udp FACULTAD DE INGENIERÍA

Facultad de Ingeniería
Escuela Ingeniería Informática

Compresión de datos distribuida basada en clustering

Guillermo Andrés Navarro Giglio

Memoria para optar al título de Ingeniero Civil en Informática y Telecomunicaciones

Profesor guía
Francisco Claude-Faust

Comité
Roberto Konow

Julio, 2015

UNIVERSIDAD DIEGO PORTALES
Facultad de Ingeniería
Escuela Ingeniería Informática

Compresión de datos distribuida basada en clustering

Guillermo Andrés Navarro Giglio

Memoria para optar al título de Ingeniero Civil en Informática y Telecomunicaciones

---

Francisco Claude-Faust
Profesor guía

Roberto Konow
Comité

Julio, 2015

Dedico esta memoria a todas las personas.

Contenido

Lista de figuras

Lista de tablas

Resumen

Hoy en día la información crece rápidamente con nuevos contenidos provenientes de páginas Web, redes sociales, aplicaciones móviles entre otros. Cada vez es más difícil manejar esta gran cantidad de datos, demandando mayores recursos para las empresas y transformándose en un importante desafío en el futuro. Para esto, se debe buscar nuevos mecanismos que permitan de manera eficiente almacenar esta gran cantidad de datos.

Está memoria intenta buscar un mecanismo eficiente de distribuir una colección de datos para maximizar la compresibilidad y mantener un balance en lo que respecta al uso de recursos en múltiples servidores. Primero, se explica la importancia de los documentos versionados en la actualidad y por que se hace necesario distribuir los datos, luego se implementa un mecanismo de distribución de la colección de datos y finalmente se forma una conclusión de los resultados obtenidos. Esto último nos permite plantear nuestro programa de avance para la segunda etapa de esta memoria.

Capítulo 1

Introducción

1.1. Antecedentes generales

¿La información tiene límites? ¿Somos capaces de guardar toda esta información? actualmente la información crece a pasos agigantados; cada día aparecen nuevos contenidos provenientes de páginas Web, redes sociales, aplicaciones móviles y de nuevas tecnologías como Internet de las cosas, que son capaces de generar una gran cantidad de información.

La información alojada en los sitios, aplicaciones, redes sociales u otros puede cambiar con el paso del tiempo y, en algunos casos, es necesario guardar el historial de cambios de esta. Ejemplos de aplicaciones que tienen estos requerimientos son: Wikipedia, una enciclopedia online colaborativa [1], y Git, un manejador de versiones utilizado principalmente para almacenar código de fuente [2]. Herramientas tradicionales de almacenamiento y versionamiento no son capaces de manejar una gran cantidad de datos de manera eficiente o, incluso, práctica. Además que generan costos elevados, transformándose en un verdadero desafío para las empresas.

Frente a este escenario, almacenar los datos de una aplicación masiva es cada vez menos viable usando un solo computador. Empiezan a aparecer nuevas soluciones a este problema, por ejemplo, la empresa Backblaze desarrolla una aplicación que genera una copia de seguridad en la nube a muy bajo costo; usa una granja de servidores para almacenar los datos, repartiendo la información entre un conjunto de computadores que forman un sistema distribuido [3]. Se deben buscar nuevos mecanismos que logren de manera eficiente almacenar los datos aprovechando los recursos, lo que a la larga se traduce en una disminución en los costos de las empresas.

Esta memoria tiene como objetivo estudiar una alternativa basada en clustering para repartir la información de manera inteligente entre varios computadores, haciendo uso de una métrica de distancia en base al contenido de la información para luego comprimirla, y así, de esta forma, mejorar la compresión, idealmente manteniendo un balance en la carga de almacenamiento [4]. Clustering es una técnica que genera agrupaciones de objetos según un criterio, con esto se pretende separar los datos de tal manera que en cada agrupación se tenga un espacio parecido con respecto a los demás y que al utilizar cierto compresor sea mucho más eficiente en término de espacio que solamente separar los datos de manera aleatoria.

1.2. Conceptos Básicos

En este apartado se explican conceptos básicos que se utilizarán más adelante y que ayudará a la comprensión del trabajo realizado.

1.2.1. String o cadena de caracteres

Una cadena de caracteres $S = \{s_1, s_2 \ldots, s_l\}$ es una secuencia de símbolos de algún alfabeto $\sum$ en particular de un tamaño l.

1.2.2. Colección de documentos

Una colección de documentos es un conjunto de ϱ documentos, representado como $C = \{d_1, \ldots, d_\varrho\}$, donde los documentos son cadenas de caracteres S.

1.2.3. Entropía de un texto

La compresión de datos es la reducción del volumen de datos, sin embargo, comprimir datos tiene un límite definido por la entropía, que se refiere a la información nueva y esta se define como la cantidad total de datos menos su redundancia.

La entropía empírica de orden cero H_0 es el número promedio de bits necesarios para representar cada símbolo del texto T de tamaño n, está definida como[5]:

$$H_0(S) = \sum_{i=0}^{\sigma-1} \frac{n_i}{n} \log \frac{n}{n_i} \tag{1.1}$$

donde el alfabeto $\sum = \{c_0, \ldots, c_\sigma\}$ de tamaño σ y n_i es el número de ocurrencias de caracteres c_i en T.

1.2.4. Punto

Un Punto se define como un vector de n dimensiones, $P = \{v_1, v_2, ..., v_n\}$. Un punto $P \in R^n$ se dice que es un punto de cluster para un subconjunto A si para cada $\delta > 0$, δ vecindad de P, tenemos $B(P;\delta) \cap A \neq \emptyset$, donde $B(P;\delta) = \{x \in R^n | \parallel x - a \parallel < \delta\}$.

1.2.5. Medida de similitud

La medida de similitud es una función real que cuantifica la similitud entre dos puntos, es lo opuesto a la medida de distancia. Se define la medida de similitud para un punto x_i e y_j como $s(i,j) = -||i-j||^2$ donde $||x-y||^2$ es la distancia euclidiana al cuadrado [6].Ver capítulo 2 para una explicación más detallada.

1.2.6. Agrupamiento

Agrupamiento es el acto de formar k grupos de puntos $M = \{P_1, \ldots, P_\vartheta\}$ de ϑ puntos, siguiendo alguna métrica como puede ser la medida de similitud o de distancia, ver capítulo 2 para una explicación más detallada.

