

AKADEMIA GÓRNICZO-HUTNICZA IM. STANISŁAWA STASZICA W KRAKOWIE WYDZIAŁ ELEKTROTECHNIKI, AUTOMATYKI, INFORMATYKI I INŻYNIERII BIOMEDYCZNEJ

KATEDRA INFORMATYKI STOSOWANEJ

Praca dyplomowa inżynierska

Automatyczne odkrywanie procesów biznesowych przy użyciu programowania genetycznego Automated Business Process Discovery using Genetic Programming

Autor: Piotr Seemann Kierunek studiów: Informatyka

Opiekun pracy: dr inż. Krzysztof Kluza

Uprzedzony o odpowiedzialności karnej na podstawie art. 115 ust. 1 i 2 ustawy z dnia 4 lutego 1994 r. o prawie autorskim i prawach pokrewnych (t.j. Dz.U. z 2006 r. Nr 90, poz. 631 z późn. zm.): "Kto przywłaszcza sobie autorstwo albo wprowadza w błąd co do autorstwa całości lub części cudzego utworu albo artystycznego wykonania, podlega grzywnie, karze ograniczenia wolności albo pozbawienia wolności do lat 3. Tej samej karze podlega, kto rozpowszechnia bez podania nazwiska lub pseudonimu twórcy cudzy utwór w wersji oryginalnej albo w postaci opracowania, artystycznego wykonania albo publicznie zniekształca taki utwór, artystyczne wykonanie, fonogram, wideogram lub nadanie.", a także uprzedzony o odpowiedzialności dyscyplinarnej na podstawie art. 211 ust. 1 ustawy z dnia 27 lipca 2005 r. Prawo o szkolnictwie wyższym (t.j. Dz. U. z 2012 r. poz. 572, z późn. zm.): "Za naruszenie przepisów obowiązujących w uczelni oraz za czyny uchybiające godności studenta student ponosi odpowiedzialność dyscyplinarną przed komisją dyscyplinarną albo przed sądem koleżeńskim samorządu studenckiego, zwanym dalej «sądem koleżeńskim».", oświadczam, że niniejszą pracę dyplomową wykonałem(-am) osobiście i samodzielnie i że nie korzystałem(-am) ze źródeł innych niż wymienione w pracy.



Spis treści

1. Wprowadzenie				7	
	1.1.	Cele p	oracy	7	
	1.2.	2. Przegląd prac			
	1.3.	Zawai	tość pracy	7	
2.	Wst	ęp teore	etyczny	9	
	2.1.	Proces	sy biznesowe	9	
		2.1.1.	Procesy Biznesowe	9	
		2.1.2.	Dzienniki zdarzeń	9	
	2.2.	Mode	lowanie procesów biznesowych	9	
	2.3.	Algor	ytmy do wykrywania procesów biznesowych	9	
	2.4.	Ewolu	ıcja genetyczna	9	
		2.4.1.	Algorytmy genetyczne	9	
		2.4.2.	Ewolucja genetyczna a inne algorytmy uczenia maszynowego	9	
		2.4.3.	Ewolucja gramatyczna	9	
	2.5.	Gram	atyka	10	
		2.5.1.	BNF	10	
		2.5.2.	Tworzenie gramatyki pod kątem ewolucji	10	
	2.6.	Metryki		10	
		2.6.1.	Prostota	10	
		2.6.2.	Odwzorowanie	10	
		2.6.3.	Precyzja	10	
		2.6.4.	Generalizacja	10	
		2.6.5.	Złożoność	10	
3.	Proj	ekt i im	plementacja	11	
	3.1.	1. Wykorzystane technologie			
		3.1.1.	Python 3.8.1	11	
		3.1.2.	PonyGE2	11	

6 SPIS TREŚCI

5.	Pods	umowanie	29
	4.4.	Wnioski	27
	4.3.	Wyniki w zależności od przyjętych metryk	27
	4.2.	Porównanie z innymi algorytmami	27
	4.1.	Przykładowe wyniki	27
4.	Dyskusja rezultatów		27
	3.5.	Wybór parametrów algorytmu	26
	3.4.	Implementacja	15
	3.3.	Projekt systemu	14
	3.2.	Tworzenie gramatyki procesu biznesowego	11

