Basi di Dati Ottimizzazione logica

Contenuti - Roadmap

Lab (progettazione)	Corso di Teoria	Lab (SQL)	
Metodologie e modello Entità Associazioni	Modello Relazionale		
Progettazione concettuale e logica	Algebra relazionaleOttimizzazione logica	. Linguaggia COI	
	Calcolo relazionale	 Linguaggio SQL 	
	La normalizzazione		
	Metodi di accesso e indiciGestione della concorrenzaGestione del ripristino		

Outline

- Ottimizzazione e differenza tra ottimizzazione logica e ottimizzazione fisica
- Euristica dell'ottimizzatore logico
- Passi 1, ..., 6 dell'algoritmo di ottimizzazione
- Stima dei costi (selezione, join)
- Passo 7 dell'algoritmo di ottimizzazione

Base di dati «Ricoveri»

pazienti

COD	Cognome	Nome	Residenza	AnnoNascita
A102	Necchi	Luca	TO	1950
B372	Rossigni	Piero	NO	1940
B543	Missoni	Nadia	TO	1960
B444	Missoni	Luigi	VC	2000
S555	Rossetti	Gino	AT	2010

reparti

<u> 10parti</u>		
COD	Nome-Rep	Primario
Α	Chirurgia	203
В	Pediatria	574
С	Medicina	530
L	Lab-Analisi	530
R	Radiologia	405

ricoveri

Inizio	Fine	Reparto
		A
<u> </u>		Δ
<u> </u>		B
<u> </u>	<u> </u>	B
		Δ
	Inizio 2/05/2014 2/12/2004 5/10/2014 1/12/2004 6/09/2015	2/05/2014 9/05/2014 2/12/2004 2/01/2005 5/10/2014 3/12/2014 1/12/2004 2/01/2005

medici

modioi				
<u>MATR</u>	Cognome	Nome	Residenza	Reparto
203	Neri	Piero	AL	А
574	Bisi	Mario	MI	В
461	Bargio	Sergio	TO	В
530	Belli	Nicola	TO	С
405	Mizzi	Nicola	AT	R
501	Monti	Mario	VC	A

Base di dati «Ricoveri»

• Schema relazionale con vincoli di integrità referenziale

PAZIENTI(<u>COD</u>, Cognome, Nome, Residenza, AnnoNascita)

MEDICI(<u>MATR</u>, Cognome, Nome, Residenza, Reparto)

REPARTI(<u>COD</u>, Nome-Rep, Primario)

RICOVERI(<u>PAZ</u>, Inizio, Fine, Reparto)

Ottimizzazione delle interrogazioni

 Ottimizzare: fare in modo che l'implementazione dell'interrogazione risulti più efficiente possibile

 Ci occuperemo di ottimizzazione in tempo più che di ottimizzazione in memoria/spazio

Contesto

- Un'applicazione gira in memoria centrale e dialoga con il DBMS
- Il database è memorizzato in memoria secondaria
- Il DBMS «dialoga» con le periferiche di storage attraverso il gestore del buffer (che gestisce pagine di memoria)
- Le pagine sono mappate sul dispositivo di storage
- I tempi di accesso alla memoria centrale sono dell'ordine dei nanosecondi (10⁻⁹ secondi)
- I tempi di accesso alla memoria secondaria sono dell'ordine dei millisecondi (10⁻³ secondi)

Contesto

- Quando l'applicazione ha bisogno di una tupla chiede al DBMS di fornirgliela
- Il DBMS deve trasferire una pagina dalla periferica di storage alla memoria centrale (buffer)
- Quando la pagina con la tupla richiesta è nel buffer, l'applicazione può elaborarla

Contesto

La complessità computazionale delle attività "algoritmiche" del DBMS in memoria principale è contenuta

Se i DBMS vogliono minimizzare i tempi di risposta devono minimizzare soprattutto il numero di pagine trasferite da e verso memoria secondaria

Ottimizzazione in due fasi

```
SQL
           Analisi lessicale,
         sintattica e semantica
         algebra
            Ottimizzazione
                 logica
         algebra
            Ottimizzazione
                 fisica
piano di accesso
```

Ottimizzazione logica

L'ottimizzazione logica è indipendente dalle strutture di memorizzazione

Prende in input l'albero sintattico dell'interrogazione e lo trasforma sfruttando le proprietà dell'algebra relazionale

L'albero sintattico in uscita è perfettamente equivalente all'interrogazione originale

Ottimizzazione fisica

- L'albero sintattico prodotto in output dall'ottimizzatore logico diventa l'input dell'ottimizzatore fisico
- L'ottimizzatore fisico prende in considerazione le strutture interne di memorizzazione
- L'ottimizzatore fisico entra nei nodi (operatori) dell'albero sintattico, li esamina e in base alle strutture fisiche sceglie l'algoritmo ottimale per eseguire ogni nodo
- Alla fine ogni nodo dell'albero sintattico avrà l'algoritmo più adatti per l'esecuzione ottimale dell'operatore algebrico corrispondente

Esempio di albero sintattico

Ricavo i dati dei pazienti ricoverati a Torino nel 2010 curati dal medico 405

```
\pi_{COD,PAZIENTI.Cognome,PAZIENTI.Nome,PAZIENTI.Residenza,Inizio,MATR}(\sigma_{PAZIENTI.Residenza='TO' \land Inizio=2010 \land MATR='405'}(formula \omega_{COD=PAZ} ricoveri) \omega_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici))
```

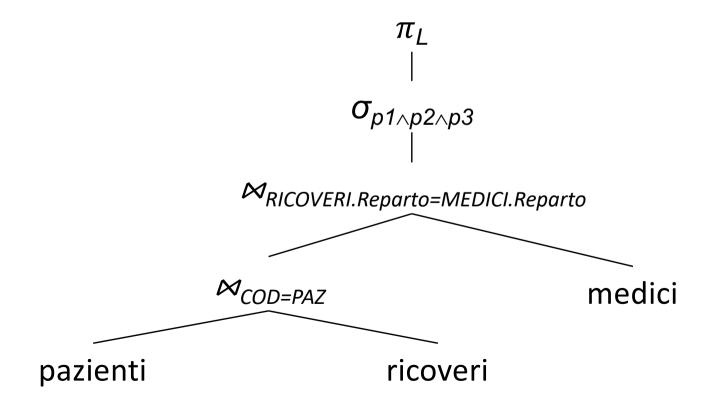
Chiamando

- L: COD, PAZIENTI. Cognome, PAZIENTI. Nome, PAZIENTI. Residenza, Inizio, MATR
- p1: PAZIENTI.Residenza='TO'
- p2: Inizio=2010
- p3: MATR='405',

 $\pi_L(\sigma_{p1 \land p2 \land p3}((pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri) \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici))$

Esempio di albero sintattico

 $\pi_L(\sigma_{p1 \land p2 \land p3}((pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri) \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici))$



Ottimizzazione logica

L'ottimizzatore è guidato da un semplice principio euristico:

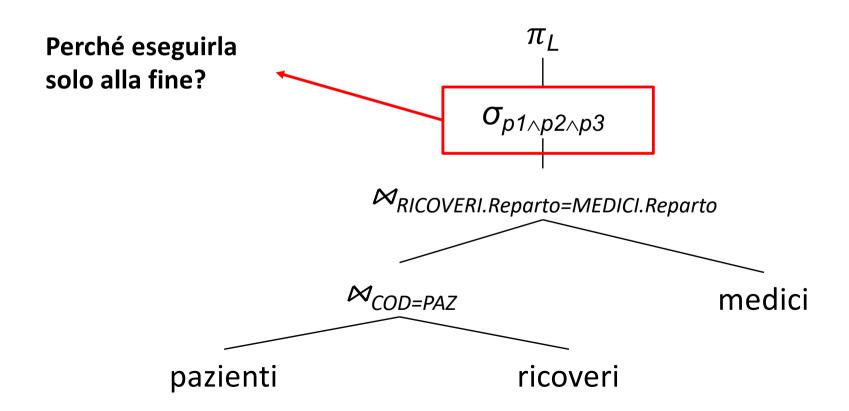
Ridurre la massa di tuple concettualmente coinvolte dall'interrogazione

Infatti, quasi tutte le operazioni principali dei sistemi informativi che usiamo quotidianamente usano pochissimi dati per volta:

- lavoro sul mio piano di studi, non su tutti
- lavoro sui miei pazienti, non su tutti
- lavoro sulle operazioni del mio conto in banca, non su tutte Idea: sfruttare le proprietà distributive della selezione in modo che sia uno dei primi operatori da eseguire, riducendo subito il numero di tuple coinvolte.

