



UNIVERSIDADE ESTADUAL DO CEARÁ
CENTRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIA DA COMPUTAÇÃO
MESTRADO PROFISSIONAL EM COMPUTAÇÃO APLICADA

BRUNO BEZERRA CHAVES

MÉTODOS COMBINATORIAIS PARA PROBLEMAS EM REDES DINÂMICAS:
ALGORITMOS DE AGRUPAMENTO E PREVISÃO DINÂMICOS

FORTALEZA – CEARÁ

2018

BRUNO BEZERRA CHAVES

MÉTODOS COMBINATORIAIS PARA PROBLEMAS EM REDES DINÂMICAS:
ALGORITMOS DE AGRUPAMENTO E PREVISÃO DINÂMICOS

Dissertação apresentada ao Curso de Mestrado Profissional em Computação Aplicada do Programa de Pós-Graduação em Ciência da Computação do Centro de Ciências e Tecnologia da Universidade Estadual do Ceará, como requisito parcial à obtenção do título de mestre em Ciência da Computação. Área de Concentração: Ciência da Computação

Orientador: Prof. Dr. Marcos José Negreiros Gomes

FORTALEZA – CEARÁ

2018

RESUMO

Arboviroses são doenças causadas pelos chamados arbovírus, que incluem o vírus da dengue, Zika vírus, febre chikungunya e febre amarela. Essas doenças estão cada vez mais voltando a atenção da OMS-TDR e das autoridades de saúde brasileiras para um esforço maior na prevenção e combate a endemias. Esta pesquisa fez importantes esforços para desenvolver, projetar e implementar uma estrutura computacional baseada na web, para ajudar a rastrear e gerenciar os recursos e pessoas no processo de prevenção e combate à arbovírus. Além disso, apresenta uma abordagem para solucionar o problema da previsão de agrupamentos dinâmicos espaço-temporal e combater as arboviroses com o esforço coordenado de uma estrutura de Sistemas de Apoio à Decisão para rastrear simultaneamente o mosquito e os casos em humanos, para prevenir e combater os territórios afetados. Foram implementados 2 métodos para visualização dos grupos formados. O primeiro é uma biblioteca que cria e gerencia grupos de acordo com o nível de zoom. O segundo, chamado algoritmo Convex Hull, consiste em gerar o menor polígono que englobe um determinado conjunto de pontos. O algoritmo ST-DBSCAN foi implementado como base para alcançar o método proposto. Por último, foram desenvolvidos 2 aprimoramentos no software DYNAGRAPH para possibilitar a avaliação dos métodos. Um deles foi a integração com um Editor de Características, que permite alterar os atributos visuais dos vértices e arestas de um grafo dinâmico. Outro novo recurso permitiu a visualização da formação de novos grupos dinâmicos. TODO - predição

Palavras-chave: Agrupamento Dinâmicos, Grafos dinâmicos.

ABSTRACT

abstract **Keywords:**

LISTA DE ALGORITMOS

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO	7
1.1	OBJETIVOS	8
1.1.1	Objetivo Geral	8
1.1.2	Objetivos Específicos	8
1.2	HIPÓTESES	8
1.3	JUSTIFICATIVA	9
1.4	METODOLOGIA	9
1.4.1	Etapas metodológicas do projeto	9
1.4.1.1	Revisão da literatura e soluções existentes	9
1.4.1.2	Análise de requisitos	10
1.4.1.3	Arquitetura do software	10
1.4.1.4	Modelo e desenvolvimento de software	10
1.4.1.5	Ferramentas e Materiais	10
1.5	ORGANIZAÇÃO DO TEXTO	11
2	CONCEITOS E REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	12
2.1	AGRUPAMENTOS	12
2.1.1	Métodos baseados em particionamento	13
2.1.1.1	Agrupamentos K-Médias	13
2.1.1.2	Agrupamentos K-Medoids	14
2.1.2	Métodos hierárquicos	14
2.1.2.1	O algoritmo BIRCH	15
2.1.2.2	O algoritmo CURE	15
2.1.3	Métodos baseados em na estrutura de grade	16
2.1.4	Métodos baseados em densidade	17
2.2	MÉTODO DBSCAN	17
2.3	MÉTODO ST-DBSCAN	21
2.4	REDES DINÂMICAS	22
2.4.1	O modelo Dynagraph	22
2.4.2	Editor de características	22
2.5	TRABALHOS RELACIONADOS	22

3	MODELO DE AGRUPAMENTO E PREVISÃO EM REDES DINÂMI-	
	CAS	24
4	AVALIAÇÃO DO MÉTODO PROPOSTO	25
5	CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS	26
5.1	CONSIDERAÇÕES FINAIS	26
5.2	LIMITAÇÕES	26
5.3	TRABALHOS FUTUROS	26
	REFERÊNCIAS	27

1 INTRODUÇÃO

Grandes quantidades de dados estão disponíveis para análise em organizações hoje em dia. Estas enfrentam vários desafios quando se tenta analisar dados gerados com o objetivo de extrair informações úteis. Esta capacidade analítica precisa ser reforçada com ferramentas capazes de lidar com grandes conjuntos de dados sem tornar o processo de análise uma tarefa árdua. Agrupamento de dados normalmente são usados no processo de análise de dados, pois esta técnica não exige qualquer conhecimento prévio dos dados. Contudo, os algoritmos de agrupamento geralmente requerem um ou mais parâmetros de entrada que influenciam o processo de agrupamento e os resultados que podem ser obtidos.

Nos últimos anos, o problema de agrupamento dinâmico tem atraído o interesse de pesquisas, impulsionado pelo aumento da disponibilidade de grandes conjuntos de dados contendo elementos espaciais e temporais. Este problema pode ser analisado como um problema de otimização. Seu objetivo principal é maximizar as diferenças das características dos indivíduos de grupos distintos, e minimizar as diferenças das características dos indivíduos de um mesmo grupo.