1. Wprowadzenie

1.1. Cele pracy

Celem pracy jest

- 1.2. Przegląd prac
- 1.3. Zawartość pracy

8 1.3. Zawartość pracy

2. Wstęp teoretyczny

2.1. Procesy biznesowe

- 2.1.1. Procesy Biznesowe
- 2.1.2. Dzienniki zdarzeń
- 2.2. Modelowanie procesów biznesowych
- 2.3. Algorytmy do wykrywania procesów biznesowych
- 2.3.0.1. Alpha algorithm
- 2.3.0.2. The ILP Miner
- 2.3.0.3. Heuristic Miner
- 2.3.0.4. Multi-phase Miner

2.4. Ewolucja genetyczna

2.4.1. Algorytmy genetyczne

Pierwszy raz zaproponowane w [1]. Opierają się na ewolucji

2.4.2. Ewolucja genetyczna a inne algorytmy uczenia maszynowego

Pula rozwiązań zamiast jednego rozwiązywania. Szersze przeszukiwanie rozwiązań.

2.4.3. Ewolucja gramatyczna

Ewoluuje gramatykę za pomocą metod ewolucji genetycznej w celu znalezienia programu, który najlepiej rozwiązuje program.

10 2.5. Gramatyka

2.5. Gramatyka

2.5.1. BNF

2.5.2. Tworzenie gramatyki pod kątem ewolucji

Tworząc gramatykę pod kątem wykorzystania jej w procesie ewolucji ważne jest, żeby ilość produkcji jak najlepiej odzwierciedlała jak często chcemy uzyskać dany stan.

2.6. Metryki

[2]

2.6.1. Prostota

$$M_{pro} = 1 - \frac{ilosc\ duplikatow\ w\ modelu + ilosc\ brakujacych\ wartosci\ w\ modelu}{ilosc\ unikalnych\ zdarzen\ w\ logu + ilosc\ zdarzen\ w\ modelu}$$

2.6.2. Odwzorowanie

$$M_o = (1 - \sum_0^{ilosc\ procesow\ w\ logu} \frac{blad\ odwzorowania\ logu\ w\ modelu}{minimalna\ dugosc\ sciezki\ w\ modelu + dugosc\ sciezki\ w\ logu})^4$$

2.6.3. Precyzja

$$M_{pre} = (1 - \sum_{0}^{ilosc\; zdarzen\; w\; modelu}\; \tfrac{ilosc\; osiagalnych\; zdarzen\; w\; modelu-ilosc\; osiagalnych\; zdarzen\; w\; logu}{ilosc\; osiagalnych\; zdarzen\; w\; modelu})^{\frac{1}{3}}$$

2.6.4. Generalizacja

$$M_g = \frac{1 - \sum_0^{ilosc\ zdarzen\ w\ logu} \frac{1}{\sqrt{ilosc\ wystapien\ zdarzenia}}}{ilosc\ zdarzen\ w\ logu}$$

2.6.5. Złożoność

Promuje rozwiązywanie prostych problemów w prosty sposób $M_z=1-\frac{1}{\sqrt{1-odwzorowanie*\sqrt{zlozonosc\;modelu}}}$

3. Projekt i implementacja

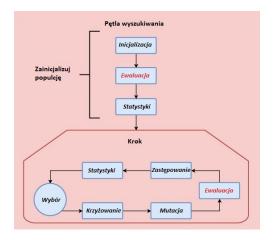
3.1. Wykorzystane technologie

3.1.1. Python 3.8.1

Do implementacji algorytmu został użyty Python. Jest to najpopularniejszy język programowania w domenie uczenia maszynowego. Wymagana jest wersja 3.8+ ze względu na użycie w implementacji metod dostępnych od tej wersji.

3.1.2. PonyGE2

PonyGE2 [3] jest implementacja ewolucji genetycznej w jezyku Python. Pozwala na latwa konfiguracje parametrow ewolucji genetycznej oraz latwa mozliwosc dodania wlasnych problemow oraz sposobow ewaluacji wynikow.



