

Escuela de Ingeniería en Computación

Proyecto de Investigación

Código: 1370003

Comparación Visual de Información Voluminosa con
Estructura Jerárquica

Informe Final

(Técnico)

Período 2017-2018

Investigadores

Lilliana Sancho Chavarría, MSc.

Coordinadora

Dr. Erick Mata Montero

Investigador

29 de Mayo, 2019

Contenido

1	Resumen	2
2	Palabras clave.....	2
3	Introducción	3
	3.1 Naturaleza y alcance del problema investigado.	3
	3.2 Método de investigación y las razones por las cuales lo seleccionó.	4
	3.3 Objetivos del trabajo.....	5
4	Marco teórico.....	5
5	Metodología	8
6	Resultados.....	10
7	Discusión y conclusiones	13
8	Recomendaciones	13
9	Agradecimientos	14
10	Referencias.....	14

1 Resumen

El objetivo general del proyecto es “Generar una solución computacional para la comparación visual de información voluminosa con estructura jerárquica y aplicarla al dominio de taxonomías biológicas”. Esta investigación abarca la visualización y comparación visual de las clasificaciones de especies que se basan en características morfológicas (no en biología molecular). La metodología utilizada inició con entrevistas a taxónomos expertos para caracterizar las tareas que realizan los taxónomos cuando llevan a cabo curación de taxonomías. Luego se hizo un mapeo entre las tareas y cuatro métodos de comparación de jerarquías. Se desarrollaron algoritmos para identificar automáticamente las diferencias entre dos versiones de una taxonomía, así como un software para validar la efectividad de los métodos cuando se llevan a cabo las tareas de curación. Doce taxónomos expertos de Costa Rica, España y Estados Unidos participaron en un estudio en el que se utilizó el software desarrollado para validar los cuatro métodos. Se hizo un análisis cuantitativo utilizando estadística no paramétrica y un análisis cualitativo utilizando *Grounded Theory* y *open coding*. Los resultados de este estudio indicaron que “edge drawing” es el método preferido por los expertos para reconocer visualmente los cambios. El estudio también permitió definir los requisitos para el diseño y la programación de la solución final, la cual se probó con diez pares de taxonomías de hasta 15,000 especies (más de 20,000 nodos cada una) provenientes de la base de datos mundial de Catalogue of Life. Los objetivos del proyecto han sido cumplidos en un 100%.

2 Palabras clave

Visualización de información, taxonomías biológicas, jerarquías, comparación, informática para la conservación de la biodiversidad.

[Information visualization, biological taxonomies, hierarchies, comparison, biodiversity informatics]

3 Introducción

3.1 Naturaleza y alcance del problema investigado.

La clasificación de conceptos de forma jerárquica es común en muchos campos de conocimiento y de la vida cotidiana. Algunos ejemplos son: la organización de los archivos en carpetas, la estructura organizativa de las empresas, la organización del código fuente de programas computacionales y la taxonomía de especies biológicas. Debido a la enorme cantidad de información que se produce y que se almacena actualmente, el análisis comparativo de información con estructura jerárquica ha venido tomando relevancia. Desde el punto de vista ingenieril, la representación de información jerárquica y la comparación de jerarquías en un espacio pequeño, como es la pantalla de computadora, es un enorme reto.