Agrupamento de dados ganhou uso muito difundido, especialmente para dados estáticos. No entanto, o rápido crescimento de dados espaço-temporais de inúmeros instrumentos, como os satélites em órbita terrestre, criou uma necessidade de métodos de agrupamento espaço-temporais para extrair e monitorar clusters dinâmicos. O agrupamento espaço-temporal dinâmico enfrenta dois grandes desafios: primeiro, os clusters são dinâmicos e podem mudar de tamanho, forma e propriedades estatísticas ao longo do tempo. Em segundo lugar, vários dados espaço-temporais são incompletos, ruidosos, heterogêneos e altamente variáveis sobre espaço e tempo.

O problema de agrupamento dinâmico com a componente de previsão divide-se em passos. A primeira etapa é obtenção das informações espaço-temporais mapeáveis e características do indivíduo. Neste passo, segue-se três estratégias para resolução do problema: os dados são analisados como um só grupo (Agrupamento Estático); trata-se os dados por intervalos pré-definidos; e mapeamento das evoluções entre intervalos observados. Sendo assim, pretende-se indicar o conjunto de grupos espacialmente correlacionados também no tempo.

Já o problema de previsão de grupos dinâmicos introduz o conceito de indicar os possíveis grupos que serão formados no tempo após um conjunto de eventos serem observados previamente.

O algoritmo proposto para previsão de agrupamentos é uma importante contribuição

deste trabalho, uma vez que poderá ser usado na obtenção de informações, na previsão de movimentação dos grupos e recomendação para o combate a endemias. O serviço proposto se baseia na localização passada dos casos de Dengue e Chikungunya.

1.1 OBJETIVOS

A seguir, são expostos os objetivos desta dissertação, definindo o produto final a ser obtido.

1.1.1 Objetivo Geral

Estudo e aplicação de métodos existentes e proposta de um método para resolver o Problema de Agrupamento em Grafos Dinâmicos e previsão de evolução destes agrupamentos.

1.1.2 Objetivos Específicos

Para que se alcance o objetivo geral, as seguintes metas foram estabelecidas:

- a) Utilizar o software Dynagraph como ambiente de suporte à visualização e interação com os resultados dos métodos de agrupamento espaço-temporal utilizados.
- b) Extração de características de previsão espaço-temporal sobre a evolução dos agrupamentos dinâmicos.
- c) Avaliação dos resultados sobre bases de dados reais ligadas a evolução de casos de Dengue e Chikungunya e outras bases dinâmicas.

1.2 HIPÓTESES

As hipóteses a seguir conduziram a elaboração desta dissertação:

- a) É possível a criação de um algoritmo capaz de sugerir novos agrupamentos geolocalizados baseados no tempo.
- b) É exequível a integração de um editor de características ao DYNAGRAPH, que é um software extensível.
- c) É realizável a utilização do modelo proposto de agrupamentos em grafos dinâmicos em um ambiente Web.

1.3 JUSTIFICATIVA

Esta pesquisa justifica-se por perceber-se a necessidade de ferramentas e estudos relacionando os assuntos abordados: agrupamento, previsão em dados dinâmicos espaço-temporais, grafos dinâmicos e sistemas web de forma integrada. E também, acelerar técnicas de agrupamento em grafos dinâmicos para tomada de decisão.

A relevância da pesquisa está em permitir uma análise dos dados extraídos para apoio à tomada de decisão, onde concentra-se na avaliação dos resultados sobre bases de dados dinâmicas relativas a casos de Dengue e Chikungunya. A pesquisa toma como base as características de evolução dos casos da doença observados entre 2015 e 2018 em Fortaleza. Os dados foram tomados a partir de (SIMDA, 2018), onde um estado é definido como o período de uma semana.

1.4 METODOLOGIA

A seguir, são descritas as etapas metodológicas para o desenvolvimento da dissertação.

1.4.1 Etapas metodológicas do projeto

A presente pesquisa pode ser caracterizada quanto ao procedimento quantitativa e comparativa. A pesquisa quantitativa prioriza apontar numericamente a frequência e a intensidade dos comportamentos dos indivíduos de um determinado grupo, ou população. O método comparativo constitui-se em investigar coisas ou fatos e explicá-los de acordo com suas semelhanças e suas diferenças. Possibilita a análise de dados concretos e a dedução de semelhanças e divergências de elementos contínuos, abstratos e gerais, facilitando investigações de caráter indireto (FACHIN, 2001).

1.4.1.1 Revisão da literatura e soluções existentes

As fontes principais de pesquisa foram sites especializados em pesquisas científicas, por exemplo, o portal de periódicos da CAPES, IEEE e outros sites de referências em que possuem livros, periódicos e dissertações disponíveis. Os temas essenciais abordados na pesquisa foram:

- Estrutura de dados em grafos dinâmicos

- Modelos de previsão espaço-temporais
- Algoritmos de agrupamentos dinâmicos

1.4.1.2 Análise de requisitos

Detectou-se as necessidades de informações baseadas na previsão de agrupamentos dinâmicos em grafos. Assim sendo, e após obter os dados a partir de (SIMDA, 2018), houve a necessidade de um software para representação e tratamentos de grafos dinâmicos. Com isso foi escolhido o DYNAGRAPH, que tem como característica a extensibilidade.

1.4.1.3 Arquitetura do software

A arquitetura do software desenvolvido é apresentada, assim como o diagrama de caso de uso (UML).

1.4.1.4 Modelo e desenvolvimento de software

Foi desenvolvido um modelo capaz de representar agrupamentos e previsão dinâmicos. Em seguida, foi desenvolvido a partir do software DYNAGRAPH executar o modelo proposto e apresentar os resultados para validar a aplicação da ferramenta.

