









### 2.1.1 直接连接(direct linking)

直接连接法中,用连线将匹配节点连接,用以引导用户建立起视觉连接和数据实体连接的关系.而连线的透明度可以用来度量相似度,颜色可以编码类别等信息.

Chevalier 等人<sup>[18]</sup>使用带注解的语法树可视化 C++源代码的演变过程,以此来检测不同代码片段的变化.作者根据语义信息和结构信息将 C++代码整合成为树形结构,用连线连接代表相同代码片段的节点,通过比较来分析代码中哪些地方有改变,哪些地方没有改变.如图 2(a)所示,容易看出,代码段 C 和 J 在右侧版本中被删除而在右侧版本中新添加了代码段 M.

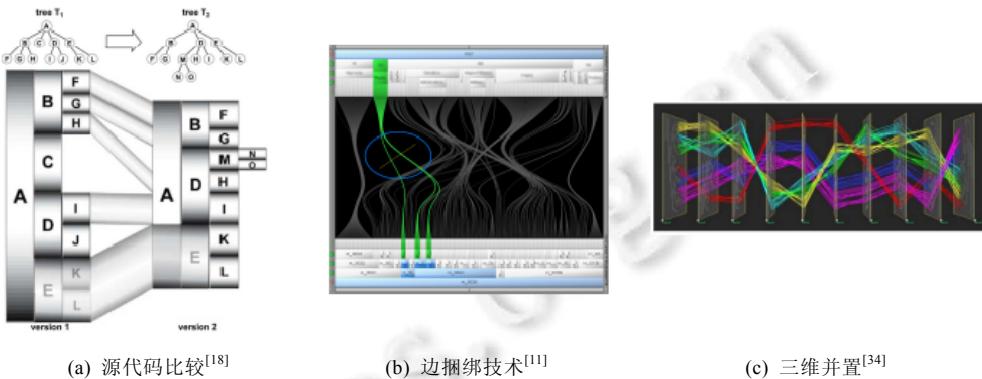


Fig.2 Juxtaposition-Direct linking

图 2 并置-直接连接

当采用直接连接法时,连线较多会使得整个可视化显示变得混乱,不易于数据的理解.边捆绑(hierarchical edge bundle,简称 HEB)技术是一种常用的处理方式,将位置上接近的连线进行一定程度的合并,能够减少连线过多造成的视觉混乱.周虹等人<sup>[48]</sup>详细介绍了边捆绑在信息可视化中的使用.Holten 等人<sup>[11]</sup>把边捆绑应用在源代码比较可视化中,使得两棵树结构的分离和偏移更加明显(如图 2(b)所示).Teleah 等人<sup>[16]</sup>在他们的工作 CodeFlow 中,对 C++源代码进行可视化时,同样使用了 HEB 技术,用来比较不同代码中的结构差异.

Stewart 等人<sup>[34]</sup>将并置的比较方法应用在三维空间.他们使用了类似平行坐标的展开方式对生物学中的系谱树进行比较.如图 2(c)所示,每个切片代表一个系谱树,使用横向的连线将所有系谱树中的对应叶子节点进行连接,并用颜色表示这些节点所代表的类别.这种方法侧重于比较不同系谱树之间的关系,不足之处在于:由于采用了三维的可视化方法,用户无法方便地查看单个系谱树的结构特点,需要借助辅助视图分析单个系谱树.

### 2.1.2 视觉映射(visual mapping)

视觉映射法中,一般使用相同的颜色或者图像符号来表示两棵树中的对应节点,以此建立起两棵树之间的联系.

为了帮助生物学家理解不同系谱树之间的复杂关系,Munzner 等人<sup>[8]</sup>设计了 TreeJuxtaposer,将两棵系统发生树并列放置并计算节点的对应关系,根据计算结果高亮结构差异(如图 3 所示),同时辅以刷选(brushing)的交互方式,帮助用户寻找其中的相似部分.在 TreeJuxtaposer 中,用户可以动态查询符合某个条件的节点并高亮显示,以此来进行子结构的相似性比较.不同的系谱算法产生的系谱树具有相同的叶子节点,所以 Nye 等人<sup>[7]</sup>在比较不同的算法产生的系谱树时,依照叶子节点的对应关系对每个分支计算出一个拓扑分数,然后根据拓扑分数在分支中寻找最优的一对一匹配.将两棵树并列放置后,用相同的颜色编码对应分支.InfoZoom<sup>[36]</sup>将树结构数据转化成表格的表现形式,每个叶子节点被表示成一列,从根节点到叶子节点用行属性表示,将两棵树并行放置标示出不同的格子进行比较.在此基础上,通过缩放来解决当数据量较多时,每个单元格分配到的面积太小而无法识别的问题.而在 DoubleTree<sup>[10]</sup>中,采用上下结构放置两棵树,当用户选择其中一棵树的节点时,另一棵树中的对应节点也高亮显示,一个节点存在多个对应节点或不存在对应节点时,使用不同的高亮颜色.在图 4 中,当选择