Las taxonomías biológicas son clasificaciones de especies que tienen una estructura jerárquica. Estas clasificaciones están sometidas constantemente a cambios por varios motivos. Primero, es común que los taxónomos lleven a cabo revisiones de las características de las especies y por lo tanto de su clasificación. Segundo, la información taxonómica se empezó a registrar en papel, con el método de clasificación propuesto por Carl Linneo en el año 1753 [1], de tal manera que la información ha estado distribuida en herbarios, museos y bibliotecas en todo el mundo y los registros digitales apenas se empezaron a construir con el advenimiento de las computadoras y posteriormente con Internet en la década de 1990; sin embargo, aún no se cuenta con un único registro integrado de todas las especies del planeta. Tercero, los herbarios, los museos y las iniciativas globales que intentan documentar en una sola lista la biodiversidad del planeta, manejan versiones de sus taxonomías a través del tiempo las cuales a veces se hace necesario contrastar para hacer correcciones. Cuarto, las taxonomías cambian debido a que constantemente se están descubriendo nuevas especies. Se estima que en el planeta existen aproximadamente 11 millones de especies, aunque se tienen registradas únicamente alrededor de 1.5 millones [2]. Dado su volumen, complejidad y potencial impacto en las actividades de eScience, iniciativas internacionales, como Catalogue of Life¹ (CoL), trabajan en estandarizar e integrar bases de datos taxonómicas de todo el mundo. Actualmente CoL mantiene una taxonomía con 1.5 millones de especies y recibe datos de aproximadamente 160 fuentes de datos. Dada esta naturaleza de las taxonomías biológicas, es indispensable contar con herramientas computacionales que realicen la comparación automática de las taxonomías para identificar cambios entre versiones y así facilitar los procesos de *curación*. Tener documentación precisa de la biodiversidad facilita su conservación.

¹ <http://www.catalogueoflife.org/>

Esta investigación abarca la visualización y comparación visual de taxonomías biológicas conformadas a partir de las características morfológicas de las especies, con el propósito de apoyar los procesos de curación.

3.2 Método de investigación y las razones por las cuales lo seleccionó.

Como es común en las áreas de la Computación que corresponden a la *Interacción Humano-Computadora* y a la *Visualización de Información*, en nuestra investigación utilizamos métodos de desarrollo por prototipos, mediante iteraciones en las cuales se fueron diseñando y construyendo los algoritmos y las visualizaciones. Al finalizar una iteración el prototipo fue sometido a estudio de usuarios expertos. Los resultados obtenidos en el estudio de una iteración sirven de insumo para la siguiente. El proceso se repite hasta alcanzar un nivel de satisfacción que los investigadores consideren adecuado. En nuestra investigación realizamos tres iteraciones: la primera se hizo con el objetivo de caracterizar y verificar las tareas que llevan a cabo los taxónomos cuando hacen curación de taxonomías; en la segunda se desarrolló un prototipo funcional, con cuatro métodos diferentes de visualización de información, en los que se compara información con estructura jerárquica para determinar su efectividad y el nivel de satisfacción de los expertos para llevar a cabo las tareas de curación; en la tercera se tomaron en cuenta los resultados de la segunda iteración para definir el conjunto de características de diseño y construir una herramienta para apoyar la curación de taxonomías biológicas utilizando comparación visual, siendo ésta la etapa final de la investigación.

Dado el nivel de *expertise* de los taxónomos que requeríamos para nuestra investigación, el tamaño de la población para llevar a cabo los estudios era reducido, siendo ésta una restricción con respecto tipo de análisis a realizar. El estudio se llevó a cabo con la participación de 12 taxónomos provenientes de Costa Rica (5), España (4) y Estados Unidos (3), de instituciones tales como el Herbario Nacional del Museo Nacional de Costa Rica, el Instituto Tecnológico de Costa Rica, Catalogue of Life, Missouri Botanical Garden, Bishop Museum Hawaii, Herbario de la Universidad de Granada en España, Universidad de Navarra y el Real Jardín Botánico de Madrid, España. Hicimos el análisis mediante estadística no paramétrica (pruebas de Friedman y Q de Cochran) y también mediante análisis cualitativo (Grounded Theory).

3.3 Objetivos del trabajo

Objetivo General:

Generar una solución computacional para la comparación visual de información voluminosa con estructura jerárquica y aplicarla al dominio de taxonomías biológicas.

Objetivos Específicos:

- 1) Identificar alternativas para la comparación visual de información voluminosa con estructura jerárquica en el dominio de taxonomías biológicas.
- 2) Desarrollar un motor para la identificación automática de diferencias y similitudes entre versiones de taxonomías biológicas.
- 3) Desarrollar y probar un protocolo de comunicación para importar datos provenientes de bases de datos taxonómicas existentes a nivel mundial.
- 4) Divulgar los resultados de la investigación.

