SERVIÇO DE PÓS-GRADUAÇÃO DO ICMC-USP

Data de Depósito: 18.04.2005

Assinatura:

Desenvolvimento de algoritmos genéticos para consultas por similaridade em domínios métricos ¹

Renato Bueno

Orientador: Prof. Dr. Caetano Traina Júnior

Dissertação apresentada ao Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação - ICMC-USP, como parte dos requisitos para obtenção do título de Mestre em Ciências de Computação e Matemática Computacional.

USP – São Carlos
Abril/2005

¹ Este trabalho foi desenvolvido com o apoio financeiro da FAPESP (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo), proc. nº: 02/11771-3

Aluno: Renato Bueno

A Comissão Julgadora:

Prof. Dr. Caetano Traina Junior

Prof. Dr. André Carlos Ponce de Leon Ferreira de Carvalho

Profa. Dra. Karin Becker

Aos meus pais Milton e Elizabete.
À minha namorada Márcia.

Agradecimentos

A Deus, por tudo.

À minha família e minha namorada, por sempre estarem ao meu lado.

Ao meu orientador Prof. Dr. Caetano Traina Júnior, pelo apoio, confiança e amizade.

À Profa. Dra. Agma J. Machado Traina, à Profa. Dra. Josiane M. Bueno e a todos os membros do GBDI, pelo incentivo e apoio oferecidos nestes anos de trabalho.

A todos os professores e funcionários do ICMC, sempre dispostos a ajudar.

Aos meus amigos e a todos aqueles que de alguma forma contribuíram para a realização deste trabalho.

À FAPESP, pelo apoio financeiro.

Sumário

Lista de Figuras	v
Lista de Tabelas	vii
Lista de Abreviaturas	viii
Lista de Símbolos	x
Resumo	xi
Abstract	xii
1 Introdução	1
1.1 Motivação	2
1.2 Objetivos	3
1.3 Organização do Trabalho	4
2 Consultas por similaridade	5
2.1 Considerações Iniciais	5
2.2 Domínios Métricos	6
2.3 Seleção por similaridade	7
2.3.1 Consulta por abrangência	7
2.3.2 Consulta aos vizinhos mais próximos	8
2.3.3 Variações	9
2.4 Junção por similaridade	9
2.5 Considerações Finais	9
3 Estruturas de Indexação	11
3.1 Considerações Iniciais	11
3.2 Estruturas de Indexação	11
3.3 <i>Slim-tree</i>	14
3.3.1 Organização da <i>Slim-tree</i>	14
3.3.2 Construção de uma <i>Slim-tree</i>	15
3.3.3 Consultas por similaridade na <i>Slim-tree</i>	17
3.4 Considerações Finais	18

4	Busca Inexata	20
4.1	Considerações Iniciais	20
4.2	Domínios com Relação de Ordem Total	20
4.3	Domínios Complexos	21
4.4	Considerações Finais	24
5	Algoritmos Genéticos	25
5.1	Considerações Iniciais	25
5.2	Algoritmos Genéticos	25
5.3	Operadores Genéticos	26
5.3.1	Seleção	26
5.3.2	Cruzamento	27
5.3.3	Mutação	28
5.3.4	Elitismo	28
5.4	Convergência dos Algoritmos Genéticos	29
5.5	Considerações Finais	29
6	Algoritmos Genéticos para Consultas Aproximadas por Similaridade	30
6.1	Considerações Iniciais	30
6.2	O Algoritmo Genético	31
6.3	Estrutura de controle	33
6.4	Função Objetivo	33
6.5	Tratamento de indivíduos ineficazes	35
6.5.1	Correção dos caminhos que podem ser podados	36
6.5.2	Função objetivo com aplicação de penalidades	36
6.6	Algoritmos desenvolvidos	37
6.7	Modificações para redução de acessos a disco	39
6.7.1	Método 1: Organização da População	41
6.7.2	Método 2: <i>Caches</i> por nível	41
6.7.3	Método 3: Esgotamento da página lida	41
6.8	Estratégia Elitista	42
6.9	Considerações Finais	43
7	Experimentos Realizados	44
7.1	Materiais e métodos	44
7.2	Resultados e discussão	46
7.2.1	Avaliação dos Algoritmos Iniciais	47
7.2.2	Avaliação dos Algoritmos definitivos	50
7.3	Considerações Finais	55
8	Conclusões	56
8.1	Trabalhos futuros	57

Referências Bibliográficas

58

Lista de Figuras

2.1	Áreas de cobertura de algumas funções de distância da família das normas L_p .	7
2.2	Consulta por abrangência.	8
2.3	Consulta pelos vizinhos mais próximos	8
3.1	Representação gráfica da estrutura lógica de <i>index-nodes</i> e <i>leaf-nodes</i> da <i>Slim-tree</i> . [Traina et al., 2002a]	15
3.2	Exemplo de indexação de sete palavras a função de distância <i>LEdit</i> .	15
3.3	Representação de uma <i>Slim-tree</i> em (a) e sua estrutura lógica em (b).	16
3.4	Descarte de objetos com o uso da desigualdade triangular.	18
5.1	Representação gráfica da roleta relativa a Tabela 5.1.	27
5.2	Cruzamento de 1 ponto.	28
6.1	Representação Cromossômica.	31
6.2	Algoritmo genético para Consultas por similaridade.	32
6.3	a)Cromossomo infactível; b)cromossomo corrigido	35
6.4	Algoritmo genético para Consultas por similaridade com aplicação da estratégia elitista.	42
7.1	Visualização da distribuição dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos.	46
7.2	Conjunto Histograma256 e conjunto Random128: Alternativas para qualificação de um nó da árvore.	47
7.3	<i>Precisão vs. Cálculos de distâncias, Precisão vs. Acessos a disco e Precisão vs. Tempo de execução</i> , conjunto Random50.	49
7.4	<i>Precisão vs. Cálculos de distâncias, Precisão vs. Acessos a disco e Precisão vs. Tempo de execução</i> , conjunto Palavras em Inglês.	49
7.5	Conjunto Histograma256, aplicação da estratégia elitista. a)Algoritmos de reparação; b) Função com penalidades	50
7.6	<i>Precisão vs. Tempo de Execução</i> , conjunto Random128, comparando as precisões das respostas obtidas pelos algoritmos, variando o número de gerações do algoritmo genético.	51
7.7	<i>Precisão vs. Porcentagem de cálculos de distâncias da consulta exata, Precisão vs. Porcentagem de acessos a disco da consulta exata e Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata</i> , conjunto Palavras em Inglês.	51

7.8	<i>Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata, conjunto Cluster128.</i>	52
7.9	<i>Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata, conjunto MRTHistogramas.</i>	53
7.10	<i>Média de cálculos de distância vs. % de dados recuperados pela consulta k-NN e Tempo de execução vs. % de dados recuperados pela consulta k-NN, conjunto Palavras em Inglês, comparando o algoritmo de k-NNQ exato com os algoritmos para consultas aproximadas sem limite de tempo para execução</i>	54
7.11	<i>Média de cálculos de distância vs. % de dados recuperados pela consulta k-NN, conjunto Random128, comparando o algoritmo de k-NNQ exato com os algoritmos para consultas aproximadas sem limitar o tempo de execução</i>	54

Lista de Tabelas

5.1	Exemplo da técnica da roleta em uma população de 6 indivíduos.	27
7.1	Descrição dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos.	45
7.2	Identificação dos algoritmos segundo o método utilizado para redução de acessos a disco e o tipo de tratamento dado aos indivíduos inactivos.	48

Lista de Abreviaturas

<i>CSP</i>	<i>Constraint Satisfaction Problem</i> - Problema de satisfação de restrições.
<i>DBM-tree</i>	<i>Density-Based Metric tree.</i>
<i>DF-tree</i>	<i>Distance Fields tree.</i>
<i>ERQ</i>	<i>External Range Query</i> - Consulta por exclusão.
<i>GBDI-ICMC-USP</i>	Grupo de Bases de Dados e Imagens, Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação, Universidade de São Paulo.
<i>GH-tree</i>	<i>Generalized Hyperplane Decomposition tree.</i>
<i>GNAT</i>	<i>Geometric Near-neighbor Access Tree..</i>
<i>k-FNQ</i>	<i>k-Farthest Neighbor Queries</i> - Consulta aos <i>k</i> -vizinhos mais distantes.
<i>k-NNJ</i>	<i>k-Nearest Neighbors Join</i> - Junção por vizinhança.
<i>k-CNJ</i>	<i>k-Closest Neighbors Join</i> - Junção por proximidade.
<i>k-NNQ</i>	<i>k-Nearest Neighbors Query</i> - Consulta aos <i>k</i> -vizinhos mais próximos.
<i>k-RFNQ</i>	<i>k-Reverse Farthest Neighbor Queries</i> - Consulta aos <i>k</i> -vizinhos mais distantes reversos.
<i>k-RNNQ</i>	<i>k-Reverse Nearest Neighbors Query</i> - Consulta aos <i>k</i> -vizinhos mais próximos reversos.
<i>LRU</i>	<i>(Least Recently Used</i> - Menos recentemente usadas.
<i>MAEs</i>	Métodos de Acesso Espacial.
<i>MAMs</i>	Métodos de Acesso Métrico.
<i>MST</i>	<i>Minimal Spanning Tree</i> - Árvore de caminho mínimo.
<i>OLAP</i>	<i>On-Line Analytical Processing</i> - processamento analítico de informação on-line.
<i>PAC-NN</i>	<i>Probably Approximately Correct Nearest Neighbor</i>
<i>PQ</i>	<i>Point Query</i> - Consulta pontual.
<i>P-Sphere tree</i>	<i>Probabilistic sphere tree.</i>
<i>RJ</i>	<i>Range Join</i> - Junção por abrangência.
<i>RQ</i>	<i>Range Query</i> - Consulta por abrangência.
<i>SGBD</i>	Sistema de Gerenciamento de Bases de Dados.
<i>SQL</i>	<i>Structured Query Language.</i>
<i>VP-tree</i>	<i>Vantage Point tree.</i>

Lista de Símbolos

$\mathcal{M}$	Domínio métrico definido como $\mathcal{M} = (\mathcal{D}, d())$.
$\mathcal{D}$	Conjunto de todos os elementos que atendam às propriedades do domínio.
S	Subconjunto de dados onde as consultas são feitas. $S \subseteq \mathcal{D}$
s_i	Elemento de S .
$d(s_i, s_j)$	Função de distância métrica ou função de dissimilaridade.
s_q	Objeto de referência, objeto de busca ou objeto central da consulta.
s_{rep}	Objeto representativo de um nó.
r_q	Raio de uma consulta por abrangência.
$RQ(s_q, r_q)$	Predicado de uma consulta por abrangência.
$k\text{-}NN(s_q, k)$	Predicado de uma consulta aos k -vizinhos mais próximos.
k	Número de vizinhos mais próximos a serem recuperados por uma consulta $k\text{-}NN(s_q, k)$.
L_{Edit}	Função de distância métrica <i>Levenshtein</i> .
L_p	Função de distância métrica <i>Minkowski</i> .
$\#Ent_i$	Número de objetos contidos na subárvore apontada pela entrada i de um nó.
Ptr_i	Ponteiro para o nó raiz da subárvore apontada pela entrada i de um nó.
OID_i	Identificador do objeto s_i .
Pop	População de um algoritmo genético.
$f()$	Função objetivo do algoritmo genético.

Resumo

O custo do acesso exato a dados complexos tende a ser muito alto, do ponto de vista da carga de processamento computacional. Além disso, a operação de busca em dados multimídia não é efetuada realmente sobre os dados originais, mas sobre características extraídas desses dados, as quais os descrevem. Por exemplo, na busca por imagens similares utilizando-se histogramas de cor, realizando uma consulta exata, o que se obtém são as imagens cujos histogramas são exatamente os mais similares aos da imagem referenciada na consulta, mas isso não implica necessariamente que se obtenha as imagens que atendam exatamente a consulta efetuada, pois as imagens recuperadas podem ser muito diferentes quanto a forma, por exemplo. Portanto, em muitas aplicações que acessam dados complexos, a recuperação exata deixa de um requisito fundamental, podendo a exatidão das respostas ser trocada por um melhor desempenho.

Neste trabalho foram desenvolvidos algoritmos para recuperação aproximada do conjunto-resposta de consultas por similaridade em domínios métricos utilizando algoritmos genéticos.

Neste trabalho, com a utilização de algoritmos genéticos, foram desenvolvidas técnicas de recuperação aproximada de dados em domínio métrico, cujo refinamento das respostas obtidas é dependente do tempo de processamento disponível, definido pelo usuário.

Os algoritmos desenvolvidos foram implementados utilizando a *Slim-tree*, mas outros métodos de acesso podem ser estendidos para utilizá-los também. Os algoritmos contemplam consultas por abrangência e vizinhos mais próximos, além de algumas variações.

Os algoritmos desenvolvidos foram testados e validados com conjuntos de dados sintéticos e reais, e mostraram-se capazes de obter respostas aproximadas com boa precisão utilizando apenas uma fração do tempo exigido pela consulta exata.

Os resultados obtidos nos experimentos mostram que é possível obter respostas com precisão superior a 90% utilizando apenas metade do tempo da consulta exata com o algoritmo convencional, e até 65% de precisão com apenas um quinto do tempo da consulta exata.

Abstract

T search process on complex domains for exact answer to a similarity query is an expensive process considering computational resources, such as memory and processing time requirements. However, when comparing multimedia data, the comparison operations usually consider some properties of each datum element, so exact queries involving this data return results that are exact regarding the properties compared, but not necessarily exact regarding the multimedia data itself. For example, searching for similar images regarding their colors return images whose color histogram are the most similar, but the retrieved images can be very different regarding for example the form of the objects pictured. Therefore, for applications dealing with complex data types, trading exact answering with query time response can be a worth exchange.

In this work we developed techniques based on genetic algorithms to allow retrieving approximate data indexed in a Metric Access Methods (MAMs) within a limited, user-defined, amount of time.

For evaluation purposes, the algorithms were developed regarding the *Slim-tree*, but the approximate query techniques developed in this work can be straightforwardly implemented on other MAMs. The algorithms can be used to perform nearest neighbor queries, range queries and some other variations.

Synthetic and real world datasets were used to evaluate the approximate algorithms, achieving good results in a fraction of the time required to obtain the exact answer. The experimental results show that, allowing the algorithm to run during 50% of the exact query time, the precision of the approximate results is about 90%, and precision of 65% can be obtained consuming just 20% of the same exact query time.

Introdução

Os sistemas gerenciadores de bases de dados (SGBDs) foram desenvolvidos desde o início com o objetivo de facilitar e agilizar a recuperação exata de dados em grandes arquivos de dados. A recuperação exata é um requisito das aplicações que os SGBDs originalmente deveriam suportar, as quais incluem por exemplo informações sobre empregados das empresas para elaboração de folha de pagamento, controle de estoque para indústrias e estabelecimentos comerciais, controle de correntistas e contas em bancos, censos populacionais, etc. Com o passar do tempo, outras aplicações foram sendo incluídas no rol daquelas que os gerenciadores deveriam suportar, como por exemplo armazenagem de dados coletados por instrumentos científicos, dados de projetos de engenharia e de software, culminando atualmente no esforço para armazenar e recuperar adequadamente dados muito mais complexos que os atributos numéricos ou textuais tratados no início, tais como imagens, vídeos, áudio, mapas geográficos, estruturas genéticas, etc., para aplicações que vão desde sistemas de apoio a decisão, a prontuários eletrônicos de pacientes em ambientes hospitalares, passando por sistemas de mineração de dados e automação de processos dos mais diversos.

Dentro desse rol de aplicações muito mais abrangente às quais os SGBDs atualmente devem atender, o requisito de recuperação exata, originalmente omni-presente, em muitas aplicações deixa de ser necessário. Em aplicações tais como sistemas de apoio à decisão, devido a sua natureza geralmente exploratória, a resposta exata pode não ser necessária, sendo que o usuário pode preferir uma resposta aproximada mais rápida [Chakrabarti et al., 2001]. Na realidade praticamente todo acesso feito a dados complexos deixa de ter a recuperação exata como um requisito fundamental, uma vez que numa comparação custo/benefício, a “exatidão até a última casa” pode, de bom grado, ser trocada por um melhor desempenho [Podgorelec et al., 1999]. Essa troca já vem ocorrendo em ambientes de suporte à decisão, principalmente naqueles apoiados em técnicas de *data warehousing* e processamento analítico de informação *on-line* (OLAP), por exemplo através da utilização de técnicas de amostragem (*sampling*) do banco de dados [Lee et al., 1998] [Palmer & Faloutsos, 2000]. Nessas aplicações faz muito sentido ter uma idéia aproximada de valores estatísticos sobre grande volumes de dados com tempos de resposta significativamente menores [Kollios et al., 2001].

Neste trabalho, o principal objetivo foi flexibilizar o requisito de acesso exato a dados

multimídia, mais particularmente no acesso a imagens, utilizando algoritmos genéticos para obtenção de conjuntos de respostas aproximados.

1.1 Motivação

Recentemente, cada vez mais pesquisas vêm sendo realizadas sobre consultas por similaridade aproximadas, devido à vários fatores. O custo do acesso exato a dados multimídia tende a ser muito grande, do ponto de vista da carga de processamento computacional. Além disso, as operações de busca em dados multimídia não são efetuadas realmente sobre os dados originais, mas sobre características extraídas desses dados, as quais os descrevem [Faloutsos, 1996] [Smeulders et al., 2000]. Essa situação decorre da maneira como a tecnologia atual vem sendo desenvolvida para prover suporte à recuperação de dados multimídia nos SGBDs. Consideremos sem perda de generalidade o suporte à armazenagem e recuperação de imagens. O que se faz é extrair alguns conjuntos de características das imagens a serem armazenadas, como por exemplo seus histogramas de cores, transformações baseadas em *wavelets*, etc. [Vailaya et al., 2001] [Zimec, 2001] [Albuz et al., 2001] [Stehling et al., 2000] [Marques et al., 2000], e utilizar essas características para serem indexadas por estruturas de indexação espaciais ou métricas [Petrakis & Faloutsos, 1997] [Petrakis et al., 2002]. A seguir, quando alguma consulta deve ser executada sobre os dados indexados, as imagens de referência indicadas na consulta têm suas características extraídas, as quais são a seguir utilizadas para realizar-se a busca, exata, nas imagens indexadas. O ponto a ser ressaltado aqui é que, embora a busca seja exata, o que se obtém são as imagens cujas características extraídas atendem exatamente às características das imagens referenciadas na consulta, o que não necessariamente significa que se obtém as imagens que atendem exatamente à consulta - existe um processo de transformação intermediário correspondente a extração das características, sobre o qual não se pode garantir exatidão. Note-se que a representação de uma imagem por um conjunto de características corresponde a um processo de redução de dimensionalidade, o qual necessariamente implica em perda de detalhes, e portanto leva à introdução de um fator de erro em qualquer processo que utilize o conjunto de características no lugar da imagem em si. Outro fator importante é o fato de a própria definição de como comparar duas imagens, na busca das mais semelhantes, é um fator subjetivo [Tversky, 1977].

Por exemplo, considere-se a consulta “selecione as 10 imagens mais semelhantes à esta imagem x dada”. Admitindo que exista uma estrutura indexando os histogramas da coleção de imagens a ser pesquisada, o histograma da imagem x é extraído e usado na busca. Com isso obtêm-se as 10 imagens cujos histogramas são exatamente os 10 mais semelhantes ao histograma da imagem x . Isso não significa que o usuário, numa inspeção visual sobre o conjunto de imagens, não considere que outras imagens cujos histogramas são menos semelhantes aos da imagem dada possam ser escolhas melhores. Além disso, dois usuários poderiam até escolher diferentes conjuntos como os que contêm imagens que parecem ser as mais semelhantes para cada um.