1.4.1.5 Ferramentas e Materiais

O desenvolvimento do trabalho foi realizado a partir dos seguintes equipamentos e materiais:

- Macbook Pro 13" modelo 2015 / macOS High Sierra 10.13.2:
 Processador Intel Core i5 2.7 GHz;
 Memória de 8GB 1867 MHzs DDR3;
 HD SSD 128GB;
- Ambiente de desenvolvimento Webstorm;
- Navegador de internet Google Chrome 63.0.3239.132.
- Controle de versão Git (Software e dissertação);
- \LaTeX para produção da dissertação;
- Portal de periódicos CAPES;

1.5 ORGANIZAÇÃO DO TEXTO

Esta dissertação está organizada em 5 capítulos. O capítulo 1 apresenta uma introdução à necessidade da representação e manipulação do agrupamento espaço-temporal dinâmico, assim como a previsão da formação de novos grupos dinâmicos. Em seguida são apresentados os objetivos, hipóteses, a metodologia utilizada e contribuições. O capítulo 2 constitui a revisão bibliográfica em modelagem com grafos dinâmicos, métodos de agrupamento por densidade, redes dinâmicas, o DYNAGRAPH, um editor de características e um conjunto de trabalhos relacionados a esta área do conhecimento. O capítulo 3 apresenta o modelo de agrupamento e previsão em redes dinâmicas. O capítulo 4 destaca os resultados e comparação dos algoritmos apresentados. O capítulo 5 apresenta as considerações finais e propostas de trabalhos futuros.

2 CONCEITOS E REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

Uma visão geral sobre agrupamentos é apresentada na seção 2.1. Na seção 2.2 apresentamos o algoritmo DBSCAN em detalhes e suas características. A seção 2.3 apresenta o ST-DBSCAN, que é utilizada nesse trabalho para auxiliar os métodos de previsão dinâmica. Na seção 2.4 discutimos redes dinâmicas, exibimos o modelo DYNAGRAPH e um editor de características. A seção 2.5 define e apresenta os trabalhos relacionados ao problema de agrupamentos dinâmicos.

2.1 AGRUPAMENTOS

A técnica de agrupamento, também chamada de clustering, é uma das técnicas de mineração de dados mais comuns e é usada para descobrir padrões de distribuição nos dados. O agrupamento é feito com base na similaridade das características e na posição dos objetos. Dessa maneira, o objetivo é que objetos de mesmo grupo sejam muito similares entre si e muito diferentes dos objetos de outros grupos.

Essa técnica é muito utilizada para dados estáticos. No entanto, há pouco trabalho no âmbito espaço-temporal onde os dados estão na forma de campos espaço-temporais contínuos e os agrupamentos são dinâmicos. Além disso, os dados espaço-temporais originados por satélites em órbita terrestre, telefones celulares e outros sensores tendem a ser ruidosos, incompletos e heterogêneos, tornando sua análise especialmente desafiadora (FAGHMOUS; KUMAR, 2013).

Agrupamentos dinâmicos podem mudar seu tamanho, forma, localização e propriedades estatísticas de um único passo para o próximo. Embora os agrupamentos possam se mover ou mudar de forma, existem vários pontos que não alteram as associações de grupos por um período de tempo. Tendo isso em vista é possível extrair de forma autônoma agrupamentos dinâmicos em dados espaço-temporais contínuos que podem conter valores, ruídos ou características muito variáveis.

Os métodos mais tradicionais são os particionais e os hierárquicos. Alguns algoritmos de agrupamento integram as idéias de vários outros, logo é difícil classificar um algoritmo pertencendo a somente uma categoria de método de agrupamento. Além do que, algumas aplicações podem ter critérios que necessitam a integração de várias técnicas de agrupamento. Os principais métodos de agrupamento existentes na literatura podem ser categorizados, como mostra as próximas sessões.

2.1.1 Métodos baseados em particionamento

A ideia principal desta classe de algoritmos de agrupamentos é criar K grupos dos dados, onde K é inserido pelo usuário. Esse método consiste em escolher K objetos como sendo os centros dos K grupos. Os objetos são divididos entre os K grupos de acordo com algum critério de similaridade estabelecido pelo algoritmo, de modo que cada objeto fique no grupo que tem o menor valor de distância entre o objeto e o centro dele. Os algoritmos de particionamento são muito populares devido à sua facilidade de implementação e baixo custo computacional; no entanto, eles têm essas desvantagens: (1) eles são sensíveis à presença de ruído e outliers, (2) eles podem descobrir apenas grupos com formas convexas e (3) o número de grupos precisa ser especificado.

2.1.1.1 Agrupamentos K-Médias

O algoritmo de agrupamento k-médias é uma das técnicas mais populares dessa abordagem e foi introduzido em (MACQUEEN, 1967). Ele utiliza a média dos objetos que são do grupo em questão, também conhecido como centro de gravidade do grupo. A ideia principal neste algoritmo é usar a média dos objetos para atribuí-los a grupos e também usá-los para representar estes. K-médias é um algoritmo que garante a convergência para um ótimo local, mas não necessariamente um ótimo global. À medida que K aumenta, o custo de encontrar a solução ótima diminui, e atinge seu mínimo quando K é igual ao número de objetos (WU *et al.*, 2008). Especificamente, o procedimento é mostrado abaixo:

1. Inserir os objetos para serem agrupados e também o número K de grupos.
2. Escolher aleatoriamente os objetos K como centro dos grupos originais.
3. Atribuir cada objeto ao grupo com a média mais próxima.
4. Calcular a nova média de cada grupo.
5. Repetir a partir do passo 3.
6. Parar quando o critério de convergência estiver satisfeito. Outro critério, mais frequentemente usado, é a minimização do erro quadrático, dado por:

$$E = \sum_{i=1}^k \sum_{o \in C_i} |o - \mu_i|^2 \quad (2.1)$$

onde o é o ponto no espaço representando um dado objeto, μ_i é o representante do grupo C_i , e K o número de grupos.

2.1.1.2 Agrupamentos K-Medoids

O algoritmo de K-Medoids foi introduzido primeiramente em (KAUFMANN; ROUSSEEUW, 1990) e não é tão sensível aos outliers quanto os k-médias. Nesse algoritmo, cada grupo é representado pelo objeto mais próximo ao centro, conhecido como medoid. O processo geral para o algoritmo é o seguinte:

1. Escolher aleatoriamente k objetos como os medoids iniciais.
2. Atribuir cada um dos objetos restantes ao grupo que possui o medoid mais próximo.
3. Em um grupo, selecionar aleatoriamente um objeto que não seja medoid (*nonmedoid*), que será referenciado como $O_{nonmedoid}$.
4. Calcular o custo de substituir o medoid com $O_{nonmedoid}$. Este custo é a diferença no erro quadrado se o medoid atual for substituído por $O_{nonmedoid}$. Se for negativo, faça $O_{nonmedoid}$ o medoid do grupo. O erro quadrático é novamente a somado erro de todos os objetos:

$$E = \sum_{i=1}^k \sum_{o \in C_i} |o - O_{medoid(i)}|^2 \quad (2.2)$$

onde $O_{medoid(i)}$ é o medoid do grupo i^{th} .

