

第一章 基于节点距离的图相似性搜索

由前文可知，图数据能表示复杂的数据结构，在诸多领域也得到了广泛应用。从基本的生物，化学的分子结构，到交通网络，人际关系网都可以用图来建模。而对于图数据库的索引也自然成为了热点问题。

上一章我们介绍了精确子图搜索方法，但是由于真实情况下图数据库具有信息不完整，含有杂质等情形，精确搜索容易出现各种不匹配问题，难以得到我们想要的结果。同时，对于查询图的完整信息有时查询者也并不了解。所以相似性搜索的实际应用领域更加广泛。对于实际应用，相似性搜索的研究意义远超过了精确搜索。

传统的图相似性算法虽然运行效率已较为理想，但是编码上过于复杂，也无法做到对所有图数据库良好适配。所以本章我们提出了一种性能上不输于传统算法，但是实现更为简单，并且无需复杂设计即可适用于大量图数据库的基于节点距离的通用型算法。本章将首先详细介绍下一些相关概念，我们算法的具体思路，然后给出详细的代码设计方案，最后给出对于真实数据的实验结果与分析。

1.1 相关概念

本节主要介绍下文介绍算法时会用到的一些概念，包括小波图匹配核函数，图相似度定义，节点距离。

1.1.1 小波图匹配核函数

小波图匹配核函数 (Wavelet Graph matching kernel)^[2] 是 Wang 等人在 G-Hash 算法中提出的，用于度量图相似度的一个核心函数。其思想是先通过压缩每个节点周围邻接节点的属性信息，然后应用非递归线性核去计算图之间的相似度。这个方法包含两个重要的概念： h -hop 邻域和离散小波变换。用 $N_h(v)$ 标记一个节点 v 的 h 跳邻域，代表一个距离节点 v 最短距离是 h 跳 (跳过 h 个节点, 也就是 $h+1$ 的曼哈顿距离) 的节点集合。离散小波变换涉及到一个小波函数的定义，见下文公

式1-1, 也用到了 h 跳邻域。

$$\psi_{j,k} = \frac{1}{h+1} \int_{j/(k+1)}^{(j+1)/(k+1)} \varphi(x) dx \quad (1-1)$$

$\varphi(x)$ 代表 *Haar* 或者 *Mexican Hat* 小波函数, h 是在将 $\varphi(x)$ 在 $[0, 1)$ 区间上分成 $h+1$ 个间隔后的第 h 个间隔, $j \in [0, h]$ 。基于以上两个定义, 我们现在可以将小波分析用在图上了。我们用小波函数来计算每个节点的局部拓扑和。公式(1-2)展示了一个小波度量方法, 记做 $\Gamma_h(v)$, 以图 G 中的一个节点 v 为例。

$$\Gamma_h(v) = C_{h,v} \times \sum_{j=0}^k \psi_{j,k} \times \bar{f}_j(v) \quad (1-2)$$

其中, $C_{h,v}$ 是一个归一化因子

$$C_{h,v} = \left(\sum_{j=0}^h \frac{\psi_{j,h}^2}{|N_h(v)|} \right)^{-1/2}, \quad (1-3)$$

$\bar{f}_j(v)$ 是离节点 v 最远距离为 j 的原子特征向量的平均值

$$\bar{f}_j(v) = \frac{1}{|N_j(v)|} \sum_{u \in N_j(v)} f_u \quad (1-4)$$

f_u 表示节点 v 的特征向量值。这样的特征向量值只会是下面四种中的一种: 定类, 定序, 定距, 定比。对于定比和定距特征值, 直接在上述的小波分析时代入其值即可得到局部特征值。对于定类和定序节点特征, 我们首先建立一个直方图, 然后用小波分析提取出特征值。在节点 v 分析完成后, 我们可以得到一个节点列表 $\Gamma^h(v) = \{\Gamma_1(v), \Gamma_2(v), \dots, \Gamma_h(v)\}$, 我们称其为小波测度矩阵。用此方法我们可以将一个图转换为一个节点向量集合。因为小波变换有明确的正负区域, 所以这些小波压缩特征可以表示出局部的邻接节点和距离较远的邻接节点的差异。因此, 通过小波变换, 一幅图的结构化信息可以压缩成节点特征。从而我们可以忽略拓扑结构来专心于节点匹配。核函数就是建立在这些集合上的, 我们以图 G 和 G' 为例, 图匹配核函数是这样的

$$k_m(G, G') = \sum_{(u,v) \in V(G) \times V(G')} K(\Gamma^h(u), \Gamma^h(v)), \quad (1-5)$$

$$K(X, Y) = e^{\frac{-\|X-Y\|_2^2}{2}}. \quad (1-6)$$

WA 方法是一种很好的利用核函数进行图相似度定义的方法。但是这个方法有一个问题, 就是小波匹配核的总时间复杂度是 $O(m^2)$, 核矩阵的是 $O(n^2 \times m^2)$, n

是数据库图个数， m 是平均节点个数。这意味着，当数据库尺寸增加时，计算时间将大幅度增加。

1.1.2 图相似性定义

图相似性有很多种定义方式有很多，第??章中介绍的图编辑距离和最大公共子图就是两种常用的图相似度量方法。

本方法中，我们采用和 **G-Hash** 相似的相似性度量方法，即利用核函数计算两图相似性。公式1-7就是两图相似度距离的定义。

$$\begin{aligned}
 d(G, G') &= \sqrt{\|\phi(G) - \phi(G')\|_2^2} \\
 &= \sqrt{\langle \phi(G) - \phi(G'), \phi(G) - \phi(G') \rangle} \\
 &= \sqrt{\langle \phi(G), \phi(G) \rangle + \langle \phi(G'), \phi(G') \rangle - 2\langle \phi(G), \phi(G') \rangle} \\
 &= \sqrt{k_m(G, G) + k_m(G', G') - 2k_m(G, G')}
 \end{aligned} \tag{1-7}$$

公式中 $k_m(G, G)$ 代表图 G 和其本身的核函数值， $k_m(G', G')$ 是图 G' 及其本身的价值， $k_m(G, G')$ 就是图 G 和 G' 的。

$$k_m(G, G') = \sum_{v \in G', u \in \text{simi}(v)} K(\Gamma^h(u), \Gamma^h(v)) \tag{1-8}$$

$\text{simi}(v)$ 是一个包含着图 G 和节点 v 哈希到同一个位置的节点集合。我们用以下的解码方式来获取包含这些节点的图号和节点号。

显然，仅利用相似点对而非所有点对来计算两图相似度可以节约很多运算时间。因此为了增加准确度，相似的节点应该被哈希到相邻的位置。在图很大 (如大于 40) 时，我们也要计算相邻位置的节点。

因此在核函数计算时我们只考虑相似点对，在使用 **RBF** 核的情况下， $K(\Gamma^h(u), \Gamma^h(v)) \approx 1$ ，所以公式 (2) 可以写成

$$K(G, G') \approx \sum_{v \in G', u \in \text{simi}(v)} 1 = \sum_{v \in G'} |\text{simi}(v)| \tag{1-9}$$

$|\text{simi}(v)|$ 是在 $\text{simi}(v)$ 中的节点数目。这意味着我们只需要统计图 G 中和查询 G' 相似的点个数，其和就是我们要求的核。同理，我们可以这样计算每个图与其自己的核。显然，每个图与自己的核就是节点数目。

所以公式1-7最终变成公式1-10, 其中 $|V_G|$ 代表图 G 的节点数。

$$d(G, G') = \sqrt{|V_G| + |V_{G'}| - 2 \sum_{v \in G'} |simi(v)|} \quad (1-10)$$