Dados complexos, como dados multimídia, geralmente não possuem uma relação de ordem

total, sendo representados como dados em domínio métrico, que como as estruturas de indexação desenvolvidas para dados nesses domínios, dispõem apenas dos objetos de dados e de uma função de distância (ou dissimilaridade) entre eles. Assim, as consultas realizadas sobre esses dados assumem quase sempre apenas duas formas: consultas por vizinhança (*nearest neighbors queries*) e consultas por abrangência (*range queries*). Em ambas as consultas é dado um objeto de referência s_q . Uma função de distância (métrica) deve atender às propriedades de não-negatividade, simetria e desigualdade triangular. Essa última propriedade permite realizar as operações de “poda” nas estruturas de indexação, diminuindo a quantidade de comparações necessárias à resposta de uma consulta. Por exemplo, em estruturas baseadas em árvores, uma subárvore somente é percorrida se seus objetos de controle (representativos) e o objeto central da consulta atenderem à propriedade de desigualdade triangular da maneira determinada pelo algoritmo de busca de cada estrutura em particular [Traina et al., 2002b]. Mas ao contrário das estruturas construídas para operar em domínios que apresentem a propriedade de ordem total entre seus elementos, as estruturas métricas (bem como as espaciais), na maioria das vezes, não podem evitar a ocorrência de sobreposições entre nós das subárvores, o que faz com que muitos nós devam ser pesquisados numa busca determinística por respostas exatas.

Dentro desse contexto, o trabalho de mestrado estudou maneiras de agilizar a busca de dados por similaridade indexados em estruturas métricas, desenvolvendo técnicas de busca não exatas que aproximam as respostas dentro de algum parâmetro de controle, como por exemplo o tempo de processamento permitido. Em particular, foram exploradas técnicas de busca baseadas em algoritmos genéticos, limitadas pelo tempo de execução da consulta fornecido pelo usuário.

1.2 Objetivos

Este trabalho tem por objetivo desenvolver métodos para executar operações de busca por similaridade que aceitem respostas aproximadas, empregando algoritmos genéticos. A grosso modo, pode-se descrever o conceito básico de tais métodos como centrado em um algoritmo que opera da seguinte maneira. Considerando-se que uma estrutura de indexação métrica (em árvore) tenha sido construída, inicializa-se o conjunto-resposta (a população do algoritmo genético) com caminhos que levem desde a raiz até objetos que atendam à propriedade de desigualdade triangular da maneira determinada pelo algoritmo de busca da respectiva estrutura de indexação, sem se preocupar que esses objetos sejam a resposta exata da consulta. A seguir, através dos processos de evolução, busca-se caminhos melhores, levando à obtenção de objetos que respondem melhor à consulta. O processo é deixado para evoluir até que seja atingido um tempo pré-determinado para se obter a resposta. Os algoritmos genéticos visam, nesse caso, otimizar os caminhos encontrados, e não diretamente o conjunto resposta da consulta. Portanto, foram utilizados algoritmos genéticos para desenvolver métodos de busca para acelerar a execução de operações de seleção por similaridade que aceitem respostas aproximadas, sobre um conjunto de dados complexos, indexados por uma estrutura de indexação métrica.

1.3 Organização do Trabalho

Neste capítulo estão apresentados o contexto do trabalho, a motivação para o desenvolvimento da pesquisa e os objetivos a serem alcançados.

No Capítulo 2 são apresentados os operadores por similaridade, classe de operadores adequada para manipulação de dados em domínios métricos, como dados multimídia.

No Capítulo 3 é apresentado um histórico da evolução das estruturas de indexação para os diversos domínios de dados, com ênfase em domínios métricos. É apresentada também a estrutura de indexação métrica *Slim-tree*, que foi a estrutura utilizada para implementação dos algoritmos propostos.

Consultas por similaridade em domínios complexos tendem a ter um alto custo computacional. No Capítulo 4 são discutidas algumas técnicas de busca inexata utilizadas para agilizar as operações de busca nesses domínios.

No Capítulo 5 são descritos os Algoritmos Genéticos, modelos computacionais inspirados na seleção natural e genética, que foram utilizados para o desenvolvimento dos algoritmos para recuperação aproximada do conjunto-resposta de consultas por similaridade.

Os Capítulos 2 a 5 efetuam um fundamento bibliográfico e apresentam os conceitos fundamentais envolvidos neste trabalho. As contribuições inéditas deste trabalho estão descritas no Capítulo 6. O Capítulo 7 apresenta resultados de experimentos realizados para validação e avaliação dos algoritmos desenvolvidos. Finalmente, o Capítulo 8 apresenta as conclusões e sugestões para trabalhos futuros.

Consultas por similaridade

Na manipulação de dados complexos, como dados multimídia, os operadores convencionais de igualdade e de ordem não são adequados. Nesse domínio de dados, o grau de similaridade entre os dados é mais importante, sendo mais indicados os operadores por similaridade. Este capítulo apresenta conceitos básicos sobre consultas por similaridade e domínio de dados onde essas consultas podem ser realizadas.

2.1 Considerações Iniciais

Durante todo o desenvolvimento dos sistemas relacionais e objeto-relacionais até hoje, os dados suportados são majoritariamente os de tipo numérico ou textual curto, aproveitando a relação de ordem total que existe entre os elementos desses domínios de dados para executar as operações de consulta e atualização dos dados. Nesses domínios, mesmo quando uma operação envolve apenas operações de comparação por igualdade, as estruturas de indexação empregadas para agilizar a consulta dependem das relações de ordem existentes nos domínios de dados envolvidos. No entanto, dados mais complexos em geral não possuem uma relação de ordem total - genericamente, não é possível dizer que uma imagem é “menor” ou “maior” do que outra. Mesmo operações de comparação por igualdade têm pouca utilidade nas operações envolvendo esses dados, uma vez que a existência de dois elementos exatamente iguais é rara [Faloutsos, 1996]. Nesses casos, o grau de similaridade entre os dados é o fator mais importante.

Uma classe de operadores mais adequada para manipular esses dados são os operadores por similaridade [Faloutsos, 1997]. Para que possam ser empregados, o domínio de dados em questão deve dispor de uma função de dissimilaridade, também chamada função de distância, que deve atender às propriedades de não-negatividade, simetria e desigualdade triangular. Domínios de dados que apresentam uma função de distância métrica são chamados domínios (ou espaços) métricos.

Na Seção 2.2 são apresentados o conceito de domínio métrico e alguns exemplos de funções de distância. Na Seção 2.3 são descritos os principais operadores de seleção por similaridade: consulta por abrangência e consulta aos k vizinhos mais próximos; além de algumas variações. Na Seção 2.4 são citados brevemente os operadores de junção por similaridade, e finalmente, na Seção 2.5 são feitas as considerações finais desse capítulo.

2.2 Domínios Métricos

Um domínio métrico é definido como $\mathcal{M} = (\mathcal{D}, d())$, onde $\mathcal{D}$ é o conjunto de todos os objetos que atendem às propriedades do domínio e $d()$ é uma função de distância, ou métrica, entre esses objetos. A função de distância é dependente do tipo dos objetos e da aplicação, e quanto menor o valor resultante da aplicação da função de distância entre dois objetos, mais semelhantes são os objetos.

Dados x , y e $z \in D$, uma função de distância (métrica) deve satisfazer as seguintes propriedades:

1. *Simetria*: $d(x, y) = d(y, x)$;
2. *Não Negatividade*: $0 \leq d(x, y) \leq \infty$, $d(x, x) = 0$;
3. *Desigualdade Triangular*: $d(x, y) \leq d(x, z) + d(z, y)$;

Dados em espaços vetoriais podem ser considerados como estando em um domínio métrico se for definida uma função de distância (métrica). Mas, em dados vetoriais, além da função de distância entre os objetos, podem ser exploradas informações geométricas durante o processo de consulta, o que não ocorre com dados em domínios puramente métricos, onde apenas o objeto de referência e a função de distância estão presentes.

Para dados vetoriais, as funções de distância mais comuns são as da família das normas L_p (ou Minkowski), definidas em 2.1 por:

$$L_p(x, y) = \sqrt[p]{\sum_{i=0}^{d-1} |x_i - y_i|^p} \quad (2.1)$$

Onde d é a dimensão do espaço, e x e y são dois objetos de dimensão d . As funções distância mais utilizadas da família L_p são:

- L_0 - conhecida como *Infinity* ou *Chebyshev*;
- L_1 - conhecida como *City block* ou *Manhatan*;
- L_2 - conhecida como Euclidiana;

A Figura 2.1 mostra as diferentes regiões de cobertura relativas às funções de distância citadas acima, para um dado objeto representativo e um dado raio r .

A métrica L_2 , conhecida como distância Euclidiana, é a função normalmente utilizada para calcular a distância entre objetos no espaço em que vivemos.

Para dados não vetoriais, outras funções de distância podem ser usadas. Exemplos desses domínios são os conjuntos de palavras de uma linguagem ou conjuntos de impressões digitais representadas por seqüências de *minutae*. Em conjuntos de seqüências de caracteres (como palavras), a função de distância *Levenshtein*, conhecida como $L_{edit}(x, y)$, indica a quantidade mínima de símbolos que devem ser substituídos, inseridos ou removidos para transformar uma

Figura 2.1: Áreas de cobertura de algumas funções de distância da família das normas L_p .

palavra x em outra y . Por exemplo, $L_{\text{Edit}}(\text{"Head"}, \text{"Hobby"}) = 4$, três substituições e uma inserção.

Desde que garantidas as propriedades de uma função de distância métrica, a função de dissimilaridade pode ser considerada como uma “caixa preta”, geralmente definida por um especialista na aplicação.

2.3 Seleção por similaridade

Em domínios métricos, existem basicamente dois operadores de consulta por similaridade: a consulta por abrangência (“*range queries*”, RQ), que considera os objetos que estejam até uma distância limite do objeto de referência; e a consulta aos vizinhos mais próximos (“*k-nearest neighbor queries*”, $k-NNQ$) [Yianilos, 1993] [Korn et al., 1996] [Braunmüller et al., 2000], que limita os objetos do conjunto resposta a um número máximo; além de algumas variações.

Considerando um conjunto de objetos $S = \{s_1, s_2, \dots, s_n\}$ de um domínio D , uma função de distância (métrica) $d()$ entre esses objetos, temos a seguir os principais operadores de seleção por similaridade.

2.3.1 Consulta por abrangência

Uma consulta por abrangência recebe como parâmetros um elemento do domínio de dados $s_q \in S$ (chamado objeto de referência) e um grau de dissimilaridade $r_q \geq 0$, e obtém todos os elementos da base de dados que diferem do objeto da consulta por no máximo a dissimilaridade indicada.

Formalmente, temos:

$$\text{range}(s_q, r_q) = \{s_i | s_i \in S, d(s_i, s_q) \leq r_q\}$$

Um exemplo de consulta por abrangência em uma base com dados geográficos seria “*selecione as cidades que distem até 100 quilômetros da cidade apresentada como referência*”. Na Figura 2.2 podemos ver a ilustração desse exemplo.

Figura 2.2: Consulta por abrangência.

2.3.2 Consulta aos vizinhos mais próximos

Uma consulta aos vizinhos mais próximos recebe como parâmetros um elemento do domínio de dados $s_q \in S$ (o objeto de referência) e uma quantidade $k > 0$, e obtém os k -elementos da base de dados que estejam mais próximos do objeto da consulta.

Formalmente, temos:

$$k\text{-}NN(s_q, k) = \{a_i | a_i \in A, A \subseteq S, |A| = k, \forall a_i \in A, s_i \in S - A, d(s_q, a_i) \leq d(s_q, s_i)\}$$

Um exemplo de consulta de vizinhos mais próximos em uma base de dados com imagens seria “selecione as 4 imagens mais similares à imagem apresentada como referência para a consulta”, como pode ser visto na Figura 2.3

Figura 2.3: Consulta pelos vizinhos mais próximos

2.3.3 Variações

Existem diversas variações sobre esses operadores, algumas levando a algoritmos significativamente diferentes dos empregados para os operadores básicos. Por exemplo, ao invés de fazer a busca procurando por maior proximidade, pode-se buscar por menor proximidade. Os operadores resultantes são os operadores de consulta aos vizinhos mais distantes (“*k-farthest neighbor queries*”, $k - FNQ$) e consulta por exclusão (“*external range queries*”, ERQ). Os algoritmos para executar essas variações são essencialmente os mesmos empregados para os operadores básicos. Uma outra variação simples, que leva a algoritmos bastante simplificados dos algoritmos básicos são a consulta ao (único) vizinho mais próximo (“*nearest neighbor query*”, NNQ) ou mais distante (“*farthest neighbor query*”, FNQ), e a consulta pontual (“*point query*”, $R0Q$ ou PQ), equivalente à consulta por abrangência com raio de abrangência nulo, que retorna o próprio objeto central da consulta se ele estiver presente no conjunto de dados, ou nulo, caso contrário.

Por fim, variações que levam a algoritmos bem mais sofisticados (e custosos) são as consultas aos vizinhos mais próximos (e mais distantes) reversos (“*reverse nearest neighbor queries*” e “*reverse farthest neighbor queries*”, $k - RFNQ$ e $RFNQ$) [Yang & Lin, 2001]. Cada uma dessas consultas retorna quais são os objetos do conjunto de dados que têm o objeto central da consulta como o vizinho mais próximo (ou mais distante), com as correspondentes variações que permitem retornar os objetos que têm o objeto central da consulta como um dos seus até k objetos mais próximos (ou distantes). Embora cada uma dessas consultas seja unária (e portanto seja efetivamente uma operação de seleção), as consultas por similaridade reversas têm complexidade de execução quadrática, semelhante aos operadores de junção por similaridade.

2.4 Junção por similaridade

É possível também executar operações de junção por similaridade. Quanto aos operadores de junção por similaridade, existem basicamente três. Dados dois conjuntos de objetos em um mesmo domínio métrico, os operadores de junção comparam as distâncias entre pares de objetos, tomados um de cada conjunto, e retornam como resultado um conjunto de pares de objetos que atendam a determinada propriedade [Koudas & Sevcik, 2000] [Böhm & Kriegel, 2001] [Shim et al., 2002] [Yang & Lin, 2002]. O operador de junção por abrangência (“*range join*”, RJ) retorna os pares de objetos cuja distância é inferior a um limite dado. O operador de junção por vizinhança (“*nearest neighbors join*”, $k - NNJ$), que não é comutativo, retorna para cada objeto do primeiro conjunto um subconjunto com os k objetos mais próximos do segundo conjunto. O operador de junção por proximidade (“*closest neighbors join*”, $k - CNJ$) retorna os k pares de objetos mais próximos entre si.

2.5 Considerações Finais

Dados em domínios métricos não possuem uma relação de ordem total, só dispendo de uma função de distância (métrica), que calcula a distância entre quaisquer dois objetos do domínio.

Os operadores por similaridade são mais adequados na manipulação de dados multimídia.

Os principais operadores de seleção por similaridade são: consulta por abrangência, que seleciona todos os objetos que estejam dentro de uma distância limite do objeto de referência; e consulta aos k -vizinhos mais próximos, que seleciona os k objetos mais próximos do objeto de referência. Além de algumas variações desses operadores de seleção, existem também os operadores de junção por similaridade, que não foram focados neste trabalho.

Para indexar dados em espaços métricos e utilizar os operadores por similaridade, são necessárias estruturas de indexação mais complexas, que serão discutidas no Capítulo 3.

Estruturas de Indexação

*A*s estruturas de indexação são dependentes dos domínios dos dados que pretende-se manipular. Para consultas por similaridade, nas quais os dados genericamente estão em domínios métricos, são necessárias estruturas de indexação mais complexas, chamadas de Métodos de Acesso Métrico.

3.1 Considerações Iniciais

As estruturas de indexação devem acompanhar a evolução dos tipos de dados a serem armazenados e manipulados pelos SGBDs.

Desde os métodos de acesso tradicionais aplicáveis em domínios de dados que possuem relação de ordem total, muitos trabalhos foram realizados até o desenvolvimento dos Métodos de Acesso Métricos, para domínios de dados que só dispõem dos objetos e de uma função de distância entre eles. Esses são os métodos mais adequados para consultas por similaridade em dados multimídia.

Na Seção 3.2 é mostrada a evolução das estruturas de indexação para os diversos domínios de dados. Na Seção 3.3, é apresentada com mais detalhes a estrutura de indexação métrica *Slim-tree*, a qual será utilizada para o desenvolvimento dos algoritmos genéticos para consulta aproximada por similaridade. Por fim, na Seção 3.4, são feitas as considerações finais desse capítulo.

3.2 Estruturas de Indexação

Para dados que possuem uma relação de ordem total foram desenvolvidos operadores de seleção que permitem executar operações de busca com complexidade sub-linear para o número de elementos da base de dados, ou seja, existem algoritmos de busca com complexidade $O(N)$ ou menos, onde N é o número de elementos na base de dados. Esses algoritmos recaem sobre o uso de métodos de acesso tradicionais, tais como a amplamente utilizada *B-tree* [Johnson & Shasha, 1993] e suas variantes *B*-tree* e *B+-tree* [Zisman, 1993]. Por exemplo, a seleção de números ou textos curtos utilizando árvores de indexação pode ser executada com algoritmos que exibem complexidade $\log(N)$. Invariavelmente esses algoritmos utilizam

a possibilidade de comparar os elementos dois a dois, e decidir pela verdade ou falsidade de determinada relação de ordem (menor que, igual, maior ou igual, etc.) entre cada par de elementos, o que permite evitar (podar) a comparação com ramos inteiros da árvore.

Uma outra classe de domínios interessantes são os chamados domínios espaciais, também chamados domínios em espaços dimensionais. Exemplos comuns desses domínios são: dados que representam informações geográficas [Güting, 1994]; a disposição espacial de estrelas e galáxias no espaço sideral; e conjuntos de características (“*features*”) extraídas de dados complexos, tais como imagens e dados de sensoriamento científico, que são utilizados para a realização de busca por conteúdo baseada nessas características [Faloutsos, 1996]. Domínios espaciais podem ser vistos como um subconjunto dos domínios métricos, onde além da função de distância (em geral funções de distância do tipo L_p , tal como Euclidiana - L_2 , “*Manhattan*” - L_1 ou *Infinity* - L_0), são definidas relações de direção, permitindo a definição de ângulo entre triplas de elementos do conjunto, e a representação de hiper-volumes [Papadias et al., 1995]. A projeção de elementos em dimensões menores também é possível em domínios espaciais.

Esse conjunto (relativamente) grande de relações, chamadas de relações geométricas, permitem a construção de algoritmos elaborados e eficientes para a indexação e suporte à execução de consultas em espaços dimensionais. Para esses domínios de dados foram desenvolvidas diversas estruturas de indexação, conhecidas como “Métodos de Acesso Espacial - MAEs” (ou *Spatial Access Methods - SAMs*) a partir do trabalho pioneiro sobre as *R-trees* [Guttman, 1984] e suas derivadas *R*-tree* [Beckmann et al., 1990] e *R+-tree* [Sellis et al., 1987]. Um excelente tutorial mostrando a evolução dos MAEs pode ser encontrado em [Gaede & Günther, 1998], e um outro tutorial, mostrando seu uso em ambientes de altas dimensões é apresentado em [Böhm et al., 2001].

Para conjuntos de dados que não apresentam relações geométricas, mas nos quais somente existem os objetos e as distâncias entre eles, diversas pesquisas têm sido efetuadas, levando-se ao desenvolvimento das estruturas de indexação chamadas genericamente de “Métodos de Acesso Métrico - MAMs”. Os métodos propostos por Burkhard and Keller [Burkhard & Keller, 1973] foram o ponto de partida, apresentando as técnicas de particionamentos recursivos que permitem a construção de MAMs. A primeira técnica particiona um conjunto de dados escolhendo um representativo dentro do conjunto, e agrupando os demais elementos de acordo com as distâncias de cada elemento com o representativo. A segunda técnica particiona o conjunto original em uma quantidade pré-determinada de subconjuntos, selecionando a seguir um representativo para cada conjunto. Cada representativo e a maior distância dele para um elemento do subconjunto são mantidos na estrutura, para permitir consultas por vizinhos mais próximos.