5. Repetir a partir do passo 2 até que não haja mudanças.

2.1.2 Métodos hierárquicos

Nesta classe de algoritmos os objetos são colocados em uma hierarquia que é percorrida de uma forma bottom-up ou top-down para criar os grupos. A vantagem deste tipo de agrupamento é que ele não requer nenhum conhecimento sobre o número de grupos, e sua desvantagem é sua complexidade computacional (LIN *et al.*, 2004). Muitas vezes, uma estrutura em árvore, um dendrograma, é usada para representar os níveis hierárquicos aninhados.

Os aglomerativos funcionam de uma maneira botton-up, assumindo inicialmente que cada elemento do conjunto de dados representa um grupo. Em seguida, os grupos são fundidos em grupos maiores até a criação de um grupo único ou qualquer outro critério de parada.

A abordagem divisisa trabalham de maneira top-down, considerando todo o conjunto de dados como um só grupo, que é dividido de maneira recursiva de acordo com a medida de similaridade estabelecida.

2.1.2.1 O algoritmo BIRCH

Em (ZHANG; RAMAKRISHNAN; LIVNY, 1996), BIRCH significa Balanced Iterative Reducing and Clustering using Hierarchies e é um algoritmo usado para agrupamentos em bases de dados muito grandes e é considerado um dos métodos hierárquicos mais utilizados na literatura. As vantagens do BIRCH são as seguintes:

- BIRCH trabalha de maneira local. Isso é obtido usando medições que indicam a proximidade natural dos pontos, de modo que cada decisão de agrupamento possa ser feita sem verificar todos os pontos de dados ou grupos existentes.
- Leva em conta a estrutura de dados espacial. Ele trata os pontos em uma região densa como um único grupo, enquanto os pontos em uma região esparsa são caracterizados como outliers e podem ser removidos opcionalmente.
- O algoritmo faz uso total da memória disponível enquanto minimiza os custos de Entrada/-saída de dados.

Os principais conceitos do BIRCH, que funcionam de maneira incremental, são o Agrupamento por característica(AC) e AC-árvore. Onde AC consiste em todas as informações que precisam ser mantidas sobre um grupo. Já AC-árvore é utilizada para representar a hierarquia de grupos. O agrupamento acontece essencialmente em duas fases. Na primeira delas, o algoritmo lê o conjunto de dados e constrói uma AC-árvore inicial. Essa árvore é utilizada para representar a hierarquia dos grupos. Na segunda fase, um algoritmo de agrupamento selecionado é aplicado às folhas da AC-árvore, removendo grupos esparsos e agrupando os mais densos em grupos maiores.

2.1.2.2 O algoritmo CURE

Em (GUHA; RASTOGI; SHIM, 1998), um novo algoritmo hierárquico é proposto para detectar grupos que não são necessariamente convexos. Os grupos do CURE são representados por um número fixo de pontos bem espalhados que são encolhidos em direção ao centro do grupo por uma determinada fração. O CURE difere do algoritmo BIRCH de duas maneiras:

- O CURE começa desenhando uma amostra aleatória em vez de pré-agrupar todos os pontos de dados, como no caso do BIRCH.
- CURE primeiro particiona a amostra aleatória e, em seguida, em cada partição, os dados são parcialmente agrupados. Em seguida, os outliers são eliminados e os dados pré-agrupados em cada partição são agrupados para gerar os grupos finais.

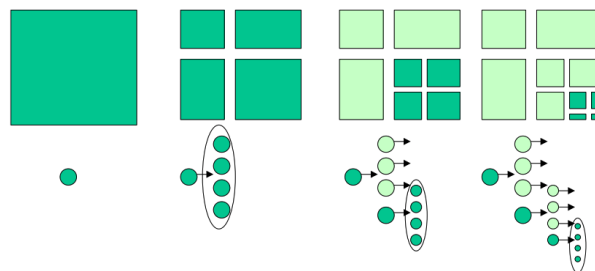
Os resultados experimentais no artigo mostram que o tempo de execução do CURE é sempre menor que o do BIRCH. Mais importante, os resultados mostram que, à medida que o tamanho do banco de dados aumenta, o tempo de execução do BIRCH aumenta rapidamente enquanto o tempo de execução do CURE aumenta muito pouco. O motivo é que o BIRCH varre todo o banco de dados e usa todos os pontos para o pré-agrupamento, enquanto o CURE usa apenas uma amostra aleatória.

2.1.3 Métodos baseados em na estrutura de grade

Enquanto que os outros métodos de agrupamento discutidos são orientados aos dados, os métodos baseados em grade são orientados ao espaço. Essencialmente, o espaço é dividido em células retangulares, representadas por uma estrutura de grade hierárquica.

(WANG; YANG; MUNTZ, 1997) propuseram um método de agrupamento baseado em grade, STING (STatistical INformation Grid - Informação estatística baseada em grade), para agrupar bancos de dados espaciais e facilitar consultas orientadas à região. Esse algoritmo se baseia na construção de diversas camadas de grade, onde células de uma camada mais alta são subdivididas para a criação de células nas camadas mais baixas, como mostra a figura 1.

Figura 1 – Algoritmo STING: subdivisão de células e construção de árvores



Fonte: (BERKHIN, 2002)

O desempenho de STING depende da granularidade do nível mais baixo da estrutura de grade e o resultado dos grupos são limitados, pois só crescem na horizontal ou vertical e sofrem para buscar grupos de formatos complexos.

Os resultados produzidos pelo STING se aproximam do agrupamento produzido pelo DBSCAN a medida que a granularidade da estrutura de grade se aproxima de 0, podendo também ser considerado como um método baseado em densidade. Uma das vantagens do STING é a complexidade linear de tempo em relação ao número de objetos a serem agrupados.

