Πανεπιστήμιο Κρήτης, Τμήμα Επιστήμης Υπολογιστών
ΗΥ463 – Συστήματα Ανάκτησης Πληροφοριών
2016-2017 Ανοιξιάτικο Εξάμηνο
Υπεύθυνοι: Όλοι οι βοηθοί (Συντονιστής: Γιώργος Καντηλιεράκης)

Εργασία Μαθήματος (project)
Άτομα ανά ομάδα: 2
Αξία: 25% του τελικού σας βαθμού

Φάση Α: 16 Μαρτίου – 24 Απριλίου (60%)
Φάση Β: 25 Απριλίου – 15 Μαΐου (40%)
Bonus: 10% επί του βαθμού σε όποιον παραδώσει τουλάχιστον 2 μέρες πριν την προθεσμία (ισχύει και για τις δύο φάσεις)

Ανάκτηση βιοϊατρικών άρθρων

Σκοπός αυτής της εργασίας είναι να κατανοήσετε κάποιες βασικές έννοιες και τεχνικές, φτιάχνοντας εξ' αρχής ένα δικό σας Σύστημα Ανάκτησης Πληροφοριών (ΣΑΠ) - στα αγγλικά Information Retrieval System - από μία **συλλογή βιοϊατρικών άρθρων**. Στην δεύτερη φάση της εργασίας θα πρέπει να αξιολογήσετε την αποτελεσματικότητα του συστήματός σας.

Εξέταση: *Κατά τη διάρκεια της προφορικής εξέτασης θα ζητηθεί να γίνουν αλλαγές στο σύστημα από αμφότερα τα μέλη της κάθε ομάδας τα οποία θα πρέπει να είναι σε θέση να τις κάνουν. Για το σκοπό αυτό η αναφορά της κάθε φάσης πρέπει να αναφέρει συγκεκριμένα τι έκανε το κάθε μέλος μιας ομάδας.*

ΦΑΣΗ Α (60 μονάδες)

Για να φτιάξετε το ζητούμενο σύστημα ανάκτησης βιοϊατρικών άρθρων μπορείτε να ακολουθήσετε τα εξής βήματα:

Διαδικασία Ευρετηρίασης (Β1-Β6)

Β1) **(2)** Γράψτε ένα πρόγραμμα σε Java το οποίο να διαβάζει τα περιεχόμενα των ετικετών ενός XML αρχείου (που στην ουσία αντιπροσωπεύει ένα βιοϊατρικό άρθρο) σε UTF-8 κωδικοποίηση (ώστε να υπάρχει υποστήριξη πολυγλωσσικότητας) και να τυπώνει το πλήθος των διαφορετικών λέξεων, και την κάθε διαφορετική λέξη συνοδευόμενη από τις ετικέτες στις οποίες εντοπίστηκε και το πλήθος εμφανίσεών της στην κάθε ετικέτα[1] (πληροφορίες για τη συλλογή, τα XML αρχεία και τις ετικέτες που μας ενδιαφέρουν θα βρείτε στο **Παράρτημα Α**). Το πρόγραμμα σας θα πρέπει να αγνοεί τις λέξεις αποκλεισμού (περιλαμβάνονται στα αρχεία **stopwordsEn.txt** και **stopwordsGr.txt**, για αγγλικά και ελληνικά αντίστοιχα) και τα σημεία στίξης που πιθανόν να εμφανίζονται. Βοηθητικός κώδικας σε Java για ανάγνωση των ετικετών που μας ενδιαφέρουν από ένα βιοϊατρικό άρθρο, καθώς και για τον διαχωρισμό ενός αλφαριθμητικού σε λέξεις, υπάρχει στο **Παράρτημα Β**. Δοκιμάστε την υλοποίησή σας σε ένα αρχείο της συλλογή "**Medical Collection**".

Β2) **(3)** Επεκτείνετε το σύστημα ώστε να μπορεί να διαβάσει όχι μόνο ένα, αλλά πολλά αρχεία (π.χ. όσα βρίσκονται σε ένα συγκεκριμένο φάκελο του λειτουργικού συστήματος). Το σύστημα πρέπει τώρα για κάθε διαφορετική λέξη να τυπώνει τα αρχεία στα οποία εμφανίζεται καθώς και (όπως στο Β1) τη συχνότητα εμφάνισής της σε κάθε ετικέτα του εκάστοτε αρχείου. Για πρόσβαση σε όλα τα αρχεία ενός φακέλου (συμπεριλαμβανομένων των αρχείων σε υποφακέλους αναδρομικά) δείτε το **Παράρτημα Γ.** Δοκιμάστε την υλοποίησή σας στη συλλογή "**Medical Collection**".