A árvore de indexação métrica proposta por Uhlmann [Uhlmann, 1991] e a *vantage-point tree* (*vp-tree*) proposta por Yianilos [Yianilos, 1993] são desenvolvimentos que partem da primeira técnica, onde os “*vantage points*” são os representativos propostos em [Burkhard & Keller, 1973]. A “árvore por hiper-planos generalizados” (*Generalized Hyperplane Decomposition tree - gh-tree*) [Uhlmann, 1991] é um outro método, que recursivamente

particiona o conjunto de dados em dois, selecionando dois representativos e associando os objetos restantes com o representativo mais próximo. Já a “árvore de acesso geométricamente próximo” (*Geometric Near-neighbor Access Tree - GNAT tree*) [Brin, 1995] pode ser vista como um refinamento da segunda técnica apresentada em [Burkhard & Keller, 1973]. Ela armazena a distância entre pares de representativos, além da maior distância a um elemento associado a cada representativo. Essa estrutura pode usar essas distâncias para podar cálculos de distâncias no espaço de busca, usando a propriedade da desigualdade triangular.

Os MAMs discutidos anteriormente constroem a estrutura de indexação utilizando todo o conjunto de dados disponível numa única operação, e não permitem operações posteriores de inserção e remoção de elementos, sendo por isso denominados métodos estáticos. A *M-tree*, desenvolvida por Ciaccia, Patella and Zezula [Ciaccia et al., 1997], foram os primeiros MAMs dinâmicos propostos na literatura. A *Slim-tree* [Traina et al., 2000] aperfeiçoou a *M-tree*, propondo a primeira (e até agora única) técnica de redução de sobreposição de nós de regiões que pode operar em espaços métricos. A sobreposição de nós é um efeito indesejável, pois obriga a busca em profundidade em diversas subárvores para a localização dos elementos solicitados pelas consultas [Traina et al., 2002a].

Os MAMs *Slim-tree* serão utilizados nesse projeto para o desenvolvimento dos algoritmos genéticos para buscas por similaridade, e portanto terão sua estrutura mais detalhada na Seção 3.3.

Também foi proposto utilizarem-se múltiplos representativos chamados “omni-focos” (usados para medir a distância em qualquer região do espaço ocupado por um conjunto de dados) para atuar como geradores de coordenadas para todos os elementos de um conjunto [Santos et al., 2001]. Essas coordenadas podem ser indexadas utilizando-se quaisquer MAMs ou MAEs, gerando toda uma nova família de métodos de acesso métrico, denominada “família-Omni”, baseada em omni-focos.

O conceito fundamental da família-Omni é utilizar os omni-focos para calcular um conjunto de coordenadas que são indexadas no lugar dos objetos propriamente ditos, ou seja, calculam-se as coordenadas e depois elas são usadas na estrutura de indexação. Uma outra abordagem utilizando o mesmo conceito de omni-focos é utilizá-los durante a construção de uma estrutura de indexação métrica, como um mecanismo de refinamento das operações de poda, durante a navegação da estrutura nas operações de consulta. Essa abordagem foi a base para a criação de MAMs recentes, chamados de *DF-tree* [Traina et al., 2002b].

Mais recentemente, em [Vieira et al., 2004] é proposta a *DBM-tree*, onde é possível diminuir a sobreposição entre os nós através da flexibilização do balanceamento da estrutura.

Um tutorial que mostra as técnicas fundamentais de trabalho em estruturas de dados para espaços métricos, bem como uma descrição das primeiras estruturas desenvolvidas, é apresentado em [Chávez et al., 2001]. Em [Hjaltason & Samet, 2003] é apresentada uma extensa revisão bibliográfica dos métodos de acesso métricos.

3.3 Slim-tree

A *Slim-tree* [Traina et al., 2000] [Traina et al., 2002a] é uma estrutura balanceada e dinâmica, que tem crescimento *bottom-up*, das folhas para a raiz, e permite inserções de dados de um domínio métrico.

Na *Slim-tree* pode ocorrer sobreposição das áreas de cobertura de nós no mesmo nível da árvore. Portanto, a divisão do espaço métrico não gera regiões necessariamente disjuntas. A *Slim-tree* dispõe de um algoritmo chamado *Slim-Down*, utilizado posteriormente a construção da árvore para minimizar o problema da sobreposição entre os nós. A estrutura também tem a capacidade de avaliar o grau de sobreposição de seus nós (*Fal-Factor*).

3.3.1 Organização da Slim-tree

Os objetos são agrupados no disco em páginas de tamanho fixo, cada página correspondendo a um nó da árvore. Os objetos são armazenados nas folhas, organizados numa estrutura hierárquica que utiliza um objeto representativo como centro de uma região de cobertura dos objetos em uma subárvore, delimitada por um raio.

Existem dois tipos de nós na *Slim-tree*, os *data-nodes* (*leaf-nodes*) e os *index-nodes*. Cada página armazena um número máximo de objetos que, para simplificação, é o mesmo para *leaf-nodes* e *index-nodes*.

A estrutura de um *leaf-node*, onde são armazenados todos os objetos da *Slim-tree*, é a seguinte:

$$\text{leaf-node} [\text{vetor de } \langle OId_i, d(s_i, s_{rep}), s_i \rangle],$$

onde OId_i é o identificador do objeto s_i e $d(s_i, s_{rep})$ é a distância entre o objeto s_i e s_{rep} , que é o representativo desse *leaf-node*.

A estrutura de um *index node* é:

$$\text{index-node} [\text{vetor de } \langle s_i, r_i, d(s_i, s_{rep}), Ptr(Ts_i), \#Ent(Ptr(Ts_i)) \rangle],$$

onde s_i armazena o objeto representativo da subárvore apontada por $Ptr(Ts_i)$, r_i é o raio de cobertura da região, $d(s_i, s_{rep})$ é a distância entre s_i e o representativo deste nó, e $\#Ent(Ptr(Ts_i))$ armazena o número de entradas na subárvore apontado por $Ptr(Ts_i)$.

Na Figura 3.1, temos uma representação gráfica da estrutura lógica de uma *Slim-tree*, com a distinção entre *index-nodes* e *leaf-nodes*, e na Figura 3.2 um exemplo de sua utilização para a indexação de um conjunto de sete palavras, utilizando a função de distância *LEdit*.

A Figura 3.3(a) apresenta a disposição de 17 objetos ($s_1, \dots, s_{17}$) indexados por uma *Slim-tree* com capacidade máxima de 3 objetos por nó.

Os círculos brancos da 3.3(b) representam nós folha, e o de cor cinza os nós índice. Os objetos representativos de cada nó são mostrados em preto, e os demais objetos indexados são representados por pontos cinzas. Podemos ver na figura várias sobreposições entre os nós, indicadas pelas interseções entre as áreas de cobertura. Neste exemplo, o objeto s_{13} está localizado na região de intersecção de dois nós-folha, com representativos s_6 e s_8 . Portanto, o objeto s_{13} poderia estar inserido em qualquer um dos dois nós-folha.

Figura 3.1: Representação gráfica da estrutura lógica de *index-nodes* e *leaf-nodes* da *Slim-tree*. [Traina et al., 2002a]

Figura 3.2: Exemplo de indexação de sete palavras a função de distância *LEdit*.

3.3.2 Construção de uma Slim-tree

Na inserção de um novo objeto em uma *Slim-tree*, começando pela raiz, o algoritmo tenta encontrar um nó em que o raio de cobertura cubra o novo objeto. Se nenhum nó for qualificado, escolhe-se o nó que tenha o objeto representativo mais próximo do novo objeto, aumentando-se o raio desse nó para que cubra o novo objeto. Se dois ou mais nós forem qualificados, é executado um algoritmo para escolher qual é o nó onde será inserido o novo objeto. Existem três opções para a escolha do nó onde será inserido o objeto:

Alcatória (*Random*): o nó é escolhido aleatoriamente entre aqueles que foram qualificados para inserção sem o aumento do raio de cobertura;

Mínima Distância (*MinDist*): é escolhido o nó cuja distância entre seu objeto representativo e o novo objeto seja a menor, dentre os nós qualificados.

Mínima Ocupação (*MinOccup*): seleciona-se dentre os nós previamente qualificados aquele que apresenta o menor número de objetos já armazenados.

Esse processo é sucessivamente aplicado para cada nível da *Slim-tree*.

Na ocorrência de uma nova inserção, pode ocorrer do nó escolhido ter sua capacidade máxima excedida. Quando isso ocorre, um novo nó é alocado no mesmo nível. A *Slim-tree* possui três

Figura 3.3: Representação de uma *Slim-tree* em (a) e sua estrutura lógica em (b).

opções de algoritmos para a escolha de quais serão os objetos representativos dos novos nós, quando ocorre a quebra de nós (*splitting*):

Random: são escolhidos aleatoriamente dois novos representativos para os dois nós;

Minmax: todos os possíveis pares de objetos são considerados potenciais representativos. Serão escolhidos como representativos os dois objetos que minimizarem o raio de cobertura.

MST (Minimal Spanning Tree): é criada uma árvore de menor caminho com os objetos e um dos arcos mais longos é removido, tendo-se então dois agrupamentos.

Depois de escolhidos os representativos, os objetos restantes são distribuídos pelos 2 nós, alocando cada objeto no nó cujo representativo está mais próximo do respectivo objeto. Os objetos escolhidos como representativos dos dois nós depois da divisão devem ser inseridos no nó pai, o que pode gerar a necessidade de nova divisão. O processo de divisão, se necessário, pode ser repetido nos níveis superiores, aumentando a altura da árvore quando propagado até o nó raiz. As informações referentes ao número de objetos nas subárvores e raios de cobertura devem ser atualizados nos nós dos níveis superiores.

3.3.3 Consultas por similaridade na Slim-tree

Na *Slim-tree*, assim como entre outros MAMs, pode ocorrer a sobreposição da área de cobertura de nós distintos. A *Slim-tree* utiliza a desigualdade triangular para “podar” cálculos de distâncias.

Como as distâncias entre todos os objetos armazenados em um nó e o representativo de tal nó são conhecidas, a propriedade de desigualdade triangular pode ser usada durante uma consulta por similaridade para descartar objetos que, não fazem parte do conjunto resposta. A “poda” pode ser feita sem a necessidade de calcular as distâncias entre cada objeto armazenado e o objeto de referência para consulta, reduzindo assim o número de cálculos de distâncias necessários para a realização da consulta.

Dados o espaço métrico $\mathcal{M} = \langle \mathcal{D}, d() \rangle$, o conjunto de objetos $S \subseteq \mathcal{D}$, o objeto de consulta $s_q \in \mathcal{S}$, o raio de consulta r e um objeto representante $s_{rep} \in S$, um objeto $s_i \in S$ poderá ser descartado pela propriedade de desigualdade triangular se uma das duas condições a seguir forem satisfeitas:

$$d(s_{rep}, s_i) < d(s_{rep}, s_q) - r \quad (3.1)$$

$$d(s_{rep}, s_i) > d(s_{rep}, s_q) + r \quad (3.2)$$

Um exemplo da utilização da desigualdade triangular para podar cálculos de distância na árvore é mostrado na Figura 3.4, em que s_{rep} é o objeto representativo do nó da árvore, s_q é o objeto de referência para busca e r_q é o raio. Os objetos s_1 , s_2 , s_3 e s_4 pertencem ao conjunto de dados em domínios métricos $S \subset \mathcal{D}$. Os elementos s_2 e s_3 podem ser descartados pela propriedade de desigualdade triangular; o elemento s_1 não pode ser descartado, mas não faz parte do conjunto resposta; e s_4 não pode ser descartado e faz parte do conjunto resposta.

Na Figura 3.4, a região 1 equivale à condição 3.1 e a região 3 à condição 3.2. Qualquer objeto que estiver na região 1 ou 3 pode ser descartado através da propriedade de desigualdade triangular, sem calcular sua distância com o objeto da consulta. Já na região 2, há necessidade de se calcular a distância entre o objeto de consulta e os objetos pertencentes à região.

Os algoritmos de consulta por abrangência e aos k-vizinhos mais próximos são basicamente os mesmos em todas as árvores métricas e espaciais [Roussopoulos et al., 1995].

Algoritmos de consultas por abrangência têm um raio limitante conhecido durante todo o processo de busca. Assim, iniciando pelo nó raiz da árvore, o algoritmo de consulta por abrangência percorre a árvore e calcula a distância do objeto s_q com os objetos armazenados no conjunto de dados que não podem ser podados pela propriedade de desigualdade triangular, e inclui no conjunto resposta todos aqueles que estão a uma distância inferior ou igual a r .

Já na consulta por vizinhos mais próximos é utilizada uma lista global de páginas válidas, que armazena ponteiros para as páginas (subárvores) que podem conter objetos qualificados para a resposta, mas ainda não percorridas. O raio limitante da resposta da consulta não é conhecido desde o início da busca. Portanto, o raio da consulta é dinâmico, podendo ser

Figura 3.4: Descarte de objetos com o uso da desigualdade triangular.

considerado inicialmente como um valor infinito.

A ordem em que são acessados os nós da árvore pode influenciar no desempenho da consulta por vizinhos mais próximos. Visando aumentar a quantidade de subárvores que podem ser podadas, a próxima página a ser percorrida pelo algoritmo é sempre aquela que tem seu objeto representativo mais próximo do objeto de consulta, na lista global de páginas válidas.

Quando são encontrados objetos melhores que aqueles presentes no vetor de respostas, esses objetos são inseridos nesse vetor de maneira a mantê-lo ordenado. O critério utilizado para “podar” subárvores é dinâmico, sendo baseado na distância entre o objeto de consulta e o elemento mais distante armazenado no vetor de respostas.

3.4 Considerações Finais

Muitas estruturas de indexação foram propostas com o objetivo de agilizar as buscas por similaridade, especialmente em domínios métricos. Nos MAMs, normalmente o espaço de busca é particionado de acordo com técnicas específicas de particionamento, e são criadas estruturas hierárquicas para o armazenamento e manipulação dos objetos, geralmente árvores.

As primeiras estruturas propostas eram estáticas, sendo a *M-Tree* [Ciaccia et al., 1997] o primeiro conjunto de MAMs dinâmico proposto na literatura. A *Slim-tree*, que aperfeiçoou a *M-Tree* com técnicas de redução da sobreposição dos nós, serão os MAMs utilizados neste trabalho para o desenvolvimento dos algoritmos genéticos para busca aproximada por similaridade em domínios métricos.

Mesmo com a utilização dos MAMs, a execução de consultas (exatas) por similaridade em grandes bases de dados complexos tende a ser proibitiva, pelo seu alto custo computacional.

3.4 Considerações Finais

Para melhorar a eficiência de tais consultas, podem ser realizadas buscas inexatas, com resultados aproximados. No Capítulo 4 serão apresentadas algumas técnicas de busca inexata.

Busca Inexata

*A*s consultas por similaridade tendem a ter um alto custo computacional em domínios complexos, como domínios métricos e domínios com alta dimensionalidade. Agilizar as operações de busca nesses domínios torna-se muito importante, e para isso, algoritmos de busca inexata podem ser empregados.

4.1 *Considerações Iniciais*

Em várias aplicações, principalmente nas de domínios de dados complexos, a recuperação exata deixa de ser um requisito fundamental, podendo ser trocada por um melhor desempenho.

Além disso, em domínios de dados com alta dimensionalidade, o custo computacional das consultas tende a ser muito alto. Esse problema é conhecido como “maldição da dimensionalidade”, e ocorre porque em altas dimensões as distâncias entre os objetos tendem a se homogenizar, fazendo com que praticamente toda a estrutura de indexação seja percorrida para a obtenção de um conjunto resposta exato. Um comportamento equivalente pode ser observado também em espaços métricos [Chávez & Navarro, 2001].

Na Seção 4.2 são apresentadas algumas técnicas de busca inexata para domínios de dados que possuem uma relação de ordem total entre os dados, e na Seção 4.3 são apresentadas técnicas para domínios de dados complexos. Na Seção 4.4, serão feitas as considerações finais desse capítulo.

4.2 *Domínios com Relação de Ordem Total*

Dentre as técnicas para busca por dados não exatos em bases de dados que mais têm sido exploradas estão as técnicas que visam reduzir a quantidade de casos a serem processados, ao mesmo tempo em que se preservam as propriedades fundamentais dos conjuntos de dados.

Várias abordagens têm sido adotadas para reduzir a quantidade de dados envolvidos na consulta: busca aleatória em porções da base; e manutenção de amostras significativas, através de amostragem, histogramas e *wavelets*.

No primeiro caso, sempre que uma consulta é recebida, as relações envolvidas são parcialmente acessadas, utilizando como critério de escolha a utilização do *cache* do gerenciador

e a distribuição dos dados pelos registros físicos em disco [Cortes & Pregibon, 2001]. Essa abordagem é eficiente na obtenção da resposta e relativamente simples de ser suportada pelos gerenciadores atuais, porém é muito difícil garantir alguma certeza estatística nas respostas obtidas.

Através de regras estatísticas de amostragem, é possível escolher amostras que podem garantir a certeza estatística das respostas obtidas, porém à custa de um impacto significativo nas operações de atualização da base. Esta técnica é bastante eficaz na resposta a consultas que requerem agregação de tuplas.

Sempre que técnicas de amostragem são utilizadas, as operações que podem ser utilizadas tornam-se restritas a um determinado domínio de aplicações, uma vez que as propriedades originais dos dados que são mantidas normalmente são restritas, e devem ser, portanto, escolhidas as mais adequadas ao tipo de consulta que se pretende acelerar. Dentre os critérios mais estudados para a criação de amostras está a manutenção de conjuntos que preservam a densidade local dos dados [Palmer & Faloutsos, 2000] [Kollios et al., 2001] [Lee et al., 1998].

A abordagem baseada na manutenção de amostras utilizada em [Acharya et al., 2000] cria tabelas resumidas que acompanham as operações de atualização de dados da base. Nessa técnica, todas as consultas que solicitam respostas não exatas são re-escritas, e a consulta é realizada de fato nas tabelas resumidas [Acharya et al., 1999].

Alternativamente à técnicas de amostragem, em [Ioannidis & Poosala, 1999] são mantidos histogramas que representam resumidamente os dados armazenados na base, de forma que as consultas são traduzidas e realizadas sobre os histogramas. Já em [Chakrabarti et al., 2001], são utilizados *wavelets* para criação de tabelas resumidas dos dados da base, e as consultas (com operadores SQL padrão) são realizadas diretamente sobre essas tabelas, agilizando as consultas aproximadas.

4.3 Domínios Complexos

Operações de busca sobre dados mais complexos, como dados em domínios multidimensionais e métricos, são significativamente mais demoradas do que operações sobre dados em domínios ordenáveis. Portanto, acelerar as operações de busca de dados nesses domínios é de especial importância. Ao mesmo tempo, a definição de similaridade em conjuntos de dados complexos é em geral menos precisa do que em conjuntos de dados mais simples [Tversky & Gati, 1982] [Rubner & Tomasi, 2001], o que faz com que essas operações sejam candidatas naturais para serem tratadas por algoritmos de busca não exata.

Os algoritmos para obtenção de respostas não exatas em domínios multidimensionais apenas recentemente despertaram o interesse dos pesquisadores. Nessa área, as principais linhas de pesquisa são: junção espacial em domínios de baixas dimensões, e seleção de vizinhos mais próximos em domínios espaciais de altas dimensões.