4 Marco teórico

El término *comparación* se entiende como el examen que se hace a dos o más elementos con el propósito de determinar semejanzas y diferencias y es un mecanismo que facilita el proceso de interpretación de la información. Gleicher et al.[3] presenta un estudio exhaustivo de los enfoques de comparación visual cuando se comparan objetos complejos y define tres categorías generales, a saber, yuxtaposición, superposición y codificación explícita. En una disposición yuxtapuesta los objetos que se van a comparar se colocan por separado, uno al lado del otro. En una disposición superpuesta los objetos a comparar se colocan uno encima del otro. Con la codificación explícita las relaciones entre los objetos se muestran de forma explícita para que el usuario pueda identificar fácilmente las diferencias y semejanzas. Estas tres formas de disposición de los objetos también se pueden combinar, formando diseño de comparación híbridos.

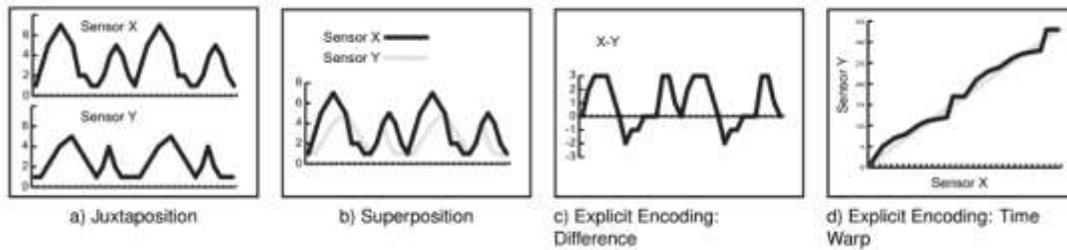


Figura 1: Categorías generales de comparación. Tomado de [3].

Específicamente, considerando la comparación de información con estructura jerárquica, Graham y Kennedy[4] resumen las principales representaciones que han sido estudiadas en la comunidad de visualización de información para la comparación de dos jerarquías, estas son: dibujo de bordes (*edge drawing*), color (*color*), matrices (*matrix*), animación (*animation*) y aglomeración (*agglomeration*). La Figura 2 ilustra estas representaciones. En a) las líneas indican las relaciones entre los nodos; es una representación fácil de entender, pero cuando son muchas líneas se pierde claridad. En b) los nodos similares se representan con el mismo color; esta técnica da una visión global de las coincidencias entre las jerarquías, pero si son muchos los datos no es fácil asociar las similitudes y diferencias entre un árbol y otro. La técnica de animación c) se utiliza para mostrar de manera gradual la transición de un árbol a otro; es útil para mostrar cambios en un conjunto pequeño de nodos. En la técnica que se muestra en d), la matriz contiene las relaciones entre las hojas del árbol y se complementa con otras representaciones para indicar la estructura interna del árbol. Este método elimina el problema del cruce de líneas de la representación en a) pero su semántica no es tan clara y se puede desperdiciar espacio en la matriz. La técnica de aglomeración en e) fusiona dos jerarquías en una sola, aplica código de colores para distinguir diferencias y similitudes y hace un buen aprovechamiento del espacio, pero su interpretación involucra una alta carga cognitiva.

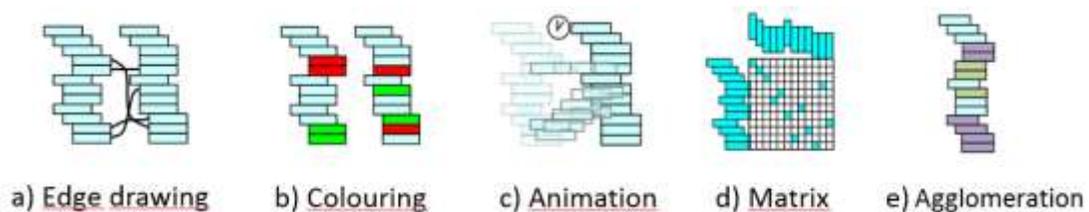


Figura 2: Representaciones para la comparación de múltiples jerarquías. Tomado de [4].