1.3. Objetivos

El objetivo general de esta memoria es maximizar la compresibilidad de la colección agrupándolos en función de su similitud de contenido, para esto se quiere implementar y evaluar un mecanismo que represente colecciones versionadas de datos de forma distribuida.

1.3.1. Objetivo específicos

- Realizar un estudio de mecanismos de clustering para agrupar conjuntos de cadenas de caracteres.
- Generar un repositorio de datos distribuido basado en clustering simulando un ambiente de varios computadores.
- Medir la efectividad de usar clustering previo a la compresión para el almacenamiento distribuido de datos, en términos de la compresibilidad de la colección.

1.4. Metodología

La metodología de desarrollo de la memoria se describe en los siguientes pasos:

1. Se estudiará el estado del arte de los distintos mecanismos de agrupamiento.
2. Se analizará y diseñará un algoritmo de agrupamiento para cadenas de caracteres.
3. Se implementará un algoritmo de agrupamiento.
4. Se realizarán pruebas pequeñas para comprobar su correcto funcionamiento. Si las pruebas iniciales son satisfactorias se realizan las pruebas con una colección de datos mayor en el servidor.
5. Se evalúan los resultados obtenidos, sobre la base de estos se evalúa cómo mejorar el algoritmo implementado y se vuelve a repetir el proceso desde el segundo paso, para ir mejorando los resultados.

Se contará con un repositorio Git que contendrá el código fuente desarrollada y las fuentes de la memoria misma.

Capítulo 2

Estado del arte

2.1. Algoritmo de agrupamiento

El algoritmo de agrupamiento es un proceso a través del cual se tiene un conjunto de puntos y se crean grupos de puntos a partir de una medida de similitud, en la mayoría de los algoritmos de agrupamiento se asume un espacio euclidiano.
El espacio euclidiano es un espacio geométrico que se cumplen los axiomas de Euclides, la cual define tres reglas entre las distancias de dos puntos en el espacio euclidiano:

- La distancia entre los puntos nunca es negativa y solamente es 0 consigo mismo.
- La distancia es simétrica, es decir, no importa si se calcula la distancia del punto x a y o de y a x.
- La distancia obedece a la desigualdad del triángulos; la distancia de x a y a z no puede ser menor a la distancia de x a z.

Los algoritmos de agrupamiento se pueden dividir en dos grupos: jerárquicos y no jerárquicos. Los primeros pueden ser aglomerativos o divisivos.

Cuando es aglomerativo, cada punto en el espacio euclidiano representa un grupo y en cada iteración se unen los grupos hasta llegar a los números de grupos deseados; en cambio cuando es divisivo todos los puntos se encuentran en un solo grupo y en cada iteración se dividen los grupos. El siguiente algoritmo 1 muestra el algoritmo de agrupamiento aglomerativo. Primero se debe determinar cuándo detener el algoritmo, una opción puede ser hasta tener el número deseados de grupos.

Algoritmo 1 Algoritmo Jerarquico aglomerativo

```
while No es tiempo para detenerse do
    Elegir los dos grupos más cercanos;
    Unir ambos grupos en uno sólo;
end while
```

Este algoritmo de agrupamiento es muy lento en caso de que la colección de datos sea muy grande, existen algoritmo de agrupamiento para colecciones grandes, como CURE [7].

CURE asume un espacio euclidiano, el algoritmo de CURE empieza tomando una pequeña muestra de la colección principal y usa cualquier algoritmo de agrupamiento que asuma el espacio euclidiano sobre la muestra, por ejemplo, los algoritmo jerárquicos serían una buena opción. Luego, selecciona en cada grupo formado en la muestra, una pequeña cantidad de puntos que se llamarán "puntos representativos", estos serán los que estén más alejados del grupo y entre ellos mismos, la cantidad de puntos representativos es libre de elegirse. Después los puntos representativos se mueven al centro del grupo un porcentaje, por ejemplo, 10 %.

La siguiente etapa consiste en unir los grupos que tengan un punto representativo cerca de un punto representativo de otro grupo, la distancia entre ambos puntos representativos para unir ambos grupos es libre de elegirse. Por último los puntos de la colección se comparan con los puntos representativos y se asigna al grupo que tenga la menor distancia.

En los algoritmo de agrupamiento no jerárquicos, *k-means* [7], es unos de los más utilizado y simple de entender.

K-means, como la mayoría de los algoritmos de agrupamiento, asume un espacio euclidiano y también asume el número de grupos conocidos. El número de grupos se puede determinar de distintas maneras, como por ejemplo, por prueba y error o con conocimiento previo de las características de las observaciones.

Dado k grupos se generan k centros de grupos o centroides iniciales, los centroides son vectores de las medias de las características de todas las observaciones dentro de cada grupo. Los centroides se pueden asignar de distintas maneras, una opción es asignar observaciones aleatoriamente de un conjunto de observaciones. Luego se itera los siguientes pasos:

Algoritmo 2 Algoritmo K-means

```
C conjunto de k centroides;
while true do
  Para cada observación calcular la distancia a todos los C_i;        #
  0 < i < k

  Las observaciones se asignan al C_i con la media más cercana;
  C_i se recalculan las medias con las nuevas observaciones agregadas;
  if Todos los C_i no cambian then
    Termina
  end if
end while
```

Se itera hasta que converja, es decir, ya no se asignan nuevas observaciones a los grupos o los centroides ya no se mueven.
La mayoría de los algoritmos de agrupamiento asumen un espacio euclidiano para medir la similitud entre los vectores, pero en el caso de las cadenas de caracteres no son puntos que se puedan representar en el espacio euclidiano. Para poder solucionar este problema se debe buscar un mecanismo para medir la similitud entre las cadenas de caracteres. Existen varias medidas de similitud para determinar la similitud entre cadenas de caracteres, en la siguiente sección se nombran algunas de las más utilizadas junto con la medida de similitud que se utilizó en la implementación del algoritmo de agrupamiento.