Rys. 3.1. Pętla wyszukiwania

3.2. Tworzenie gramatyki procesu biznesowego

Przy tworzeniu gramatyki procesu biznesowego ważnym jest, żeby znaleźć balans, jeśli chodzi o poziom skomplikowania zaproponowanej gramatyki. W pracy [4] autorzy przeanalizowali składniki języka BPMN pod kątem częstotliwości ich stosowania. z pracy wynika, że najczęściej stosowany elementami modelów procesu biznesowego, jeśli chodzi o bramki są: xor, and oraz pętle lop. Do przedstawionej poniżej gramatyki dodano także bramkę opt, czyli or jako uogólnienie bramki xor w celu uniknięcia zagnieżdżonych bramek xor. Ponadto koniecznym jest posiadanie bramki seq, która oznacza normalny przepływ procesów.

Zapis GE_RANGE:n jest rozszerzenie do gramatyki zapewnianym przez PonyGE2, ktore umożliwia dodanie ilosci zmiennych, czyli GE_RANGE:2 oznacza 0l1l2. Wzorując się na Zapis GE_RANGE:dataset_vars jest rozszerzenie do gramatyki zapewnianym przez PonyGE2, ktore umożliwia dodanie ilosci zmiennych odpowiadającej ich ilosci w zbiorze danych.

Listing 3.1. Gramatyka procesu biznesowego

Przykład wygenerowanej gramatyki: and({d}opt({f})and({a}{c})lop(seq(lop({a}){e})))

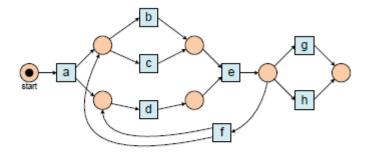
Wszystkie bramki mają nazwy tej samej długości - 3 znaki, co pozwoli na łatwiejsze parsowanie gramatyki.

longate - oznacza pętle Poniższy przykład pokazuje gramatykę, którą ciężko opisać przy pomocy podstawowych bramek logicznych:

Jest to możliwe za pomocą notacji: {a}and(xor({b}{c}){d}){e}lop({f}and(xor({b}{c}){d}){e})xor({g}{h})

Użycie powyższej notacji rodzi jednak kilka problemów, Musimy mieć produkcje

{a}lo1({f}and(xor({b}{c}){d}){e})xor({g}{h})



Rys. 3.2. Przykład problemu

3.3. Projekt systemu

3.3. Projekt systemu

3.3.0.1. Podział na moduły

Implementację podzielone na następujące moduły:

- wrappers PonyGE2 nie jest przystosowane do zaimportowania jako biblioteka, dlatego żeby oddzielić kod PonyGE2 od naszego kodu należało rozszerzyć lub nadpisać cześć z modułów PonyGE2. Moduły, które nadpisano to params, który zawiera konfigurację aplikacji oraz grammar, gdzie dodano zmiany w jaki sposób parsowana jest podana gramatyka.
- fitness_functions zawiera klasę bazowy moduł, gdzie znajduje się bazowa klasa dla obliczania metryk
- process_discovery moduł zawiera całą logikę obliczenia metryk

```
fitness_functions
    🛵 __init__.py
    🛵 process_fitness.py
process_discovery
evaluation
   > alignment_calculation
   > complexity_calculation
   > Imageneralization_calculation
   > precision_calculation
   > m simplicity_calculation
       🛵 __init__.py
      the metrics_calculation.py
> De event
  exception
> 🗖 gate
> 🖿 log
  util 🖿
   🛵 __init__.py
wrappers
    🛵 __init__.py
   💪 grammar_wrapper.py
    🛵 params_wrapper.py
 🛵 __init__.py
 🛵 main.py
```

Rys. 3.3. Podział na moduły

3.3.0.2. Model

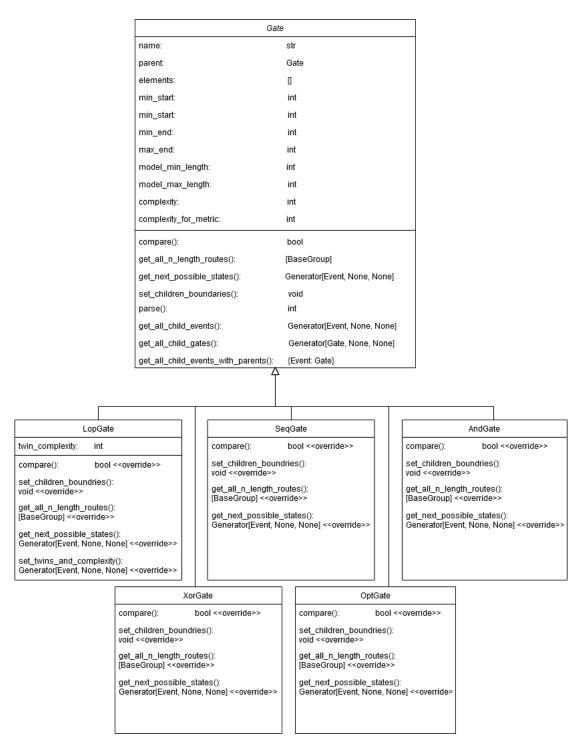
Podział na dwie klasy przydatne na różnym etapie procesowania:

Gate:

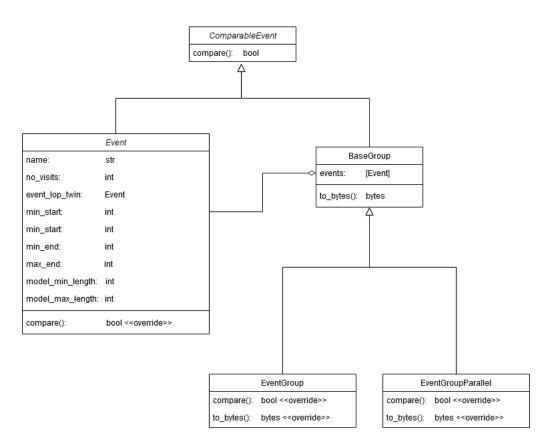
Event group:

3.4. Implementacja

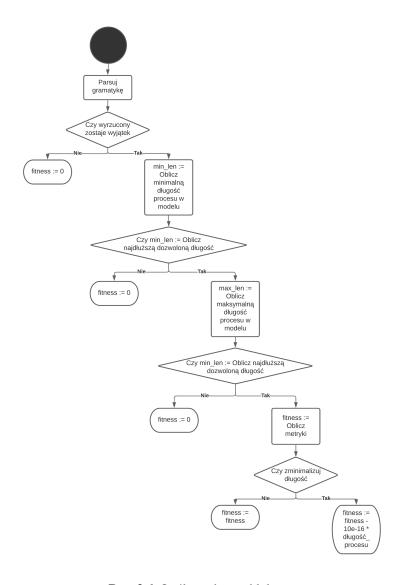
3.4.0.1. Ogólny schemat blokowy



Rys. 3.4. Gate UML



Rys. 3.5. Event UML



Rys. 3.6. Ogólny schemat blokowy

3.4.0.2. Parsowanie gramatyki

Parser pozwala na przetworzenie wyników uzyskanych na drodze ewolucji gramatycznej na postać, na której łatwiej będzie operować. Rezultaty uzyskane na drodze rewolucji gramatycznej w PonyGE2 są w formie tekstowej, z którą praca byłaby niewygodna, dlatego używamy parsera, żeby otrzymać wynik w postaci drzewa obiektów Gate, którego liśćmi będą obiekty Event. Parsując korzystamy z faktu, że przy projektowaniu gramatyki wszystkie bramki logiczne zostały oznaczone 3 literowymi symbolami, a wszystkie zdarzenia otoczone nawiasami klamrowymi. Tworząc każdy obiekt Event dodajemy informację o liczbie dzieci tego obiektu, co przyda nam się przy obliczaniu metryki precyzja.

3.4.0.3. Obliczanie metryk

Mając już sparsowany model musimy obliczyć metryki. Najbardziej problematyczną metryką do obliczenia jest dopasowanie. Obliczanie dopasowanie można opisać następującymi krokami:

```
def parsuj(wyrażenie: str) -> int:
   for i w zakresie długość_wyrażenia:
      if wyrażenie[i] == "{":
         zdarzenie := Event(wyrażenia[i + 1])
         dodaj zdarzenie do aktualnie parsowanej bramki
      elif wyrażenie[i] == ")":
         return i+1
      elif i+4 < długość_wyrażenia:
          if wyrażenie[i:i + 3] == "seq" and (self.name == "seq" or self.name == "lop"):
            usuń_niepotrzebe_bramki
          else:
             if wyrażenie[i:i+2] == 'lo' and wyrażenie[i:i+3] != 'lop':
                bramka := stwórz nową bramkę Gate typu zgodnego z wyrażeniem
                i += 3
                przeparsowane_znaki = bramka.parsuj(wyrażenie[i+4:])
                if self.name == "seq" or self.name == "lop":
                   if int(wyrażenie[i+2]) <= długpść(gate.elementy):</pre>
                      for x in gate.elementy[int(wyrażenie[i+2]):]:
                         self.dodaj_element(x)
                dodaj zdarzenie do aktualnie parsowanej bramki
                i += ilość_przeparsowanych_znaków
             else:
                bramka := stwórz nową bramkę Gate typu zgodnego z wyrażeniem
                i += 3
                przeparsowane_znaki = bramka.parsuj(wyrażenie[i+4:])
                dodaj zdarzenie do aktualnie parsowanej bramki
                i += ilość_przeparsowanych_znaków
       else:
          wyrzuć wyjątek
```