Esempio di albero

 $\pi_L(\sigma_{p1 \land p2 \land p3}((pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri) \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici))$



Algoritmo di ottimizzazione logica

I predicati *p* della selezione sono in forma congiuntiva (non è una limitazione: si può ricondurre qualsiasi predicato a una congiunzione di disgiunzioni)

1. Decomporre gli AND

$$- \qquad \sigma_{p1 \wedge p2}(r) \rightarrow \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r))$$

- Trasferire le selezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della selezione
- Trasferire le proiezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della proiezione

Algoritmo di ottimizzazione logica

4. Ricondurre a un'**unica selezione** le selezioni multiple nello stesso nodo dell'albero

$$- \qquad \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r)) \rightarrow \sigma_{p1 \wedge p2}(r)$$

5. Riconoscere le **sequenze di join**

$$- \sigma_{\theta}(r \times s) \rightarrow r \bowtie_{\theta} s$$

6. Ricondurre a un'unica proiezione le proiezioni multiple

$$- \qquad \pi_X(\pi_{XUY}(r)) \rightarrow \pi_X(r)$$

7. Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

I predicati *p* della selezione sono in forma congiuntiva (non è una limitazione: si può ricondurre qualsiasi predicato a una congiunzione di disgiunzioni)

1. Decomporre gli AND

- $\sigma_{p1 \wedge p2}(r) \rightarrow \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r))$
- 2. Trasferire le selezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della selezione
- Trasferire le proiezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della proiezione

La proprietà distributiva della selezione rispetto al join:

$$\sigma_p(r(A) \bowtie_{\Theta} s(B)) \rightarrow \sigma_p(r(A)) \bowtie_{\Theta} s(B)$$

è valida **solo se** gli attributi coinvolti da *p* sono contenuti solo in *A*.

Se p coinvolge sia attributi di A che attributi di B, non si può applicare.

Quindi a una selezione con un predicato che pesca da più relazioni difficilmente può essere applicata la proprietà distributiva...

Infatti, nell'esempio ho

$$\sigma_{p1 \wedge p2 \wedge p3}$$

con

p1: PAZIENTI.Residenza='TO' (che usa la relazione pazienti)

p2: Inizio=2010 (che usa la relazione ricoveri)

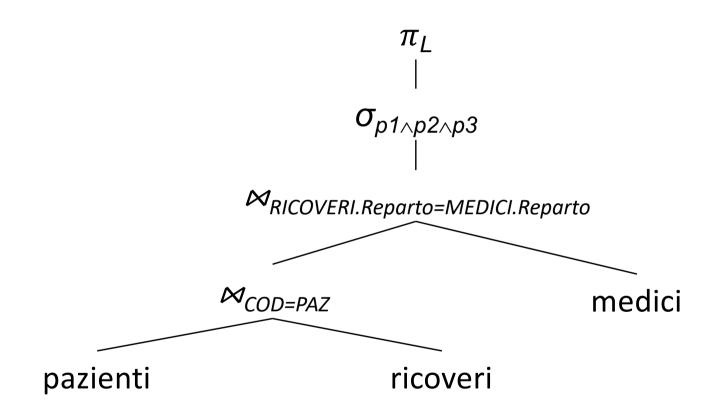
p3: MATR='405' (che usa la relazione **medici**)

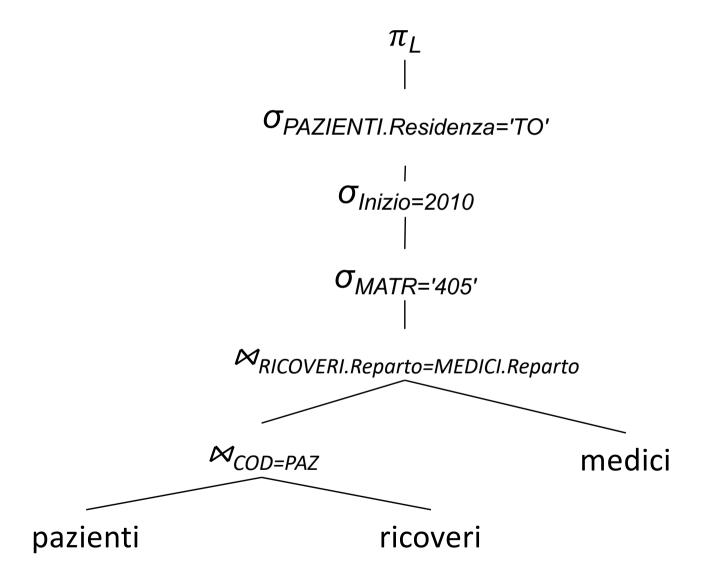
Questo predicato, preso insieme, non consente di muovere la selezione da dove è sfruttando la proprietà distributiva della selezione rispetto al join

Ma se la spezzo

$$\sigma_{p1 \wedge p2 \wedge p3} = \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(\sigma_{p3}(...)))$$

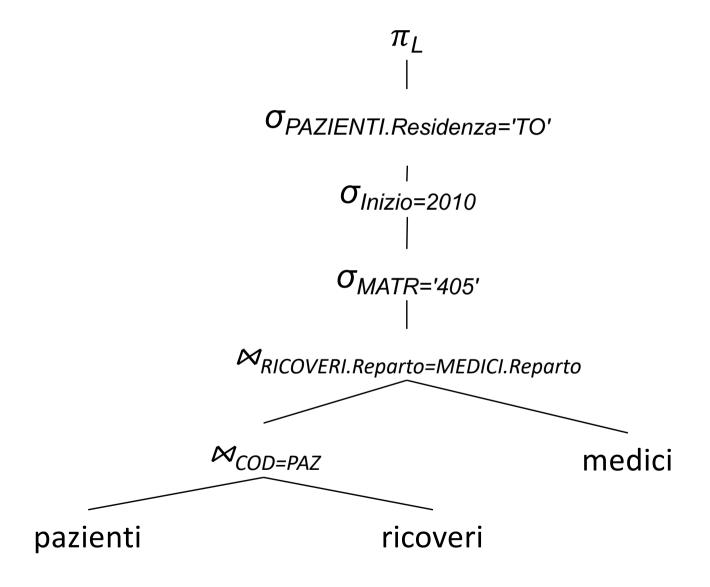
i singoli predicati sono più semplici e aumento la probabilità che essi soddisfino la condizione necessaria all'applicazione della proprietà distributiva

