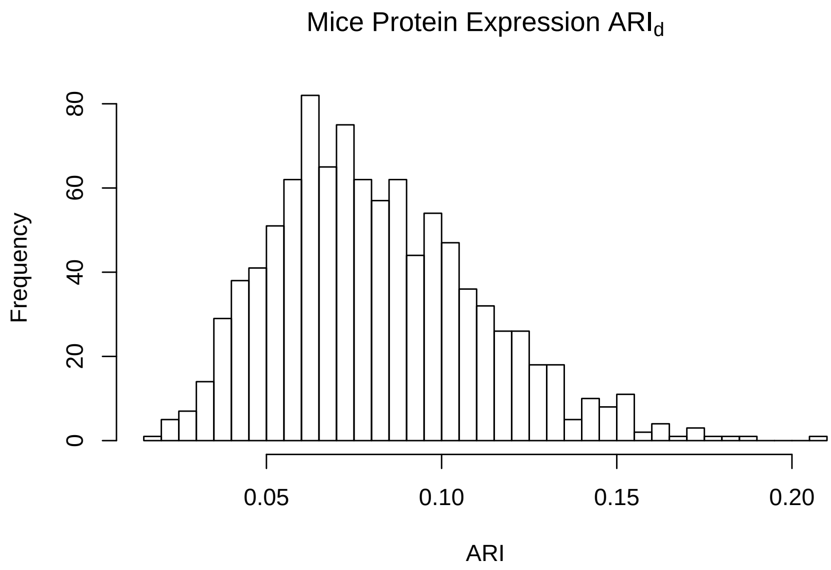
شکل ۵-۱۰: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



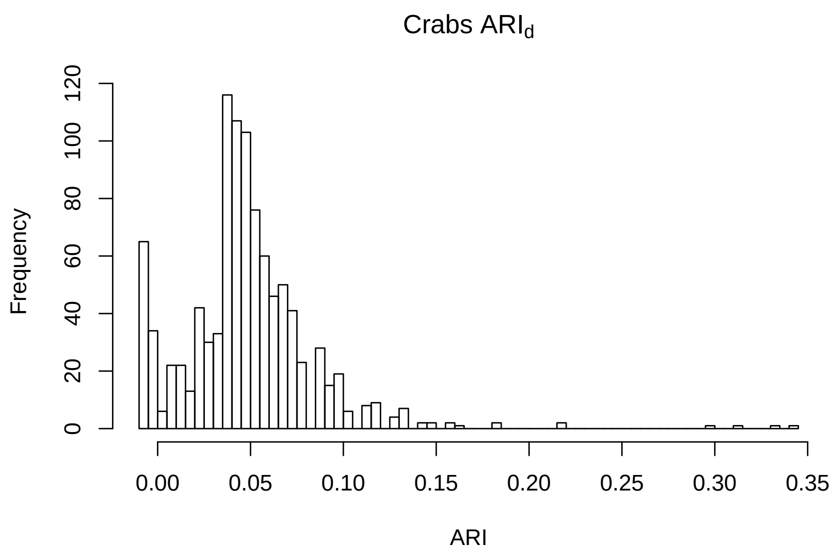
شکل ۵-۱۱: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال $(\alpha = 2)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۱۲: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال $(\alpha = 2)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۴-۱-۶ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۱۳: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۱۴: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی نرمال ($\alpha = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

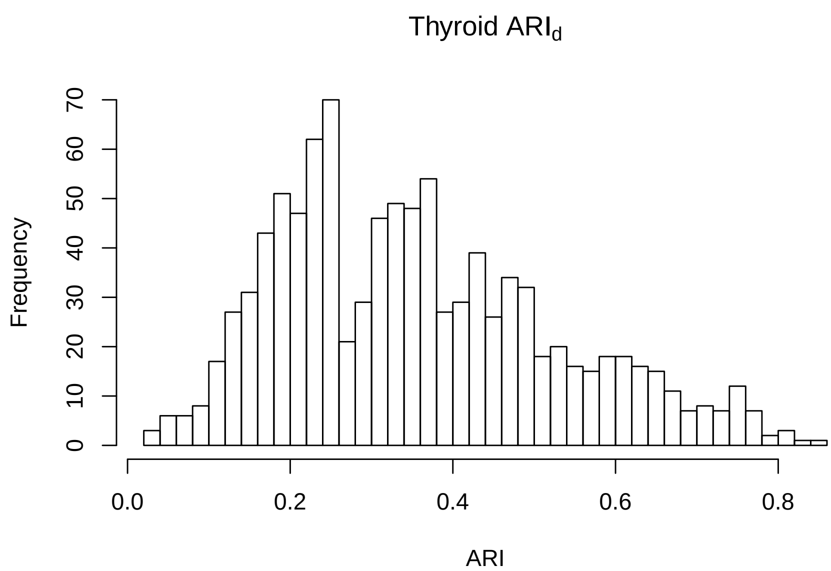
۵-۳ نتایج برای کاهش بعد کوشی $(\alpha = 1)$ به دو بعد

۵-۳-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

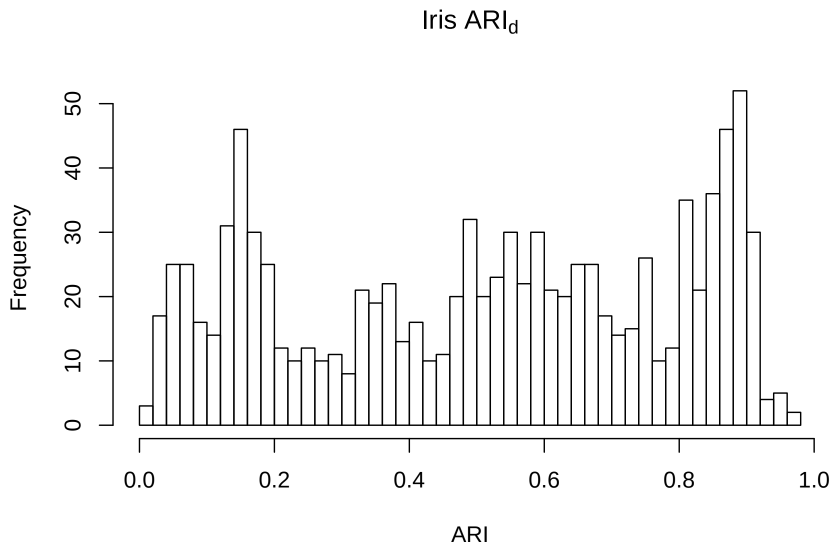
جدول ۵-۴: عملکرد تصویر تصادفی کوشی برای کاهش بعد به دو بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.3559301	-23
Iris	0.6201352	0.5078172	-11
Diabetes	0.3801662	0.3341399	-5
Swiss Banknotes	0.8456292	0.4011119	-44
Seeds	0.7732937	0.4488349	-32
Mice Protein Expression	0.1317342	0.0592468	-7
Crabs	0.0481402	0.0469365	0

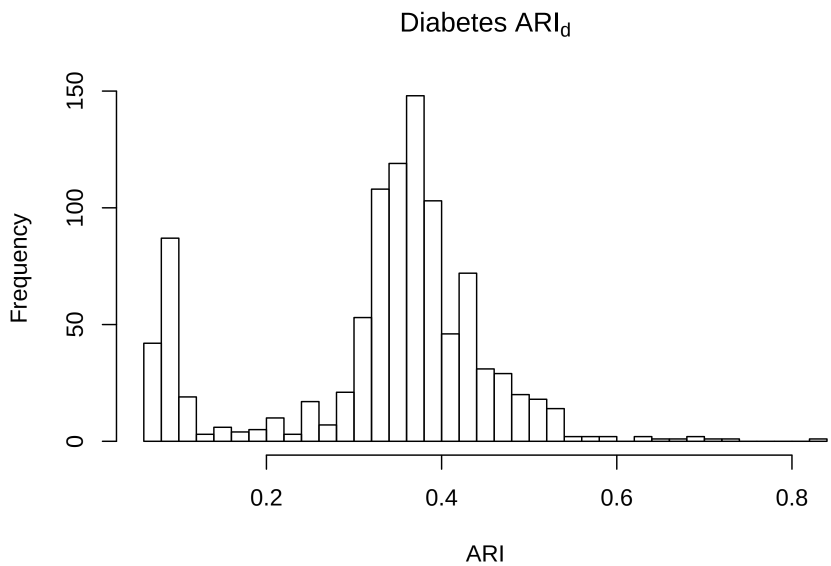
۵-۳-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



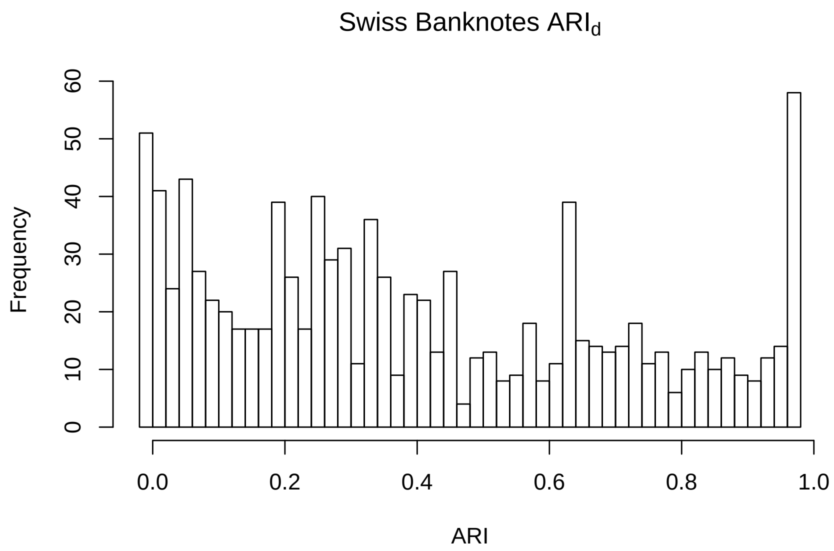
شکل ۵-۱۵: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی $(\alpha = 1)$ به دو $(d = 2)$ بعد برای مجموعه داده‌های تیروئید ۴-۱-۱ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



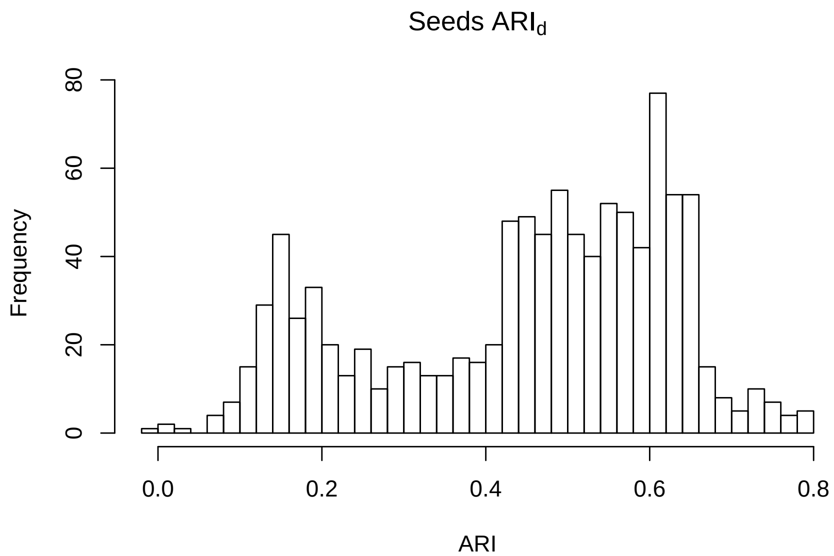
شکل ۵-۱۶: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



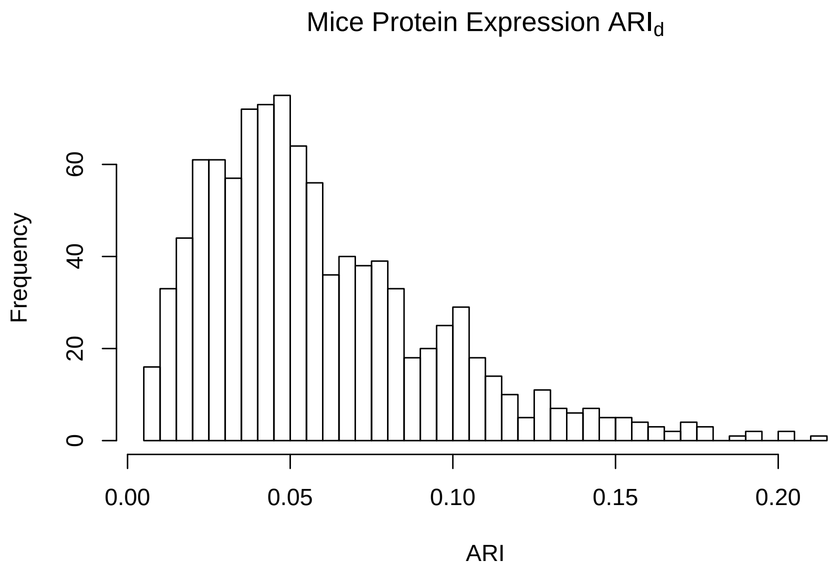
شکل ۵-۱۷: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



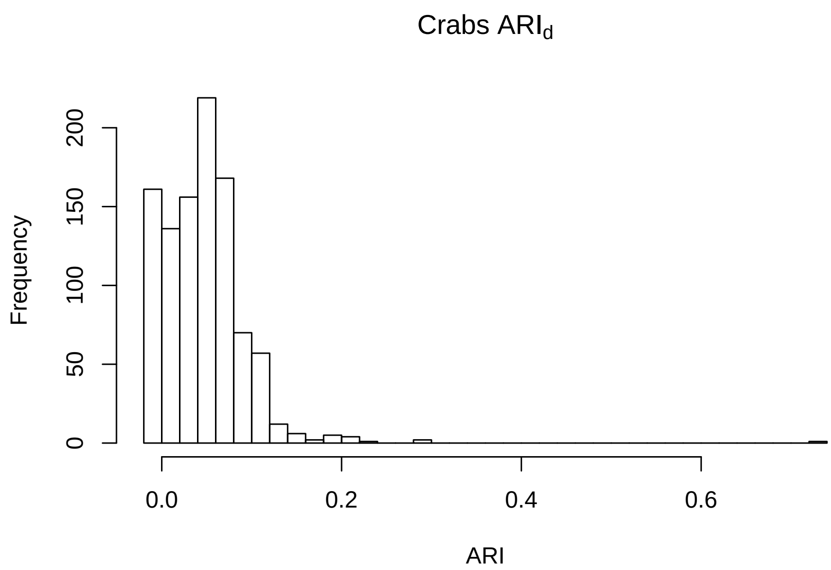
شکل ۵-۱۸: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۱۹: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۴-۱-۶ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۲۰: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۲۱: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

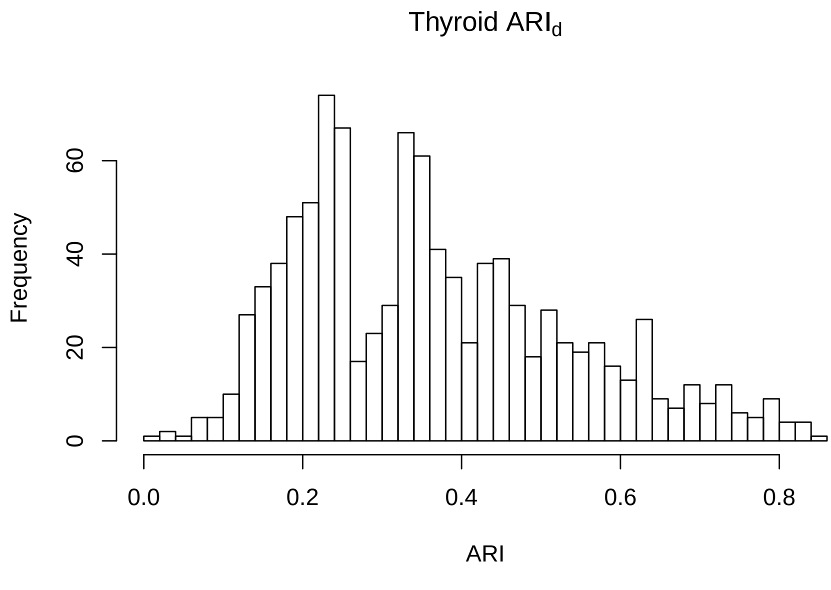
۵-۴ نتایج برای کاهش بعد کوشی به سه بعد

۵-۴-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

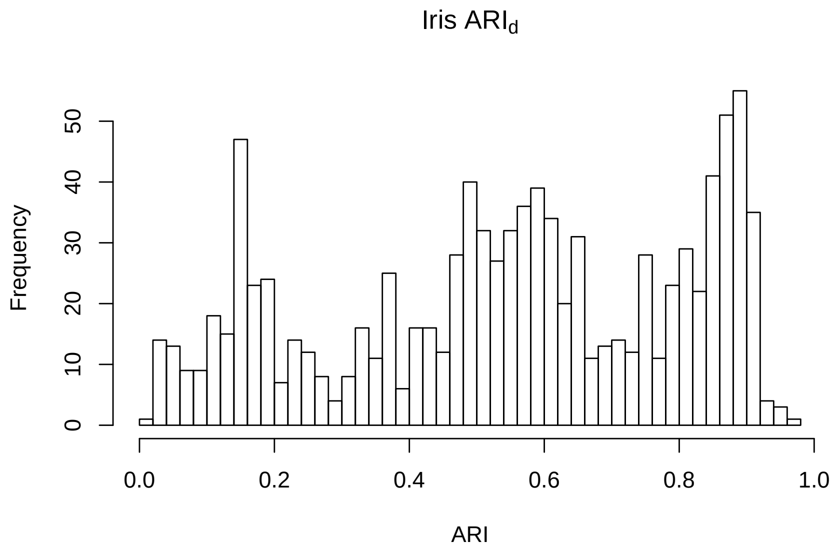
جدول ۵-۵: عملکرد تصویر تصادفی کوشی برای کاهش بعد به سه بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.3658900	-22
Iris	0.6201352	0.5441285	-8
Swiss Banknotes	0.8456292	0.4330544	-41
Seeds	0.7732937	0.4697687	-30
Mice Protein Expression	0.1317362	0.0659775	-7
Crabs	0.0481402	0.0452313	0