2.2. Medida de similiud para Cadenas de caracteres

Unos de los puntos más importante al momento de implementar un algoritmo de agrupamiento es la medida de similitud entre los puntos, en este caso los puntos representan las cadenas de caracteres y se debe buscar una medida de similitud que logre una buena calidad, esto significa que se puedan representar las cadenas de caracteres similares con una distancia pequeña y las cadenas de caracteres que no son similares en distancias mayores.
Existen varios métodos para calcular la similitud entre una cadena de caracteres y otra como por ejemplo:

- Distancia de Edición: Se tiene dos cadenas de caracteres A y B.La distancia de edición es la cantidad mínima de insertar, sustituir o eliminar necesarios para transformar A en B. Con distancia de edición se logra una buena calidad en la similitud, pero presenta una desventaja: el algoritmo de edición de distancia requiere de tiempo de $O(n \times m)$, donde n y m son el largo de ambas secuencias de strings. Por ejemplo para las cadenas "abracadabra" y "alabaralabarda", se necesitan 7 operaciones. La fórmula 2.1 calcula la distancia de edición d_{mn} [8]:

$$
\begin{aligned}
d_{i0} &= \sum_{k=1}^{i} w_{\text{del}}(b_k), && \text{for } 1 \le i \le m \\
d_{0j} &= \sum_{k=1}^{j} w_{\text{ins}}(a_k), && \text{for } 1 \le j \le n \\
d_{ij} &= \begin{cases} d_{i-1,j-1} & \text{for } a_j = b_i \\ \text{mín} \begin{cases} d_{i-1,j} + w_{\text{del}}(b_i) \\ d_{i,j-1} + w_{\text{ins}}(a_j) & \text{for } a_j \neq b_i \\ d_{i-1,j-1} + w_{\text{sub}}(a_j, b_i) \end{cases} \end{cases} && \text{for } 1 \le i \le m, 1 \le j \le n.
\end{aligned}
\tag{2.1}
$$

donde $a = a_1 \dots a_n$ y $b = b_1 \dots b_m$.

- Jaccard: Es una medida de similitud que está definida por el tamaño de la intersección de dos secuencias divido por el tamaño de la unión de ambas secuencias, un ejemplo en la medida de similitud entre las secuencias "night" y "nacht" es de 0.3. Se tiene el conjunto S y T la fórmula para determinar el similitud jaccard es 2.2

$$
Jaccard = \frac{(S \cap T)}{(S \cup T)}, \tag{2.2}
$$

- Distancia Hamming: Se tiene dos cadenas de caracteres de igual tamaño y se calcula cantidad de sustituciones necesarias para transformar una cadena de caracteres en otra. Por ejemplo “night” y “nacht” se necesita 2 sustituciones. La fórmula de Distancia Hamming es 2.3

$$D_h(s_i, s_j) = \sum_{k=1}^{m} \delta(s_{ik}, s_{jk})$$
$$\text{donde } \delta(x, y) = \begin{cases} 0 \text{ si x = y} \\ 1 \text{ si x } \neq y \end{cases} \tag{2.3}$$

  s_i y s_j son cadenas de caracteres y m es el largo de las cadenas de caracteres.

En esta memoria se quiere una medida de distancia basada en compresión, la medida de similitud implementada para el algoritmo de agrupación es una distancia de compresión utilizando algún método de compresión como lzma, gzip o bzip, ver 2.3. Se aplica la siguiente fórmula para obtener la *Similitud* 2.4

$$Similitud = \frac{(d_{1+2} - d_2)}{d_1}, \tag{2.4}$$

donde d_1 es el tamaño comprimido del documento más grande,d_2 es el tamaño comprimido del documento más pequeño, y d_{1+2} es el tamaño comprimido de la unión de d_1 y d_2 sin comprimir.

El valor de la variable d_{1+2} va a depender de la similitud de las cadenas de caracteres comprimidas. Si las cadenas de caracteres tienen un grado de similitud la compresión será mucho más efectiva, ya que se necesita un diccionario mucho menor para comprimir, al contrario ocurre cuando las cadenas de caracteres son muy distintas entre sí.

Entre más pequeño el valor de la variable *Similitud*, significa que ambas cadenas de caracteres son muy similares, y entre más grande los valores significa que las cadenas de caracteres son diferentes. En comparación con la distancia edición está obtiene una buena calidad de similitud, pero el tiempo de ejecución es lineal. Mejorando el tiempo $O(n \times m)$ de la distancia de edición. Esto hace una buena opción al momento de seleccionar una medida de similitud para grandes colecciones de datos. Esta medida de similitud como entrega solamente un valor R^n es de una sola dimensión.

Por ejemplo, si se utiliza el compresor LZ78 [5] en la secuencia S_1 = *'abracadabra'*, S_2 = *'abracadadah'* y la suma S_{1+2}=*'abracadabraabracadadah'*, al aplicar la fórmula 2.4 se obtiene el valor 0,71.
Ahora si cambiamos la segunda secuencia a S_3= 'casasyperro', la cual no tiene similitud con la primera secuencia, se obtiene el valor 0.77. De esta forma se observa que con menor similitud entre los strings, mayor es el valor, entonces al tener strings que son similares el valor se acerca al 0.

2.3. Metodos de compresión de datos

La compresión de datos es la reducción del volumen de datos. Existe dos tipos de compresores: la compresión sin pérdida y la compresión con pérdida.
En nuestro caso estudiaremos el caso particular LZ78 [9], el cual es un compresor sin pérdida basado en diccionario. Es un algoritmo greedy adaptativo. En el diccionario guarda un índice y un carácter, el índice entrega la posición de su prefijo de una secuencia y el carácter es el último de la subcadena. El algoritmo empieza recorriendo la cadena de texto desde el principio, carácter por carácter, revisa si el carácter nuevo ya se encuentra en el diccionario o si pertenece a una subcadena del diccionario, si ya se encuentra sigue con el siguiente carácter, en caso de que no se encuentre, ingresa al diccionario ese nuevo carácter seguido con el índice de su prefijo.
Por ejemplo, se tiene la cadena de texto S= "abracadabra", el resultado de la compresión con LZ78 se muestra en la tabla2.1.

Nº	S1
1	<0,a>
2	<0,b>
3	<0,r>
4	<1,c>
5	<1,d>
6	<1,b>
7	<3,a>

Tabla 2.1: Ejemplo LZ78.

