ĐẠI HỌC QUỐC GIA THÀNH PHỐ HỒ CHÍ MINH
TRƯỜNG ĐẠI HỌC KHOA HỌC TỰ NHIÊN
KHOA CÔNG NGHỆ THÔNG TIN

NGUYỄN PHAN MẠNH HÙNG - 1312727

ĐỒ ÁN MÔN HỌC

DATAMINING

ĐỀ TÀI: KHAI THÁC CHUỖI PHỔ BIẾN
DỰA TRÊN TÀI LIỆU: Sequential Pattern Mining using A Bitmap Representation. Authors: Jay Ayres, Johannes Gehrke, Tomi Yiu, and Jason Flannick

TPHCM - 12/2015

Mục lục

Tóm tắt đồ án

Trong bài báo cáo này, người đọc sẽ trình bày các thuật toán để khai thác chuỗi phổ biến mà cụ thể là SPAM và SPADE. Bên cạnh đó, bài báo cáo cũng trình bày các cải tiến nhằm nâng cao hiệu quả của thuật toán bao gồm sử dụng BITMAP trong biểu diễn dữ liệu và tính toán độ hỗ trợ và sử dụng cấu trúc dữ liệu CMAP để giảm bớt các chuỗi không phổ biến xuất hiện trong quá trình duyệt dữ liệu.

Tổng quan

Trong bài báo cáo sau đây, người viết sẽ trình bày các thuật toán SPAM và SPADE, kết hợp với cách biểu diễn dữ liệu theo dạng bitmap và sử dụng CMAP để tăng hiệu quả của thuật toán và giảm bớt không gian tìm kiếm.

1 Giới thiệu

Khai thác các chuỗi phổ biến là một trong những vấn đề vô cùng quan trọng trong khai thác dữ liệu. Việc rút trích được các chuỗi như vậy giúp chúng ta tìm ra được rất nhiều thông tin hữu ích có thể sử dụng để cải thiện hệ thống (hệ thống bán hàng, websites, hệ thống y sinh học...).

2 Phát biểu bài toán và các khái niệm liên quan

Gọi $I = \{i_1, i_2, \ldots, i_n\}$ là tập các item. Ta gọi tập con $X \subseteq I$ là một itemset. Một chuỗi $s = \langle s_1, s_2, \ldots, s_m \rangle$ là một danh sách các itemset có thứ tự. Trong đó $s_i \subseteq I$, và $i \in \{1, 2, \ldots, m\}$. Độ dài l của chuỗi $s = \langle s_1, s_2, \ldots, s_m \rangle$ được định nghĩa như sau:

$$l \stackrel{def}{=} \sum_{i=1}^{m} |s_i|$$

Khi đó, một chuỗi với độ dài l sẽ được gọi là l-sequence. Một chuỗi $s_a = \langle a_1, a_2, \ldots, a_n \rangle$ được gọi là nằm trong chuỗi $s_b = \langle b_1, b_2, \ldots, b_m \rangle$, nếu tồn tại n số $1 \leq i_1 < i_2 < \ldots < i_n \leq m$, sao cho $a_1 \subseteq b_{i_1}, \ldots, a_2 \subseteq b_{i_2}$, khi đó chuỗi s_a được xem là có thứ tự từ điển nhỏ hơn s_b và kí hiệu là $s_a \leq s_b$ (lưu ý: nếu chuỗi s_a không chứa s_b và ngược lại thì không tồn tại quan hệ thứ tự giữa 2 chuỗi ấy).
Một cơ sở dữ liệu D là một bộ ba gồm (cid, tid, X). Trong đó cid là chỉ số khách hàng (còn gọi là customer-id), tid là chỉ số giao dịch (gọi là transaction-id) dựa vào thời điểm giao dịch, X là itemset thỏa $X \subseteq I$. Ta cũng có thể biểu diễn cơ sở dữ liệu, trong đó mỗi khách hàng ứng với một chuỗi các itemset theo thứ

tự thời gian (tid).