Cada uno de los métodos resumidos por Graham y Kennedy puede ser mapeado a la mencionada categorización general de los diseños visuales de la categorización dada por Gleicher. Así, el método de dibujo de bordes comprende características tanto de la yuxtaposición (las jerarquías se colocan separadamente una al lado de la otra) como de la codificación explícita (los bordes codifican las relaciones entre los nodos); la disposición de la matriz corresponde a un diseño de codificación explícito, ya que las celdas de la matriz pueden indicar explícitamente las relaciones entre los taxones; y la aglomeración corresponde a un diseño superpuesto.

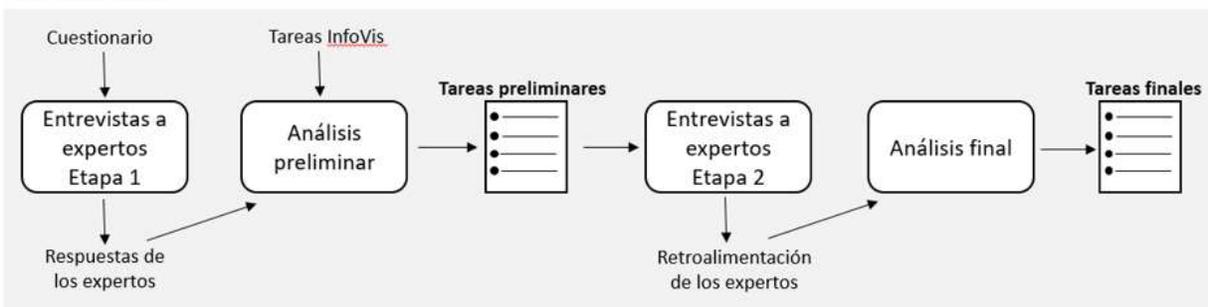
Considerando la comparación visual de jerarquías en el dominio de las taxonomías biológicas, Munzner et al.[5] desarrollaron TreeJuxtaposer, una herramienta que compara árboles filogenéticos usando un diseño yuxtapuesto. La comparación se basa en la representación de diferencias mediante colores y presentan una novedosa técnica de enfoque+contexto, al estilo de un acordeón, para garantizar la visibilidad de toda la información en la pantalla. Holten y vanWijk[6] presentan un método de visualización donde las jerarquías se estructuran como diagramas de carámbanos colocados en yuxtaposición. Las relaciones están representadas explícitamente por líneas que son agrupadas con el propósito de reducir el desorden causado por el cruce de líneas. Ling et al [7] usan un esquema yuxtapuesto para comparar taxonomías biológicas. Combina glifos para explicar las relaciones entre los taxones. Dang et al [8] comparan dos taxonomías utilizando una representación matricial. Las relaciones se muestran explícitamente a través de dos mecanismos: los glifos y los bordes. Beck y Diehl[9] comparan dos arquitecturas de software que utilizan una matriz. Las jerarquías aquí se representan como gráficos de carámbano (*icicle plots*).

La animación se ha usado poco para hacer comparación. Ghoniem y Fekete [10] usan animación para visualizar la transición entre dos representaciones alternativas del mismo árbol dispuestas como *treemaps*. Considerando los diseños basados en la aglomeración, Beck et al.[11] presentan un enfoque de gráfico de carámbanos anidados para comparar dos jerarquías y Guerra-Gómez et al.[12] contrastan dos árboles para la visualización cambios en el dominio de presupuestos y les interesa visualizar tanto cambios en el valor de los nodos como en cuanto a diferencias topológicas. En otro artículo Graham y Kennedy[13] proponen una visualización aglomerada basada en el método de grafos dirigidos para la comparación de múltiples taxonomías biológicas. Lutz et al.[14] compararon estructuras de directorios en una computadora y llevaron a cabo un estudio cualitativo con usuarios para identificar estrategias de uso. Además, Graham et al. [15] presentan un trabajo en comparación visual de taxonomías botánicas. Hacen la comparación mediante jerarquías que basan su representación en conjuntos y en aglomeración.