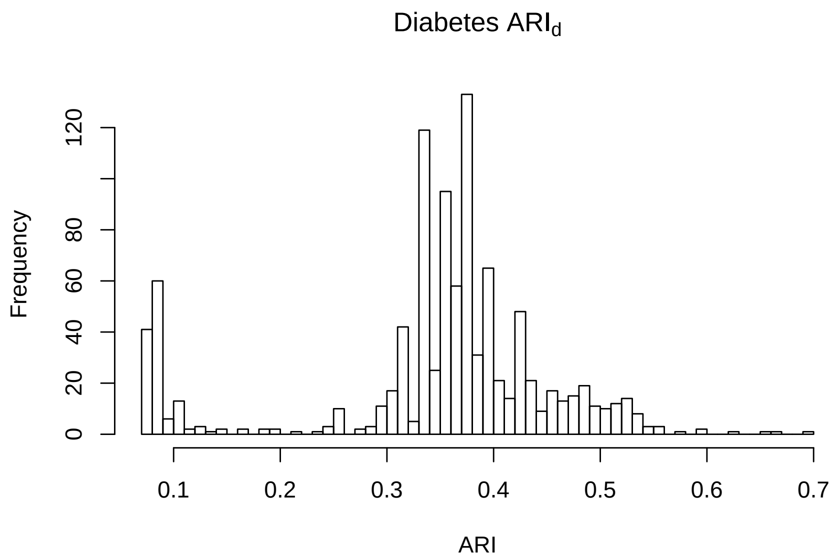
۵-۴-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



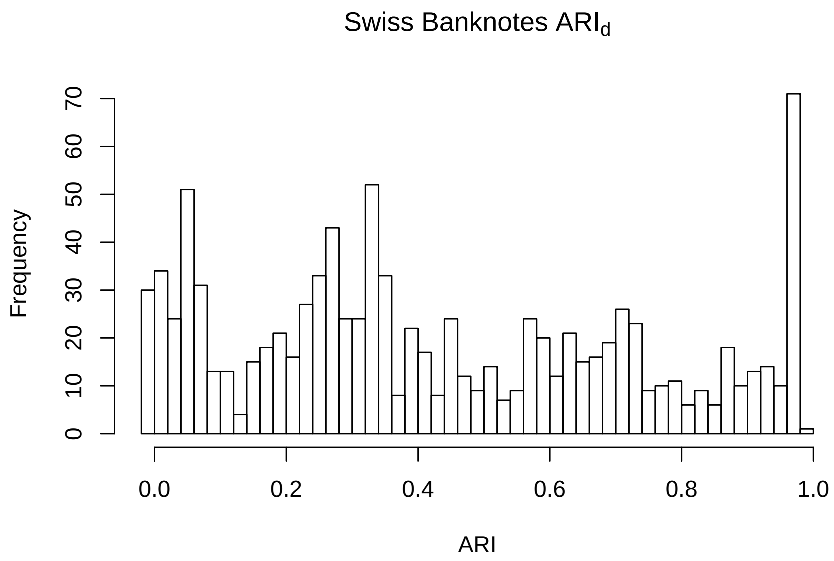
شکل ۵-۲۲: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



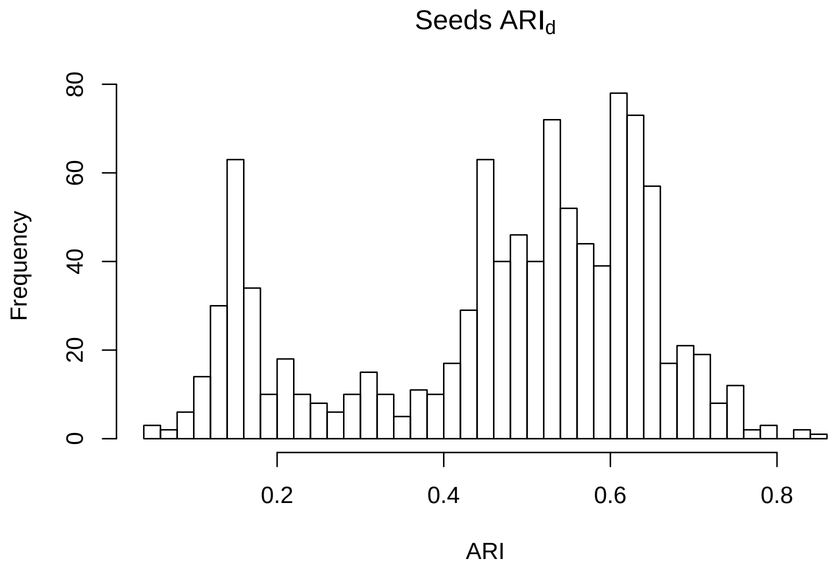
شکل ۵-۲۳: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



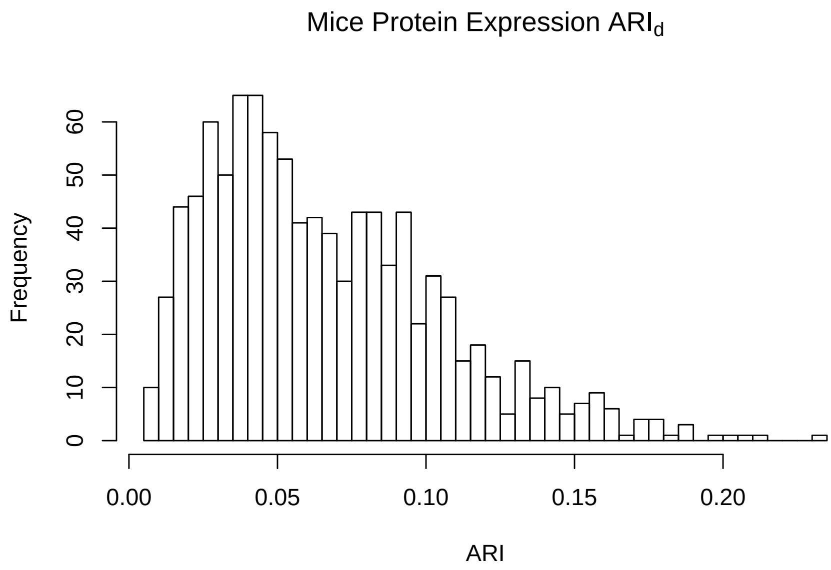
شکل ۵-۲۴: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی ($\alpha = 1$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



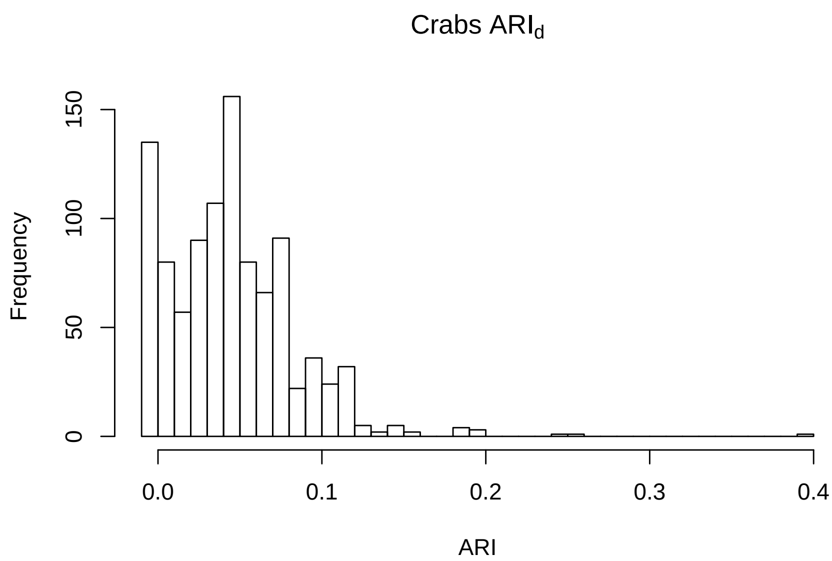
شکل ۵-۲۵: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی $(\alpha = 1)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند. در این نمودار موضوع جالب برخی از تصویرهای تصادفی هستند که عملکردی نزدیک به عملکرد حالت کاهش نیافته دارند.



شکل ۵-۲۶: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی $(\alpha = 1)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۶-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۲۷: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی $(\alpha = 1)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۲۸: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی کوشی $(\alpha = 1)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

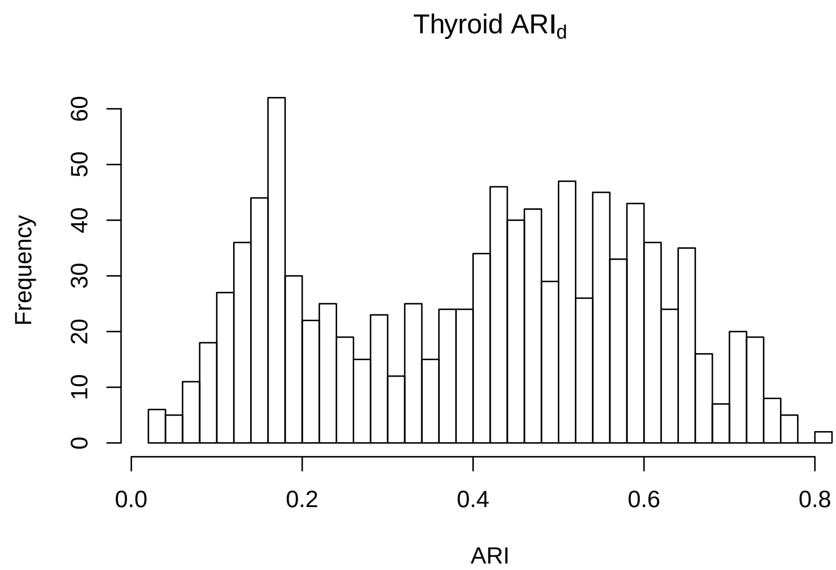
۵-۵ نتایج برای کاهش بعد گسسته $s = 2$ به دو بعد

۵-۵-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

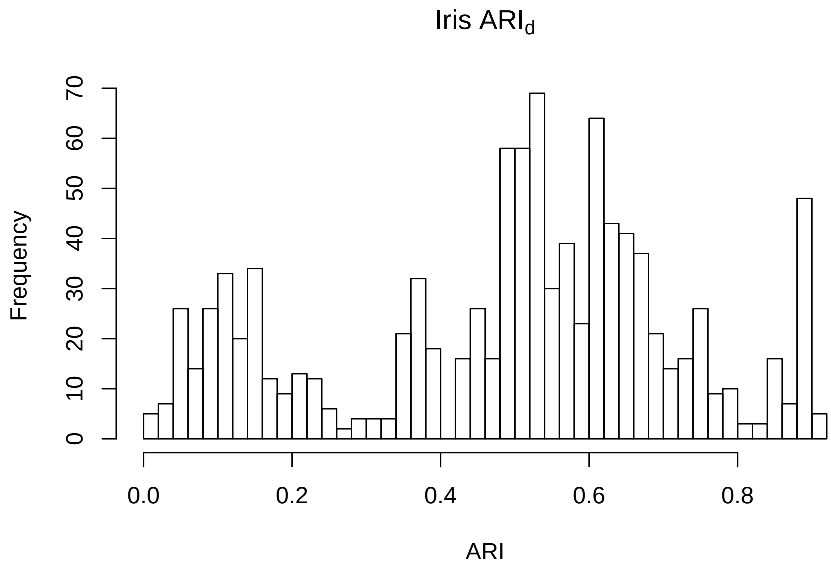
جدول ۵-۶: عملکرد تصویر تصادفی گسسته با $s = 2$ برای کاهش بعد به دو بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.4016237	-18
Iris	0.6201352	0.4890477	-13
Diabetes	0.3801662	0.3515435	-3
Swiss Banknotes	0.8456292	0.4012454	-44
Seeds	0.7732937	0.4459104	-33
Mice Protein Expression	0.1314435	0.0647088	-7
Crabs	0.0481402	0.0467305	0

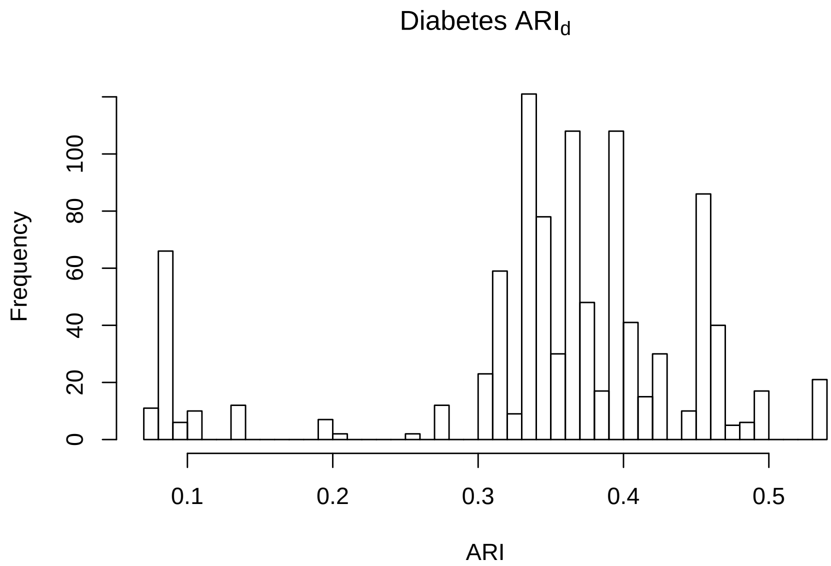
۵-۵-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



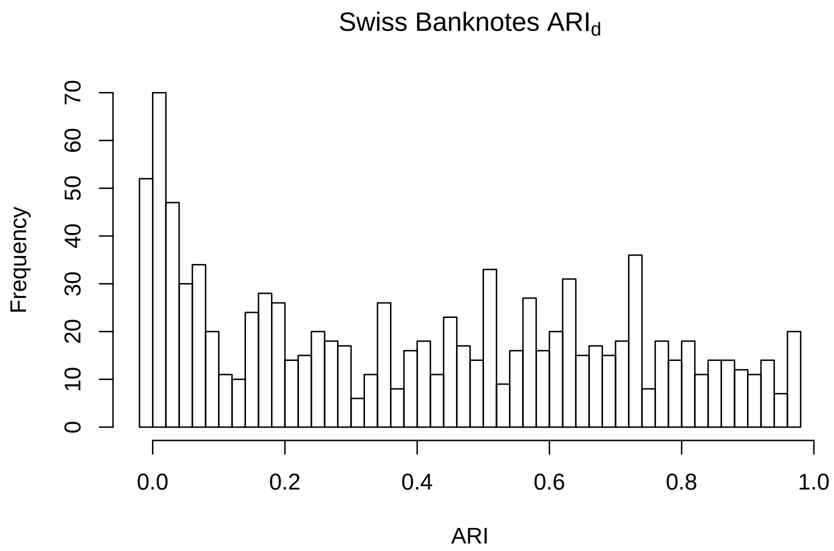
شکل ۵-۲۹: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های تیروئید ۴-۱-۱ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



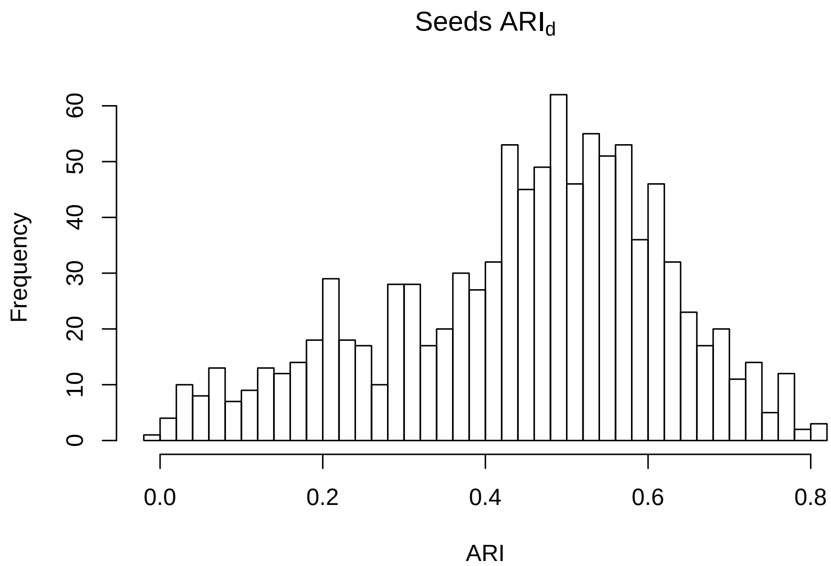
شکل ۵-۳۰: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



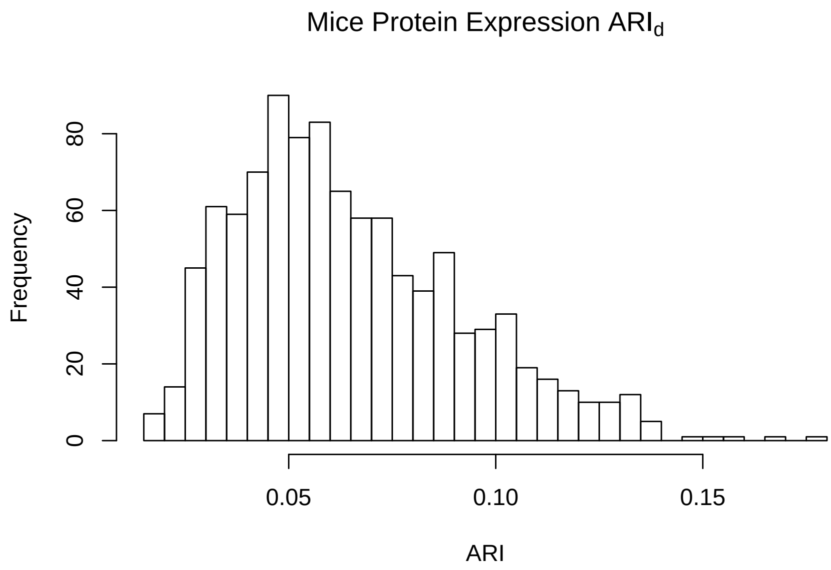
شکل ۵-۳۱: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله‌های مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