Β3) **(3)** Στη συνέχεια θα πρέπει να υποστηρίξετε τη διαδικασία του *stemming* των λέξεων που διαβάζετε στα Β1 και Β2, δηλαδή να βρείτε τις ρίζες των λέξεων (π.χ. 'ending' -> 'end'). Για να το επιτύχετε αυτό θα πρέπει να χρησιμοποιήσετε το

[1] Μπορείτε να δείτε (ή να θυμηθείτε) τα παραδείγματα που υπάρχουν στο
http://www.csd.uoc.gr/~hy252/Lectures07/pdf/CS252CollectionClassesInterfaces07.pdf

Stemmer.jar, μια βιβλιοθήκη που προσφέρει stemming σε ελληνικές και αγγλικές λέξεις και φτιάχτηκε στα πλαίσια εργασιών παλαιότερων ετών για τη μηχανή *mitos*. Δείτε το **Παράρτημα Δ** για το πώς θα τη χρησιμοποιήσετε. Ενδεικτικά μπορείτε να τρέξετε και τη γραφική διεπαφή του Stemmer με "java –jar Stemmer.jar".

B4) (5) Επεκτείνετε το σύστημα ώστε να δημιουργεί ένα φάκελο **CollectionIndex** στον οποίο να δημιουργεί ένα αρχείο με όνομα **VocabularyFile.txt** που θα καταγράφει όλες τις διαφορετικές λέξεις σε αύξουσα (λεξικογραφική) σειρά. Δίπλα σε κάθε λέξη να καταγράφεται το πλήθος των εγγράφων στα οποία εμφανίζεται (document frequency, df).

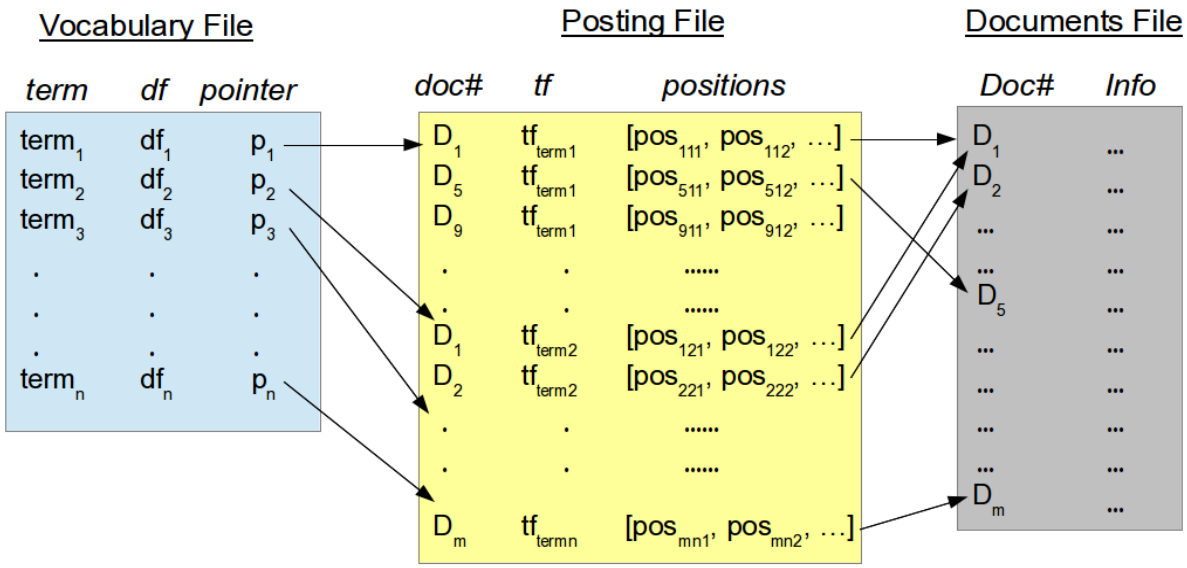
B5) (7) Επεκτείνετε το σύστημα ώστε να δημιουργεί ένα ακόμη αρχείο με όνομα **DocumentsFile.txt** στον φάκελο **CollectionIndex** που θα καταγράφει για κάθε αρχείο της συλλογής μία τριάδα αποτελούμενη από ένα μοναδικό αριθμητικό αναγνωριστικό, το πλήρες μονοπάτι του αρχείου, και το μήκος του διανύσματος (νόρμα) του εγγράφου όπως έχουμε αναφέρει στις αντίστοιχες διαλέξεις (ώστε να επιταχυνθεί αργότερα η διαδικασία της αποτίμησης επερωτήσεων). Οι εγγραφές αυτές να είναι καταγεγραμμένες σε αύξουσα σειρά ως προς το αναγνωριστικό του εγγράφου.

B6) (10) Επεκτείνετε το σύστημα ώστε να μπορεί να κρατά πληροφορία σχετική με τα έγγραφα στα οποία εμφανίζεται η κάθε λέξη. Μπορείτε να ακολουθήσετε μία από τις δύο επιλογές που περιγράφονται παρακάτω:

1. Δημιουργείστε ένα αρχείο για κάθε λέξη (που εμφανίζεται στο **VocabularyFile.txt**) και για κάθε έγγραφο στο οποίο εμφανίζεται η λέξη να έχετε μία εγγραφή που θα περιέχει:
   a. το **αναγνωριστικό** του εγγράφου στο οποίο εμφανίζεται η λέξη,
   b. το **tf** της λέξης στο αντίστοιχο έγγραφο,
   c. τις **θέσεις εμφάνισης** της λέξης στο έγγραφο,
   d. ένα **δείκτη** προς τις αντίστοιχες πληροφορίες του συγκεκριμένου εγγράφου στο **DocumentsFile.txt**.