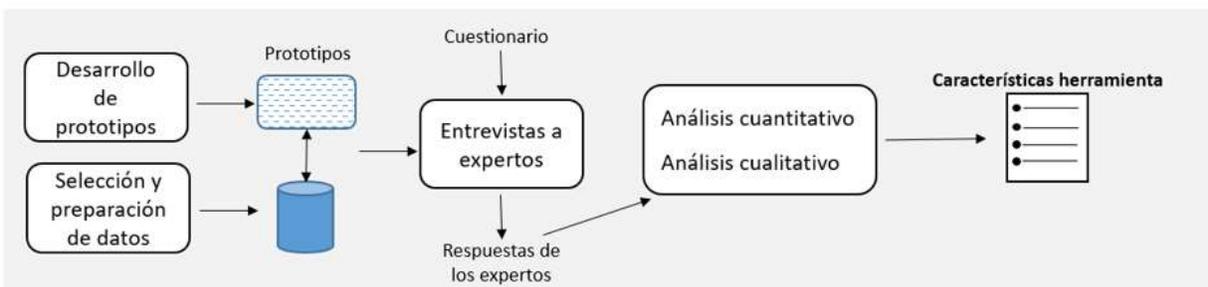
5 Metodología

La metodología utilizada se ilustra en la Figura 3. Como se puede observar, ésta estuvo constituida de tres iteraciones mediante las cuales se hizo indagación de requerimientos, desarrollo de la herramienta por prototipos y estudios de efectividad y satisfacción de taxónomos expertos a través de entrevistas.

Iteración 1



Iteración 2



Iteración 3

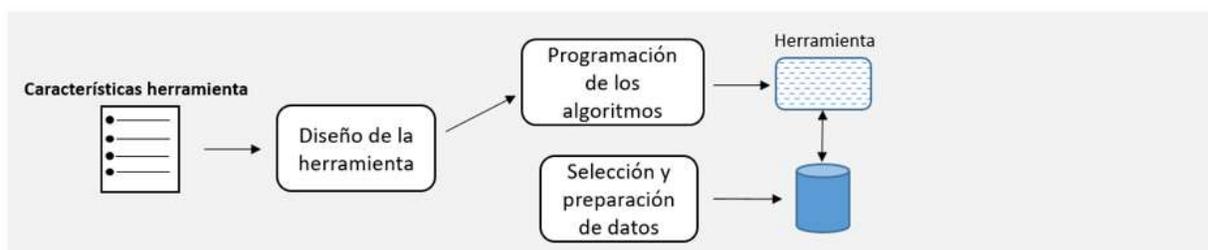


Figura 3: Metodología.

- **Población y muestra del estudio.**

Para la parte de estudio de efectividad y satisfacción de los taxónomos expertos se trabajó con 12 expertos de nuestra red profesional. Los participantes tenían en promedio 28 años de experiencia profesional y 23 años de experiencia en taxonomía. En la Tabla 1 se presenta un resumen de la población.

Id	Professional Experience (years)	Expeirnce in taxonomy (years)	SA	Title	Institution	Country
E1	32	32	Botanics, Bioinformatics	PhD	Catalogue of Life	
E2	20	10	Forestry	Masters	School of Forestry Engineering, TEC	Costa Rica
E3	27	21	Informatics, Bioinformatics	Engineer	Missouri Botanical Garden	USA
E4	35	28	Forestry	PhD	School of Forestry Engineering, TEC	Costa Rica
E5	20	15	Botanics	Masters	University of Granada	Spain
E6	31	31	Botanics, bioinformatics	PhD	Real Botanical Garden of Madrid	Spain
E7	23	21	Forestry	Masters	National Herbaria, National Museum of Costa Rica	Costa Rica
E8	23	21	Botanics	Masters	National Herbaria, National Museum of Costa Rica	Costa Rica
E9	30	23	Botanics	PhD	University of Granada	Spain
E10	30	30	Biology (entomology)	Masters	National University, Costa Rica.	Costa Rica
E11	36	12	Ecology (polychaetes, diptera)	PhD	University of Navarra	Spain
E12	32	32	Ichthyology (fishes)	PhD	Bishop Museum, Hawaii	USA

Tabla 1: Población del estudio.