2.1.4 Métodos baseados em densidade

Nesta classe de algoritmos, a idéia principal é manter os grupos em crescimento, desde que sua densidade esteja acima de um certo limite. A vantagem dos algoritmos baseados em densidade, em comparação com os algoritmos de particionamento baseados em distância, é que eles podem detectar grupos de forma arbitrária. Isso também fornece uma proteção natural contra outliers. Por outro lado, os algoritmos baseados em distância detectam apenas aglomerados de forma convexa.

Os agrupamentos baseados em densidade analisam a quantidade de elementos dentro de uma vizinhança de acordo com determinados parâmetros. A idéia-chave é que, para cada instância de um grupo, a vizinhança de um determinado raio deve conter pelo menos um número mínimo de instâncias.

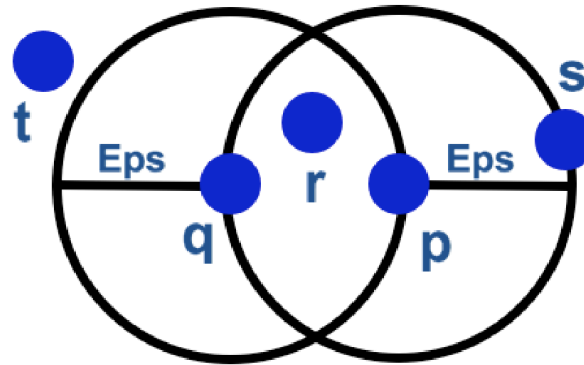
A possibilidade de encontrar agrupamentos de forma eventual e o fato de não precisar da definição do número de agrupamentos (YIP; DING; CHAN, 2005) como parâmetro inicial são as principais vantagens dos métodos baseados em densidade. Entretanto, alguns algoritmos podem exigir a definição de outros parâmetros, como o caso do algoritmo DBSCAN (ESTER *et al.*, 1996) abordado na próxima seção.

2.2 MÉTODO DBSCAN

Este algoritmo calcula a densidade de uma região contando quantos pontos existem em uma determinada área seguindo uma determinada métrica, geralmente uma medida de distância, como a euclidiana ou manhattan. É um método efetivo para identificar grupos de formato arbitrário e de diferentes tamanhos, separar os ruídos dos dados, requer apenas um parâmetro de entrada, ajuda o usuário na determinação de um valor apropriado para ele e ajuda a detectar grupos e seus arranjos dentro do espaço de dados, sem qualquer informação preliminar sobre os grupos. (ESTER *et al.*, 1996) escrevem que a noção de agrupamentos e o algoritmo DBSCAN se aplicam para espaços euclidianos de duas e três dimensões, como para qualquer espaço característico de alta dimensão. O método DBSCAN é aplicável a qualquer base de dados contendo dados de um espaço métrico, isto é, bases de dados com uma função de distância para pares de objetos. Finalmente, o DBSCAN é eficiente mesmo para grandes bancos de dados espaciais. Para entender o método é necessário conhecer algumas definições específicas listadas a seguir.

Definição 1. (*Eps-vizinhança de um ponto*) Eps-vizinhança de um ponto p , dado por $N_{Eps}(p)$, é definido por $N_{Eps}(p) = \{q \in D | \text{dist}(p, q) \leq Eps\}$. Na figura2 abaixo os círculos representam respectivamente o Eps-vizinhança do ponto q e Eps-vizinhança do ponto p . Uma abordagem ingênua poderia exigir para cada ponto em um cluster que haja pelo menos um número mínimo ($MinPts$) de pontos na Eps-vizinhança daquele ponto. No entanto, esta abordagem falha porque há dois tipos de pontos em um grupo, pontos dentro do grupo (centrais) e pontos na fronteira do grupo (pontos de borda).

Figura 2 – Eps-vizinhança de q e Eps-vizinhança de p



Fonte: Elaborado pelo autor

Definição 2. (*Ponto Central*) : Se o Eps-vizinhança de um objeto p contém ao menos um número mínimo, $MinPts$, de objetos, então o objeto p é chamado de ponto central. Por exemplo, na figura 2, se adotarmos $MinPts = 4$, p é um ponto central e os demais não são pontos centrais.

O método DBSCAN separa os pontos de dados em três classes: • Pontos principais. Estes são pontos que estão no interior de um cluster. Um ponto é um ponto interior se houver pontos suficientes em sua vizinhança. • Pontos de fronteira. Um ponto de fronteira é um ponto que não é um ponto central, ou seja, não há pontos suficientes em sua vizinhança, mas ele está dentro da vizinhança de um ponto central. • Pontos de ruído. Um ponto de ruído é qualquer ponto que não é um ponto central ou um ponto de fronteira.

Para encontrar um cluster, o DBSCAN começa com uma instância arbitrária (p) no conjunto de dados (D) e recupera todas as instâncias de D em relação a Eps e $MinPts$ Density-Based Algorithms for Discovering Clusters in Large Spatial Databases with Noise (DBSCAN) DBSCAN [1] é um algoritmo baseado em densidade que descobre clusters com forma arbitrária e com um número mínimo de parâmetros de entrada. Os parâmetros de entrada necessários para

este algoritmo são o raio do cluster (Eps) e os pontos mínimos necessários dentro do cluster (Minpts).

2.2. Descrição do Algoritmo Nesta seção, o algoritmo DBSCAN [7] Clustering espacial baseado em densidade de aplicativos com ruído é projetado para descobrir os clusters de dados espaciais com ruído. As etapas envolvidas neste algoritmo são as seguintes, ... (i) Selecione um ponto arbitrário p (ii) Recuperar todos os pontos de densidade-reachable de p w.r.t. Eps e Minpts. (iii) Se p é um ponto central, um cluster é formado. (iv) Se p é um ponto de borda, nenhum ponto é densidade acessível de p e DBSCAN visita o próximo ponto do banco de dados. (v) Continue o processo até que todos os pontos tenham sido processados.

2.3 Impacto do Algoritmo DBSCAN requer dois parâmetros de entrada (pontos mínimos e raio) e suporta o usuário ao encontrar um valor aproximado para ele usando o gráfico k-dist [7]. Ele descobre grupos de forma arbitrária. Ele é válido para grandes bancos de dados espaciais. ...