Customer ID	TID	Itemset
1	1	$\{a, b, d\}$
1	3	$\{b, c, d\}$
1	6	$\{b, c, d\}$
2	2	$\{b\}$
2	4	$\{a, b, c\}$
3	5	$\{a, b\}$
3	7	$\{b, c, d\}$

Bảng 1: Cơ sở dữ liệu sắp xếp theo CID và TID

CID	Chuỗi
1	$\langle\{a, b, d\}, \{b, c, d\}, \{b, c, d\}\rangle$
2	$\langle\{b\}, \{a, b, c\}\rangle$
3	$\langle\{a, b\}, \{b, c, d\}\rangle$

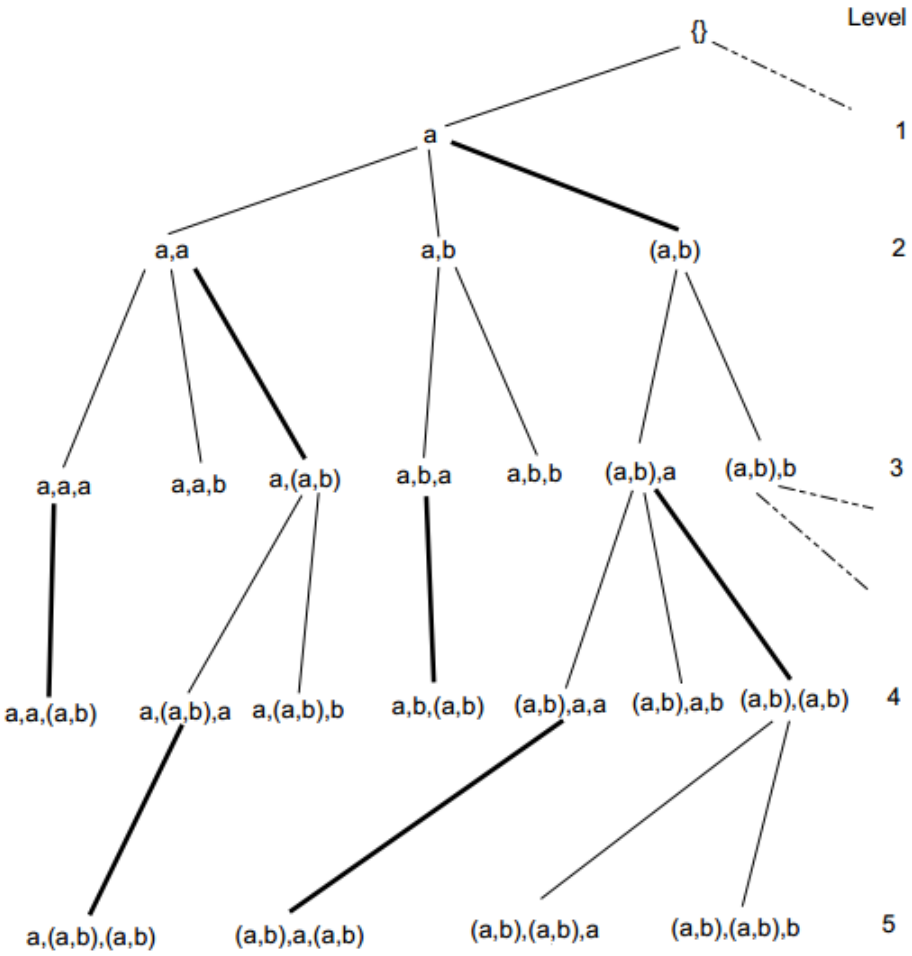
Bảng 2: Cơ sở dữ liệu theo từng khách hàng

Độ hỗ trơ tuyệt đối (absolute support) của một chuỗi s_a là số lượng chuỗi trong cơ sở dữ liệu D (bảng 2) chứa s_a. Độ hỗ trợ tương đối (relative support) là phần trăm chuỗi trong D chứa s_a. Độ hỗ trợ của chuỗi s_a trong cơ sở dữ liệu D được kí hiệu $sup_D(s_a)$. Ví dụ, với $s_a = \langle\{a\}, \{b, c\}\rangle$. Dựa vào bảng 2, ta thấy chuỗi 1 và 3 chứa s_a, do đó $sup_D(s_a) = 2$.