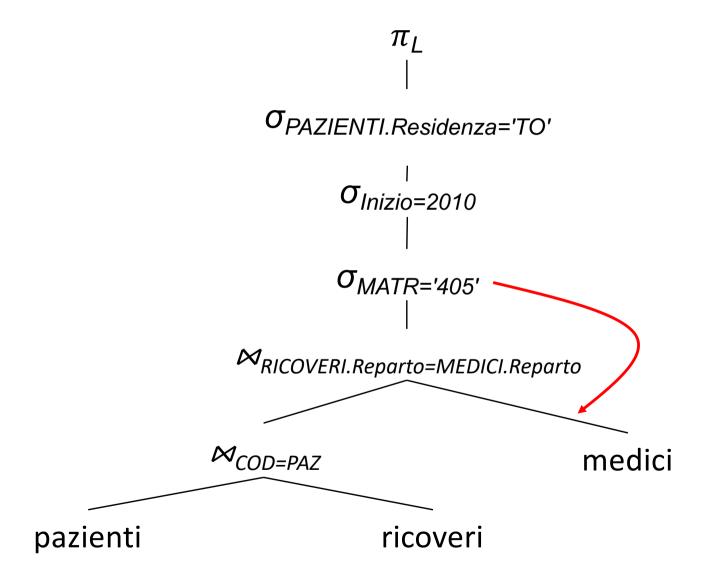


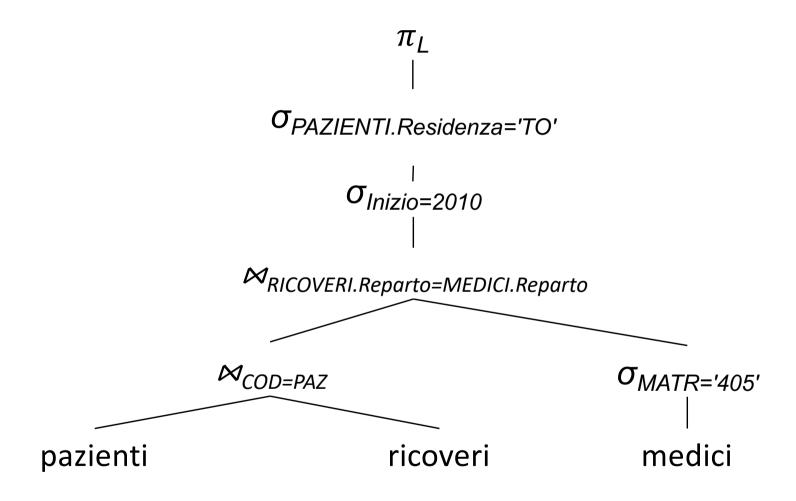


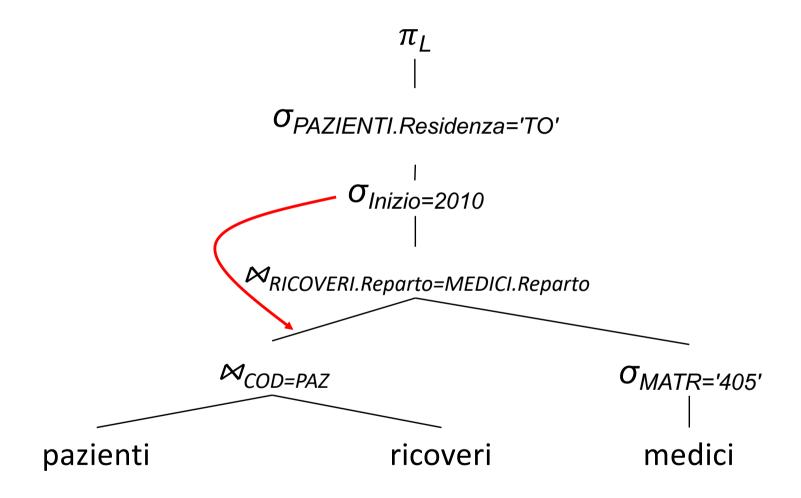
I predicati p della selezione sono in forma congiuntiva (non è una limitazione: si può ricondurre qualsiasi predicato a una congiunzione di disgiunzioni)

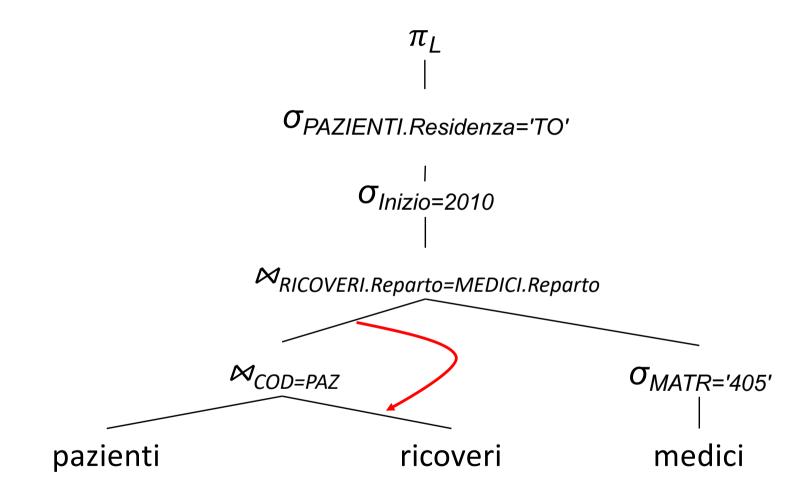
- 1. Decomporre gli AND
 - $\qquad \sigma_{p1 \wedge p2}(r) \rightarrow \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r))$
- 2. Trasferire le selezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della selezione
- Trasferire le proiezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della proiezione

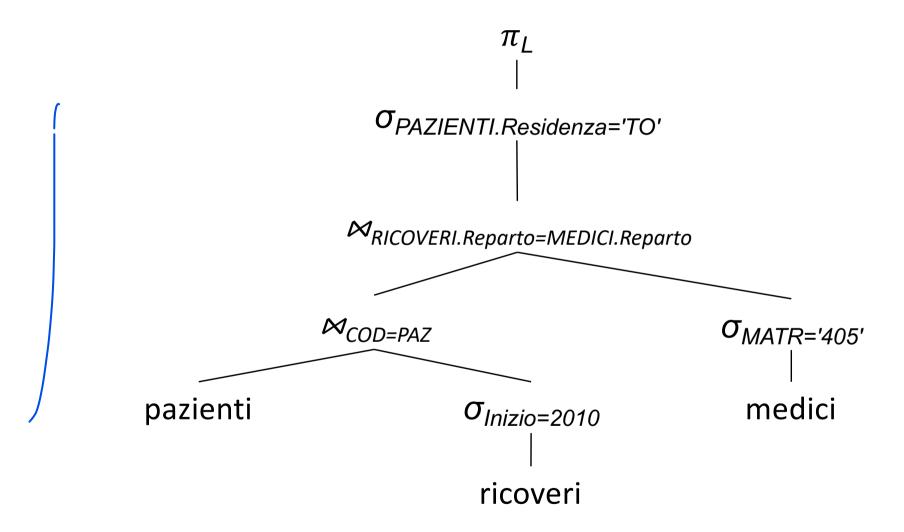


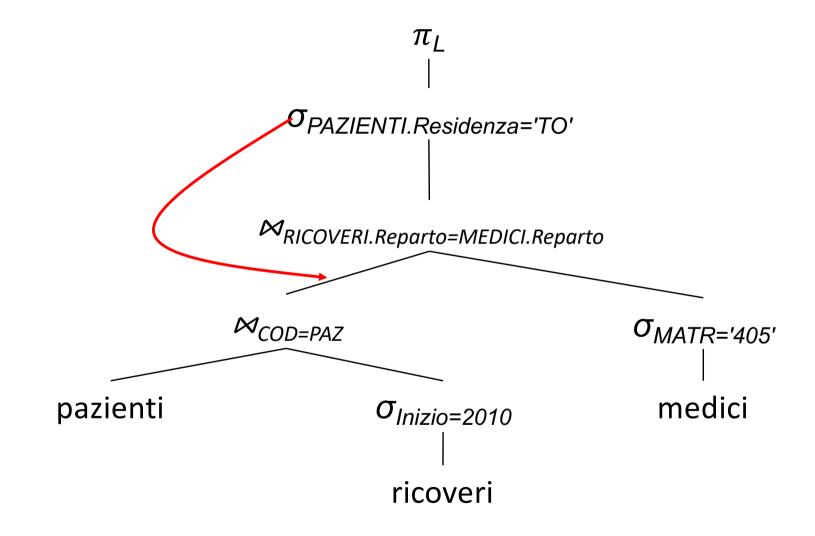


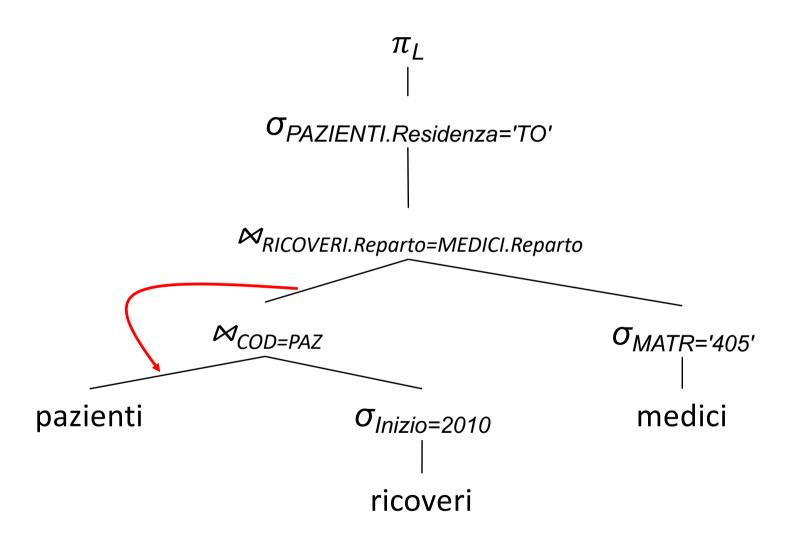


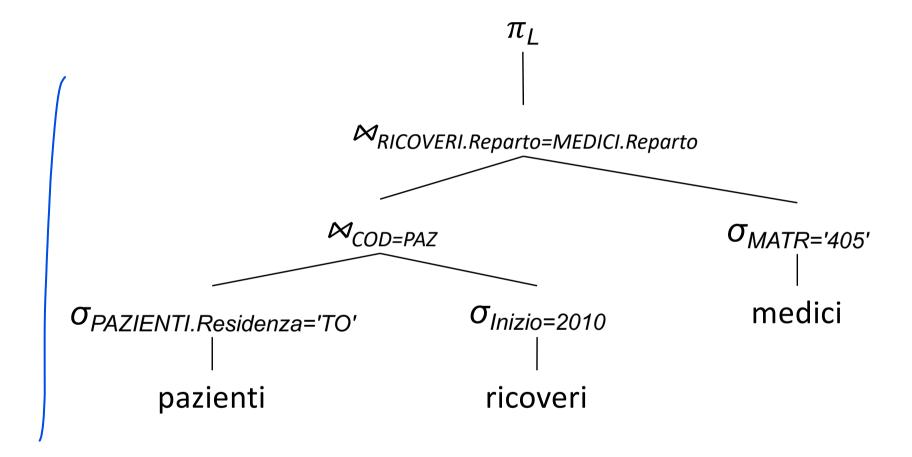












I predicati *p* della selezione sono in forma congiuntiva (non è una limitazione: si può ricondurre qualsiasi predicato a una congiunzione di disgiunzioni)