2.4 Trabalho futuro O algoritmo DBSCAN aqui considera [1] apenas objetos de ponto, mas pode ser estendido para outros objetos espaciais, como polígonos. As aplicações do DBSCAN para espaços de recursos de alta dimensão devem ser investigadas e a geração de raio para esses dados de alta dimensão também precisa ser explorada. Também não consegue detectar agrupamentos com densidade variada.

DBSCAN (Density-based Spatial Clustering of Applications with Noise) é um algoritmo de agrupamento baseado em densidade vastamente utilizado pela comunidade científica. Seu objetivo principal consiste em encontrar concentrações de elementos que estão espacialmente próximos. Em outras palavras, o algoritmo busca por pontos que possuem mais que um limiar de vizinhos dentro de um certo raio. Caso um elemento p satisfaça essa propriedade, os vizinhos de p pertencerão ao mesmo cluster que p e o mesmo processo é aplicado a todos os seus vizinhos. Além do conjunto de dados a ser agrupado, o DBSCAN recebe também dois parâmetros de entrada: minPoints e eps. O primeiro deles se refere à quantidade mínima de pontos em um certo raio de vizinhança para a formação de um cluster. Já o segundo parâmetro se refere ao raio no qual a verificação de vizinhança é realizada. A função de distância utilizada para determinar a vizinhança de um certo ponto é definida de acordo com o tipo de dado a ser agrupado e deve obedecer às restrições de uma função de distância, tais como simetria e a desigualdade triangular, além de assumir que a distância entre dois elementos x e y só é igual a 0 se $x = y$. Dentre suas vantagens, o algoritmo DBSCAN se destaca por ser capaz de encontrar clusters com formatos arbitrários, além de ser capaz de lidar com ruídos nos dados, característica que não está presente

na maioria dos algoritmos de agrupamento, como mostrado na Figura 2.1. As definições básicas utilizadas no DBSCAN são apresentadas a seguir: • $|A|$: cardinalidade do conjunto A . • $Neps(p)$: é o conjunto de pontos q que estão a uma distância menor que eps do ponto p . Também é chamado de conjunto dos vizinhos de p . • Diretamente alcançável por densidade (DDR): um ponto p é DDR a partir de um ponto q se $p \in Neps(q)$ e $|Neps(q)| \geq minPoints$.

Figura 2.1: Clusters de formatos arbitrários encontrados pelo algoritmo DBSCAN

Fonte: Data Mining - The Hypertextbook • Alcançável por densidade (DR): um ponto p é DR a partir de um ponto q , se existe uma sequência de pontos p_1, \dots, p_n onde $p_1 = p$ e $p_n = q$, tal que p_{i+1} é DDR a partir de p_i . • Conectado por densidade (DC): Um ponto p está conectado por densidade a um ponto q se existe um ponto o tal que p e q são DR a partir de o . • Core point: um ponto p é classificado como core point se $|Neps(o)| \geq minPoints$. • Border point: um ponto p é classificado como border point se $|Neps(p)| < minPoints$ e p é DDR a partir de um core point. • Noise: Um ponto p é classificado como noise se $|Neps(q)| < minPoints$ e p não é DDR a partir de nenhum core point. No contexto do algoritmo DBSCAN, um cluster C é definido como um subconjunto não vazio dos dados que satisfaz as seguintes propriedades: • Maximalidade: Para quaisquer dois pontos p e q , se $p \in C$ e q é alcançável por densidade (DR) a partir de p , então $q \in C$. • Conectividade: Para quaisquer dois pontos $p, q \in C$, p e q são conectados por densidade (DC). O Algoritmo 1 mostra o pseudocódigo do DBSCAN. Para cada elemento p ainda não visitado o conjunto dos seus vizinhos $Neps(p)$ é encontrado, como podemos ver entre as linhas 2 e 5. Caso a cardinalidade desse conjunto de vizinhos seja maior que o valor de $minPoints$ (Linha 6 do Algoritmo), um novo cluster C é criado e p e seus vizinhos serão atribuídos a C . Ainda, os pontos não visitados de C serão expandidos em um processo similar. A agrupamento acaba quando todos os elementos do conjunto foram visitados. O Algoritmo 2 implementa a função de expansão de um cluster C . A expansão de um cluster a partir de um ponto p encontra todos os elementos que são conectados por densidade (DC) a p . Essa função recebe como entrada p , seu conjunto de vizinhos $NeighborPts$, o identificador C do cluster a ser expandido, e os parâmetros eps e $minPoints$. Para cada ponto p' do conjunto de vizinhos de p , caso esse ponto ainda não tenha sido visitado, sua vizinhança é recuperada e adicionada ao conjunto $NeighborPts$ de vizinhos que serão verificados (linha 8). Após sua verificação, caso p' não pertença a nenhum cluster, ele é adicionado ao cluster C (linhas 11 a 13). O processo finaliza quando o conjunto $NeighborPts$ está vazio.

Alg 1 e alg 2

Como podemos ver nos Algoritmos 1 e 2, a complexidade do DBSCAN depende

diretamente do custo computacional para recuperação da vizinhança de um ponto (linhas 7 e 6 dos Algoritmos 1 e 2, respectivamente). Em uma solução ingênua essa operação poderia ser executada em tempo linear, onde uma simples busca exaustiva em todo o conjunto de dados retornaria apenas os elementos a uma certa distância do ponto de consulta. Tal solução faria com que a complexidade do algoritmo DBSCAN fosse $O(n^2)$. Por outro lado, com o auxílio de estruturas de índices, como k-d-Trees ou R-Trees, a complexidade do DBSCAN pode ser significativamente reduzida. Recentemente foi provado em (GAN; TAO, 2015) que para dimensões maiores que 2 o algoritmo DBSCAN executa em uma complexidade $\Omega(n^{4/3})$. No entanto, consideraremos nesse trabalho conjuntos de dados de apenas duas dimensões.

Para agrupar os pontos levando em conta o fator tempo é necessário uma alteração no algoritmo DBScan, e com isso detectar os grupos em relação ao tempo. Logo, o algoritmo determinada para esta implementação foi o ST-DBScan (BIRANT; KUT, 2007), abordado a seguir.