Đặt vấn đề: Xét cơ sở dữ liệu D và minSup, hãy tìm tất cả các chuỗi thỏa minSup, nghĩa là với mỗi chuỗi s tìm được thì $sup_D(s) \geq minSup$.

3 Thuật toán SPAM - Sequential Pattern Mining

3.1 Cây thứ tự - Lexicographic Tree



Hình 1: Ví dụ Lexicographic Tree

Ảnh trên mô tả một cây thứ tự thể hiện không gian các chuỗi tạo bởi các item cho trước. Mỗi nút n của cây sẽ tương ứng với một chuỗi, s_c được tạo ra từ chuỗi cha, gọi là $s_p = \langle s_1, s_2, \ldots, s_k, \{a_1, a_2, \ldots, a_t\}\rangle$ thông qua S-step hoặc I-step.

- **S-step:** $s_p \times item \overset{S-step}{\longrightarrow} s_c$: $s_c = \langle s_1, s_2, \ldots, s_k, \{a_1, a_2, \ldots, a_t\}, \{item\}\rangle$
- **I-step:** $s_p \times item \overset{I-step}{\longrightarrow} s_c$: $s_c = \langle s_1, s_2, \ldots, s_k, \{a_1, a_2, \ldots, a_t, item\}\rangle$

Dựa vào định nghĩa trên, $s_p \leq s_c$ và với mọi nút n là cha, trực tiếp hay gián tiếp, của m thì $s_n \leq s_m$.
Bên cạnh đó, với tập item hữu hạn bao gồm tất cả item trong database và gọi N là độ dài tối đa của chuỗi xuất hiện trong database, ta có thể sinh ra 1 cây hữu hạn nút thỏa mãn với mọi chuỗi trong database đều tồn tại một nút trong cây chứa chuỗi đó.

3.2 Tỉa nhánh cây - Pruning

Bây giờ, bài toán của ta trở thành tìm các chuỗi phổ biến trên cây. Tuy vậy, ta thấy kích thước của cây (số nút) là khá lớn, do đó cần phải có một chiến lược tỉa nhánh hợp lý nhằm thu hẹp không gian tìm kiếm.
Để thuận tiện, ta định nghĩa S_n là tập các item dùng trong S-step với nút n, và I_n là tập các item dùng trong I-step với n.

3.2.1 S-step pruning

Xét chuỗi s và 2 chuỗi $s_a = \langle s, i_k \rangle$ và $s_b = \langle s, i_j \rangle$ được sinh từ s thông qua S-step. Giả sử $i_k \leq i_j$, s_a là chuỗi phổ biến và s_b không phổ biến. Theo nguyên tắc Apriori thì chuỗi $s_c = \langle s, \{i_k, i_j\} \rangle$ và chuỗi $s_d = \langle s, \{i_k\}, \{i_j\} \rangle$ đều không phổ biến. Do đó, ta có thể loại item i_j ra khỏi S_g và I_g, với s_g là tất cả các chuỗi phổ biến được sinh ra từ s qua S-step.

3.2.2 I-step pruning

Xét chuỗi $s = \langle s', \{i_1, \ldots, i_t\} \rangle$ và 2 chuỗi $s_a = \langle s', \{i_1, \ldots, i_t, i_k\} \rangle$ và $s_a = \langle s', \{i_1, \ldots, i_t, i_j\} \rangle$ được sinh từ s thông qua I-step. Giả sử $i_k \leq i_j$, s_a là chuỗi phổ biến và s_b không phổ biến. Theo nguyên tắc Apriori thì chuỗi $s_c = \langle s', \{i_1, \ldots, i_t, i_k, i_j\} \rangle$ không phổ biến. Do đó, ta có thể loại item i_j ra khỏi I_g, với s_g là tất cả các chuỗi phổ biến được sinh ra từ s qua I-step.