- 1. Decomporre gli AND
 - $\qquad \sigma_{p1 \wedge p2}(r) \rightarrow \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r))$
- 2. Trasferire le selezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della selezione
- 3. Trasferire le proiezioni verso le foglie finché è possibile con le proprietà distributive della proiezione

• Simile al passo 2

- 4. Ricondurre a un'unica selezione le selezioni multiple
 - $\quad \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r)) \rightarrow \sigma_{p1 \wedge p2}(r)$
- 5. Riconoscere le sequenze di join

$$- \sigma_{\theta}(r \times s) \rightarrow r \bowtie_{\theta} s$$

- 6. Ricondurre a un'unica proiezione le proiezioni multiple
 - $\qquad \pi_X(\pi_{XUY}(r)) \rightarrow \pi_X(r)$
- 7. Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

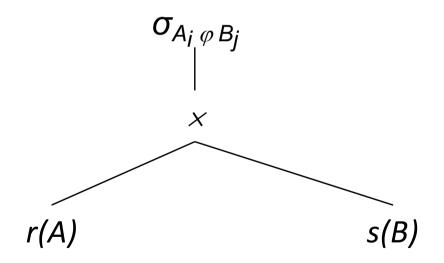
 A forza di trasferire le selezioni verso le foglie, le selezioni si fermano sui sottoalberi di competenza

 Potremmo quindi trovare delle selezioni in cascata (selezioni multiple)

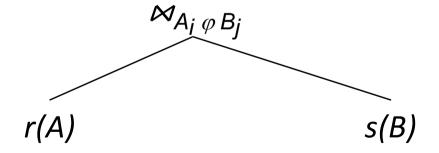
 L'ottimizzatore ricompone insieme le selezioni multiple, applicando una sola selezione con una congiunzione di predicati

- 4. Ricondurre a un'unica selezione le selezioni multiple
 - $\qquad \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r)) \rightarrow \sigma_{p1 \wedge p2}(r)$
- 5. Riconoscere le sequenze di join
 - $\quad \sigma_{\theta}(r \times s) \rightarrow r \bowtie_{\theta} s$
- 6. Ricondurre a un'unica proiezione le proiezioni multiple
 - $\qquad \pi_X(\pi_{XUY}(r)) \rightarrow \pi_X(r)$
- 7. Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

Capita spesso, anche in SQL, di trovarsi con delle selezioni che hanno come sottoalbero un prodotto cartesiano



Il passo 5 trasforma quindi il la selezione+prodotto cartesiano in un theta-join (tutti i DBMS hanno infatti algoritmi ottimizzati per eseguire i join)



- 4. Ricondurre a un'unica selezione le selezioni multiple
 - $\qquad \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r)) \rightarrow \sigma_{p1 \wedge p2}(r)$
- 5. Riconoscere le sequenze di join
 - $\sigma_{\theta}(r \times s) \rightarrow r \bowtie_{\theta} s$
- 6. Ricondurre a un'unica proiezione le proiezioni multiple
 - $\qquad \pi_{X}(\pi_{X \cup Y}(r)) \rightarrow \pi_{X}(r)$
- 7. Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

La spiegazione è ovvia!

- 4. Ricondurre a un'unica selezione le selezioni multiple
 - $\qquad \sigma_{p1}(\sigma_{p2}(r)) \rightarrow \sigma_{p1 \wedge p2}(r)$
- 5. Riconoscere le sequenze di join
 - $\sigma_{\theta}(r \times s) \rightarrow r \bowtie_{\theta} s$
- 6. Ricondurre a un'unica proiezione le proiezioni multiple
 - $\qquad \pi_X(\pi_{XUY}(r)) \rightarrow \pi_X(r)$
- 7. Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

Nel nostro caso di studio l'ottimizzatore esplora due alternative:

- $\pi_{L}((\sigma_{p1}(pazienti) \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)))$ $\bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} \sigma_{p3}(medici))$
- $\pi_{L}(\sigma_{p1}(\text{pazienti}) \bowtie_{\text{COD=PAZ}} (\sigma_{p2}(\text{ricoveri}) \bowtie_{\text{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto}} \sigma_{p3}(\text{medici})))$

Come scegliere?

Introduciamo un approccio alternativo che stima quantitativamente i costi delle varie alternative

Aspetti quantitativi delle interrogazioni

I DBMS mantengono nel dizionario dei dati una serie di informazioni di tipo statistico su ogni tabella *r*, in particolare:

- CARD(r) = |r| cardinalità della relazione
- SIZE(t) ampiezza della tupla in byte
- VAL(A,r) numero di valori distinti che

appaiono nella colonna A_i all'interno

della tabella r, ovvero

$$VAL(A_i, r) = |\pi_{A_i}(r)|$$

- Ad esempio VAL(Reparto, ricoveri) = 2
- Se A_i è chiave, $VAL(A_i,r) = CARD(r)$

Aspetti quantitativi delle interrogazioni

I DBMS mantengono nel dizionario dati una serie di informazioni di tipo statistico su ogni tabella *r*, in particolare:

• MIN(A,r)

valore minimo di A_i contenuto in r

MAX(A_i,r)

valore massimo di A_i contenuto in r

NPAGE(r)

- numero di pagine occupate da r
- NPAGE(r) = CARD(r)/fattore_di_bloccaggio
 - fattore_di_bloccaggio è il numero massimo di tuple contenute in una pagina

Analisi dei costi delle interrogazioni

L'analisi quantitativa dell'interrogazione permette di predire *ex-ante* il risultato della cardinalità della relazione risultato senza eseguirla

Stima del costo della selezione

Data la selezione $\sigma_p(r)$, conoscendo l'intervallo di variabilità della selezione $\sigma_p(r)$

$$0 \le |\sigma_p(r)| \le |r|$$
,

si può modellare la cardinalità della selezione $\sigma_p(r)$ con un **fattore di selettività f_p** per la cardinalità di r

$$|\sigma_p(r)| = f_p \cdot |r|$$

Il fattore di selettività f_p è legato al solo predicato p di selezione e varia tra 0 e 1

Fattore di selettività

Il fattore di selettività f_p può essere interpretato come la probabilità che una tupla in r soddisfi il predicato di selezione p, ovvero la stima della percentuale di tuple che soddisfano il predicato di selezione

Come possiamo stimare f_p ?

Fattore di selettività

I DBMS hanno a disposizione un formulario anche molto avanzato per il calcolo del fattore di selettività f_{p}

Noi ricaviamo una stima di f_p in una versione più grossolana, ma sufficiente ai nostri scopi assumendo:

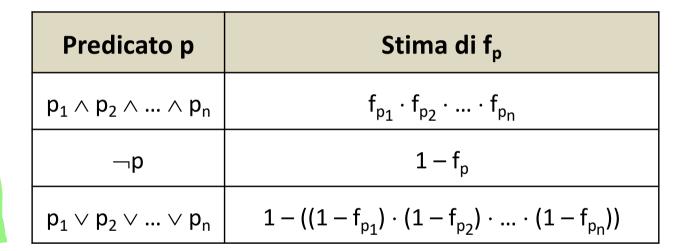
- una distribuzione uniforme dei valori all'interno delle varie colonne, cioè ignoriamo il fatto che alcuni valori possono essere più probabili di altri
- assenza di correlazione tra attributi diversi

Fattore di selettività (predicati atomici)

Predicato p	Stima di f _p
$A_i = v$	$\frac{1}{VAL(A_i,r)}$
A _i ≤ v	$\frac{v - MIN(A_i, r)}{MAX(A_i, r) - MIN(A_i, r)}$
A _i ≥ v	$\frac{MAX(A_i,r) - v}{MAX(A_i,r) - MIN(A_i,r)}$
$V_1 \le A_i \le V_2$	$\frac{v_2 - v_1}{MAX(A_i, r) - MIN(A_i, r)}$

- Con l'assunzione di uniformità su tutti i valori, abbiamo che VAL(A_i,r)=MAX(A_i,r)-MIN(A_i,r)+1 (perché non abbiamo «buchi») e quindi le prime tre righe risultano essere un caso particolare dell'ultima riga. Tuttavia, quando ci sono buchi, le stime fornite dalle formule nella tabella sono più precise.
- Poiché stiamo ricavando una stima, trascuriamo alcuni termini (ad es. l'ultima riga più precisamente sarebbe $f_p = (v_2 v_1 + 1)/(MAX(A_i,r) MIN(A_i,r) + 1)$).
- Quando v, v_1 e v_2 non sono compresi tra MIN(A_i ,r) e MAX(A_i ,r), le formule devono essere aggiustate (ad es. nella prima riga, invece di $f_p = 1/VAL(A_i,r)$, bisogna avere $f_p = 0$).