A primeira área é voltada principalmente para aplicações geográficas, onde o número de dimensões é reduzido (usualmente dois ou três), e o próprio espaço de busca (composto pelas coordenadas geográficas) é o alvo da procura. Em espaços de baixa dimensão, as execuções de

operações de junção por similaridade são muito mais custosas do que as operações de seleção, daí o interesse maior que existe nas operações de junção, as quais tem sido o alvo principal das pesquisas [Cai et al., 2001] [Papadias et al., 2000] [Papadias & Arkoumanis, 2002]. O interesse pela operação de junção decorre do fato de que os algoritmos utilizados usualmente empregam a maior parte dos recursos computacionais tratando o chamado “problema de satisfação de restrições” (*Constraint Satisfaction Problem - CSP*) [Papadias et al., 1998]. Esse problema decorre de que consultas em domínios espaciais são expressas como muitas conjunções (e algumas disjunções) de termos de condição (restrição) espacial - por exemplo, objetos que estão à esquerda de X e acima de Y e interseccionam Z e etc. Essas consultas são resolvidas por uma sequência de auto-junções, uma para cada restrição [Papadias et al., 1999]. Em [Papadias & Arkoumanis, 2002] apresenta-se um interessante algoritmo genético para a resolução aproximada de múltiplas junções por abrangência em espaços de baixas dimensões.

Pesquisas de busca aproximada em domínios multidimensionais também exploram operações de seleção envolvendo operadores topológicos [Papadias, 2000], porém não existe ainda tratamento para operadores de junção por similaridade inexatos nesse tipo de domínio.

Já a área de pesquisa que trata da seleção de vizinhos mais próximos em domínios espaciais de altas dimensões aborda principalmente problemas oriundos da “maldição da dimensionalidade”. Esse problema decorre do fato de que, em altas dimensões, as distâncias entre os objetos tendem a se homogeneizar - como o grau de liberdade no espaço é muito grande, o espaço tende a ser muito esparsa, assim cada objeto fica muito mais isolado do que nos espaços de baixas dimensões, e a escolha de quais são seus vizinhos mais próximos tende a ficar difusa, e muito mais cara de ser computada [Hinneburg et al., 2000] [Korn et al., 2001].

Em espaços métricos, apesar da inexistência de coordenadas não permitir a análise de complexidade em termos de dimensões, um comportamento equivalente pode ser observado [Chávez & Navarro, 2001].

Para tratar esses problemas, várias soluções têm sido tentadas, como por exemplo:

- a criação de estruturas específicas [Sakurai et al., 2000], em especial a *Clinder* [Li et al., 2002] que busca representar os agrupamentos de objetos na própria estrutura, e a *Pyramid-tree* que particiona um espaço multidimensional em pirâmides bi-dimensionais [Berchtold et al., 1998];
- a criação de estruturas em *hashing* como em [Weber & Böhm, 2000], [Indyk & Motwani, 1998] e em [Gionis et al., 1999];
- através do tratamento algébrico das funções de distância [Sakurai et al., 2001] [Aggarwal, 2001] [Aggarwal et al., 2001] ou aceitando taxas de erro controladas nos cálculos de similaridade [Davis, 1999] [Ciaccia & Patella, 2000];
- determinação de vizinhança baseada em agrupamentos [Palmer & Faloutsos, 2000] [Kim et al., 2001] [Li et al., 2002].

Em [Böhm, 2000] é apresentado um modelo de custo para consultas por vizinhança em espaços de altas dimensões, para estruturas de indexação espaciais tais como a *R-tree* e a *X-tree* [Berchtold et al., 1996], onde os principais fatores que interferem nas consultas (características dos dados, correlações entre dimensões e propriedades das estruturas de indexação) têm seus graus de influência quantificados.

Existem algumas técnicas de consultas aproximadas propostas para aplicações específicas. Em [Koudas et al., 2004], consultas aproximadas de *k*-NN são desenvolvidas para aplicações de “data-stream”, em que os dados chegam continuamente e podem ser acessados somente uma vez. Com o algoritmo *ϵ -approximate kNN*, as respostas aproximadas não excedem uma certa distância (dada pelo erro absoluto ϵ) do objeto de consulta. Em [Das et al., 2003], são discutidas as operações de junção aproximada para o mesmo tipo de aplicações.

Para consultas aproximadas em espaços métricos, alguns dos métodos citados podem ser utilizados, como é o caso do PAC-NN (Probably Approximately Correct Nearest Neighbor), proposto em [Ciaccia & Patella, 2000]. O PAC executa 1-NNQs (ou NNQs), sendo que o erro no resultado pode exceder um threshold E com uma probabilidade limitada C , parâmetros definidos pelo usuário.

Em [Zezula et al., 1998], três técnicas de aproximação foram propostas utilizando a *M-Tree*, todas visando reduzir o número de comparações, e diferenciadas pela heurística utilizada para abreviar a execução da consulta exata. Na primeira delas é permitido ao usuário definir o fator de erro relativo entre os objetos recuperados e os exatos. Na segunda técnica é explorada a distribuição das distâncias para controlar a aproximação. Finalmente, a terceira técnica de aproximação é baseada na seguinte observação pragmática: a precisão do conjunto resposta aumenta gradativamente no decorrer da consulta, mas de maneira que o crescimento dessa precisão é relativamente grande no início da execução, e cai rapidamente durante a execução da consulta. Portanto, na terceira técnica proposta, a consulta é interrompida quando a variação da distância entre os objetos recuperados e o objeto de consulta torna-se relativamente baixa.

Em [Goldstein & Ramakrishnan, 2000], os autores propuseram a *P-Sphere tree*, (*Probabilistic sphere tree*), estrutura de indexação que realiza consultas de 1-NNQ. As técnicas desenvolvidas baseiam-se no requisito de que exemplos aleatórios da distribuição da consulta estejam disponíveis na construção da estrutura de indexação.

Em [Bustos & Navarro, 2004], são apresentados algoritmos de consulta probabilísticos baseados em adaptações do algoritmo de *k*-NNQ incremental [Hjalason & Samet, 2000], onde o usuário limita o número de cálculos de distâncias permitidos. Os algoritmos desenvolvidos são aplicáveis a MAMs baseados em particionamento compacto do espaço. Já em [Chávez & Navarro, 2003], foi desenvolvido outro algoritmo probabilístico de aplicação geral, mas aplicado em MAMs baseados em pivôs. Tal algoritmo reduz o raio da consulta, aumentando a poda pela manipulação da desigualdade triangular.

Outro expediente amplamente estudado e utilizado é o mapeamento de objetos presentes em espaços complexos, em que o cálculo da distância entre os objetos tende a ser mais custoso, em espaços onde tal cálculo seja menos complexo, como espaços Euclidianos. Exemplos dessas

técnicas são o *FastMap* [Faloutsos & Lin, 1995], o *Metric-Map* [Wang et al., 2000] e o *BoostMap* [Athitsos et al., 2004].

A maioria das técnicas de aproximação citadas tem restrições quanto a sua aplicação. Como foi dito, muitas são aplicáveis somente em espaços multi-dimensionais ou em certos domínios específicos. Algumas, aplicáveis ao caso mais geral de domínios métricos, são restritas às 1-NNQs [Ciaccia & Patella, 2000] [Goldstein & Ramakrishnan, 2000].

Algumas das técnicas citadas requerem a definição de parâmetros de erro relativo ou absoluto nas distâncias dos objetos consultados, o que pode ser difícil dependendo da natureza dos dados.

Quanto às técnicas propostas em [Zezula et al., 1998] e [Bustos & Navarro, 2004], as heurísticas são utilizadas somente para abreviar a execução da consulta exata convencional.

A área de aplicação dos algoritmos desenvolvidos neste trabalho abrange qualquer conjunto de dados onde uma função de distância (métrica) tenha sido definida. São aplicáveis às consultas por similaridade k-NNQ, RQ e várias de suas variações, como por exemplo *k-farthest neighbor queries* (k-FNQ) e *external range queries* (ERQ).

Além de permitir abreviar a execução da consulta exata, limitando o tempo de processamento da consulta, os algoritmos desenvolvidos neste trabalho visam acelerar a formação do conjunto resposta através da utilização de algoritmos genéticos para otimização do percurso na árvore.

4.4 Considerações Finais

Em domínios de dados totalmente ordenáveis, os principais mecanismos empregados para busca inexata são técnicas de amostragem, que visam reduzir a quantidade de dados a serem processados na operação de busca.

Em domínios complexos existem praticamente duas áreas de pesquisa:

Junção espacial em domínios de baixa dimensionalidade: voltada principalmente para aplicações geográficas;

Seleção de vizinhos mais próximos em domínios espaciais de alta dimensionalidade: visa resolver problemas oriundos da "maldição da dimensionalidade".

Neste trabalho foram desenvolvidos algoritmos de consultas por similaridade k-NNQ, RQ e algumas de suas variações, que podem ser aplicados em qualquer conjunto de dados onde uma função de distância, ou métrica, tenha sido definida. Além de permitir abreviar a execução da consulta exata, os algoritmos desenvolvidos visam acelerar a formação do conjunto resposta, utilizando-se algoritmos genéticos.

Algoritmos Genéticos

Os Algoritmos Genéticos, introduzidos por John Holland em 1975 [Holland, 1975], têm sido cada vez mais explorados na solução de problemas envolvendo buscas e otimizações, principalmente pela robustez e simplicidade que oferecem. Algoritmos Genéticos são modelos computacionais inspirados na teoria evolutiva biológica.

5.1 Considerações Iniciais

Algoritmos genéticos são modelos de processamento computacional que visam simular os mecanismos de seleção natural e evolução encontrados originalmente na natureza. E como na natureza, os indivíduos mais adaptados têm mais chances de sobreviverem, se reproduzirem e transmitir suas características genéticas para as gerações futuras.

No contexto computacional, cada resposta candidata presente no espaço de busca do problema é considerada como um indivíduo, e representada univocamente por uma cadeia de símbolos de tamanho finito, chamada de cromossomo. Cada símbolo presente na cadeia de símbolos de um cromossomo é chamado de gene.

Partindo de uma população inicial de indivíduos candidatos à solução do problema, são aplicados ciclicamente os operadores genéticos, dando origem a novas gerações de indivíduos. A pressão seletiva, que na natureza é exercida pelo ambiente, é simulada pela aplicação de uma função que avalia a aptidão de cada indivíduo da população. Espera-se que depois de várias gerações, a população inicial evolua, dando origem a uma população final de indivíduos mais aptos.

Na Seção 5.2 são apresentados alguns conceitos e características dos Algoritmos Genéticos e as etapas necessárias para implementação. Na Seção 5.3.1, 5.3.2 e 5.3.3 são descritos respectivamente os operadores genéticos de Seleção, Cruzamento e Mutação. Finalmente, na Seção 5.5 são feitas as considerações finais desse capítulo.

5.2 Algoritmos Genéticos

Algoritmos genéticos são baseados no mecanismo de seleção natural e genética, e o que diferencia os algoritmos genéticos dos outros métodos convencionais de busca e otimização são

quatro características [Goldberg, 1989]:

1. Os Algoritmos Genéticos trabalham com codificações das variáveis do problema, e não com as próprias variáveis, utilizando similaridade entre os códigos;
2. Algoritmos Genéticos realizam a busca a partir de uma população de pontos, e não a partir de um único ponto, o que reduz a probabilidade de o processo de busca estacionar em máximos locais;
3. Os Algoritmos Genéticos utilizam apenas a função de avaliação, não utilizando informações adicionais sobre os indivíduos;
4. Algoritmos Genéticos utilizam regras probabilísticas de transição, e não regras determinísticas.

Apesar de serem algoritmos probabilísticos, não são algoritmos de busca simplesmente aleatórios. Algoritmos Genéticos utilizam a escolha aleatória como um artifício para direcionar a busca para regiões que pareçam mais promissoras.

Para a implementação dos algoritmos genéticos, a primeira tarefa que precisa ser realizada é a codificação das soluções presentes no espaço de busca em cadeias de símbolos de tamanho finito.

Definida a codificação dos indivíduos, deve ser estabelecido um mecanismo para a obtenção da população inicial, que é o conjunto de indivíduos que são soluções iniciais para o problema. A escolha dos indivíduos para compor essa população pode ser feita aleatoriamente ou de acordo com alguma informação adicional que esteja disponível sobre o problema.

Em um Algoritmo Genético simples, são aplicados sobre a população os operadores de seleção, cruzamento e mutação, dando origem, em cada ciclo, a uma nova população chamada de nova geração. Essa nova população será também submetida aos operadores genéticos, dando origem a outra geração. Esse ciclo é executado até que seja interrompido por um critério de parada, que pode ser baseado no número de gerações, na taxa de alteração entre gerações sucessivas, ou no tempo de execução. Após várias iterações, espera-se que haja a evolução da população inicial, dando origem a indivíduos mais adaptados, ou seja, soluções melhores.

5.3 Operadores Genéticos

Os principais operadores genéticos, que são aplicados em um algoritmo genético simples, são seleção, cruzamento e mutação. Tais operadores são aplicados ciclicamente sobre a população do algoritmo genético. A seguir são descritos os principais operadores genéticos.

5.3.1 Seleção

A seleção consiste na escolha dos indivíduos da população atual para reprodução, de modo que os mais aptos tenham mais chances de se reproduzir. Uma função de avaliação (função objetivo) determina a aptidão de cada um dos indivíduos. Os indivíduos mais aptos, ou seja, aqueles em que aplicações da função objetivo resultam valores maiores, terão maiores chances

de serem escolhidos para se reproduzirem. Esse mecanismo é uma simulação do que ocorre na natureza, onde os indivíduos mais adaptados têm mais chances de sobreviverem, reproduzirem e transmitirem suas características genéticas para as gerações futuras.

Existem várias técnicas para a realização da seleção [Blickle & Thiele, 1995], sendo que a mais comum é a implementação de uma roleta, onde cada indivíduo tem uma área correspondente a sua aptidão em relação aos outros. Com isso, indivíduos com pouca aptidão tendem a se extinguir, enquanto os mais adaptados tendem a se reproduzir e manter suas características.

Um exemplo da aplicação da técnica da roleta é apresentado na Tabela 5.1 e na Figura 5.1, considerando-se uma população com 8 indivíduos.

Tabela 5.1: Exemplo da técnica da roleta em uma população de 6 indivíduos.

Indivíduo	Aptidão	Participação na Roleta
1	4	5%
2	20	25%
3	16	20%
4	24	30%
5	8	10%
6	8	10%

Figura 5.1: Representação gráfica da roleta relativa a Tabela 5.1.

Nesse exemplo, a roleta será girada 6 vezes, para selecionar os 6 indivíduos. Cada indivíduo da população selecionado é copiado na nova população temporária, para a aplicação dos outros operadores genéticos.

5.3.2 Cruzamento

Após terem sido selecionados os indivíduos, os cruzamentos (*crossover*) entre eles podem ser realizados.

O operador genético de cruzamento possibilita a criação de novos indivíduos, os filhos, pela combinação dos cromossomos dos indivíduos pais. Com isso, indivíduos diferentes são gerados mantendo as características genéticas dos indivíduos pais.

Existem várias formas de se realizar o cruzamento. O método mais comum é o cruzamento de 1 ponto. Os indivíduos são pareados aleatoriamente. Para cada par de indivíduos é definido um ponto de cruzamento, que divide o cromossomo dos pais em duas partes: parte *A*, composta pelos genes em posições anteriores ao ponto de cruzamento definido; e parte *B*, com o restante dos genes. Então, as partes *B* são trocadas entre os indivíduos, dando origem a dois novos indivíduos, como pode ser visto na Figura 5.2.

Figura 5.2: Cruzamento de 1 ponto.

É definida uma probabilidade para que seja realizado o cruzamento. Por isso, nem sempre ocorre o cruzamento. Quando não ocorre, os pais são apenas “copiados”, dando origem a seus filhos.

5.3.3 Mutação

A operação de mutação altera o código genético de um indivíduo, e é aplicada de acordo com uma probabilidade definida, geralmente baixa. Uma mutação consiste na alteração aleatória do valor de um gene do cromossomo.

Com a mutação, torna-se possível a exploração de áreas do espaço de busca que não poderiam ser alcançadas somente com a aplicação do operador genético de cruzamento. Com a aplicação da mutação, não existem áreas inalcançáveis do espaço de busca. É uma movimentação aleatória pelo espaço de busca, necessária para a diversidade genética da população.

Resultados empíricos mostram que a taxa de mutação adequada para a obtenção de bons resultados é muito pequena, assim como ocorre em populações naturais, levando à conclusão de que o operador de mutação pode ser considerado um mecanismo secundário [Goldberg, 1989].

5.3.4 Elitismo

Durante a evolução de um algoritmo genético, pode acontecer de o indivíduo mais apto de uma geração não estar presente na geração seguinte, devido principalmente à característica não-determinística dos algoritmos genéticos.

A “Estratégia Elitista”, ou Elitismo, sugere um tratamento especial aos elementos mais aptos da população, garantindo que o melhor ou melhores indivíduos gerados não serão perdidos entre gerações consecutivas como consequência da aplicação dos operadores genéticos [De Jong, 1975]. O elitismo visa acelerar a busca pela solução ótima com o aumento da pressão seletiva.

5.4 Convergência dos Algoritmos Genéticos

A escolha da técnica de seleção e a definição dos parâmetros do algoritmo genético são responsáveis pela sua eficácia em convergir para a solução ótima.

O favorecimento dos indivíduos mais aptos é chamado de pressão seletiva, e é aplicada pelo operador de seleção. O aumento da pressão seletiva determina a redução da diversidade dos indivíduos presentes na população, agilizando a convergência do algoritmo genético.

A pressão seletiva alta pode levar o algoritmo a convergir prematuramente para máximos locais. Por outro lado, quando não há favorecimento aos indivíduos mais aptos e portanto tem-se uma pressão seletiva muito baixa, apesar de a diversidade dos indivíduos da população ter tendência a se manter alta, a eficácia do algoritmo genético é reduzida, podendo, no caso de pressão seletiva muito baixa, se considerar um passeio randômico pelo espaço de busca.

5.5 Considerações Finais

Algoritmos Genéticos simulam os mecanismos de seleção natural e genética em sistemas computacionais, sendo aplicados com êxito na solução de problemas de busca e otimização de diversas áreas.

Utilizando o conceito da sobrevivência dos indivíduos mais aptos, uma população inicial de soluções evolui pela aplicação cíclica de operadores genéticos, gerando novas gerações com respostas que tendem a ser melhores.

Os principais operadores genéticos são:

Seleção: operador responsável pela escolha probabilística de quais indivíduos da população atual se reproduzirão;

Cruzamento: gera novos indivíduos a partir da troca de informações genéticas dos indivíduos pais;

Mutação: alteração aleatória do código genético de um indivíduo que possibilita a exploração de regiões do espaço de busca que seriam inalcançáveis somente com a operação de cruzamento.

Algoritmos Genéticos apresentam robustez, eficiência e simplicidade, e serão utilizados no desenvolvimento de algoritmos para busca por similaridade.

Algoritmos Genéticos para Consultas Aproximadas por Similaridade

Mesmo com a utilização dos MAMs, a execução de consultas (exatas) por similaridade em grandes bases de dados complexos tende a ser proibitiva, pelo seu alto custo computacional. Para melhorar a eficiência de tais consultas, podem ser realizadas buscas inexatas, com resultados aproximados, utilizando uma quantidade de tempo reduzida.

Este capítulo apresenta os algoritmos para consultas por similaridade aproximadas baseados em algoritmos genéticos, que constituem a principal contribuição deste projeto de mestrado ao estado da arte.

6.1 Considerações Iniciais

Neste trabalho foram desenvolvidos algoritmos para recuperação aproximada do conjunto resposta de consultas por similaridade utilizando algoritmos genéticos. Tais algoritmos operam em dados indexados pela *Slim-tree*. Os algoritmos de RQ, k-NNQ e algumas de suas variações são parecidos. Assim, as versões baseadas em algoritmos genéticos desenvolvidas também são semelhantes. Por isso, será usado como exemplo a partir daqui o algoritmo de consulta aproximada de k-NNQ.

Note-se que, embora o ganho mais expressivo obtido com as técnicas de algoritmos genéticos ocorram nas consultas k-NN, mesmo em RQs com respostas aproximadas, a ordem em que serão acessados os nós da árvore pode influenciar na precisão das respostas, pois provavelmente não serão acessados todos os nós possíveis.