Capítulo 3

Algoritmo de agrupamiento propuesto

3.1. Proceso de agrupamiento

El Proceso que se utilizó para agrupar una colección de datos se describe en los siguientes pasos:

1. Primero se obtiene la colección de datos que puede ser cualquier cadena de caracteres, por ejemplo, secuencias de ADN o información de Wikipedia.

2. Se elige un algoritmo de agrupamiento y se ejecuta sobre la colección. Cuando termina de ejecutar, la colección se encontrará repartida en diferentes directorios que representan los grupos formados por el algoritmo de agrupamiento.

3. Por último, se comprime cada directorio utilizando algún método de compresión.

3.2. Algoritmo de agrupamiento implementado

El algoritmo de agrupación implementado para la distribución de las cadenas de caracteres es una variante del algoritmo CURE 2.1, que utiliza un algoritmo jerárquicos para formar los grupos iniciales.
A continuación se muestran las etapas que sigue el algoritmo implementado:

1. El algoritmo empieza con la selección de un algoritmo de agrupamiento jerárquico aglomerativo o diviso, ambas opciones son válidas, en este caso se elige el aglomerativo. Luego, se obtiene una muestra pequeña de la colección de datos, en lo posible la muestra debe ser lo suficientemente representativa de la colección de datos. Posteriormente, se calcula la distancia, utilizando alguna medida de distancia para cadenas de caracteres entre todas las muestras (ver 2.2). Si las muestras se mantienen el algoritmo es determinista, es decir, siempre entregará los mismos resultados, lo que implica una ventaja ya que puede replicarse en varias máquinas.

2. Con las distancias de todas las muestras se ejecuta el algoritmo de agrupamiento aglomerativo hasta obtener los grupos deseaos. Por último se elige en cada grupo los puntos representativos, a diferencia de CURE que selecciona algunos puntos, en este caso los puntos representativos son todos los puntos del grupo.

3. Con los grupos construidos, se asigna cada cadena de caracteres de la colección de datos al grupo que tenga el punto representativo con la mejor medida de distancia. Uno de los objetivos de la memoria es el balance en términos de la carga de almacenamiento de los grupos, para esto la cadena de caracteres, antes de ser asignado al grupo, se comprueba que 3.1

$$Grupo_i < \frac{C}{k}, \tag{3.1}$$

donde $Grupo_i$ es el tamaño en disco del grupo más cercano a la cadena de caracteres seleccionada, C es el tamaño en disco de la Colección de cadenas de caracteres y k es el número de grupos.

Con esto, al momento de asignar una cadena de caracteres a un grupo, se busca generar un balance en cada grupo, si el $Grupo_i$ es mayor, entonces se comprueba el siguiente grupo más cercano a la cadena de caracteres seleccionada, hasta encontrar un grupo que sea menor. Si bien se genera un balance en el espacio de memoria la comprobación se realiza antes de la compresión y puede ocurrir que al momento de la compresión no asegura un balance en todas las agrupaciones. También puede pasar que un grupo contenga documentos que fueron asignados no por la medida de distancia sino por la falta de espacio en los demás grupos, lo que podriá provocar que el resultado de la compresión sea mayor al resto de los grupos.

A continuación se observa los pseucodigo del algoritmo implementado, el algoritmo 3 muestra la función distancia que representa el resultado de la medida de distancia entre dos cadenas de caracteres y el algoritmo 4 muestra el algoritmo de agrupamiento propuesto en la memoria.

Algoritmo 3 Funcion DISTANCIA

Require: $String1$
Require: $String2$
1: $s1 \leftarrow COMPRESS(String1)$
2: $s2 \leftarrow COMPRESS(String2)$
3: $s12 \leftarrow COMPRESS(String1 + String2)$
4: **return** $size(s12) - size(s2)/size(s1)$

3.3. Mejoras del Algoritmo de agrupamiento implementado

3.3.1. Paralelización

Al aumentar la muestra el tiempo de ejecución crece $\frac{n^3}{2}$, donde n es la cantidad de documentos. Como el objetivo de la memoria está orientado al manejo de datos de gran volumen, es importante que el algoritmo propuesto pueda ejecutarse en tiempos razonables. La mayor parte del tiempo de ejecución del algoritmo propuesto se utiliza para calcular las distancias entre las cadenas de caracteres.

Una de las ventajas del algoritmo de agrupamiento implementado permite la paralelización, es decir, ejecutar varios procesos paralelos en los que se consume el mayor tiempo de ejecución. Esto ocurre cuando se calculan las distancias entre las muestras para generar los grupos iniciales y al calcular las distancias entre los documentos que serán asignados con las muestras. En el algoritmo 5 muestra las modificaciones necesarias para poder implementar el algoritmo con paralelización.

La mejora en los tiempos de ejecución está directamente relacionado con la cantidad de procesos que se quiera ejecutar, estos deben ser menor o igual a la cantidad de procesadores que cuenta la máquina en la que se ejecutará el algoritmo. El tiempo de ejecución se divide por cada proceso adicional.

Algoritmo 4 Algoritmo de agrupamiento propuesto

Require: $Sampling = \{d_1, \ldots, d_n\}$ #
Muestra obtenida de la colección, donde n es la cantidad de cadenas de caracteres.
Require: $Collection = \{d_1, \ldots, d_k\}$ #
Colección de datos, donde k es numero de cadenas de caracteres.
Require: C #
Número de grupos deseados.

$S \leftarrow \langle\ \rangle$
for each s1 in $Sampling$ **do**
  for each s2 in $Sampling$ **do**
    $S \cup (DISTANCIA(Sampling[s1], Sampling[s2]), s1, s2)$
  end for
end for
Sort(S)
$i = 0$
while $Sampling > C$ **do**
  $Sampling[S[i][1]] \cup Sampling[S[i][2]]$
  $i = i + 1$
end while
$Grupo \leftarrow \langle\ \rangle$ #
Grupo lista de tamaño C

for each d in $Collection$ **do**
  $i = 1$
  for $s = 0$ to n **do**
    if $DISTANCIA(Sampling[s], d) < i$ **then**
      $i = DISTANCIA(Sampling[s], d)$
    end if
  end for
  $Grupo[i] \cup d$
end for

Algoritmo 5 Algoritmo de agrupamiento propuesto Paralelización

Require: $Sampling = \{d_1, \ldots, d_n\}$ #
Muestra obtenida de la colección, donde n es la cantidad de cadenas de caracteres.
Require: $Collection = \{d_1, \ldots, d_k\}$ #
Colección de datos, donde k es numero de cadenas de caracteres.
Require: C #
Número de grupos deseados.