2.3 MÉTODO ST-DBSCAN

6.1. Introdução

O algoritmo ST-DBSCAN é construído modificando o algoritmo DBSCAN [7]. Em contraste com o algoritmo de agrupamento baseado em densidade existente, o algoritmo ST-DBSCAN [12] tem a capacidade de descobrir clusters em relação aos valores não espaciais, espaciais e temporais dos objetos. As três modificações feitas no algoritmo DBSCAN são as seguintes,

(i) O algoritmo ST-DBSCAN pode agrupar dados espaciais-temporais de acordo com atributos não espaciais, espaciais e temporais. (ii) DBSCAN não detecta pontos de ruído quando é de densidade variada, mas isso o algoritmo supera esse problema ao atribuir o fator de densidade a cada cluster. (iii) Para resolver os conflitos em objetos de borda, ele compara o valor médio de um cluster com o novo valor que vem.

6.2. Descrição do Algoritmo O algoritmo começa com o primeiro ponto p no banco de dados D . (i) Este ponto p é processado de acordo com o algoritmo DBSCAN e o próximo ponto é tomado. (ii) A função `RetrieveNeighbors` (objeto, E_{p1} , E_{p2}) recupera todos os objetos densidade-acessível do objeto selecionado em relação a E_{p1} , E_{p2} e $Minpts$. Se os pontos devolvidos no E_{p1} -neighborhood são menores do que $Minpts$, o objeto é atribuído como ruído. (iii) Os pontos marcados como ruído podem ser alterados posteriormente, e os pontos não são

diretamente acessíveis, mas serão densidade-acessível. ... (iv) Se o ponto selecionado for um objeto central, um novo cluster será construído. Então, todos os vizinhos de densidade direta de este núcleo de objetos também estão incluídos. (v) Então, o algoritmo coleta de forma iterativa objetos atingidos pela densidade do objeto do núcleo usando a pilha. (vi) Se o objeto não estiver marcado como ruído ou não estiver em um cluster e a diferença entre o valor médio do cluster e o novo valor é menor do que ΔE , ele é colocado no cluster atual.

2.4 REDES DINÂMICAS

2.4.1 O modelo Dynagraph

2.4.2 Editor de características

2.5 TRABALHOS RELACIONADOS

Como há uma carência de estudos relacionando os assuntos abordados: agrupamento, previsão em dados dinâmicos espaço-temporais, grafos dinâmicos e sistemas web de forma integrada, foi necessário dividir o problema de agrupamentos e previsões dinâmicos em três etapas:

- Estrutura de dados em grafos dinâmicos
- Modelos de previsão espaço-temporais
- Algoritmos de agrupamentos dinâmicos

A pesquisa aborda estrutura de dados em grafos dinâmicos usando passos já descritos na literatura, principalmente o modelo Dynagraph (CALIXTO; NEGREIROS, 2013), que é baseado na primeira proposta em (CALIXTO; NEGREIROS, 2012), onde o Dynagraph usa sequências temporais para vértices, arestas, características modificáveis dos vértices e arestas e o relacionamento entre suas características. Com isso, é formado um grafo com as informações necessárias para qualquer instante no tempo. O Dynagraph é capaz de visualizar o comportamento do grafo ao longo de um período de tempo, e editá-lo.

A ideia central de (KIM; ANDERSON, 2012) é modelar uma rede dinâmica como digrafos orientados ao tempo (*time-ordered graph*), que é gerada através da ligação de instantes temporais com arestas direcionadas que unem cada nó ao seu sucessor no tempo. Com isso, transformar uma rede dinâmica em um grafo maior, mas facilmente analisável. Isto permite não só a utilização dos algoritmos desenvolvidos para grafos estáticos, mas também para melhor de-

finir métricas para grafos dinâmicos. Segundo (KIM; ANDERSON, 2012) um sistema de grafos dinâmicos é um objeto de representação visual que pode descrever melhor o comportamento dinâmico de objetos relacionados a eventos dinâmicos e introduzir novas formas de enxergar ou descrever a evolução de eventos dinâmicos na natureza.

(KOSTAKOS, 2009) considera a estrutura de grafos temporais como grafos estáticos, no entanto avança sobre as métricas introduzindo conceitos como disponibilidade temporal, proximidade temporal e geodésica, e estuda os seus grafos sobre redes reais.

Segundo (??), o algoritmo DBScan(*Density-Based Spatial Clustering of Applications With Noise*) calcula a densidade de uma região contando quantos pontos existem em uma determinada área seguindo uma determinada métrica. Ele permite a redução de pontos não pertencentes a nenhum padrão, assim como possibilita a formação de grupos de diferentes formas. Seu objetivo principal é dividir os pontos em grupos através da densidade de cada região.

(LAHIRI; BERGER-WOLF, 2007) apresentam um algoritmo de predição em redes temporais, e que usa a ideia de que certas interações sinalizam a ocorrência de outros em algum momento no futuro. Através de análises estatísticas o algoritmo mede o atraso entre as interações, e com isso pode-se prever quando certas interações vão ocorrer com base em observações passadas e atuais. Propõe-se a utilização de subgrafos frequentes e discute como identificar subgrafos que são persistidos em redes temporais. (LAHIRI; BERGER-WOLF, 2008) em seguida propõe um novo problema de mineração de dados para redes dinâmicas: detecção de todos os padrões de interação que ocorrem em intervalos de tempo regulares.

3 MODELO DE AGRUPAMENTO E PREVISÃO EM REDES DINÂMICAS

4 AVALIAÇÃO DO MÉTODO PROPOSTO

5 CONCLUSÕES E TRABALHOS FUTUROS

5.1 CONSIDERAÇÕES FINAIS

Criação de um método para resolver o Problema de Agrupamento em Grafos Dinâmicos e previsão de evolução destes agrupamentos. A expectativa é de que ao final desta pesquisa, tenha-se uma extensão do Dynagraph para visualização de agrupamentos dinâmicos e previsão dinâmica. Utilizar a ferramenta para outros tipos de doenças como: Chikungunya e Zika Vírus. Finalmente, espera-se que o produto final e os resultados obtidos possibilitem a previsão e prevenção de novos casos de dengue para um combate efetivo à doença.