   Τα αρχεία αυτά θα δημιουργούνται στο φάκελο **CollectionIndex/InvertedLists**.

2. Δημιουργείστε ένα μόνο αρχείο (ας το πούμε **PostingFile.txt**) που θα περιέχει τις παραπάνω πληροφορίες για όλες τις λέξεις. Στην περίπτωση αυτή, θα χρειαστεί να καταγράφετε για κάθε λέξη $\mathbf{t_i}$ στο αρχείο **VocabularyFile.txt** άλλον έναν αριθμό ο οποίος θα περιγράφει τη θέση στο αρχείο **PostingFile.txt** από την οποία αρχίζουν τα στοιχεία που αφορούν τη λέξη $\mathbf{t_i}$ (πεδίο **pointer** στο Vocabulary File στην Εικόνα 1). Για ευκολία, θεωρούμε ότι τα postings όλων των όρων μπορούν να κρατηθούν στην μνήμη πριν αυτά γραφούν στο Posting File στο τέλος της ευρετηρίασης (άρα δεν χρειάζεται να εφαρμόσετε partial indexing and merging όπως έχετε διδαχθεί στο μάθημα).



Εικόνα 1. *Το ανεστραμμένο ευρετήριο*

Συνίσταται η επιλογή (2), η οποία απαιτεί τη δημιουργία ενός μοναδικού PostingFile καθώς και η χρήση *random access files*[2] με σκοπό την αποφυγή σειριακής σάρωσης του αρχείου (δείτε **Παράρτημα Ε**) .

Να σημειωθεί ότι οι παραπάνω πληροφορίες είναι οι **ελάχιστες** που πρέπει να αποθηκεύσουμε για τη δημιουργία του InvertedFile. Είστε ελεύθεροι να κάνετε όποιες προσθήκες κρίνετε χρήσιμες/αναγκαίες τόσο για την **επιτάχυνση** του συστήματος σας, όσο και για την **καλύτερη απόδοσή** του στο συγκεκριμένο πρόβλημα *ανάκτησης βιοιατρικών άρθρων*. Για παράδειγμα, μπορείτε να δώσετε μεγαλύτερη βαρύτητα στις λέξεις του τίτλου ή της σύνοψης. Αυτό συνεπάγεται ότι μπορείτε να **επινοήσετε έναν διαφορετικό τρόπο υπολογισμού του TF** ο οποίος να λαμβάνει υπόψη τις ετικέτες. Θα μπορούσατε επίσης στο Posting File να αποθηκεύετε για κάθε όρο όχι μόνο τις θέσεις του **αλλά και την αντίστοιχη ετικέτα στην οποία βρέθηκε** για την περίπτωση που θέλετε να μπορείτε να αλλάζεται δυναμικά (στη φάση της αξιολόγησης) τον τρόπο υπολογισμού του TF χωρίς να επανασαρώσετε τα έγγραφα. Βέβαια μια τέτοια επιλογή απαιτεί περισσότερο αποθηκευτικό χώρο.

Το σύστημα σας πρέπει να τρέχει από command line (π.χ. "java -jar indexer.jar") και η γραφική διεπαφή είναι προαιρετική, αλλά θα ληφθεί υπόψη στην τελική βαθμολόγηση της εργασίας. Ο χρόνος εκτέλεσης για τη διαδικασία της ευρετηρίασης της συλλογής κειμένων που θα σας δοθεί πρέπει να είναι ο ταχύτερος δυνατός (θα ληφθεί και αυτό υπόψη στη βαθμολόγηση).

*Αποτίμηση επερωτήσεων (***Β*7-* Β*10)***

Β7) (5) Γράψτε ένα νέο πρόγραμμα σε Java το οποίο θα χρησιμοποιεί το ανεστραμμένο ευρετήριο που κατασκευάσατε για την αποτίμηση επερωτήσεων. Με αυτόν τον τρόπο θα επιβεβαιώσετε ότι έχετε κατασκευάσει σωστά το ευρετήριο σας. Προς το παρόν δεν ενδιαφερόμαστε για την κατάταξη των εγγράφων (βάσει κάποιου συγκεκριμένου μοντέλου ανάκτησης), απλώς θέλουμε να ανακτούμε τα έγγραφα στα οποία εμφανίζεται **μία λέξη** που δίνει ο χρήστης ως επερώτηση.