Fattore di selettività (predicati composti)



L'OR si dimostra da AND e NOT con De Morgan:

$$\neg\neg(p_1\lor p_2\lor...\lor p_n)=\neg(\neg p_1\land\neg p_2\land...\land\neg p_n)$$

Per i nostri scopi, ci limiteremo a studiare l'equi-join $|r(A)\bowtie_{A_i=B_i} s(B)|$

Iniziamo notando che per il prodotto cartesiano abbiamo

$$|r(A) \times s(B)| = CARD(r) \cdot CARD(s)$$

 Se ci accontentiamo di una stima grezza possiamo dire che

$$0 \le |r(A) \bowtie_{A_i = B_i} s(B)| \le CARD(r) \cdot CARD(s)$$

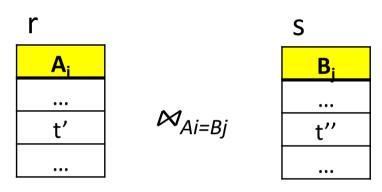
 Ma possiamo ricavare una stima più utile con il fattore di selettività...

Per stimare $|r(A)\bowtie_{A_i=B_j} s(B)|$, consideriamo prima una singola tupla $t'\in r$ per cui t' $[A_i]=v$ (v è una costante):

- la probabilità che una singola tupla t"∈s sia tale che t"[B_j]=v è 1/VAL(B_i, s)
- considerando tutta la relazione s, ci saranno $(1/VAL(B_i, s)) \cdot CARD(s)$ tuple t'' per cui t''[B_i]=v.

Se esistesse un vincolo di integrità referenziale « $r(A_i)$ referenzia $s(B_j)$ », dato che B_j sarebbe chiave di s, B_j non avrebbe valori ripetuti e $VAL(B_j, s) = CARD(s)$, cioè $1/VAL(B_j, s) \cdot CARD(s) = 1$, cioè avremmo una e una sola tupla t'' per ogni tupla t'.

Se non esiste il vincolo di integrità referenziale, sappiamo che la stima precedente è ottimistica perché potrebbe non esserci nessuna tupla in s tale che t'' $[B_i]=v$.



Consideriamo ora **tutte le tuple** *t'***E***r*:

La stima ottimistica della cardinalità del join diventa quindi:

$$|r(A)\bowtie_{A_i=B_i} s(B)| = (1/VAL(B_i, s)) \cdot CARD(s) \cdot CARD(r)$$

Non ho ancora finito!

Dato che vale la proprietà commutativa del join, posso ripetere il ragionamento che ha portato a

$$|r(A)| \bowtie_{A_i=B_j} s(B)| = (1/VAL(B_j, s)) \cdot CARD(s) \cdot CARD(r)$$

partendo da *s* invece che da *r* e ottengo:

$$|s(B)| \bowtie_{B_i=A_i} r(A)| = (1/VAL(A_i, r)) \cdot CARD(r) \cdot CARD(s)$$

Rispetto al caso precedente cambia solo il fattore di selettività:

$$1/VAL(A_i, r)$$
 invece di $1/VAL(B_i, s)$

Entrambe le formule sono delle stime ottimistiche, cioè delle sovrastime. Se consideriamo il minimo delle due, abbiamo una sovrastima migliore.

La cardinalità del join diventa:

$$|r(A)\bowtie_{A_i=B_j} s(B)| = min\{1/VAL(A_i, r) \cdot CARD(r) \cdot CARD(s), 1/VAL(B_i, s) \cdot CARD(s) \cdot CARD(r)\}$$

Cioè

$$|r(A)\bowtie_{A_i=B_i} s(B)| = min\{1/VAL(A_i, r), 1/VAL(B_i, s)\} \cdot CARD(r) \cdot CARD(s)$$

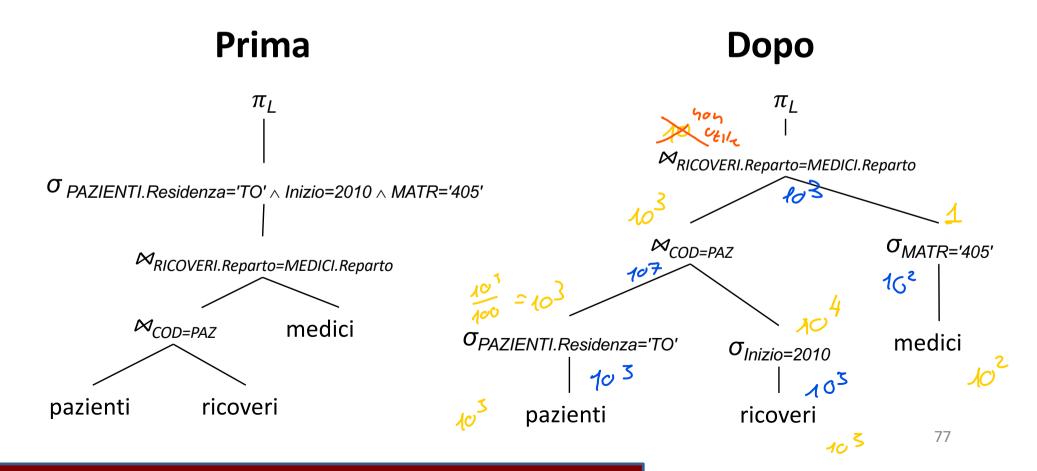
```
\pi_L(\sigma_{PAZIENTI.Residenza='TO' \land Inizio=2010 \land MATR='405'}(
(pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri) \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto}
medici))
```

Con

- p1: PAZIENTI.Residenza='TO'
- p2: Inizio=2010
- p3: MATR='405'

 $\pi_L(\sigma_{PAZIENTI.Residenza='TO' \land Inizio=2010 \land MATR='405'}((pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri) \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici))$

Confrontiamo i costi dell'interrogazione prima e dopo i passi 1-6 dell'algoritmo di ottimizzazione logica



Dizionario dati:

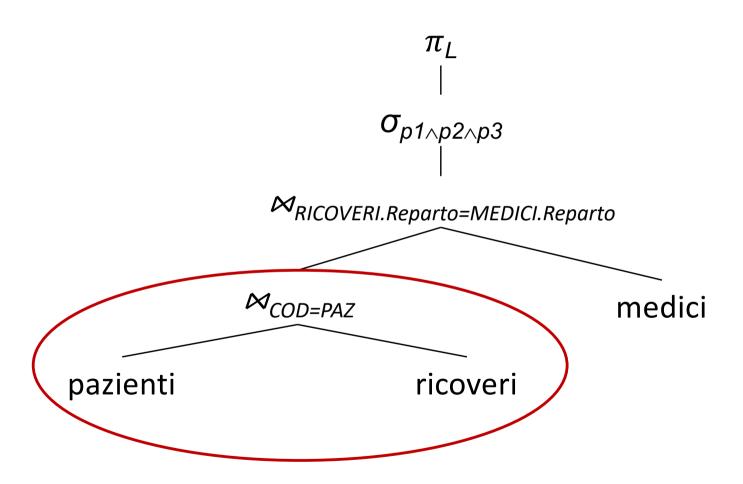
- CARD(pazienti) = 10⁵
- CARD(ricoveri) = 10^5
- CARD(medici) = 100
- CARD(reparti) = 10
- VAL(Inizio,ricoveri) = 10 (supponiamo di memorizzare solo gli anni (dieci))
- VAL(reparto,ricoveri) = 10
- VAL(residenza,pazienti) = 100
- VAL(PAZ,ricoveri) = 10⁵
- VAL(reparto, medici) = 10

Posso già calcolare i fattori di selettività dei predicati

- p1: PAZIENTI.Residenza='TO'
- *p2: Inizio=2010*
- p3: MATR='405'

cioè

- $f_{p1} = 1/VAL(residenza, pazienti) = 1/100$
- $f_{p2} = 1/VAL(Inizio, ricoveri) = 1/10$
- $f_{p3} = 1/VAL(MATR, medici) = 1/CARD(medici) = 1/100$



Partendo dalle foglie e andando verso la radice, per ogni operatore calcolo quante tuple «muove» (cioè prende in considerazione per elaborarle) e quante tuple produce in output (che verrà usato come input per l'operatore successivo)

Valutiamo il join

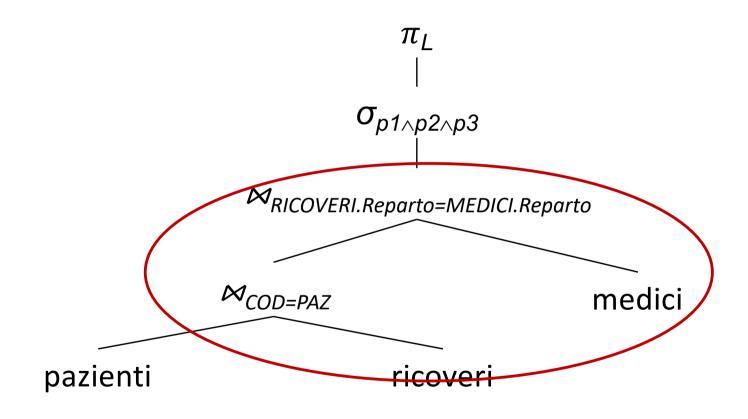
```
r1 := pazienti \bowtie_{COD=PAZ} ricoveri
```