3.3 Biểu diễn cơ sở dữ liệu và chuỗi bằng Bitmap và các phép toán trên Bitmap

Ta có nhận xét rằng chi phí cho việc tính độ hỗ trợ của 1 chuỗi là khá lớn vì ta phải liên tục duyệt lại cơ sở dữ liệu. Do đó, ta cần phải biểu diễn dữ liệu bằng một cấu trúc hiệu quả hơn.

3.3.1 Cách biểu diễn

Với mỗi item, ta sẽ tạo 1 bitmap tương ứng trong đó mỗi bit tương ứng với một transaction. Để thuận tiện, các transaction trong cùng một sequence (của một customer) sẽ được biểu diễn bằng các bits gần nhau. Và để đảm bảo tính thứ tự, nếu transaction m đứng trước transaction n trong sequence thì chỉ số

bit biểu diễn m sẽ nhỏ hơn chỉ số của bit biểu diễn n. Ví dụ, bitmap biểu diễn item a trong dữ liệu mẫu được thể hiện như sau:

CID	TID	$\{a\}$
1	1	1
1	3	0
1	6	0
-	-	0
2	2	0
2	4	1
-	-	0
-	-	0
3	5	1
3	7	0
-	-	0
-	-	0

Bảng 3: Bitmap biểu diễn item a

Bên cạnh đó, ta xây dựng bitmap cho một chuỗi như sau: nếu itemset cuối cùng của chuỗi nằm trong transaction j của khách hàng a và tất cả các itemset khác nằm ở transaction trước j, thì bit biểu diễn transaction j của khách a được gán 1, ngược lại là 0. Ví dụ, chuỗi $\langle\{a\},\{b\}\rangle$

CID	TID	$\langle\{a\},\{b\}\rangle$
1	1	0
1	3	1
1	6	1
-	-	0
2	2	0
2	4	0
-	-	0
-	-	0
3	5	0
3	7	1
-	-	0
-	-	0

Bảng 4: Bitmap biểu diễn chuỗi $\langle\{a\},\{b\}\rangle$

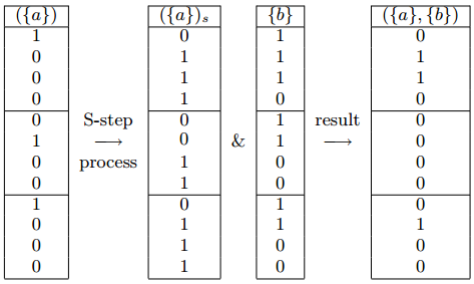
Ta gọi mỗi phần được chia ra bởi đường ngang trên là một phân đoạn, thể hiện chuỗi đang xét có xuất hiện trong sequence của khách hàng tương ứng không. Với cách biểu diễn trên, để tính độ hỗ trợ của một chuỗi, ta chỉ cần kiểm tra số lượng phân đoạn có ít nhất một bit 1. Ở ví dụ trên thì support($\langle\{a\},\{b\}\rangle$) = 2, do phân đoạn ứng với CID bằng 1 và 3 có bit 1 xuất hiện.

3.3.2 Các phép toán

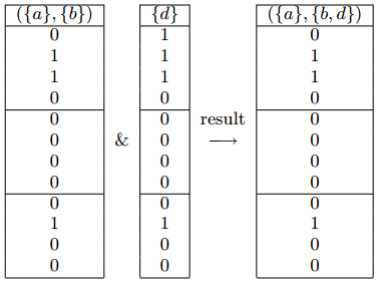
Xét chuỗi $s = \langle\{a\}\rangle$, item b. Gọi Bitmap(s) là bitmap thể hiện chuỗi s.