1: $S \leftarrow \langle\ \rangle$
2: $S \cup PARALELIZAR((DISTANCIA(Sampling[s1], Sampling[s2]), s1, s2), num_procesos)$
3: Sort(S)
4: $i = 0$
5: **while** $Sampling > C$ **do**
6: $Sampling[S[i][1]] \cup Sampling[S[i][2]]$
7: $i = i + 1$
8: **end while**
9: $Grupo \leftarrow \langle\ \rangle$ #
Grupo lista de tamaño C

10: $PARALELIZAR\{$
11: $i = 0$
12: **for** $s = 0$ to n **do**
13: **if** $DISTANCIA(Sampling[s], d) > i$ **then**
14: $i = DISTANCIA(Sampling[s], d)$
15: **end if**
16: **end for**
17: $Grupo[i] \cup d$
18: $\}$

Otra manera para mejorar el tiempo de ejecución es seleccionando algunas cadenas de caracteres como puntos representativos, pero se debe buscar el modo que los puntos representativos realmente representen todos las cadenas de caracteres del grupo. En el caso del espacio euclidiano es fácil de lograr, pero para cadenas de caracteres es muy difícil, ya que no asegura que representen todas las cadenas. Podría pasar el caso de que todas las cadenas de caracteres estén muy alejadas entre ellas, lo cual significa que todos deberían ser puntos representativos, por eso el algoritmo propuesto asegura todas las cadenas de caracteres del grupo como puntos representativos sacrificando tiempo de ejecución.

3.3.2. Estrategia Greedy

Una posible mejora que se puede emplear al algoritmo de agrupamiento propuesto es al problema que se genera cuando se asignan los documentos a un grupo con la restricción de un máximo de documentos asignados a cada grupo, utilizado para balancear la carga de estos. El algoritmo selecciona un documento y se asigna a un grupo, sin tomar en cuenta los documentos que serán asignados posteriormente. En consecuencia, el documento asignado a un grupo podría no ser la mejor opción frente a un posible candidato con una mejor distancia para ese mismo grupo.
Para solucionar este problema se puede utilizar la estrategia greedy, lo que significa que siempre toma la mejor opción local para lograr la mejor solución, aunque no implica que siempre llegue a la mejor solución. La mejora se implementó ocupando una cola de prioridad, basado en la distancias de cada documento a todos los grupos, para luego asignar los documentos en el orden que la cola de prioridad entrega.
El algoritmo 6 muestra las modificaciones necesarias para poder implementar esta mejora.

Algoritmo 6 Algoritmo de agrupamiento propuesto Estrategia Greedy

Require: $Sampling = \{d_1, \ldots, d_n\}$ #
Muestra obtenida de la colección, donde n es la cantidad de cadenas de caracteres.
Require: $Collection = \{d_1, \ldots, d_k\}$ #
Colección de datos, donde k es numero de cadenas de caracteres.
Require: C #
Número de grupos deseados.

$S \leftarrow \langle\ \rangle$
for each s1 in $Sampling$ **do**
  for each s2 in $Sampling$ **do**
    $S \cup (DISTANCIA(Sampling[s1], Sampling[s2]), s1, s2)$
  end for
end for
Sort(S)
$i = 0$
while $Sampling > C$ **do**
  $Sampling[S[i][1]] \cup Sampling[S[i][2]]$
  $i = i + 1$
end while
$Grupo \leftarrow \langle\ \rangle$ #
Grupo lista de tamaño C

$Cola_prioridad \leftarrow \langle\ \rangle$
for each d in $Collection$ **do**
  for $s = 0$ to n **do**
    $Cola_prioridad.add(DISTANCIA(Sampling[s], d), d, s)$
  end for
end for
while $Cola_prioridad$ **do**
  $i = Cola_prioridad.pop()$
  $Grupo[i[2]] \cup i$
end while

Capítulo 4

Experimentación

4.1. Diseño

Las pruebas se realizaron comparando dos tipos de algoritmos de agrupamiento:

- Algoritmo de agrupamiento propuesto
- Algoritmo de agrupamiento random

El algoritmo de agrupamiento random crea n grupos y asigna de manera uniforme y distribuida aleatoriamente cada cadena de caracteres a un grupo, a diferencia del algoritmo propuesto que luego de obtener las muestras es determinista. También mantiene el balance de espacio en memoria en cada Grupo.
Con ambos algoritmos se pretende demostrar que realizando los agrupamientos de manera inteligente se pueden obtener mejores resultados en términos de compresión, que agrupándolos aleatoriamente y mantener cierto balance en cada agrupación.
En el algoritmo de agrupamiento propuesto existen distintas variables que pueden determinar un buen agrupamiento de la colección, estas son:

- Cantidad de Grupos: es difícil determinar la cantidad exacta de grupos que se necesitan para lograr la mejor compresión. En este caso el número representa la cantidad de máquinas disponibles.

- Tamaño de la muestra: si la muestra es muy pequeña, es probable que no represente todos los tipos de grupos que se encuentra en la colección. En caso contrario, si la muestra es muy grande el tiempo de ejecución crece.

- Medida de distancia: la función implementada para medir la distancia permite cambiar el método de comprimir, en este caso se utiliza ZIP. También la librería de ZIP utilizada permite determinar el nivel de compresión de una cadena de caracteres, cambiando los valores en la medida de distancia, entre mayor sea el nivel de la compresión se obtiene una mejor calidad de la distancia pero más lento poder calcularla.

Las pruebas se realizaron en una colección versión en español de Wikipedia, las muestras se tomaron de manera uniformemente al azar, en UTF-8. Para cada documento seleccionado se obtienen todas sus versiones. Esto fue hecho usando la libreria go-wikiparse y limpiado con Tika para obtener sólo el texto de los artículos. Se concatenan todos los documentos en uno sólo y se divide por bloques.

Colecciones	Tamaño Total (GiB)	Entropia(bits)	Nº Documentos	Tamaño documento (MiB)
Wiki-ES	16.384	5.0831497879	16384	1
Wiki-EN	-	-	-	-

Tabla 4.1: Colecciones.