Πριν αρχίσετε την αποτίμηση επερωτήσεων, βεβαιωθείτε ότι το σύστημα ευρετηριασμού (που έχετε φτιάξει στα **Β1-Β6**) έχει δημιουργήσει τα απαραίτητα αρχεία στο φάκελο CollectionIndex. Το σύστημα αποτίμησης επερωτήσεων πρέπει αρχικά να **φορτώνει το λεξιλόγιο** (Vocabulary File) **στη μνήμη**. Τα postings όμως κάθε όρου (τα αρχεία στον φάκελο Collection/InvertedIndex ή εάν έχετε μόνο ένα αρχείο το Posting File) καθώς και πληροφορίες σχετικά με τα έγγραφα της συλλογής (Documents File) θεωρούμε ότι έχουν μεγάλο μέγεθος και **δεν πρέπει να κρατηθούν στην μνήμη**, γι' αυτό και παραμένουν στα αντίστοιχα αρχεία στον δίσκο (άρα δεν πρέπει να φορτωθούν στην κύρια μνήμη).

Β8) (10) Επεκτείνετε το σύστημα που φτιάξατε έτσι ώστε να διαβάζει μία ή περισσότερες λέξεις από την κονσόλα (δηλαδή μια επερώτηση σε φυσική γλώσσα) και να τυπώνει την απάντηση ως προς το **διανυσματικό μοντέλο** (vector space model)[3]. Βασικό κομμάτι του συγκεκριμένου βήματος είναι και ο Επεξεργαστής Επερωτήσεων, ο οποίος θα αφαιρεί τα *stopwords*, τα σημεία στίξης και θα κάνει το *stemming* της επερώτησης (γενικά ό,τι έχετε κάνει και στη δημιουργία του ευρετηρίου).

Β9) (15) Σας δίνεται μια συλλογή από 30 **ιατρικά θέματα** (αρχείο **topics.xml**). Κάθε ιατρικό θέμα αναπαριστά τα πρακτικά μιας επίσκεψης ασθενή σε γιατρό και περιέχει πληροφορίες όπως το ιστορικό του ασθενή, τα συμπτώματά του, τυχόν εξετάσεις που έκανε, κτλ. Τα θέματα έχουν επισημανθεί σύμφωνα με τους 3 πιο συνηθισμένους **τύπους** κλινικών ερωτήσεων:

- **Διάγνωση** – Ποια είναι η διάγνωση του ασθενή;
- **Εξέταση** – Τι εξετάσεις πρέπει να κάνει ο ασθενής;
- **Θεραπεία** – Ποια αγωγή πρέπει να ακολουθήσει ο ασθενής;

Παραδείγματος χάριν, για ένα θέμα «Διάγνωση», το σύστημά σας πρέπει να ανακτήσει άρθρα που θα φανούν χρήσιμα στον γιατρό για να διαγνώσει την αρρώστια του ασθενή. Αντίστοιχα, για ένα θέμα τύπου «Εξέταση», το σύστημά σας

[2] http://www.csd.uoc.gr/~hy252/html/Lectures2012/assist2012/CS252FilesStreams12.pdf
http://docs.oracle.com/javase/6/docs/api/java/io/RandomAccessFile.html
http://www.dailyfreecode.com/code/reads-writes-random-access-file-1204.aspx

[3] Μπορείτε αρχικά να χρησιμοποιήσετε μία μικρή συλλογή κειμένων, ώστε να σιγουρέψετε ότι τα μοντέλα σας έχουν υλοποιηθεί σωστά.

πρέπει να ανακτήσει σχετικά άρθρα που προτείνουν εξετάσεις για την διάγνωση του ασθενή. Τέλος, για ένα θέμα τύπου «Θεραπεία», το σύστημά σας πρέπει να ανακτήσει άρθρα που προτείνουν στον γιατρό τη καλύτερη θεραπεία που πρέπει να ακολουθήσει ο ασθενής.
Για κάθε θέμα, δίνεται μια ***περιγραφή*** και μια (μικρότερη) ***σύνοψη***. Για την δημιουργία της αντίστοιχης επερώτησης μπορείτε να χρησιμοποιήσετε είτε τη περιγραφή, είτε τη σύνοψη, όμως **όχι** και τα 2 μαζί ταυτόχρονα (αυτός ήταν κανόνας του διαγωνισμού TREC[4] το 2015 άρα μπορεί να είναι και σε αυτόν του 2016). Επίσης, μπορείτε να **επεξεργαστείτε** τα θέματα όπως εσείς νομίζετε (ώστε να αποδίδει καλύτερα το σύστημά σας), **είτε με αυτόματο τρόπο είτε με παρέμβαση χρήστη**. Σε κάθε περίπτωση **πρέπει να αναφέρετε** αν ο κάθε τρόπος που προτείνετε χρειάζεται παρέμβαση χρήστη ή είναι πλήρως αυτόματος.

Σας ζητείται να **επεκτείνεται το πρόγραμμά σας** (το διανυσματικό μοντέλο, τον επεξεργαστή επερωτήσεων, κτλ.) ώστε να ζητάει από τον χρήστη να δώσει τα στοιχεία ενός ιατρικού θέματος (τον **τύπο** του και την **περιγραφή ή τη σύνοψη** του) και να ανακτά **σχετικά άρθρα**. Για κάθε στοιχείο της απάντησης πρέπει να επιστρέφεται το **μονοπάτι του αρχείου** (path) και ο **βαθμός ομοιότητας** (score) που υπολόγισε το σύστημα σας. Στην αναφορά σας, εκτός των άλλων, πρέπει **να αναφέρετε** τις αλλαγές που κάνατε στο σύστημά σας καθώς και τον λόγο που τις κάνατε.