Listing 3.2. Parser gramatyki

- Znalezienie ścieżek o długości n w modelu.
- Przerobienie ścieżek na postać zawierającą BaseGroup.
- Obliczenie dopasowania.

Metryką, która nie wymaga obliczenia dopasowania jest prostota, dlatego możemy ją obliczyć wcześniej co przy niskim wyniku pozwala na wstępne odrzucenie części rezultatów bez konieczności kosztownego obliczania dopasowania. Pozostałe metryki wymagają obliczenia dopasowania i są obliczane dla najlepiej dopasowanej gramatyki. Łatwo można zauważyć, że jeżeli zdarzenie znajduję się w logu, a nie znajduje się w modelu dopasowanie nie będzie dobre. Pozwala to odrzucić rezultaty, które nie przekraczają progu.

```
def oblicz_metryki(log_info, model, najkrótsza_dozwolona_długość,
                   najdłuższa_dozwolona_długość, cache) -> int:
  metryki['PROSTOTA'] := oblicz_metryke_prostota(lista_zdarzeń_w_procesie),
      unikalne_zdarzenia_w_logu)
  if metryki['PROSTOTA'] < 2/3:</pre>
     return 0
  stosunek_wspólnych_zdarzeń_w_logu_i_modelu :=
      oblicz_stosunek_wspólnych_zdarzeń_w_logu_i_modelu()
      if stosunek_wspólnych_zdarzeń_w_logu_i_modelu <</pre>
        MINIMALNY_STOSUNUK_WSPÓLNYCH_ZDARZEŃ_W_LOGU_I_MODELU:
      return stosunek_wspólnych_zdarzeń_w_logu_i_modelu/10
  idealnie_dopasowane_logi := pusty_słownik
  skumulowany_błąd := 0
  for proces w log:
      najlepszy_bład_lokalny, najlepiej_dopasowana_ścieżka, najlepszy_process :=
     oblicz_metryki_dla_jednego_procesu(proces, model, minimalna_długość,
     maksymalna_długość, cache)
      if jakikolwiek proces w najlepiej_dopasowanej_ścieżce nie znajduje się w modelu:
         value, best_aligned_process = obilcz_dopasowanie_bez_cache(best_event_group,
            list(process), dict())
        best_local_error = calculate_alignment_metric(value, oblicz_długość(proces),
            oblicz_długość (best_event_group))
      if najlepszy_błąd_lokalny == 0:
         idealnie_dopasowane_logi.dodaj()[tuple(best_aligned_process)] =
         log_info.log[process]
      add_executions(model_events_list, best_aligned_process, log_info.log[process])
  metryki := oblicz_metryki
  najlepszy_wynik := oblicz_średnia_ważona_metryk
  return najlepszy_wynik
```

Listing 3.3. Obliczanie metryk

3.4.0.4. Obliczanie metryk dla jednego procesu

3.4.0.5. Wyszukiwanie w modelu procesów o określonej długości

Algorytm rekurencyjny. Implementacja różni się w zależności od przeszukiwanej bramki logicznej.

3.4.0.6. Obliczanie dopasowania

Pomysł zaczerpnięty z algorytmu Needlessmann-Wunsch [5], który jest uogólnieniem odległości Levenshteina. Tworzymy macierz o wymiarach długość modelu i długość logu, w której obliczać będziemy rozwiązania. Rozwinięty o możliwość przeszukiwania modelu rekurencyjnie oraz o możliwość podawania listy równoległych zdarzeń.