- **Diseño de investigación.**

En las iteraciones 1 y 2 se diseñaron cuestionarios semi-cerrados y se hicieron entrevistas a los participantes (expertos).

En la segunda iteración se hizo un diseño de estudio del tipo *within-subjects* mediante el cual se evaluaron cuatro métodos de comparación de jerarquías.

- **Métodos, técnicos e instrumentos de investigación.**

La investigación se llevó a cabo mediante el desarrollo de prototipos y de estudios de efectividad y satisfacción de usuario con los taxónomos expertos.

El desarrollo de los prototipos y de la herramienta final se hizo con Processing 3.4 y d3, base de datos MongoDB, archivos en formato json y servidor Node.js.

- **Procedimientos de recolección de información.**

Entrevistas con cuestionarios y técnica de *talking aloud* para la recolección de información cualitativa.

- **Diseño de procesamiento y análisis de datos.**

Los datos se procesaron con SPSS v24. Se hizo análisis estadístico no paramétrico, aplicando las pruebas de Friedman y de Cochran Q. Cuando la hipótesis nula no se comprobó y era necesario hacer comparación por pares se utilizó la prueba de Dunn con la corrección de Bonferroni.

6 Resultados

En esta investigación se obtuvo los resultados que cumplieron el 100% de los objetivos planteados. Se investigó acerca de los métodos de comparación de jerarquías, se desarrollaron prototipos para someterlos a consideración de taxónomos expertos, se desarrolló un motor de identificación automática de diferencias y semejanzas entre dos versiones de una taxonomía, se desarrolló un protocolo de comunicación para importar datos de Catalogue of Life y se generó una solución con base en la retroalimentación obtenida de los expertos. La Figura 4 ilustra un ejemplo con la pantalla principal de la herramienta generada.



Figura 4: Ejemplo de pantalla principal.

Entre los resultados se incluyen los dos artículos considerados en la planificación del proyecto:

- Artículo científico publicado en revista o congreso: L. Sancho-Chavarria, F. Beck, D. Weiskopf, and E. Mata-Montero. Task-based assessment of visualization tools for the comparison of biological taxonomies. **Research Ideas and Outcomes**, 4:e25742, April 2018.

El artículo fue escrito en coautoría con el Dr. Erick Mata Montero del TEC y con los colaboradores externos Dr. Fabian Beck de la Universidad de Duisburg-Essen en Alemania y del Dr. Daniel Weiskopf de la Universidad de Stuttgart en Alemania.

Abstract

Maintenance and curation of large-sized biological taxonomies are complex and laborious activities. Information visualization systems use interactive visual interfaces to facilitate analytical reasoning on complex information. Several approaches such as treemaps, indented lists, cone trees, radial trees, and many others have been used to visualize and analyze a single taxonomy. In addition, methods such as edge drawing, animation, and matrix representations have been used for comparing trees. Visualizing similarities and differences between two or more large taxonomies is harder than the visualization of a single taxonomy. On one hand, less space is available on the screen to display each tree; on the other hand, differences should be highlighted. The comparison of two alternative taxonomies and the analysis of a taxonomy as it evolves over time provide fundamental information to taxonomists and global initiatives that promote standardization and integration of taxonomic databases to better document biodiversity and support its conservation. In this work, we assess how ten user visualization tasks for the curation of biological taxonomies are supported by several visualization tools. Tasks include the identification of conditions such as congruent taxa, splits, merges, and new species added to a taxonomy. We consider tools that have gone beyond the prototype stage, that have been described in peer-reviewed publications, or are in current use. We conclude with the identification of challenges for future development of taxonomy comparison tools.