Os algoritmos desenvolvidos foram integrados aos MAMs *Slim-tree* como opções de consulta alternativas e podem ser utilizados por qualquer usuário do MAM, com a necessidade apenas da definição adicional do critério de parada, além daquelas requeridas para a utilização convencional da *Slim-tree*, que são as definições dos objetos e da função de distância (métrica) entre eles. Definições do algoritmo genético, como taxas de aplicação dos operadores e pesos também podem ser definidos. Com isso, a área de aplicação dos algoritmos desenvolvidos

abrange qualquer conjunto de dados onde uma função de distância métrica tenha sido definida.

6.2 O Algoritmo Genético

O objetivo inicial deste trabalho foi desenvolver algoritmos de busca que permitissem explorar a navegação das subárvores sem ficar restrito a uma sequência fixa, através de algoritmos genéticos.

O algoritmo genético procura pelos melhores caminhos na árvore, com o intuito de melhorar e agilizar a formação do conjunto resposta.

Para a implementação do algoritmo genético, é necessária a representação cromossômica do espaço de busca, ou seja, cada possível solução do algoritmo genético deve ser representada univocamente por um cromossomo. Portanto, cada caminho na árvore, que comece na raiz e pode chegar a um nó-folha, é considerado como um indivíduo do algoritmo genético, e é representado por um cromossomo com $h - 1$ posições onde h é a altura da árvore. A codificação dos indivíduos em cromossomos é feita a partir do caminho percorrido na estrutura, desde a raiz até o objeto. O valor inteiro presente em cada posição do cromossomo indica a posição na página do respectivo nível na árvore, como pode ser visto na Figura 6.1

Figura 6.1: Representação Cromossômica.

Com isso, dado um indivíduo que tenha um cromossomo factível, o caminho representado por esse cromossomo levará até um nó-folha, onde serão avaliados os objetos para possível inclusão no conjunto resposta.

A população inicial é gerada aleatoriamente, cada indivíduo da população é avaliado e recebe um valor de aptidão, seu *fitness*. Tal avaliação é feita com uma incursão na árvore, percorrendo o caminho representado pelo cromossomo do indivíduo e calculando sua aptidão com a função objetivo.

A aptidão de cada caminho é calculada baseando-se: em sua seletividade e na “qualidade” de seus objetos, estimada pela proximidade dos nós do caminho com o objeto de referência para consulta, como pode ser visto na Seção 6.4.

Depois de avaliados, é aplicado o operador genético de seleção sobre os indivíduos. A seleção consiste na escolha dos indivíduos da população atual para reprodução, de modo que os mais aptos tenham mais chances de se reproduzir. Foi utilizada a técnica da *roleta* [Goldberg, 1989],

discutida no capítulo anterior. Indivíduos com pouca aptidão tendem a se extinguir, enquanto os mais adaptados tendem a se reproduzir e manter suas características nas gerações seguintes. Cada indivíduo da população selecionado é copiado na nova população, para a aplicação dos operadores genéticos de cruzamento e mutação.

O operador genético de cruzamento possibilita a criação de novos indivíduos, os filhos, pela combinação dos cromossomos dos indivíduos pais. Foi utilizado o cruzamento de 1 ponto, em que os indivíduos são pareados aleatoriamente e para cada par de indivíduos é definido um ponto de cruzamento. Os cromossomos dos pais são divididos em duas partes, que são trocadas entre eles, dando origem a dois novos cromossomos filhos.

A operação de mutação altera o código genético de um indivíduo, e é aplicada de acordo com uma probabilidade definida, geralmente baixa. Uma mutação consiste na alteração aleatória do valor de um gene do cromossomo.

Depois da aplicação dos operadores genéticos é formada uma nova população, e inicia-se um novo ciclo, como pode ser visto na Figura 6.2.

Figura 6.2: Algoritmo genético para Consultas por similaridade.

O critério de parada do algoritmo genético desenvolvido é o tempo de processamento, definido pelo usuário. Como versões alternativas, também podem ser utilizados como critérios de parada o número de cálculos de distância realizados, o número de acessos a disco ou o número de gerações do algoritmo genético.

É importante ressaltar que, quando é passado como parâmetro tempo suficiente, o algoritmo realiza a consulta obtendo o mesmo conjunto resposta do algoritmo de consulta exata.

6.3 Estrutura de controle

Nos algoritmos de consulta por similaridade exatos, os nós da árvore métrica são percorridos numa ordem determinada. Com isso, cada nó-folha é acessado somente uma vez. Nos algoritmos genéticos de consulta por similaridade aproximados, pode ocorrer que um indivíduo da população atual seja idêntico a um indivíduo de uma população anterior, representando o mesmo caminho na árvore e chegando ao mesmo nó-folha, já analisado anteriormente. Também pode ocorrer de um indivíduo ter um cromossomo que leva não necessariamente até o mesmo nó-folha, mas à uma área da árvore métrica que já foi percorrida e analisada.

Para tratar desses problemas, foi criada uma estrutura de controle auxiliar, que armazena as distâncias já calculadas entre o objeto de referência e os representativos dos nós já percorridos da árvore, as quais ainda podem ser necessárias para o algoritmo de consulta.

6.4 Função Objetivo

No caso do algoritmo k-NNQ, como são procurados os objetos mais próximos ao objeto de referência para consulta, procura-se minimizar a distância entre os objetos indexados e o objeto de referência na construção do conjunto de resposta do algoritmo genético.

Como foi dito anteriormente, a aptidão de um caminho é calculada baseando-se na “qualidade” do objetos alcançados e pela quantidade de objetos qualificados para compor o conjunto resposta.

Quando um cromossomo representa um caminho factível, ou seja, um caminho que leva até um nó-folha, o algoritmo genético para consultas por similaridade analisa o nó-folha, qualificando esse nó utilizando sua distância até o objeto de referência para consulta.

Para calcular a distância entre o objeto de referência para consulta e um determinado nó da árvore, foram consideradas três alternativas distintas, que diferem quanto aos objetos que são considerados no cálculo da distância:

- **Menor distância:** são avaliados os objetos do nó, e considera-se como a distância para esse nó a menor distância calculada entre um objeto desse nó e o objeto de referência para consulta;
- **Média das distâncias:** da mesma forma que a opção anterior, são avaliados os objetos nó, mas considera-se como a distância para esse nó a média das distâncias calculadas;
- **Distância para o representativo:** considera-se como a distância para o nó avaliado o valor da distância entre o objeto de referência para consulta e o objeto representativo do nó;

Os experimentos realizados indicaram a terceira alternativa como sendo a melhor, ou seja, deve-se considerar a distância entre o representativo do nó-folha e o objeto de referência, como

pode ser visto na Seção 7.2.1. Dessa forma, na implementação final dos algoritmos é considerada a “distância para o representativo” para calcular a distância entre o objeto de referência para consulta e um determinado nó da árvore

O caso em que um caminho não é factível, não chegando a um nó-folha, será discutido na Seção 6.5.

Como trata-se de um problema de minimização, é necessário mapear a função de distância para a função objetivo [Goldberg, 1989]:

$$f() = D_{Max} - d() \quad (6.1)$$

onde D_{Max} é o maior valor da função de distância calculado na geração atual, $d()$ é a função de distância métrica calculada e $f()$ é a função objetivo do algoritmo genético.

Além da distância entre o objeto de consulta e os objetos do nó-folha, outro fator importante na avaliação de um caminho é a seletividade do nó-folha, indicada pela quantidade de objetos com que o nó-folha contribuiu para a formação do conjunto resposta.

O peso da seletividade no cálculo da função objetivo é definido dinamicamente, com pequena contribuição nas primeiras gerações do algoritmo genético e aumento gradativo durante a evolução.

A seguir temos a definição da função objetivo com análise da seletividade:

$$f'() = f() + f() \times Ws \times Sel \quad (6.2)$$

onde $f'()$ é a nova função objetivo com a inclusão da seletividade, $f()$ é a função objetivo calculada sem a influência da seletividade (Equação 6.1), Sel representa a seletividade do caminho e Ws o peso dado para a seletividade, definido nas Equações 6.3 e 6.4.

A definição de Ws depende de qual o critério de parada vai ser utilizado na consulta. Abaixo temos a definição de Ws quando utiliza-se o número de gerações do algoritmo genético como critério de parada:

$$Ws = \frac{g}{g_{Max}} \quad (6.3)$$

sendo Ws o peso dado à seletividade no cálculo da função objetivo, g é a quantidade de gerações já criadas no processo de evolução e g_{Max} o número máximo de gerações para a execução atual.

Com essa definição, a seletividade não influencia no início da execução do algoritmo, tendo crescimento linear durante a evolução. De acordo com os outros critérios de parada, Ws é definido de forma similar, como por exemplo, considerando-se o critério de parada como tempo de execução:

$$Ws = \frac{t}{t_{Max}} \quad (6.4)$$

sendo Ws o peso da seletividade, t o tempo decorrido no processo de evolução até a geração

atual e t_{Max} o tempo máximo para a execução da consulta.

6.5 Tratamento de indivíduos infactíveis

Após a aplicação dos operadores genéticos de cruzamento e mutação, ou inicialmente, depois da formação da população inicial, os indivíduos gerados pelo algoritmo genético podem ter cromossomos que levem a caminhos infactíveis na árvore.

Os caminhos podem ser infactíveis por dois motivos:

- os caminhos representados pelo cromossomo passam por nós inexistentes;
- os caminhos representados pelo cromossomo passam por nós que podem ser podados utilizando-se a propriedade de desigualdade triangular.

Quando nós inexistentes na árvore estão representados pelo cromossomo de um indivíduo, como na Figura 6.3a, a técnica utilizada foi a substituição do gene que representa este nó inválido pelo gene mais próximo do original e que represente um nó válido na árvore, como pode ser visto na Figura 6.3b.

Figura 6.3: a) Cromossomo infactível; b) cromossomo corrigido

Já no segundo caso, quando o indivíduo tem um cromossomo que representa um caminho que leva a uma subárvore que pode ser podada utilizando-se a propriedade de desigualdade triangular, foram desenvolvidas duas técnicas: correção dos caminhos que podem ser podados e função objetivo com aplicação de penalidades.

6.5.1 Correção dos caminhos que podem ser podados

Com esta técnica, no final da fase de avaliação dos caminhos (Figura 6.2), todos os cromossomos representam caminhos que levam a nós-folha da árvore, a não ser no caso de todos os caminhos factíveis já terem sido percorridos, tendo sido realizada, nesse caso, uma consulta com obtenção do conjunto-resposta exato.

Quando, durante a fase de avaliação, um caminho passa por um nó que pode ser podado pela aplicação da propriedade de desigualdade triangular, ou então leva a um nó raiz de uma subárvore onde já esgotou-se as possibilidades de exploração, esse nó é substituído por um outro que seja factível, ou seja, não pode ser podado e leva a uma subárvore válida.

Esse nó válido é procurado entre os nós “irmãos” do nó inválido. No caso de não haver mais nenhum nó irmão factível, sobe-se um nível na árvore, repetindo o mesmo mecanismo no nível superior. Com isso, a subárvore onde foram esgotadas as possibilidades de busca é marcada como inválida na estrutura de controle, impedindo uma futura tentativa de explorá-la.

Portanto, nesses casos, o cromossomo original é modificado, passando a representar um caminho factível que leve até um nó-folha.

Pode-se considerar a busca por um caminho factível, no caso do cromossomo representar um caminho infactível, como um aprendizado [Concilio, 2000]. A modificação do código genético (cromossomo) baseada nesse aprendizado, como acontece na implementação do algoritmo genético para consultas aproximadas, pode ser considerada uma forma de evolução *Lamarckista* (baseada na teoria de Jean-Baptiste Lamarck, em que a influência do ambiente produz mudanças nos indivíduos, que podem transmiti-las para seus descendentes). Também existe a possibilidade da não modificação do código genético, utilizando-se o aprendizado apenas para calcular a função objetivo do indivíduo sem modificar seu cromossomo, continuando nesse caso a evolução sendo *Darwiniana* (baseada no mecanismo de seleção natural de Charles Darwin). Vários fenômenos associados com a combinação de aprendizado e evolução são coletivamente conhecidos como *Efeito Baldwin* [Whitley et al., 1991]. Nos algoritmos implementados foi utilizada a técnica de modificação do código genético.

6.5.2 Função objetivo com aplicação de penalidades

Essa técnica busca penalizar os indivíduos com cromossomos que representam caminhos infactíveis, que não atinjam um nó-folha válido.

Como foi apresentado na Seção 6.4, a função objetivo é calculada a partir da distância do objeto representativo de um nó-folha ao objeto de consulta, e da seletividade desse nó. No caso em questão, o caminho infactível não leva a um nó-folha, portanto a seletividade do caminho é nula, não contribuindo para o cálculo da função objetivo, que baseia-se somente na distância entre o objeto de consulta e o nó-índice de maior profundidade na árvore alcançado pelo caminho infactível.

Mesmo com a utilização desse expediente, é dada uma chance de aprendizado ao indivíduo em questão. Se um nó é inválido, são analisados os irmãos desse nó, e se algum deles for válido, este substitui o nó inválido e o cromossomo é alterado. É muito comum que um indivíduo muito

bem adaptado numa geração seja inválido na geração seguinte, pois já foi percorrido e esgotado seu caminho. Desta forma, pode ter-se a falsa impressão de que a área não seja promissora.

Essa estratégia também é indicada devido ao modo como os nós são lidos do disco, comentados em 6.7, sendo que os irmãos do nó inválido já têm suas distâncias calculadas de qualquer forma, e suas avaliações não implica em um custo computacional adicional significativo.

Por exemplo: um caminho infactível pode alcançar o quinto nível de uma árvore que tenha altura oito, pois o nó-índice do sexto nível representado pelo cromossomo e ainda todos seus “irmãos” são inválidos. Nesse caso, utiliza-se para o cálculo da função objetivo a distância entre o objeto de consulta e o último nó-índice válido encontrado no caminho, nesse caso o do quinto nível da árvore.

A penalidade a ser aplicada é relativa ao nível que o caminho conseguiu alcançar em sua incursão na árvore, sendo que quanto mais próximo do nó-folha esteja o nó-índice alcançado pelo caminho, menor a penalidade. A aplicação das penalidades é feita da seguinte maneira:

$$f'() = f() \times P() \quad (6.5)$$

onde $f'()$ é a nova função objetivo com a aplicação da penalidade, $f()$ é a função objetivo calculada baseando-se na distância entre o nó alcançado e o objeto de consulta (Equação 6.1) e $P()$ representa a penalidade, sendo:

$$P() = \frac{1}{(h - l) \times Wp} \quad (6.6)$$

sendo h a altura da árvore, l o nível atingido pela incursão do caminho infactível na árvore e Wp o peso dado à penalidade.

Inicialmente Wp é definido com o valor 1, mas pode ter seu valor aumentado ou diminuído, gerando penalidades mais ou menos severas.

6.6 Algoritmos desenvolvidos

O Algoritmo 6.6.1 apresenta o funcionamento básico dos algoritmos para consultas por similaridade aproximadas que foram desenvolvidos.

A população inicial é gerada aleatoriamente (linha 1), e os indivíduos gerados são, em seguida, avaliados. A avaliação é feita com a incursão na árvore seguindo o caminho representado pelo cromossomo de cada indivíduo. O procedimento *Avalia(Pop)* pode ser realizado de duas maneiras, diferindo quanto ao tratamento dos indivíduos inválidos, e apresentadas nos Algoritmos 6.6.2 e 6.6.3, detalhados a seguir.

Após a avaliação dos indivíduos da população, são selecionados pares de indivíduos para reprodução (linha 5 e 6), que serão submetidos aos operadores genéticos de cruzamento e mutação. A seleção, como foi dito antes, utiliza a técnica da roleta.

Por fim, os indivíduos gerados, armazenados na população auxiliar *AuxPop*, são copiados para população corrente *Pop*, e em seguida são avaliados para o recomeço do ciclo do algoritmo genético.

Esses procedimentos são repetidos ciclicamente gerando várias gerações de indivíduos, até que a condição de parada seja verdadeira, ou seja, o tempo de execução disponível termine.

Algoritmo 6.6.1 *k-NN para consultas aproximadas*

```

1: GeraPopulaoInicial(Pop) {População gerada aleatoriamente}
2: repita
3:   Avalia(Pop)
4:   repita
5:     pai1  $\leftarrow$  OpSelecao(Pop)
6:     pai2  $\leftarrow$  OpSelecao(Pop) {2 indivíduos selecionados para se reproduzirem}
7:     OpCruzamento(pai1, pai2, AuxPop) {descendentes armazenados em AuxPop}
8:     OpMutacao(AuxPop)
9:   até que AuxPop esteja completa
10:  Pop  $\leftarrow$  AuxPop
11: até que Condição de parada seja verdadeira {tempo de execução esgotado}

```

No Algoritmo 6.6.2 é apresentado o procedimento *Avalia*(*Pop*) utilizando Algoritmo de reparação, discutido na Seção 6.5.

D_{Max} armazena o maior valor da função de distância calculado na geração atual, *no* é um ponteiro para subárvores, e aponta inicialmente para a raiz da árvore. Considera-se no algoritmo como **no* sendo o conteúdo da subárvore apontada por *no*. Portanto **no*[0] aponta para a subárvore apontada na primeira entrada do nó.

Para cada um dos indivíduos da população, é realizada uma incursão na árvore, com o objetivo de atingir um nó-folha. Os indivíduos ind_t têm os atributos de distância, seletividade e aptidão (*fitness*).

A incursão é realizada de acordo com o caminho representado no cromossomo de cada indivíduo.

Se um gene do cromossomo indica uma subárvore que não seja válida, procura-se por uma subárvore válida no mesmo nó (linha 9). Se é encontrada, o gene (antes inválido) do cromossomo original é modificado (linha 11), passando a representar o caminho que leva a subárvore válida selecionada, e a incursão continua no nível seguinte. Se não é encontrada nenhuma subárvore válida no mesmo nó, é necessário que se suba um nível na árvore (linha 17) e repita-se a busca por uma outra subárvore que seja válida, agora no nível superior. A subárvore com possibilidades de busca esgotadas é marcada como inválida (linha 18).

Se a raiz da árvore tem suas possibilidades de busca esgotadas, o algoritmo de consulta é encerrado, e a resposta obtida pelo algoritmo é exata (linha 15).

Ao chegar na linha 19, *no* aponta para um um nó-folha, que será examinado para a composição do conjunto resposta e cálculo da adaptação (*fitness*) do indivíduo. Na linha 27 é realizado o cálculo do *fitness* de cada indivíduo, segundo a Equação 6.2

Ao final do procedimento *Avalia*(*Pop*) do Algoritmo 6.6.2, a não ser que a consulta tenha sido encerrada por ter pesquisado todos os nós válidos (linha 15), todos os indivíduos têm suas aptidões calculadas e estão prontos para serem submetidos ao processo de seleção.

No Algoritmo 6.6.3 é apresentado o procedimento *Avalia*(*Pop*) utilizando a aplicação de penalidades no cálculo da função objetivo do algoritmo genético, técnica também apresentada na Seção 6.5.