- **S-step:** Gọi t là chuỗi được sinh từ s và item b thông qua S-step. Khi đó, Bitmap(t) = Pbitmap(s) and Bitmap(item b). Trong đó Pbitmap(s) được xây dựng từ Bitmap(s) (ta gọi bước biến đổi này là S-step process), có số lượng bit cũng như phân đoạn tương ứng, như sau: xét một phân đoạn của Bitmap(s), gọi k là vị trí bit 1 đầu tiên của phân đoạn. Khi đó các bit từ đầu phân đoạn tới k của Pbitmap(s) được gán 0, các bit còn lại gán 1. Ta làm tương tự với các phân đoạn khác của Pbitmap(s).
- **I-step:** Gọi t là chuỗi được sinh từ s và item b thông qua I-step. Khi đó Bitmap(t) = Bitmap(s) and Bitmap(item b).

Ví dụ:



Hình 2: S-step



Hình 3: I-step

3.4 Mã nguồn

DFS-Pruning(node $n = (s_1, \ldots, s_k)$, S_n, I_n)

```
(1)   S_temp = ∅
(2)   I_temp = ∅
(3)   For each (i ∈ S_n)
(4)       if ( (s_1, ..., s_k, {i}) is frequent )
(5)           S_temp = S_temp ∪ {i}
(6)   For each (i ∈ S_temp)
(7)       DFS-Pruning((s_1, ..., s_k, {i}), S_temp,
              all elements in S_temp greater than i)
(8)   For each (i ∈ I_n)
(9)       if ((s_1, ..., s_k ∪ {i}) is frequent)
(10)          I_temp = I_temp ∪ {i}
(11)  For each (i ∈ I_temp)
(12)      DFS-Pruning((s_1, ..., s_k ∪ {i}), S_temp,
              all elements in I_temp greater than i)
```

3.5 Ví dụ

Xét lại cơ sở dữ liệu được đề cập trong bảng 2

Xét trường hợp gọi DFS với $n = \langle\{a\}\rangle,\ S_n = \{a, b, c, d\},\ I_n = \{b, c, d\}$

DFS:

1. $S_{temp} = \emptyset, I_{temp} = \emptyset$
2. Với mỗi $i \in S_n$, xét chuỗi $\langle\{a\}, \{i\}\rangle$

S-sequence	Support
$\langle\{a\}, \{a\}\rangle$	0 (không phổ biến)
$\langle\{a\}, \{b\}\rangle$	2
$\langle\{a\}, \{c\}\rangle$	2
$\langle\{a\}, \{d\}\rangle$	2

$\Rightarrow S_{temp} = \{b, c, d\}$ Gọi DFS với

(a) $n = \langle\{a\}\{b\}\rangle,\ S_n = \{b, c, d\},\ I_n = \{c, d\}$

(b) $n = \langle\{a\}\{c\}\rangle,\ S_n = \{b, c, d\},\ I_n = \{d\}$

(c) $n = \langle\{a\}\{d\}\rangle,\ S_n = \{b, c, d\},\ I_n = \emptyset$

3. Với mỗi $i \in I_n$, xét chuỗi $\langle\{a, i\}\rangle$

S-sequence	Support
$\langle\{a, b\}\rangle$	3
$\langle\{a, c\}\rangle$	1 (không phổ biến)
$\langle\{a, d\}\rangle$	1 (không phổ biến)

$\Rightarrow I_{temp} = \{b\}$

Gọi DFS với

(a) $n = \langle\{a, b\}\rangle,\ S_n = \{b, c, d\},\ I_n = \emptyset$

4 Thuật toán SPADE

4.1 Khái niệm cơ bản

Ở đây, ta thu hẹp định nghĩa sequence lại. Lúc này mỗi itemset trong sequence chỉ chứa duy nhất một item.