Δοκιμάστε την αποτελεσματικότητα του συστήματός σας χρησιμοποιώντας τα συνολικά 30 ιατρικά θέματα του αρχείου **topics.xml** (10 από κάθε τύπο κλινικής ερώτησης). Κώδικας για την ανάγνωση τους δίνεται στο **Παράρτημα ΣΤ.** Συγκεκριμένα, **επεκτείνετε το πρόγραμμά σας** έτσι ώστε να μπορεί να διαβάζει το αρχείο των θεμάτων, και για κάθε θέμα να αποθηκεύει τα 1000 κορυφαία αποτελέσματα (όπως αυτά επιστρέφονται από το σύστημά σας) σε ένα αρχείο με όνομα «**results.txt**», στη μορφή:

```
TOPIC_NO Q0 PMCID RANK SCORE RUN_NAME
```

όπου **TOPIC_NO** είναι ο αριθμός του ιατρικού θέματος, **Q0** μια σταθερά (βάλτε τον αριθμό 0), **PMCID** είναι το PMC ID του εγγράφου που ανακτήθηκε, **RANK** είναι η κατάταξη (αριθμός από 1 έως 1000) του εγγράφου που ανακτήθηκε (το έγγραφο με RANK 1 είναι αυτό με τον υψηλότερο βαθμό ομοιότητας, κ.ο.κ), **SCORE** είναι ο βαθμός ομοιότητας που έδωσε το σύστημά σας στο συγκεκριμένο έγγραφο, και **RUN_NAME** είναι ένα αναγνωριστικό για το σύστημά σας (αυτό είναι χρήσιμο σε περίπτωση που θέλετε να δοκιμάσετε διαφορετικές παραμετροποιήσεις του συστήματός σας). Το αρχείο πρέπει να είναι **ταξινομημένο** ως προς το **RANK** (δηλαδή στην πρώτη γραμμή θα είναι το έγγραφο με RANK 1, στην δεύτερη το έγγραφο με RANK 2, κ.ο.κ.).

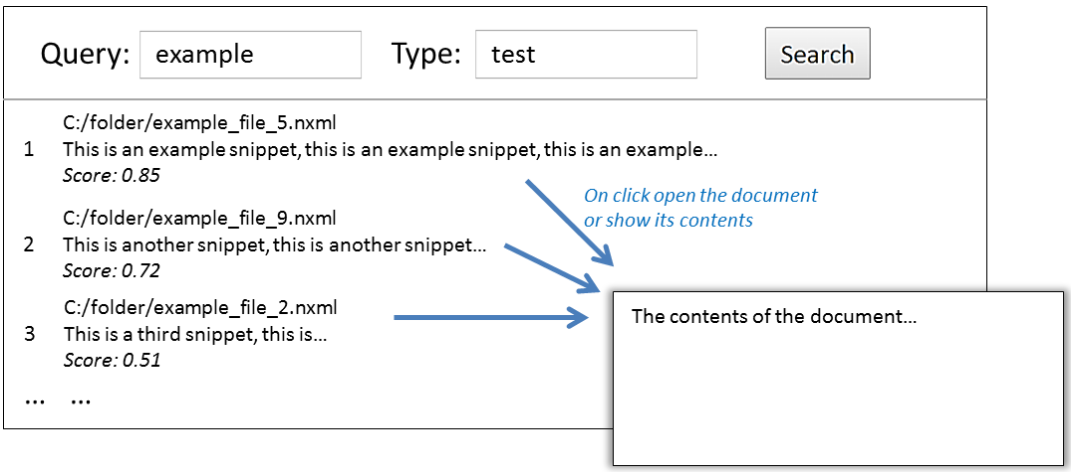
Το πρόγραμμά σας πρέπει να τρέχει από command line (π.χ. "**java -jar queryevaluator.jar**").

Β10) <u>BONUS</u> 10 ΜΟΝΑΔΩΝ (5 μονάδες η επιστροφή snippet + 5 μονάδες η γραφική διεπαφή)
Επεκτείνετε το σύστημά σας ώστε για κάθε στοιχείο της απάντησης να επιστρέφεται και ένα απόσπασμα του άρθρου (snippet) που να περιέχει μία ή περισσότερες λέξεις της επερώτησης. Το snippet μπορείτε να το διαμορφώσετε όπως εσείς νομίζετε, πχ. μπορείτε να χρησιμοποιήσετε κάποια έτοιμη υλοποίηση ενός string matching/searching algorithm. Επίσης, δημιουργήστε μια υποτυπώδη γραφική διεπαφή (ένα παράδειγμα δίνεται στην Εικόνα 2).