Algoritmo 6.6.2 *Avalia(Pop) utilizando Algoritmo de reparação*

```

1:  $D_{max} \leftarrow 0$ 
2:  $no \leftarrow$  nó raiz da árvore
3: para cada Indivíduo  $ind_i \in Pop$  faça
4:    $ind_i.seletividade \leftarrow 0$ 
5:   para cada Gene  $gen_g$  do  $ind_i$  faça {iniciando com  $g \leftarrow 0$  e incrementando a cada passagem}
6:     se  $*no[gen_g]$  é uma subárvore válida então
7:        $no \leftarrow *no[gen_g]$ 
8:     senão
9:       Procurar por  $*no[x]$  válido
10:      se achar  $*no[x]$  válido então
11:         $gen_g \leftarrow x$ 
12:         $no \leftarrow *no[x]$ 
13:      senão
14:        se  $g = 0$  então
15:          FIM {possibilidades de busca esgotadas}
16:        senão
17:          Decrementa( $g$ ) {sobe um nível na árvore}
18:          Marcar  $*no[gen_g]$  como inválido
          { $no$  aponta um nó-folha}
19:   para cada Objeto  $s_i \in *no$  faça
20:      $ind_i.dist \leftarrow d(s_{rep}, s_i)$ 
21:     se  $ind_i.dist > D_{max}$  então
22:        $D_{max} \leftarrow ind_i.dist$ 
23:     se  $s_i$  é qualificado então {para compor o conjunto resposta}
24:       Adicionar  $s_i$  ao conjunto resposta
25:       Incrementa( $ind_i.seletividade$ )
26: para cada Indivíduo  $ind_i \in Pop$  faça
27:    $ind_i.fitness \leftarrow (D_{max} - ind_i.dist) \times (1 + Ws \times ind_i.seletividade)$ 

```

O algoritmo tem mecanismo semelhante ao anterior, diferindo no seguinte ponto: quando um gene indica uma subárvore que não seja válida, e não é encontrada nenhuma subárvore válida no mesmo nó, o algoritmo interrompe sua incursão na árvore, marcando a subárvore como inválida e calculando a distância até o nó-índice alcançado na incursão (entre linhas 21 e 28). É também armazenado pelo indivíduo o nível alcançado na incursão, pois esse valor será utilizado na aplicação da penalidade no cálculo da função objetivo (linha 40), segundo as Equações 6.5 e 6.5

6.7 Modificações para redução de acessos a disco

Os resultados dos experimentos realizados inicialmente mostravam que os algoritmos desenvolvidos apresentavam uma boa aproximação do conjunto resposta exato com um número reduzido de cálculos de distância.

Por outro lado, a redução do número de cálculos de distância não é proporcionalmente acompanhada pela redução do tempo de execução. Tinhamos que para a realização de 50% dos cálculos de distância da busca exata eram necessários, em média, mais de 75% do tempo de execução da busca exata.

Com a análise do algoritmo e de outros experimentos realizados foi constatado que apesar da menor quantidade de cálculos de distância em relação à consulta exata, os algoritmos inicialmente desenvolvidos apresentavam um número consideravelmente maior de acessos a

Algoritmo 6.6.3 *Avalia(Pop) com aplicação de penalidades no cálculo da função objetivo*

```

1:  $D_{max} \leftarrow 0$ 
2:  $Nivel_{max} \leftarrow$  altura da árvore  $- 1$ 
3:  $Wp \leftarrow$  peso dado à penalidade
4:  $no \leftarrow$  nó raiz da árvore
5: para cada Indivíduo  $ind_t \in Pop$  faça
6:    $ind_t.nivel \leftarrow 0$ 
7:    $ind_t.seletividade \leftarrow 0$ 
8:   para cada Gene  $gen_g$  do  $ind_t$  faça {iniciando com  $g \leftarrow 0$  e incrementando a cada passagem}
9:     se  $*no[gen_g]$  é uma subárvore válida então
10:       $no \leftarrow *no[gen_g]$ 
11:      Incrementa( $ind_t.nivel$ ) {desce um nível na árvore}
12:     senão
13:       Procurar por  $*no[x]$  válido
14:       se achar  $*no[x]$  válido então
15:          $gen_g \leftarrow x$ 
16:          $no \leftarrow *no[x]$ 
17:         Incrementa( $ind_t.nivel$ ) {desce um nível na árvore}
18:       senão
19:         se  $g = 0$  então
20:           FIM {possibilidades de busca esgotadas}
21:         senão
22:           Decrementa( $g$ ) {sobe um nível na árvore}
23:           Marcar  $*no[gen_g]$  como inválido
24:            $ind_t.dist \leftarrow d(s_{rep}, s_q)$  { $s_{rep}$  é o representativo do nó alcançado:  $*no[gen_g]$ }
25:           se  $ind_t.dist > D_{max}$  então
26:              $D_{max} \leftarrow ind_t.dist$ 
27:              $ind_t.nivel \leftarrow g$  {nível alcançado na incursão}
28:             BREAK {Interrompe incursão}
29:       se  $no$  aponta para um nó folha então
30:         para cada Objeto  $s_i \in *no$  faça
31:            $ind_t.dist \leftarrow d(s_{rep}, s_q)$ 
32:           se  $ind_t.dist > D_{max}$  então
33:              $D_{max} \leftarrow ind_t.dist$ 
34:           se  $s_i$  é qualificado então {para compor o conjunto resposta}
35:             Adicionar  $s_i$  ao conjunto resposta
36:           Incrementa( $ind_t.seletividade$ )
37:   para cada Indivíduo  $ind_t \in Pop$  faça
38:      $ind_t.fitness \leftarrow (D_{max} - ind_t.dist) \times (1 + Ws \times ind_t.seletividade)$ 
39:     se Não alcançou um nó folha então
40:        $ind_t.fitness \leftarrow \frac{ind_t.fitness}{(Nivel_{max} - ind_t.nivel) \times Wp}$  {Aplica penalidade}

```

disco. Isso se deve a não existência de uma ordem definida para o percorrimto da árvore de indexação, fazendo com que as páginas fossem lidas do disco.

Para diminuir a quantidade de acessos a disco e consequentemente o tempo de execução dos algoritmos, foram feitas algumas modificações nos algoritmos.

Os algoritmos desenvolvidos inicialmente calculavam as distâncias apenas para as páginas da árvore de indexação que estavam representadas por um cromossomo, ou seja, quando uma página era lida do disco, calculava-se apenas a distância entre o objeto de referência e a página filha indicada pelo cromossomo atual, que seria percorrida pela incursão ao próximo nível da árvore. Esse expediente difere daquele utilizado no algoritmo tradicional de k-NNQ em que, quando uma página é lida do disco são calculadas as distâncias para todas as “páginas filhas” que não podem ser podadas, de modo que a página lida não precise ser recuperada novamente

do disco.

Com as modificações foram criados três novos métodos que tratam do acesso a disco. Estes métodos foram implementados sobre os dois algoritmos inicialmente desenvolvidos (que variavam quanto ao tratamento de indivíduos inativos), dando origem a seis novos algoritmos.

Os dois primeiros métodos mantêm o expediente dos algoritmos iniciais, calculando a distância apenas para a página que será acessada na incursão atual, com a inclusão de medidas paliativas que reduzem os acessos a disco. O terceiro método calcula as distâncias para todas as páginas filhas, esgotando a página atual. Os três métodos desenvolvidos são apresentados a seguir.

6.7.1 Método 1: Organização da População

As páginas lidas em todos os níveis da incursão atual são mantidas em memória mesmo depois do término da incursão e avaliação do nó-folha, de forma que só serão substituídas caso não sejam utilizadas durante a próxima incursão. Dessa forma, caso o cromossomo responsável pela próxima incursão seja parecido com o cromossomo atual, páginas utilizadas podem ser reutilizadas, sem a necessidade de releitura.

Portanto, a população atual é organizada de forma que cromossomos semelhantes sejam avaliados consecutivamente pelo algoritmo genético. Com isso, o número de acessos a disco é reduzido, principalmente em estágios mais avançados da evolução, onde diminui a diversidade populacional e os cromossomos tendem a ser mais parecidos, com a diminuição da variabilidade genética.

6.7.2 Método 2: Caches por nível

Seguindo idéia parecida com a do primeiro método, esse método mantém *caches* de memória para cada nível da árvore de indexação. O tamanho desse *cache* foi definido a partir de resultados empíricos, onde o melhor valor encontrado fica entre 1.5 e 2 vezes o tamanho da população utilizado no algoritmo genético.

Quando uma página é requisitada, ela é buscada inicialmente no *cache* relativo ao nível que deve ser alcançado. Se não for encontrada, é efetuada a leitura do disco e a página é armazenada no *cache* do seu nível na árvore de indexação.

Para a manutenção dos *caches* foi utilizada a política de substituição de páginas “Menos Recentemente Usadas” (*Least Recently Used* - LRU), que substitui a página que está sem acesso há mais tempo.

6.7.3 Método 3: Esgotamento da página lida

Esse método utiliza mecanismo semelhante ao utilizado no algoritmo k-NNQ tradicional para consultas exatas. Quando uma página é lida do disco são calculadas as distâncias para todas as “páginas filhas” que não podem ser podadas pela propriedade de desigualdade triangular.

As distâncias calculadas e outras informações sobre as páginas filhas são armazenadas em memória, garantindo portanto que uma página lida não será requisitada novamente.

Foram realizados vários experimentos, apresentados na Seção 7.2.1, que mostraram que

os algoritmos implementados com o método 3 (“Esgotamento da página lida”) apresentam os melhores resultados. Portanto, o método de “Esgotamento da página lida” foi o escolhido para a implementação final dos algoritmos.

6.8 Estratégia Elitista

Depois de implementados e testados os algoritmos genéticos para consultas aproximadas, foi desenvolvida versões dos algoritmos que aplicavam a estratégia elitista, ou seja, que garantem o indivíduo mais apto de uma geração na geração seguinte.

O elitismo foi implementado de maneira que o melhor indivíduo da geração atual seja transferido automaticamente para a geração seguinte como um indivíduo adicional, não descartando assim nenhum indivíduo gerado pela aplicação dos operadores genéticos.

Por exemplo, para uma execução do algoritmo genético com tamanho de população definido como 10, o melhor indivíduo de cada geração é copiado para a geração seguinte como sendo o 11º indivíduo da população.

Com a aplicação da estratégia elitista, o esquema do algoritmo genético para consultas aproximadas por similaridade apresentado na Figura 6.2 é modificado, como pode ser visto na Figura 6.4

Figura 6.4: Algoritmo gentico para Consultas por similaridade com aplicao da estratgia elitista.

6.9 Considerações Finais

Consultas exatas por similaridade em grandes bases de dados complexos tende a ser proibitiva, pelo seu alto custo computacional. Para tratar desse problema, neste trabalho foram desenvolvidos algoritmos para recuperação aproximada do conjunto resposta de consultas por similaridade utilizando algoritmos genéticos.

O algoritmo genético desenvolvido procura pelos melhores caminhos na árvore, agilizando a formação do conjunto resposta.

Para implementação definitiva nos MAMs *Slim-tree* foram desenvolvidos 2 algoritmos, que diferem quanto ao tratamento de indivíduos inactiváveis. No primeiro, é utilizado um algoritmo de reparação para os caminhos inactiváveis, tornando-os válidos. No segundo algoritmo, são aplicadas penalidades aos indivíduos inactiváveis.

Foram ainda utilizados alguns artifícios para agilizar a execução dos algoritmos desenvolvidos, como a utilização de métodos para redução do acesso a disco e a aplicação da estratégia elitista nos algoritmos genéticos.

Experimentos Realizados

Os métodos de indexação para dados complexos tendem a apresentar nós com sobreposição, dificultando a modelagem de sua complexidade durante as consultas. Comparar analiticamente métodos de acesso voltados para consultas por similaridade é quase inviável, sendo poucos os trabalhos que apresentam equações de estimativa de custo. Esta deficiência se deve à dificuldade em modelar a distribuição dos dados e à complexidade da estrutura interna dos métodos [Santos, 2003].

A abordagem encontrada na literatura consiste em comparar os novos métodos de acesso aos existentes, através de experimentação.

Com isso, os algoritmos desenvolvidos foram avaliados e comparados através de experimentação, seguindo a abordagem encontrada na literatura para comparação de novos métodos de acesso aos existentes. O processo de experimentação envolve a coleta e comparação de medidas de desempenho obtidas a partir de testes práticos com os algoritmos desenvolvidos.

7.1 Materiais e métodos

Os algoritmos desenvolvidos para consultas aproximadas por similaridade foram testados para validação e avaliação de desempenho com uma grande variedade de conjuntos de dados, tanto reais quanto sintéticos, que diferem quanto ao número de dimensões, o tamanho dos objetos e do conjunto de dados, distribuição dos dados no espaço e função de distância utilizada.

Os conjuntos de dados utilizados são descritos na Tabela 7.1.

O conjunto de dados “MRTHistogramas” é composto de imagens de várias partes do corpo obtidas por tomografia computadorizada. Nesse tipo de imagem, a atenuação dos Raios-X em diferentes tecidos do corpo é medida usando a escala de *Hounsfields*, onde os valores variam entre -1000 e +1000. Portanto, são considerados histogramas com 2000 dimensões.

Os conjuntos “Random50”, “Random128” e “Cluster128” foram desenvolvidos pela ferramenta *DBGen* [Bueno et al., 2004], desenvolvida no GBDI-ICMC-USP.

Para mostrar a distribuição dos objetos dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos, foi gerada a visualização de cada conjunto utilizando-se o algoritmo *FastMap* [Faloutsos & Lin, 1995], mapeando os objetos do espaço métrico para um espaço euclidiano

7.1 Materiais e métodos

Tabela 7.1: Descrição dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos.

Nome	Nro. Objs.	Dimensão	Métrica	Descrição
Random50	5000	50	L_2	Dados sintéticos aleatoriamente distribuídos
Random128	10000	128	L_2	Dados sintéticos aleatoriamente distribuídos
Cluster128	20000	128	L_2	Dados sintéticos com 8 nuvens de agrupamentos
Palavras em Inglês	25143	Adimensional	L_{Edit}	Conjunto de palavras extraídas do dicionário da língua inglesa
Histogramas256	3080	256	L_2	Histogramas de imagens de Mamografias
MIRTHistogramas	39740	2000	L_2	Histogramas de imagens de várias partes do corpo obtidas por tomografia.

de 2 dimensões. Tal mapeamento é feito visando preservar as distâncias entre os objetos no espaço métrico original. Dado um conjunto de dados e uma função distância, o *Fastmap* mapeia cada um dos objetos do conjunto em um ponto no espaço n -dimensional, geralmente espaços euclidianos de 2 ou 3 dimensões, facilitando a visualização.

Na Figura 7.1 são apresentadas as visualizações dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos.

A métrica L_{Edit} , utilizada com o conjuntos “Palavras em Inglês”, retorna o número de substituições, inserções e remoções necessárias para se obter uma palavra a partir de outra.

Os resultados foram gerados pelos algoritmos implementados em C++ (*Borland C++ Builder*), executados em um computador *AMD Athlon XP 2.6GHz*, com 512Mb de *RAM* e 40Gb de disco rígido, com o sistema operacional *Windows 2000 Professional*.

As respostas obtidas pela execução do algoritmo convencional de consulta exata são consideradas como corretas. A precisão das respostas dos algoritmos de consultas aproximadas é dada pela proporção dos objetos recuperados que são considerados corretos.

Em todos os resultados apresentados, os experimentos foram realizados com o tamanho de população do algoritmo genético sendo 10, a taxa de probabilidade de cruzamento igual a 75% e a taxa de mutação de 0,5%, valores que mostraram-se adequados para obtenção dos melhores resultados.

Para realização dos testes, os objetos de cada conjunto de dados foram aleatoriamente “embaralhados”, simulando inserções aleatórias, comuns em atividades reais em bancos de dados. De cada um dos conjuntos de dados da Tabela 7.1 foram selecionados aleatoriamente 500 objetos para compor o conjunto de objetos centrais para consultas. Dos objetos selecionados, 250 foram removidos do conjunto de dados originais. Portanto, metade dos objetos do conjunto de busca pertencem ao conjunto indexado e metade não pertence.

Os gráficos de desempenho apresentados neste capítulo foram gerados com o programa *GnuPlot*¹

¹Informações disponíveis em “<http://www.gnuplot.info>”.

Figura 7.1: Visualização da distribuição dos conjuntos de dados utilizados nos experimentos.

7.2 Resultados e discussão

Inicialmente serão mostrados os resultados de alguns experimentos realizados no decorrer do desenvolvimento do projeto, para escolhas entre implementações distintas. Em seguida, na Seção 7.2.2 são apresentados resultados de experimentos realizados com os algoritmos definitivos implementados.

7.2.1 Avaliação dos Algoritmos Iniciais

No decorrer do desenvolvimento dos algoritmos, em vários momentos apresentaram-se diversas opções para resolver um mesmo problema, com mais de uma possível implementação. Nesta seção apresentamos algumas dessas opções, e as respectivas opções de implementação escolhidas.

Cálculo da distância para nós da árvore

Inicialmente foram consideradas três alternativas para o cálculo da distância entre o objeto de referência para consulta e um nó da árvore, sendo que o valor dessa distância compõe a função objetivo para qualificação do nó:

- menor das distâncias entre objetos do nó e o objeto de referência;
- e média das distâncias de todos os objetos do nó e o objeto de referência;
- distância entre o representativo do nó e o objeto de referência;

Na Figura 7.2 são apresentados gráficos comparativos entre as três alternativas apresentadas, comparando a precisão das respostas obtidas pelos algoritmos para consultas aproximadas.

No experimento que deu origem aos gráficos da Figura 7.2 foram realizadas consultas aos 10 vizinhos mais próximos, variando-se a quantidade de gerações para evolução do algoritmo genético. Cada ponto dos gráficos é resultado da média de 500 consultas com diferentes objetos centrais de consulta, apresentando as precisões alcançadas pelas respostas em relação do tempo de execução. No primeiro gráfico com o conjunto “Histogramas256”, foi utilizado o algoritmo que utiliza a função objetivo com aplicação de penalidades, e no gráfico relativo ao conjunto “Random128” foi utilizado o algoritmo que repara os caminhos ineficazes.

Figura 7.2: Conjunto Histograma256 e conjunto Random128: Alternativas para qualificação de um nó da árvore.

Como pode ser visto, nos dois algoritmos a opção que considera a distância para o objeto representativo alcança a maior precisão em relação às outras duas opções para um mesmo tempo de execução.

Foram realizados vários experimentos que, em geral, como aconteceu nos experimentos da Figura 7.2, indicaram a terceira alternativa como sendo a melhor, ou seja, considerando a distância entre o representativo do nó e o objeto de referência. Dessa forma, essa foi a alternativa escolhida para a implementação final dos algoritmos.

Modificações para redução de acessos a disco

Como foi dito na Seção 6.7, apesar de os algoritmos implementados inicialmente apresentarem boas aproximações com um número reduzido de cálculos de distância, tais algoritmos deixavam a desejar quanto ao número de acessos a disco.

Para melhorar a performance dos algoritmos, foram desenvolvidos três métodos para redução dos acessos a disco na execução dos algoritmos aproximados:

- **Método 1 - Organização da população:** organizando a população com o agrupamento de cromossomos parecidos;
- **Método 2 - Caches por nível:** mantendo *caches* em memória dos diversos níveis da árvore;
- **Método 3 - Esgotamento da página lida:** calculando as distâncias para todas as subárvores que não podem ser podadas, garantindo que a página não será lida novamente do disco.

Foram realizados diversos testes com os algoritmos genéticos para consulta aproximada modificados. De acordo com o método utilizado para redução de acessos a disco e o tipo de tratamento dado aos indivíduos ineficazes, os algoritmos podem ser identificados nas legendas dos gráficos dessa seção segundo a Tabela 7.2.

Tabela 7.2: Identificação dos algoritmos segundo o método utilizado para redução de acessos a disco e o tipo de tratamento dado aos indivíduos ineficazes.

Método para redução de acessos a disco	Tratamento dos indivíduos ineficazes	Identificação
Algoritmo Inicialmente implementado	Algoritmo de Correção	Aprox1
	Função Objetivo com penalidades	Aprox2
Método 1	Algoritmo de Correção	Aprox3
	Função Objetivo com penalidades	Aprox4
Método 2	Algoritmo de Correção	Aprox5
	Função Objetivo com penalidades	Aprox6
Método 3	Algoritmo de Correção	Aprox7
	Função Objetivo com penalidades	Aprox8

Nos gráficos das Figuras 7.3 e 7.4 são mostradas as precisões alcançadas com relação ao número de cálculos de distância, quantidade de acessos a disco e tempo de processamento. Em todos os gráficos citados são mostrados também os valores médios obtidos pelo algoritmo de k-NNQ para consultas exatas, com a legenda de *Exato*. Todos os resultados referem-se a consultas aos 20 vizinhos mais próximos.