4.2. Resultados

4.2.1. Resultados iniciales

En las pruebas se tomó una muestra de 30 documentos y en esta primera etapa las pruebas se ejecutaron solamente una vez en cada caso, a excepción del algoritmo de agrupamiento random que se ejecutaron diez veces. La muestra se obtuvo aleatoriamente de la colección de documentos, manteniéndose estas para todos los casos. Como la muestra es insignificante, en comparación al tamaño de la colección, es muy probable que ningún documentos pertenezca a uno de la misma versión. Este problema origina que la mayoría de los documentos pertenezca a un solo grupo y el resto solamente es representado por un documento, porque si un grupo crece es muy probable que al intentar unir dos grupos, el grupo más grande se una a otro grupo. También cabe mencionar que la elección de la cantidad de agrupaciones es arbitraria, pero la cantidad de agrupaciones es una variable importante al momento de obtener buenos resultados en las agrupaciones. En este caso las pruebas se realizaron con un número fijo de agrupaciones para observar el comportamiento de otras variables que afectan a las agrupaciones.

En la tabla 4.2 muestra los resultados de cada método con una cantidad de 10 agrupaciones. El *Método 1* utiliza el algoritmo de agrupación aleatoria, que en cada grupo comprimido y no comprimido se mantiene una carga de almacenamiento balanceada que es uno de los objetivos deseados en la memoria. En los métodos siguientes se utiliza el algoritmo de agrupación propuesto pero modificando algunas variables para observar su comportamiento.

Para el caso del *Método 2* se observa una mejora de la compresión equivalente al 45 % del tamaño total del resultado en el algoritmo de agrupamiento aleatorio, aquí la muestra es de 30 documentos. En términos de balance en la carga de almacenamiento que se representa en el *Error* de la tabla 4.3, este método es ineficiente, ya que la mayor parte de la carga se concentra solamente en un grupo. Esto se debe a que en el momento de crear los grupos con las muestras, la mayor parte de las muestra quedan solamente en un grupo, dejando a las demás con pocas muestras de representación.

En el *Método 3* se observa que existe un balance en la cantidad de muestras en cada agrupación. Para esto, cada grupo no tendrá una muestra superior a tres en un universo de 30 documentos. Con esto se busca balancear la cantidad de documentos en cada agrupación. El resultado de la compresión, utilizando el *Método 3*, es equivalente al 55 % del tamaño total del resultado con el método del algoritmo de agrupamiento aleatorio, que sigue siendo una mejor alternativa, pero comparando con los resultado del *Método 2* se paga un costo al balancear las muestras en los grupos, de un 24 % más del tamaño total del resultado en el *Método 2*.
En el *Método 4*, se hace la misma prueba que en el método anterior, pero se agrega la condición de que el tamaño de los grupos no supere determinado límite, el que en este caso es el tamaño de la colección de datos divido por la cantidad de agrupaciones. Con esta medida se asegura que en todos los grupos tengan, aproximadamente, la misma cantidad de cadenas de caracteres. El resultado del *Método 4* es el equivalente al 70 % del tamaño total del resultado en el algoritmo de agrupamiento aleatorio, que sigue siendo una mejora, pero nuevamente pagando un costo, con respecto al *Método 2* aumenta 55 % más de tamaño, incluso mayor que en el *Método 3*, pero con mejores resultados en el balance de la carga de almacenamiento.

Grupos	Método 1(KiB)	Método 2(KiB)	Método 3(KiB)	Método 4(KiB)
Total	65.560	29.371 (45 %)	36.036 (55 %)	45.639 (70 %)

Tabla 4.2: Resultado algoritmo de agrupamiento aleatorio con 10 Grupos.

En la tabla 4.3 se observa el resultado de la distribución de los datos de cada grupo utilizando los métodos mencionados.
Para determinar si la carga de almacenamiento en todos los grupos se encuentra balanceada en términos del número de documentos, se calcula el promedio del error absoluto $\bar{E_a}$, que se define como 4.1:

$$\bar{E_a} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} \mid V_{verdadero} - V_i \mid \tag{4.1}$$

donde $V_{verdadero} = \frac{\varrho}{k}$ con ϱ el número de documentos en la Colección, k es el número de grupos formados por el algoritmo de agrupamiento y V_i la cantidad de documentos en un grupo. $\bar{T}$ representa el promedio de la carga de almacenamiento que ocupan los grupos. Por último, $\bar{S}$ es el promedio de la distancia entre los documentos de las muestras de un mismo grupo , y se define como 4.2:

$$\bar{S} = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^{k} Distancia(G_i) \tag{4.2}$$

donde $Distancia(G_i)$ es el promedio de la distancia entre los documentos del mismo grupos.

Grupos	$\bar{E_a}$	$\bar{T}(KiB)$	$\bar{S}$
Método 1	0.2	6553.6	-
Método 2	1910.4	2937.2	0.196718
Método 3	509	3603.7	0.994174
Método 4	1.4	4563.9	0.994174

Tabla 4.3: Distribución grupos.

4.2.2. Resultados Finales

En esta segunda etapa de la experimentación se ejecutó el algoritmo de agrupamiento propuesto, con el objetivo de observar qué tan eficiente es el algoritmo con las mejoras implementadas, ver 3.3, comparándolos con el algoritmo propuesto inicial. Además de ver qué tan determinante es la elección de las muestras de manera aleatoria en el resultado de la compresión y, determinar qué ocurre cuando se aumentan las muestras.

Las muestras que se utilizaron fueron de 10, 20, 30, 40, 50. Para los casos del algoritmo con las mejoras implementadas se ejecutaron pruebas con muestras de 10, 30, 50 y 100. En cada caso se ejecutaron 10 veces, a excepción del caso con 100 muestras el que se ejecutaron cinco veces.