➔ **<u>ΠΑΡΑΔΟΤΕΑ</u>**: Ένα αρχείο <<AM1-AM2>>.zip το οποίο θα ανεβάσετε στο moodle το οποίο πρέπει να περιέχει:

- /doc/report.{doc|pdf}: Μια γραπτή αναφορά σχετικά με το τι κάνατε και τι όχι (αναφέρετε και το χρόνο ευρετηρίασης και το χρόνο απόκρισης)
- /doc/**results.txt:** Το αρχείο «results.txt» όπως παράγεται από το πρόγραμμά σας
- /src: Με τον κώδικά σας **(ΠΡΟΣΟΧΗ: Να περιέχει τα <u>.java</u> αρχεία, <u>όχι τα .class</u>, ή ιδανικά ολόκληρο το Netbeans ή Eclipse project)**
- /dist: Με τα αρχεία .jar τα οποία πρέπει να επαρκούν για την εκτέλεση του ευρετηριαστή και του αποτιμητή επερωτήσεων. Είναι σημαντικό για την τελική βαθμολόγηση της εργασίας σας η ομαλή και εύκολη εκτέλεσή της.

[4] http://trec.nist.gov/pubs/call2016.html, http://trec-cds.appspot.com/



Εικόνα 2: *Παράδειγμα γραφικής διεπαφής*

ΦΑΣΗ Β (40 μονάδες)

Στη συγκεκριμένη φάση καλείστε να αξιολογήσετε την **αποτελεσματικότητα** του συστήματός σας.

Για κάθε ιατρικό θέμα στο αρχείο **topics.xml**, σας δίνεται:

- ένα σύνολο εγγράφων της συλλογής που είναι πολύ σχετικά για την απάντηση του αντίστοιχου θέματος
- ένα σύνολο εγγράφων της συλλογής που είναι σχετικά για την απάντηση του αντίστοιχου θέματος
- ένα σύνολο εγγράφων της συλλογής που δεν είναι σχετικά για την απάντηση του αντίστοιχου θέματος

Οι παραπάνω πληροφορίες δίνονται στο TSV (Tab-Separated Values) αρχείο **qrels.txt**. Κάθε γραμμή αυτού του αρχείου περιέχει 4 στοιχεία:

1. *topic number:* αριθμός από 1 έως 30 που αναπαριστά το αντίστοιχο ιατρικό θέμα του αρχείου **topics.xml**)
2. *αριθμός 0* (δεν χρησιμοποιείται)
3. *document PMCID*: αναγνωριστικό PMC βιοϊατρικού άρθρου από τη συλλογή **Medical Collection**
4. *relevance score*: η σχετικότητα του βιοϊατρικού άρθρου για την απάντηση του ιατρικού θέματος (0 = μη σχετικό, 1 = σχετικό, 2 = πολύ σχετικό)

Για παράδειγμα, η γραμμή «**1 0 1033658 0**» σημαίνει ότι το έγγραφο της συλλογής με PMCID "1033658 " δεν είναι σχετικό για το ιατρικό θέμα με αριθμό 1.

Για πολλά από τα έγγραφα τις συλλογής δεν γνωρίζουμε αν είναι σχετικά ή όχι για την απάντηση ενός ή περισσοτέρων θεμάτων. Γι' αυτό τον λόγο πρέπει να χρησιμοποιήσετε κάποιες μετρικές αξιολόγησης ιδανικά σχεδιασμένες για τέτοιες περιπτώσεις. Οι μετρικές που πρέπει να χρησιμοποιήσετε είναι οι παρακάτω:

- bpref [1]
- AveP' [2]
- NDCG' [2]

Για να καταλάβετε και να υλοποιήσετε αυτές τις μετρικές πρέπει να διαβάσετε τα παρακάτω 2 άρθρα:

- [1] Chris Buckley and Ellen M. Voorhees, *"Retrieval evaluation with incomplete information.",* Proceedings of the 27th annual international ACM SIGIR conference on Research and development in information retrieval. ACM, 2004.
- [2] Tetsuya Sakai, *"Alternatives to bpref.",* Proceedings of the 30th annual international ACM SIGIR conference on Research and development in information retrieval. ACM, 2007.

Χρησιμοποιώντας τις παραπάνω μετρικές, θα αξιολογήσετε την αποτελεσματικότητα του συστήματός σας.
Δημιουργήστε ένα πρόγραμμα που θα αυτοματοποιεί τον υπολογισμό των παραπάνω μέτρων. Αρχικά, το πρόγραμμά σας πρέπει να διαβάζει α) το αρχείο με τα αποτελέσματα σας **(results.txt)**, και β) το αρχείο με τα μερικά αποτελέσματα

συνάφειας (**qrels.txt**). Έπειτα θα υπολογίζει τις τιμές των παραπάνω μετρικών **για κάθε ιατρικό θέμα**, και θα τις αποθηκεύει σε ένα TSV αρχείο με όνομα «**eval_results.txt**»στην μορφή:

`TOPIC_NO BPREF_VALUE AVEP_VALUE NDCG_VALUE`

Δείτε τα αποτελέσματα και κάντε ό,τι παραλλαγή νομίζετε στο σύστημά σας (π.χ. στη βάρυνση του ευρετηρίου, στον επεξεργαστή επερωτήσεων, στη συνάρτηση υπολογισμού του βαθμού συνάφειας, κλπ.) **ώστε να μεγιστοποιήσετε την αποτελεσματικότητα του συστήματός σας και να αυξήσετε την πιθανότητα να βγείτε νικητές!**