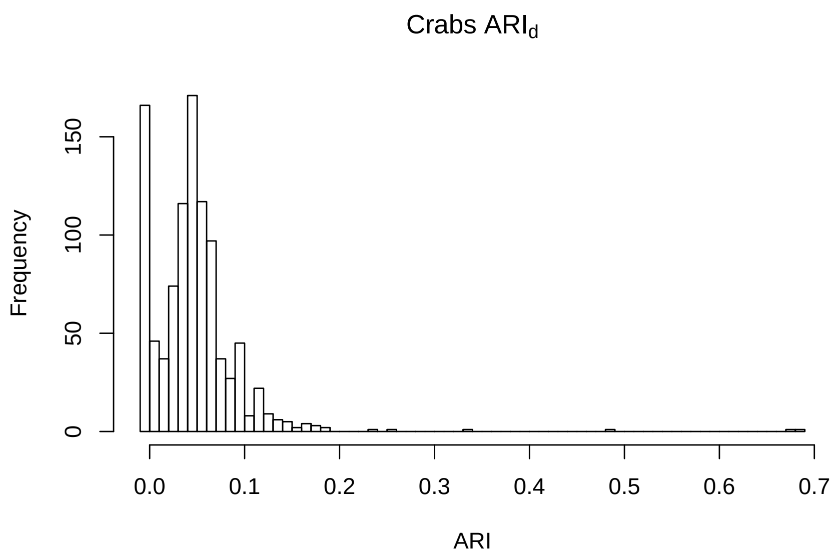
شکل ۵-۳۲: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته $(s = 2)$ به دو $(d = 2)$ بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۳۳: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته $(s = 2)$ به دو $(d = 2)$ بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۴-۱-۶ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۳۴: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۳۵: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به دو ($d = 2$) بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

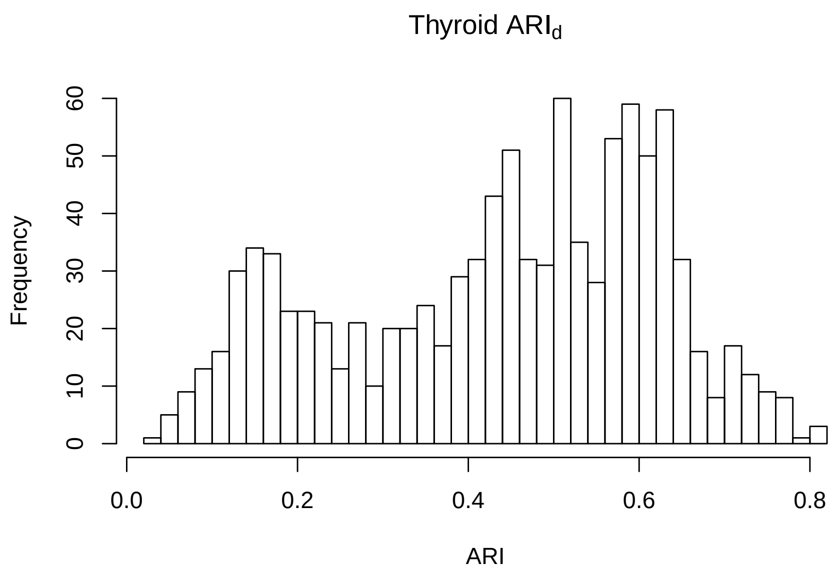
۵-۶ نتایج برای کاهش بعد گسسته $s = 2$ به سه بعد

۵-۶-۱ جداول مقایسه عملکرد خوشه‌بندی

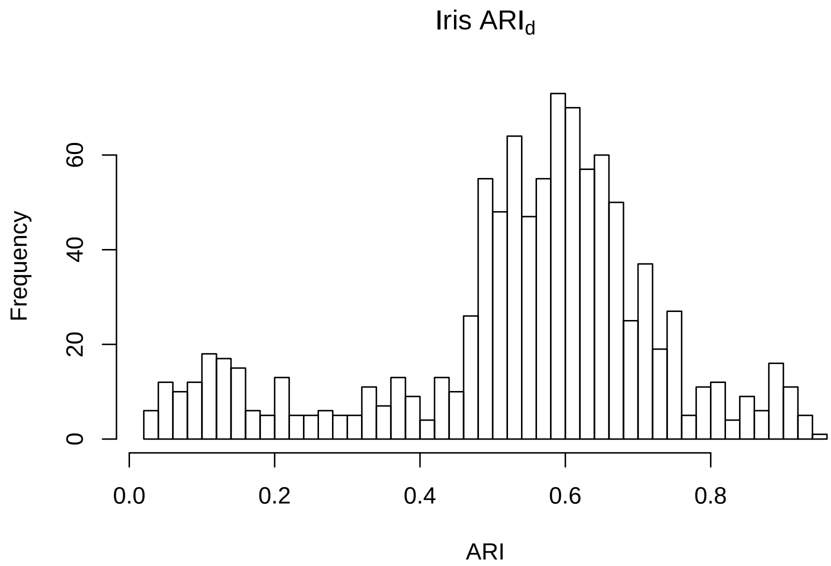
جدول ۵-۷: عملکرد تصویر تصادفی گسسته با $s = 2$ برای کاهش بعد به سه بعد

Dataset	ARI_p	ARI_d	C_e
Thyroid	0.5831656	0.4386178	-14
Iris	0.6201352	0.5410759	-8
Swiss Banknotes	0.8456292	0.4881694	-36
Seeds	0.7732937	0.5289697	-24
Mice Protein Expression	0.1314406	0.0798832	-5
Crabs	0.0481402	0.0463655	0

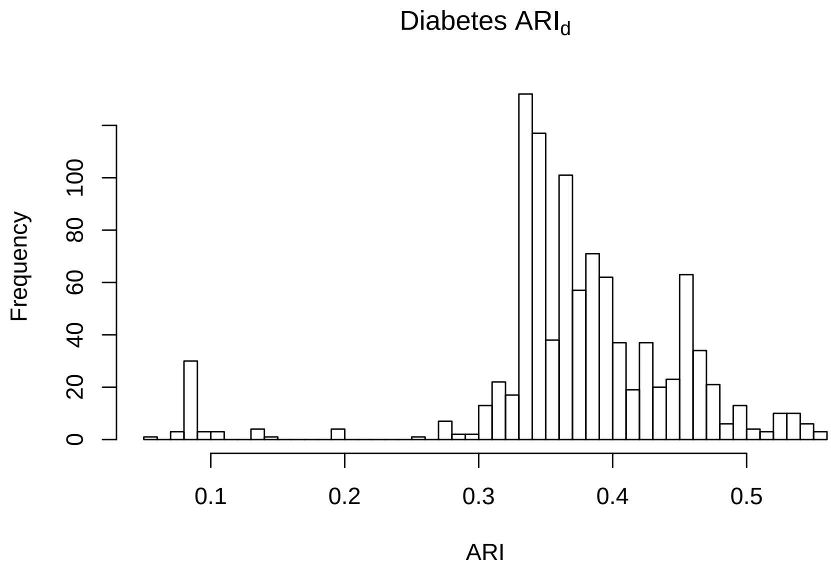
۵-۶-۲ نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی



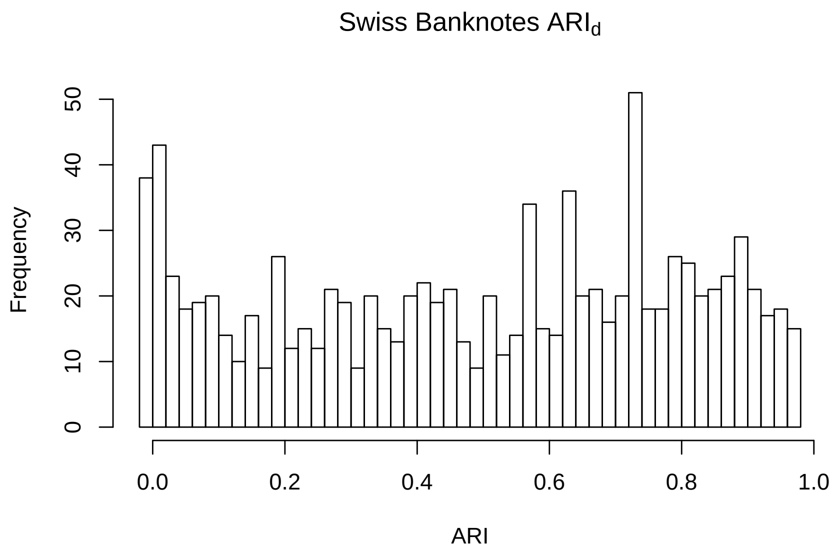
شکل ۵-۳۶: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های تیروئید ۴-۱-۱ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



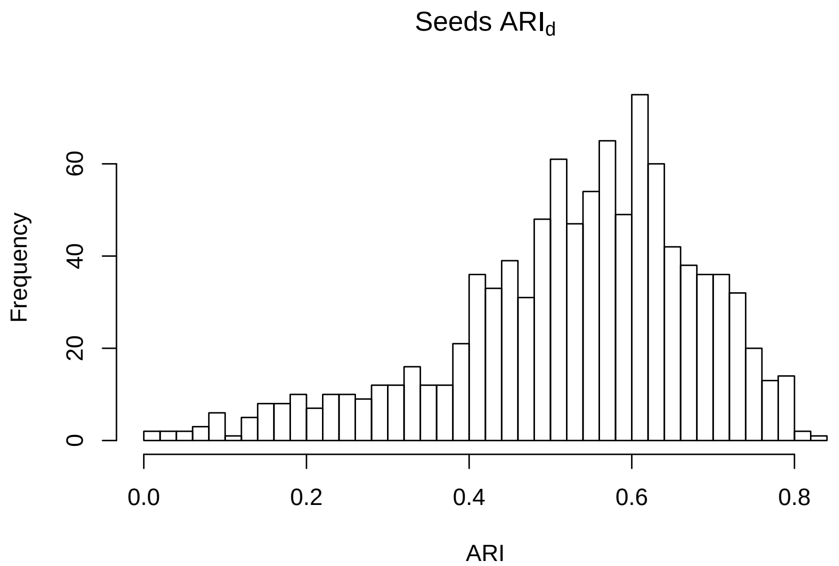
شکل ۵-۳۷: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته $(s = 2)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های آیریس ۴-۱-۵ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



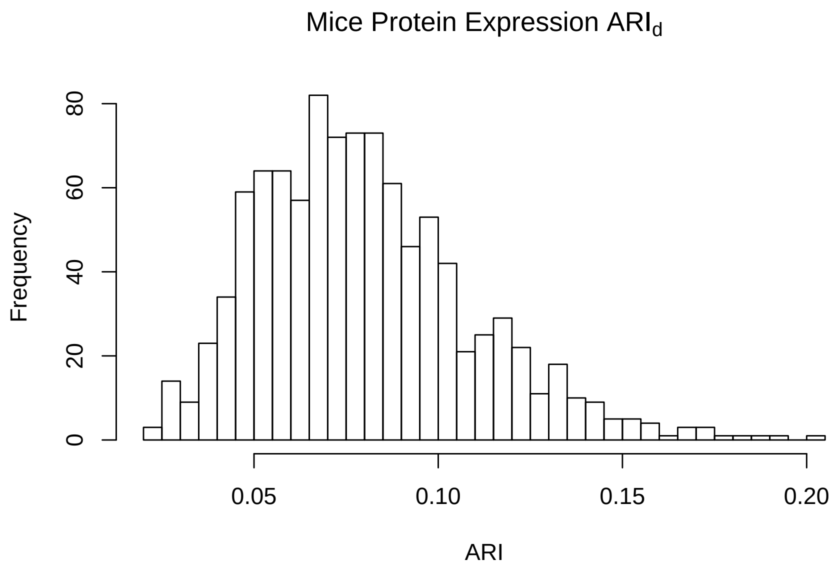
شکل ۵-۳۸: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته $(s = 2)$ به سه $(d = 3)$ بعد برای مجموعه داده‌های دیابت ۴-۱-۲ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.



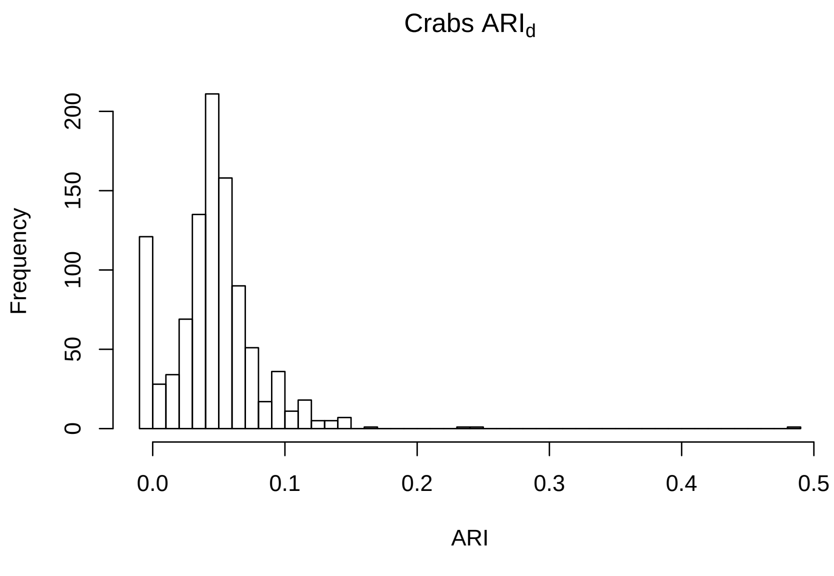
شکل ۵-۳۹: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های اسکناس ۴-۱-۴ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان نمی‌دهد و مقادیر آن طیف وسیعی را پوشش می‌دهند.



شکل ۵-۴۰: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های بذر ۴-۱-۶ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

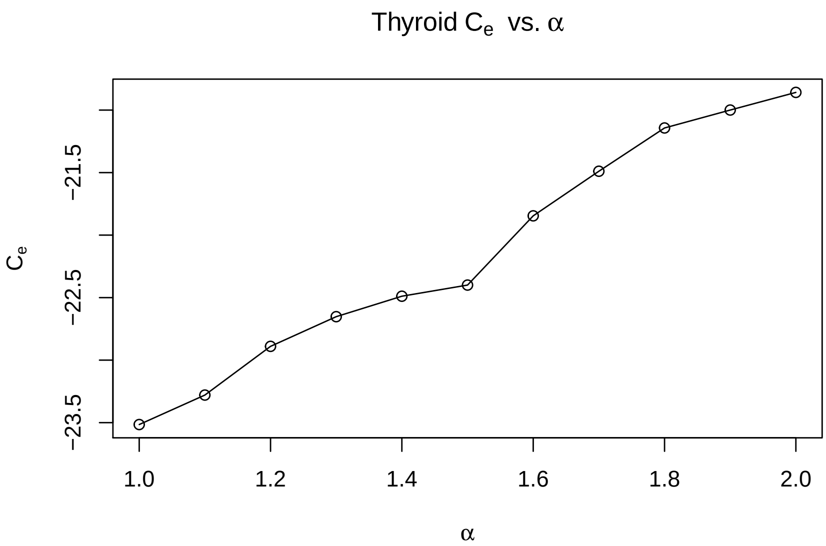


شکل ۵-۴۱: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های پروتئین ۴-۱-۷ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

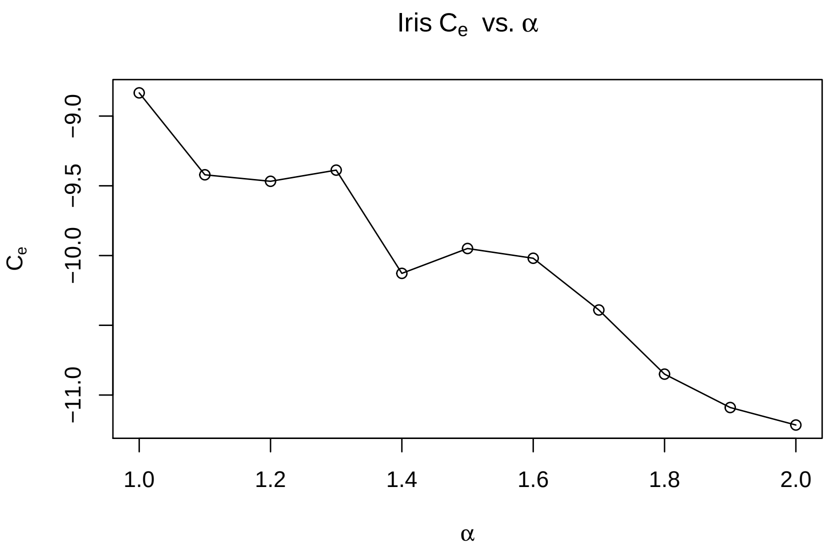


شکل ۵-۴۲: نمودار فراوانی عملکرد خوشه‌بندی ARI_d پس از کاهش بعد با استفاده از تصویر تصادفی گسسته ($s = 2$) به سه ($d = 3$) بعد برای مجموعه داده‌های خرچنگ ۴-۱-۳ این نمودار فراوانی، قله مشخصی را نشان می‌دهد و مقادیر آن طیف محدودی را پوشش می‌دهند.