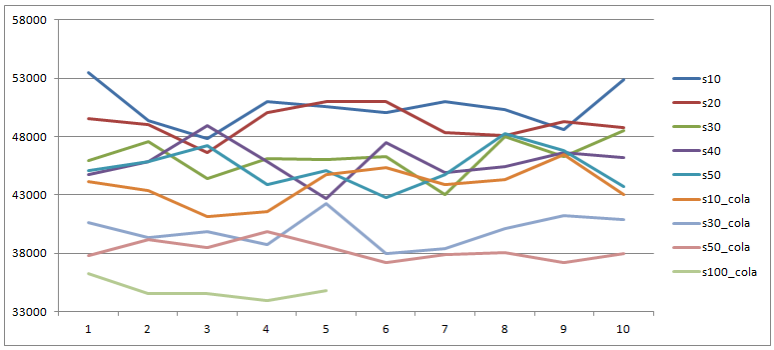
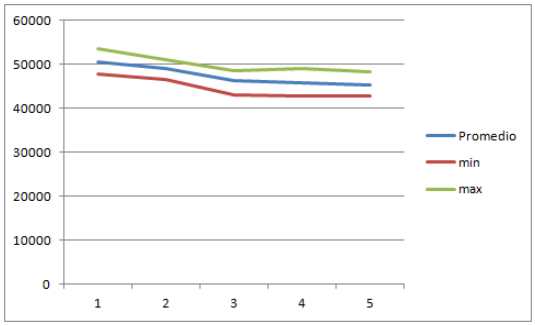
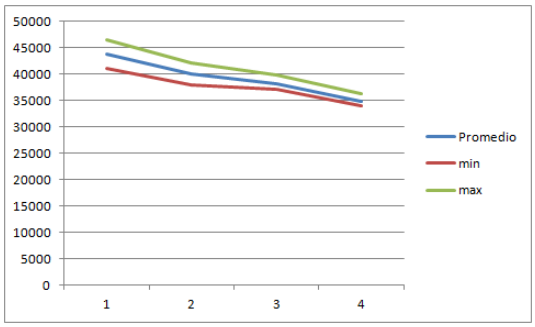


Figura 4.1: Legos.

En el gráfico 4.1 muestra el total del tamaño en cada prueba realizada, en él se puede observa que aumentando las muestras mejoran los resultados de la compresión. Además, con las mejoras implementadas se puede observar que se tienen mejores resultados en la compresión que en los resultados sin las mejoras implementadas, por ejemplo, si se compara con las pruebas con 30 muestras se observa que el resultado con la mejora implementada representa un 86 % del resultado del algoritmo sin la mejora implementada. Otro punto que se puede observar del gráfico es cómo varían los resultados con el cambio de muestras, con esto se puede deducir que las muestras pueden influir en algún grado en el resultado de la compresión.
En el gráfico 4.2(a) muestra el promedio, el mínimo y el máximo tamaño entre las 10 pruebas para cada caso realizado con el algoritmo sin las mejoras implementadas. Se observa que aumentando las muestras, hasta llegar a las 30, la compresión de los datos baja y luego se mantienen estable. En cambio en el gráfico 4.2(b) la compresión sigue mejorando luego de las 30 muestras y el rango entre el máximo y el mínimo cada vez es menor, lo que significa que las muestras tomadas aleatoriamente influyen menos en la compresión.
Comparando con los resultados iniciales 4.2.1, el algoritmo con las mejoras implementadas, si se ejecuta con 150 muestras se puede conseguir casi el mismo resultado que se obtuvo del *Método 2*(versión del algoritmo sin ninguna limitación y mejora) con tan solo 30 muestras.



(a) Sin Cola



(b) Con cola

Figura 4.2: Legos.

Capítulo 5

Conclusiones

Se tuvo un proceso de estudio de los distintos algoritmos de agrupamiento más utilizados, mecanismos que permiten medir la similitud entre cadenas de caracteres y mecanismos para comprimir datos. Luego se implementó un algoritmo de agrupamiento, aplicando lo estudiado y obteniendo los primeros resultados.

Evaluando los resultados se puede concluir varias cosas, agrupando las cadenas de caracteres de manera inteligente, se obtienen mejores resultados que agrupándolos aleatoriamente, pero al intentar balancear la carga de espacio en cada agrupación se paga un costo al comprimir. Parte importante para obtener una buena agrupación es la medida de distancia, para agrupar grandes cantidades de cadenas de caracteres es necesario que la medida de distancia entre dos cadenas de caracteres sea rápida, ya que cada cadena de texto debe compararse con todos los del sampling. La ventaja de este algoritmo es que los resultados son determinista, siempre que se mantengan las mismas muestras, es decir, cuantas veces se ejecuta el algoritmo para una misma colección siempre entrega el mismo resultado, entonces al momento de obtener las agrupaciones con las muestras es posible asignar cadenas de caracteres en varios procesos, rebajando el tiempo de ejecución. Es importante aclarar que el algoritmo todavía puede seguir mejorando, en el análisis de los resultados se observó que la compresión cambia dependiendo de las muestras iniciales y entre más muestras se tomen, estas mejoran los resultados, pero con un mayor costo en el tiempo de ejecución.

Referencias bibliográficas

[1] Wikipedia. https://en.wikipedia.org/.

[2] Git. https://git-scm.com/.

[3] Backblaze. https://www.backblaze.com/blog/storage-pod-4-5-tweaking-a-proven-design/.

[4] David Salomon abd Giovanni Motta. *Handbook of Data Compression*. Springer London, 2012.

[5] Francisco Claude and Gonzalo Navarro. Improved grammar-based compressed indexes. 12:180–192, 2012.

[6] Brendan J. Frey and Delbert Dueck. Clustering by passing messages between data points. pages 972–976, 2007.

[7] Anand Rajaraman and Jeffrey David Ullman. Mining of massive datasets. pages 221–260, 2011.

[8] Daniel Jurafsky and James H. Martin. Speech and language processing pearson. education international. pages 107–111, 1999.