上方节点时,下方与之对应的节点会高亮显示。

Zhao 等人<sup>[35]</sup>在研究自然语言处理(NLP)中的语言解析器(discourse parser)时,为了改善算法的准确性,需要分析和比较不同的算法或者相同的算法不同参数的结果,为此提出了 DAVIEWER 的可视化原型。

DAVIEWER 中使用了基于修辞树(rhetorical structure tree)的文档组织结构可视化。根据算法的分词结果和词语的属性分类构建树形结构,将这些结果平铺放置来比较.DAVIEWER 使用了冰柱图(icicle plot)和系统树图(dendrogram)的结合体来表现树结构.将所有叶子节点对齐,扩张其他节点在冰柱图中的宽度,就可以很方便地进行列比较.在显示的树结构中,用节点的颜色编码相似度,冰柱图中节点的底色表示计算的错误率,这样,冰柱图同时可以作为一个热力图,表示算法在不同子结构上的计算精确度(如图 5 所示)。

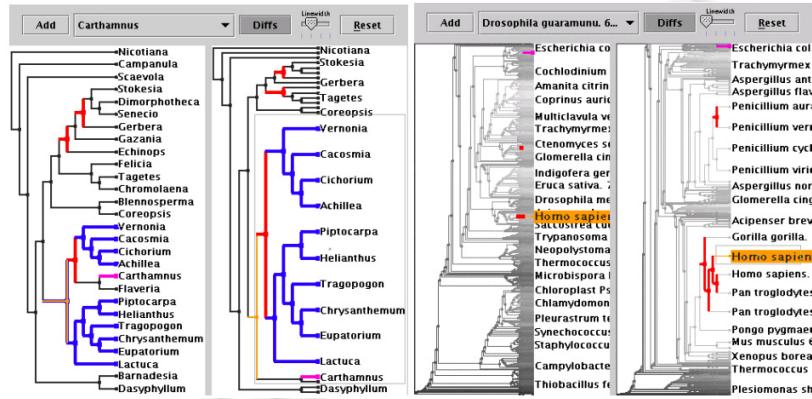


Fig.3 Using color to encode corresponding nodes, structure comparison mainly

图 3 用相同颜色表示对应的节点,主要进行结构比较

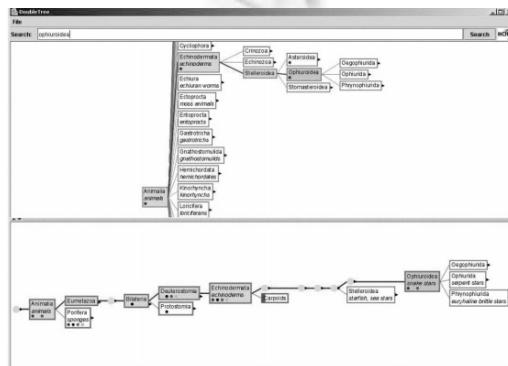


Fig.4 Double tree<sup>[10]</sup>

图 4 Double tree<sup>[10]</sup>

### 2.1.3 矩阵(matrix)

在树比较中,矩阵作为一种特殊的并置方法,有两种使用方式:一种是将节点平铺为矩阵的两个轴进行节点间的比较,另一种是作为总览图进行总体相似度的比较.前者多用于两树比较,而后者用于多树比较。

通过将比较的树节点作为矩阵的横轴和纵轴,在矩阵中可以比较对应节点的关系.如果将同一个树的节点作为横轴和纵轴,则可以进行树内比较.根据树的内部节点是否参与比较,可以选择缩进方法或者冰柱图<sup>[4]</sup>. Ghoniem 等人<sup>[37]</sup>阐述了在进行大规模图可视化时矩阵方法的优势,矩阵方法侧重于对节点的比较,相对于其他方式,矩阵的方法欠缺对数据的结构比较<sup>[35]</sup>. Melville 等人<sup>[38]</sup>分析了图可视化中基于矩阵的比较方法后得出:使用一个矩阵比较的方式能够提高可视化的效果以及寻找差异的准确性,优于用两个矩阵单独表示两个图的方