Muove | pazienti | · | ricoveri | tuple

Per la cardinalità dell'output applichiamo la stima della cardinalità del join:

```
| pazienti ≥ COD=PAZ ricoveri | = min{1/VAL(COD, pazienti) · CARD(pazienti) · CARD(ricoveri), 1/VAL(PAZ, ricoveri) · CARD(pazienti) · CARD(ricoveri)}
```

COD è chiave di pazienti quindi VAL(COD, pazienti) = CARD(pazienti) e | pazienti $\bowtie_{COD=PAZ}$ ricoveri| = $min\{CARD(ricoveri), 1/VAL(PAZ, ricoveri) \cdot CARD(pazienti) \cdot CARD(ricoveri)\} = <math>min\{10^5, 1/10^5 \cdot 10^5 \cdot 10^5\} = 10^5$



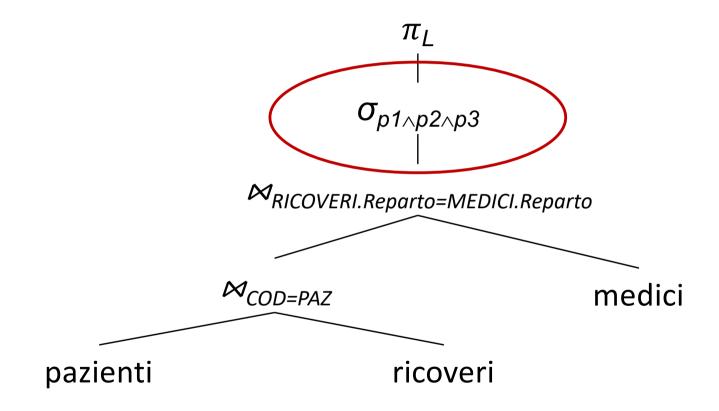
Se r1 è il risultato del join precedente, dobbiamo valutare il join

```
r2 := r1 \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici
```

r2 muove |r1| · |medici| tuple

e produce, applicando la stima della cardinalità del join:

```
|r1 \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} medici| = min{1/VAL(Reparto, r1), 1/VAL(Reparto, medici)} \cdot CARD(r1) \cdot CARD(medici)
= min(1/10, 1/10) \cdot 10^5 \cdot 10^2
= 1/10 \cdot 10^5 \cdot 10^2 = 10^6
```



A questo punto abbiamo la selezione $\sigma_{p1 \wedge p2 \wedge p3}$ che elabora le 10⁶ tuple del risultato precedente (r2).

Dati i fattori di selettività $f_{p1} = 1/100$, $f_{p2} = 1/10$, $f_{p3} = 1/100$, produce:

r3 :=
$$|\sigma_{p1 \land p2 \land p3}(r2)|$$
 = $f_{p1} \cdot f_{p2} \cdot f_{p3} \cdot CARD(r2) = 1/100 \cdot 1/10 \cdot 1/100 \cdot 10^{6}$ = 10

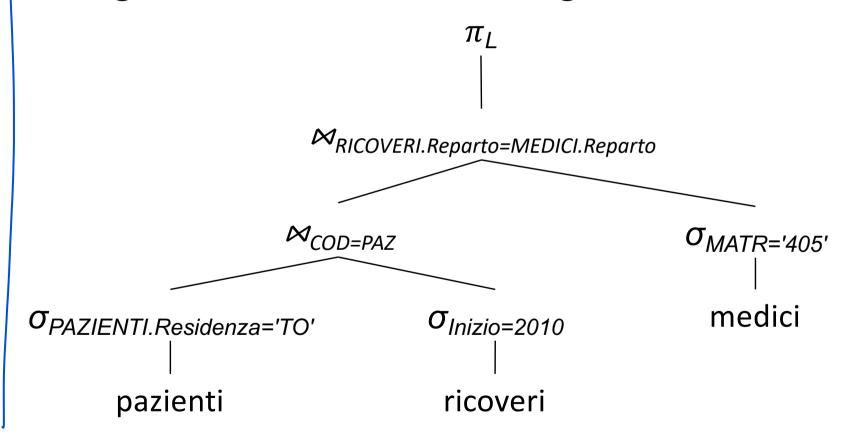
Qual è la massa di tuple coinvolte dall'interrogazione prima dell'ottimizzazione (ignorando per semplicità la proiezione)? Consideriamo le tuple coinvolte da ogni operazione:

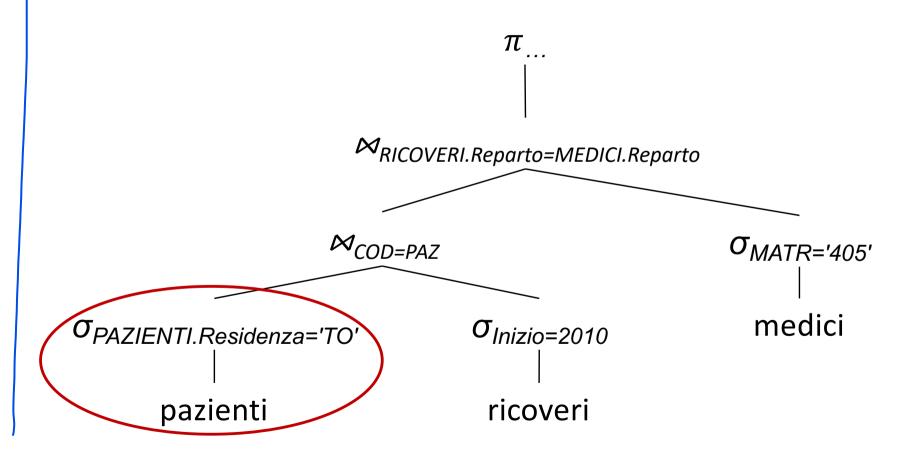
- r1 := pazienti ⋈_{COD=PAZ} ricoveri
 combina 10⁵ tuple di *medici* con 10⁵ tuple di *ricoveri* per
 restituire 10⁵ tuple
- $r2 := r1 \bowtie_{RICOVERI.Reparto = MEDICI.Reparto} medici$ combina 10^5 tuple di r1 con 10^2 tuple di medici per restituire 10^6 tuple
- $r3 := \sigma_{p1 \land p2 \land p3}(r2)$ valuta 10^6 tuple di r2 per restituire 10 tuple Quindi sono coinvolte $10^5 \cdot 10^5 + 10^5 \cdot 10^2 + 10^6$ tuple Considerando il valore dominante, $10^5 \cdot 10^5 = 10^{10}$, «muoviamo» 10^{10} tuple per avere approssimativamente 10 tuple

92

Caso di studio (dopo)

Consideriamo ora il costo <u>dopo</u> i passi 1-6 dell'algoritmo di ottimizzazione logica



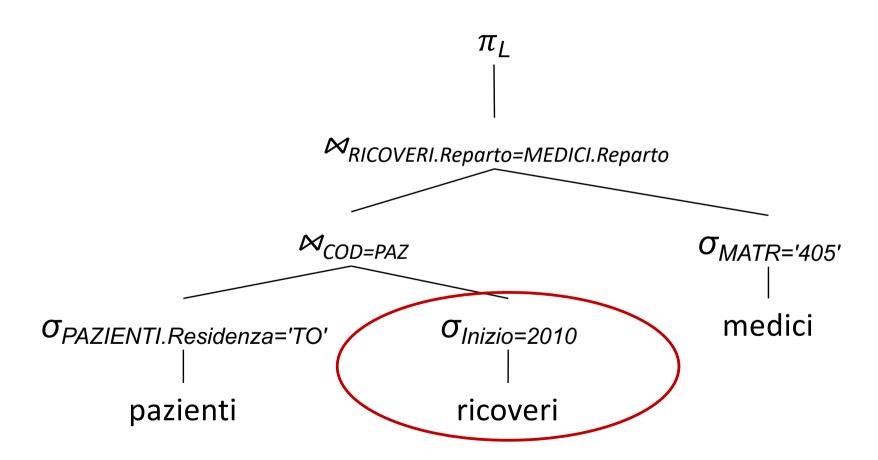


Quante tuple «muove» la selezione $\sigma_{PAZIENTI.Residenza='TO'}(pazienti)$?