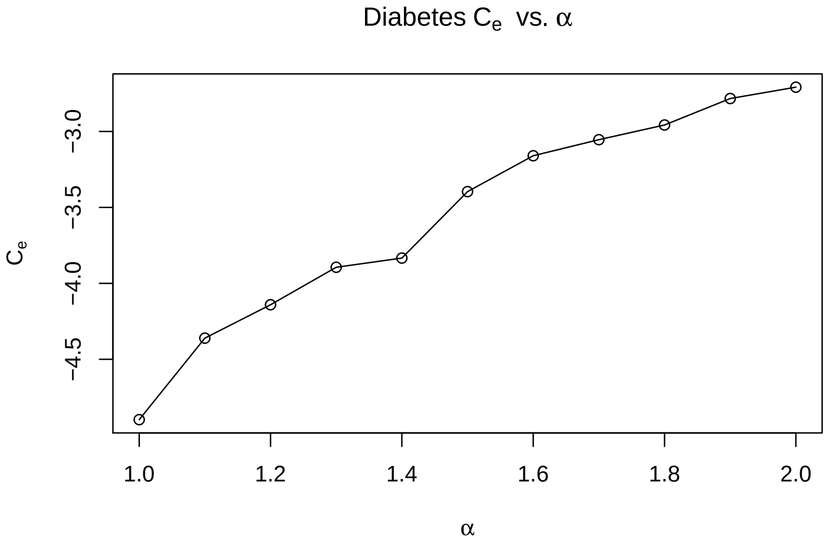
۵-۷ بررسی تابعیت عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر α برای کاهش بعد به دو بعد



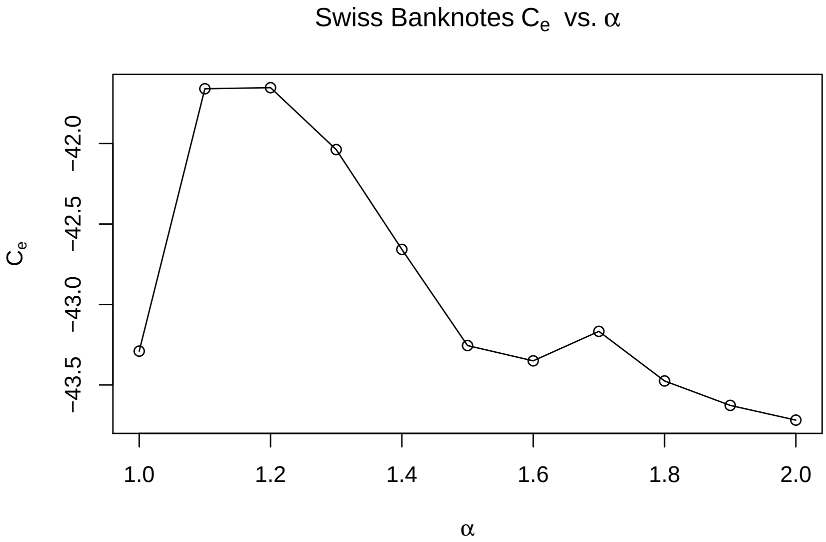
شکل ۵-۴۳: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی تیروئید ۴-۱-۱ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند



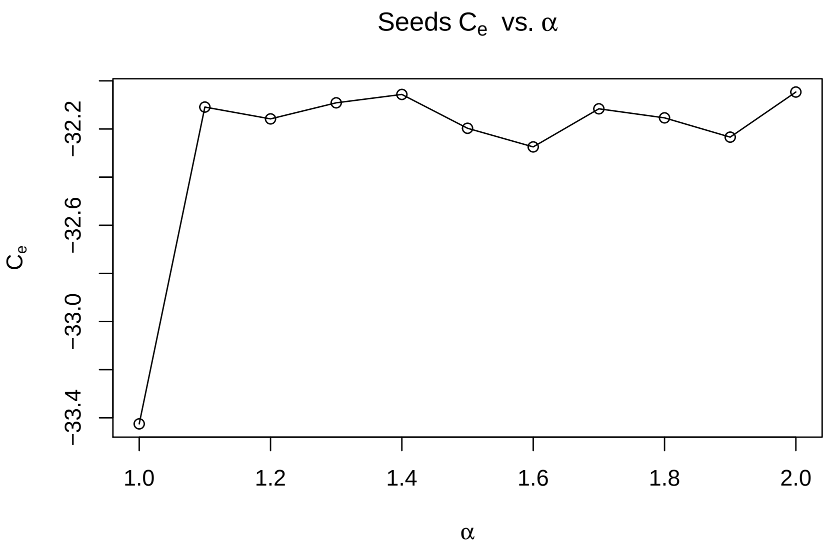
شکل ۵-۴۴: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی آیریس ۴-۱-۵ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد کوشی بهتر از کاهش بعد نرمال عمل می‌کند



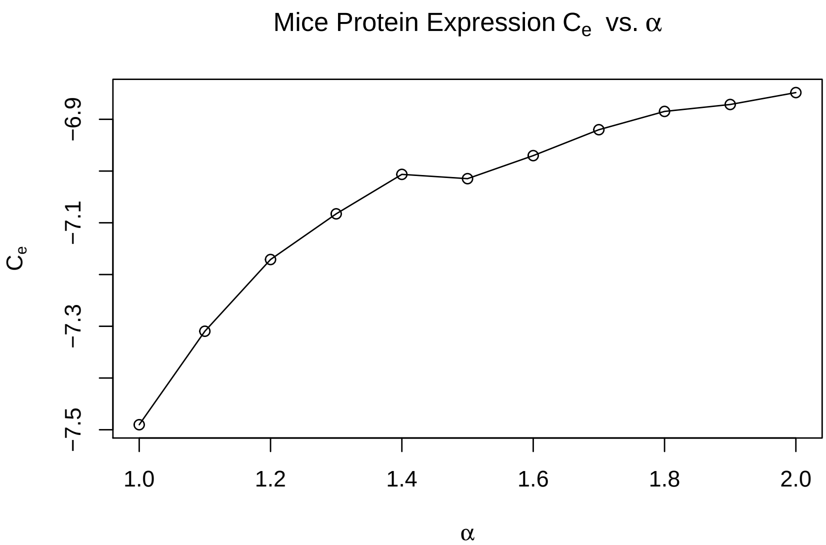
شکل ۵-۴۵: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی دیابت ۴-۱-۲ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند



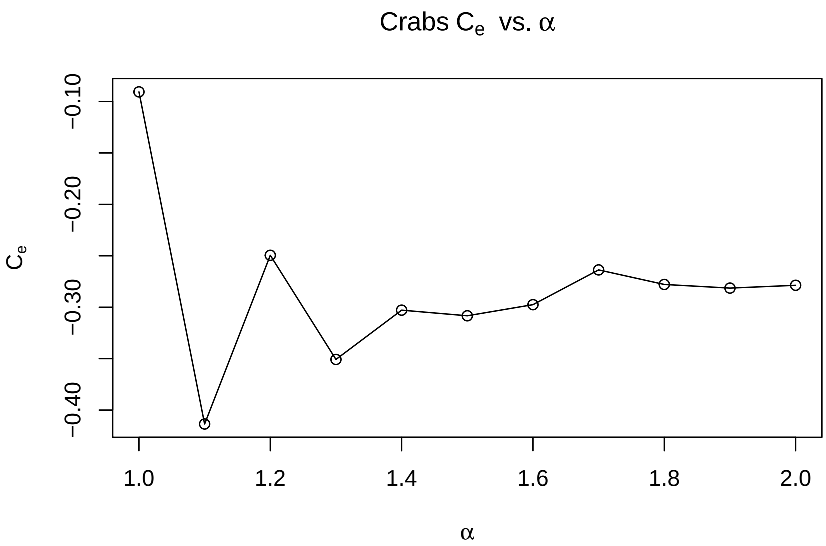
شکل ۵-۴۶: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی اسکناس ۴-۱-۴ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نزدیک به کوشی بهتر از کاهش بعد کوشی و نرمال عمل می‌کند



شکل ۵-۴۷: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی بذر ۴-۱-۶ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد کوشی خوب عمل نمی‌کند

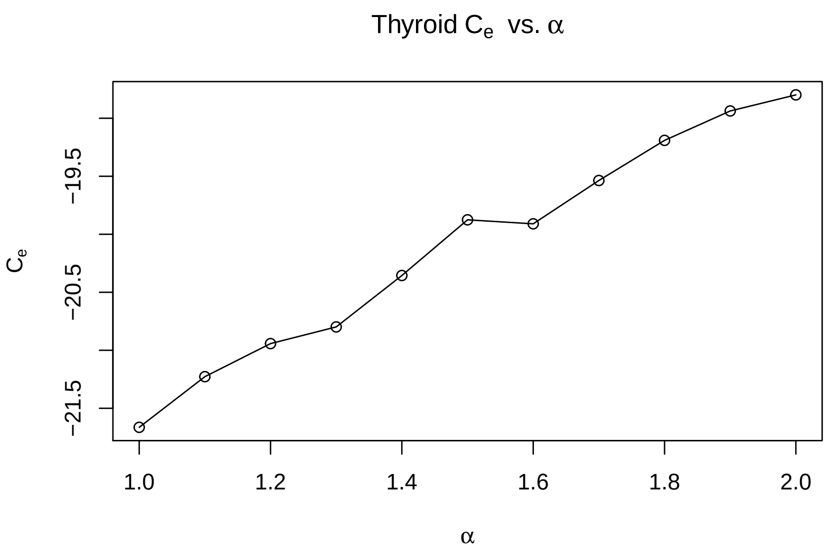


شکل ۵-۴۸: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی پروتئین ۴-۱-۷ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند

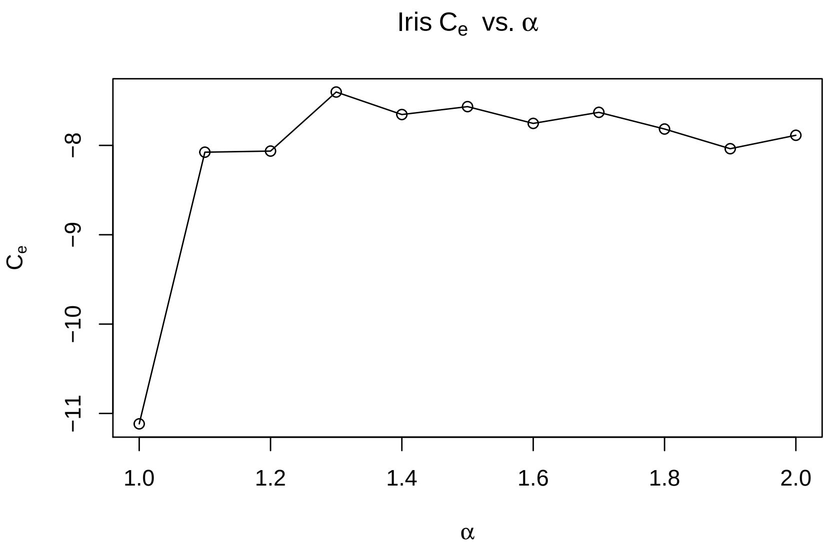


شکل ۵-۴۹: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی خرچنگ ۴-۱-۳ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد تفاوت خاصی میان عملکرد کاهش بعد نرمال تا کوشی وجود ندارد

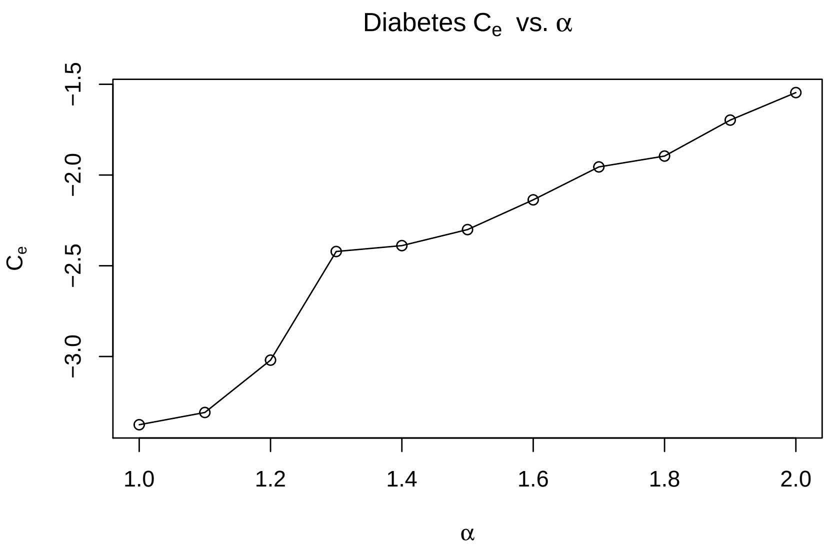
۵-۸ بررسی تابعیت عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر α برای کاهش بعد به سه بعد



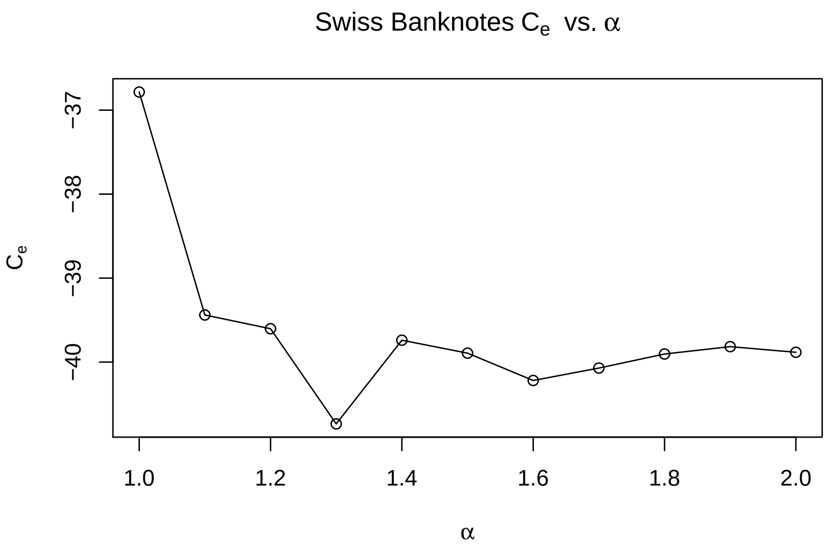
شکل ۵-۵۰: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی تیروئید ۴-۱-۱ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال اندکی بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند



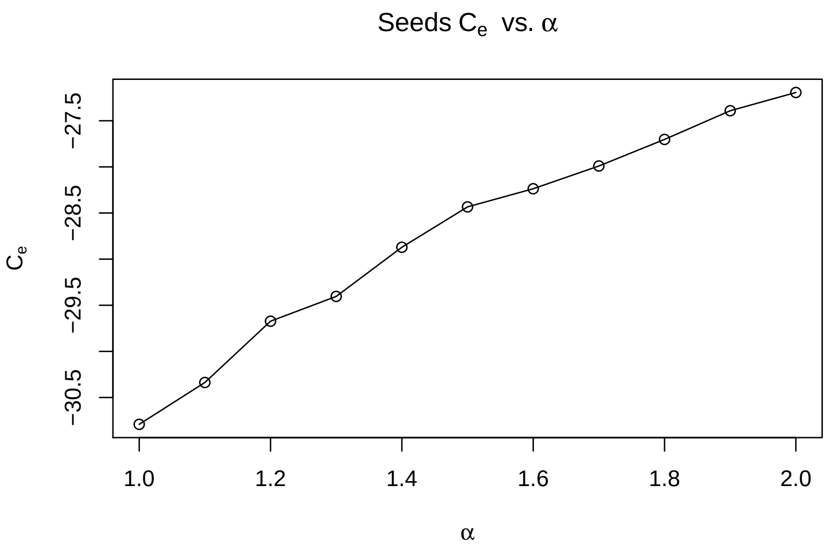
شکل ۵-۵۱: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی آیریس ۴-۱-۵ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد کوشی خوب عمل نمی‌کند



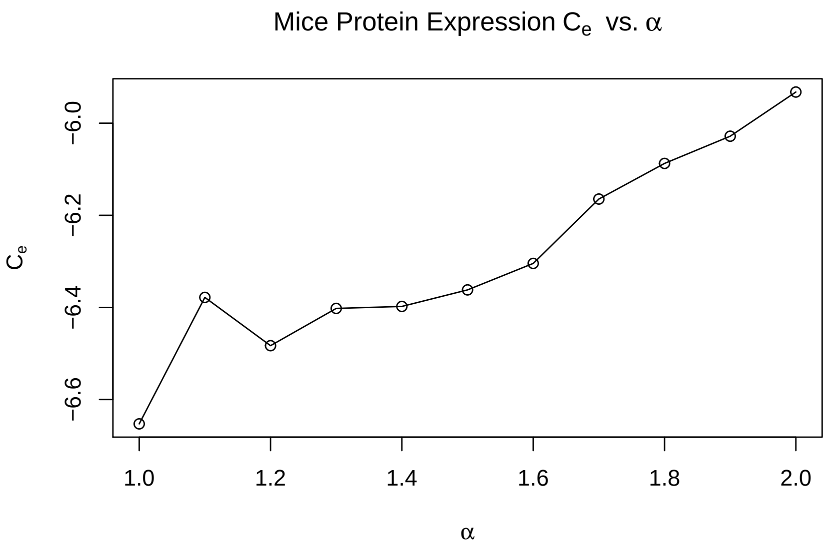
شکل ۵-۵۲: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی دیابت ۴-۱-۲ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند



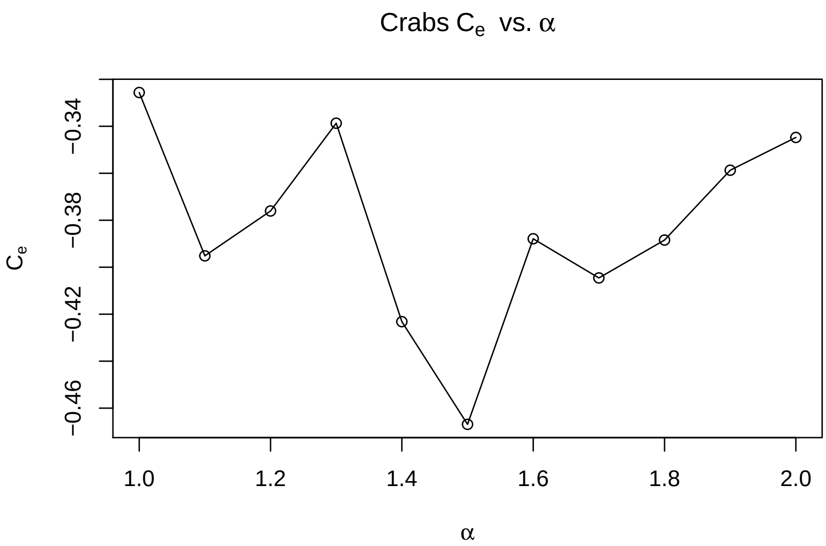
شکل ۵-۵۳: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی اسکناس ۴-۱-۴ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد کوشی بهتر از کاهش بعد نرمال عمل می‌کند



شکل ۵-۵۴: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی بذر ۴-۱-۶ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند

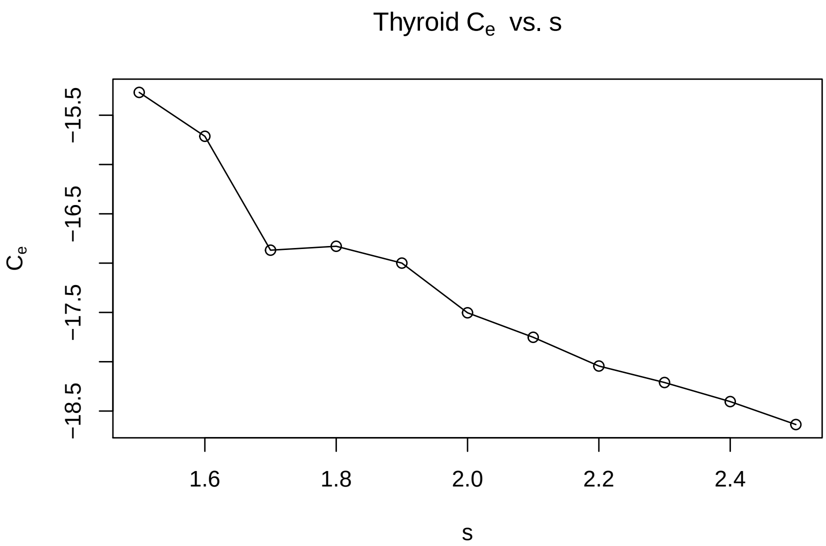


شکل ۵-۵۵: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی پروتئین ۴-۱-۷ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد نرمال بهتر از کاهش بعد کوشی عمل می‌کند

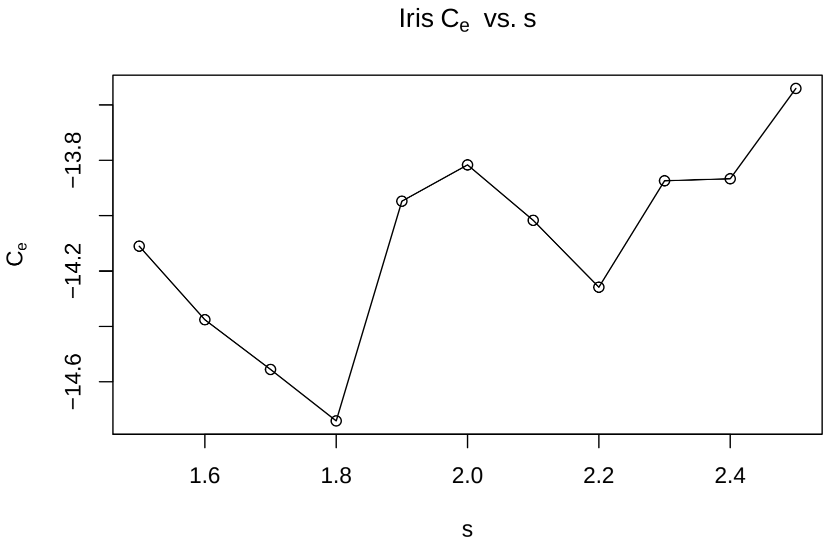


شکل ۵-۵۶: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر α برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی خرچنگ ۴-۱-۳ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد تفاوت خاصی میان عملکرد کاهش بعد نرمال تا کوشی وجود ندارد

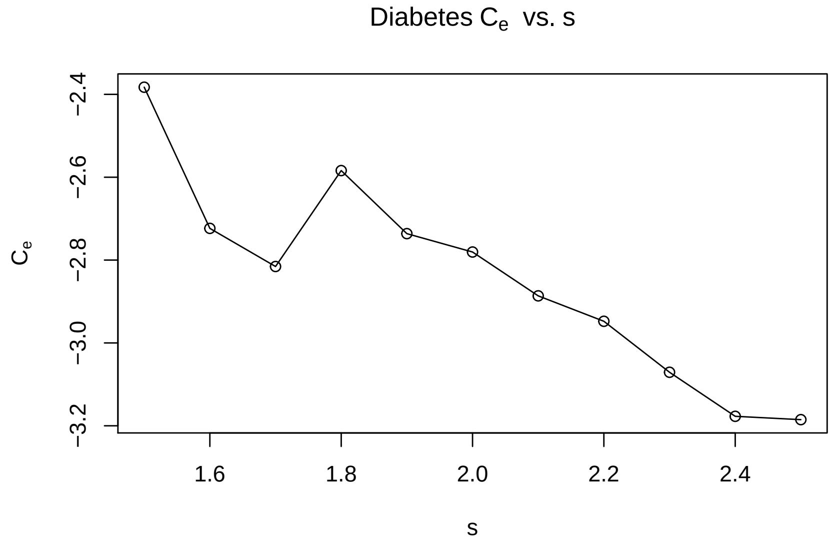
۵-۹ بررسی تابعیت عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر s برای کاهش بعد گسسته به دو بعد



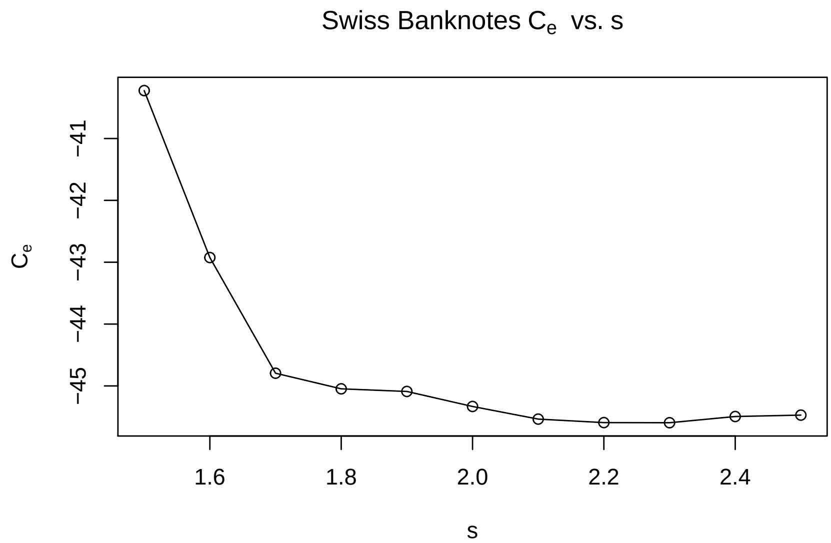
شکل ۵-۵۷: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی تیروئید ۴-۱-۱ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد بدتر می‌شود



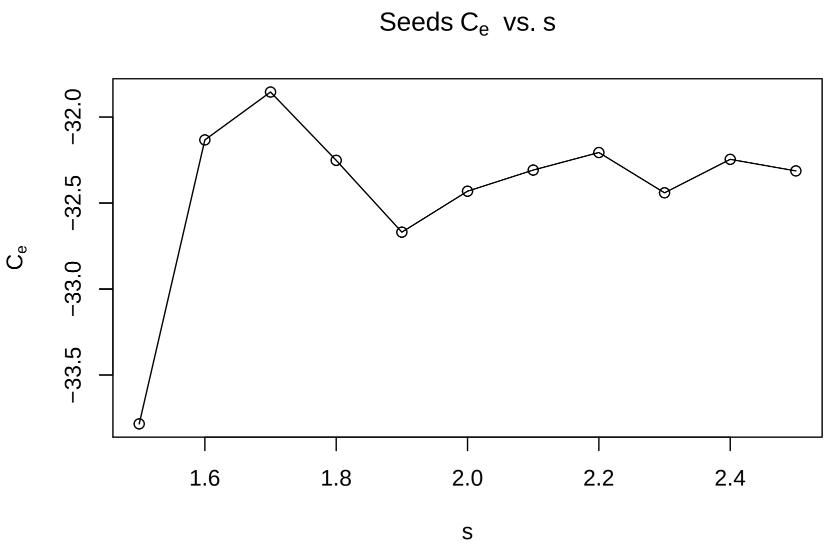
شکل ۵-۵۸: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی آیریس ۴-۱-۵ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکر کاهش بعد به طرز محسوس تغییر نمی‌کند



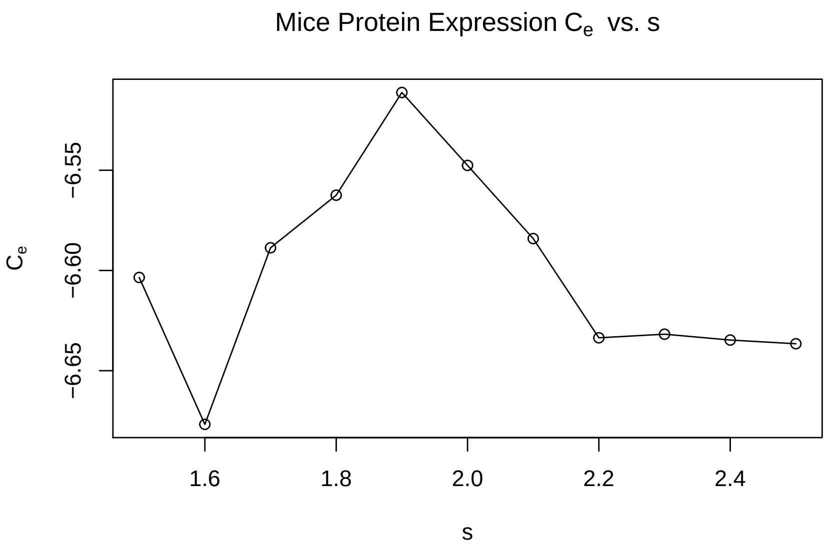
شکل ۵-۵۹: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی دیابت ۴-۱-۲ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود



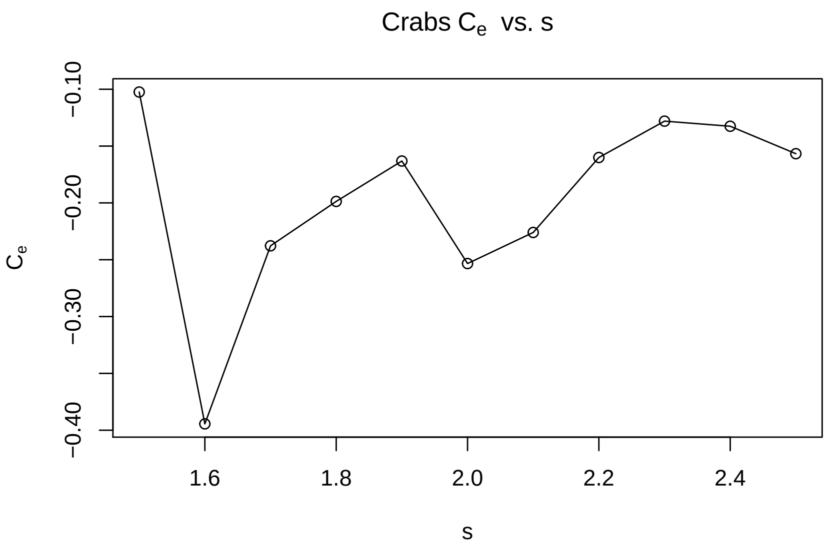
شکل ۵-۶۰: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی اسکناس ۴-۱-۴ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود



شکل ۵-۶۱: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی بذر ۴-۱-۶ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکر کاهش بعد به طرز محسوس تغییر نمی‌کند

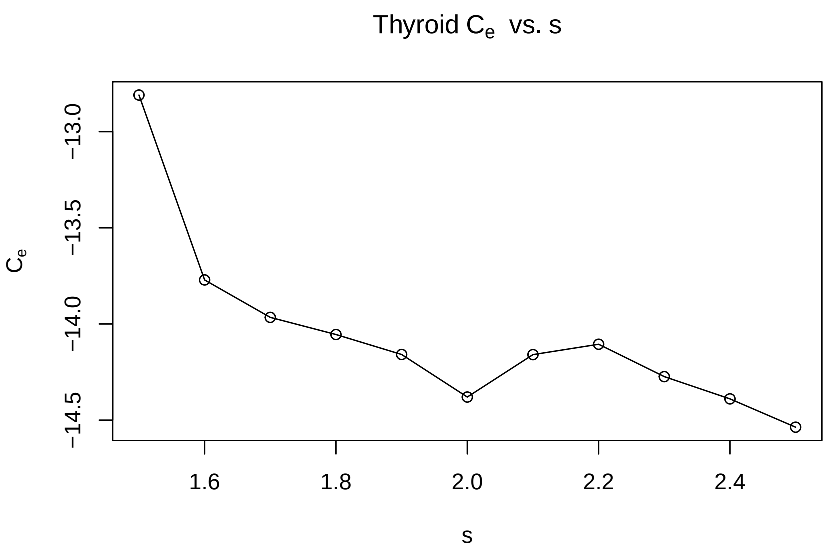


شکل ۵-۶۲: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی پروتئین ۴-۱-۷ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکر کاهش بعد به طرز محسوس تغییر نمی‌کند

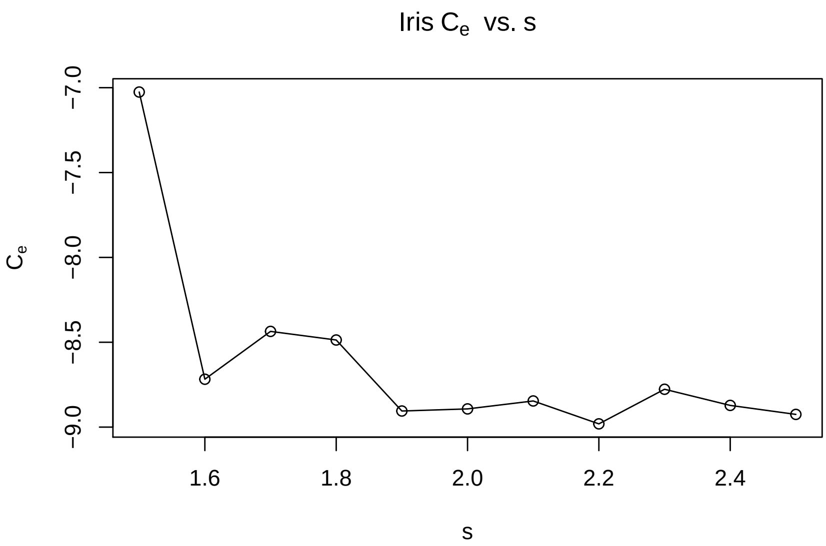


شکل ۵-۶۳: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به دو بعد بر روی مجموعه داده‌ی خرچنگ ۴-۱-۳ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکر کاهش بعد به طرز محسوس تغییر نمی‌کند

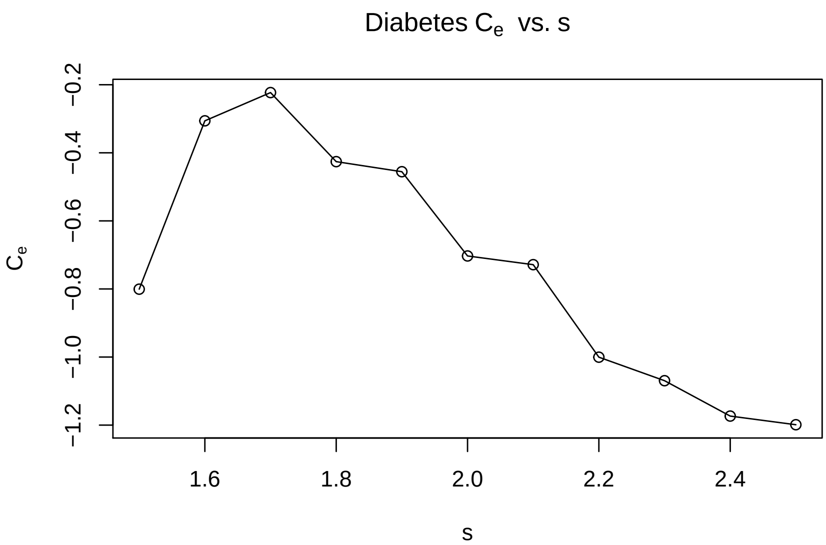
۵-۱۰ بررسی تابعیت عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر s برای کاهش بعد گسسته به سه بعد