- Artículo científico "An Expert Study on Hierarchy Comparison Methods Applied to Biological Taxonomies Curation" en coautoría con el Dr. Erick Mata Montero y el Dr. Fabian Beck (de la Universidad de Duisburg-Essen, Alemania). El artículo se publicará en la revista online PeerJ/Computer Science la cual es revisada por pares e indexada por Scopus.

Abstract

Comparison of hierarchies aims at identifying differences and similarities between two or more hierarchical structures. In the biological taxonomy domain, comparison is indispensable for the reconciliation of alternative versions of a taxonomic classification. Biological taxonomies are knowledge structures that may include large amounts of nodes (taxa), which are typically maintained manually. We present the results of a user study with taxonomy experts that evaluates four well-known methods for the comparison of two hierarchies, namely, edge drawing, matrix representation, animation, and agglomeration. Each of these methods is evaluated with respect to seven typical biological taxonomy curation tasks. To this end, we designed an interactive software environment through which expert taxonomists performed exercises representative of the considered tasks. We evaluated participants' effectiveness and level of satisfaction from both quantitative and qualitative perspectives. Overall quantitative results evidence that participants were less effective with agglomeration whereas they were more satisfied with edge drawing. Qualitative findings reveal a greater preference among participants for the edge drawing method. Also, from the qualitative analysis, we obtained insights that contribute to explain the differences between the methods and provide directions for future research.

7 Discusión y conclusiones

Los objetivos de la investigación se cumplieron a cabalidad. Logramos desarrollar los algoritmos que se habían indicado en la propuesta de investigación y se contó con la retroalimentación de expertos de varios países para determinar las características de la solución computacional. Los resultados del análisis cuantitativo y los hallazgos producto de la investigación cualitativa coincidieron en que el método “edge drawing” es el que más satisface a los expertos para analizar las diferencias y similitudes entre dos versiones de una taxonomía.

La herramienta diseñada incluye facilidades para el reconocimiento de los diferentes tipos de relación entre dos taxonomías (taxones que se han dividido, taxones que se han mezclado, taxones que se han movido, taxones que se han renombrado, taxones que se han agregado a una de las versiones de la taxonomía y taxones que se han excluido de una taxonomía). Se presenta con claridad el origen y el destino de las relaciones, se tienen facilidades para la sincronización visual de los taxones que están siendo comparados, facilidades para seleccionar por demanda los tipos de cambio a mostrar, resúmenes visuales que representan la proporción de cambios en cada grupo taxonómico e información estadística. De acuerdo con la retroalimentación obtenida de parte de los taxónomos durante el estudio de los métodos, la solución computacional planteada incluye características de originalidad que no conocen en otras herramientas.

8 Recomendaciones

Recomendamos lo siguiente:

- Llevar a cabo un estudio con taxónomos para validar la versión final generada.
- Hacer un estudio donde los taxónomos utilicen las bases de datos que ellos conocen (en vez de bases de datos que no les son familiares) y valoren la efectividad y nivel de satisfacción de la herramienta. Las bases de datos reales y no familiares a los taxónomos se utilizaron para evitar sesgos en los estudios; sin embargo, será interesante estudiar la efectividad y nivel de satisfacción de los expertos cuando utilizan las taxonomías que les son familiares.
- Implementar interfaces que apoyen el intercambio de datos entre bases de datos taxonómicas con diferentes formatos, de tal manera que promueva la utilización de la herramienta por parte de taxónomos y de iniciativas dedicadas a la conservación de la biodiversidad.

9 Agradecimientos

Nuestro agradecimiento para:

- La Vicerrectoría de Investigación y Extensión por el apoyo brindado para llevar a cabo esta investigación. También a los colaboradores de Dr. Daniel Weiskopf de la Universidad de Stuttgart y Dr. Fabian Beck de la Universidad de Stuttgart y de la Universidad de Duisburg-Essen en Alemania.
- Los taxónomos que colaboraron con esta investigación: Arturo Ariño, Francisco Pando, Mariate Vizoso, Carmen Quesada, Ruperto Quesada, Luis Acosta, Jesús Ugalde, Armando Estrada, Alexander Rodríguez, Yuri Roskov, Richard Pyle y William Ulate.
- Los estudiantes asistentes que colaboraron en el desarrollo de la investigación.