3.4.0.7. Znajdowanie ścieżki w modelu

Potrzebne do obliczenia precyzji oraz generalizacji.

```
def oblicz_metryki_dla_jednego_procesu(proces, model, najkrótsza_dozwolona_długość,
                                                najdłuższa_dozwolona_długość, cache):
  dłogość_procesu := oblicz_długość(proces)
  n := dłogość_procesu
  i := 1
  minimalny_błąd_dopasowania := -(dłogość_procesu + model.model_min_length)
  while not (dolny_limit_osiagniety and gorny_limit_osiagniety):
      if n >= min(oblicz_maksymalna_dozwolona_długość(dłogość_procesu),
                  dłogość_procesu - minimalny_błąd_dopasowania):
         górny_limit_osiagniety := True
         n += (-i \text{ if } i \% 2 == 1 \text{ else } i); i += 1
         continue
      if n <= max(oblicz_minimalna_dozwolona_długość(dłogość_procesu),
                  dłogość_procesu + minimalny_błąd_dopasowania):
         dolny_limit_osiagniety := True
         n += (-i if i % 2 == 1 else i); i += 1
         continue
      if najkrótsza_dozwolona_długość <= n <= najdłuższa_dozwolona_długość:
         ustaw_najwcześniejsze_i_najpóźniejsze_wystapienie_zdarzenia(model, n)
         ścieżki = model.znajdź_wszystkie_ścieżki_długości_n(n, proces)
         if ścieżki istnieją:
            for ścieżka in ścieżki:
               procent_wspólnych_zdarzeń := oblicz_procent_wspólnych_zdarzeń_
                  w_modelu_i_logu(ścieżka, proces)
               if procent_wspólnych_zdarzeń >= 1 - TOLERANCJA:
                  dodaj sćiezkę do lista_ścieżek_do_obliczenia
            posortowane_ścieżki := posortuj lista_ścieżek_do_obliczenia
            for ścieżka in posortowane_ścieżki:
               if procent_wspólnych_zdarzeń <= 1 + minimalny_błąd_dopasowania /</pre>
                  długość_procesu:
                  break
               błąd_dopasowania, najlepsze_dopasowane_zdarzenia, jest_z_cache :=
                  oblicz_najlepsze_dopasowanie_z_cache (ścieżka, proces, cache)
               if błąd_dopasowania > minimalny_błąd_dopasowania:
                  minimalny_błąd_dopasowania := błąd_dopasowania
                  najlepsze_dopasowane_zdarzenia := dopasowane_zdarzenia
                  najlepsza_ścieżka := scieżka
                  jest_najlepszy_z_cache := jest_z_cache
               if błąd_dopasowania == 0:
                  return minimalny_błąd_dopasowania, najlepsze_dopasowane_
                         zdarzenia, najlepsza_ścieżka, jest_najlepszy_z_cache
      n += (-i if i % 2 == 1 else i); i += 1
   return minimalny_błąd_dopasowania, najlepsze_dopasowane_zdarzenia,
          najlepsza_ścieżka, jest_najlepszy_z_cache
```

Listing 3.4. Obliczanie metryk dla jednego procesu

```
def znajdź_wszystkie_ścieżki_długości_n(n: int, proces) -> []:
   if n == 0:
        return []
   if self.model_max_length < n or n < self.model_min_length:</pre>
        return None
   min_lengths = self.get_children_min_length()
   max_lengths = self.get_children_max_length()
   global_list = []
    for elem in self.elements:
        local_list = []
        if isinstance(elem, Event):
            local_list.append(elem)
            min_lengths.pop(0)
            max_lengths.pop(0)
        else:
            lower_limit, upper_limit = self.get_goal_length_range(n, global_list, min_lengths,
            for i in range(lower_limit, upper_limit + 1):
                try:
                    child_all_n_length_routes = elem.get_all_n_length_routes(i, process)
                except ValueError:
                    return None
                if child_all_n_length_routes is not None:
                    local_list.append(child_all_n_length_routes)
        if local_list:
            global_list.append(local_list)
   result = []
   if global_list:
        for elem in flatten_values(global_list):
            if self.check_length(n, elem):
                if n == 1:
                    # because always 1 elem list
                    result.append(elem[0])
                else:
                    self.check_valid_for_get_n_length(elem)
                    result.append(EventGroupParallel(elem))
   if result:
        return result
    else:
        return None
```