Gọi F_k là tập tương đương kích thước k. Các phần tử của F_k bao gồm các chuỗi có độ dài k và có chung prefix là k-1 item đầu. Bên cạnh đó, ta giữ nguyên cái khái niệm, định nghĩa về bitmap, s-step, và i-step như trong phần vừa trình bày.

4.2 Phương pháp

Trình tự thực hiện thuật toán.

1. Đầu tiên, ta sinh tập F_1 gồm các chuỗi phổ biến (giả sử F_1 có k phần tử). Gọi Enumerate(F_1).
2. Với mỗi chuỗi A_i thuộc F, ta khởi tạo T_i rỗng.
3. Sau đó với mỗi $j \geq i$, ta sinh chuỗi $r = Merge(A_i, A_j)$. Nếu r phổ biến thì $T_i = T_i \cup \{r\}$
4. Gọi Enumerate(T_i)
5. Nếu $i \leq |F|$, quay lại bước 2

Giải thích hàm $Merge(A_i, A_j)$: gọi u, v lần lượt là item cuối cùng của A_i và A_j. Giả sử u xuất hiện trong giao dịch trước giao dịch chứa v trong chuỗi dữ liệu. Khi đó, chuỗi r được sinh bằng cách thực hiện S-step trên chuỗi A_i và item v.

Bên cạnh đó, ta cũng có thể sử dụng Bitmap để tăng tốc cho thuật toán này.

4.3 Mã nguồn

```
SPADE(SDB, minsup)
1. Scan SDB to create V(SDB) and identify F_1 the list of frequent items.
2. ENUMERATE(F_1).
```

```
ENUMERATE(an equivalence class F)
1. FOR each pattern A_i ∈ F
2.     Output A_i
3.     T_i := ∅.
4.     FOR each pattern A_j ∈ F, with j ≥ i
5.         R = MergePatterns(A_i, A_j)
6.         IF sup(R) ≥ minsup THEN
7.             T_i := T_i ∪{R};
8.     ENUMERATE(T_i)
```

4.4 Ví dụ

Xét cơ sở dữ liệu:

ID	Sequence
s_1	CAAGAAGT
s_2	TGACAG
s_3	GAAGT

Tạo cơ sở dữ liệu theo chiều dọc:

A	
1	2, 4, 5
2	3, 5
3	2, 3

C	
1	1
2	4

G	
1	3, 6
2	2, 6
3	1, 4

T	
1	7
2	1
3	5

$\Rightarrow F_1 = \{A, G, T\}$, do C không phổ biến.

Enumerate(F1):

1. Xét $A_1 = A \in F$

   (a) $T_1 = \emptyset$

(b) Với mỗi $A_j \in F$, mà $j \geq i = 1$, thì $R = A_i \cup A_j$

A_j	R	support(R)
A	AA	3
G	AG	3
T	AT	2 (không phổ biến)

$\Rightarrow T_1 = \{AA, AG\}$

2. Enumerate(T_1)

3. Quay lại bước 1 cho tới khi duyệt hết tập F.

5 Ứng dụng CMAP để loại bỏ chuỗi không phổ biến

Trong phần này, ta sẽ dùng cơ sở dữ liệu sau để trình bày

SID	Chuỗi
1	$\langle\{a, b\}, \{c\}, \{f, g\}, \{g\}, \{e\}\rangle$
2	$\langle\{a, d\}, \{c\}, \{b\}, \{a, b, e, f\}\rangle$
3	$\langle\{a\}, \{b\}, \{f\}, \{e\}\rangle$
4	$\langle\{b\}, \{f, g\}\rangle$

5.1 Định nghĩa

CMAP là một cấu trúc dữ liệu ánh xạ mỗi item thành một tập các item nằm sau nó.Gồm 2 loại:

1. $CMAP_i$

2. $CMAP_s$

5.1.1 $CMAP_i$

Một item y thuộc $CMAP_i(x)$ khi và chỉ khi chuỗi $\langle\{x, y\}\rangle$ phổ biến. Ví dụ:

$CMAP_i$	
item	$CMAP_i(item)$
a	{b}
b	$\emptyset$
c	$\emptyset$
e	$\emptyset$
f	{g}
g	$\emptyset$

5.1.2 $CMAP_s$

Một item y thuộc $CMAP_s(x)$ khi và chỉ khi chuỗi $\langle\{x\},\{y\}\rangle$ phổ biến. Ví dụ:

$CMAP_i$	
item	$CMAP_i(item)$
a	{b,c,e,f}
b	{e,f,g}
c	{e,f}
e	$\emptyset$
f	{e,g}
g	$\emptyset$

5.2 Ứng dụng CMAP

Xét chuỗi $\langle s_1, s_2, \ldots, \{i_1, i_2, \ldots, i_t\}\rangle$ và item k. Ta sử dụng 2 nhận xét sau:

- Nếu $k \notin CMAP_i(i_1) \cap CMAP_i(i_2) \cap \ldots \cap CMAP_i(i_t)$, thì chuỗi $\langle s_1, s_2, \ldots, \{i_1, i_2, \ldots, i_t, k\}\rangle$ không phổ biến.
- Nếu $\exists j \in s,$ mà $k \notin CMAP_s(j)$ thì $\langle s_1, s_2, \ldots, \{i_1, i_2, \ldots, i_t\}, \{k\}\rangle$ không phổ biến.

Áp dụng nhận xét trên vào các thuật toán SPAM và SPADE, ta có thể loại bỏ chuỗi được sinh ra để nhằm giảm bớt chi phí tính toán độ hỗ trợ.
Ví dụ:

- Xét dãy $s = \langle\{a\},\{f\}\rangle$
  Ta thấy $CMAP_I(f) = \{g\}$, do đó ta có thể mở rộng chuỗi s thông qua I-step với item g.

- Xét dãy $s = \langle\{a\}, \{c\}\rangle$.
  Ta thấy $CMAP_S(a) \cap CMAP_S(c) = \{b, c, e, f\} \cap \{e, f\} = \{e, f\}$, do đó ta có thể mở rộng chuỗi s thông qua S-step với item thuộc tập $\{e, f\}$