10 Referencias

- [1] Linn Carl von and Gmelin Johann Friedrich, *Systema naturae per regna tria naturae : secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis.*, vol. Tomus 1. Lipsiae :impensis Georg. Emanuel. Beer, 1767.
- [2] B. B. Larsen, E. Miller, M. K. Rhodes, and J. Wiens, “Inordinate Fondness Multiplied and Redistributed: the Number of Species on Earth and the New Pie of Life,” *Q. Rev. Biol.*, vol. 92, 2017.
- [3] M. Gleicher, D. Albers, R. Walker, I. Jusufi, C. D. Hansen, and J. C. Roberts, “Visual comparison for information visualization,” *Inf. Vis.*, vol. 10, no. 4, pp. 289–309, Oct. 2011.
- [4] M. Graham and J. Kennedy, “A survey of multiple tree visualisation,” *Inf. Vis.*, vol. 9, no. 4, pp. 235–252, 2010.
- [5] T. Munzner, F. Guimbretière, S. Tasiran, L. Zhang, and Y. Zhou, “TreeJuxtaposer: Scalable Tree Comparison Using Focus+Context with Guaranteed Visibility,” *ACM Trans. Graph.*, vol. 22, no. 3, pp. 453–462, Jul. 2003.
- [6] D. Holten and J. J. van Wijk, “Visual Comparison of Hierarchically Organized Data,” *Comput. Graph. Forum*, vol. 27, no. 3, pp. 759–766, May 2008.

- [7] C. Lin, H. Qiao, J. Wang, and L. Ji, "Taxonomic Tree Tool -." [Online]. Available: <http://ttd.biodinfo.org/TF/>. [Accessed: 01-Jan-2016].
- [8] T. Dang, N. Franz, B. Ludäscher, and A. Forbes, "ProvenanceMatrix," *International Workshop on Visualizations and User Interfaces for Ontologies and Linked Data, VOILA 2015 - co-located with 14th International Semantic Web Conference, ISWC 2015*. 2015.
- [9] F. Beck and S. Diehl, "Visual comparison of software architectures," in *Proceedings of the 5th international symposium on Software visualization - SOFTVIS '10*, 2010, p. 183.
- [10] M. Ghoniem and J.-D. Fekete, "Animating treemaps," in *Proceedings of 18th HCIL Symposium-Workshop on Treemap Implementations and Applications*, 2001.
- [11] F. Beck, F.-J. Wiszniewsky, M. Burch, S. Diehl, and D. Weiskopf, "Asymmetric Visual Hierarchy Comparison with Nested Icicle Plots," in *Joint Proceedings of the Fourth International Workshop on Euler Diagrams and the First International Workshop on Graph Visualization in Practice*, 2014, pp. 53–62.
- [12] J. A. G. Gómez, C. Plaisant, and B. Shneiderman, "Interactive Visualizations for Comparing Two Trees With Structure and Node Value Changes." 2011.
- [13] M. Graham and J. Kennedy, "Exploring Multiple Trees through DAG Representations," *IEEE Trans. Vis. Comput. Graph.*, vol. 13, no. 6, pp. 1294–1301, Nov. 2007.
- [14] R. Lutz, D. Rausch, F. Beck, and S. Diehl, "Get Your Directories Right: From Hierarchy Visualization to Hierarchy Manipulation," in *Proceedings of the 2014 IEEE Symposium on Visual Languages and Human-Centric Computing*, 2014, pp. 25–32.
- [15] M. Graham, J. B. Kennedy, and C. Hand, "A comparison of set-based and graph-based visualisations of overlapping classification hierarchies," in *Proceedings of the working conference on Advanced visual interfaces - AVI '00*, 2000, pp. 41–50.