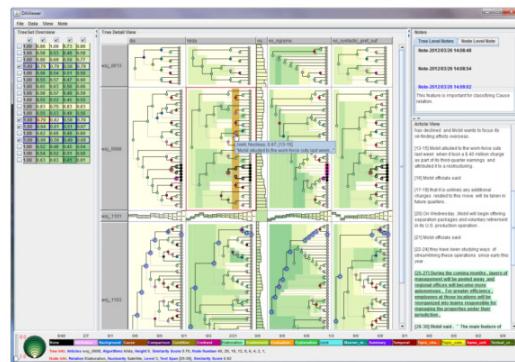


Fig.5 DAVIEWER<sup>[35]</sup>

图 5 DAVIEWER<sup>[35]</sup>

式。同时,矩阵方式的局限性在于比较的树结构一般有相同的叶子节点集合。

Van Ham 等人<sup>[39]</sup>将矩阵方法用在软件系统不同模块之间的调用关系比较上,缺点是没有将节点之间的层次关系表现出来。Abello 等人<sup>[40]</sup>以及 Beck 等人<sup>[15]</sup>都使用了基于邻接矩阵的方式,将树结构作为矩阵的坐标轴,而将叶子节点的比较放在对应的矩阵元素中。不同的是,前者用于比较不同人种、国家发病率的层次分布,树结构采用点线链接的形式表示(如图 6 所示);后者用于可视化软件结构,树结构以冰柱图的方式给出,每个矩阵元素代表节点之间的依赖关系(如图 7 所示)。

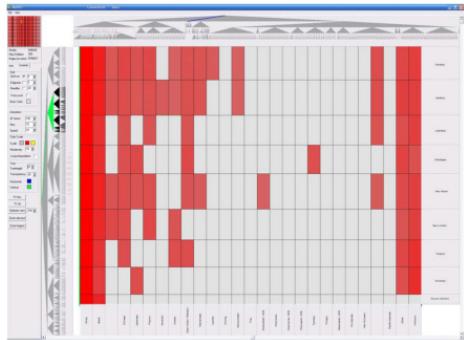


Fig.6 Matrix zoom<sup>[40]</sup>

图 6 矩阵缩放<sup>[40]</sup>

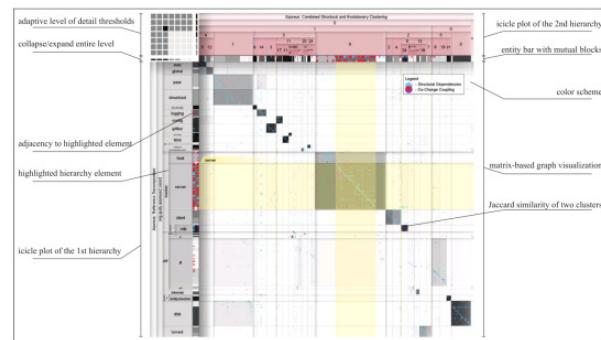


Fig.7 Comparison of software architecture<sup>[15]</sup>

图 7 软件结构比较<sup>[15]</sup>

Bremm 等人<sup>[41]</sup>使用矩阵视图作为总览图(图 8 左上方),列出了任意两棵树之间的相似度,进而帮助用户选择一部分树进行比较,然后通过并置的方式比较选出的树和基准之间的差异。

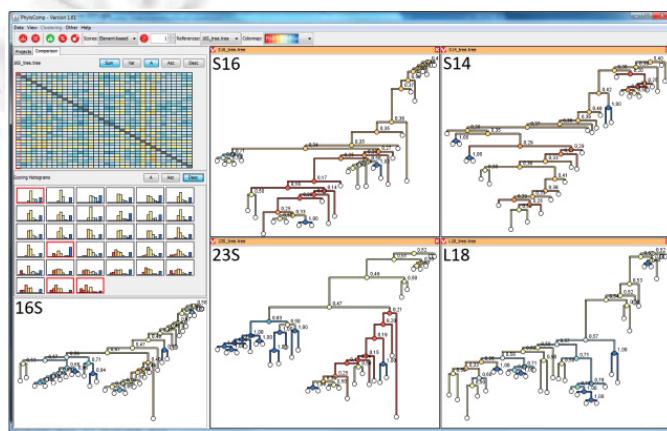


Fig.8 Matrix as overview<sup>[41]</sup>

图 8 矩阵作为总览图<sup>[41]</sup>

#### 2.1.4 小结

在并置的比较方法中,大多数采用点线链接形式的树可视化方法,这是因为树图会有以下的问题<sup>[13]</sup>:(1) 当树结构发生变化时,节点的位置可能发生突变,很难追踪节点的位置变化;(2) 缺少显著的可视模式呈现布局;(3) 缺少直接的对比方式来高亮差异;(4) 树图在结构的展示上有所欠缺。由于对应节点之间存在一定的距离,在对属性值的比较上稍显欠缺,所以并置的方法比较适合进行结构上的比较。同时,因为点线链接形式的树可视化方法本身具有空间利用率低的特点,在树的节点数量以及层数增多的时候,处在低层的节点数量呈指数级增长,这也导致了并置的比较方法的本身扩展性不高。通过合适的交互,可以在一定程度上弥补这方面的不足。



