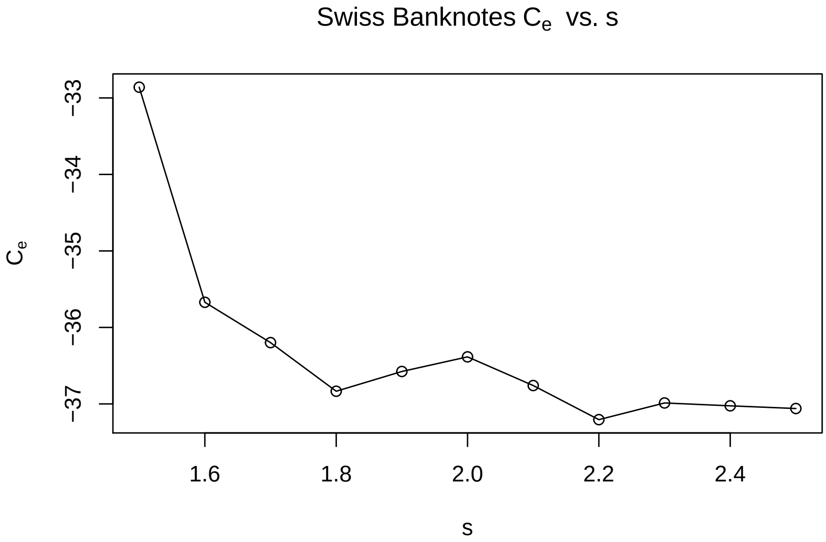
شکل ۵-۶۴: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی تیروئید ۴-۱-۱ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود



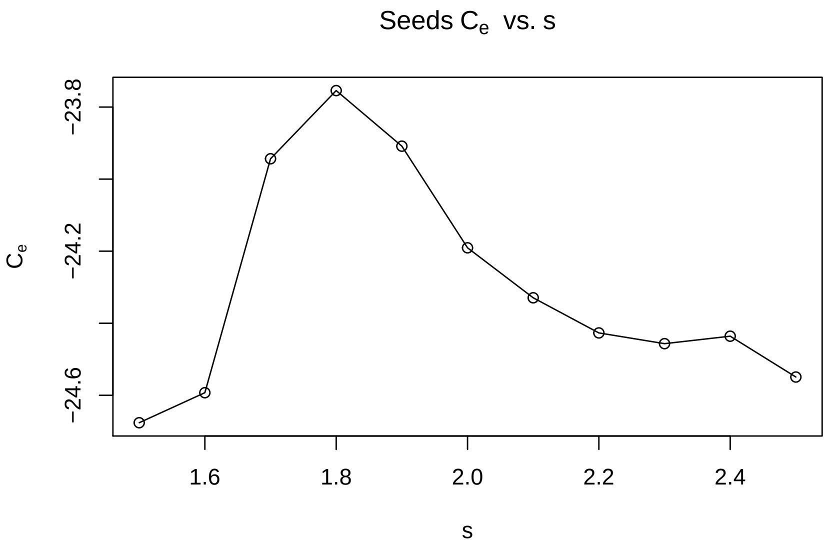
شکل ۵-۶۵: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی آیریس ۴-۱-۵ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود



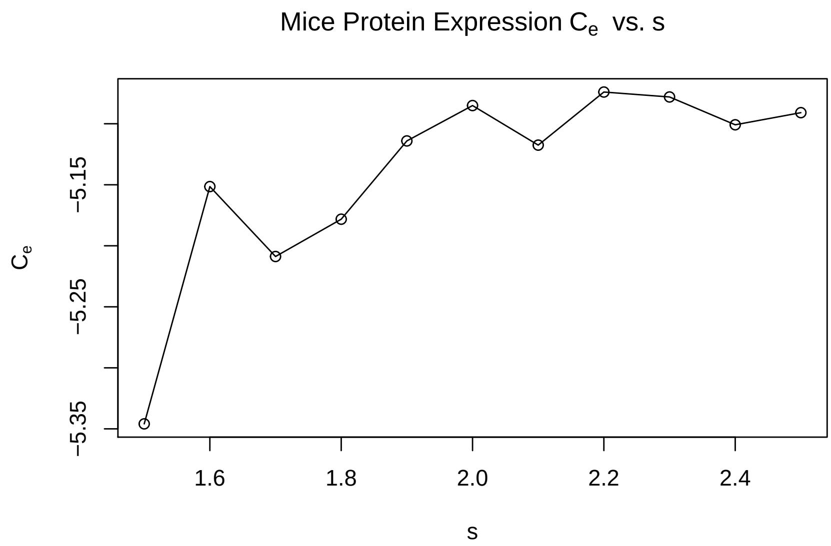
شکل ۵-۶۶: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی دیابت ۴-۱-۲ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک مشخص با $s = 1.7$ عملکرد بهتری دارد



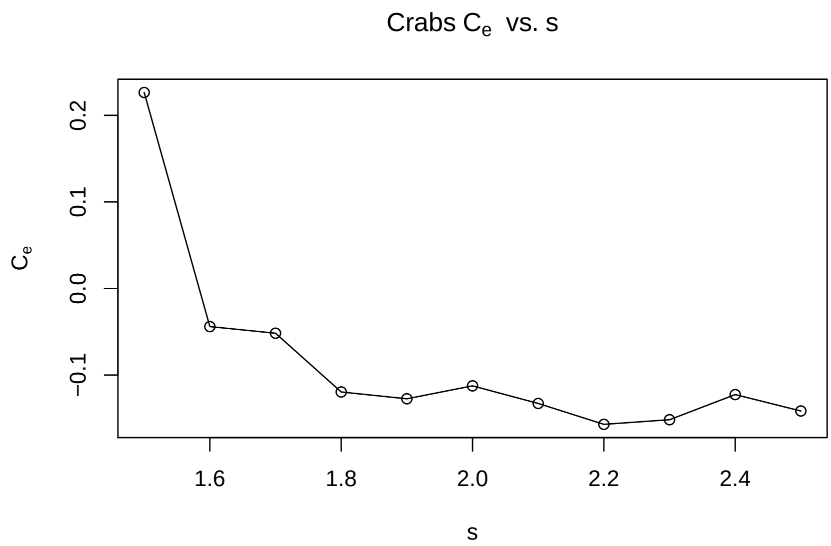
شکل ۵-۶۷: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی اسکناس ۴-۱-۴ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود



شکل ۵-۶۸: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی بذر ۴-۱-۶ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک مشخص با $s = 1.8$ عملکرد کاهش بعد بهتر است



شکل ۵-۶۹: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی پروتئین ۴-۱-۷ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکر کاهش بعد به طرز محسوس تغییر نمی‌کند



شکل ۵-۷۰: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد C_e به ازای تغییر پارامتر s برای کاهش بعد به سه بعد بر روی مجموعه داده‌ی خرچنگ ۴-۱-۳ . این نمودار بیانگر این است که برای این مجموعه داده کاهش بعد با تصویر تنک‌تر عملکرد کاهش بعد به شدت بد می‌شود

۵-۱۱ جدول مقایسه نتایج پایان‌نامه با تحلیل مولفه‌های اصلی و معیارهای وابستگی مختلف

ستون‌های اضافه شده به جداول از [۶۳] آورده شده است.

جدول ۵-۸: مقایسه کلی روش‌های نگاشت تصادفی و تحلیل مولفه‌های اصلی با معیارهای وابستگی مختلف برای کاهش بعد به دو بعد

Dataset	$RP_{\alpha=2}$	$RP_{\alpha=1}$	$RP_{s=2}$	Cov.	ρ_s	ρ'	η_p	SCV_2	$FSCV_1$	SCV_1
Thyroid	-18	-23	-18	-10	35	30	-6	36	37	37
Iris	-15	-11	-13	1	3	3	0	0	0	0
Diabetes	-2	-5	-3	0	22	33	8	4	38	4
Banknotes	-46	-44	-44	0	0	-97	-71	-93	0	-15
Seeds	-33	-32	-33	-14	0	-14	2	2	0	2
MPE	-7	-7	-7	-11	-11	-19	-6	-13	-19	-10
Crabs	0	0	0	2	1	-1	0	-1	1	-2

جدول ۵-۹: مقایسه کلی روش‌های نگاشت تصادفی و تحلیل مولفه‌های اصلی با معیارهای وابستگی مختلف برای کاهش بعد به سه بعد

Dataset	$RP_{\alpha=2}$	$RP_{\alpha=1}$	$RP_{s=2}$	Cov.	ρ_s	ρ'	η_p	SCV_2	$FSCV_1$	SCV_1
Thyroid	-15	-22	-14	-12	3	-6	5	4	2	4
Iris	-8	-8	-8	0	2	1	0	3	-1	3
Banknotes	-37	-41	-36	0	-5	0	-88	0	-24	0
Seeds	-24	-30	-24	1	0	-1	0	-26	-15	-15
MPE	-5	-7	-5	-9	-8	-12	-4	-8	-7	-8
Crabs	0	0	0	-1	0	1	0	1	-1	2

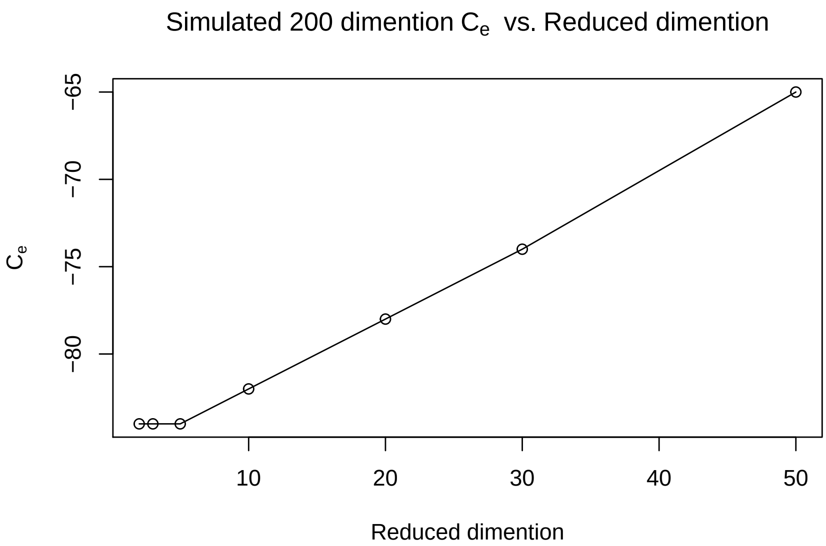
۵-۱۲ بررسی عملکرد تصویر تصادفی برای کاهش بعد داده‌های بزرگ مقیاس شبیه‌سازی شده

در این بخش نتایج مربوط به داده‌های بزرگ مقیاس شبیه سازی شده بیان شده است. دو مجموعه داده شبیه‌سازی شده یکی با ۲۰۰ بعد و دیگری با ۱۰۰۰ بعد هر دو شامل ۸۰۰ نمونه می‌شوند و در هر دو دو کلاس داده وجود دارد.

۵-۱۲-۱ کاهش بعد با تصویر تصادفی نرمال

جدول ۵-۱۰: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی نرمال به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد

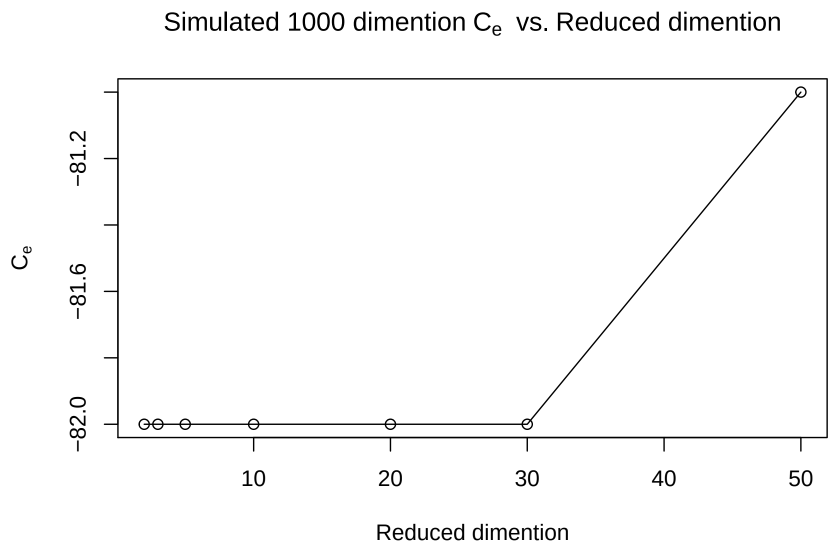
d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8600812	0.0165356	-84
3	0.8600812	0.0175164	-84
5	0.8600812	0.0233531	-84
10	0.8600812	0.0392362	-82
20	0.8600812	0.0783380	-78
30	0.8600812	0.1210072	-74
50	0.8600812	0.2130800	-65



شکل ۵-۷۱: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی نرمال

جدول ۵-۱۱: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی نرمال به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد

d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8233352	0.0028831	-82
3	0.8233352	0.0031754	-82
5	0.8233397	0.0036920	-82
10	0.8233352	0.0047544	-82
20	0.8233397	0.0059592	-82
30	0.8233488	0.0076884	-82
50	0.8233397	0.0103410	-81

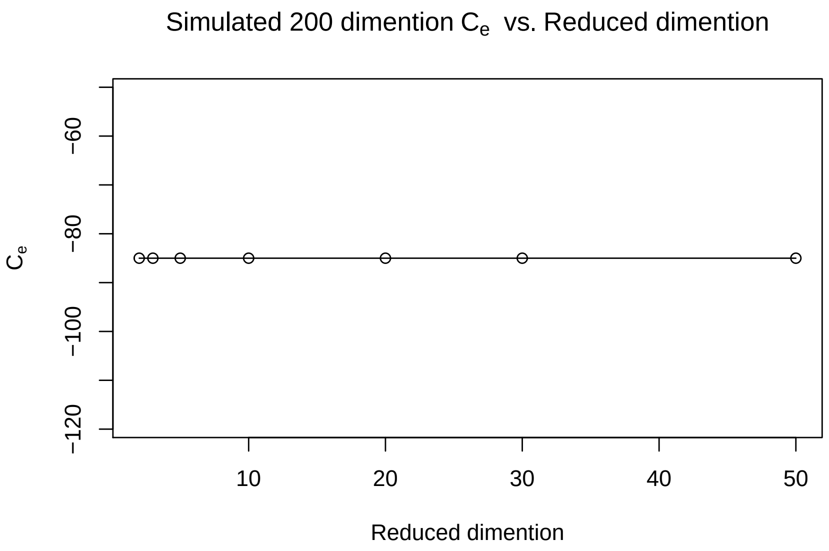


شکل ۵-۷۲: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی نرمال

۵-۱۲-۲ کاهش بعد با تصویر تصادفی کوشی

جدول ۵-۱۲: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی کوشی به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد

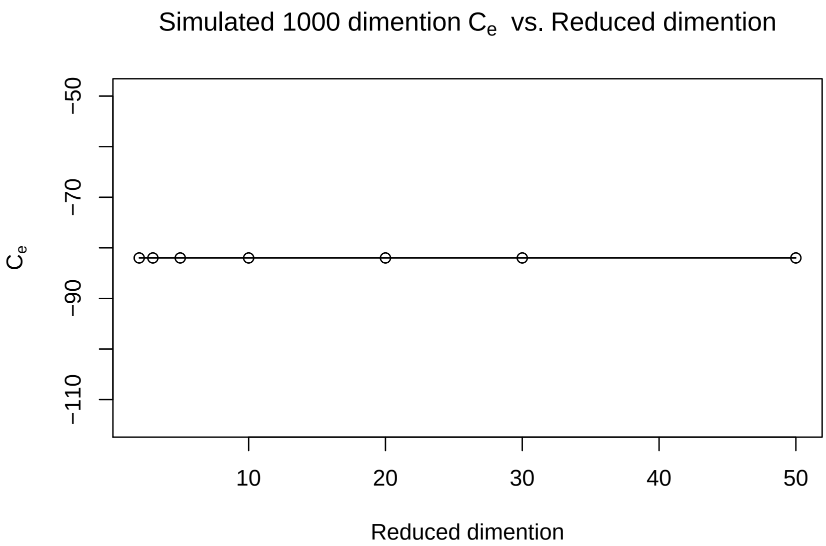
d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8600812	0.0127881	-85
3	0.8600812	0.0125081	-85
5	0.8600812	0.0135053	-85
10	0.8600812	0.0135418	-85
20	0.8600812	0.0134440	-85
30	0.8600812	0.0139522	-85
50	0.8600812	0.0147410	-85



شکل ۵-۷۳: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی کوشی

جدول ۵-۱۳: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی کوشی به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد

d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8233352	0.0027118	-82
3	0.8233352	0.0027245	-82
5	0.8233352	0.0025270	-82
10	0.8233397	0.0027831	-82
20	0.8233352	0.0027944	-82
30	0.8233397	0.0026015	-82
50	0.8233352	0.0026218	-82

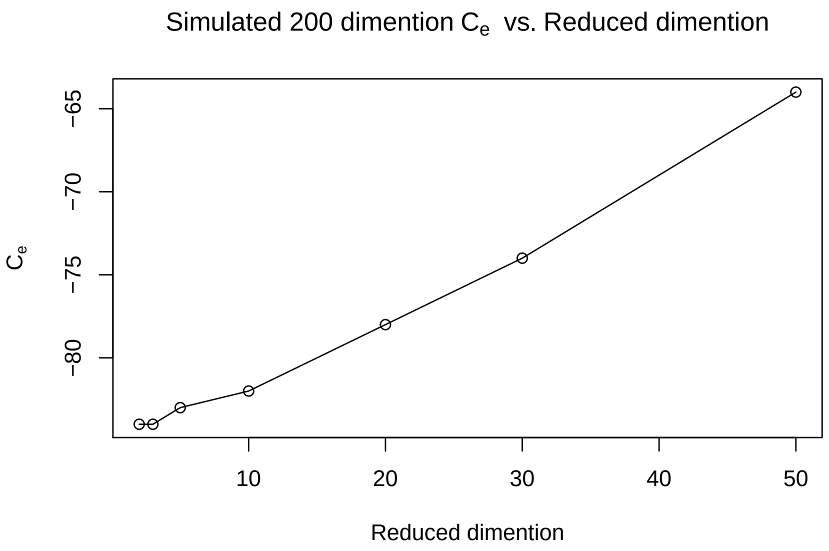


شکل ۵-۷۴: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی کوشی

۵-۱۲-۳ کاهش بعد با تصویر تصادفی گسسته $s = 2$

جدول ۵-۱۴: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی گسسته به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد

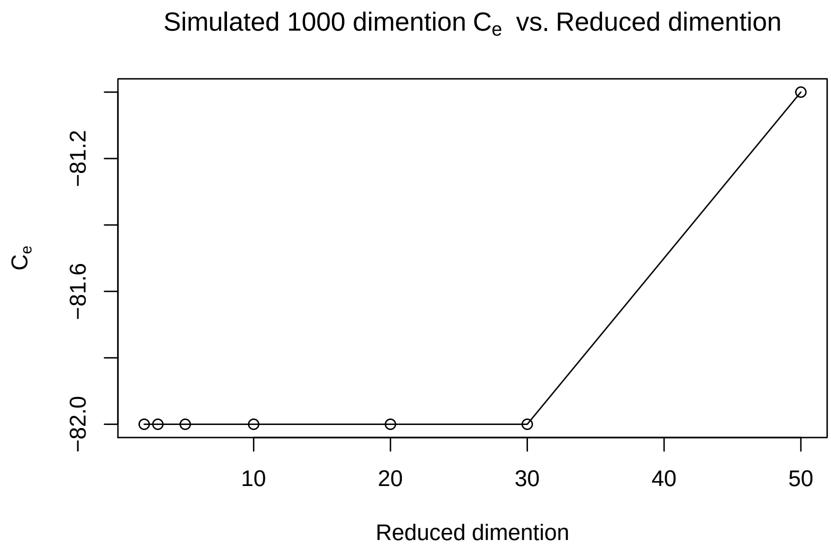
d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8600812	0.0175178	-84
3	0.8600812	0.0198378	-84
5	0.8600812	0.0262968	-83
10	0.8600812	0.0407918	-82
20	0.8600812	0.0816119	-78
30	0.8600812	0.1240261	-74
50	0.8600812	0.2177254	-64



شکل ۵-۷۵: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۲۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی گسسته

جدول ۵-۱۵: نتایج کاهش بعد با تصویر تصادفی گسسته به ابعاد d برای داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد

d	ARI_p	ARI_d	C_e
2	0.8233352	0.0028570	-82
3	0.8233352	0.0032665	-82
5	0.8233352	0.0034172	-82
10	0.8233443	0.0049866	-82
20	0.8233352	0.0057479	-82
30	0.8233443	0.0071553	-82
50	0.8233352	0.0099807	-81



شکل ۵-۷۶: نمودار تغییرات عملکرد کاهش بعد داده‌های شبیه‌سازی شده با ۱۰۰۰ بعد C_e به ازای تغییر پارامتر بعد کاهش یافته d برای کاهش با تصویر تصادفی گسسته

منابع و مراجع

[1] ftp://statgen.ncsu.edu/pub/thorne/molevoclass/atchleyoct19.pdf.

[2] http://www.informationweek.com/news/showarticle.jhtml?articleid=175801775.

[3] UCI Machine Learning Repository: iris Data Set.

[4] UCI Machine Learning Repository: Mice Protein Expression Data Set.

[5] UCI Machine Learning Repository: seeds Data Set.

[6] Achlioptas, Dimitris. Database-friendly random projections. In *Proceedings of the twentieth ACM SIGMOD-SIGACT-SIGART symposium on Principles of database systems*, pages 274–281. ACM, 2001.

[7] Achlioptas, Dimitris. Database-friendly random projections: Johnson-lindenstrauss with binary coins. *Journal of computer and System Sciences*, 66(4):671–687, 2003.

[8] Aggarwal, Charu C. *Data streams: models and algorithms*, volume 31. Springer Science & Business Media, 2007.

[9] Aggarwal, Charu C, Wolf, Joel L, and Yu, Philip S. *A new method for similarity indexing of market basket data*. ACM, 1999.

[10] Agrawal, Rakesh, Imieliński, Tomasz, and Swami, Arun. Mining association rules between sets of items in large databases. In *Acm sigmod record*, volume 22, pages 207–216. ACM, 1993.

[11] Agrawal, Rakesh, Mannila, Heikki, Srikant, Ramakrishnan, Toivonen, Hannu, Verkamo, A Inkeri, et al. Fast discovery of association rules. *Advances in knowledge discovery and data mining*, 12(1):307–328, 1996.

[12] Agrawal, Rakesh, Srikant, Ramakrishnan, et al. Fast algorithms for mining association rules. In *Proc. 20th int. conf. very large data bases, VLDB*, volume 1215, pages 487–499, 1994.

[13] Andoni, Alexandr and Indyk, Piotr. Near-optimal hashing algorithms for approximate nearest neighbor in high dimensions. In *Foundations of Computer Science, 2006. FOCS'06. 47th Annual IEEE Symposium on*, pages 459–468. IEEE, 2006.

[14] Babcock, Brian, Babu, Shivnath, Datar, Mayur, Motwani, Rajeev, and Widom, Jennifer. Models and issues in data stream systems. In *Proceedings of the twenty-first ACM SIGMOD-SIGACT-SIGART symposium on Principles of database systems*, pages 1–16. ACM, 2002.

[15] Brin, Sergey, Davis, James, and Garcia-Molina, Hector. Copy detection mechanisms for digital documents. In *ACM SIGMOD Record*, volume 24, pages 398–409. ACM, 1995.

[16] Brin, Sergey, Motwani, Rajeev, and Silverstein, Craig. Beyond market baskets: Generalizing association rules to correlations. In *Acm Sigmod Record*, volume 26, pages 265–276. ACM, 1997.

[17] Brin, Sergey, Motwani, Rajeev, Ullman, Jeffrey D, and Tsur, Shalom. Dynamic itemset counting and implication rules for market basket data. *Acm Sigmod Record*, 26(2):255–264, 1997.

[18] Brin, Sergey and Page, Lawrence. The anatomy of a large-scale hypertextual web search engine. *Computer networks and ISDN systems*, 30(1-7):107–117, 1998.

[19] Brinkman, Bo and Charikar, Moses. On the impossibility of dimension reduction in l 1. *Journal of the ACM (JACM)*, 52(5):766–788, 2005.

[20] Brinkman, Bo and Charikar, Moses. On the impossibility of dimension reduction in l 1. *Journal of the ACM (JACM)*, 52(5):766–788, 2005.

[21] Broder, Andrei Z. On the resemblance and containment of documents. In *Compression and complexity of sequences 1997. proceedings*, pages 21–29. IEEE, 1997.

[22] Buhler, Jeremy and Tompa, Martin. Finding motifs using random projections. *Journal of computational biology*, 9(2):225–242, 2002.

[23] Buldygin, Valeri Vladimirovich and Kozachenko, IU V. *Metric characterization of random variables and random processes*, volume 188. American Mathematical Soc., 2000.

[24] Chaudhuri, Surajit, Motwani, Rajeev, and Narasayya, Vivek. On random sampling over joins. In *ACM SIGMOD Record*, volume 28, pages 263–274. ACM, 1999.

[25] Chernoff, Herman et al. A measure of asymptotic efficiency for tests of a hypothesis based on the sum of observations. *The Annals of Mathematical Statistics*, 23(4):493–507, 1952.

[26] Church, Kenneth Ward and Hanks, Patrick. Word association norms, mutual information, and lexicography. *Computational linguistics*, 16(1):22–29, 1990.

[27] Crovella, Mark E and Bestavros, Azer. Self-similarity in world wide web traffic: evidence and possible causes. *IEEE/ACM Transactions on networking*, 5(6):835–846, 1997.

[28] Datar, Mayur, Immorlica, Nicole, Indyk, Piotr, and Mirrokni, Vahab S. Locality-sensitive hashing scheme based on p-stable distributions. In *Proceedings of the twentieth annual symposium on Computational geometry*, pages 253–262. ACM, 2004.

[29] Datar, Mayur and Indyk, Piotr. Comparing data streams using hamming norms. In *Proceedings 2002 VLDB Conference: 28th International Conference on Very Large Databases (VLDB)*, page 335. Elsevier, 2002.

[30] Deerwester, Scott, Dumais, Susan T, Furnas, George W, Landauer, Thomas K, and Harshman, Richard. Indexing by latent semantic analysis. *Journal of the American society for information science*, 41(6):391–407, 1990.

[31] Dhillon, Inderjit S and Modha, Dharmendra S. Concept decompositions for large sparse text data using clustering. *Machine learning*, 42(1-2):143–175, 2001.

[32] Faloutsos, Michalis, Faloutsos, Petros, and Faloutsos, Christos. On power-law relationships of the internet topology. In *ACM SIGCOMM computer communication review*, pages 251–262. ACM, 1999.

[33] Fama, Eugene F and Roll, Richard. Some properties of symmetric stable distributions. *Journal of the American Statistical Association*, 63(323):817–836, 1968.

[34] Fama, Eugene F and Roll, Richard. Parameter estimates for symmetric stable distributions. *Journal of the American Statistical Association*, 66(334):331–338, 1971.

[35] Fisher, Ronald A. The use of multiple measurements in taxonomic problems. *Annals of eugenics*, 7(2):179–188, 1936.

[36] Friedman, Jerome, Hastie, Trevor, and Tibshirani, Robert. *The elements of statistical learning*, volume 10. Springer series in statistics New York, NY, USA:, 2001.

[37] Friedman, Jerome H, Baskett, Forest, and Shustek, Leonard J. An algorithm for finding nearest neighbors. *IEEE Transactions on computers*, 100(10):1000–1006, 1975.

[38] Friedman, Jerome H, Bentley, Jon Louis, and Finkel, Raphael Ari. An algorithm for finding best matches in logarithmic time. *ACM Trans. Math. Software*, 3(SLAC-PUB-1549-REV. 2):209–226, 1976.

[39] Garcia-Molina, Hector. Database systems: the complete book/hector garcia, molina jeffrey d. ullman, jennifer widom, 2002.

[40] Gracia, Antonio, González, Santiago, Robles, Victor, and Menasalvas, Ernestina. A methodology to compare dimensionality reduction algorithms in terms of loss of quality. *Information Sciences*, 270:1–27, 2014.

[41] Henzinger, Monika Rauch, Raghavan, Prabhakar, and Rajagopalan, Sridhar. Computing on data streams. *External memory algorithms*, 50:107–118, 1998.

[42] Hornby, Albert Sydney, editor. *Oxford Advanced Learner's Dictionary of Current English*. Oxford University Press, Oxford, UK, fourth edition, 1989.

[43] Hubert, Lawrence and Arabie, Phipps. Comparing partitions. *Journal of classification*, 2(1):193–218, 1985.

[44] Hubert, Lawrence and Arabie, Phipps. Comparing partitions. *Journal of classification*, 2(1):193–218, 1985.

[45] Indyk, Piotr. Stable distributions, pseudorandom generators, embeddings and data stream computation. In *focs*, page 189. IEEE, 2000.

[46] Indyk, Piotr. Stable distributions, pseudorandom generators, embeddings, and data stream computation. *Journal of the ACM (JACM)*, 53(3):307–323, 2006.

[47] Indyk, Piotr and Motwani, Rajeev. Approximate nearest neighbors: towards removing the curse of dimensionality. In *Proceedings of the thirtieth annual ACM symposium on Theory of computing*, pages 604–613. ACM, 1998.

[48] Johnson, William B and Lindenstrauss, Joram. Extensions of lipschitz mappings into a hilbert space. *Contemporary mathematics*, 26(189-206):1, 1984.

[49] Johnson, William B and Schechtman, Gideon. Embeddingl p m intol 1 n. *Acta Mathematica*, 149(1):71–85, 1982.

[50] Kannan, J Feigenbaum S, Strauss, M, and Viswanathan, M. An approximate l1-difference algorithm for massive data streams. *Unknown*, Unknown.

[51] Lee, James R and Naor, Assaf. Embedding the diamond graph in l p and dimension reduction in l 1. *Geometric & Functional Analysis GAFA*, 14(4):745–747, 2004.

[52] Leland, Will E, Willinger, Walter, Taqqu, Murad S, and Wilson, Daniel V. On the self-similar nature of ethernet traffic. *ACM SIGCOMM Computer Communication Review*, 25(1):202–213, 1995.

[53] Li, Ping. *Stable random projections and conditional random sampling, two sampling techniques for modern massive datasets*, volume 68. Stanford, 2007.

[54] Li, Ping. Estimators and tail bounds for dimension reduction in l α (0< $\alpha \leq$ 2) using stable random projections. In *Proceedings of the nineteenth annual ACM-SIAM symposium on Discrete algorithms*, pages 10–19. Society for Industrial and Applied Mathematics, 2008.

[55] Matias, Yossi, Vitter, Jeffrey Scott, and Wang, Min. Wavelet-based histograms for selectivity estimation. In *ACM SIGMoD Record*, volume 27, pages 448–459. ACM, 1998.

[56] McCulloch, J Huston. Simple consistent estimators of stable distribution parameters. *Communications in Statistics-Simulation and Computation*, 15(4):1109–1136, 1986.

[57] McKee, Sally A. Reflections on the memory wall. In *CF'04: Proceedings of the 1st conference on Computing frontiers*, page 162, 2004.

[58] Milligan, Glenn W and Cooper, Martha C. A study of the comparability of external criteria for hierarchical cluster analysis. *Multivariate Behavioral Research*, 21(4):441–458, 1986.

[59] Muthukrishnan, S. Data streams: Algorithms and applications (foundations and trends in theoretical computer science). *Hanover, MA: Now Publishers Inc*, 2005.

[60] Newman, Mark EJ. Power laws, pareto distributions and zipf's law. *Contemporary physics*, 46(5):323–351, 2005.

[61] Rand, William M. Objective criteria for the evaluation of clustering methods. *Journal of the American Statistical association*, 66(336):846–850, 1971.

[62] Scrucca, Luca, Fop, Michael, Murphy, Thomas Brendan, and Raftery, Adrian E. mclust 5: clustering, classification and density estimation using Gaussian finite mixture models. *The R Journal*, 8(1):205–233, 2016.

[63] Seidpisheh, Mohammad and Mohammadpour, Adel. Principle component analysis based on new symmetric similarity measures for heavy-tailed data. *Fluctuation and Noise Letters*, page 1850029, 2018.

[64] Strehl, Alexander and Ghosh, Joydeep. A scalable approach to balanced, high-dimensional clustering of market-baskets. In *International Conference on High-Performance Computing*, pages 525–536. Springer, 2000.

[65] Vempala, Santosh S. *The random projection method*, volume 65. American Mathematical Soc., 2005.

[66] Venables, W. N. and Ripley, B. D. *Modern Applied Statistics with S*. Springer, New York, fourth edition, 2002. ISBN 0-387-95457-0.

[67] Wulf, Wm A and McKee, Sally A. Hitting the memory wall: implications of the obvious. *ACM SIGARCH computer architecture news*, 23(1):20–24, 1995.

[68] Yeung, Ka Yee and Ruzzo, Walter L. Details of the adjusted rand index and clustering algorithms, supplement to the paper an empirical study on principal component analysis for clustering gene expression data. *Bioinformatics*, 17:763–774, 2001.

[69] Zolotarev, VM. One-dimensional stable distributions. translated from the russian by hh mcfaden. translation edited by ben silver. translations of mathematical monographs, 65. *American Mathematical Society, Providence, RI*, 1986.