Sono esattamente le tuple della relazione *pazienti*, ovvero 10⁵

Quante tuple produce?

$$|\sigma_{PAZIENTI.Residenza='TO'}(pazienti)| = f_{p1} \cdot CARD(pazienti) = 1/100 \cdot 10^5 = 10^3$$

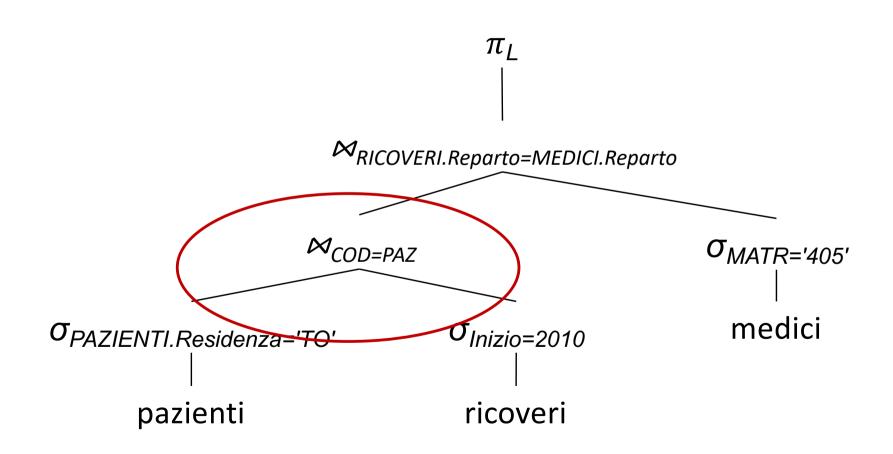


Quante sono le tuple coinvolte dalla selezione $\sigma_{Inizio=2010}(ricoveri)$?

Sono esattamente le tuple della relazione *ricoveri*, ovvero 10⁵.

Quante tuple produce?

$$|\sigma_{Inizio=2010}(ricoveri)| = f_{p2} \cdot CARD(ricoveri) = 1/10 \cdot 10^5 = 10^4$$



Quante sono le tuple coinvolte dal join

$$r1' := \sigma_{p1}(pazienti) \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)$$
?

Questa volta il join lavora su $10^3 \cdot 10^4 = 10^7$ tuple.

Quante tuple produce?

Quante tuple produce $r1' := \sigma_{p1}(pazienti) \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)$?

Stimo la cardinalità dell'equi-join

```
|\sigma_{p1}(pazienti)| \approx_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)| = min{1/VAL(COD, <math>\sigma_{p1}(pazienti)), 1/VAL(PAZ, \sigma_{p2}(ricoveri))} \cdot CARD(\sigma_{p1}(pazienti)) \cdot CARD(\sigma_{p2}(ricoveri))
```

Non conosco però $VAL(COD, \sigma_{p1}(pazienti))$ e $VAL(PAZ, \sigma_{p2}(ricoveri))$.

Euristica del DBMS per la stima

Posso stimare $VAL(COD, \sigma_{p1}(pazienti))$ partendo dai dati che il DBMS conosce.

Il numero da stimare non può essere maggiore di:

- VAL(COD,pazienti) = 10⁵
 (numero di tuple in pazienti con valori distinti per COD)
- $CARD(\sigma_{p1}(pazienti)) = f_{p1} \cdot CARD(pazienti) = 1/100 \cdot 10^5 = 10^3$ (numero di tuple nel risultato della selezione σ_{p1})

Quindi:

```
VAL(COD, \sigma_{p1}(pazienti)) =  min\{VAL(COD, pazienti), CARD(\sigma_{p1}(pazienti))\} =  min\{10^5, 10^3\} = 10^3
```

Euristica del DBMS per la stima

Formula generale:

$$|\sigma_{p1}(r(A))| \bowtie_{A_i = B_j} \sigma_{p2}(s(B))| =$$
 $min\{1/VAL(A_i, \sigma_{p1}(r)), 1/VAL(B_i, \sigma_{p2}(s))\} \cdot CARD(\sigma_{p1}(r)) \cdot CARD(\sigma_{p2}(s))$

con

- $VAL(A_i, \sigma_{p1}(r)) = min\{VAL(A_i, r), CARD(\sigma_{p1}(r))\}$
- $VAL(B_j, \sigma_{p2}(s)) = min\{VAL(B_j, s), CARD(\sigma_{p2}(s))\}$

quando A_i e B_i non sono coinvolti nei predicati di selezione

Devo ancora ricavare $VAL(PAZ, \sigma_{p2}(ricoveri))$.

Il DBMS conosce questi dati:

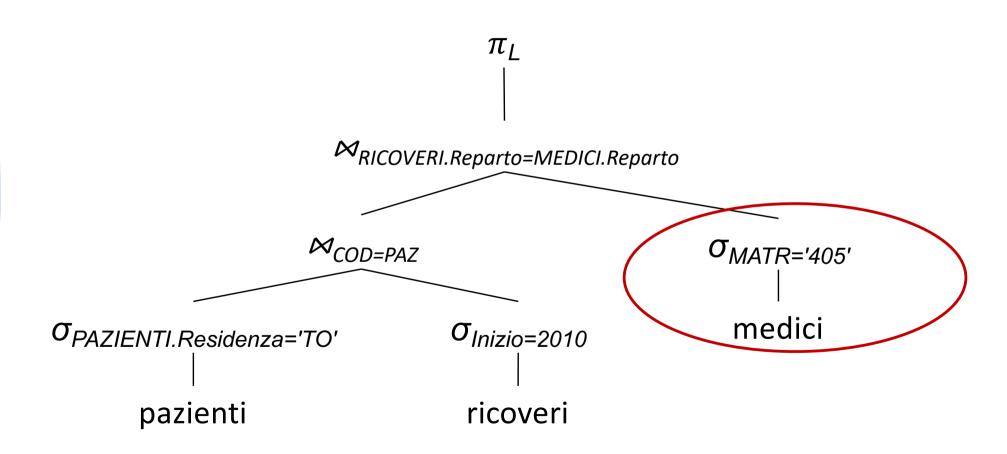
- *VAL(PAZ,ricoveri) = 10*⁵
- $CARD(\sigma_{p2}(ricoveri)) = f_{p2} \cdot CARD(ricoveri) = 1/10 \cdot 10^5 = 10^4$

Di conseguenza

```
VAL(PAZ, \sigma_{p2}(ricoveri)) =
min\{VAL(PAZ, ricoveri), CARD(\sigma_{p2}(ricoveri))\} =
min\{10^5, 10^4\} = 10^4
```

```
Quante tuple produce r1' := \sigma_{p1}(pazienti) \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)?
                     |\sigma_{p1}(pazienti)| \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)|
                         min\{1/VAL(COD, \sigma_{p1}(pazienti)),
                            1/VAL(PAZ, \sigma_{p2}(ricoveri))\}.
                  CARD(\sigma_{p1}(pazienti)) \cdot CARD(\sigma_{p2}(ricoveri))
         min\{1/min\{VAL(COD,pazienti), CARD(\sigma_{p1}(pazienti))\},
              1/\min\{VAL(PAZ,ricoveri), CARD(\sigma_{p2}(ricoveri))\}.
                  CARD(\sigma_{p1}(pazienti)) \cdot CARD(\sigma_{p2}(ricoveri))
          min\{1/10^3, 1/10^4\} \cdot 10^3 \cdot 10^4 = 1/10^4 \cdot 10^3 \cdot 10^4 = 10^3
```

105



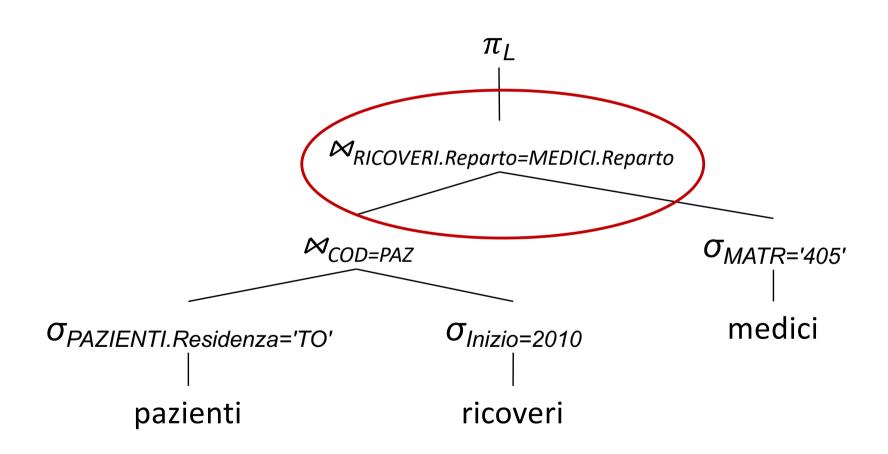
Quante sono le tuple coinvolte da $r2' := \sigma_{MATR='405'}(medici)$?

Sono esattamente le tuple della relazione medici, ovvero 10^2 .

Quante tuple produce?

$$|\sigma_{MATR='405'}(medici)| = 1$$

(è una selezione su MATR che è chiave, quindi produce una sola tupla)



Quante sono le tuple coinvolte da

$$r3' := r1' \bowtie_{RICOVERI.Reparto = MEDICI.Reparto} r2'?$$

Questa volta il join lavora su $10^3 \cdot 1 = 10^3$ tuple

Quante tuple produce?