7.2 Resultados e discussão

Figura 7.3: *Precisão vs. Cálculos de distâncias, Precisão vs. Acessos a disco e Precisão vs. Tempo de execução*, conjunto Random50.

Nos experimentos que deram origem a tais gráficos, cada um dos pontos dos gráficos é resultado da média de 50 consultas para o conjunto de Palavras e 100 consultas para o conjunto Random50, com diferentes objetos centrais de referência para consulta.

Figura 7.4: *Precisão vs. Cálculos de distâncias, Precisão vs. Acessos a disco e Precisão vs. Tempo de execução*, conjunto Palavras em Inglês.

Os algoritmos implementados com o método 3 (“Esgotamento da página lida”) apresentam os melhores resultados quanto ao número de acessos a disco, alcançando melhores precisões com menos acessos. Quanto ao tempo de execução, os resultados obtidos pelos métodos 2 e 3 são praticamente os mesmos, com leve vantagem para o método 3. Portanto, pela superioridade dos algoritmos implementados com o método 3, este foi o escolhido para a implementação definitiva dos algoritmos de consultas aproximadas.

Aplicação da estratégia elitista

Nos experimentos dos gráficos da Figura 7.5 foram realizadas consultas aos 10 vizinhos mais próximos, variando-se a quantidade de gerações para evolução do algoritmo genético. Cada ponto dos gráficos é resultado da média de 500 consultas para com diferentes objetos centrais de consulta, apresentando as precisões alcançadas pelas respostas em relação do tempo de execução.

Os gráficos da Figura 7.5 mostram que a aplicação da estratégia elitista aumenta a precisão das respostas obtidas no mesmo tempo de execução. As melhoras são verificadas tanto no algoritmo que utiliza função objetivo com penalidades como no que utiliza algoritmo de reparação para os indivíduos ineficazes. O mesmo comportamento foi verificado com outros conjuntos de dados.

Figura 7.5: Conjunto Histograma256, aplicação da estratégia elitista. a) Algoritmos de reparação; b) Função com penalidades

Portanto, a estratégia elitista foi aplicada na implementação definitiva dos algoritmos desenvolvidos.

7.2.2 Avaliação dos Algoritmos definitivos

De acordo com as escolhas de implementação feitas no decorrer do projeto, citadas na seção anterior, foram desenvolvidos 2 algoritmos para implementação definitiva nos MAMs *Slim-tree*. Os dois algoritmos diferem somente na maneira como são tratados os indivíduos ineficazes: utilizando um algoritmo de reparação ou funções objetivo com aplicação de penalidades (detalhes na Seção 6.5).

Os algoritmos desenvolvidos foram comparados entre si, e também com o algoritmo de consulta exata dos MAMs *Slim-tree*. A motivação foi analisar o desempenho dos algoritmos desenvolvidos de acordo com o tempo de execução disponível, contrastando com o algoritmo para consultas exatas.

No experimento que deu origem ao gráfico da Figura 7.6 foram realizadas consultas aos 10 vizinhos mais próximos, variando-se a quantidade de gerações para evolução do algoritmo genético, representando a média de 500 consultas com diferentes objetos centrais de consulta, apresentando as precisões alcançadas pelas respostas em relação do tempo de execução registrado.

Como pode ser visto, para alcançar a formação do conjunto resposta exato, os algoritmos para consultas aproximadas utilizam aproximadamente o mesmo tempo do algoritmo de consulta exata. No caso deste experimento, o algoritmo utilizando a função objetivo com aplicação de penalidades alcançou a resposta exata em menos tempo do que o algoritmo de consulta exata.

Para uma melhor avaliação dos algoritmos para consultas aproximadas, os gráficos a seguir apresentam as precisões obtidas limitando a execução dos algoritmos à frações do tempo exigido para execução do algoritmo de consulta exata. O algoritmo de consulta exata é executado repetidas vezes com diferentes objetos de referência para consulta, para a obtenção do tempo

7.2 Resultados e discussão

Figura 7.6: *Precisão vs. Tempo de Execução*, conjunto Random128, comparando as precisões das respostas obtidas pelos algoritmos, variando o número de gerações do algoritmo genético.

médio de execução. Depois, com os mesmos objetos de consulta, os algoritmos aproximados são executados várias vezes, limitados por diferentes frações do tempo médio da consulta exata.

Para a geração dos gráficos da Figura 7.7 foram realizadas consultas aos 50 vizinhos mais próximos com o conjunto de dados de “Palavras em Inglês”, com o cálculo da média de 500 consultas com diferentes objetos centrais de consulta.

Analizando o gráfico *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata*, pode-se ver que com 20% do tempo requerido para uma consulta exata obtém-se aproximadamente uma precisão de 65% na formação do conjunto resposta, e com 50% do tempo da consulta exata alcança-se aproximadamente 90% de precisão para ambos os algoritmos.

Figura 7.7: *Precisão vs. Porcentagem de cálculos de distâncias da consulta exata*, *Precisão vs. Porcentagem de acessos a disco da consulta exata* e *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata*, conjunto Palavras em Inglês.

Na Figura 7.7, além da apresentação das precisões obtidas com relação ao tempo de

consulta disponível, são apresentados também as precisões com relação ao número de cálculos de distâncias e número de acessos a disco, ambos obtidos pela média nas 500 consultas. Como pode ser visto, os gráficos apresentam comportamento muito parecidos, de maneira que a análise do gráfico de *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata* é suficiente para a avaliação dos algoritmos.

Na Figura 7.8 é apresentado um gráfico de *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata* para o conjunto “Clusters128”. Para a construção do gráfico também foram executadas consultas aos 50 vizinhos mais próximos, com o cálculo da média de 500 consultas com diferentes objetos centrais de consulta.

Figura 7.8: *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata*, conjunto Cluster128.

Apesar dos resultados alcançados neste experimento não terem sido tão bons como os da Figura 7.7, pode-se observar que a média de tempo necessário para a obtenção da resposta exata pelos algoritmos de consultas aproximadas não ultrapassa a média de tempo da consulta exata. Verifica-se que com 40% do tempo requerido para uma consulta exata, obtém-se a precisão de 45% com os algoritmos para consultas aproximadas, e com 80% do tempo da consulta exata, alcança-se aproximadamente 90% de precisão.

Para a construção do gráfico da Figura 7.9 foram executadas consultas aos 50 vizinhos mais próximos, calculando a média de 50 consultas com diferentes objetos centrais de consulta.

Analizando o gráfico de *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata*, verifica-se que com 20% do tempo médio de uma consulta exata obtém-se uma resposta aproximada com precisão de 55% utilizando-se a estratégia de função objetivo com aplicação de penalidades (e aproximadamente 52% utilizando o algoritmo de reparação), e com 60% do tempo da consulta exata alcança-se aproximadamente 90% de precisão.

Nesse experimento com o conjunto “MRTHistogramas”, pode-se observar que, na média, a resposta exata não é alcançada com tempo do algoritmo exato pelo algoritmo de consultas

Figura 7.9: *Precisão vs. Porcentagem do tempo de execução da consulta exata*, conjunto MRTHistogramas.

aproximadas. Apesar disso, a precisão das respostas dos algoritmos de consultas aproximadas quando é utilizado o mesmo tempo do algoritmo exato fica entre 98% e 99%. Como a precisão mostrada no gráfico é resultado da média de 50 consultas, pode-se considerar que na maioria das vezes a resposta exata é encontrada.

Quanto à comparação entre os dois algoritmos desenvolvidos, ambos tem desempenho muito parecido. Os dois algoritmos se alternam em melhor desempenho dependendo do conjunto de dados utilizado e do raio da consulta, mas não foi possível reconhecer um padrão para a adequação de cada algoritmo a cada situação.

Por fim, existe a possibilidade de obter-se a resposta exata com os algoritmos de consulta aproximada, não limitando-se o tempo de execução dos mesmos.

Nas Figuras 7.10 e 7.11 são mostrados gráficos comparativos de desempenho entre o algoritmo de consulta exata convencional e os algoritmos desenvolvidos sem limitação de tempo de execução. Nestes experimentos, variou-se o número de vizinhos requeridos pela consulta (k). Para a construção dos gráficos foi considerada a porcentagem dos objetos do conjunto de dados recuperada pelas consultas.

Na Figura 7.10, o experimento foi realizado com o conjunto “Palavras em Inglês” e as medidas consideram a média dos cálculos de distância de 500 consultas, realizadas com objetos centrais de consulta diferentes. São apresentados gráficos que avaliam o custo das consultas considerando o tempo e o número de cálculos de distâncias.

Como pode ser visto, apesar de não ser o principal objetivo dos algoritmos desenvolvidos, neste experimento eles foram capazes de obter a resposta exata com custos inferiores aos algoritmos convencionais de consulta exata, seja considerando-se o tempo de execução ou o número de cálculos de distância. O algoritmo convencional precisou de aproximadamente 15%

Figura 7.10: Média de cálculos de distância vs. % de dados recuperados pela consulta k -NN e Tempo de execução vs. % de dados recuperados pela consulta k -NN, conjunto Palavras em Inglês, comparando o algoritmo de k -NNQ exato com os algoritmos para consultas aproximadas sem limite de tempo para execução

a mais de tempo do que o algoritmo de consultas aproximadas para obter a mesma resposta, com a consulta recuperando 5% do conjunto de dados.

Experimento similar foi realizado com o conjunto “Random128”, dando origem ao gráfico da Figura 7.11. As medidas também consideram a média dos cálculos de distância de 500 consultas, realizadas com objetos centrais de consulta diferentes. O gráfico apresenta o custo das consultas considerando o número de cálculos de distâncias.

Figura 7.11: Média de cálculos de distância vs. % de dados recuperados pela consulta k -NN, conjunto Random128, comparando o algoritmo de k -NNQ exato com os algoritmos para consultas aproximadas sem limitar o tempo de execução

Neste experimento, o algoritmo convencional de consulta exata realizou 8% a mais de cálculos de distância do que o algoritmo de consultas aproximadas para consultas recuperando 5% do conjunto de dados, e 12% a mais com consultas recuperando 10% do conjunto de dados.

7.3 Considerações Finais

Os algoritmos desenvolvidos foram avaliados com uma grande variedade de experimentos. Neste capítulo foram apresentados alguns dos experimentos realizados, feitos com dados sintéticos e reais, com dimensionalidades, distribuições e tamanhos variados. Os experimentos visaram, durante o desenvolvimento do projeto, comparar estratégias distintas de implementações possíveis.

As estratégias utilizadas para a redução de acessos a disco e a aplicação da estratégia elitista na execução do algoritmo genético surtiram os efeitos desejados, melhorando a performance dos algoritmos desenvolvidos.

Posteriormente, os algoritmos desenvolvidos para consultas aproximadas foram comparados com o algoritmo convencional para consulta exata.

Como pode ser visto, os algoritmos desenvolvidos são capazes de obter respostas aproximadas com boa precisão utilizando apenas uma fração do tempo exigido pela consulta exata. Com o conjunto de “Palavras em Inglês”, por exemplo, foram obtidas respostas com precisão superior a 90% utilizando apenas metade do tempo da consulta exata. Já com o conjunto “MRTHistogramas”, respostas com precisão de aproximadamente 55% foram obtidas com a utilização de apenas 20% do tempo da consulta exata com o algoritmo convencional.

Além disso, apesar de não ser o principal objetivo dos algoritmos desenvolvidos, eles mostraram-se capazes de obter a resposta exata com custos inferiores aos algoritmos convencionais de consulta exata, considerando-se o tempo de execução ou o número de cálculos de distância.

Em resumo, os resultados dos experimentos demonstraram que os algoritmos desenvolvidos são eficientes para a realização de consultas aproximadas e até mesmo para consultas exatas.

Conclusões

Os SGBDs foram desenvolvidos inicialmente com o objetivo de armazenar e recuperar grandes arquivos de dados, compostos de atributos numéricos e textuais. A recuperação exata é um requisito das aplicações que os SGBDs originalmente deveriam suportar.

Atualmente, outras aplicações foram incluídas no rol daquelas que os gerenciadores devem suportar, culminando atualmente no esforço para armazenar e recuperar adequadamente dados muito mais complexos, tais como dados multimídia, estruturas genéticas, etc. Para dados desse tipo não existe a relação de ordem total entre os elementos, e a similaridade entre pares de elementos é a relação utilizada na realização de consultas.

Em domínios de dados complexos, são quase sempre extraídas características dos elementos, que são utilizadas para realizar comparações com outros elementos, ao invés de utilizar os próprios elementos de dados. Portanto, consultas exatas realizadas sobre dados nesse tipo de domínio obtêm respostas exatas segundo as características utilizadas nas comparações, mas frequentemente isso não implica que as respostas obtidas sejam as melhores, ou então exatas, segundo a percepção do usuário. Dessa forma, os resultados obtidos por algoritmos para consultas aproximadas podem ser tão bons quanto aqueles obtidos pelos algoritmos de consultas exatas, muito mais custosos.

Neste trabalho foram desenvolvidos algoritmos para consultas por similaridade aproximadas em domínios métricos, empregando algoritmos genéticos para acelerar a obtenção de respostas aproximadas.

Os algoritmos desenvolvidos têm sua execução limitada a um tempo pré-determinado, fornecido pelo usuário da consulta. Se o tempo for suficiente, a resposta exata é obtida.

Durante a execução dos algoritmos, é explorada a navegação das subárvores buscando melhores caminhos de incursão na árvore, visando refinar o conjunto resposta. Uma boa aproximação do conjunto-resposta exato pode ser obtida com um subconjunto de subárvores percorridas bem menor do que o conjunto de todas as subárvores válidas.

Os resultados dos experimentos realizados mostram que os algoritmos desenvolvidos são capazes de obter respostas aproximadas com boa precisão utilizando apenas uma fração do tempo exigido pela consulta exata. Respostas com precisão superior a 90% foram obtidas

8.1 Trabalhos futuros

limitando o tempo de execução dos algoritmos a apenas metade do tempo da consulta exata com o algoritmo convencional, e respostas com até 65% de precisão foram obtidas com 20% do tempo da consulta exata.

Além disso, as estratégias de busca baseadas em algoritmos genéticos também podem ser utilizadas para a obtenção das mesmas respostas exatas que os algoritmos tradicionais. Em muitos casos, a resposta exata é obtida com um custo menor do que com os algoritmos tradicionais.

Por fim, vale ressaltar que os experimentos apresentados neste trabalho comparam as respostas obtidas pelos algoritmos desenvolvidos com aquelas dos algoritmos tradicionais de consultas exatas. Mas como já foi discutido antes neste trabalho, respostas que não são consideradas exatas considerando comparações sobre as características extraídas podem ser consideradas corretas por um usuário humano. Assim, considerando a percepção humana, os algoritmos desenvolvidos podem recuperar respostas tão boas quanto aquelas obtidas pelo algoritmo para consultas exatas.

8.1 Trabalhos futuros

O trabalho realizado durante este mestrado proporciona a continuação da pesquisa referente a consultas por similaridade em domínios métricos, utilizando algoritmos genéticos. Algumas possibilidades para trabalhos futuros são:

- Adaptação dos algoritmos desenvolvidos para algoritmos genéticos paralelos, aproveitando o paralelismo implícito dos algoritmos genéticos;
- Implementação dos algoritmos desenvolvidos utilizando outros métodos de acesso métricos disponíveis na literatura, e realização de experimentos comparativos;
- Inclusão de novos operadores genéticos ainda não explorados. Explorar a formação de nichos e subpopulações;
- Inclusão de novas heurísticas de busca e otimização, gerando algoritmos genéticos híbridos. Incorporação de busca local mais efetiva: algoritmos meméticos;
- Desenvolvimento de versões dos algoritmos genéticos desenvolvidos com critério de parada relativo ao erro das respostas.
- Realização de experimentos comparativos com a implementação de outros operadores de consulta por similaridade.

Referências Bibliográficas

- [Acharya et al., 1999] Acharya, S., Gibbons, P. B., e Poosala, V. (1999). Aqua: A fast decision support systems using approximate query answers. In Atkinson, M. P., Orłowska, M. E., Valduriez, P., Zdonik, S. B., e Brodie, M. L., editors, *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 754–757, Edinburgh, Scotland. Morgan Kaufmann.
- [Acharya et al., 2000] Acharya, S., Gibbons, P. B., e Poosala, V. (2000). Congressional samples for approximate answering of group-by queries. In Chen, W., Naughton, J. F., e Bernstein, P. A., editors, *ACM Intl Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 487–498, Dallas, TX. ACM Press.
- [Aggarwal, 2001] Aggarwal, C. C. (2001). Re-designing distance functions and distance-based applications for high dimensional data. *SIGMOD Record*, 30(1):13–18.
- [Aggarwal et al., 2001] Aggarwal, C. C., Hinneburg, A., e Keim, D. A. (2001). On the surprising behavior of distance metrics in high dimensional spaces. In Bussche, J. V. d. e Vianu, V., editors, *ICDT 2001*, pp. 420–434, London, UK. Springer Verlag.
- [Albuz et al., 2001] Albuz, E., Kocalar, E., e Khokhar, A. A. (2001). Scalable color image indexing and retrieval using vector wavelets. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 13(5):851–861.
- [Athitsos et al., 2004] Athitsos, V., Alon, J., Sclaroff, S., e Kollios, G. (2004). Boostmap: A method for efficient approximate similarity rankings. In *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 268–275.
- [Beckmann et al., 1990] Beckmann, N., Kriegel, H.-P., Schneider, R., e Seeger, B. (1990). The R*-tree: An efficient and robust access method for points and rectangles. In *ACM Intl Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 322–331.
- [Berchtold et al., 1998] Berchtold, S., Böhm, C., e Kriegel, H.-P. (1998). The Pyramid-tree: Breaking the curse of dimensionality. In *ACM Intl Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 142–153, Seattle, WA.
- [Berchtold et al., 1996] Berchtold, S., Keim, D. A., e Kriegel, H.-P. (1996). The X-tree: An index structure for high-dimensional data. In *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 28–39, Bombay, India.
- [Böhm, 2000] Böhm, C. (2000). A cost model for query processing in high dimensional data spaces. *ACM Transactions on Database Systems (TODS)*, 25(2):129–178.
- [Böhm et al., 2001] Böhm, C., Berchtold, S., e Keim, D. A. (2001). Searching in high-dimensional spaces - index structures for improving the performance of multimedia databases. *ACM Computing Surveys*, 33(3):322–373.