پیوست

کد دریافت داده‌ها

```
rm(list = ls(all.names = TRUE))
library(beepr)

library(rgl)
library(stabledist)
library(MASS)
library(mclust)
library(xlsx)

if(file.exists('data.RData')) {
  load(file = 'data.RData')
} else {

crabs <- crabs #MASS
data("diabetes") #mclust
data("thyroid") #mclust
data("banknote") #mclust

irisUci <- read.csv('https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-d
↪  atabases/iris/iris.data', header =
↪  FALSE)
names(irisUci) <- names(iris)
seeds <- read.table('https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-d
↪  atabases/00236/seeds_dataset.txt', header =
↪  FALSE)

tmpFile <- tempfile(fileext = '.xls')
download.file('https://archive.ics.uci.edu/ml/machine-learning-databas
↪  es/00342/Data_Cortex_Nuclear.xls', destfile =
↪  tmpFile)
MPE <- read.xlsx(tmpFile, sheetIndex = 1)

rm(tmpFile)
```

```
save(list = ls(), file = 'data.RData')

}

beep(4)
```

کد مرتب سازی داده‌ها

```
library(tictoc)
source('Util.R')
d <- list()
apply(thyroid, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$thyroid$data <- thyroid[,2:6]
d$thyroid$class <- as.numeric(thyroid$Diagnosis)
d$thyroid$data <- normalizeData(d$thyroid$data)
d$thyroid$name <- 'Thyroid'

apply(irisUci, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$iris$data <- irisUci[,1:4]
d$iris$class <- as.numeric(irisUci$Species)
d$iris$data <- normalizeData(d$iris$data)
d$iris$name <- 'Iris'

apply(diabetes, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$diabetes$data <- diabetes[,2:4]
d$diabetes$class <- as.numeric(diabetes$class)
d$diabetes$data <- normalizeData(d$diabetes$data)
d$diabetes$name <- 'Diabetes'

apply(banknote, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$banknote$data <- banknote[,2:7]
d$banknote$class <- as.numeric(banknote$Status)
d$banknote$data <- normalizeData(d$banknote$data)
d$banknote$name <- 'Swiss Banknotes'

apply(seeds, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$seeds$data <- seeds[,1:7]
d$seeds$class <- as.numeric(seeds[,8])
d$seeds$data <- normalizeData(d$seeds$data)
d$seeds$name <- 'Seeds'
```

```
apply(MPE, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
MPEwoNA <- MPE
MPEwoNA[,2:78] <- apply(MPE[,2:78], 2, function(x) { x[is.na(x)] <-
 ↪  mean(x, na.rm = TRUE); x } )
apply(MPEwoNA, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$MPEwoNA$data <- MPEwoNA[,2:78]
d$MPEwoNA$class <- as.numeric(MPEwoNA$class)
d$MPEwoNA$data <- normalizeData(d$MPEwoNA$data)
d$MPEwoNA$name <- 'Mice Protein Expression'

apply(crabs, 2, function(x) {sum(is.na(x) | is.null(x))})
d$crabs$data <- crabs[,4:8]
d$crabs$data <- cbind(d$crabs$data, as.numeric(crabs[,2]))
d$crabs$class <- as.numeric(crabs[,1])
d$crabs$data <- normalizeData(d$crabs$data)
d$crabs$name <- 'Crabs'
```

کد توابع مورد استفاده داده‌ها

```
# Sample Data Generation Functions
 ↪  ----------------------------------------

# _Univariate Normal
 ↪  ------------------------------------------------------

sampleDataUniNormal <- function(cf) {

  out <- dataConfiguration(cf)

  cf <- out$cf
  dClass <- out$dClass
  dClassMean <- out$dClassMean
  dClassVar <- out$dClassVar

  d <- matrix(rnorm(cf$nSample * cf$nDimention), nrow = cf$nSample)

  for(i in 1:cf$nClass) {
    for(j in 1:cf$nDimention) {
      d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], j] <-
        sqrt(dClassVar[i, j, j]) *
         ↪  d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], j]
    }
    d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] <-
```

```
      d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] +
      matrix(rep(dClassMean[i,], cf$classIndex[i+1] -
       ↪  cf$classIndex[i]),
             ncol = cf$nDimention,
             byrow = TRUE)
  }

  permuteIndex <- sample.int(cf$nSample, size = cf$nSample)
  d <- d[permuteIndex, ]
  dClass <- dClass[permuteIndex]

  return(list(data = d, class = dClass))

}

if(FALSE) {
  d <- sampleDataUniNormal(cf)
  print(head(data.frame(d = d$data, class = d$class)))
  plot(d$data, type = 'p', col = d$class, asp = 1)
  plot3d(d$data, col = d$class, size = 2, type = 's')
  aspect3d(x = 'iso')
}

# _Multivariate Normal
 ↪  ----------------------------------------------------

sampleDataMultiNormal <- function(cf) {
  out <- dataConfiguration(cf, multiVariate = TRUE)

  cf <- out$cf
  dClass <- out$dClass
  dClassMean <- out$dClassMean
  dClassVar <- out$dClassVar

  d <- matrix(0, nrow = 0, ncol = cf$nDimention)

  for(i in 1:cf$nClass) {
    d <- rbind(d, mvrnorm(cf$classIndex[i+1] - cf$classIndex[i],
                          mu = out$dClassMean[i,], Sigma =
                           ↪  out$dClassVar[i, , ])
    )
  }

  permuteIndex <- sample.int(cf$nSample, size = cf$nSample)
  d <- d[permuteIndex, ]
  dClass <- dClass[permuteIndex]

  return(list(data = d, class = dClass))
```

```
}

if(FALSE) {
  d <- sampleDataMultiNormal(cf)
  print(head(data.frame(d = d$data, class = d$class)))
  plot(d$data, type = 'p', col = d$class, asp = 1)
  plot3d(d$data, col = d$class, size = 2, type = 's')
  aspect3d(x = 'iso')
}

# _Alpha Univariate
 ↪  -------------------------------------------------------

sampleDataUniStable <- function(cf, alpha) {

  out <- dataConfiguration(cf)

  cf <- out$cf
  dClass <- out$dClass
  dClassMean <- out$dClassMean
  dClassVar <- out$dClassVar

  d <- matrix(rstable(cf$nSample * cf$nDimention, alpha = alpha, beta
   ↪  = 0),
              nrow = cf$nSample)

  for(i in 1:cf$nClass) {
    for(j in 1:cf$nDimention) {
      d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], j] <-
        sqrt(dClassVar[i, j, j]) *
         ↪  d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], j]
    }
    d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] <-
      d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] +
      matrix(rep(dClassMean[i,], cf$classIndex[i+1] -
       ↪  cf$classIndex[i]),
             ncol = cf$nDimention,
             byrow = TRUE)
  }

  permuteIndex <- sample.int(cf$nSample, size = cf$nSample)
  d <- d[permuteIndex, ]
  dClass <- dClass[permuteIndex]

  return(list(data = d, class = dClass))

}
```

```
if(FALSE) {
  d <- sampleDataUniStable(cf, 1.8)
  print(head(data.frame(d = d$data, class = d$class)))
  plot(d$data, type = 'p', col = d$class, asp = 1)
  plot3d(d$data, col = d$class, size = 2, type = 's')
  aspect3d(x = 'iso')
}

# _Alpha Multivariate
↪  -----------------------------------------------------

sampleDataMultiStable <- function(cf, alpha) {

  out <- dataConfiguration(cf)

  cf <- out$cf
  dClass <- out$dClass
  dClassMean <- out$dClassMean
  dClassVar <- out$dClassVar

  cf$nDimention <- 2

  theta <- c(0, pi/4, pi/2, 3 * pi / 4)
  weight <- c(1,2,1,1)

  d <-
    matrix(
      rstable(cf$nSample * length(theta), alpha = alpha, beta = 0),
      ncol = length(theta)
    ) %*%
    matrix(
      c(
        (cos(theta) * weight) / sum(abs(cos(theta) * weight)),
        (sin(theta) * weight) / sum(abs(sin(theta) * weight))
      ),
      ncol = cf$nDimention
    )

  for(i in 1:cf$nClass) {
    d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] <-
      d[(cf$classIndex[i]+1):cf$classIndex[i+1], ] +
      matrix(rep(dClassMean[i,], cf$classIndex[i+1] -
       ↪  cf$classIndex[i]),
             ncol = cf$nDimention,
             byrow = TRUE)
  }
```

```
  permuteIndex <- sample.int(cf$nSample, size = cf$nSample)
  d <- d[permuteIndex, ]
  dClass <- dClass[permuteIndex]

  return(list(data = d, class = dClass))

}

if(FALSE) {
  d <- sampleDataMultiStable(cf, 1.8)
  print(head(data.frame(d = d$data, class = d$class)))
  plot(d$data, type = 'p', col = d$class, asp = 1)
  plot3d(d$data, col = d$class, size = 2, type = 's')
  aspect3d(x = 'iso')
}




# Dimention Reduction
 ↪  -----------------------------------------------------

randomProjection <- function(d, targetNumDimention, alpha = 2) {

  pm <- matrix(rstable(ncol(d) * targetNumDimention, alpha = alpha,
   ↪  beta = 0),
               nrow = ncol(d))

  d %*% pm

}

sRandomProjection <- function(d, targetNumDimention, s = 2) {

  r <- runif(ncol(d) * targetNumDimention, min = 0, max = 2*s)
  r[r <= 1] = -1
  r[r >= (2*s-1)] = 1
  r[r != 1 & r != -1] <- 0
  pm <- matrix(r,
               nrow = ncol(d))

  d %*% pm

}
```

```
# Util Functions
 ↪  ----------------------------------------------------------

dataConfiguration <- function(cf, multiVariate = FALSE) {

  if(!('classIndex' %in% names(cf))) {
    if(!('classRatio' %in% names(cf))) {
      cf$classRatio <- rep(1/cf$nClass, cf$nClass)
    }
    cf$classIndex <- c(0, round( cumsum(cf$classRatio) * cf$nSample))
  }

  # dClass <- rep(0, cf$nSample)
  dClass <- integer(0)
  for(i in 1:cf$nClass) {
    dClass <- c(dClass, rep(i, cf$classIndex[i+1]- cf$classIndex[i]))
  }

  dClassMean <- matrix(0, nrow = cf$nClass, ncol = cf$nDimention
   ↪  ,byrow = TRUE)
  theta <- 2 * pi / cf$nClass
  radious <- 5
  for(i in 1:cf$nClass) {
    dClassMean[i, 1] <- radious * cos(theta * i)
    dClassMean[i, 2] <- radious * sin(theta * i)
  }
  # dClassMean[ ,1] <- 10 * seq(0, cf$nClass-1)

  dClassVar <- array(0, dim = c(cf$nClass, cf$nDimention,
   ↪  cf$nDimention))
  if(multiVariate) {
    for(i in 1:cf$nClass) {
      dClassVar[i, , ] <- randCovMat(cf$nDimention)
    }
  } else {
    for(i in 1:cf$nClass) {
      dClassVar[i, , ] <- diag(cf$nDimention)
    }
  }

  return(list(
    cf = cf,
    dClass = dClass,
    dClassMean = dClassMean,
    dClassVar = dClassVar
  ))

}
```

```
randCovMat <- function(nd, sdev = NULL) {

  if (is.null(sdev)) {
    sdev <- rep(1, nd)
  }
  out <- diag(nd)
  index <- data.frame(n = 1:((nd*(nd-1)) / 2))
  index$i <- ceiling((-1+sqrt(1+8*index$n)) / 2)
  index$j <- index$n - ((index$i - 1)^2 + (index$i - 1)) / 2
  index$i <- index$i + 1
  index <- index[sample(index$n, nrow(index)), ]

  for(i in 1:nrow(index)) {
    candidate <- seq(from = -1, to = 1, by = 0.01)
    candidate <- sample(candidate, size = length(candidate))
    for(k in 1:length(candidate)) {
      out[index$i[i],index$j[i]] <- candidate[k]
      out[index$j[i],index$i[i]] <- out[index$i[i],index$j[i]]
      if(det(out) > 0) break
    }
  }
  msdev <- diag(nd) * sdev
  out <- msdev %*% out %*% msdev
}

normalizeData <- function(d) {
  d <- apply(d, 2, function(x) {(x-mean(x))/sd(x)})
  d
}

ARIreport <- function(d, tDimention = 2, alpha = 2) {

  nClass <- length(unique(d$class))

  cl <- kmeans(d$data, nClass, nstart = 20, iter.max = 100)
  ari_d <- (adjustedRandIndex(d$class, cl$cluster))

  d$pdata <- randomProjection(d$data, tDimention, alpha = alpha)
  clp <- kmeans(d$pdata, nClass, nstart = 20, iter.max = 100)
  ari_p <- (adjustedRandIndex(d$class, clp$cluster))

  c_e <- 100 * (ari_d - ari_p)

  data.frame(ari_d = ari_d, ari_p = ari_p, c_e = c_e)
}

ARIreport_s <- function(d, tDimention = 2, s = 2) {
```

```
  nClass <- length(unique(d$class))

  cl <- kmeans(d$data, nClass, nstart = 20, iter.max = 100)
  ari_d <- (adjustedRandIndex(d$class, cl$cluster))

  check <- TRUE
  while(check){
    check <- tryCatch({
      d$pdata <- sRandomProjection(d$data, tDimention, s = s)
      clp <- kmeans(d$pdata, nClass, nstart = 20, iter.max = 100)
      FALSE
      }, error = function(e) {print('not enough distinct points');
       ↪  TRUE})
  }

  ari_p <- (adjustedRandIndex(d$class, clp$cluster))

  c_e <- 100 * (ari_d - ari_p)

  data.frame(ari_d = ari_d, ari_p = ari_p, c_e = c_e)
}
```

کد گزارش‌گیری

```
iterations <- 1000
tic()
for(dIndex in names(d)) {
  out <- data.frame(ari_d = numeric(0), ari_p = numeric(0), c_e =
   ↪  numeric(0))
  for(i in 1:iterations) {
    out <- rbind(out , ARIreport_s(d[[dIndex]], tDimention = 3, s = 2))
  }
  d[[dIndex]]$ARIreport <- out
  print(dIndex)
}
toc()

save(file = 'SimData_S2D3_1jR.RData', list = c('d'))



# vs. reports
 ↪  -------------------------------------------------------------
```

```
iterations <- 200
range <- seq(from = 1, to = 2, by = 0.1)
tic()
for(dIndex in names(d)) {
  out <- data.frame(ari_d = numeric(0), ari_p = numeric(0), c_e =
   ↪  numeric(0))
  out1 <- data.frame(alpha = numeric(0),
                     ari_d = numeric(0), sd_ari_d = numeric(0),
                     ari_p = numeric(0), sd_ari_p = numeric(0),
                     c_e = numeric(0), sd_c_e = numeric(0))
  for(j in range){
    for(i in 1:iterations) {
      out <- rbind(out , ARIreport(d[[dIndex]], tDimention = 2, alpha
       ↪  = j))
    }
    out1 <- rbind(out1, data.frame(alpha = j,
                                   ari_d  = mean(out[,1]), sd_ari_d =
                                    ↪  sd(out[,1]),
                                   ari_p  = mean(out[,2]), sd_ari_p =
                                    ↪  sd(out[,2]),
                                   c_e    = mean(out[,3]), sd_c_e =
                                    ↪  sd(out[,3])
                                   )
    )
  }
  d[[dIndex]]$ARIvsAlpha <- out1
  print(dIndex)
}
toc()

save(file = 'SimData_ARIvsAlphaD2_1jM.RData', list = c('d'))


beep(4)

iterations <- 200
range <- seq(from = 1.5, to = 2.5, by = 0.1)
tic()
for(dIndex in names(d)) {
  out <- data.frame(ari_d = numeric(0), ari_p = numeric(0), c_e =
   ↪  numeric(0))
  out1 <- data.frame(alpha = numeric(0), ari_d = numeric(0), ari_p =
   ↪  numeric(0), c_e = numeric(0))
  for(j in range){
    for(i in 1:iterations) {
```

```
      out <- rbind(out , ARIreport_s(d[[dIndex]], tDimention = 2, s =
       ↪  j))
    }
    out1 <- rbind(out1, data.frame(alpha = j,
                                   ari_d  = mean(out[,1]), sd_ari_d =
                                    ↪  sd(out[,1]),
                                   ari_p  = mean(out[,2]), sd_ari_p =
                                    ↪  sd(out[,2]),
                                   c_e    = mean(out[,3]), sd_c_e =
                                    ↪  sd(out[,3])
    )
    )
  }
  d[[dIndex]]$ARIvsAlpha <- out1
  print(dIndex)
}
toc()

save(file = 'SimData_ARIvsSD2_1jN.RData', list = c('d'))


beep(4)

iterations <- 200
range <- seq(from = 1, to = 2, by = 0.1)
tic()
for(dIndex in names(d)) {
  out <- data.frame(ari_d = numeric(0), ari_p = numeric(0), c_e =
   ↪  numeric(0))
  out1 <- data.frame(alpha = numeric(0),
                     ari_d = numeric(0), sd_ari_d = numeric(0),
                     ari_p = numeric(0), sd_ari_p = numeric(0),
                     c_e = numeric(0), sd_c_e = numeric(0))
  for(j in range){
    for(i in 1:iterations) {
      out <- rbind(out , ARIreport(d[[dIndex]], tDimention = 3, alpha
       ↪  = j))
    }
    out1 <- rbind(out1, data.frame(alpha = j,
                                   ari_d  = mean(out[,1]), sd_ari_d =
                                    ↪  sd(out[,1]),
                                   ari_p  = mean(out[,2]), sd_ari_p =
                                    ↪  sd(out[,2]),
                                   c_e    = mean(out[,3]), sd_c_e =
                                    ↪  sd(out[,3])
    )
    )
  }
```

```
  d[[dIndex]]$ARIvsAlpha <- out1
  print(dIndex)
}
toc()

save(file = 'SimData_ARIvsAlphaD3_1jP.RData', list = c('d'))


beep(4)

iterations <- 200
range <- seq(from = 1.5, to = 2.5, by = 0.1)
tic()
for(dIndex in names(d)) {
  out <- data.frame(ari_d = numeric(0), ari_p = numeric(0), c_e =
   ↪  numeric(0))
  out1 <- data.frame(alpha = numeric(0), ari_d = numeric(0), ari_p =
   ↪  numeric(0), c_e = numeric(0))
  for(j in range){
    for(i in 1:iterations) {
      out <- rbind(out , ARIreport_s(d[[dIndex]], tDimention = 3, s =
       ↪  j))
    }
    out1 <- rbind(out1, data.frame(alpha = j,
                               ari_d  = mean(out[,1]), sd_ari_d =
                               ↪  sd(out[,1]),
                               ari_p  = mean(out[,2]), sd_ari_p =
                               ↪  sd(out[,2]),
                               c_e    = mean(out[,3]), sd_c_e =
                               ↪  sd(out[,3])
    )
    )
  }
  d[[dIndex]]$ARIvsAlpha <- out1
  print(dIndex)
}
toc()

save(file = 'SimData_ARIvsSD3_1jQ.RData', list = c('d'))


beep(4)
```

Abstract

The porblems of dimention reduction has become more important when large scale data emerged and we faced the serious problems in storing and processing those data in memory. Random projectino is a dimention reduction method that can be applied on large scale big data and also on the data flows. This method is based on multipliyng initial data matrix with a projection matrix that reduces dimention, however, the statistical information in original data remains with required and satisfactory accuracy. Data which the number of the parameters of the model are more than the samples is called ”large scale data”. Random projection for dimention reduction of large scale data have many advantages over other methods including: hight speed in processing, limited memory requirements, being applicable on data flows and being applicable when number of parameters are more than samples. In this thesis, the method of dimention reduction has been explained and compared with other methods. Also, application of this method on the data with non-normal stable distribution is evaluated and compared with other methods. The comparision of different methods resulted that random projection have acceptable efficinecy with large scale data in many conditions and it is an optimum way thanks to computational cost. Although, in most conditions it is, required to do this method multiple times to ensure satisfing results.

Key Words:

Dimention reduction, Random projection, Stable distribution, Large scale data

Amirkabir University of Technology
(Tehran Polytechnic)

Faculty of Mathematics and Computer Science
Department of Computer Science

M. Sc. Thesis

Using Random Projection to Dimension Reduction of Large Scale Data

By

Siamak Dehbod

Supervisor

Dr. A. Mohammadpour

Advisor

Dr. H. Zare

January 2019