[9] S. Kreft and G. Navarro. On compressing and indexing repetitive sequences,theoretical computer science. 483:115–133, 2011.

udp FACULTAD DE INGENIERÍA

Facultad de Ingeniería
Escuela Ingeniería Informática

Compresión de datos distribuida basada en clustering

Guillermo Andrés Navarro Giglio

ANEXOS

Profesor guía
Francisco Claude-Faust

Comité
Roberto Konow

Julio, 2015

Anexo A

CODIGO ALGORITMO DE AGRUPAMIENTO BASE

```
#!/usr/bin/python

""" argv[1]= carpeta de documetnos para generar clusters(sampling)
        argv[2]= Numero de clusters deseado
        argv[3]= carpeta guardar clusters
        argv[4]= carpeta de documentos
        argv[5]= max cluster size
        argv[6]= calidad distancia documento 0-9
        argv[7]= Numero de core
        argv[8]= carpeta de resultados comprimidos
"""
import os, sys ,getopt
import editdist
import shutil
import distance
import zlib
from multiprocessing import Pool
from datetime import datetime
from heapq import heapify, heappush, heappop

data=[]
combinaciones=[]


def get_size(start_path = '.'):
    total_size = 0
    for dirpath, dirnames, filenames in os.walk(start_path):
        for f in filenames:
            fp = os.path.join(dirpath, f)
            total_size += os.path.getsize(fp)
    return total_size

def comprimir( ):
        for i in os.listdir(str(sys.argv[3])):
                os.system('7z a ' +str(sys.argv[8])+i+'.7z '+str(sys.argv[3])+i+'/
                    ')
```

```
def distancia_zip(s1, s2, nivel=6):
        compressed1 = zlib.compress(s1,nivel)
        compressed2 = zlib.compress(s2,nivel)
        compressed12 = zlib.compress(s1+s2,nivel)
        if len(compressed1) > len(compressed2):
                n = (len(compressed12) - len(compressed2)) / float(len(compressed1
                    ))
        else:
                n = (len(compressed12) - len (compressed1)) / float(len(
                    compressed2))
        return n

def listadistancia(comb):
        k=combinaciones[comb][0]
        j=combinaciones[comb][1]
        comp=distancia_zip(data[k][0],data[j][0],int(sys.argv[6]))
        print "t1:"+str(k)+" contra t2:"+str(j)+"="+str(comp)
        return [comp,data[k][0],data[j][0]]

def asignar_documento(document):
        test2=[]
        f = open(str(sys.argv[4])+str(document))
        texto=f.read()
        doc_z = len(texto)
        for j in data:
                for k in range(len(j)):
                        #comp=editdist.distance(j[k],texto)
                        #comp=distance.hamming(j[k],texto)
                        comp=distancia_zip(j[k],texto,int(sys.argv[6]))
                        test2.append([comp,data.index(j)])
        test2.sort()
        f.close()
        return [str(document),test2,doc_z]


if __name__ == "__main__":

        #numero de clusters
        clusters = int(sys.argv[2])
        #num cores
        numprocesos=int(sys.argv[7])

        #guardar bloque de datos
        for document in os.listdir(str(sys.argv[1])):
                f = open(str(sys.argv[1])+str(document))
                data.append([f.read()])
                f.close()

        print "sampling cargado, buscando las distancias minimas..."

        for k in range(len(data)):
                        for j in range(k+1,len(data)):
                                combinaciones.append((k,j))
        pool = Pool(processes=numprocesos)
        test = pool.map(listadistancia, range(len(combinaciones)), len(
            combinaciones)/numprocesos)
        pool.close()
        pool.join()

        test.sort()
        print len(test)

        print "creando clusters"
        i=0
        while len(data)>1 and len(data) > clusters and i < len(test):
                cluster1=[]
                cluster2=[]
                t1=False
                t2=False
                for j in data:
                        if t1 == True and t2 == True :
                                break
                        for k in range(len(j)):
```

```
                        if test[i][1] == j[k]:
                                t1=True
                                cluster1=data.index(j)
                        if test[i][2] == j[k]:
                                t2= True
                                cluster2=data.index(j)
        i=i+1
        if cluster2 ==cluster1 or (len(data[cluster1])+len(data[cluster2])
             ) > int(sys.argv[5]) :
                continue
        test3=data.pop(cluster2)
        if cluster2<cluster1:
                cluster1-=1

        test4=data.pop(cluster1)
        data.append(test3+test4)

        densidad=[]
        print "densididad sampling clster:"+str(test[i][0])
        for t in data:
                densidad.append(len(t))
        print densidad

densidad=[]
print "IMPRIMIR CLUSTER"
for t in data:
        densidad.append(len(t))
print densidad

print "Creando carpetas de clusters..."

clust_size=[]
for t in range(len(data)):
        os.mkdir( sys.argv[3]+str(t));
        clust_size.append(0)


i=0

print "Asignando documentos a los clusters"

pool2 = Pool(processes=numprocesos)
todo=pool2.map(asignar_documento, os.listdir(str(sys.argv[4])), len(
    combinaciones)/numprocesos)
pool2.close()
pool2.join()

# [ str(document),test2,doc_z ] -> nombre_documenot, lista_distancias,
    tamano_documento
# lista_distancia -> [distancia , numero_clustguillermo99er]


div=get_size(str(sys.argv[4]))/len(data)
cola_prioridad=[]
diccionario={}

for t in todo:
        for s in t[1]:
                heappush(cola_prioridad, [s[0],t[0],s[1],t[2]])
                #s[0] -> distancia       t[0]-> nombre_documento s[1]->
                     numero_cluster t[2] ->tamano_documento

while len(cola_prioridad):
        archivo=heappop(cola_prioridad)
        print archivo
        if archivo[1] in diccionario:
                continue
        else:
                if clust_size[archivo[2]] < div:
                        shutil.copyfile(str(sys.argv[4])+archivo[1], sys.
                             argv[3]+str(archivo[2])+'/'+archivo[1])
                        clust_size[archivo[2]]+=archivo[3]
                        diccionario[archivo[1]]=archivo[2]
                else:
```

```
                continue

        comprimir()
```

Anexo B

CODIGO ALGORITMO DE AGRUPAMIENTO ALEATORIO

```
#!/usr/bin/python
import glob
import os,sys
import random
import shutil

""" argv[1]= carpeta de documentos
        argv[2]= n clusters
        argv[3]= carpeta resultados
"""

print sys.argv[1]
lista=os.listdir(str(sys.argv[1]))
random.seed()
print len(lista)


print "Creando carpetas de clusters..."

for t in range(int(sys.argv[2])):
        os.mkdir( sys.argv[3]+str(t));

div=len(lista)/int(sys.argv[2])
print div



for i in range(int(sys.argv[2])) :
        for j in range(div) :
                rand = random.randint(0,len(lista)-1)
                texto= lista.pop(rand)
                shutil.copyfile( sys.argv[1]+texto , sys.argv[3]+str(i)+"/"+texto)
```