Non è utile calcolarlo perché, dato che questo albero sintattico è equivalente al precedente, dovrà produrre lo stesso numero di tuple.

Qual è la massa di tuple coinvolte dall'interrogazione dopo i passi 1-6 dell'ottimizzazione (ignorando per semplicità la proiezione)?

- $\sigma_{p1}(pazienti)$ considera 10⁵ tuple per produrre 10³ tuple
- $\sigma_{p2}(ricoveri)$ considera 10⁵ tuple per produrre 10⁴ tuple
- r1' := $\sigma_{p1}(pazienti) \bowtie_{COD=PAZ} \sigma_{p2}(ricoveri)$ combina 10³ tuple di $\sigma_{p1}(pazienti)$ con 10⁴ tuple di $\sigma_{p2}(ricoveri)$ per restituire 10³ tuple
- $r2' := \sigma_{MATR='405'}(medici)$ valuta 10^2 tuple di medici per restituire 1 tupla
- $r3' := r1' \bowtie_{RICOVERI.Reparto = MEDICI.Reparto} r2'$ combina 10^3 tuple di r1' con 1 tupla di r2' per restituire 10 tuple

Quindi sono coinvolte $10^5 + 10^5 + 10^3 \cdot 10^4 + 10^2 + 10^3 \cdot 1$ tuple

Considerando il valore dominante, $10^3 \cdot 10^4 = 10^7$, «muoviamo» mille volte meno della massa di tuple coinvolte senza ottimizzazione logica!

Spiegazione del passo 7

Esaminare le varianti dell'albero sintattico dovute alle proprietà associative scegliendo la variante di costo minimo

- L'ottimizzatore cerca una configurazione dell'albero sintattico che riduca ulteriormente la massa di tuple concettualmente elaborate
- Principalmente questo passo consiste nella ricerca di parentesizzazioni alternative – e meno costose – di join multipli

Spiegazione del passo 7

Questo passo ha delle difficoltà computazionali non indifferenti Consideriamo una sequenza di join:

$$r_1 \bowtie r_2 \bowtie ... \bowtie r_n$$

- Le configurazioni possibili dovute alle proprietà associative crescono esponenzialmente con n
 - n=3, 2 configurazioni
 - n=4, 5 configurazioni
 - n=5, 14 configurazioni
 - n=10, 4862 configurazioni

$$configurazioni = \frac{1}{n} {2(n-1) \choose n-1}$$

Esempio con 4 relazioni

$$((r_1 \bowtie r_2) \bowtie r_3) \bowtie r_4$$

 $(r_1 \bowtie (r_2 \bowtie r_3)) \bowtie r_4$
 $r_1 \bowtie ((r_2 \bowtie r_3) \bowtie r_4)$
 $r_1 \bowtie (r_2 \bowtie (r_3 \bowtie r_4))$
 $(r_1 \bowtie r_2) \bowtie (r_3 \bowtie r_4)$

Spiegazione del passo 7

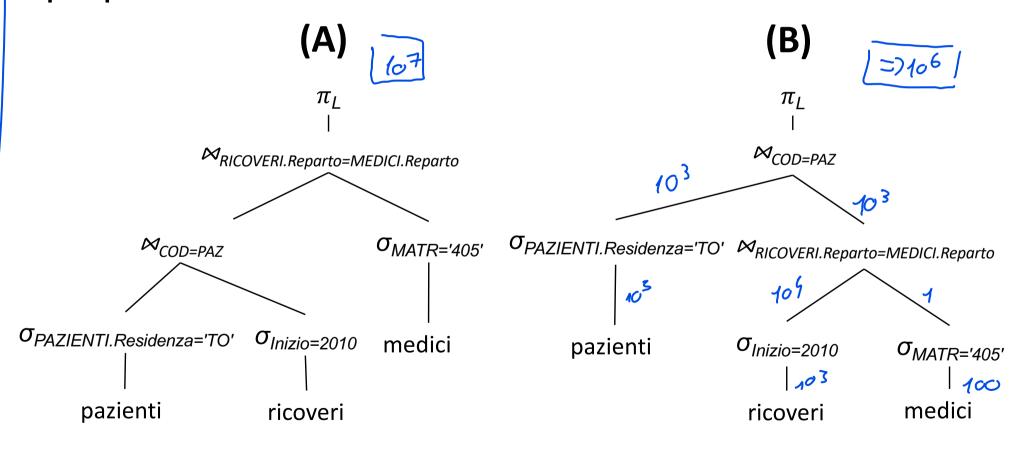
- Gli ottimizzatori non esplorano tutte le possibili configurazioni e si accontentano di una configurazione eventualmente subottimale.
- L'euristica applicata dell'ottimizzatore è quella di anticipare il prima possibile i join tra relazioni con cardinalità bassa.
- Si cerca il join a cardinalità minima dei sottoalberi e si esegue per primo e così via.
- Anche se il join lavora su una massa di tuple enorme, solitamente, produce un numero di tuple limitato grazie alla selettività del suo predicato θ .

Caso di studio

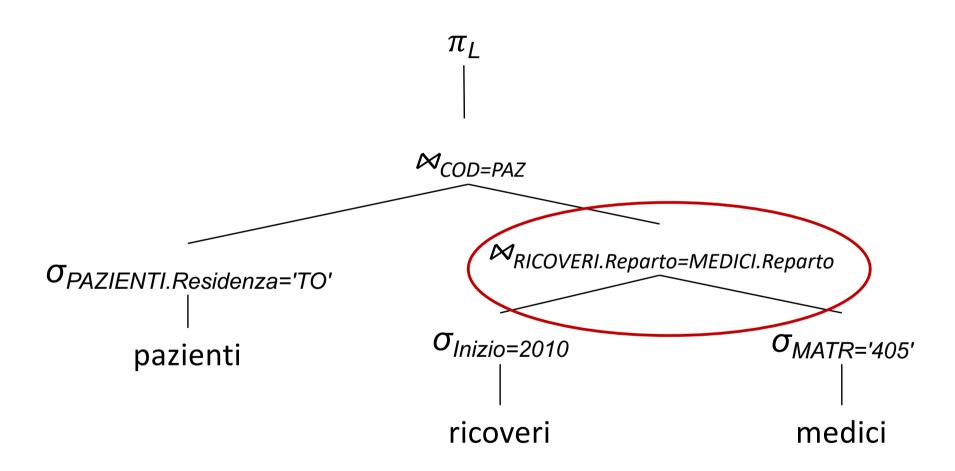
- I join della query operano su tre selezioni:
 - $-\sigma_{p1}(pazienti)$ elabora 10^5 tuple e $|\sigma_{p1}| = 10^3$
 - $-\sigma_{p2}(ricoveri)$ elabora 10^5 tuple e $|\sigma_{p2}| = 10^4$
 - $-\sigma_{p3}$ (medici) elabora 10^2 tuple e $|\sigma_{p3}| = 1$
- Quindi l'ottimizzatore cercherà di eseguire prima un join che coinvolge $\sigma_{p3}(medici)$.
- Tra gli altri due sottoalberi, quello con la cardinalità minore (10^3) è $\sigma_{p1}(pazienti)$.
- Ma *medici* non può entrare in join direttamente con *pazienti*, quindi l'ottimizzatore è costretto a scegliere il join con $\sigma_{p2}(ricoveri)$.

Spiegazione del passo 7

Abbiamo due alternative per i join date dalla proprietà associativa:



Spiegazione del passo 7



Analisi quantitativa

Il join $\sigma_{p2} \bowtie_{RICOVERI.Reparto=MEDICI.Reparto} \sigma_{p3}$ dovrà elaborare $10^4 \cdot 1 = 10^4$ tuple e produrrà

Analisi quantitativa

Per l'ultimo join tra $\sigma_{p1}(pazienti)$ e il risultato del join precedente $10^3 \cdot 10^3 = 10^6$ tuple elaborate

Qual è la massa di tuple coinvolte dall'interrogazione?

Bisogna sommare le tuple coinvolte da:

tre selezioni + primo join + secondo join:

$$10^2 + 10^5 + 10^5 + 10^4 + 10^6$$

È sufficiente considerare il valore dominante, ovvero:

10⁶

Guadagniamo un ordine di grandezza rispetto all'alternativa precedente

Cosa succede dopo?

- Quando l'ottimizzatore logico termina il suo lavoro e invia l'albero sintattico all'ottimizzatore fisico, quest'ultimo:
 - cambia i nodi foglia con nodi che tengono conto delle strutture fisiche di accesso ai dati e
 - cambia i nodi intermedi con specifici algoritmi per l'esecuzione degli operatori che sfruttino le strutture fisiche (scansioni sequenziali, ordinamenti, accessi diretti, varie modalità di esecuzione del join, ...)