-
- [Böhm & Kriegel, 2001] Böhm, C. e Kriegel, H.-P. (2001). A cost model and index architecture for the similarity join. In *Intl. Conf. on Data Engineering (ICDE)*, pp. 411–420, Heidelberg, Germany. IEEE Computer Society.
- [Blickle & Thiele, 1995] Blickle, T. e Thiele, L. (1995). A comparison of selection schemes used in genetic algorithms. TIK-Report 11, TIK Institut für Technische Informatik und Kommunikationsnetze, Computer Engineering and Networks Laboratory, ETH, Swiss Federal Institute of Technology.
- [Braunmüller et al., 2000] Braunmüller, B., Ester, M., Kriegel, H.-P., e Sander, J. (2000). Efficiently supporting multiple similarity queries for mining in metric databases. In *16th International Conference on Data Engineering - ICDE*, pp. 256–267, San Diego, CA. IEEE Computer Society.
- [Brin, 1995] Brin, S. (1995). Near neighbor search in large metric spaces. In Dayal, U., Gray, P. M. D., e Nishio, S., editors, *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 574–584, Zurich, Switzerland. Morgan Kaufmann.
- [Bueno et al., 2004] Bueno, R., Traina, Ferreira, M. R. P., e Traina, Caetano, J. (2004). Dbgen, manual da ferramenta. Relatório técnico 246, ICMC/USP, Universidade de São Paulo.
- [Burkhard & Keller, 1973] Burkhard, W. A. e Keller, R. M. (1973). Some approaches to best-match file searching. *Communications of the ACM*, 16(4):230–236.
- [Bustos & Navarro, 2004] Bustos, B. e Navarro, G. (2004). Probabilistic proximity search algorithms based on compact partitions. *Journal of Discrete Algorithms*, 2(1):115–134.
- [Cai et al., 2001] Cai, J.-y., Chakaravarthy, V. T., Kaushik, R., e Naughton, J. F. (2001). On the complexity of join predicates. In *Symposium on Principles of Database Systems (PODS'2001)*, pp. 207–214, New York, NY, USA. ACM Press.
- [Chakrabarti et al., 2001] Chakrabarti, K., Garofalakis, M., Rastogi, R., e Shim, K. (2001). Approximate query answering using wavelets. *VLDB Journal*, 10 (Special Issue, Best Papers of VLDB 2000)(3):199–223.
- [Chávez & Navarro, 2003] Chávez, E. e Navarro, G. (2003). Probabilistic proximity search: Fighting the curse of dimensionality in metric spaces. *Information Processing Letters*, 85:39–46.
- [Chávez & Navarro, 2001] Chávez, E. e Navarro, G. (2001). Towards measuring the searching complexity of metric spaces. In *Proc. Mexican Computing Meeting*, v. II, pp. 969–978, Aguascalientes, México. Sociedad Mexicana de Ciencias de la Computación.
- [Chávez et al., 2001] Chávez, E., Navarro, G., Baeza-Yates, R. A., e Marroquín, J. L. (2001). Searching in metric spaces. *ACM Computing Surveys*, 33(3):273–321.
- [Ciaccia & Patella, 2000] Ciaccia, P. e Patella, M. (2000). PAC nearest neighbor queries: Approximate and controlled search in high-dimensional and metric spaces. In *16th International Conference on Data Engineering - ICDE*, pp. 244–255, San Diego, CA. IEEE Computer Society.
- [Ciaccia et al., 1997] Ciaccia, P., Patella, M., e Zezula, P. (1997). M-tree: An efficient access method for similarity search in metric spaces. In Jarke, M., editor, *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 426–435, Athens, Greece.

- [Concilio, 2000] Concilio, R. (2000). *Contribuições à Solução de Problemas de Escalonamento pela Aplicação Conjunta de Computação Evolutiva e Otimização com Restrições*. Dissertação de mestrado, Universidade Estadual de Campinas, FEEC. Orientador: Prof. Dr. Fernando José Von Zuben.
- [Cortes & Pregibon, 2001] Cortes, C. e Pregibon, D. (2001). Signature-based methods for data streams. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 5(3):167–182.
- [Das et al., 2003] Das, A., Gehrke, J., e Riedewald, M. (2003). Approximate join processing over data streams. In *SIGMOD '03: Proceedings of the 2003 ACM SIGMOD international conference on Management of data*, pp. 40–51. ACM Press.
- [Davis, 1999] Davis, E. (1999). Order of magnitude comparisons of distance. *Journal of Artificial Intelligence Research*, 10:1–38.
- [De Jong, 1975] De Jong, K. A. (1975). *An Analysis of the Behavior of a Class of Genetic Adaptive Systems*. Tese de doutorado, University of Michigan, Dept. of Computer and Communication Sciences.
- [Faloutsos, 1996] Faloutsos, C. (1996). *Searching Multimedia Databases by Content*. Kluwer Academic Publishers, Norwell, MA, USA.
- [Faloutsos, 1997] Faloutsos, C. (1997). Indexing of multimedia data. In *Multimedia Databases in Perspective*, pp. 219–245. Springer Verlag.
- [Faloutsos & Lin, 1995] Faloutsos, C. e Lin, K.-I. D. (1995). FastMap: A fast algorithm for indexing, data-mining and visualization of traditional and multimedia datasets. In Carey, M. J. e Schneider, D. A., editors, *ACM SIGMOD International Conference on Management of Data*, pp. 163–174, San Jose, CA. ACM Press.
- [Gaede & Günther, 1998] Gaede, V. e Günther, O. (1998). Multidimensional access methods. *ACM Computing Surveys*, 30(2):170–231.
- [Gionis et al., 1999] Gionis, A., Indyk, P., e Motwani, R. (1999). Similarity search in high dimensions via hashing. In Atkinson, M. P., Orlowska, M. E., Valduriez, P., Zdonik, S. B., e Brodie, M. L., editors, *International Conference on Very Large Databases (VLDB)*, v. 1, pp. 518–529, Edinburgh, Scotland, UK. Morgan Kaufmann.
- [Goldberg, 1989] Goldberg, D. E. (1989). *Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning*. Addison-Wesley, 1 edition.
- [Goldstein & Ramakrishnan, 2000] Goldstein, J. e Ramakrishnan, R. (2000). Contrast plots and P-sphere trees: space vs. time in nearest neighbour searches. In *26th VLDB*, pp. 429–440.
- [Güting, 1994] Güting, R. H. (1994). An introduction to spatial database systems. *VLDB Journal*, 3(4):357–399.
- [Guttman, 1984] Guttman, A. (1984). R-tree: A dynamic index structure for spatial searching. In *ACM Int'l Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 47–57, Boston, MA. ACM Press.
- [Hinneburg et al., 2000] Hinneburg, A., Aggarwal, C. C., e Keim, D. A. (2000). What is the nearest neighbor in high dimensional spaces? In El Abbadi, A., Brodie, M. L., Chakravarthy, S., Dayal, U., Kamel, N., Schlageter, G., e Whang, K.-Y., editors, *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 506–515, Cairo - Egypt. Morgan Kaufmann.

-
- [Hjaltason & Samet, 2000] Hjaltason, G. R. e Samet, H. (2000). Incremental similarity search in multimedia databases. Computer Science Department TR-4199, University of Maryland, College Park, MD.
- [Hjaltason & Samet, 2003] Hjaltason, G. R. e Samet, H. (2003). Index-driven similarity search in metric spaces. *ACM Trans. Database Syst.*, 28(4):517–580.
- [Holland, 1975] Holland, J. H. (1975). *Adaptation in natural and artificial systems*. University of Michigan Press, Ann Arbor.
- [Indyk & Motwani, 1998] Indyk, P. e Motwani, R. (1998). Approximate nearest neighbors: Towards removing the curse of dimensionality. In *Proceedings of the 30th Annual ACM Symposium on the Theory of Computing*, pp. 604–613, Dallas.
- [Ioannidis & Poosala, 1999] Ioannidis, Y. E. e Poosala, V. (1999). Histogram-based approximation of set-valued query-answers. In *VLDB '99: Proceedings of the 25th International Conference on Very Large Data Bases*, pp. 174–185. Morgan Kaufmann Publishers Inc.
- [Johnson & Shasha, 1993] Johnson, T. e Shasha, D. (1993). The performance of current B-tree algorithms. *ACM Transactions on Database Systems (TODS)*, 18(1):51–101.
- [Kim et al., 2001] Kim, S.-W., Aggarwal, C. C., e Yu, P. S. (2001). Effective nearest neighbor indexing with the euclidean metric. In *Tenth International Conference on Conference on Information and Knowledge Management (CIKM)*, pp. 9–16, Atlanta, GA. ACM Press.
- [Kollios et al., 2001] Kollios, G., Gunopulos, D., Koudas, N., e Berchtold, S. (2001). An efficient approximation scheme for data mining tasks. In *Intl. Conf. on Data Engineering (ICDE)*, pp. 453–462, Heidelberg, Germany. IEEE Computer Society.
- [Korn et al., 2001] Korn, F., Pagel, B.-U., e Faloutsos, C. (2001). On the ‘dimensionality curse’ and the ‘self-similarity blessing’. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 13(1):96–111.
- [Korn et al., 1996] Korn, F., Sidiropoulos, N., Faloutsos, C., Siegel, E. L., e Protopapas, Z. (1996). Fast nearest neighbor search in medical image databases. In *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 215–226, Bombay, India. Morgan Kaufmann.
- [Koudas et al., 2004] Koudas, N., Ooi, B. C., Tan, K.-L., e Zhang, R. (2004). Approximate nn queries on streams with guaranteed error/performance bounds. In *VLDB*, pp. 804–815.
- [Koudas & Sevcik, 2000] Koudas, N. e Sevcik, K. C. (2000). High dimensional similarity joins: Algorithms and performance evaluation. *IEEE Trans. on Knowledge and Data Engineering*, 12(1):3–18.
- [Lee et al., 1998] Lee, S., Cheung, D. W., e Kao, B. (1998). Is sampling useful in data mining? a case in the maintenance of discovered association rules. *Data Mining and Knowledge Discovery*, 2(3):233–262.
- [Li et al., 2002] Li, C., Chang, E., García-Molina, H., e Wiederhold, G. (2002). Clustering for approximate similarity search in high-dimensional spaces. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 14(4):792–808.

- [Marques et al., 2000] Marques, P. M. d. A., Santos, R. R. d., Traina, A. J. M., Traina, Cactano, J., e Buono, J. M. (2000). Image retrieval based on texture content. In *World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering (WC2000)* 726., p., Chicago.
- [Palmer & Faloutsos, 2000] Palmer, C. R. e Faloutsos, C. (2000). Density biased sampling: An improved method for data mining and clustering. In *ACM Int'l Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 82–92, San Diego, CA. ACM Press.
- [Papadias, 2000] Papadias, D. (2000). Hill climbing algorithms for content-based retrieval of similar configurations. In Belkin, N. J., Ingwersen, P., e Leong, M.-K., editors, *23rd Annual International ACM SIGIR Conference on Research and Development in Information Retrieval*, pp. 240–247, Athens, Greece. ACM Press.
- [Papadias & Arkoumanis, 2002] Papadias, D. e Arkoumanis, D. (2002). Approximate processing of multiway spatial joins in very large databases. In Jensen, C. S., Jeffery, K. G., Pokorný, J., Saltenis, S., Bertino, E., Böhm, K., e Jarke, M., editors, *8th Intl. Conf. on Extending Database Technology (EDBT)*, v. 2287 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 179–196, Prague, Czech Republic. Springer Verlag. ISBN 3-540-43324-4.
- [Papadias et al., 2000] Papadias, D., Mamoulis, N., e Delis, V. (2000). Approximate spatio-temporal retrieval. *ACM Transactions on Information Systems (TOIS)*, 19(1):53–96.
- [Papadias et al., 1998] Papadias, D., Mamoulis, N., e Meretakis, D. (1998). Image similarity retrieval by spatial constraints. In Gardarin, G., French, J. C., Pissinou, N., Makki, K., e Bouganim, L., editors, *International Conference on Information and Knowledge Management (CIKM)*, pp. 289–296, Bethesda, MD. ACM Press.
- [Papadias et al., 1999] Papadias, D., Mamoulis, N., e Theodoridis, Y. (1999). Processing and optimization of multiway spatial joins using R-trees. In *ACM Symp. on Principles of Database Systems (PODS)*, pp. 44–55, Philadelphia, PA. ACM Press.
- [Papadias et al., 1995] Papadias, D., Theodoridis, Y., Sellis, T. K., e Egenhofer, M. J. (1995). Topological relations in the world of minimum bounding rectangles: A study with R-trees. In Carey, M. J. e Schneider, D. A., editors, *ACM Int'l Conference on Data Management (SIGMOD)*, pp. 92–103. San Jose, CA. ACM Press.
- [Petrakis & Faloutsos, 1997] Petrakis, E. G. e Faloutsos, C. (1997). Similarity searching in medical image databases. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 9(3):435–447.
- [Petrakis et al., 2002] Petrakis, E. G., Faloutsos, C., e Lin, K.-I. D. (2002). ImageMap: An image indexing method based on spatial similarity. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 14(5):979–987.
- [Podgorelec et al., 1999] Podgorelec, V., Kokol, P., e Završnik, J. (1999). Medical diagnosis prediction using genetic programming. In *12th IEEE Symposium on Computer-Based Medical Systems (CBMS'00)*, pp. 202–207, Stamford, CO. IEEE Computer Society.
- [Roussopoulos et al., 1995] Roussopoulos, N., Kelley, S., e Vincent, F. (1995). Nearest neighbor queries. In Carey, M. J. e Schneider, D. A., editors, *ACM SIGMOD International Conference on Management of Data*, pp. 80–91, San Jose, CA. ACM Press.
- [Rubner & Tomasi, 2001] Rubner, Y. e Tomasi, C. (2001). *Perceptual Metrics for Image Database Navigation*. The Kluwer International Series in Engineering and Computer Science. Kluwer Academic Publishers.

-
- [Sakurai et al., 2001] Sakurai, Y., Yoshikawa, M., Kataoka, R., e Uemura, S. (2001). Similarity search for adaptive ellipsoid queries using spatial transformation. In Apers, P. M. G., Atzeni, P., Ceri, S., Paraboschi, S., Ramanohanarao, K., e Snodgrass, R. T., editors, *27th International Conference on Very Large Data Bases*, pp. 231–240, Roma, Italy. Morgan Kaufmann.
- [Sakurai et al., 2000] Sakurai, Y., Yoshikawa, M., Uemura, S., e Kojima, H. (2000). The A-tree: An index structure for high-dimensional spaces using relative approximation. In El Abbadi, A., Brodie, M. L., Chakravarthy, S., Dayal, U., Kamel, N., Schlageter, G., e Whang, K.-Y., editors, *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 516–526, Cairo - Egypt. Morgan Kaufmann.
- [Santos, 2003] Santos, Roberto Figueira, F. (2003). *Métodos de Acesso Métricos para suporte a consultas por similaridade: Apresentação da Técnica OMNI*. Tese de doutorado, Universidade de São Paulo, Instituto de Ciências Matemáticas e de Computação, São Carlos, Brasil. Orientadora: Profa. Dra. Agma Juci Machado Traina.
- [Santos et al., 2001] Santos, Roberto Figueira, F., Traina, A. J. M., Traina, Caetano, J., e Faloutsos, C. (2001). Similarity search without tears: The OMNI family of all-purpose access methods. In *Intl. Conf. on Data Engineering (ICDE)*, pp. 623–630, Heidelberg, Germany. IEEE Computer Society.
- [Sellis et al., 1987] Sellis, T. K., Roussopoulos, N., e Faloutsos, C. (1987). The R+-tree: A dynamic index for multi-dimensional objects. In *Intl. Conf. on Very Large Databases (VLDB)*, pp. 507–518, Brighton, England. Morgan Kaufmann.
- [Shim et al., 2002] Shim, K., Srikant, R., e Agrawal, R. (2002). High-dimensional similarity joins. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 14(1):156–171.
- [Smeulders et al., 2000] Smeulders, A. W. M., Worring, M., Santini, S., Gupta, A., e Jain, R. (2000). Content-based image retrieval at the end of the early years. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(12).
- [Stehling et al., 2000] Stehling, R. O., Nascimento, M. A., e Falcão, A. X. (2000). On “shapes” of colors for content-based image retrieval. In *ACM 2nd Intl. Workshop on Multimedia Information Retrieval*, pp. 171–174, Los Angeles, CA. ACM Press.
- [Traina et al., 2002a] Traina, Caetano, J., Traina, A. J. M., Faloutsos, C., e Seeger, B. (2002a). Fast indexing and visualization of metric datasets using Slim-trees. *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 14(2):244–260.
- [Traina et al., 2002b] Traina, Caetano, J., Traina, A. J. M., Santos, Roberto Figueira, F., e Faloutsos, C. (2002b). How to improve the pruning ability of dynamic metric access methods. In *Eleventh International Conference on Information and Knowledge Management (CIKM’2002)*, pp. 219–226, McLean, VA - EUA. ACM Press.
- [Traina et al., 2000] Traina, Caetano, J., Traina, A. J. M., Seeger, B., e Faloutsos, C. (2000). Slim-trees: High performance metric trees minimizing overlap between nodes. In Zaniolo, C., Lockemann, P. C., Scholl, M. H., e Grust, T., editors, *Intl. Conf. on Extending Database Technology*, v. 1777 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 51–65, Konstanz, Germany. Springer.
- [Tversky, 1977] Tversky, A. (1977). Features of similarity. *Psychological Review*, 84(4):327–352.

- [Tversky & Gati, 1982] Tversky, A. e Gati, I. (1982). Similarity, separability and the triangle inequality. *Psychological Review*, 89(1):123–154.
- [Uhlmann, 1991] Uhlmann, J. K. (1991). Satisfying general proximity/similarity queries with metric trees. *Information Processing Letter*, 40(4):175–179.
- [Vailaya et al., 2001] Vailaya, A., Figueiredo, M. A. T., Jain, A. K., e Zhang, H.-J. (2001). Image classification for content-based indexing. *IEEE Transactions on Image Processing*, 10(1):117–30.
- [Vieira et al., 2004] Vieira, M. R., Traina, C., J., Chino, F. J. T., e Traina, A. J. M. (2004). DBM-tree: A dynamic metric access method sensitive to local density data. In *XIX Simpósio Brasileiro de Banco de Dados (SBBD)*, pp. 163–177, Brasília - DF.
- [Wang et al., 2000] Wang, X., Wang, J. T.-L., Lin, K.-I., Shasha, D., Shapiro, B. A., e Zhang, K. (2000). An index structure for data mining and clustering. *Knowl. Inf. Syst.*, 2(2):161–184.
- [Weber & Böhm, 2000] Weber, R. e Böhm, K. (2000). Trading quality for time with nearest-neighbor search. In Zaniolo, C., Lockemann, P. C., Scholl, M. H., e Grust, T., editors, *7th Intl. Conf. on Extending Database Technology (EDBT)*, v. 1777 of *Lecture Notes in Computer Science*, pp. 21–35, Konstanz, Germany. Springer Verlag. ISBN 3-540-67227-3.
- [Whitley et al., 1994] Whitley, D. L., Gordon, V. S., e Mathias, K. E. (1994). Lamarckian evolution, the Baldwin effect and function optimization. In Davidor, Y., Schwefel, H.-P., e Männer, R., editors, *Parallel Problem Solving from Nature – PPSN III*, pp. 6–15, Berlin. Springer.
- [Yang & Lin, 2001] Yang, C. e Lin, K.-I. (2001). An index structure for efficient reverse nearest neighbor queries. In *Intl. Conf. on Data Engineering (ICDE)*, pp. 485–492, Heidelberg, Germany. IEEE Computer Society.
- [Yang & Lin, 2002] Yang, C. e Lin, K.-I. (2002). An index structure for improving closest pairs and related join queries in spatial databases. In Nascimento, M. A., Özsu, M. T., e Zaiane, O. R., editors, *International Database Engineering and Applications Symposium (IDEAS'02)*, pp. 140–149, Edmonton, Alberta, Canada. IEEE Computer Society. Proceedings. IEEE Computer Society 2002.
- [Yianilos, 1993] Yianilos, P. N. (1993). Data structures and algorithms for nearest neighbor search in general metric spaces. In *Fourth Annual ACM/SIGACT-SIAM Symposium on Discrete Algorithms - SODA*, pp. 311–321, Austin, TX.
- [Zezula et al., 1998] Zezula, P., Savino, P., Amato, G., e Rabitti, F. (1998). Approximate similarity retrieval with M-trees. *VLDB J.*, 7(4):275–293.
- [Zisman, 1993] Zisman, A. (1993). *A Árvore-B e uma fronteira de implementação*. Dissertação de mestrado, Universidade de São Paulo. Orientador: Prof. Dr. Valdemar W. Setzer.
- [Zrimec, 2001] Zrimec, T. (2001). A medical image information system. In Smeulders, A. W. M. e Ghebreab, S., editors, *VISIM Workshop: Information Retrieval and Exploration in Large Collections of Medical Images 5*, p., Utrecht, Netherland.