Συντάξτε σχετική αναφορά που να περιγράφει τις καλύτερες επιδόσεις του συστήματος σας και τι κάνατε για να τις επιτύχετε. Επίσης, στην αναφορά πρέπει να αναλύετε τα αποτελέσματα της πειραματικής αξιολόγησης (με ποια ιατρικά θέματα το σύστημά σας τα πήγε καλά, με ποια όχι, που μπορεί να οφείλετε η επιτυχία/αποτυχία, κτλ.). Επιπλέον θα πρέπει να δοθούν σχετικά στατιστικά στοιχεία, π.χ. median/average values, min, max, κ.ο.κ. Για την κατασκευή των γραφημάτων μπορείτε να χρησιμοποιήσετε τις δυνατότητες του excel.

Το καλύτερο σύστημα θα είναι αυτό με τις περισσότερες «νίκες» σε ένα **νέο** σύνολο ιατρικών θεμάτων (για ένα ιατρικό θέμα, το σύστημα που κερδίζει είναι αυτό με το **υψηλότερο άθροισμα** των τιμών των τριών μετρικών, ενώ σε περίπτωση ισοπαλίας, θα υπολογίζονται οι δεύτερες θέσεις, κ.ο.κ.)

➔ **ΠΑΡΑΔΟΤΕΑ**: Ένα αρχείο <<AM1-AM2>>.zip το οποίο να περιέχει

- /doc/report.{doc|pdf}: Η γραπτή αναφορά στην οποία πρέπει να περιγράψατε τι ακριβώς κάνατε και τα αποτελέσματα της πειραματικής αξιολόγησης (χρησιμοποιείστε το πρότυπο που σας έχει δοθεί - HY463_Report_Template_2017).
- /doc/**eval_results.txt**: Το αρχείο **eval_results.txt** όπως παράγεται από το πρόγραμμά σας.
- /src: Με τον κώδικά σας **(ΠΡΟΣΟΧΗ: Να περιέχει τα .java αρχεία, όχι τα .class, ή ιδανικά ολόκληρο το Netbeans ή Eclipse project)**
- /dist: Με τα αρχεία .jar τα οποίο πρέπει να επαρκούν για την εκτέλεση του προγράμματός σας. Είναι σημαντικό για την τελική βαθμολόγηση της εργασίας σας η ομαλή και εύκολη εκτέλεσή της.

Καλή εργασία!

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑΤΑ

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Α – Η ΣΥΛΛΟΓΗ

Η συλλογή που θα χρησιμοποιήσετε περιέχει άρθρα σχετικά με την βιοϊατρική τα οποία έχουν εξαχθεί από τη ψηφιακή βάση δεδομένων «PubMed Central» (PMC). Κάθε άρθρο της συλλογής αναπαριστάται ως ένα NXML αρχείο (XML αρχείο κωδικοποιημένο με χρήση της βιβλιοθήκης «NLM Journal Archiving and Interchange Tag Library» και αναγνωρίζεται μοναδικά από τον αριθμό PMCID (το όνομα κάθε αρχείου είναι στην ουσία ο αριθμός PMCID του αντίστοιχου άρθρου).

Κάθε NXML αρχείο περιλαμβάνει πολλές ετικέτες όπως: αναγνωριστικά του άρθρου, αναγνωριστικό περιοδικού, τίτλος περιοδικού, εκδότης περιοδικού, τίτλος άρθρου, περίληψη άρθρου, συγγραφείς, κυρίως σώμα άρθρου, ημερομηνία δημοσίευσης, αναφορές, και πολλά άλλα.

Στα πλαίσια αυτής της εργασίας μας ενδιαφέρουν οι παρακάτω 8 ετικέτες:

- *Αναγνωριστικό PMCID*
- *Τίτλος άρθρου*
- *Συγγραφείς του άρθρου*
- *Περίληψη άρθρου*
- *Κυρίως σώμα άρθρου*

- *Κατηγορίες άρθρου*
- *Περιοδικό που δημοσιεύτηκε*
- *Εκδότης περιοδικού*

Στο Παράρτημα Β θα βρείτε κώδικα για την ανάγνωση των παραπάνω ετικετών. Φυσικά, αν το επιθυμείτε, είστε ελεύθεροι να χρησιμοποιήσετε όποιες άλλες ετικέτες θέλετε.