Listing 3.5. Wyszukiwanie procesów o długości n

```
def oblicz_dopasowanie (model, log):
   blad := {'DOPASOWANIE': 0, 'BRAK_DOPASOWANIA': -2, 'PRZERWA': -1}
   m = długość (model) + 1 # Macierz rozwiązań ilość wierszy.
   n = długość(log) + 1 # Macierz rozwiązań ilość kolumn.
   najlepiej_dopasowana_ścieżka := [None] * m
   macierz_rozwiazań := Zainicjalizuj macierz zerami
   # Wypelnij osie macierzy właściwymi wartościami
   for j in range(n):
        macierz_rozwiązań[0][j] := błąd['PRZERWA'] * j
   for i in range (1, m):
        if should_go_recurrent(model[i-1]):
            macierz_rozwiązań[i], najlepiej_dopasowana_ścieżka_podmodelu[i] :=
            dopasowanie_rekurencyjne(macierz_rozwiazań[i - 1], model[i - 1],
                                     [x for x in odwrócone_substringi(log)], i)
        elif długość(model[i-1]) > 1:
            macierz_rozwiązań[i], najlepiej_dopasowana_ścieżka_podmodelu[i] :=
            dopasowanie_równoległe(macierz_rozwiazan[i - 1], model[i - 1],
                                   [x for x in odwrócone_substringi(log)], kara, i)
        else:
           macierz_rozwiazań[i][0] := macierz_rozwiązań[i-1][0] + kara['PRZERWA']
            dopasowanie (macierz_rozwiazań, model[i - 1], log, kara, i, n)
   ścieżka := znajdź_ściezkę (macierz_rozwiązań, błąd['PRZERWA'], model,
   log, najlepiej_dopasowana_ścieżka_podmodelu)
   return macierz_rozwiązań[m-1], najlepiej_dopasowana_ścieżka
```

Listing 3.6. Obliczanie dopasowania

```
def znajdź_sciezkę (macierz_rozwiązań, model, log, rozwiązania_podmodeli):
   sciezka = []
   while i != 0:
       długość_grupy_zdarzeń = długość(model[i - 1])
        if model_results_local[i] is not None:
            znaleziono_dopasowanie := False
            if macierz_rozwiązań[i][j] == macierz_rozwiązań[i - 1][j] + długość_grupy zdarzeń *
                [model_result.append(None) for _ in range(długość_grupy_zdarzeń)]
                macierz_rozwiązań[i][j] := 0
                i -= 1
            else:
                for k in range(j):
                    zdarzenia := get_not_none(model_results_local[i][k]
                    [długość(model_results_local[i][k]) - (j-k)], log)
                    if macierz_rozwiązań[i][j] == macierz_rozwiązań[i - 1][k] +
                        (długość_grupy_zdarzeń + (j-k) - 2 * długość(processes)) * bład['PRZERW
                        [model_result.append(x) for x in processes]
                        for x in processes:
                            log = log.replace(x.name, "", 1)
                        [model_result.append(None)
                         for _ in range(długość_grupy_zdarzeń - len(processes))]
                        macierz_rozwiązań[i][j] = 0
                        i -= 1; j = k
                        znaleziono_dopasowanie = True
                        break
                if not znaleziono_dopasowanie:
                    if macierz_rozwiązań[i][j] == macierz_rozwiązań[i][j - 1] + błąd['PRZERWA']
                        macierz_rozwiązań[i][j] = 0
                        j -= 1
       else:
            if macierz_rozwiązań[i][j] == macierz_rozwiązań[i - 1][j] + kara:
                model_result.append(None)
                macierz_rozwiązań[i][j] := 0
                i -= 1
            elif macierz_rozwiązań[i][j] == macierz_rozwiązań[i][j - 1] + kara:
                macierz_rozwiązań[i][j] := 0
                j -= 1
            elif macierz_rozwiazań[i][j] == macierz_rozwiazań[i - 1][j - 1]:
                model_result.append(model[i-1])
                log = log.replace(model[i-1].name, "", 1)
                macierz_rozwiązań[i][j] := 0
                i -= 1; j -= 1
   return sciezka
```

Listing 3.7. Znajdowanie ścieżki w modelu

3.4.0.8. Cache

Wiele obliczeń się powtarza, dlatego żeby przyspieszyć działanie rezultaty są cachowane w dwóch miejscach: Cache genotypów, dostarczane przez Cache obliczeń dopasowanie, które jest najbardziej kosztownym obliczeniem. Wybrane metodę cachowania LRU.