5.2 LIMITAÇÕES

Dentre as dificuldades que podem interferir na execução deste projeto de pesquisa, as seguintes podem ser citadas: 1. A escassez de estudos relacionando os assuntos abordados: agrupamento, previsão em dados dinâmicos espaço-temporais, grafos dinâmicos e sistemas web de forma integrada; 2. Obtenção das informações dos focos e casos de dengue geolocalizadas e tempos das ocorrências. A extração dos dados semanais requer um processo manual em (SIMDA, 2018), pois é necessário o usuário selecionar o ano e a semana correspondente; 3. Visualização dos agrupamentos dinâmicos. Para contornar as dificuldades apresentadas pretende-se: 1. Automatizar a forma de obtenção dos dados; 2. Utilizar o software Dynagraph como ambiente de suporte à validação e interação com os resultados dos métodos de agrupamento espaço-temporal utilizados.

5.3 TRABALHOS FUTUROS

REFERÊNCIAS

- BERKHIN, P. **Survey Of Clustering Data Mining Techniques**. San Jose, CA, 2002. Disponível em: <<http://citeseer.ist.psu.edu/berkhin02survey.html>>.
- BIRANT, D.; KUT, A. St-dbscan: An algorithm for clustering spatial-temporal data. **Data Knowl. Eng.**, v. 60, p. 208–221, 2007.
- CALIXTO, A.; NEGREIROS, M. **DYNAGRAPH: Um Modelo de Edição e Representação de Grafos Dinâmicos**. 1 ed. CLAIO/SBPO, p. 8, 2012.
- CALIXTO, A.; NEGREIROS, M. **DYNAGRAPH: Um Modelo de Edição e Representação de Grafos Dinâmicos**. Dissertação (Mestrado) — Mestrado Profissional em Computação Aplicada (MPCOMP), Universidade Estadual do Ceará, 2013.
- ESTER, M.; KRIEGL, H.-P.; SANDER, J.; XU, X. A density-based algorithm for discovering clusters in large spatial databases with noise. **KDD**, v. 96, n. 34, p. 226–231, 1996.
- FACHIN, O. **Fundamentos de metodologia**. [S.l.]: 3a Edição, Editora Saraiva, 2001.
- FAGHMOUS, J. H.; KUMAR, V. **Spatio-Temporal Data Mining for Climate Data: Advances, Challenges, and Opportunities**. [S.l.: s.n.], 2013. 83-116 p.
- GUHA, S.; RASTOGI, R.; SHIM, K. Cure: An efficient clustering algorithm for large databases. **SIGMOD Rec.**, ACM, New York, NY, USA, v. 27, n. 2, p. 73–84, jun. 1998. ISSN 0163-5808. Disponível em: <<http://doi.acm.org/10.1145/276305.276312>>.
- KAUFMANN, L.; ROUSSEEUW, P. J. **Finding Groups in Data: An Introduction to Cluster Analysis**. [S.l.]: John Wiley and Sons, 1990.
- KIM, H.; ANDERSON, R. Temporal node centrality in complex networks. 1 ed. **PHYSICAL REVIEW**, p. 8, 2012.
- KOSTAKOS, V. Temporal graphs. **Physica A**, p. 1007–1023, 2009.
- LAHIRI, M.; BERGER-WOLF, T. Structure prediction in temporal networks using frequent subgraphs. **IEEE Symposium on Computational Intelligence and Data Mining**, p. 35–42, 2007.
- LAHIRI, M.; BERGER-WOLF, T. Mining periodic behavior in dynamic social networks. **Eighth IEEE International Conference on Data Mining**, 2008.
- LIN, J.; VLACHOS, M.; KEOGH, E.; GUNOPULOS, D. Iterative incremental clustering of time series. In: BERTINO, E.; CHRISTODOULAKIS, S.; PLEXOUSAKIS, D.; CHRISTOPHIDES, V.; KOUBARAKIS, M.; BÖHM, K.; FERRARI, E. (Ed.). **Advances in Database Technology - EDBT 2004**. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2004. p. 106–122.
- MACQUEEN, J. Some methods for classification and analysis of multivariate observations. In: **In 5-th Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability**. [S.l.: s.n.], 1967. p. 281–297.
- SIMDA. **Sistema de Monitoramento Diário de Agravos**. 2018. Disponível em: <<http://tc1.sms.fortaleza.ce.gov.br/simda/index>>.

WANG, W.; YANG, J.; MUNTZ, R. R. Sting: A statistical information grid approach to spatial data mining. In: **Proceedings of the 23rd International Conference on Very Large Data Bases**. San Francisco, CA, USA: Morgan Kaufmann Publishers Inc., 1997. (VLDB '97), p. 186–195. ISBN 1-55860-470-7. Disponível em: <<http://dl.acm.org/citation.cfm?id=645923.758369>>.

WU, X.; KUMAR, V.; QUINLAN, J. R.; GHOSH, J.; YANG, Q.; MOTODA, H.; MCLACHLAN, G. J.; NG, A.; LIU, B.; YU, P. S.; ZHOU, Z.-H.; STEINBACH, M.; HAND, D. J.; STEINBERG, D. Top 10 algorithms in data mining. **Knowledge and Information Systems**, v. 14, n. 1, p. 1–37, Jan 2008.

YIP, A. M.; DING, C.; CHAN, T. F. Dynamic cluster formation using level set methods. In: **Proceedings of the 9th Pacific-Asia Conference on Advances in Knowledge Discovery and Data Mining**. Berlin, Heidelberg: Springer-Verlag, 2005. (PAKDD'05), p. 388–398. ISBN 3-540-26076-5, 978-3-540-26076-9. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.1007/11430919_46>.

ZHANG, T.; RAMAKRISHNAN, R.; LIVNY, M. Birch: An efficient data clustering method for very large databases. **SIGMOD Rec.**, ACM, New York, NY, USA, v. 25, n. 2, p. 103–114, jun. 1996. ISSN 0163-5808. Disponível em: <<http://doi.acm.org/10.1145/235968.233324>>.