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Β – ΑΝΑΓΝΩΣΗ ΒΙΟΪΑΤΡΙΚΩΝ ΑΡΘΡΩΝ | ΔΙΑΧΩΡΙΣΜΟΣ ΑΛΦΑΡΙΘΜΗΤΙΚΟΥ ΣΕ ΛΕΞΕΙΣ

Για την ανάγνωση ενός βιοϊατρικού άρθρου μπορείτε να χρησιμοποιήσετε την βιβλιοθήκη «**BioReader.jar**». Αφού προσθέσετε την βιβλιοθήκη στο πρόγραμμά σας, με τον παρακάτω κώδικα μπορείτε να διαβάσετε τις ετικέτες ενός άρθρου:

```
import gr.uoc.csd.hy463.NXMLFileReader;
import java.io.File;
import java.io.IOException;
import java.io.UnsupportedEncodingException;
import java.util.ArrayList;
import java.util.HashSet;

public class MYEXAMPLE {

    public static void main(String[] args) throws UnsupportedEncodingException, IOException {

        File example = new File("C:\\dataset\\clinic\\3536594.nxml");

        NXMLFileReader xmlFile = new NXMLFileReader(example);
        String pmcid = xmlFile.getPMCID();
        String title = xmlFile.getTitle();
        String abstr = xmlFile.getAbstr();
        String body = xmlFile.getBody();
        String journal = xmlFile.getJournal();
        String publisher = xmlFile.getPublisher();
        ArrayList<String> authors = xmlFile.getAuthors();
        HashSet<String> categories =xmlFile.getCategories();

        System.out.println("- PMC ID: " + pmcid);
        System.out.println("- Title: " + title);
        System.out.println("- Abstract: " + abstr);
        System.out.println("- Body: " + body);
        System.out.println("- Journal: " + journal);
        System.out.println("- Publisher: " + publisher);
        System.out.println("- Authors: " + authors);
        System.out.println("- Categories: " + categories);

    }
}
```

Το παρακάτω κομμάτι κώδικα εκτυπώνει όλες τις λέξεις ενός αλφαριθμητικού:

```
String delimiter = "\t\n\r\f ";

String line = "hello, my name is Pavlos, how are you?";
StringTokenizer tokenizer = new StringTokenizer(line, delimiter);
while(tokenizer.hasMoreTokens() ) {
       String currentToken = tokenizer.nextToken();
       System.out.println(currentToken);
}
```

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Γ – ΠΡΟΣΒΑΣΗ ΣΤΑ ΑΡΧΕΙΑ ΕΝΟΣ ΦΑΚΕΛΟΥ

Ενδεικτική πρόσβαση σε όλα τα αρχεία ενός φακέλου (συμπεριλαμβανομένων των αρχείων σε υποφακέλους αναδρομικά):

```
import java.io.File;

public class ReadAllFiles {

    public static void main(String[] args) {
        File folder = new File("C:\\dataset\\ clinic\\");
        listFilesForFolder(folder);

    }

    public static void listFilesForFolder(File folder) {
        for (File fileEntry : folder.listFiles()) {
            if (fileEntry.isDirectory()) {
                listFilesForFolder(fileEntry);
            } else {
                System.out.println(fileEntry.getAbsolutePath());
            }
        }
    }
}
```

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Δ – STEMMING

Ενδεικτική χρήση του `Stemmer` της μηχανής αναζήτησης mitos.

```
import mitos.stemmer.Stemmer;

public class TestStemmer {

       public static void main(String[] args){
              Stemmer.Initialize();
              System.out.println(Stemmer.Stem("ending"));
              System.out.println(Stemmer.Stem("συγχωνευμένος"));

       }
}
```

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ Ε – RANDOM ACCESS FILE

Ενδεικτική ανάγνωση και εγγραφή σε random access αρχείο:

```
import java.io.*;

public class  WRFile
{
    public static void main(String[] args)
    {
         RandomAccessFile file = null;
         try {
             file = new RandomAccessFile("rand.txt","rw");

             //Writing to the file
             file.writeChar('A');
             file.writeChar('B');
             file.writeChar('C');
```

```
            file.writeChar('D');

            file.seek(0);     // get first item
            System.out.println(file.readChar());

            file.seek(4);  //get third item (char size  = 2 byte, 2*2)
            System.out.println(file.readChar());


            file.close();
           } catch(Exception e) {}
       }
}
```

ΠΑΡΑΡΤΗΜΑ ΣΤ – ΑΝΑΓΝΩΣΗ ΙΑΤΡΙΚΩΝ ΑΝΑΦΟΡΩΝ ΑΠΟ ΑΡΧΕΙΟ

Για την ανάγνωση ενός του αρχείου με τις ιατρικές αναφορές μπορείτε να χρησιμοποιήσετε την βιβλιοθήκη «**BioReader.jar**». Αφού προσθέσετε την βιβλιοθήκη στο πρόγραμμά σας, με τον παρακάτω κώδικα μπορείτε να διαβάσετε τις όλες τις ιατρικές αναφορές:

```
import gr.uoc.csd.hy463.Topic;
import gr.uoc.csd.hy463.TopicsReader;
import java.util.ArrayList;

public class MYEXAMPLE {

    public static void main(String[] args) throws Exception {

        ArrayList<Topic> topics = TopicsReader.readTopics("C:\\dataset\\ topics.xml");
        for (Topic topic : topics) {
            System.out.println(topic.getNumber());
            System.out.println(topic.getType());
            System.out.println(topic.getSummary());
            System.out.println(topic.getDescription());
            System.out.println("---------");
        }

    }
}
```