3.5. Wybór parametrów algorytmu

Wybór parametrów algorytmu ma ogromny wpływ na jakość i szybkość znalezienia rozwiązania. Jest kilka zasad, którymi należy się kierować przy tym wyborze właśnie.

```
TrueCODON_SIZE
                                                                                                                        100000CORES
                                                                                                                                                                                  4CROSSOVER
subtreeCROSSOVER_{P}ROBABILITY
                                                                                                                      0.75DEBUG
                                                                                                                                                                           FalseELITE_SIZE
30GENERATIONS: 100000MAX_GENOME_LENGTH:
                                                                                                                                                                     500GRAMMAR_FILE
process - subtree.bnfINITIALISATION
                                                                                                                    :
                                                                                                                                      PI_{a}rowINVALID_{S}ELECTION
FalseLOOKUP_FITNESS: TrueMAX_INIT_TREE_DEPTH: 13MAX_TREE_DEPTH:
21MULTICORE
                                                                      TrueMULTI_OBJECTIVE
                                                                                                                                                                      False MUTATION
                                                                                                                                                     :
subtree MUTATION_E VENTS: 1POPULATION_S IZE: 500 FITNESS_F UNCTION: 1 Subtree MUTATION_E VENTS : 1POPULATION_S IZE: 500 FITNESS_F UNCTION: 1 Subtree MUTATION_E VENTS : 1POPULATION_E VENTS : 1POPULATION_E VENTS : 1 Subtree MUTATION_E VENTS : 1 Sub
process_fitnessREPLACEMENT
                                                                                                                             generational SAVE_{S}TATE_{S}TEP
                                                                                                    :
10SELECTION
                                                                   tournamentTOURNAMENT_SIZE
                                                                                                                                                                      :
                                                                                                                                                                                    16VERBOSE
TrueMAX_WRAPS
                                                                   3ALIGNMENT_CACHE_SIZE :
                                                                                                                                                                  32 * 1024DATASET
                                                      processes.csvMAX_ALLOWED_COMPLEXITY_FACTOR
discovered
300MINIMIZE_SOLUTION_LENGTH : TrueRESULT_TOLERANCE_PERCENT
5TIMEOUT
                                                       5WEIGHT_{A}LIGNMENT
                                                                                                                                                 8WEIGHT_{C}OMPLEXITY
                                                                                                                                     :
2WEIGHT_GENERALIZATION: 2WEIGHT_PRECISION: 2WEIGHT_SIMPLICITY:
2
```

4. Dyskusja rezultatów

- 4.1. Przykładowe wyniki
- 4.2. Porównanie z innymi algorytmami
- 4.3. Wyniki w zależności od przyjętych metryk
- 4.4. Wnioski

28 4.4. Wnioski

5. Podsumowanie

Bibliografia

- [1] John R. Koza. *Genetic Programming: On the Programming of Computers by Means of Natural Selection*. Cambridge, MA, USA: MIT Press, 1992. ISBN: 0262111705.
- [2] J. C. A. M. Buijs, B. F. van Dongen i W. M. P. van der Aalst. "Quality Dimensions in Process Discovery: The Importance of Fitness, Precision, Generalization and Simplicity". W: *International Journal of Cooperative Information Systems* 23.01 (2014), s. 1440001. DOI: 10.1142/S0218843014400012.
- [3] Michael Fenton i in. "PonyGE2". W: Proceedings of the Genetic and Evolutionary Computation Conference Companion (2017). DOI: 10.1145/3067695.3082469.
- [4] Michael zur Muehlen i Jan Recker. "How Much Language Is Enough? Theoretical and Practical Use of the Business Process Modeling Notation". W: *Advanced Information Systems Engineering*. Red. Zohra Bellahsène i Michel Léonard. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2008, s. 465–479. ISBN: 978-3-540-69534-9.
- [5] Saul B. Needleman i Christian D. Wunsch. "A general method applicable to the search for similarities in the amino acid sequence of two proteins". English (US). W: *Journal of Molecular Biology* 48.3 (mar. 1970), s. 443–453. ISSN: 0022-2836. DOI: 10.1016/0022-2836(70)90057-4.