5.3 Biểu diễn CMAP

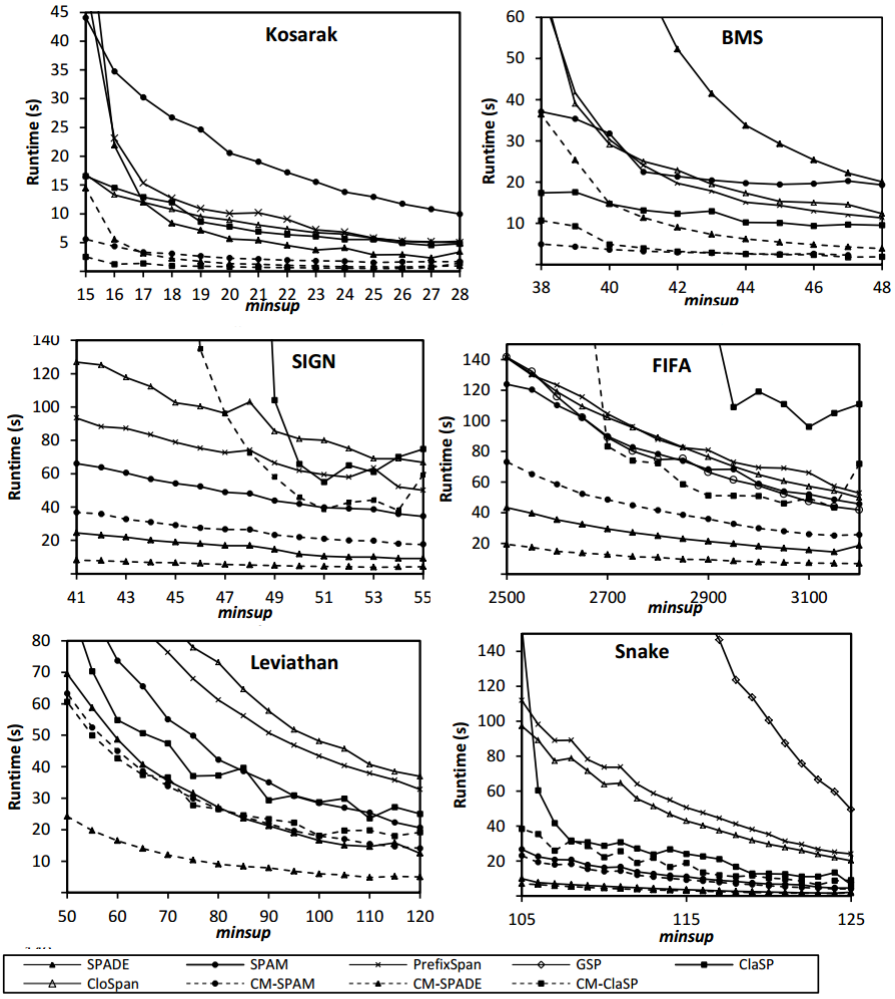
Ta có thể biểu diễn CMAP một cách dễ dàng bằng mảng 2 chiều kiểu BOOL, trong đó dòng phần tử (i,j) mang giá trị TRUE nếu item j nằm trong CMAP(i) và FALSE nếu không. Tuy vậy, trong thực tế thì ta thấy rằng kích thước CMAP khá nhỏ, do đó để tiết kiệm bộ nhớ ta thường sử dụng bảng băm để lưu trữ cặp (i,j) mang giá trị TRUE. Điều này sẽ giảm đáng kể dữ liệu được sử dụng.

6 Đánh giá thực nghiệm

Ta sử dụng các cơ sở dữ liệu sau để đánh giá.

dataset	sequence count	distinct item count	avg. seq. length (items)	type of data
Leviathan	5834	9025	33.81 (std= 18.6)	book
Sign	730	267	51.99 (std = 12.3)	language utterances
Snake	163	20	60 (std = 0.59)	protein sequences
FIFA	20450	2990	34.74 (std = 24.08)	web click stream
BMS	59601	497	2.51 (std = 4.85)	web click stream
Kosarak10k	10000	10094	8.14 (std = 22)	web click stream

Hình 4: Bảng mô tả cơ sở dữ liệu trong thực nghiệm



7 Kết luận

Thông thường, các thuật toán khai thác chuỗi phổ biến sử dụng cấu trúc dữ liệu theo chiều dọc (vertical database) thường rất hiệu quả vì chúng có thể tính toán độ hỗ trợ rất tốt do tránh phải duyệt cơ sở dữ liệu (thường rất lớn) nhiều lần. Tuy vậy, các thuật toán này cũng gặp phải khó khăn do phải duyệt các chuỗi thường không tồn tại trong cơ sở dữ liệu. Để giảm bớt điều đó, ta có thể kết hợp cấu trúc dữ liệu CMAP đã được đề cập để giảm bớt các chuỗi không cần thiết.

Tài liệu

[1] Jay Ayres, Johannes Gehrke, Tomi Yiu, and Jason Flannick. *Sequential PAttern Mining using A Bitmap Representation*

[2] Philippe Fournier-Viger, Antonio Gomariz, Manuel Campos, and Rincy Thomas. *Fast Vertical Mining of Sequential Patterns Using Co-occurrence Information*

[3] Mohammed J. Zaki, Wagner Meira Jr. . *DATA MINING AND ANALYSIS Fundamental Concepts and Algorithms,* 1^{st} edition, Cambridge University Press, New York, 2014.